

Un peu d'histoire de famille

Pour comprendre l'homme d'aujourd'hui, il est nécessaire de remonter dans le temps jusqu'à nos origines biologiques. En effet nous portons, dans chacune de nos cellules, dans nos gènes, le patrimoine de notre espèce, hérité d'une longue histoire qui devient de plus en plus déchiffrable grâce aux analyses ADN des mutations enregistrées et cumulées¹ au cours du temps.

Il est désormais démontré par la paléontologie et la biologie, notamment par la génétique et l'embryologie, que l'homme dérive d'une souche primate, c'est-à-dire de singes ancestraux. Il est prouvé que l'homme partage avec le chimpanzé un ancêtre commun qui aurait vécu en Afrique il y a une dizaine de millions d'années, entre -10,5 et -6 Ma². Lorsque l'on dit « *l'homme descend du singe* », cela signifie simplement que l'homme descend d'un primate, qui était un ancêtre commun à la fois au chimpanzé et à l'homme (Fig. 1).

Cet ancêtre s'est ensuite diversifié en donnant naissance à deux lignées dont l'une mène directement aux chimpanzés (incluant le bonobo), tandis que l'autre, par l'intermédiaire des singes bipèdes australopithèques, a conduit à l'homme archaïque, il y a quelque 2 à 2,5 millions d'années. L'un des intermédiaires entre

1. Chalaine, J. 2014. *Généalogie et génétique. La saga de l'humanité. Migrations, Climats et Archéologie*. Op. cit.
 2. Chalaine, J. & Marchand, D. 2010. *Le singe, l'embryon et l'homme. Une nouvelle clé de lecture de l'histoire de l'homme*. Ellipses, Paris.

l'ancêtre commun et les australopithèques serait, selon Tim White¹, *Ardipithecus ramidus*, daté de -4,4 Ma. Ce dernier avait déjà un bassin, des bras et des jambes qui annonçaient l'australopithèque bipède. Ainsi l'apparition de la bipédie aurait précédé l'augmentation du volume cérébral. On a identifié à Malapa, en Afrique du Sud, sous le nom d'*Australopithecus sediba* daté entre -1,95 et -1,78 Ma., l'un de ces intermédiaires potentiels encore débattus, comme la nouvelle espèce *Homo naledi*² découverte en 2015, entre les plus récents australopithèques et les hommes du genre humain (*Homo*).

Les premiers hommes archaïques, appelés *Homo ergaster*, ont colonisé l'Afrique et ont ensuite migré hors d'Afrique vers -1,7 Ma., date où on les trouve déjà dans le Caucase, sous le nom d'*Homo ergaster-georgicus*³.

Par la route méridionale, le long de l'océan Indien, lorsque le niveau de la mer était plus bas d'environ 120 m, ils ont gagné l'île de Java⁴ vers -1,2 million d'années. Partant du Caucase vers le nord, ils ont évolué en *Homo erectus* et sont arrivés dans l'Altai. Au-delà, ils auraient atteint la Chine vers -600 000 BP⁵.

On a découvert récemment une nouvelle forme humaine dans l'Altai ; les *Denisoviens*⁶ (Fig. 1). Connus maintenant par trois individus, ils auraient vécu dans ce site entre -110 000 et -65 000 BP. Or les variations entre les ADN des *Denisoviens* étaient beaucoup plus grandes que celles qui existent à l'intérieur des *Néandertaliens* qui ont été séquencés. Leur ADN est différent de celui des *Néandertaliens*, mais une nouvelle analyse a montré que les *Néandertaliens* étaient plus apparentés avec les *Denisoviens*, qu'avec les hommes « modernes » et que les deux groupes se seraient séparés entre -735 000 et -550 000 BP.

De 3 à 5 % de l'ADN des *Denisoviens*⁷ se retrouve chez plusieurs peuples actuels du Sud-Est asiatique, aux Philippines, en Nouvelle Guinée⁸ et chez des

1. White, T.D., Suwa, G. & Asfaw, B. 1994. *Australopithecus ramidus* a new species of early hominid from Aramis, Ethiopia. *Nature*, 371 : 306-312.
2. Callaway, E. 2015. Crowdsourcing digs up an early human species. *Nature*, doi : 10.1038/nature.2015.18305
3. Gabunia, L. & Vekua, A. 1995. A Plio-Pleistocene hominid from Dmanisi, East Georgia, Caucasus. *Nature*, 373 : 509-512.
4. Chalain, J. & Marchand, D. 2010. *Le singe, l'embryon et l'homme. Une nouvelle clé de lecture de l'histoire de l'homme*. Ellipses. Paris.
5. Rappelons que BP = Before Present, globalement avant l'époque actuelle, en fait avant 1950, époque où les explosions atomiques n'avaient pas encore faussé les datations par le carbone 14.
6. Gibbons, A. 2011. Who were the Denisovans ? *Science*, 333(6046) : 1084-1087.
7. Kuhlwilm, M. et al. 2016. Ancient gene flow from early modern humans into eastern Neanderthals. *Nature*, 530 : 429-433. Doi :10.1038/nature16544
8. Reich, D. et al. 2010. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova cave in Siberia. *Nature*, 468 : 1053-1060. Doi :10.1038/nature09710.

