
UN COUP D'OEIL
DES CHERCHEURS
SUR L'ACTUALITÉ
SCIENTIFIQUE

break'd!



OCTOBRE
2017

N.
01

ÉVOLUTION

N. 01
OCTOBRE
2017

ÉVOLUTION

PREFACE

ENSEIGNANTS
& CHERCHEURS:
ENSEMBLE POUR
UN ENSEIGNEMENT
MODERNE
DE LA BIOLOGIE

p. 1

ÉDITORIAL

LA SCIENCE
DE L'ÉVOLUTION

p. 3

BREAK #1

HOMO FLORESIENSIS
PETITE ESPÈCE,
GRAND MYSTÈRE

p. 6

BREAK #2

LA RECETTE D'UN PLUS
GRAND CERVEAU

p. 8

BREAK #3

COMMENT LES CHATS
ONT CONQUIS
LE MONDE ANTIQUE

p. 10

BREAK #4

LA VIE QUOTIDIENNE
DES HOMMES
DE NÉANDERTAL

p. 12

ACTIVITÉ BIOUTILS

LA PHYLOGÉNIE
MOLÉCULAIRE

p. 14

PREFACE

ENSEIGNANTS & CHERCHEURS: ENSEMBLE POUR UN ENSEIGNEMENT MODERNE DE LA BIOLOGIE

Chères enseignantes,
chers enseignants,

Le monde de la recherche académique repose sur des faits qui sont constitués de données et de résultats. Ces informations sont diffusées au sein de la communauté scientifique par la rédaction de publications (ou articles) scientifiques.

Ces publications sont utilisées par les chercheurs pour être à jour sur les avancées de la recherche et aussi pour développer leurs propres expériences. Même si la rédaction d'une publication peut prendre des années de travail, d'hypothèses, de discussions et d'expérimentations, les derniers développements technologiques et sociétaux nous ont menés à une situation où, toutes les 20 secondes, une nouvelle publication scientifique est produite. En dehors du milieu académique, ces publications sont également très importantes, non seulement pour les progrès technologiques qu'elles apportent, mais aussi pour les débats qu'elles favorisent à différents niveaux, de l'élaboration de stratégies politiques à l'enseignement. Cependant, de tels articles sont souvent publiés par des journaux dont les abonnements sont coûteux et, même si ce n'est pas le cas (pour les journaux dits à accès libre), le jargon de l'écriture scientifique empêche de bien comprendre ce qui a été réalisé par les chercheurs. Pour remédier à cette situation et soutenir l'enseignement de la biologie moderne dans les classes, nous avons créé ce mini-magazine innovant et facile à lire intitulé «*break'd!*».

break'd! est édité et conçu par les plates-formes de communication scientifique de l'Université de Genève, BiOutils et TheScienceBreaker. Le projet a été mis en place avec des enseignants locaux et le Laboratorio Cultura Visiva de la Haute Ecole Spécialisée de Suisse Italienne (SUPSI). 6 mini-magazines seront produits et distribués, chacun abordant un sujet spécifique : évolution, biologie végétale, génétique, microbiologie (microbiote), microbiologie (résistance aux antibiotiques) et neurobiologie. Dans chaque mini-magazine, quatre publications scientifiques différentes seront vulgarisées et

décrites par les auteurs eux-mêmes, c'est-à-dire les chercheurs qui ont effectué la recherche.

Un article éditorial rédigé par un scientifique local fournira également l'historique et le contexte des publications. Enfin, une activité pratique, proposée parmi la liste des expériences BiOutils, permettra de mieux comprendre la démarche scientifique sous-jacente.

Les objectifs de *break'd!* sont (i) de fournir aux enseignants une formation continue liée à leurs programmes éducatifs, (ii) d'offrir aux étudiants la possibilité de s'immerger dans l'actualité scientifique (iii) de favoriser les débats en classe et les discussions entre les enseignants et leurs élèves sur des sujets scientifiques (iv) de servir de point de départ pour la mise en place de webinaires thématiques avec des chercheurs actifs.

Nous espérons que vous apprécierez le contenu de ce magazine, fruit d'un effort commun entre enseignants et scientifiques, engagés pour l'enseignement moderne de la biologie!

— Massimo Caine, coordinateur du projet
BiOutils & TheScienceBreaker



LA SCIENCE DE L'ÉVOLUTION

L'évolution est une discipline de la biologie où l'on cherche à comprendre les mécanismes qui expliquent la diversité du vivant et sa variation au cours du temps. Ces investigations peuvent se situer à tous les niveaux d'organisation du vivant. On peut se poser une question d'évolution au niveau moléculaire, comme par exemple l'étude de l'évolution d'une protéine; ou bien au niveau des espèces, comme l'étude de l'évolution des singes et de l'Homme (voir par exemple les breaks #1 et #2). Toute question en biologie doit inclure la compréhension de son contexte évolutif. Comme l'affirmait le biologiste de l'évolution Theodosius Dobzhansky (1900-1975), «rien en biologie n'a de sens, si ce n'est à la lumière de l'évolution».

L'évolution des organismes peut être étudiée au niveau intra-spécifique, c'est à dire au niveau des individus et des populations d'une même espèce. On s'intéressera par exemple aux allèles présents dans une population et à leur abondance, que l'on comparera aux abondances des allèles d'une autre population.

Cela nous renseigne sur les échanges génétiques et le taux de migrants qui passent d'une population à l'autre au cours des générations. Lorsque l'évolution est étudiée au niveau des processus intraspécifiques on parle souvent de «microévolution».

