

COMMUNIQUÉ DE PRESSE NATIONAL - PARIS - 10 SEPTEMBRE 2019

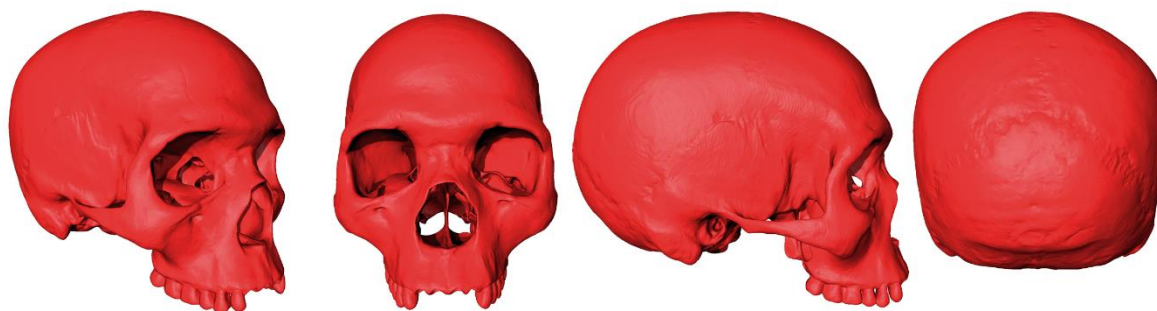
Voici à quoi devait ressembler l'ancêtre commun à tous les hommes modernes

Malgré un âge de quelque 300 000 ans, le plus vieil aïeul commun à tous les *Homo sapiens* avait un crâne étonnamment moderne d'après une modélisation réalisée par Aurélien Mounier, chercheur CNRS au laboratoire Histoire naturelle de l'Homme préhistorique (CNRS/Muséum national d'Histoire naturelle), et Marta Mirazón Lahr, professeure à l'Université de Cambridge (Royaume-Uni). En comparant ce crâne virtuel à ceux de cinq fossiles africains contemporains de l'apparition d'*Homo sapiens*, ces chercheurs suggèrent en outre qu'un mélange de populations sud-africaines et d'Afrique de l'Est aurait donné naissance à notre espèce. Leur étude est publiée le 10 septembre 2019 dans *Nature Communications*.

Notre espèce, *Homo sapiens*, est apparue en Afrique il y a environ 300 000 ans. Mais où exactement, et comment ? Les fossiles africains de moins de 500 000 ans connus à ce jour étant peu nombreux, il manque des pièces au puzzle de l'histoire de notre espèce. Dans cette nouvelle étude, les chercheurs ont donc voulu augmenter le nombre de fossiles disponibles en créant des « fossiles virtuels ».

Pour cela, ils ont mesuré sous toutes leurs coutures 263 crânes fossiles et modernes d'hominines¹ (correspondant à 29 populations²), de manière à pouvoir les modéliser en trois dimensions.

Les chercheurs ont montré qu'il existe une correspondance forte entre les formes crâniennes moyennes de chacune des 29 populations et la position de celles-ci dans un arbre de parenté basé sur des données essentiellement génétiques³. Cette bonne correspondance a permis de calculer quelle était la forme crânienne probable du dernier ancêtre commun à tous les *Homo sapiens*. Les traits de ce fossile virtuel, dont l'âge théorique serait 300 000 ans, apparaissent relativement modernes : avec sa boîte crânienne arrondie, son front relativement haut, des bourrelets sus-orbitaires peu marqués et une face peu projetée vers l'avant, sa morphologie est proche de certains fossiles datés de seulement 100 000 ans.



