



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE

COMMUNIQUÉ DE PRESSE

Genève | 17 octobre 2023

ATTENTION: sous embargo jusqu'au 18 octobre 2023, 20h, heure suisse

La rencontre entre Néandertal et Sapiens racontée par leurs génomes

En analysant des génomes parfois vieux de 40 000 ans, une équipe de l'UNIGE retrace l'histoire des migrations des populations de Sapiens et Néandertal.

Il y a environ 40 000 ans, Néandertal qui vivait depuis des centaines de milliers d'années sur la partie ouest du continent eurasiatique a cédé sa place à *Homo sapiens*, arrivé d'Afrique. Ce remplacement n'a pas été soudain et les deux espèces ont coexisté pendant quelques millénaires, aboutissant à l'intégration d'ADN d'origine néandertalienne dans le génome de Sapiens. Une équipe de l'Université de Genève (UNIGE) a analysé la distribution de la portion d'ADN héritée de Néandertal dans les génomes des humains (*Homo sapiens*) sur les 40 000 dernières années. Ces analyses statistiques ont révélé des variations subtiles dans le temps et l'espace géographique. Ces travaux, publiés dans la revue *Science Advances*, aident à comprendre l'histoire commune de ces deux espèces.

Grâce au séquençage des génomes et à leur analyse comparative, il est établi que Néandertal et Sapiens se sont croisés et que ces rencontres ont parfois été fécondes, conduisant à la présence d'environ 2% d'ADN d'origine néandertalienne chez les Eurasiens actuels. Toutefois, ce pourcentage varie légèrement selon les régions d'Eurasie, puisque l'ADN venant de Néandertal est un peu plus abondant dans les génomes des populations asiatiques que dans ceux des populations européennes.

Pour expliquer cette différence, l'une des hypothèses est que la sélection naturelle n'aurait pas eu le même effet sur les gènes d'origine néandertalienne dans les populations asiatiques et européennes. L'équipe de Mathias Currat, du Département de génétique et évolution de la Faculté des sciences de l'UNIGE, travaille sur une autre hypothèse. Ses travaux antérieurs, basés sur des simulations informatiques, suggèrent que de telles différences pourraient s'expliquer par les flux migratoires: lorsqu'une population migrante s'hybride avec une population locale, dans leur aire de cohabitation, la proportion d'ADN de la population locale tend à augmenter avec l'éloignement du point de départ de la population migrante.

L'Europe: territoire partagé par les deux espèces

Dans le cas de Sapiens et Néandertal, l'hypothèse est donc que plus on s'éloigne de l'Afrique, point d'origine d'*Homo sapiens*, plus la proportion d'ADN de Néandertal, population surtout localisée en Europe, devrait augmenter. Pour tester cette hypothèse, les auteurs ont utilisé une base de données mise à disposition par la Harvard Medical School qui comporte plus de 4 000 génomes provenant d'individus ayant vécu en Eurasie au cours des 40 derniers millénaires.

Illustrations haute définition

contact

Mathias Currat

Maître d'enseignement
et de recherche
Département de génétique
et évolution
Faculté des sciences
+41 22 379 69 79
mathias.currat@unige.ch

Claudio Quilodrán

Maître assistant
Département de génétique
et évolution
Faculté des sciences
+41 22 379 69 79
claudio.quilodran@unige.ch

DOI: [10.1126/sciadv.adg9817](https://doi.org/10.1126/sciadv.adg9817)

«Notre étude est surtout focalisée sur les populations européennes puisque nous sommes évidemment tributaires de la découverte d'ossements et de l'état de conservation de l'ADN. Il se trouve que les fouilles archéologiques ont été beaucoup plus nombreuses en Europe, ce qui facilite grandement l'étude des génomes des populations européennes», explique Claudio Quilodrán, chercheur au Département de génétique et évolution de la Faculté des sciences de l'UNIGE et co-premier auteur de l'étude.

Les analyses statistiques ont révélé que, pendant la période suivant la sortie d'*Homo sapiens* d'Afrique, les génomes des chasseurs-cueilleurs du Paléolithique qui vivaient en Europe contenaient une proportion d'ADN d'origine néandertalienne légèrement plus importante que les génomes de ceux qui vivaient en Asie. Ce résultat est contraire à la situation actuelle mais en accord avec les données paléontologiques, puisque la présence de Néandertal a été essentiellement rapportée dans l'ouest de l'Eurasie (aucun ossement de Néandertal n'a été découvert plus à l'est que la région de l'Altaï en Sibérie).

L'arrivée des populations agricoles d'Anatolie modifie les génomes

Par la suite, lors de la transition vers le Néolithique, à savoir le passage du mode de vie chasseur-cueilleur au mode de vie agriculteur, il y a 10 000 à 5 000 ans, l'étude montre une baisse de la proportion d'ADN d'origine néandertalienne dans les génomes des populations européennes, pour aboutir à un pourcentage légèrement inférieur à celui des populations asiatiques (tel que ce qui est observé actuellement). Cette diminution coïncide avec l'arrivée en Europe des premières populations agricoles d'Anatolie (péninsule ouest de la Turquie) et de la mer Egée, qui possédaient elles-mêmes une moindre proportion d'ADN d'origine néandertalienne par rapport aux habitant-es d'Europe à la même époque. En se mélangeant avec les populations d'Europe, les génomes de ces individus venus d'Anatolie ont «dilué» un peu plus l'ADN de Néandertal.

Cette étude montre que l'analyse des génomes anciens, couplée aux données archéologiques, permet de retracer différentes étapes de l'histoire d'espèces hybridées. «Par ailleurs, nous commençons à disposer de suffisamment de données pour décrire de plus en plus précisément le pourcentage d'ADN d'origine néandertalienne dans le génome de Sapiens à certaines périodes de la Préhistoire. Notre travail peut donc servir de référence pour de futures études afin de détecter plus facilement des profils de gènes qui s'écartent de la moyenne et qui pourraient donc avoir un effet avantageux ou désavantageux», conclut Mathias Currat, dernier auteur de l'étude.

UNIVERSITÉ DE GENÈVE
Service de communication

24 rue du Général-Dufour
CH-1211 Genève 4

Tél. +41 22 379 77 17

media@unige.ch

www.unige.ch