Un exemple récent d'étude intra-spécifique, incluant des échantillons de représentant ayant vécu des milliers d'années en arrière, a montré que le chat domestique provient de populations du Proche Orient et d'Egypte. Ce nouvel ami de l'homme a ensuite entamé sa dispersion géographique dès le Néolithique, avec une accélération au cours de l'Antiquité en suivant les routes commerciales maritimes et terrestres (voir le break #3).

Par opposition, lorsque l'on étudie les processus évolutifs entre espèces, on parle alors de «macroévolution». C'est le cas de l'étude de DeCasien et al. 2017 (voir le break #2) qui s'intéresse aux facteurs expliquant l'évolution de la taille du cerveau chez différentes espèces de primates.

En évolution, certaines questions couvrent un temps évolutif court, comme par exemple l'évolu-

tion des virus ou de certaines bactéries au cours des cycles d'épidémies. Avec de tels organismes, il est possible d'observer les processus d'évolution et parfois même de les reproduire expérimentalement en laboratoire. Par contre, de nombreuses autres questions portent sur des temps beaucoup plus longs et il devient impossible de tester les hypothèses par une expérimentation directe. Les chercheurs doivent donc développer des méthodes permettant de reconstituer des scénarios sur les événements du passé et y apporter une évaluation de leur plausibilité.

Jusque vers 1990, les chercheurs étudiaient essentiellement les phénotypes, la morphologie et les fossiles pour reconstruire l'évolution. Ce type d'étude reste le seul possible si l'on s'intéresse à des espèces disparues que l'on ne connaît que sous forme de fossiles, comme dans l'étude de Argue et al. 2017 (voir le break #1). Depuis les années 1990, les méthodes de séquençage de l'ADN ont ouvert de nouvelles possibilités qui ne cessent de croître et de nous surprendre avec les dernières technologies de séquençage massif.

Afin d'analyser ces séquences d'ADN chaque fois plus abondantes, nous avons aujourd'hui plusieurs modèles qui décrivent comment celles-ci évoluent au cours du temps. Ces modèles permettent aux phylogénéticiens de reconstruire les relations de parenté entre espèces en analysant leurs séquences d'ADN et même en comparant leurs génomes. Ces modèles ne sont pas toujours parfaits et certains biais peuvent conduire à des conclusions erronées même si la masse de données est importante. Les chercheurs développent donc des modèles de plus en plus réalistes ou, comme dans mon laboratoire, des méthodes pour trier les données qui évoluent selon les modèles disponibles actuellement (Rivera-Rivera et Montoya-Burgos, 2016).

Le champ de l'évolution couvre également des questions sur les causes qui ont conduit aux formes et aux fonctions des organismes d'aujourd'hui. Des méthodes de modélisation statistique, parfois développées dans d'autres domaines scientifiques, sont adaptées à l'étude de l'évolution.