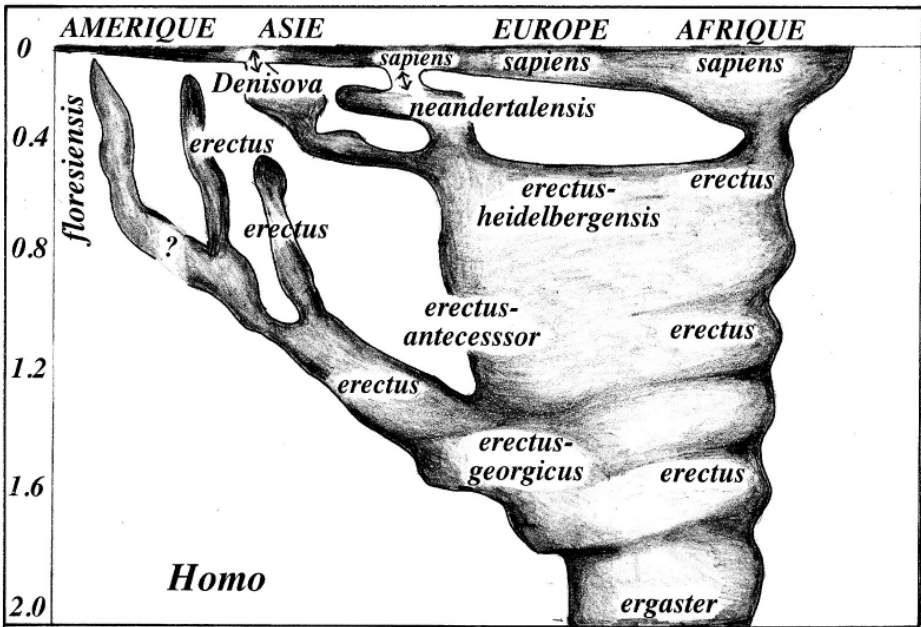


Fig. 1. Phylogénie du genre *Homo*. L'espèce *floresiensis* est peut-être une forme d'*Homo sapiens* ? Les espèces *georgicus*, *antecessor* et *heidelbergensis* ne sont que des variantes régionales d'*erectus*. Le schéma montre, avec les doubles flèches, les moments où les Denisoviens et les Néandertaliens se sont croisés avec les hommes modernes (d'après Wall *et al.*¹, 2009, Green *et al.*², 2010, Reich *et al.*³, 2010, & Stringer⁴, 2011, complété).

aborigènes australiens⁵. Un fossile humain découvert en Chine à Maludong⁶ et daté entre 14 500 et 11 500 BP, « l'homme du Cerf rouge » est considéré par certains auteurs comme une forme qui aurait conservé des caractères archaïques. Serait-ce un hybride entre les Denisoviens et les Hommes « modernes », comme le suggère Chris Stringer⁷ ? Mais curieusement, il existe également des éléments denisoviens de l'ADN féminin chez les *Homo heidelbergensis*, l'*Homo erectus* européen de La Sima de los Huesos d'Atapuerca (Espagne), qui sont de véritables

1. Wall, J.D. *et al.*, 2009. Detecting Ancient Admixture and Estimating Demographic Parameters in Multiple Human Populations. *Mol. Biol. Evol.* 26(8): 1823–1827. doi: 10.1093/molbev/msp096
2. Green, R.E. *et al.*, 2010. A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science*, 328 (5079) : 710-722. DOI: 10.1126/science.1188021.
3. Reich, D. *et al.* 2010. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature*, 468 : 1053-1060. Doi: 10.1038/nature09710.
4. Stringer, C. 2011. *The origin of our species*. Penguin, London.
5. Callaway, E. 2011. First Aboriginal sequenced. *Nature news*, Doi :10.1038/news.2011.551
6. Curnoe, D. *et al.* 2012. Human Remains from the Pleistocene-Holocene Transition of Southwest China Suggest a Complex Evolutionary History for East Asians. *PLoS ONE*, 7 (3) : e31918. Caramelli, David, ed.
7. Barras, C. 2012. Chinese human fossils unlike any known species. *New Scientist*, 14/03/2012, 15.

pré-Néandertaliens avec une morphologie déjà néandertalienne. Les éléments denisoviens d'Atapuerca, s'ils sont vérifiés, impliqueraient nécessairement des croisements avec les *Néandertaliens* ; une affaire à suivre.

