

Évolution de l'homme

Origine du langage et diversité des langues

David Blunier



Université de Poitiers L1
September 26, 2024

- Ce contenu est librement inspiré du cours dispensé par le **prof. Carlo Cecchetto (CNRS - Paris VIII)** à l'Université de Genève. Les erreurs subsistant sont les miennes.

De nombreuses espèces (ou formes) d'*Homo*

- La famille qui comprend les humains modernes, appartenant à l'espèce *Homo Sapiens*, et leurs ancêtres directs (*Australopithecus*, *Homo Habilis*, *Homo Erectus*) est apparue il y a au moins quatre millions d'années.
- L'apparition du genre *homo* est datée d'environ deux millions et demi d'années.
- Les membres de ce genre apparus à cette date appartiennent à des espèces éteintes: *Homo Habilis* et *Homo Erectus*.
- Toutes les espèces du genre *Homo*, à l'exception d'*Homo Sapiens*, sont éteintes; mais il y a seulement 40 000 ans, on trouvait cinq espèces du genre *Homo* en Eurasie.



Homo Habilis



Homo Erectus

- L'*Homo Neanderthalensis*, qui occupait une grande partie de l'Europe et du Proche-Orient avant l'arrivée d'*Homo Sapiens*, s'est éteint il y a 29 000 ans.



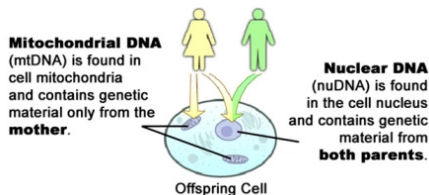
Homo Neanderthalensis

- L'hypothèse aujourd'hui acceptée par la communauté scientifique, appelée hypothèse "Out of Africa", est que l'homme moderne a évolué en Afrique il y a environ 300 000 ans et a ensuite migré vers l'extérieur pour remplacer les hominidés qui se trouvaient dans d'autres parties du monde.
- L'hypothèse "Out of Africa" est aujourd'hui étayée par de nombreuses études, mais la découverte initiale est due à des recherches utilisant des marqueurs non recombinants, tels que l'ADN mitochondrial.

Hublin, J.-J., Ben-Ncer, A., Bailey, S. E., Freidline, S. E., Neubauer, S., Skinner, M. M., Bergmann, I., Le Cabec, A., Benazzi, S., Harvati, K., et al. (2017). [New fossils from jebel irhoud, morocco and the pan-african origin of homo sapiens.](#) *Nature*, 546(7657):289–292

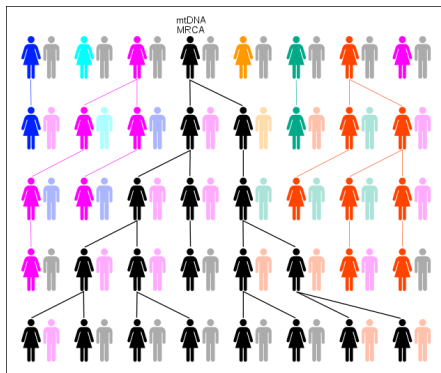
ADN mitochondrial et identité féminine

- Les généticiens peuvent déterminer la proximité génétique d'individus et de groupes d'individus en déterminant la part d'ADN qu'ils partagent. L'ADN contenu dans le noyau est hérité des deux parents. L'ADN des mitochondries n'est transmis que par la mère.



ADN mitochondrial et identité féminine

- Ce fait a une conséquence importante : la différence entre l'ADN mitochondrial de deux individus issus de la même femme ne peut être attribuée qu'à l'apparition d'une mutation dans le processus héréditaire.
- Sans cette mutation, deux individus auraient exactement le même ADN mitochondrial.



- En supposant que la mutation de l'ADN est constante, nous pouvons utiliser la différence entre l'ADN mitochondrial de deux individus comme une "horloge moléculaire".
- En d'autres termes, nous pouvons utiliser la différence entre l'ADN mitochondrial de deux individus pour calculer le nombre de générations qui séparent ces deux individus de leur ancêtre commun le plus proche dans la lignée féminine.

- Cann et al. (1987) ont utilisé la technique de l'ADN mitochondrial pour tenter de localiser dans l'espace et dans le temps la femme la plus récente dont tous les humains actuels descendent dans la lignée féminine.
- À l'aide de techniques statistiques élaborées, ces chercheurs ont conclu que cette femme avait vécu il y a environ 200 000 ans dans la Corne de l'Afrique. Ils l'ont surnommée "Eve africaine".
- Selon Cann et al. (1987), tous les êtres humains vivants aujourd'hui descendent de la communauté africaine d'Eve, c'est-à-dire qu'ils descendent d'Eve et des filles et petites-filles d'Eve.

