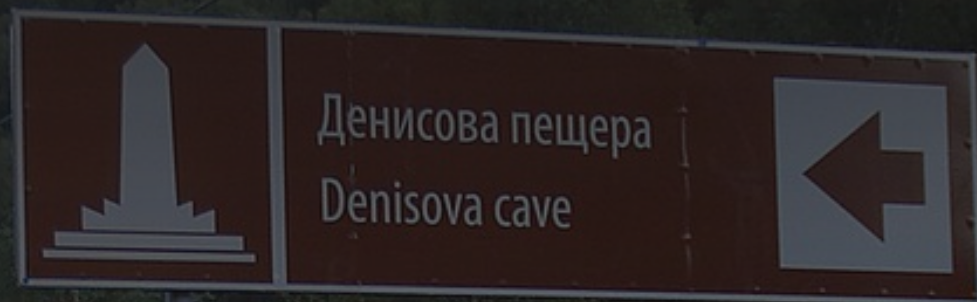




DOSSIER — ESPÈCES DU GENRE *HOMO*

Denisova

État des connaissances — 2026

Une humanité entière connue par une phalange, quelques dents et une mâchoire — mais dont le génome se lit mieux que celui de bien des fossiles complets. C'est le premier peuple de la préhistoire découvert par la génétique avant de l'être par l'anatomie.

Ce que contient ce dossier

En 2010, l'analyse d'un fragment de doigt trouvé en Sibérie a révélé l'existence d'une humanité inconnue. Seize ans plus tard, on en connaît le génome dans le détail — et à peine une dizaine d'ossements.

- 1 Une humanité née d'un ADN** p. 3
2008-2010 : comment une phalange sans caractères diagnostiques a fondé un peuple.
- 2 Le maigre dossier fossile** p. 5
Tout ce que l'on possède tiendrait dans une main : dents, phalange, mandibule, côte.
- 3 Ce que dit le génome** p. 8
Séparations, populations multiples, consanguinité — et Denny, l'enfant de deux humanités.
- 4 Leur héritage en nous** p. 11
De 4 à 6 % en Océanie, l'altitude tibétaine, l'immunité : l'introggression la plus démonstrative connue.
- 5 Un territoire déduit des gènes** p. 14
Sibérie, Tibet, et une Asie du Sud-Est qu'aucun fossile n'atteste encore.
- 6 Que faisaient-ils ?** p. 16
Le bracelet, l'aiguille, les parures — et pourquoi l'attribution reste discutée.
- 7 La question du nom** p. 18
Harbin, *Homo longi* et les hominines chinois : faut-il enfin nommer l'espèce ?
- 8 Ce qui manque** p. 20
Le crâne, l'aire réelle, l'industrie : la liste de ce qu'on ignore encore.

AVANT-PROPOS

Un renversement de méthode

Toute la paléanthropologie s'est construite sur un principe : on décrit un fossile, on le compare, on le nomme. Denisova a inversé l'ordre. Ici, **la séquence a précédé la description** — et l'espèce n'a toujours pas de nom scientifique valide.

Cette inversion a une conséquence qu'il faut garder en tête tout au long de ce dossier : nous connaissons remarquablement bien leur biologie et presque rien de leur apparence. Nous savons qu'ils ont peuplé l'Asie sans savoir à quoi ressemblait leur visage.

Comme toujours sur ce site, les encadrés verts signalent les points en débat. Ils sont ici particulièrement nombreux : le dossier dénisovien est le plus mouvant de la discipline, et plusieurs pages de ce texte auront vieilli dans cinq ans.

Une humanité née d'un ADN

L'objet fondateur mesure moins d'un centimètre. C'est la phalange terminale d'un auriculaire d'enfant, trouvée en 2008 dans une grotte de l'Altai. Sans caractère anatomique remarquable, elle serait restée un os parmi d'autres. Son ADN en a fait un événement.

La grotte de Denisova s'ouvre à sept cents mètres d'altitude, dans une vallée de la rivière Anouï, au sud de la Sibérie occidentale. Elle porte le nom d'un ermite du XVIII^e siècle qui y aurait vécu. Fouillée depuis les années 1970 par des équipes russes, elle a livré une séquence exceptionnellement longue — plus de 200 000 ans d'occupations empilées.

En 2008, la campagne de fouille dégage dans la galerie orientale un minuscule fragment osseux, catalogué **Denisova 3**. Il est envoyé à Leipzig, à l'institut Max-Planck d'anthropologie évolutionnaire, où l'équipe de Svante Pääbo tente d'en extraire de l'ADN — une routine, à l'époque, pour caractériser des restes indéterminés.

Le résultat qui n'était pas prévu

En 2010, la séquence mitochondriale tombe. Elle ne ressemble ni à celle d'un humain moderne, ni à celle d'un Néandertalien. Elle s'en écarte à peu près deux fois plus que les deux ne s'écartent l'une de l'autre.

Le génome nucléaire, publié la même année, confirme et précise : il s'agit d'une population **sœur des Néandertaliens**, séparée d'eux depuis des centaines de milliers d'années, et jusqu'alors totalement inconnue. Faute de caractères anatomiques permettant une diagnose formelle, les auteurs se refusent à créer un nom d'espèce et parlent d'« hominine de Denisova ».



Denisova 3. La phalange distale d'un auriculaire d'enfant, ici en réplique. Moins d'un centimètre, aucun caractère diagnostique — et le génome le plus inattendu de la paléanthropologie.

Photo Thilo Parg, CC BY-SA 3.0

Pourquoi cela n'était pas arrivé plus tôt

Deux conditions ont rendu la découverte possible, et elles sont rarement réunies.

La première est le **froid**. La grotte de Denisova conserve une température moyenne annuelle voisine de zéro degré, ce qui ralentit considérablement la dégradation de l'ADN. Les mêmes ossements en contexte méditerranéen n'auraient rien livré.

La seconde est technique. Les protocoles d'extraction et de séquençage à haut débit venaient d'atteindre le seuil permettant de travailler sur quelques milligrammes de poudre osseuse, avec un contrôle rigoureux des contaminations modernes.

~1 cm

La taille de l'os qui a fondé une humanité. À titre de comparaison, le dossier néandertalien repose sur plusieurs centaines d'individus et des squelettes entiers.

Une grotte pour trois humanités

La suite des travaux a produit un résultat presque plus étonnant que la découverte elle-même. La grotte de Denisova a été occupée, à des moments différents, par des **Dénisoviens, des Néandertaliens et des *Homo sapiens***.