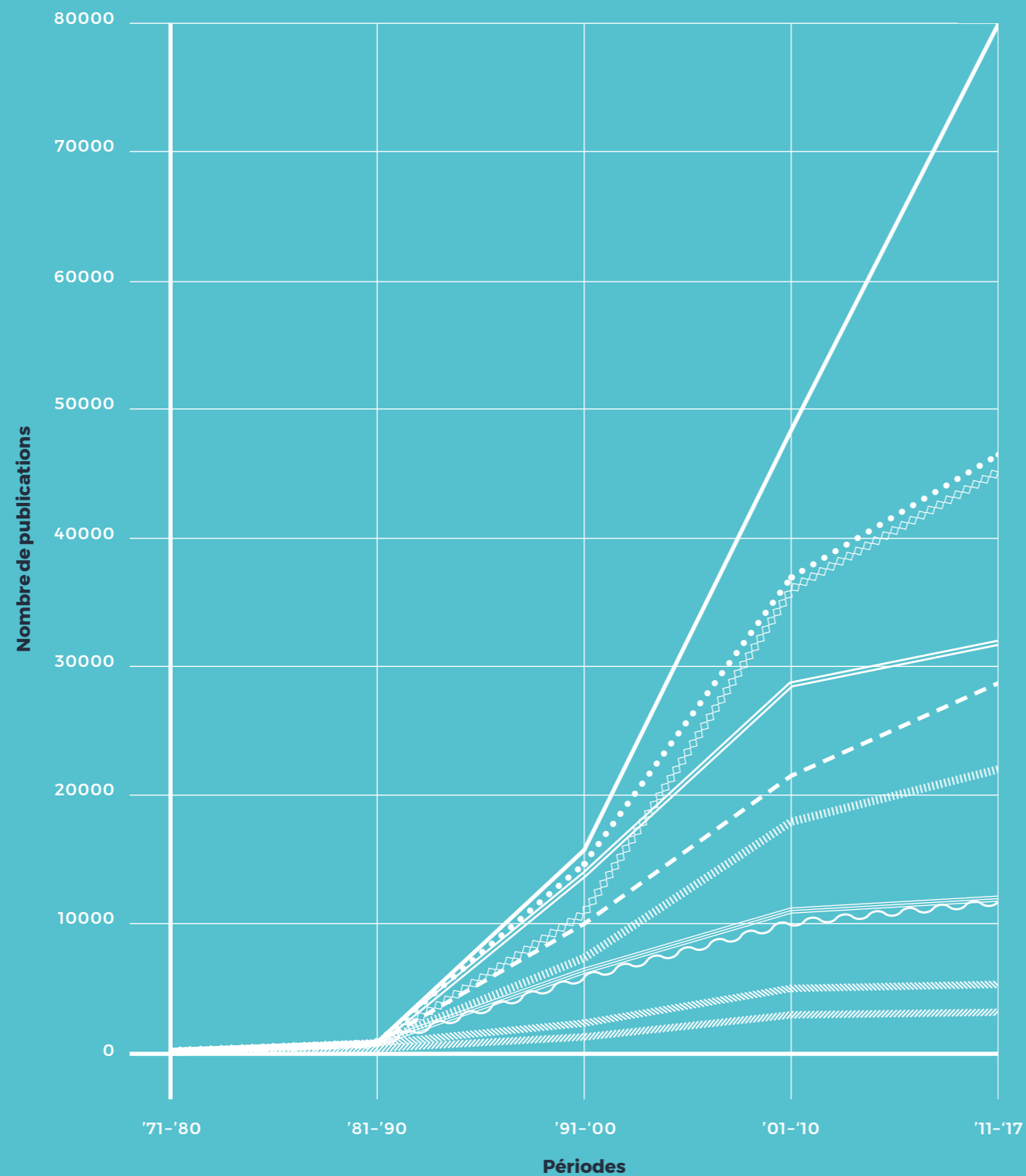


Figure 1
Progression du nombre de publications scientifiques dans différents domaines de la biologie. Recherche faite dans la base de données de «Web of Science Core Collection». (<https://appswebofknowledge.com>)

Recherche par mots clés:

Biology plus l'un des termes suivant: cancer*; genetic*; evolution* additionné des résultats pour phylogen*; neuro*; physiolog*; ecolog*; developmental*; marine*; immunolog*; microbiolog*.

Le symbole * (astérisque) permet d'ajouter n'importe quelle terminaison au mot.