Cann, R. L., Stoneking, M., and Wilson, A. C. (1987). Mitochondrial dna and human evolution. *Nature*, 325(6099):31-36

Pourquoi une seule Eve?

- Eve n'était pas la seule femme de sa communauté. Cependant, aucune autre femme contemporaine d'elle n'est considérée comme l'ancêtre commune de tous les êtres humains.
- En effet, il n'y a que dans le cas d'Eve que, pour chaque génération qui descend d'elle jusqu'à aujourd'hui, il y a une fille qui a donné naissance à une autre fille.
- En revanche, pour les contemporains d'Eve, la filiation a dû être rompue à un moment donné (c'est-à-dire que pour tous les contemporains d'Eve, il y a eu à un moment donné au moins une descendante qui n'a pas eu de fille).
- Si Ève avait vécu avec un million d'autres femmes, il est très peu probable que les ancêtres matrilineaires de tous les êtres humains vivants aujourd'hui convergent vers une seule femme. Cela signifie que la communauté de pairs d'Eve devait être très petite (peut-être 20 000 individus).

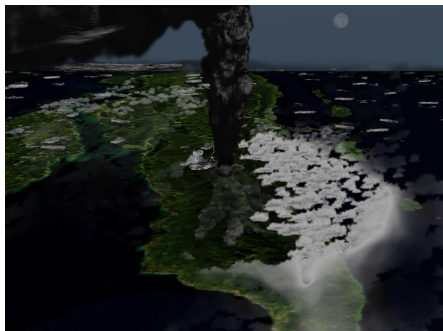
Et Adam?

- Le chromosome Y étant transmis de manière unique du père à la progéniture masculine, il est possible d'identifier le géniteur masculin commun à tous les hommes actuels.
- L'Adam chromosomique Y semblait avoir vécu il y a environ 75 000 ans, c'est-à-dire que l'Adam chromosomique Y et l'Eve mitochondriale se seraient manqués de plusieurs dizaines de milliers d'années !
- Les deux données ne sont pas directement contradictoires, car les lignées masculines ont pu s'éteindre plus rapidement que les lignées féminines, par exemple parce qu'il était plus courant que les hommes meurent avant d'atteindre l'âge de la procréation.

- La variabilité génétique entre les individus de notre espèce est très faible par rapport à la variabilité génétique entre les individus des autres espèces animales.
- Cela s'explique en partie par le fait que nous descendons tous d'un petit groupe, la communauté d'Eve.
- Mais de nombreux chercheurs pensent que cette variabilité réduite s'explique également par un autre événement: l'éruption du volcan Toba sur l'île de Sumatra.

Théorie de la catastrophe de Toba

- Il y a 75 000 à 70 000 ans, l'explosion d'un supervolcan situé sous le lac Toba, probablement l'événement éruptif le plus important des 25 derniers millions d'années, a rendu le climat de la planète, qui traversait déjà une période glaciaire, encore plus rigoureux.
- Certaines recherches sur la mitochondrie humaine suggèrent qu'il y a environ 75'000 ans, l'espèce humaine a été réduite à **quelques milliers d'individus**.

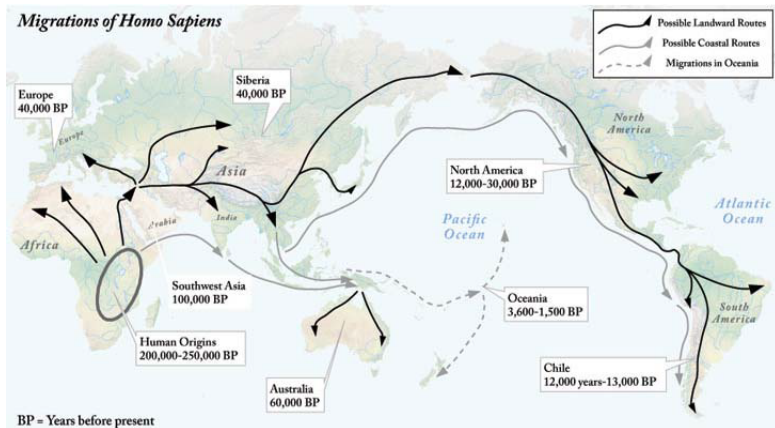


Mais quand les Sapiens sont-ils arrivés d'Afrique ?

- Sur la base des preuves disponibles aujourd'hui, on pense qu'il y a eu plusieurs migrations de Sapiens hors d'Afrique, mais que seule la dernière d'entre elles, qui a eu lieu il y a 50 000 ou 60 000 ans, a conduit à la "colonisation" de la planète entière.