C'est le seul site au monde dont on puisse le dire. Les trois lignées y ont laissé des ossements ou de l'ADN, dans une séquence sédimentaire continue qui couvre l'essentiel du Paléolithique moyen et le début du supérieur.

Mieux : à quelques dizaines de kilomètres, la grotte de Chagyrskaya a livré une population néandertalienne bien caractérisée, arrivée d'Europe orientale. Deux humanités vivaient donc dans la même vallée, sans qu'on sache si elles s'y sont croisées.



La vallée de l'Anouï, dans l'Altai. Un couloir entre steppe et montagne, emprunté par plusieurs vagues de peuplement. Le climat continental sec y a conservé l'ADN comme nulle part ailleurs en Eurasie.

Photo Anton S., CC BY-SA 3.0

La chronologie du site

Un travail de datation considérable, publié en 2019, a permis d'ordonner cette séquence en croisant luminescence sur les sédiments, radiocarbone sur les couches récentes et modélisation bayésienne intégrant les âges génétiques.

~300 ka	Premières occupations attestées de la grotte
~200 ka	Plus anciens restes dénisoviens identifiés (Denisova 2)

~190 ka	Premières traces d'ADN néandertalien dans les sédiments
~120 ka	Denisova 11 — l'enfant d'une mère néandertalienne et d'un père dénisovien
~76 ka	Denisova 3, la phalange fondatrice
~45 ka	Objets du Paléolithique supérieur initial ; présence probable de <i>sapiens</i>

Une découverte qui a fait école

La méthode inaugurée à Denisova — séquencer systématiquement les restes indéterminés plutôt que les seuls fossiles remarquables — est devenue une routine. Elle a depuis permis d'identifier des dizaines d'ossements humains dans des lots étiquetés « faune indéterminée », et de retrouver Denisova 11 dans une collection déjà fouillée.

Le principe vaut d'être médité : dans les réserves des musées dorment probablement d'autres humanités, sous forme d'esquilles que personne n'a jugé utile d'examiner.

Une grotte fouillée depuis cinquante ans

Il faut rendre justice au travail qui a précédé. La grotte est fouillée depuis les années 1970 par l'Institut d'archéologie et d'ethnographie de Novossibirsk, sous la direction d'Anatoli Dereviyanko, avec une méthode et une continuité rares.

Ce sont ces campagnes qui ont produit la séquence stratigraphique, le mobilier, et la collection d'esquilles indéterminées dans laquelle le fragment fondateur a été prélevé. Sans cinquante ans de fouille patiente, l'ADN n'aurait rien eu à lire.

C'est une remarque générale sur la paléogénomique : elle ne remplace pas l'archéologie, elle en dépend entièrement. Un génome sans contexte stratigraphique est un génome sans âge et sans lieu — donc sans histoire.

2

CHAPITRE DEUX

Le maigre dossier fossile

Tout ce que l'humanité possède de restes dénisoviens tiendrait dans le creux d'une main. C'est la disproportion la plus frappante de la discipline : un génome de qualité comparable à celui d'un individu vivant, et pas un seul crâne.

Faisons l'inventaire, il est court. À Denisova même, une phalange, plusieurs **molaires** isolées de très grande taille — Denisova 2, 4 et 8 —, et un fragment d'os long de deux centimètres, Denisova 11, identifié parmi des milliers d'esquilles indéterminées.

Les dents méritent une mention particulière. Elles sont massives, aux racines divergentes, sans rien de néandertalien ni de moderne : les seuls caractères anatomiques dont on dispose pour cette lignée, et ils suggèrent une morphologie archaïque, proche de celle des hominines du Pléistocène moyen.

La molaire Denisova 4 illustre le propos : sa couronne est si large qu'elle sort de la gamme néandertalienne et de la gamme moderne, et rappelle celle d'*Homo erectus*. Une dent aussi massive suppose une mâchoire puissante, donc une architecture faciale que nous ne connaissons pas.

C'est peu, mais ce peu a orienté toute la recherche : c'est en cherchant des mandibules et des dents comparables dans les collections asiatiques que la mandibule de Xiahe a été réexaminée.

La mâchoire du Tibet

En 2019, un fossile change l'échelle du problème. Une **hémi-mandibule** découverte dès 1980 par un moine dans la grotte karstique de Baishiya, à Xiahe, sur le plateau tibétain, est réexaminée.

Son ADN est trop dégradé pour être lu. Mais ses protéines, elles, ont survécu : l'analyse paléoprotéomique du collagène révèle des variantes propres à la lignée dénisovienne. Une croûte de carbonate la date d'au moins **160 000 ans**.

Deux informations en découlent, considérables. La première : les Dénisoviens n'étaient pas cantonnés à la Sibérie. La seconde : ils vivaient à **3 280 mètres d'altitude**, dans un environnement où l'oxygène manque — bien avant que *sapiens* n'y parvienne.



La mandibule de Xiahe. Robuste, dépourvue de menton, avec des molaires de grande taille. Identifiée comme dénisovienne non par son ADN, trop dégradé, mais par ses *protéines*.
Photo Dongju Zhang, CC BY-SA 4.0

Baishiya, second site confirmé

La grotte de Baishiya a fait l'objet de fouilles systématiques à partir de 2018. Elles ont livré, outre une industrie lithique abondante, de l'**ADN dénisovien dans les sédiments** à plusieurs niveaux, jusqu'à des dépôts nettement plus récents que la mandibule.

Une côte identifiée en 2024, également par analyse des protéines, y a été datée d'environ 40 000 ans. Elle indique une présence dénisovienne sur le plateau bien plus tardive qu'on ne le pensait — au moment même où *sapiens* arrivait en Asie orientale.



La grotte de Baishiya, à 3 280 mètres sur le plateau tibétain. Un lieu de culte bouddhiste actif, ce qui a longtemps limité les fouilles — et où l'altitude interdit toute occupation à une physiologie non adaptée.

Photo Dongju Zhang, CC BY-SA 4.0

L'ADN sans os

La technique qui a le plus élargi le dossier ne travaille pas sur des fossiles. Depuis 2017, on sait extraire de l'ADN humain directement du **sédiment** : les cellules abandonnées par un corps — desquamation, urine, sang, décomposition — se fixent sur les minéraux et y persistent des dizaines de millénaires.

Appliquée à Denisova, la méthode a permis d'établir qui occupait la grotte à chaque niveau, y compris là où aucun ossement humain n'a été trouvé. Appliquée à Baishiya, elle a confirmé une présence continue là où l'on n'avait qu'une mandibule.