- Cancer
- Genetics
- ◇◇◇◇ Evolution+Phylogeny
- ==== Neuro
- - - - Physiology
- ||||| Ecology
- ===== Developmental
- ~~~~~ Marine
- ////// Immunology
- //////// Microbiology

Les modèles statistiques de régression linéaire multiples sont de plus en plus utilisés, mais ils doivent tenir compte d'une possible co-variation associée aux liens de parenté entre espèces (phylogénie). Cette méthode a été utilisée dans l'étude de DeCasien et al. 2017 (voir le break #2), afin d'évaluer deux hypothèses pouvant expliquer les différences de taille du cerveau chez les primates. La première hypothèse propose que le régime alimentaire soit le facteur principal déterminant la taille du cerveau. La deuxième hypothèse, appelée l'hypothèse du cerveau social, stipule qu'un comportement social plus complexe conduit à l'augmentation de la taille du cerveau. Ces auteurs concluent que, en plus du rôle joué par la taille du corps (plus une espèce est grande, plus son cerveau est grand), le régime alimentaire participe à expliquer les variations de taille du cerveau entre espèces, et pas le niveau de complexité sociale. Si l'on regarde plus attentivement les résultats, on remarque que le régime alimentaire explique une toute petite fraction de la variation de la taille du cerveau (moins de 0.2%) et ce résultat n'est que marginalement significatif.

Toutefois, le plus intéressant et convaincant dans cette étude est la réfutation de l'hypothèse du cerveau social. Comme dans beaucoup d'études en évolution, il faut poursuivre les investigations afin d'apporter une explication plus complète sur les raisons qui ont fait augmenter la taille du cerveau chez certaines lignées de primates.

L'analyse de l'ADN a ouvert des possibilités extraordinaires dans l'étude de nombreuses questions en évolution. Non seulement nous pouvons analyser les séquences d'ADN d'espèces actuelles pour reconstruire l'histoire évolutive passée, mais nous pouvons également extraire et analyser l'ADN présent dans des échantillons de peau ou d'ossements très anciens, jusqu'à plus de 700'000 ans. Cependant, extraire et analyser de l'ADN ancien est très délicat. En particulier, démontrer qu'une séquence d'ADN provient bien de l'échantillon ancien et non pas d'une contamination récente est chose difficile. Par exemple, dans l'article de Weyrich et al. 2017 (voir le break #4) sur l'analyse du régime alimentaire et du microbiome buccal de l'Homme du Néandertal, la présence sur une dent de restes de deux espèces de champignons infestant typiquement les céréales, sans trouver de telles plantes dans l'échantillon, mérite réflexion. D'autant plus que les auteurs placent ces espèces de champignons dans la liste des contaminants possibles d'origine actuelle. D'autre part, l'interprétation des résultats provenant d'échantillons humains anciens doit rester objective, sans y inclure des visions trop anthropocentriques. Par exemple, la présence du champignon *Penicillium rubens*

dans un échantillon de dent d'un homme du Néandertal est interprétée comme une évidence que les Néandertaliens connaissaient et faisaient usage de ce champignon comme antibiotique. En effet, nous savons aujourd'hui que de nombreuses espèces du genre *Penicillium* produisent des antimicrobiens dont la pénicilline. Mais, sachant que les champignons du genre *Penicillium* se développent sur toutes sortes de matières organiques, les restes de *Penicillium rubens* retrouvés dans la bouche d'un Néandertalien pourraient provenir simplement d'une ingestion involontaire accompagnant d'autres aliments. Il est clair que l'évolution, en tant que discipline de la biologie, couvre un champ très vaste en termes de questions abordées, de collecte de données, d'approches méthodologiques et technologiques, de savoir-faire. Cette discipline est en fait un domaine multidisciplinaire très riche. L'évolution montre, depuis quelques décennies, un essor scientifique considérable, au même titre que la génétique, comme le montre la progression du nombre de publications scientifiques dans ce domaine (Figure 1).

A PROPOS DE L'AUTEUR:

Nom
Juan I. Montoya-Burgos, PhD

Position
Responsable de groupe
et Chargé d'enseignement

Institution
Université de Genève
Genève, Suisse

HOMO FLORESIENSIS

PETITE ESPÈCE, GRAND MYSTÈRE

Un nouveau type d'humain, *Homo floresiensis*, a été découvert par surprise en 2003 par une équipe d'archéologues australo-indonésiens qui essayait de découvrir les origines des premiers Australiens. Ils se sont concentrés sur la grotte de Liang Bua, sur l'île de Flores, en Indonésie. Au lieu de trouver des os d'hommes modernes, ils ont fait une découverte sans précédent. Dans les profondeurs de l'excavation se trouvaient les os d'un grand nombre d'individus très différents et très petits, datant de 60'000 à 100'000 ans. Ces os représentent une nouvelle espèce appelée *Homo floresiensis*.

14 ans après, nous en connaissons beaucoup plus sur cet *Homo floresiensis*. Les individus étaient petits (environ 1 mètre de hauteur), ils avaient un petit cerveau de 426 cm³ (le nôtre mesure en moyenne entre 1'300 et 1'500 cm³) et des fronts inclinés vers l'arrière. Pourtant, ils possédaient un cortex frontal étendu. Cela signifie qu'ils pouvaient faire des choses intelligentes telles que planifier, apprendre de leurs erreurs et transmettre des informations de génération en génération. Ils n'avaient pas de menton mais des structures similaires à celles des singes à l'intérieur de la mâchoire. Les os du poignet étaient eux aussi similaires à ceux des singes. Les bras étaient relativement longs et leurs épaules étaient haussées et penchées en avant. Cette espèce marchait debout, mais sa marche avait probablement une allure étrange puisque ses pieds étaient plutôt longs par rapport aux jambes. Ils devaient lever les pieds plus haut que nous pour les séparer du sol.