À partir de la forme ancestrale commune *Homo heidelbergensis*, les hommes de Néandertal sont apparus entre -400 000 et -300 000 ans, après leur séparation d'avec l'ancêtre des hommes « modernes ».

La paléontologie et la génétique nous montrent que l'homme « moderne » actuel, *Homo sapiens*¹, est dérivé d'un *Homo erectus* africain et que cette transition se serait réalisée en Afrique centrale, ou en Afrique de l'Est, vers -170 000/-150 000 ans. Le plus ancien homme moderne actuellement connu (*Homo sapiens idaltu*)² provient de Herto (Afrique orientale, Éthiopie, Afar). L'arbre évolutif de ces hommes archaïques eurasiatiques subira sans doute encore des modifications importantes dans les années à venir, car beaucoup d'incertitudes subsistent.

Plus tard, à partir de -100 000 ans les Néandertaliens ont cohabité en Palestine avec les hommes « modernes » issus d'Afrique, puis de nouveau vers -40 000 ans, ils ont coexisté en Europe pendant une dizaine de milliers d'années, mais les *Néandertaliens* se sont éteints vers -30 000 BP. en Europe, ou même à -28 000 ans à la grotte de Gorham à Gibraltar³ au bout de la péninsule ibérique où ils ont subsisté plus longtemps.

Tous originaires d'Afrique, les hommes modernes ont conquis le monde entier au cours de migrations dont les variations de l'ADN mitochondrial féminin et de l'ADN-Y masculin ont permis de retracer les étapes successives⁴. Cette analyse génétique valide donc le fait que *nous sommes bien tous des émigrés d'origine africaine !*

Nous allons voir que la plupart des comportements humains étaient déjà en germe chez nos cousins germains chimpanzés, comportements sans doute hérités de l'ancêtre commun⁵.

-
1. L'usage du terme « *homme moderne* » remonte à la fin du XIX^e et au début du XX^e siècle, lorsque les origines d'*Homo sapiens* étaient considérées comme exclusivement européennes et rapportées aux hommes de Cro-Magnon, par comparaison aux formes « archaïques » des hommes de Néandertal.
 2. White, T.D., Asfaw, B., DaGusta, D., Gilbert, H., Richards, G.D., Suwa, G. & Howell, F.C. 2003. Pleistocene *Homo sapiens* from Middle Awash, Ethiopia. *Nature*, 423 : 742-747.
 3. Finlayson, C. et al. 2006. Late survival of Neanderthals at the southernmost extreme of Europe. *Nature*, 443 : 850-853. Doi:10.1038/nature05195.
 4. Chaline, J. 2014. *Généalogie et génétique. La saga de l'humanité*. Op.cit.
 5. De Waal, F. 2013. *Le bonobo, Dieu et nous : A la recherche de l'humanisme chez les primates*. Les Liens qui Libèrent, Paris.



Nos « cousins germains » chimpanzés

L'homme, comme les chimpanzés et les gorilles, est un primate comme l'a montré Linné dès 1758. Les biologistes ont regroupé les chimpanzés et les gorilles d'Afrique dans la famille des Panidés¹. Il existe deux espèces de chimpanzés². Le chimpanzé commun, noir (*Pan troglodytes verus*), a la plus grande répartition géographique au nord du fleuve Congo (Fig. 2). Leur cohabitation géographique avec les gorilles, pourrait être la cause de leur agressivité, ce qui paraît surprenant. La seconde espèce, le chimpanzé nain (*Pan paniscus*), plus connu sous le nom de bonobo, se situe au sud du fleuve Congo (Fig. 2). Son caractère pacifique serait dû au fait qu'il n'a pas de concurrence géographique directe avec d'autres singes. Le bonobo est dérivé du chimpanzé noir et c'est lui qui est, génétiquement, le plus proche de l'homme.

Nous sommes tous des primates et de ce fait, les singes supérieurs africains, les gorilles et les chimpanzés, sont donc nos « cousins ». Nous paraissions très différents tout en ayant un patrimoine génétique commun présentant de très faibles différences. Ce que nous avons du mal à percevoir, c'est la nature et l'ampleur de ces dernières.