C'est aujourd'hui l'outil le plus prometteur pour cartographier l'aire dénisovienne : il suffit d'un sédiment bien conservé et d'une fouille menée avec des protocoles stériles. Plusieurs grottes d'Asie sont en cours d'examen selon ce principe.

LA MÉTHODE

Lire des protéines quand l'ADN a disparu

L'ADN est fragile ; le collagène l'est beaucoup moins. Il survit dans des contextes chauds ou anciens où toute molécule d'ADN a disparu depuis longtemps.

La **paléoprotéomique** exploite cette résistance. On extrait les protéines d'un fragment d'os, on les découpe en peptides, et l'on mesure leur masse au spectromètre. Les différences d'acides aminés entre lignées, bien moins nombreuses que les différences d'ADN, suffisent parfois à trancher.

C'est ainsi qu'ont été identifiées la mandibule de Xiahe et la côte de Baishiya. La méthode a une limite claire : elle distingue des *lignées*, non des individus, et ne dit rien des métissages.

Le déséquilibre en un tableau

Il vaut la peine de mesurer l'écart entre ce que l'on sait et ce que l'on possède.

Fossiles	Une dizaine de restes, aucun crâne, aucun squelette post-crânien
Sites sûrs	Deux : Denisova (Altai) et Baishiya (Tibet)
Génomes	Un génome à haute couverture, plusieurs à couverture partielle
Aire déduite	De la Sibérie à l'Asie du Sud-Est insulaire — par la génétique des vivants
Durée attestée	Au moins de 200 000 à 40 000 ans

Aucune autre humanité fossile n'a jamais été documentée dans un tel déséquilibre. Pour Néandertal, l'anatomie a précédé la génétique d'un siècle et demi ; pour Denisova, l'écart se compte encore en une dizaine d'ossements.

À quoi ressemblaient-ils ?

Faute de crâne, la question paraît sans réponse. Elle en a reçu une, partielle, par un détour inattendu : l'épigénétique.

Une équipe israélienne a exploité en 2019 les **profils de méthylation** de l'ADN dénisovien — ces marques chimiques qui indiquent quels gènes étaient actifs. En comparant ces profils à ceux d'humains actuels souffrant de pathologies connues, elle a prédit une cinquantaine de traits anatomiques.

Le portrait obtenu décrit un visage large, une mâchoire robuste sans menton, une arcade dentaire étendue, une boîte crânienne allongée — soit, pour l'essentiel, une morphologie plus archaïque que néandertalienne. Testée sur la seule pièce disponible, la mandibule de Xiahe, la prédiction s'est révélée correcte sur la majorité des caractères vérifiables.

LE DÉBAT

Une reconstitution n'est pas un fossile

La démonstration est élégante, et elle a été saluée comme telle. Elle demande cependant deux précautions.

La première tient à la méthode : prédire un trait squelettique à partir d'un profil de méthylation repose sur des corrélations établies chez des populations actuelles, extrapolées à une lignée éteinte. La marge d'erreur annoncée par les auteurs est réelle.

La seconde est plus générale : ce portrait circule aujourd'hui comme une image du Dénisovien, alors qu'il s'agit d'une **hypothèse quantifiée**. Un seul crâne renverserait l'essentiel de l'exercice — et c'est précisément ce que l'on attend.



Une hypothèse de visage. Reconstitution faciale réalisée d'après le crâne de Harbin, que plusieurs équipes rattachent désormais à la lignée dénisovienne — un rattachement discuté au chapitre 7.

Cicero Moraes, CC BY 4.0

Ce que dit le génome

Sur ce terrain, le dossier dénisovien n'a rien de maigre : il est l'un des mieux documentés de la paléanthropologie. Le génome de Denisova 3 a été séquencé à une profondeur de couverture supérieure à celle de bien des génomes humains actuels.

Commençons par la géométrie de l'arbre, car elle règle tout le reste.

La lignée qui mène à *Homo sapiens* et celle qui mène aux Néandertaliens et aux Denisoviens se séparent il y a environ **600 000 ans**. Néandertaliens et Denisoviens divergent ensuite entre eux, vers **400 000 ans** — les estimations publiées s'étalent de 390 000 à 440 000.

Autrement dit : ces deux populations sont plus proches l'une de l'autre que chacune ne l'est de nous. Elles ont partagé une histoire commune pendant deux cent mille ans après nous avoir quittés, puis se sont séparées géographiquement — les Néandertaliens vers l'ouest eurasiatique, les Denisoviens vers l'est.

~400 000 ans

La séparation entre Néandertaliens et Denisoviens. Plus récente que leur séparation commune d'avec notre lignée, vers 600 000 ans.

Plusieurs populations, pas une

Le résultat le plus important des dix dernières années est ailleurs : les Denisoviens ne formaient pas un groupe homogène. L'analyse des segments déni-

soviens présents chez les humains actuels a révélé au moins **deux, probablement trois lignées** profondément distinctes.

Ces lignées se sont séparées entre elles il y a plus de 200 000 ans — un écart comparable à celui qui sépare aujourd'hui les populations humaines les plus éloignées. L'une a laissé sa trace chez les Papous, une autre chez certaines populations d'Asie de l'Est, une troisième reste hypothétique.

Le mot « Dénisovien » recouvre donc probablement un **ensemble de populations** réparties sur un continent entier, aussi diverses entre elles que les Néandertaliens d'Espagne et de Sibérie — voire davantage.

Une lignée génétiquement pauvre

Comme les Néandertaliens, les Denisoviens présentent une diversité génétique très basse, signe de populations réduites et fragmentées. Le génome de Denisova 3 montre un niveau de consanguinité modéré, moins marqué que celui de la Néandertalienne de l'Altai, dont les parents étaient apparentés au degré de demi-frère et demi-sœur.

Cette pauvreté n'est pas anecdotique : elle est probablement l'un des facteurs de leur disparition, comme pour les Néandertaliens. Une population dispersée en petits groupes isolés accumule les mutations délétères et supporte mal les crises.

Denny, l'enfant de deux humanités

En 2018, l'étude d'un fragment d'os long de deux centimètres, exhumé de la galerie orientale et catalogué **Denisova 11**, produit l'un des résultats les plus spectaculaires de la paléogénomique.

Il appartient à une adolescente d'une treizaine d'années, morte il y a environ 90 000 ans. Son génome porte, à parts égales, des séquences néandertaliennes et dénisoviennes — non pas anciennement mêlées, mais réparties comme le sont les chromosomes d'un enfant de deux parents.

Sa mère était néandertalienne. Son père était dénisovien. C'est une hybride de **première génération** : la seule connue à ce jour entre deux humanités éteintes.