Le mystère est donc : quelle est la place de cette espèce dans l'arbre de l'évolution humaine? Deux hypothèses ont été proposées au départ :

1) Que l'*Homo floresiensis* était le descendant nain d'une population d'*Homo erectus* qui a évolué sous des conditions d'isolement sur une petite île (la «règle de l'île»). La «règle de l'île» stipule que la taille corporelle des mammifères est altérée lorsqu'une population fondatrice atteint une île, se sépare sur le plan reproductif de son groupe d'origine continentale et fait face à un environnement différent de celui de ses cousins continentaux. Par exemple, une taille corporelle plus petite pourrait être la

réponse évolutive à un approvisionnement alimentaire limité et, à l'inverse, le corps pourrait être plus grand en absence de prédation. L'*Homo erectus* est la seule espèce d'hominidés connue d'Indonésie. Elle est beaucoup plus grande que l'*Homo floresiensis* et a vécu à Java il y a 1,5 millions d'années.

Il n'existe pas de traces d'*Homo erectus* à Flores, mais il est vrai que Flores est relativement inconnue au niveau archéologique.

2) Que l'*Homo floresiensis* était issu d'un lignage précoce d'*Homo*, similaire aux espèces connues d'il y a environ 2 millions d'années en Afrique et qui étaient relativement petites. Ceci impliquerait qu'une population fondatrice inconnue d'hominidés archaïques est arrivée à Flores. Jusqu'à très récemment, nous n'avions pas d'indication qu'une espèce de petits hominidés soit arrivée à Flores. Mais en 2016, des archéologues ont découvert à Mate Menge (à environ 74 km de la grotte de Liang Bua) la mâchoire partielle d'un individu adulte, similaire à celle de l'*Homo floresiensis* bien que plus petite, ainsi que quelques dents qui datent d'environ 700'000 ans. Nous avons testé les deux hypothèses en comparant les caractéristiques du crâne, des mâchoires, des dents, des épaules, des bras et des jambes de l'*Homo floresiensis* avec celles de l'*Australopithecus afarensis*, *A. africanus*, *A. sediba*, *H. habilis*, *H. ergaster*, *H. georgicus*, *H. naledi*, *H. erectus*, *H. floresiensis* et *H. sapiens*. C'est la première fois que la «question *H. floresiensis*» était abordée en utilisant une approche de type «corps entier». Les travaux les plus anciens s'étaient concentrés sur le crâne, les mandibules et les dents.

Nos résultats ont montré que l'*Homo floresiensis* et l'*Homo habilis* étaient étroitement liés. L'espèce *Homo habilis*, connue seulement en Afrique, date d'environ 1,4 à 1,8 millions d'années. L'*Homo floresiensis* et l'*Homo habilis* sont des «espèces sœurs» dans notre arbre phylogénétique, ce qui signifie que vraisemblablement ils partageaient un ancêtre commun immédiat. De l'autre côté, l'*Homo erectus* est une espèce sœur de l'africain de l'Est, *Homo ergaster*, datant de 1,5 millions d'années. C'est à dire que l'*Homo floresiensis* et l'*Homo erectus*

PUBLICATION ORIGINALE

Titre
The affinities of Homo floresiensis based on phylogenetic analyses of cranial, dental, and postcranial characters.

Journal
Journal of Human Evolution
Année
2017

ne sont pas du tout liés. Dans des tests additionnels que nous avons menés, nous n'avons pas trouvé de preuve statistique en faveur d'une relation phylogénétique proche entre ces deux espèces. L'*Homo floresiensis* était une population relique descendue d'un lignage inconnu de petits hominidés datant d'environ 2 millions d'années, qui a vécu à un demi-monde de distance. Cela signifierait que la diffusion des hominidés hors de l'Afrique a eu lieu plus tôt que ce que nous pensions et nous entrevoyons maintenant la perspective excitante de trouver, un jour, l'*Homo floresiensis* en Afrique.

A PROPOS DE L'AUTEUR:

Nom
Debbie Argue, PhD

Position
Chercheuse postdoctorale

Institution
Australian National University
Canberra, Australie



Ce texte est une traduction du break «*Homo floresiensis* - little species, big mystery» écrit à l'origine par Debbie Argue et publié sur TheScienceBreaker (<https://doi.org/10.25250/thescbr.brk059>). Ce texte est mis à disposition selon les termes de la Licence Creative Commons CC BY-SA 4.0



LA RECETTE D'UN PLUS GRAND CERVEAU

Il existe des centaines d'espèces de primates dispersées sur toute la surface du globe, qui varient significativement à la fois en termes de taille du cerveau et d'intelligence. Si l'on regarde les extrêmes, les grands singes (nos parents vivants les plus proches) ont un cerveau légèrement plus grand que celui des nouveau-nés humains, tandis que les lémuriens microcèbes ont un cerveau qui mesure moins de 1/100e de cette taille. Bien que quelques espèces soient très innovantes, qu'elles aient une forte capacité à se contrôler, présentent une mémoire spatiale impressionnante et/ou utilisent de nombreux outils variés, beaucoup d'autres espèces ne possèdent pas ces capacités.

Beaucoup d'hypothèses ont été formulées pour tenter d'expliquer pourquoi certaines espèces ont développé un cerveau volumineux, notamment celles dont le cerveau est plus grand que prévu par rapport à la taille de leur corps. Les animaux ayant un corps plus grand ont tendance à avoir un plus grand cerveau parce qu'ils requièrent plus de puissance de traitement pour maintenir et contrôler leurs fonctions corporelles. Une partie de ce qui rend les humains uniques est le fait que nous ayons le plus grand cerveau relativement à la taille de notre corps (ou taille relative du cerveau). Notre cerveau est toutefois loin d'être parmi les plus volumineux du règne animal – pensons, par exemple, aux éléphants ou aux baleines.