1. Du nom latin du chimpanzé, *Pan*.

2. Chaline, J. & Marchand, D. 2010. *Le singe, l'embryon et l'homme. Une nouvelle clé de lecture de l'histoire de l'homme. Op. cit.*

C'est pourquoi, ces singes ont fait l'objet de nombreuses recherches sur le terrain pour analyser leurs comportements. Commencés avec les recherches de la primatologue Jane Goodall¹ en Tanzanie à Gombe Stream (à l'Est du lac Tanganyika), dans les années 60, ces travaux sont désormais réalisés par de nombreux chercheurs dans diverses régions africaines où survivent les chimpanzés et les gorilles. L'inconvénient majeur de ces études dans la nature résulte du fait que les populations ne peuvent pas être observées en temps continu à cause de leurs déplacements constants de plusieurs kilomètres par jour dans une forêt équatoriale très dense. C'est pourquoi de nombreux chercheurs, en particulier Frans de Waal² et son équipe, ont travaillé au zoo Burgers à Arnhem en Hollande. Dans ce dernier, les chimpanzés disposent d'un espace d'environ un hectare, où ils sont facilement observables en continu. Ces observations ont permis de faire des avancées considérables sur la compréhension de leur biologie du comportement spontané en milieu naturel (éthologie)³. Des études similaires ont été réalisées dans des centres de primatologie américains comme celui de Yerkes à Atlanta (Géorgie)⁴ et celui de San Diego (Californie).

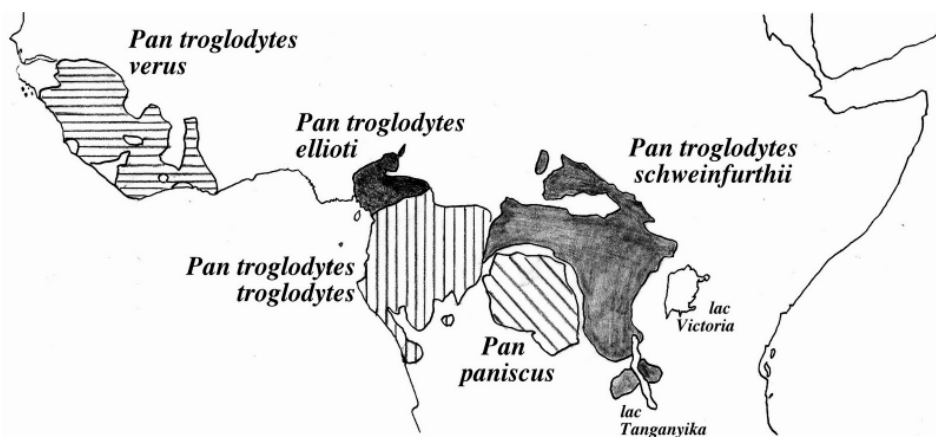


Fig. 2. Carte de répartition des chimpanzés en Afrique. *Pan troglodytes* est le chimpanzé commun noir avec ses sous-espèces et le *Pan paniscus* est le bonobo. (d'après Goodall⁵, Collet⁶ & Chaline⁷).

1. Goodall, J. 1971. *Les chimpanzés et moi*. Stock, Paris.
2. De Waal, F. 1987. *La politique du chimpanzé*. Le Rocher, Paris.
3. Les études de terrain sur les comportements ont été initiées par Konrad Lorenz et Niko Tinbergen, depuis les années 1930.
4. Premack, D. 1976. *Intelligence in Ape and Man*. Lawrence Erlbaum Ass. Pub. Hillsdale.
5. Goodall, J. 1971. *Les Chimpanzés et moi*. Op. cit.
6. Collet, J.-Y. 1988. *La Planète des Primates*. In: *Les Petits des grands singes*. Terre sauvage, Ed. Nuit et Jour: 6-12.
7. Chaline, J. 1994. *Une famille peu ordinaire. Du singe à l'homme*. Seuil, Paris.

D'autres travaux, réalisés selon des approches différentes, ont entraîné la remise en question de toutes les idées préconçues que l'on avait sur la vie des chimpanzés. Rappelons que ces conceptions étaient largement fondées, au moins dans le monde occidental, sur l'interprétation littérale de la Genèse de l'Ancien Testament qui établissait les relations entre, d'un côté, un monde animal et de l'autre, celui de l'homme considéré alors comme le sommet de la création, et totalement indépendant de l'animalité, puisque Dieu l'avait créé à son image et non à celle d'un singe ancestral.

« Dieu dit : "Faisons l'homme à notre image comme notre ressemblance, et qu'il domine sur les poissons de la mer, les oiseaux du ciel, les bestiaux, toutes les bêtes sauvages et toutes les bestioles qui rampent sur la terre." Dieu créa l'homme à son image, à l'image de Dieu, il le créa, homme et femme, il les créa ».