Sur un si petit nombre d'individus séquencés, trouver une hybride de première génération n'est pas un coup de chance. C'est un indice statistique.

CE QUE SUGGÈRE DENISOVA 11

L'argument mérite d'être développé, car il est souvent mal compris. On a séquencé une poignée d'individus de cette grotte. Qu'un enfant de couple mixte figure dans un échantillon aussi réduit implique que ces unions n'avaient rien d'exceptionnel — sans quoi la probabilité d'en trouver une serait infime.

Le père de Denny portait d'ailleurs lui-même, plus loin dans son ascendance, un ancêtre néandertalien. Les deux populations se rencontraient donc régulièrement dans cette région de l'Altai, sur des milliers d'années.

Ce que valent ces conclusions

Un lecteur prudent demandera comment on distingue une hybride de première génération d'un individu dont les ancêtres se seraient mêlés depuis longtemps. La réponse tient à la **répartition** des segments.

Chez un métis ancien, l'ADN étranger est découpé en fragments courts, dispersés, de plus en plus petits à chaque génération. Chez un enfant de deux parents d'origines différentes, chaque chromosome porte au contraire un jeu complet de chaque lignée, sans fragmentation.

Denisova 11 présente exactement ce second profil. La démonstration ne repose donc pas sur une moyenne, mais sur une structure — ce qui la rend beaucoup plus difficile à contester.

Un flux dans les deux sens

La Néandertalienne de l'Altai, séquencée en 2014, porte à l'inverse des traces d'ascendance dénisovienne. Et son génome contient aussi un apport d'*Homo sapiens* ancien, introduit il y a environ 100 000 ans — bien avant la grande sortie d'Afrique.

Le tableau qui se dessine n'est donc pas celui de trois espèces cloisonnées, mais d'un **réseau de populations** qui se croisaient chaque fois qu'elles se rencontraient, avec des barrières de fertilité partielles et non absolues.

La trace d'un quatrième

Le génome dénisovien contient enfin quelque chose d'étranger. Environ **1 %** de son ADN provient d'une population humaine très divergente, séparée de notre lignée commune depuis plus d'un million d'années.

Aucun fossile ne lui correspond avec certitude. Les candidats évoqués — *Homo erectus* asiatique, une lignée archaïque restée en Asie — restent des hypothèses. On appelle cela un *fantôme génétique* : une population dont on ne connaît que l'empreinte laissée chez d'autres.

L'Asie du Pléistocène abritait donc au moins quatre humanités simultanément : *sapiens*, Néandertaliens, Dénisoviens, et cette lignée sans nom. Peut-être davantage — *Homo floresiensis* à Florès et *Homo luzonensis* à Luçon vivaient à la même époque, sans qu'on sache s'ils ont croisé quiconque.

Comment on lit tout cela

Ces conclusions reposent sur des méthodes qu'il vaut la peine d'expliquer, car elles conditionnent la confiance qu'on peut leur accorder.

LA LONGUEUR DES SEGMENTS

Un fragment d'ADN hérité d'un croisement se fragmente à chaque génération, par recombinaison. Plus un segment étranger est long, plus le métissage est récent. Mesurer la distribution des longueurs revient à lire un chronomètre — c'est ainsi qu'on date les épisodes d'hybridation sans le moindre fossile.

LES FANTÔMES

Quand une population inconnue a laissé sa trace, elle se signale par des segments dont l'âge de divergence ne correspond à aucune lignée connue. On peut alors estimer sa date de séparation et sa contribution, sans jamais l'avoir observée. La démarche est indirecte mais robuste, et elle a été validée là où des fossiles sont ensuite apparus.

L'ADN DES VIVANTS

Une part considérable de ce que nous savons des Dénisoviens ne vient pas de Sibérie mais de **Papouasie, de Mélanésie et des Philippines** : en analysant les génomes de populations actuelles, on reconstitue par soustraction le génome de leurs ancêtres archaïques.

C'est un renversement complet de la démarche paléontologique : les vivants deviennent l'archive des morts.

LE DÉBAT

Combien de lignées dénisoviennes ?

Deux ? Trois ? Davantage ? Les estimations varient selon les jeux de données et les modèles démographiques employés, et l'on reste dans un domaine où les méthodes statistiques pèsent autant que les données.

Le point d'accord est plus important que le désaccord : quel que soit le compte exact, la diversité dénisovienne **dépasse celle des Néandertaliens**, alors même que nous en avons cent fois moins de restes. C'est le signe d'une expansion géographique considérable, dont l'archéologie n'a pratiquement rien retrouvé.

Leur héritage en nous

C'est par nous que les Dénisoviens survivent. Et si leur part est faible en moyenne, elle atteint en Océanie des niveaux sans équivalent — et elle a donné à certaines populations humaines des avantages que l'on peut mesurer aujourd'hui encore.

La répartition de l'ascendance dénisovienne dessine une carte étrange, très différente de celle de l'héritage néandertalien, réparti de façon assez uniforme chez tous les non-Africains.



Part du génome héritée des Dénisoviens, en ordre de grandeur. Le contraste entre l'Océanie et le reste du monde est la signature la plus nette laissée par une population archaïque.

Les populations d'Océanie proche portent ainsi **vingt à trente fois plus** d'ADN dénisovien que les populations continentales d'Asie de l'Est. Chez certains groupes des Philippines, la proportion dépasse même celle des Papous.

Cette distribution pose une énigme géographique que le chapitre suivant abordera de front : comment une population dont les seuls fossiles connus

proviennent de Sibérie et du Tibet a-t-elle pu laisser sa marque principale à des milliers de kilomètres, au-delà de bras de mer que l'on croyait infranchissables ?

Le cas d'école : respirer en altitude

Un gène résume à lui seul l'intérêt de tout ce dossier. Il s'appelle **EPAS1**, et il code un facteur de transcription qui régule la réponse de l'organisme au manque d'oxygène.

Chez la plupart des humains, l'altitude déclenche une production accrue de globules rouges. Le sang s'épaissit, ce qui améliore le transport de l'oxygène à court terme mais augmente la viscosité, la pression artérielle et les complications de grossesse. C'est le mal chronique des montagnes.

Les Tibétains, eux, ne réagissent pas ainsi. Ils vivent à plus de quatre mille mètres avec un taux d'hémoglobine proche de celui du niveau de la mer, grâce à une variante d'EPAS1 qui module cette réponse. Cette variante a été retrouvée, presque identique, dans le génome dénisovien.

Ce que cet exemple démontre

Le cas d'EPAS1 est devenu le manuel de l'**introgression adaptative** — ce processus par lequel une population acquiert par métissage un avantage qu'elle aurait mis des centaines de milliers d'années à développer seule.