Les premières hypothèses sur ce qui aurait pu conduire au développement d'un cerveau relativement plus grand chez certaines espèces portaient sur l'alimentation. La plupart des espèces de primates mangent essentiellement des fruits ou des feuilles et quelques-unes y incorporent également des insectes ou de petits animaux. Puisque les fruits sont regroupés dans le temps et l'espace et doivent souvent être extraits de leur peau protectrice, les chercheurs ont suggéré que la consommation de fruits pouvait demander une complexité et une flexibilité cognitives plus grandes que celles de la consommation de feuilles. De plus, les fruits sont une source d'alimentation relativement plus riche, qui pourrait aider à compenser quelques-uns des coûts

énergétiques liés au fait d'avoir un grand cerveau. Pourtant, au cours des dernières décennies, l'hypothèse prédominante était que le développement d'un plus grand cerveau chez les primates résultait d'une complexité sociale accrue - ou hypothèse du cerveau social. Les chercheurs ont étayé cette hypothèse avec des études montrant que les espèces de primates qui cohabitent dans des groupes plus nombreux ont un cerveau relativement plus grand. D'autres études ont aussi affirmé que les espèces avec les systèmes sociaux les plus complexes devaient avoir un cerveau relativement plus grand. Toutefois, les études divergeaient sur la question de déterminer si les espèces monogames ou les polygynandres (multi-mâles, multi-femelles) possèdent des systèmes plus complexes et des cerveaux relativement plus grands.

Nous tenions à résoudre les contradictions suivantes avec une nouvelle étude. D'abord, l'alimentation ou la socialité (ou les deux), expliquent-elles les différences dans la taille relative du cerveau parmi les primates? Deuxièmement, les espèces ayant certains systèmes d'accouplement ont-elles un cerveau relativement plus grand que celui des espèces utilisant d'autres systèmes? Le problème principal semblait être le fait que peu d'espèces (soit moins de 50) avaient été incluses dans la plupart des plus anciennes études et donc nous avons recueilli des données de plus de 140 espèces de primates. De même, nous avons utilisé les techniques statistiques les plus récentes pour voir si cela avait un impact sur les résultats. Nous n'avons pas inclus les humains dans notre étude, car notre cerveau est exceptionnellement grand et nous n'avons ni une taille moyenne pour nos groupes, ni un système d'accouplement clair (les sociétés humaines ne considèrent pas toutes la monogamie comme étant la norme). Nous avons découvert que les espèces de primates qui consomment des aliments de meilleure qualité et plus difficiles à trouver, comme les fruits et/ou de petits animaux, ont un cerveau relativement plus grand que celles qui mangent des feuilles, une source d'alimentation abondante et de moindre qualité. D'ailleurs, nos résultats indiquent que les

espèces qui cohabitent dans des groupes plus nombreux n'ont pas de cerveau de taille relativement supérieure et que les divers systèmes d'accouplement n'expliquent pas les différences dans la taille relative du cerveau d'une espèce à l'autre. Ces constatations n'ont pas seulement réfuté les principales prédictions de l'hypothèse du cerveau social, mais elles ont aussi renforcé les idées plus anciennes sur l'influence de l'alimentation dans l'évolution du cerveau des primates. Étant donné que les primates font souvent face à des défis écologiques au sein de contextes sociaux, vraisemblablement les pressions sélectives des environnements physique et social ont affecté l'évolution de leur cerveau.

Quant à nous, humains, il est plus difficile de déterminer ce qui a conduit initialement à l'évolution de nos énormes cerveaux, mais les résultats de notre étude suggèrent que l'alimentation aurait joué un rôle au moins aussi important que celui des facteurs sociaux. L'évolution humaine est marquée par une augmentation de la consommation de viande et fruits de mer, qui ne sont pas seulement des aliments de haute qualité, mais dont la technologie nécessaire pour les chasser et les préparer exige des compétences cognitives plus complexes. Il est possible que la sélection d'une intelligence technologique liée à l'obtention de ce type d'aliments soit arrivée en premier, avec des changements neurologiques associés qui ont fourni un échafaudage pour le développement ultérieur de compétences sociales complexes.

A PROPOS DE L'AUTEUR:

Nom
Alexandra R. DeCasien

Position
Doctorante

Institution
New York University
New York, USA



Ce texte est une traduction du break «Food for thought: recipe for bigger brains» écrit à l'origine par Alexandra R DeCasien et publié sur TheScienceBreaker (<https://doi.org/10.25250/thescbr.brk058>). Ce texte est mis à disposition selon les termes de la Licence Creative Commons CC BY-SA 4.0

COMMENT LES CHATS ONT CONQUIS LE MONDE ANTIQUE

10 Quand les animaux ont été domestiqués, ils ont acquis une protection contre la famine, les prédateurs et les maladies, mais ont perdu leur liberté. Ceci est très bien illustré par l'exemple du chien, premier animal à avoir été domestiqué et qui est très différent de son ancêtre le loup en matière de comportement, de morphologie et de physiologie, cela est aussi visible à l'examen de son génome. Mais qu'en est-il du chat domestique qui, dans de nombreux cas, est encore difficile à distinguer des chats sauvages, même au niveau génomique, et dont le comportement n'est pas non plus très différent de ces derniers? Il ressort de l'analyse de l'ADN mitochondrial des chats modernes que tous les chats domestiques, même les errants, sont issus du chat sauvage nord-africain *F.s. lybica*, également présent dans le sud-ouest de l'Asie. Il s'agit de la région où les humains ont commencé, durant le Néolithique, à domestiquer les plantes, à se sédentariser et à cultiver. Ils ont aussi commencé à domestiquer les animaux qu'ils chassaient et mangeaient, comme le