Bennett, E. A., Parasayan, O., Prat, S., Péan, S., Crépin, L., Yanevich, A., Grange, T., and Geigl, E.-M. (2023). [Genome sequences of 36,000-to 37,000-year-old modern humans at buran-kaya iii in crimea.](#) *Nature Ecology & Evolution*, 7(12):2160–2172

La grande traversée



L'effet fondateur

- L'effet fondateur se produit lorsque des détachements successifs se produisent : à partir d'une population d'origine, un petit groupe d'individus se détache et forme une communauté autonome sur un territoire séparé.
- Plus tard, un autre petit groupe d'individus se détache de cette seconde communauté, et ainsi de suite.
- À chaque étape, il y a une réduction de la variabilité génétique dans le nouveau groupe qui se forme parce que les individus qui se détachent portent avec eux qu'une partie de la variabilité génétique de la population d'origine.

L'effet fondateur confirme l'hypothèse "Out of Africa"

- Les études de génétique des populations ont mis en évidence un effet fondateur dans les populations des cinq continents.
- Le continent qui présente la plus grande variabilité génétique est l'Afrique et, à mesure que l'on s'éloigne de l'Afrique, la variabilité diminue.
- La variabilité la plus faible se trouve en Amérique latine et en Océanie, où l'Homo Sapiens serait arrivé plus tard. Cette recherche a donc corroboré le modèle "Out of Africa".

Ramachandran, S., Deshpande, O., Roseman, C. C., Rosenberg, N. A., Feldman, M. W., and Cavalli-Sforza, L. L. (2005).

Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in africa.

Proceedings of the National Academy of Sciences, 102(44):15942-15947

Nouvelles des Néandertaliens

- Depuis une vingtaine d'années, un projet est en cours pour reconstituer le génome de l'homme de Neandertal, qui habitait le continent européen avant l'Homo sapiens et qui s'est éteint il y a 29 000 ans.
- L'homme de Neandertal est considéré comme une forme humaine plus primitive (par exemple, les preuves d'une pensée symbolique telle que la peinture, la décoration corporelle ou l'enterrement sont épisodiques et plutôt rudimentaires chez l'homme de Neandertal).

Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M. H.-Y., et al. (2010). [A draft sequence of the neandertal genome.](#) *science*, 328(5979):710-722

- Le projet de reconstruction du génome de Neandertal, coordonné par Svante Pääbo, a abouti à une découverte tout à fait inattendue, à savoir que les Néandertaliens et les Homo Sapiens se seraient croisés et auraient généré une progéniture fertile.
- Cette découverte a été faite parce que des traces d'ADN néandertalien ont été retrouvées dans l'ADN des Européens et des Asiatiques d'aujourd'hui.
- Plus tard, l'équipe de recherche de Pääbo a découvert que Sapiens avait également eu une descendance fertile avec une autre forme humaine aujourd'hui disparue, les Denisoviens, dont la présence est attestée en Sibérie.

Les Néandertaliens corroborent l'hypothèse "Out of Africa"

- Il est intéressant de noter qu'aucune trace d'ADN néandertalien n'a été trouvée dans l'ADN des Africains d'aujourd'hui.
- Cela suggère que l'*Homo sapiens* s'est croisé avec les Néandertaliens après leur arrivée en Eurasie depuis l'Afrique, et confirme donc indirectement l'hypothèse d'une origine africaine unique.

Des espèces différentes ?

- Jusqu'à la découverte de Pääbo, on pensait que les Néandertaliens, les Sapiens et les autres hominines étaient des espèces différentes appartenant toutes au genre Homo.
- Cependant, après cette découverte, à proprement parler, on ne peut plus parler d'espèces différentes et l'on doit parler de formes humaines différentes.

Une énigme

- Aujourd'hui, la présence de chromosomes Y néandertaliens n'est pas observée chez Sapiens. Pourquoi ?
- Comme nous le savons, les femmes ont deux chromosomes X, tandis que les hommes ont un chromosome X et un chromosome Y. Le chromosome Y est transmis de père en fils.
- L'absence de chromosomes Y néandertaliens s'expliquerait si les seuls hybrides fertiles entre Néandertaliens et Sapiens avaient été les filles de pères néandertaliens et de mères sapiens.
- Au contraire, les fils hybrides n'auraient pas de descendance. Pourquoi ?

Une explication culturelle

- On pourrait proposer une explication culturelle : les Néandertaliens étant physiquement plus forts que les Sapiens, les rapports sexuels auraient typiquement été imposés aux femmes Sapiens (une triste histoire).
- Les femmes hybrides issues de ces relations auraient alors été mieux acceptées dans les communautés Sapiens que les hommes hybrides.
- L'autre sens de l'hybridation (un père Sapiens et une mère néandertalienne) aurait été trop rare pour laisser une trace.