Le raisonnement se tient en trois temps. Les Dénisoviens vivaient en altitude, comme l'atteste Baishiya, depuis assez longtemps pour avoir sélectionné cette variante. Des *sapiens* arrivés plus tard sur le plateau se sont métissés avec eux. Leurs descendants porteurs de la variante ont mieux survécu et se sont reproduits davantage, si bien qu'aujourd'hui l'immense majorité des Tibétains la possède.

La séquence a été acquise en une génération. Elle a mis quelques milliers d'années à se généraliser. Sans ce transfert, le peuplement permanent du plateau tibétain aurait été bien plus difficile — et peut-être n'aurait-il pas eu lieu.



Les hautes terres de Papouasie. C'est ici, et dans les îles voisines, que l'héritage dénisovien atteint ses valeurs les plus élevées — quatre à six pour cent du génome.

Photo Sherwin Carlquist, CC BY 4.0

Les autres apports

EPAS1 n'est pas isolé. Plusieurs segments dénisoviens ont été conservés par la sélection, et ils touchent presque tous aux mêmes domaines : l'immunité, le métabolisme et l'adaptation au milieu.

- **Immunité.** Des variantes du complexe majeur d'histocompatibilité, qui gouverne la reconnaissance des agents pathogènes, sont d'origine archaïque — dénisovienne pour certaines. Elles ont vraisemblablement protégé les nouveaux venus contre des maladies locales auxquelles les populations résidentes étaient déjà adaptées.
- **Métabolisme des graisses.** Chez les Inuits du Groenland, une région du génome liée à la distribution des tissus adipeux et à la thermogenèse provient d'une population dénisovienne — un avantage évident en climat arctique.
- **Réponse immunitaire innée.** Plusieurs récepteurs impliqués dans la détection des micro-organismes portent la trace d'un apport archaïque, néandertalien ou dénisovien selon les cas.

La logique est toujours la même. Une population qui entre dans un milieu nouveau y trouve des habitants adaptés depuis des millénaires. Le métissage devient alors un raccourci évolutif — et l'on comprend pourquoi ces segments-là ont été conservés quand la plus grande partie de l'héritage archaïque était éliminée.

À RETENIR

Ce que ces gènes ne disent pas

Porter une variante dénisovienne ne fait de personne un Dénisovien, et ces segments ne recouvrent aucune catégorie identitaire : ils se distribuent selon l'histoire des migrations, non selon des groupes humains constitués.

Rappelons aussi qu'un gène ne détermine presque jamais un trait à lui seul. EPAS1 est une exception remarquable, précisément parce que son effet est net et mesurable — la plupart des autres apports archaïques ont des effets ténus, statistiques, sans conséquence perceptible pour un individu.

Quand ces rencontres ont-elles eu lieu ?

La longueur des segments hérités permet de dater les métissages, et le tableau qui en ressort est celui d'épisodes multiples, étalés dans le temps et l'espace.

Les ancêtres des Papous se sont métissés avec une lignée dénisovienne il y a environ **45 000 à 30 000 ans**, quelque part en Asie du Sud-Est, au cours de leur progression vers le Sahul — ce continent qui réunissait alors l'Australie et la Nouvelle-Guinée.

Les ancêtres de certaines populations d'Asie de l'Est ont connu un épisode distinct, avec une lignée dénisovienne différente, plus proche de celle de l'Altai.

Ces rencontres sont donc **indépendantes** : ce ne sont pas les héritiers d'un même métissage qui se seraient dispersés, mais des populations différentes croisant des Denisoviens différents, à des moments différents. C'est ce qui explique la diversité des segments retrouvés.

Le cas des Ayta des Philippines

Une étude de 2021 a produit un résultat inattendu : plusieurs groupes négritos des Philippines, en particulier les Ayta Magbukon, portent la **plus forte ascendance dénisovienne connue au monde** — davantage encore que les Papous.

Ce résultat déplace le centre de gravité du dossier vers l'Asie du Sud-Est insulaire, précisément là où aucun fossile n'a été trouvé. Il suggère que les Denisoviens y étaient bien implantés, et que les premières populations humaines à traverser la région les y ont rencontrés.

Il rappelle aussi que ces héritages se lisent chez des peuples vivants, souvent minoritaires, dont la participation à la recherche suppose un consentement

explicite et un retour vers les communautés concernées — une exigence désormais inscrite dans les protocoles.

LE DÉBAT

Jusqu'à quand ont-ils survécu ?

Certaines analyses de génomes papous suggèrent des apports dénisoviens étonnamment récents — quelques dizaines de milliers d'années, voire moins selon les modèles les plus audacieux, ce qui impliquerait une survie tardive en Asie du Sud-Est insulaire.

D'autres équipes contestent ces datations, qui reposent sur des hypothèses démographiques difficiles à contrôler et sur des populations dont l'histoire récente est complexe.

Aucun fossile ne tranche, puisqu'aucun fossile dénisovien n'a jamais été trouvé dans cette région. La côte de Baishiya, datée d'environ 40 000 ans, atteste au moins une présence tardive sur le plateau tibétain.

Une disparition sans témoin

Nous ne savons pas comment ni quand les Denisoviens ont disparu. Nous n'avons ni derniers sites, ni derniers fossiles datés avec précision, ni séquence de remplacement documentée — rien de l'appareil chronologique qui a permis de reconstituer, pour les Néandertaliens, une extinction entre 41 000 et 39 000 ans.

Les hypothèses avancées sont celles-là mêmes qui valent pour Néandertal : petites populations dispersées, pression d'une population entrante plus nombreuse, absorption génétique, instabilité climatique. Elles sont plausibles ; elles ne sont pas démontrées.

Sur ce point, l'honnêteté commande de le dire simplement : la disparition des Denisoviens est, à ce jour, un fait sans récit.

Un territoire déduit des gènes

Deux sites archéologiques, un continent d'aire supposée. La carte dénisovienne est la seule de la préhistoire humaine à être tracée presque entièrement à partir de l'ADN des vivants — et c'est ce qui la rend à la fois vaste et fragile.

Récapitulons ce qui est attesté par des restes matériels : la grotte de Denisova, dans l'Altai sibérien, et la grotte de Baishiya, sur le plateau tibétain. Deux points, distants de plus de deux mille kilomètres.

À cela s'ajoutent quelques indices d'ADN sédimentaire en cours d'étude sur d'autres sites asiatiques, et une molaire découverte au Laos, dans la grotte de Tam Ngu Hao, attribuée à la lignée dénisovienne sur des critères morphologiques — attribution plausible mais non confirmée par la génétique ou les protéines.