mouton, la chèvre et le cochon. La découverte archéologique d'un squelette de chat dans la tombe d'un enfant datant d'environ 9'500 ans à Chypre suggère que ce sont les premiers agriculteurs du Néolithique qui ont apporté le chat avec eux. Cela suggère également que les chats avaient déjà été attirés dans l'environnement humain à cette époque, vraisemblablement par l'intermédiaire des rongeurs qui prospéraient dans les réserves de céréales accumulées par les agriculteurs sédentarisés (pour la première fois dans l'histoire de l'humanité) dans la région du Croissant fertile. Les rongeurs détruisaient les récoltes non seulement en s'en nourrissant, mais aussi en les polluant avec leurs excréments. De plus, ils rongeaient les matières organiques, comme celles constituant les cordes des bateaux ou les pièces en cuir des armes. Les chats chassaient ces animaux et libéraient ainsi les agriculteurs des nuisibles et d'autres espèces venimeuses. Une relation s'est donc établie, qui apportait des bénéfices aux deux parties. Nous avons effectué une analyse paléogénétique de l'ADN mitochondrial issu des traces archéologiques de plus de 300 chats, datant des

10'000 dernières années et retrouvées en Europe, en Asie du Sud-Ouest et en Afrique du Nord. Le profil phylogéographique des chats a changé après la période de néolithisation, ce qui confirme l'hypothèse selon laquelle le déplacement d'animaux généré par les agriculteurs du Néolithique est le signe d'un processus de domestication précoce. En effet, la lignée anatolienne de l'ancien chat sauvage *F.s. lybica* a également été retrouvée dans des restes plus récents provenant du sud-est de l'Europe ainsi que du sud-ouest de l'Asie, où l'on sait, grâce à des données archéologiques, que des agriculteurs anatoliens avaient émigré ultérieurement. De nombreux archéologues ont été pendant longtemps convaincus que le chat avait été domestiqué en Égypte en raison du rôle particulier qu'ils avaient joué dans l'Égypte ancienne. Cela avait été déduit de l'observation de tombes et de statues, mais aussi de descriptions d'écrivains gréco-romains comme Hérodote. De fait, jusqu'à présent, l'abondante iconographie égyptienne constituait la source la plus importante d'informations sur la place prépondérante allouée aux chats dans l'Égypte ancienne, où ils étaient adorés et vénérés. En raison de ce statut particulier, nous n'avons pas été très surpris de découvrir une lignée mitochondriale particulière dans des restes de chats provenant d'Égypte datant du 1er millénaire avant notre ère. Nous avons par contre été étonnés de voir cette lignée se répandre très rapidement et efficacement à d'autres lieux, en l'espace de quelques siècles, y compris jusqu'à un site viking sur la mer Baltique. A l'époque romaine, la lignée indigène n'était plus majoritaire en Asie Mineure, mais avait été surpassée par la lignée égyptienne. En outre, nous avons découvert la lignée mitochondriale du chat sauvage d'Asie centrale et du sud dans des restes provenant d'un port romain en Égypte. Ce port, situé sur la mer Rouge, était connu pour ses liens commerciaux très étroits avec l'Inde. En regroupant ces différents indices, nous sommes arrivés à la conclusion que la dispersion des chats a dû avoir lieu principalement par bateau, sur lesquels ils embarquaient eux-mêmes ou alors étaient emmenés par les marins pour protéger les

réserves de nourriture et les cordes des rongeurs. Ils étaient peut-être aussi récompensés par d'autres mets plus délicieux, comme le poisson. Par conséquent, les chats semblent avoir conquis le monde par la mer – une conclusion à laquelle nous n'aurions pas pu arriver sans l'analyse de tant d'échantillons! Nous avons aussi pu ajouter une pièce supplémentaire au puzzle de l'histoire de la domestication des chats en analysant le motif de leur pelage: tandis que tous les chats sauvages sont rayés, beaucoup de chats domestiques sont au contraire tachetés. Selon nos échantillons, le gène responsable de ce motif est apparu après le 13ème siècle de notre ère et s'est répandu depuis l'Asie Mineure vers tout l'Empire Ottoman. Ceci est une preuve en faveur de l'hypothèse selon laquelle les chats n'ont pas beaucoup évolué depuis le début de leur cohabitation avec l'homme, mais qu'ils ont plutôt continué à être des chasseurs indépendants, presque sauvages, à la seule différence qu'ils ne fuient pas les humains.

A PROPOS DES AUTEURS:

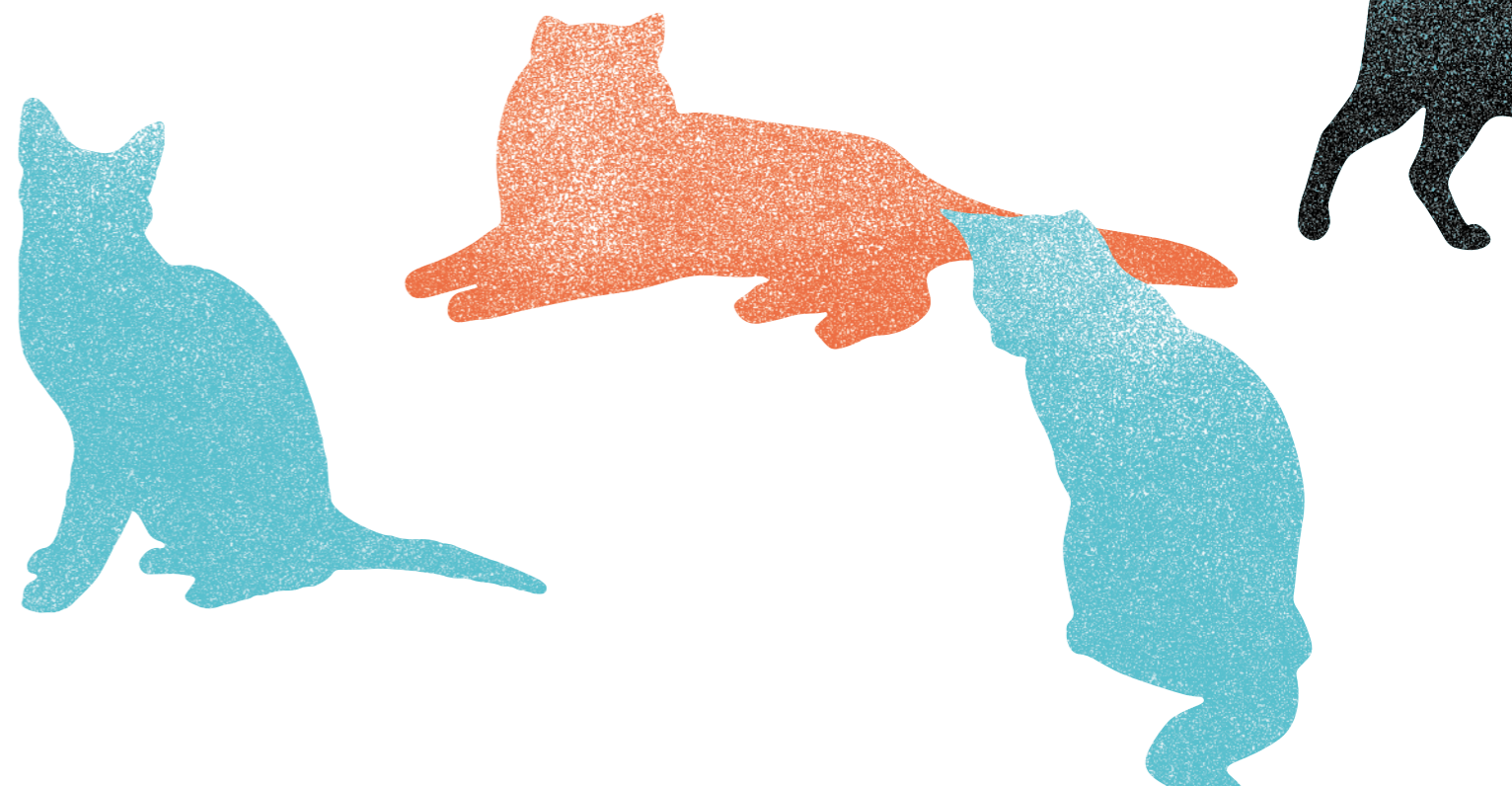
Nom
Eva-Maria Geigl, PhD ;
Thierry Grange, PhD

Position
Directeurs de recherche

Institution
Université Paris Diderot
Paris, France



Ce texte est une traduction du break «How cats conquered the Ancient world: a 9,000-years DNA tale» écrit à l'origine par Eva-Maria Geigl et Thierry Grange et publié sur TheScience-Breaker (<https://doi.org/10.25250/thescbr.brk062>). Ce texte est mis à disposition selon les termes de la Licence Creative Commons CC BY-SA 4.0



LA VIE QUOTIDIENNE DES HOMMES DE NÉANDERTAL



Les Néandertaliens sont nos plus proches parents évolutivement parlant. Ils ont disparu depuis environ 40'000 ans, mais ont vécu en Europe et en Asie Occidentale, où ils ont cohabité et se sont reproduits avec les humains. Malgré leur étonnante ressemblance physique et génétique avec nous, humains, notre compréhension de leur mode de vie est limitée. Qui étaient donc nos énigmatiques cousins génétiques?