Une autre explication

- Les premiers travaux de Svante Pääbo avaient identifié le métissage entre Néandertaliens et Sapiens qui s'est produit au Moyen-Orient entre 40 000 et 80 000 ans (ce qui correspond à l'événement principal "out of Africa").
- [Petr et al. \(2020\)](#) proposent une autre explication à l'absence de chromosomes Y néandertaliens chez les sapiens modernes. Cette explication suppose un second métissage, beaucoup plus précoce, entre Sapiens et Néandertaliens. Ce métissage aurait eu lieu il y a 200 000 à 300 000 ans.

Petr, M., Hajdinjak, M., Fu, Q., Essel, E., Rougier, H., Crevecoeur, I., Semal, P., Golovanova, L. V., Doronichev, V. B., Lalueza-Fox, C., et al. (2020). [The evolutionary history of neanderthal and denisovan y chromosomes.](#) *Science*, 369(6511):1653-1656

La première hybridation

- Lors de la première hybridation, le chromosome Y des Néandertaliens a pu être complètement remplacé par le chromosome Y d'un groupe de Sapiens qui s'est éteint par la suite.
- Compte tenu de la faible variabilité génétique et de la petite taille des groupes néandertaliens de l'époque (quelques dizaines d'individus seulement), l'incorporation d'un chromosome Y de Sapiens dans leur patrimoine génétique - ce que les généticiens appellent "introgression" - aurait joué un rôle positif dans la survie des Néandertaliens.

La deuxième hybridation

- Au moment où les Néandertaliens ont eu une progéniture fertile avec les Sapiens lors de l'événement principal de leur sortie d'Afrique, les Néandertaliens auraient déjà subi l'introgression du chromosome Y d'un groupe différent de Sapiens il y a des dizaines de milliers d'années.

Néanderthaliens et COVID

- Le risque associé au COVID dépend largement de facteurs tels que l'âge avancé, le sexe masculin et la présence de comorbidités.
- Ces facteurs de risque n'expliquent toutefois pas entièrement pourquoi certaines personnes présentent des symptômes légers ou nuls alors que d'autres deviennent gravement malades.
- **Conclusion:** les facteurs de risque génétiques peuvent donc jouer un rôle.
- L'initiative *COVID-19 Host Genetics* a identifié la région du chromosome 3 comme étant significativement associée aux formes sévères de COVID.
- [Zeberg and Pääbo \(2020\)](#) montrent qu'un des facteurs de risque déterminants est un segment génomique hérité des Néandertaliens.

Zeberg, H. and Pääbo, S. (2020). [The major genetic risk factor for severe covid-19 is inherited from neanderthals.](#) *Nature*, 587(7835):610–612

- Le segment génomique hérité des Néandertaliens est présent chez environ 50% des habitants de l'Asie du Sud (avec un pic de 63% au Bangladesh) et chez environ 16 % des Européens.
- Il est pratiquement absent en Afrique (pour les raisons que nous connaissons) et, plus surprenant, il est très rare en Asie de l'Est.
- [Zeberg and Pääbo \(2020\)](#) avancent l'hypothèse que la faible présence du segment néanderthalien incriminé en Asie de l'Est est le résultat d'une sélection naturelle puisque les coronavirus d'Asie de l'Est sont plus courants.

“[...] with respect to the current pandemic, it is clear that gene flow from Neanderthals has tragic consequences.” ([Zeberg and Pääbo, 2020](#))

Références

- Bennett, E. A., Parasayan, O., Prat, S., Péan, S., Crépin, L., Yanevich, A., Grange, T., and Geigl, E.-M. (2023). Genome sequences of 36,000-to 37,000-year-old modern humans at buran-kaya iii in crimea. *Nature Ecology & Evolution*, 7(12):2160–2172.
- Cann, R. L., Stoneking, M., and Wilson, A. C. (1987). Mitochondrial dna and human evolution. *Nature*, 325(6099):31–36.
- Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M. H.-Y., et al. (2010). A draft sequence of the neandertal genome. *science*, 328(5979):710–722.
- Hublin, J.-J., Ben-Ncer, A., Bailey, S. E., Freidline, S. E., Neubauer, S., Skinner, M. M., Bergmann, I., Le Cabec, A., Benazzi, S., Harvati, K., et al. (2017). New fossils from jebel irhoud, morocco and the pan-african origin of homo sapiens. *Nature*, 546(7657):289–292.
- Petr, M., Hajdinjak, M., Fu, Q., Essel, E., Rougier, H., Crevecoeur, I., Semal, P., Golovanova, L. V., Doronichev, V. B., Lalueza-Fox, C., et al. (2020). The evolutionary history of neanderthal and denisovan y chromosomes. *Science*, 369(6511):1653–1656.
- Ramachandran, S., Deshpande, O., Roseman, C. C., Rosenberg, N. A., Feldman, M. W., and Cavalli-Sforza, L. L. (2005). Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(44):15942–15947.
- Zeberg, H. and Pääbo, S. (2020). The major genetic risk factor for severe covid-19 is inherited from neanderthals. *Nature*, 587(7835):610–612.