Ce que la génétique impose

Or l'héritage dénisovien des populations actuelles exige bien davantage. Pour que les ancêtres des Papous portent quatre à six pour cent d'ADN dénisovien, il a fallu qu'ils rencontrent des Denisoviens sur leur route — donc que ceux-ci occupent l'Asie du Sud-Est.

Et pour que ces apports proviennent de lignées distinctes, il a fallu que ces populations soient séparées depuis longtemps, donc réparties sur un vaste territoire.

L'aire dénisovienne minimale déduite de la génétique couvre ainsi la Sibérie méridionale, la Chine, le plateau tibétain, l'Asie du Sud-Est continentale et probablement une partie de l'Asie du Sud-Est **insulaire** — soit un domaine plus vaste que celui des Néandertaliens.

2 sites

Le nombre de gisements dénisoviens confirmés par des restes, pour une aire déduite qui couvre la moitié d'un continent.

Le problème de la Wallacea

Une difficulté particulière mérite d'être exposée. Entre l'Asie continentale et l'Australie s'étend une zone d'îles séparées par des bras de mer profonds, restés infranchissables à pied même au plus bas niveau marin : la **Wallacea**.

Si les Denisoviens ont transmis leur ADN aux ancêtres des Papous *après* le franchissement de ces détroits, alors ils naviguaient. S'ils le leur ont transmis *avant*, sur le continent, la question ne se pose pas.

Les données actuelles ne permettent pas de trancher, et c'est un enjeu considérable : la navigation intentionnelle a longtemps été considérée comme une capacité propre à *sapiens*. Notons toutefois qu'*Homo erectus* a atteint Florès il y a un million d'années, et *Homo floresiensis* y a vécu — ce qui montre que des franchissements, volontaires ou accidentels, ont eu lieu bien avant nous.

Une Asie peuplée d'humanités

Il faut se représenter le décor. À la fin du Pléistocène moyen, l'Asie du Sud-Est abrite simultanément plusieurs lignées humaines distinctes.

- *Homo floresiensis*, à Florès, un mètre de haut, un cerveau de 400 cm³, présent jusque vers 50 000 ans.
- *Homo luzonensis*, décrit en 2019 à Luçon, aux Philippines, connu par quelques dents et phalanges, daté d'au moins 67 000 ans.
- Des populations d'*Homo erectus* tardives à Java, peut-être jusque vers 110 000 ans.
- Les **Dénisoviens**, déduits par la génétique.
- Puis *sapiens*, arrivé par vagues à partir de 70 000 ans environ.

Cinq humanités sur un même archipel, en quelques dizaines de millénaires. La question n'est plus de savoir si les rencontres ont eu lieu, mais lesquelles ont laissé une trace.

Pourquoi si peu de fossiles

L'absence de restes sur un territoire aussi vaste n'est pas un mystère : elle a des causes bien identifiées, et elles sont d'abord chimiques.

LE CLIMAT

L'ADN se conserve d'autant mieux qu'il fait froid et sec. L'Asie du Sud-Est, chaude et humide, est le pire environnement possible : les molécules organiques y disparaissent en quelques milliers d'années, et l'os lui-même s'y dissout dans des sols acides. Les deux sites dénisoviens connus sont précisément les deux plus froids de l'aire supposée.

L'HISTOIRE DE LA RECHERCHE

La paléanthropologie s'est construite en Europe, puis en Afrique de l'Est. L'Asie, immense, a été bien moins prospectée à surface égale, et les collections anciennes y ont souvent été perdues ou dispersées — les fossiles de Zhoukoudian, disparus en 1941, en sont le cas le plus célèbre.

LE BIAIS D'IDENTIFICATION

Un fossile asiatique du Pléistocène moyen était traditionnellement rangé sous l'étiquette *Homo erectus*, faute de cadre pour l'interpréter autrement. Des Dénišoviens dorment très probablement dans des vitrines et des réserves sous ce nom — et le chapitre 7 montrera que la révision est en cours.



Devant la grotte de Denisova. Un site fouillé depuis les années 1970, dont les couches conservaient depuis toujours ce qu'il a fallu attendre 2010 pour lire.

Photo Yuriy59, CC BY-SA 3.0

Ce que change l'ADN sédimentaire

La solution est peut-être là. Puisque les os manquent, on cherche désormais les molécules dans la terre — et cette méthode s'affranchit en partie du problème, car un sédiment argileux protège l'ADN mieux qu'un os poreux.

Plusieurs programmes échantillonnent aujourd'hui systématiquement des grottes de Chine méridionale, du Laos, du Vietnam et d'Indonésie. Le premier ADN dénisovien extrait d'un sédiment d'Asie du Sud-Est constituerait la confirmation la plus attendue de ce dossier.

La contrainte est de méthode : ces prélèvements doivent être stériles, ce qui suppose de fouiller en le prévoyant. Les sédiments déjà excavés dans les décennies passées sont, pour l'essentiel, inutilisables.

Que faisaient-ils ?

C'est la partie la plus frustrante du dossier. Une grotte occupée successivement par trois humanités livre des outils, des parures et des objets remarquables — mais attribuer chaque niveau à ses auteurs suppose une stratigraphie que l'Altai ne garantit pas.

La séquence de Denisova contient une industrie du Paléolithique moyen, puis, dans les couches supérieures, des éléments caractéristiques du **Paléolithique supérieur initial** : lames, outils sur lames, et surtout des objets de parure et un travail de matières dures animales.

Parmi eux, deux pièces ont fait le tour du monde. Un **bracelet en chloritite** vert sombre, poli et surtout *foré* — le trou présente les stries régulières d'un perçage rotatif rapide, technique que l'on n'attendait pas avant le Néolithique. Et une **aiguille à chas** en os de plus de sept centimètres, l'une des plus longues connues pour cette période.

S'y ajoutent des pendentifs en dents percées, des perles en coquille d'œuf d'autruche et des fragments de diadème en ivoire de mammoth.

Le monde autour d'eux

La faune des couches de Denisova restitue un environnement de steppe froide et de forêt claire : bison des steppes, cheval, cerf, argali, hyène des cavernes, ours, rhinocéros laineux et, par intermittence, mammoth.

Les analyses polliniques et sédimentaires indiquent des oscillations marquées : la vallée passe d'une steppe ouverte à une forêt de bouleaux et de pins selon les phases climatiques, et les occupations humaines suivent ces balancements.