Connaître le régime alimentaire d'un groupe ancien peut nous éclairer sur de nombreux aspects de leur vie quotidienne. Les aliments qu'ils consommaient donnent une idée de la façon dont ils interagissaient avec leur milieu. Comprendre la manière dont ils exploitaient et géraient leur environnement donne ensuite un aperçu de leurs connaissances, ainsi que des outils et structures sociales qu'ils ont pu mettre en place. Sur un plan plus individuel, la nourriture constitue un aspect central de la vie quotidienne et savoir ce qu'une personne a mangé peut nous aider à voir le monde à travers ses yeux. Une nouvelle méthode a récemment été développée pour recueillir des traces de l'alimentation d'un individu directement à partir de ses calculs dentaires. Ces dépôts qui s'accumulent sur les dents, souvent ignorés, ont permis de donner un nouvel éclairage sur les hommes de Néandertal.

Les calculs dentaires, aussi appelés tartre, sont une couche calcifiée de plaque dentaire. La plaque dentaire est une couche de microbes légèrement collante qui se développe sur les dents. De petits fragments de tout ce qui passe dans la bouche peuvent se retrouver bloqués sur la plaque collante et être préservés pendant la calcification. On a retiré le tartre des dents de trois hommes de Néandertal retrouvés pour l'un dans la grotte de Spy en Belgique et pour les deux autres dans la grotte d'El Sidron en Espagne. Puis, en utilisant une technique appelée métagénomique, tout l'ADN conservé dans les calculs dentaires a été récupéré et utilisé pour identifier ces petits fragments, offrant un aperçu direct de l'alimentation néandertalienne. Les régimes alimentaires des deux régions étaient significativement différents. L'ADN retrouvé à partir

de l'individu de Spy a montré qu'il consommait ce qu'on peut attendre d'un chasseur de l'Âge de Pierre: des rhinocéros laineux et des moutons, accompagnés de champignons. De son côté, le tartre des individus d'El Sidron ne contenait aucune trace de viande et a plutôt révélé un régime composé de champignons, de pignons de pin, de mousse de forêt et de peuplier. Cela dresse un portrait des Néandertaliens et de leur capacité à s'adapter à leur environnement et à survivre en utilisant des ressources variées. Mais l'ADN retrouvé dans le tartre n'a pas seulement fourni des indices sur ce que ces individus mangeaient quand ils s'asseyaient pour dîner. Contrairement au stéréotype de brutalité associé au Néandertalien, l'individu de Spy semble avoir été capable d'auto-médication, un comportement complexe qui nécessite la compréhension des effets de plusieurs ressources spécifiques. Il souffrait vraisemblablement d'un abcès dentaire (identifiable d'après l'observation de sa mâchoire) et de parasites intestinaux (dont l'ADN a été identifié à partir des calculs dentaires) et se soignait en utilisant de l'aspirine et des antibiotiques. Les sources naturelles de ces médicaments modernes ont été identifiées grâce à ses calculs dentaires. Cet individu avait en effet mangé des produits issus du peuplier, contenant de l'acide salicylique (un analgésique constituant le principe actif de l'aspirine) et une espèce de champignon appelée *Penicillium*, productrice d'antibiotiques.

Évidemment, les humains vont eux aussi utiliser ces ressources à travers les âges, jusqu'à culminer avec les médicaments modernes de nos jours. Le fait de savoir que les néandertaliens utilisaient déjà ces ressources devrait contribuer à détruire le stéréotype de l'homme de Néandertal rustre et le remplacer par une appréciation nuancée de ses compétences. Alors que les similitudes comportementales entre humains et homme de Néandertal deviennent de plus en plus évidentes, ce sont les micro-organismes qui indiquent précisément ce qui a changé. Comme nous l'avons mentionné, les calculs dentaires sont composés principalement de micro-organismes. Cette communauté microbienne fait partie

PUBLICATION ORIGINALE

Titre
Neanderthal behaviour, diet, and disease inferred from ancient DNA in dental calculus.

Journal
Nature
Année
2017

du microbiome, qui joue un rôle clé dans la santé et le développement de maladies et se transmet de manière verticale. Bien qu'ils ne soient pas situés sur la même lignée évolutive, les anciens humains et les hommes de Néandertal ont échangé au moins un micro-organisme. Le génome complet d'une archée responsable d'une maladie des gencives (*Methanobrevibacter oralis*) a été reconstruit à partir des calculs dentaires d'un homme de Néandertal. Ce génome était celui d'une sous-espèce de celle rencontrée dans les bouches humaines, ce à quoi l'on pouvait s'attendre étant donné qu'humains et hommes de Néandertal sont eux-mêmes des espèces différentes (ou sous-espèces). Toutefois, les sous-espèces d'archées ont divergé alors que les humains et les hommes de Néandertal formaient déjà deux espèces différentes. On ne peut que spéculer sur la manière dont ce transfert a eu lieu: par l'intermédiaire de l'environnement, du partage d'outils, ou même du baiser. En tout cas, un transfert a bel et bien eu lieu, ce qui démontre encore un

peu plus qu'humains et hommes de Néandertal interagissaient directement entre eux. L'image que nous avons des hommes de Néandertal comme d'un groupe complexe et intelligent est de plus en plus claire. L'ADN ancien issu de leurs calculs dentaires a permis de déduire qu'il y avait des différences de régimes alimentaires entre différents groupes d'hommes de Néandertal et de conclure qu'ils avaient connaissance de l'automédication. Le transfert d'au moins un pathogène oral indique également que nos ancêtres et nos cousins génétiques entretenaient des relations sociales. Cette étude apporte de nouvelles informations sur l'image toujours plus humaine que nous avons des hommes des cavernes.

12

13

A PROPOS DE L'AUTEUR:

Nom
Andrew Farrer

Position
Doctorant

Institution
**The University of Adelaide
Adelaide, Australie**



Ce texte est une traduction du break «The daily life of Neandertals» écrit à l'origine par Andrew Farrer et publié sur TheScienceBreaker (<https://doi.org/10.25250/thescbr.brk061>). Ce texte est mis à disposition selon les termes de la Licence Creative Commons CC BY-SA 4.0



www.bioutils.ch