



UNIVERSITÄT
BERN



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE



Swiss Institute of
Bioinformatics

Communiqué de presse

Lausanne, le 13 Septembre 2011

Néandertal et homme moderne : une descendance commune pas si commune

Notre héritage néandertalien représente à peine 1-3% de notre génome. Un pourcentage minuscule si l'on considère que l'homme de Néandertal a cohabité environ 10 000 ans avec l'homme moderne. Le Prof. Laurent Excoffier, du SIB Institut Suisse de Bioinformatique et de l'Université de Bern, et le Dr. Mathias Currat de l'Université de Genève ont mis au point un modèle informatique pour comprendre pourquoi notre héritage néandertalien est aussi faible. Ils ont simulé des échantillons d'ADN d'individus français et chinois actuels et estimé le taux de réussite des croisements interspécifiques sous différents scénarios démographiques au paléolithique. Leur étude a révélé que ce taux de réussite est inférieur à 2%, et ce en raison de fortes barrières à la reproduction entre les deux espèces. Les résultats de leur étude intitulée "Strong reproductive isolation between humans and Neanderthals inferred from observed patterns of introgression" seront publiés cette semaine dans la prestigieuse revue *PNAS*.

Il y a environ 50'000 ans, l'homme moderne a migré hors d'Afrique pour coloniser l'Eurasie. Durant son exode, l'homme moderne et l'homme de Néandertal se sont hybridés, comme le prouvent de récentes études montrant que 2 à 3% du génome des non-africains est d'origine néandertalienne. Mais pourquoi cet héritage est-il si petit en dépit de milliers d'années de cohabitation ? Etant donné qu'une fraction similaire de gènes néandertalien a été observée en Europe et en Asie, il a été postulé que le métissage n'a eu lieu qu'au Proche Orient, juste après la sortie d'Afrique par les hommes modernes il y a environ 50,00 ans ou que des métissages ont eu lieu dans d'autres régions mais que leur trace a ensuite disparu en raison de métissages ultérieurs avec d'autres hommes modernes. Bien que la démographie exacte des populations paléolithiques ne soit pas parfaitement connue, les Dr. Excoffier et Currat ont mis au point un modèle informatique permettant de clarifier le processus d'hybridation entre l'homme de Néandertal et l'homme moderne à partir d'échantillons d'individus français et chinois actuels. Ils ont procédé à de nombreuses et complexes simulations basées sur différents scénarios intégrant différents paramètres tels que la densité ou la croissance démographique. Dans la plupart des scénarios étudiés, le taux de réussite des croisements interspécifiques s'est révélé inférieur à 2%. « Ce résultat suggère l'existence de barrières efficaces au flux de gènes d'une espèce à l'autre », explique le Prof. Excoffier. Mais la nature de ces barrières demeure incertaine. Sont-elles liées à un évitement volontaire des deux espèces ou à une moins bonne survie ou fertilité des hybrides homme moderne-néandertalien ? « Nous avons pu montrer grâce aux ressources bioinformatiques dont nous disposons aujourd'hui que notre faible héritage néandertalien est dû à des échanges génétiques très limités entre les deux espèces. Sans ces fortes barrières à la reproduction, nous serions tous devenus des néandertaliens », précise le Prof. Excoffier.



UNIVERSITÄT
BERN



UNIVERSITÉ
DE GENÈVE



Swiss Institute of
Bioinformatics

Un métissage différent en Europe et en Asie

Cette étude apporte aussi une explication nouvelle à l'observation d'une même proportion de gènes d'origine néandertalienne en Asie et en Europe. Les différents scénarios étudiés par Laurent Excoffier et Mathias Currat montrent que l'hybridation ne s'est pas limitée à l'Europe et au Proche Orient, mais qu'elle s'étendait jusqu'au massif de l'Altai au Nord de l'Himalaya. Différents épisodes de métissage ont donc probablement eu lieu au delà du Moyen-Orient, après la séparation entre les Européens et les Asiatiques. Cette hypothèse permet en outre de prédire l'existence probable de gènes néandertaliens différents chez les Européens et les Asiatiques. De nombreuses ressources et compétences en bioinformatique seront nécessaires pour la collecte, l'étude et la comparaison de nouvelles données génomiques afin de vérifier cette hypothèse et encore améliorer notre compréhension de l'évolution humaine.

A propos du SIB

Le SIB Institut Suisse de Bioinformatique est une fondation académique sans but lucratif et d'utilité publique fédérant les activités dans le domaine de la bioinformatique en Suisse. Sa mission est de fournir les services informatiques essentiels pour la communauté des sciences du vivant, notamment en termes de bases de données, de logiciels, de serveurs internet et de calcul, ainsi que de support à l'analyse de données, tant au niveau national qu'international. Le SIB assure également un enseignement et une recherche bioinformatique de premier plan. Il a une longue tradition dans le développement de logiciels de pointe pour la recherche en sciences du vivant, ainsi que dans le support de bases de données à haut contenu informatif, telles que UniProtKB/Swiss-Prot, la référence mondiale en termes de connaissances sur les protéines. Le SIB fédère des groupes de recherche et de service reconnus internationalement dans les domaines de la protéomique, la transcriptomique, la génomique, la biologie des systèmes, la bioinformatique structurale, la bioinformatique évolutionnaire, la biophysique et la génétique des populations, à Bâle, Berne, Fribourg, Genève, Lausanne, et Zürich. Le SIB est un partenaire reconnu internationalement et ses services sont utilisés par les chercheurs du vivant au niveau mondial.

<http://www.isb-sib.ch>

Contacts:

Laurent Excoffier

**SIB Institut Suisse de Bioinformatique et
Université de Bern**

Computational and Molecular Population Genetics

Baltzerstrasse 6

3012 Berne

+41 31 631 30 31

Mathias Currat

**Anthropology Unit, Department of Genetics and Evolution
Université de Genève**

u^b

b
**UNIVERSITÄT
BERN**



**UNIVERSITÉ
DE GENÈVE**



**Swiss Institute of
Bioinformatics**

12 rue Gustave-Revilliod
1211 Genève 4
+41 22 379 69 79

Irène Perovsek
Responsable Communication
SIB Institut Suisse de Bioinformatique
Quartier Sorge - Bâtiment Génopode
1015 Lausanne
+41 (0)21 692 40 54 / +41 (0)78 876 11 29