Autrement dit, les Dénisoviens de l'Altai vivaient dans un milieu comparable à celui des Néandertaliens d'Europe orientale, et chassaient les mêmes catégories de gibier. Rien, dans ce que l'on connaît de leur écologie, ne les en distingue.



L'industrie de Baishiya. Des outils simples sur éclats, débités sur place à partir de matériaux locaux : le seul assemblage lithique clairement associé à des restes dénisoviens.

Huan Xia *et al.*, CC BY-SA 4.0

Qui a fabriqué le bracelet ?

La question est posée depuis 2011, et elle n'est pas tranchée.

Si ces objets sont dénisoviens, ils font de cette humanité l'auteur d'une parure sophistiquée et d'une technique de perçage rotatif, plusieurs dizaines de millénaires avant que *sapiens* n'en fasse autant en Europe. La conclusion serait spectaculaire.

Si en revanche ils appartiennent aux occupations d'*Homo sapiens* des niveaux supérieurs, et qu'ils ont migré vers le bas — par des terriers, des piétinements, des cryoturbations ou les fouilles anciennes elles-mêmes —, alors ils ne disent rien des Dénisoviens.

LE DÉBAT

Une stratigraphie qui ne suffit pas

Les sédiments de Denisova ont été largement remaniés : la grotte a servi de tanière à des hyènes et à des ours, elle est parcourue de terriers, et les couches y sont irrégulières.

Les datations directes des objets manquent — on ne date pas un bracelet de pierre — et les âges disponibles proviennent des sédiments environnants, précisément ceux dont on soupçonne le remaniement. Le raisonnement tourne en rond.

La position majoritaire aujourd'hui est prudente : ces objets appartiennent probablement au **Paléolithique supérieur initial**, dont les auteurs pourraient être des *sapiens*, des Dénisoviens tardifs, ou les deux. Le dossier restera ouvert tant qu'un objet identique n'aura pas été trouvé dans un contexte scellé.

Ce qui est attesté sans ambiguïté

Écartons les objets contestés et voyons ce qui reste. C'est peu, mais c'est solide.

- Une **industrie sur éclats** à Baishiya, associée à des restes dénisoviens et à des niveaux datés : outils simples, débités sur place, sur matières premières locales.
- Des **traces de découpe** sur des restes de faune du même site — cerf, mouton bleu, gazelle, rhinocéros laineux, hyène —, preuve d'une exploitation bouchère complète.
- Une occupation en **haute altitude**, à 3 280 mètres, dans un milieu froid et pauvre, sur une longue durée. C'est en soi une performance adaptative considérable.
- Une présence dans l'Altai pendant plus de **150 000 ans**, à travers des cycles climatiques entiers.

Le portrait qui s'en dégage est celui d'une humanité techniquement comparable aux Néandertaliens contemporains, capable d'occuper des milieux extrêmes — mais dont l'éventuel univers symbolique nous échappe entièrement.

Un silence qui n'est pas une absence

Il faut se garder d'une inférence tentante. Ne rien savoir de leur art ou de leurs sépultures ne signifie pas qu'ils n'en avaient pas : cela signifie que nous avons deux sites.

Pour mémoire, l'essentiel de ce que l'on sait des comportements symboliques néandertaliens repose sur une poignée de gisements exceptionnels — Bruniquel, Krapina, Cueva de los Aviones — parmi des centaines fouillés. Avec deux sites, on n'aurait rien trouvé chez eux non plus.

Sur deux sites, l'absence de preuve n'est pas une preuve d'absence. C'est une absence de fouilles.

LA RÈGLE QUI GOUVERNE TOUT CE CHAPITRE

La question du nom

Seize ans après leur découverte, les Dénisoviens n'ont toujours pas de nom scientifique. Cette anomalie n'est pas un oubli : elle tient aux règles de la nomenclature, et sa résolution passe peut-être par un crâne resté quatre-vingts ans au fond d'un puits.

Les règles internationales de nomenclature zoologique exigent, pour créer une espèce, un **spécimen type** et une diagnose fondée sur des caractères observables. Une séquence d'ADN ne suffit pas : la phalange de Denisova n'a aucun caractère anatomique distinctif.

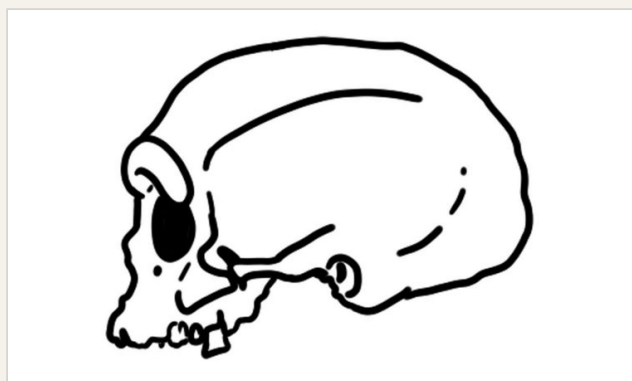
De là cette situation singulière : la lignée la mieux caractérisée génétiquement de toute la paléanthropologie n'a pas de nom valide, et l'on écrit prudemment « hominine de Denisova » ou « Dénisoviens ».

Le crâne de Harbin

En 2021, une équipe chinoise publie un crâne remarquablement complet, découvert en 1933 lors de la construction d'un pont à Harbin, en Mandchourie, puis dissimulé dans un puits pendant quatre-vingt-cinq ans avant d'être remis à la science par la famille de l'ouvrier qui l'avait trouvé.

Il est massif, doté d'une arcade sourcilière épaisse et continue, d'orbites carrées, d'une face large — et d'une capacité crânienne d'environ 1 420 cm³, dans la gamme moderne. Daté d'au moins 146 000 ans, il ne ressemble ni à un Néandertalien ni à un *Homo sapiens*.

Les auteurs en font une espèce nouvelle, *Homo longi* — l'homme du fleuve Dragon. D'autres suggèrent immédiatement une autre lecture : et s'il s'agissait, tout simplement, du visage que l'on cherche depuis 2010 ?



Le crâne de Harbin. Complet, ancien, et sans équivalent : ni néandertalien, ni moderne. Son rattachement à la lignée dénisovienne est aujourd'hui l'hypothèse la plus discutée du dossier. Clumsystiggy, CC BY-SA 4.0

Le rapprochement se précise

L'hypothèse a gagné en solidité. Des analyses moléculaires conduites sur le crâne de Harbin — protéines du tartre dentaire et matériel génétique résiduel — ont livré des marqueurs cohérents avec la lignée dénisovienne.