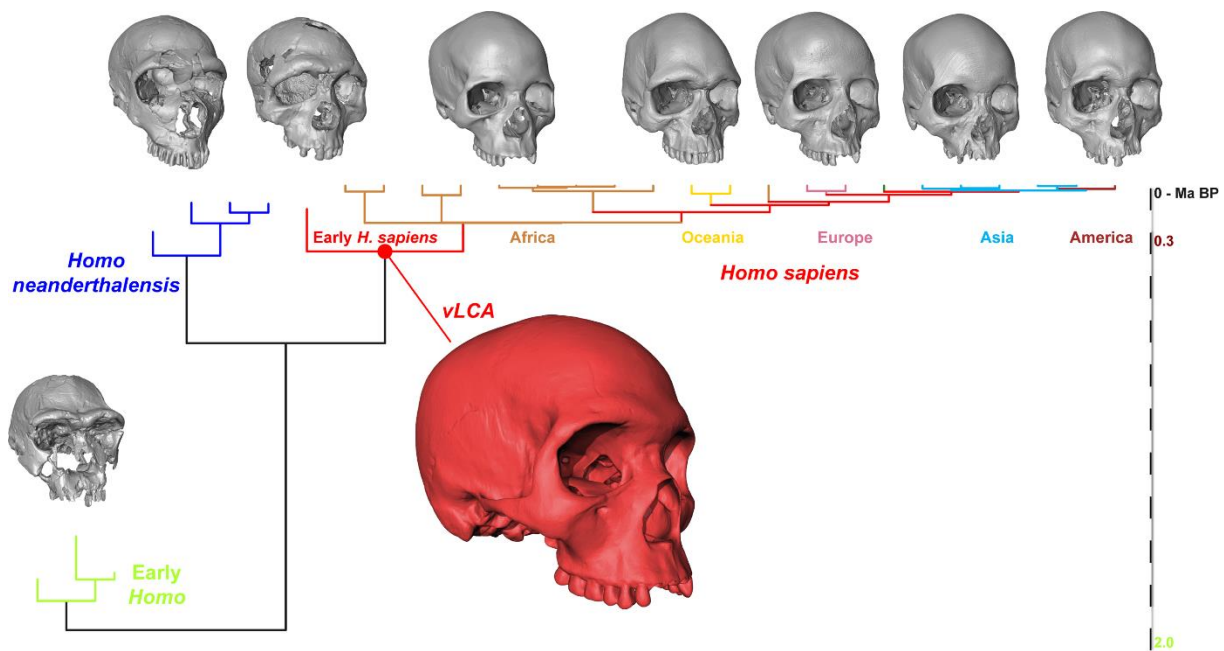
Modélisation de l'ancêtre commun (virtuel) à tous les membres de notre espèce, *Homo sapiens*.

© Aurélien Mounier - CNRS/MNHN



Les chercheurs ont comparé leur fossile virtuel à cinq de ses contemporains bien réels – des crânes d'*Homo* africains fossiles, âgés de 130 000 à 350 000 à ans et parfois considérés comme faisant partie de nos ancêtres. Cette analyse suggère que notre espèce serait née de l'hybridation de populations du sud et de l'est de l'Afrique. Des populations nord-africaines (potentiellement représentées par le fossile de Jebel Irhoud), se seraient mélangées aux Néandertaliens à la suite de migrations vers l'Europe, contribuant de manière moindre à notre espèce.

Cette étude éclaire aussi l'histoire de notre espèce hors d'Afrique : elle soutient l'hypothèse, établie par d'autres chercheurs sur la base d'analyses génétiques⁴, selon laquelle, suite à une première sortie d'Afrique qui n'a laissé de traces qu'en Océanie, une deuxième aurait permis à *Homo sapiens* de peupler successivement l'Europe, l'Asie, et enfin l'Amérique.



Arbre représentant les 29 populations humaines étudiées, fossiles et actuelles.

Les crânes gris sont tirés de l'échantillon utilisé pour reconstruire celui de l'ancêtre virtuel (en rouge). De gauche à droite : KNM-ER 3733 (*H. ergaster*), La Ferrassie (*H. neanderthalensis*), Qafzeh 6 (*H. sapiens* fossile), Kh-1739 (Afrique du sud, Khoikhoi), AUS001 (Australie), Eu.34.4.1 (Hongrie), EAS-ORSA0427 (Chine) et NA82 (Huron, Canada).

© Aurélien Mounier - CNRS/MNHN

Une vidéo est disponible sur demande auprès de veronique.etienne@cnsr.fr ou, après la levée de l'embargo, sur <https://youtu.be/W6Op7MUNMMo>

Notes

¹ sous-groupe de grands singes comprenant le genre humain (*Homo*) et les genres éteints apparentés, tels que les Australopithèques ou les Paranthropes, mais pas les chimpanzés.



² 21 populations modernes vivant dans différentes régions du monde, et 8 populations fossiles.

³ à l'exception des premières espèces du genre *Homo* (i.e. *habilis*, *ergaster* et *georgicus*), pour lesquelles on ne dispose pas d'ADN mais uniquement de données morphologiques.

⁴ Genomic analyses inform on migration events during the peopling of Eurasia, Luca Pagani et al. *Nature*, 21 septembre 2016. <https://doi.org/10.1038/nature19792>

Bibliographie

Deciphering African late middle Pleistocene hominin diversity and the origin of our species,

Aurélien Mounier & Marta Mirazón Lahr. *Nature Communications*, 10 septembre 2019.

DOI : 10.1038/s41467-019-11213-w. <https://www.nature.com/articles/s41467-019-11213-w>

Contacts

Chercheur CNRS | Aurélien Mounier | aurelien.mounier@mnhn.fr

Presse CNRS | Véronique Etienne | T **+33 1 44 96 51 37** | veronique.etienne@cnr.fr