C'est la raison pour laquelle le langage, la conscience, les émotions, l'empathie et le rire étaient considérés comme des caractéristiques culturelles "exclusivement" humaines. Les nouvelles recherches ont imposé de relativiser sérieusement ces conceptions, puisque toutes ces caractéristiques sont déjà pratiquement en "germe" chez les chimpanzés, comme nous allons le voir plus loin.

Les preuves de cousinage

L'homme est fortement apparenté aux chimpanzés et cette parenté est consignée dans chacune de nos cellules. La preuve en est fournie par la comparaison des génomes du chimpanzé et de l'homme, réalisée en 2005¹. Le génome humain renferme environ 3,2 milliards de paires de bases² fixées sur la double hélice de notre ADN. Ces bases constituent les séquences des 25 000 ou 33 000 gènes³ qui permettent à notre organisme de fabriquer les protéines nécessaires et les 100 milliards de cellules de notre corps. Pour donner une idée de la grandeur colossale de notre génome, on peut dire que l'alignement des 3,2 milliards de paires de bases correspondrait à 20 000 livres écrits avec les seules quatre lettres des bases de l'ADN.

1. Chaline, J. & Marchand, D. 2010. *Le singe, l'embryon et l'homme. Une nouvelle clé de lecture de l'histoire de l'homme. Op. cit.*
2. Il y a 4 bases principales : l'adénine (A) ; la thymine (T) ; la cytosine (C) et la guanine (G) qui s'associent en seulement 2 paires, respectivement A-T et C-G.
3. Chaline, J. 2014. *Généalogie et génétique. La saga de l'humanité. Op.cit.*

Le génome des hommes diffère de celui du chimpanzé par 1,61 % de son contenu, les variations entre tous les hommes étant seulement de 0,67 %.

On considère actuellement que beaucoup des différences entre le chimpanzé et l'homme ne portent pas forcément sur des mutations de gènes, mais souvent seulement sur des différences de degrés d'activité de certains d'entre eux. Les vraies différences touchent surtout des fonctions comme la reproduction, l'immunité, l'odorat et l'évolution du cortex cérébral, siège de notre intelligence. Un certain nombre de gènes du chimpanzé inhibés chez l'homme, semblent liés à la décroissance de son sens de l'olfaction. On suppose alors que la vision en trois couleurs¹, se réalisant avec trois types différents de cônes contenant des protéines² sensibles respectivement aux ondes courtes du bleu³, aux ondes moyennes du vert⁴ et aux ondes longues du rouge⁵, se serait développée en compensation de la perte de l'odorat pour la recherche de nourriture chez les primates.

L'évolution des gènes par les mutations n'aboutit pas nécessairement à une amélioration des fonctions, car parfois elles ont un effet négatif. C'est ainsi que l'on constate soit des pertes, soit des gains de nouvelles fonctions. Citons par exemple la disparition des poils chez l'homme, ou la conservation de caractères juvéniles à l'état adulte ; ce que l'on appelle la *néoténie*. Signalons aussi les deux mutations⁶ inhibant la fonction de l'*urate oxydase* dont les conséquences sont assez dramatiques pour les singes et l'homme. En effet, cet accident évolutif, qui a fait perdre l'activité d'oxydation de l'acide urique, augmente de 10 fois le taux d'urée dans le sérum et est la cause directe des calculs rénaux, de l'arthrite et de la goutte chez l'homme.

On peut y ajouter aussi la perte, par une mutation chez l'homme, d'une forme particulière de l'acide sialique⁷ qui est présent à la surface de toutes les cellules où il joue un rôle de barrière dans la transmission d'éléments pathogènes contagieux comme le choléra, la grippe, la malaria, ou le SIDA. C'est pourquoi les chimpanzés sont beaucoup moins sensibles à ces infections que l'homme.

1. Trichromatique.

2. Les opsines qui se lient à une petite molécule, le rétinol.

3. Codée par le gène S du chromosome 7.

4. Codée par le gène M.

5. Codée par le gène L du chromosome sexuel X.

6. Les bases AG des primates ancestraux sont remplacées par les bases AA.

7. Une protéine, l'*hémagglutinine*, peut se fixer aux molécules d'acide sialique dérivées d'un sucre qui existe à la surface des cellules à infecter, par exemple la muqueuse pulmonaire. Une autre enzyme, la *neuramidase*, permet de dissoudre la colle constituée par l'acide sialique adsorbé à la surface du virus (par ex. le virus *Influenza* de la grippe), lui permettant d'aller infecter d'autres cellules en rendant la maladie contagieuse.