

HOMME DE NÉANDERTAL ET DE DENISOVA : DES HUMANITÉS AVANT LA NÔTRE

Publié le 28 février 2025



par Laetitia Theunis

D'où venons-nous ? Quelle est notre histoire commune ? Les recherches menées par Svante Pääbo, père de la paléogénétique, apportent des éléments de réponse cruciaux à ces questions. Le chercheur suédois a reçu le [prix Nobel 2022 de physiologie ou de médecine](#) «pour ses découvertes concernant les génomes des hominidés éteints et l'évolution humaine.» Plus récemment, ses travaux pionniers lui ont valu la reconnaissance de l'Université de Liège. A la suite de son intronisation en tant que [docteur honoris causa](#), il a donné une [grande conférence scientifique](#) revenant sur ses principales découvertes.



Conférence de Svante Pääbo © Laetitia Theunis

Un mélange entre espèces cousines

L'origine du genre *Homo* se situe en Afrique de l'Est. Les plus vieux fossiles remontent à 2,8 millions d'années, avec *Homo habilis*. Une quinzaine d'espèces du genre *Homo* ont ensuite foulé la Terre, certaines ont coexisté durant le même laps de temps. Toutes, sauf une, la nôtre, *Homo sapiens*, se sont éteintes.

Aussi dénommé Homme moderne, *Homo sapiens* vient d'Afrique. Ses plus anciens fossiles ont été découverts sur le site de Jebel Irhoud au Maroc, et sont datés de 300.000 ans. Ensuite, l'Homme moderne va voyager et coloniser le monde. Présent dès 100.000 ans au Proche-Orient, il poursuit son périple vers l'Asie, l'Australie, et atteint l'Europe il y a 40.000 ans. Peu après, vers 30.000 ans, on perd la trace de l'Homme de Néandertal, lui qui habitait ces contrées depuis 400.000 ans.

Svante Pääbo a pu démontrer que Néandertal et *Homo sapiens* se sont rencontrés. Ils se sont même accouplés. En effet, le savant suédois a observé que le génome des populations européennes actuelles contient 2 à 3 % d'ADN néandertalien.



Les découvertes de Svante Pääbo ont fourni des informations importantes sur la façon dont le monde était peuplé au moment où *Homo sapiens* a migré hors d'Afrique et s'est propagé dans le reste du monde. Les Néandertaliens vivaient à l'ouest et les Denisoviens à l'est du continent eurasiatique. Des hybridations ont eu lieu entre *Homo sapiens* et ces deux humanités éteintes : il en reste des traces dans l'ADN actuel des Hommes modernes © Nobel Prize

Un risque accru de Covid grave

Ce flux de gènes archaïques a un impact physiologique, notamment en affectant la façon dont notre système immunitaire réagit aux infections.

Ainsi, lors de la pandémie de Covid-19, des scientifiques se sont rendu compte qu'une variante génétique dans une région spécifique du chromosome 3, l'un des 23 chromosomes du génome humain, était associée à des formes plus sévères de la maladie.

« Notre [étude](#) a montré que le risque de Covid sévère est conféré spécifiquement par un segment génomique d'environ 50.000 bases hérité des Néandertaliens. Il est porté par environ 50 % de la population en Asie du Sud et environ 16 % des Européens », précise Pr Svante Pääbo, directeur

émérite du [laboratoire d'anthropologie évolutive qu'il a fondé en 1999 à l'Institut Max Planck à Leipzig \(Allemagne\)](#).

Séquençage du génome de Néandertal

Ces analyses n'ont été rendues possibles que par le coup de génie du prix Nobel 2022 : le [séquençage du génome de Néandertal](#).

Durant les années 1990, des chercheurs unissent leurs compétences afin de séquencer, pour la première fois, le génome d'*Homo sapiens*. Ils y arriveront, après des années de labeur, à la fin de cette décennie.

Fasciné par ces résultats, le chercheur suédois, alors en postdoctorat, envisage d'utiliser les mêmes méthodes génétiques pour séquencer l'ADN des Néandertaliens. Mais rien n'est simple. Dans les échantillons d'os vieux de 40.000 ans, l'ADN nucléaire (celui trouvé dans le noyau de chaque cellule) est chimiquement dégradé : il est découpé en fragments courts. De plus, il est contaminé par de l'ADN bactérien et de l'ADN d'humains actuels.

Il trouve la parade en se concentrant sur l'ADN des mitochondries de Néandertal. Ces organites, présents dans toutes les cellules du corps, contiennent leur propre ADN. L'avantage, par rapport à l'ADN nucléaire, est double : le génome mitochondrial est de petite taille et il est présent en milliers de copies. De quoi amplifier les chances de succès.

Ces travaux ont montré que les Néandertaliens étaient génétiquement distincts des *Homo sapiens*. Il s'agit de deux espèces différentes, mais cousines. « Des analyses comparatives ont démontré que l'ancêtre commun le plus récent de Néandertal et d'*Homo sapiens* vivait il y a environ 800.000 ans », précise le comité Nobel.



Figure à gauche : Svante Pääbo a extrait de l'ADN des échantillons d'os d'espèces éteintes d'hominidés. Il a d'abord obtenu un fragment osseux de Néandertal en Allemagne, site qui a donné son nom aux Néandertaliens. Plus tard, il a utilisé un os de doigt retrouvé dans la grotte de Denisova dans le sud de la Sibérie, site qui a donné le nom à l'Homme de Denisova. Figure à droite : Arbre phylogénétique montrant l'évolution et la relation entre l'*Homo sapiens* et ces deux espèces éteintes. L'arbre phylogénétique illustre également les flux de gènes découverts par le chercheur suédois © Nobel Prize

Denisova, une autre humanité éteinte

En 2008, un petit os de doigt était découvert dans la grotte de Denisova en Sibérie. Daté d'environ 48.000 – 30.000 ans, ce reste d'hominidé - qui sera par la suite baptisé Homme de Denisova - contenait de l'[ADN mitochondrial que l'équipe de Svante Pääbo a analysé et séquencé](#).

« Il s'agit d'un ADN mitochondrial d'un hominidé jusqu'alors inconnu. Nos travaux montrent qu'il partage un ancêtre commun avec les Hommes modernes et les Néandertaliens il y a un peu moins d'un million d'années. Cela indique qu'il découle d'une migration d'hominidés en provenance d'Afrique distincte de celle des ancêtres de Néandertaliens et de l'Homme moderne », précise Pr Pääbo.

Cette découverte a permis une meilleure compréhension de l'évolution des hominidés. Quand *Homo sapiens* quitte l'Afrique, deux humanités, aujourd'hui éteintes, vivaient en Eurasie : Néandertal dans la partie ouest et Denisova dans la partie est. Au cours de son expansion sur la planète, l'Homme moderne rencontre ces deux humanités et s'hybride avec elles. C'est ainsi qu'il a été observé que les populations actuelles de Mélanésie et d'autres parties de l'Asie du Sud-Est portent jusqu'à 6% d'ADN de Denisova. Particulièrement, il a été montré que la version dénisovienne d'un gène appelé EPAS1, retrouvée communément chez les Tibétains actuels, confère un avantage pour survivre en altitude.

Actuellement, le génome d'aucune espèce d'hominidés éteinte en Afrique (on considère qu'une quinzaine d'espèces ont vécu sur Terre) n'a pu être séquencé. Et ce, en raison d'un ADN très dégradé sous ces climats tropicaux. Trouver l'astuce qui donnera accès à ces données génétiques est le défi du futur des chercheurs qui s'inscrivent dans la discipline scientifique créée par Svante Pääbo.