Si ce rattachement se confirme, ses conséquences sont considérables. Les Denisoviens auraient enfin un visage, une capacité crânienne, une stature — et le vaste ensemble des fossiles chinois du Pléistocène moyen, longtemps rangés sous des étiquettes commodes, deviendrait le corpus manquant.

Plusieurs candidats sont régulièrement cités dans cette perspective : les crânes de Dali, de Jinniushan, de Hualongdong, tous massifs, tous difficiles à classer, tous datés de la bonne période.

LE DÉBAT

Quel nom l'emportera ?

Si Harbin est dénisovien, la nomenclature impose de retenir le nom valide le plus ancien. Or plusieurs noms ont été créés au fil du temps pour des fossiles asiatiques de cette période, dont certains très anciens et mal définis. Le débat porte donc autant sur les règles que sur la biologie.

Une partie des spécialistes plaide pour *Homo longi*, une autre pour un nom plus ancien, une troisième pour ne pas nommer du tout tant que le rattachement n'est pas établi hors de doute.

Ce n'est pas une querelle de mots. Nommer, c'est décider si les Denisoviens sont une espèce distincte ou une population d'un ensemble plus vaste — et cette décision oriente la façon dont on lira tous les fossiles asiatiques à venir.

Une leçon de méthode

Ce chapitre illustre une difficulté ancienne de la discipline, que la génétique n'a pas supprimée mais déplacée.

Pendant un siècle, on a classé les fossiles asiatiques du Pléistocène moyen faute de cadre : ils n'étaient ni assez anciens pour *Homo erectus*, ni assez modernes pour *sapiens*, et l'on parlait d'« erectus évolués » ou d'« archaïques ». Cette catégorie fourre-tout a probablement dissimulé une humanité entière.

La leçon vaut au-delà de l'Asie : une classification est un outil de pensée, et un outil mal ajusté empêche de voir ce qu'il ne prévoit pas.

Un siècle de catégories provisoires

L'histoire de ces classifications mérite d'être rappelée, car elle explique la situation actuelle.

Le crâne de Dali, découvert en 1978 dans le Shaanxi, a été successivement rattaché à *Homo erectus*, à *Homo sapiens* archaïque, puis à une lignée propre. Celui de Jinniushan, en 1984, a connu un parcours voisin. Ces fossiles, massifs et pourvus d'un cerveau volumineux, ne rentraient dans aucune case disponible.

La solution retenue a longtemps été terminologique : on parlait d'« archaïques », de « transitionnels », de « *sapiens* archaïques » — des étiquettes qui décrivaient une gêne plutôt qu'un groupe. L'hypothèse dénisovienne offre, pour la première fois, un cadre qui pourrait les accueillir tous.

Si elle se confirme, la paléoanthropologie asiatique se réécrira en quelques années — non par de nouvelles fouilles, mais par la relecture de fossiles connus depuis un demi-siècle.

Terminons par l'inventaire de notre ignorance. Il est plus instructif que celui de nos certitudes, et il indique où porteront les découvertes des prochaines années.

Ce dossier est, de tous ceux que ce site publie, celui qui vieillira le plus vite. Voici ce que l'on attend.

Un squelette

Il n'existe aucun os post-crânien dénisovien identifié — pas un fémur, pas un bassin, pas une côte à l'exception de celle de Baishiya. Nous ignorons donc leur taille, leur corpulence, leurs proportions, leur mode de locomotion, la forme de leur thorax.

Les Néandertaliens ont un corps trapu adapté au froid ; les *sapiens* anciens un corps élancé d'origine tropicale. Les Denisoviens ? Aucune donnée. Un seul squelette partiel changerait plus ce dossier que dix génomes supplémentaires.

Un site en Asie du Sud-Est

C'est l'attente la plus pressante. Toute la partie méridionale de leur aire supposée repose sur la génétique des vivants. Un seul gisement, en Chine méridionale, au Laos, au Vietnam ou en Indonésie, transformerait une déduction en fait.

Les techniques d'ADN sédimentaire rendent cette découverte plausible à court terme, à condition que les fouilles soient conduites avec les protocoles adéquats.

Ce que promet la protéomique

Il existe une raison d'être optimiste, et elle est chimique. Là où l'ADN disparaît en quelques milliers d'années sous climat chaud, le collagène persiste dix fois plus longtemps.

Or les collections asiatiques regorgent de fragments osseux indéterminés, issus de fouilles anciennes, conservés dans des tiroirs. Les passer au spectromètre coûte peu et ne demande que quelques milligrammes.

Cette approche a déjà identifié la mandibule de Xiahe et la côte de Baishiya. Appliquée systématiquement aux collections du Sud-Est asiatique, elle pourrait produire, sans une seule fouille nouvelle, la découverte que le chapitre 5 réclame.

Une chronologie de leur disparition

Pour les Néandertaliens, quarante sites redatés ont permis d'établir une fourchette d'extinction serrée. Rien de tel ici : nous n'avons ni derniers sites, ni derniers fossiles, ni séquence de remplacement.

La côte de Baishiya, vers 40 000 ans, est à ce jour l'attestation la plus tardive. Elle indique une présence contemporaine des premiers *sapiens* d'Asie orientale — mais un point ne fait pas une courbe.

Leur culture

Un seul assemblage lithique leur est associé sans ambiguïté. Nous ne savons pas s'ils enterraient leurs morts, s'ils utilisaient des pigments, s'ils fabriquaient des parures. Le bracelet de Denisova reste suspendu à une stratigraphie douteuse.

Sur ce terrain, les Denisoviens sont aujourd'hui là où en était Néandertal vers 1950 — avec cette différence que nous savons déjà, par la génétique, qu'ils n'étaient pas moins capables.

EN 2026

Sept questions ouvertes

- À quoi ressemblait un squelette dénisovien ?
- Ont-ils occupé l'Asie du Sud-Est insulaire, et donc navigué ?
- Combien de lignées distinctes se cachent sous ce nom ?
- Le crâne de Harbin est-il dénisovien — et si oui, quel nom retenir ?
- Quand et pourquoi ont-ils disparu ?
- Qui a fabriqué le bracelet et l'aiguille de Denisova ?
- Quelle était cette population fantôme, séparée de nous depuis un million d'années, dont ils portaient l'héritage ?

Ce que Denisova a changé

Au-delà de l'espèce elle-même, cette découverte a modifié trois idées que la discipline tenait pour acquises.

La première est que l'on peut découvrir une humanité sans fossile diagnostique. Une phalange d'un centimètre a suffi. Cela signifie que la carte des humanités du Pléistocène est incomplète non par manque de terrain, mais par manque d'analyses — et que les réserves des musées en contiennent probablement d'autres.

La deuxième est que l'Asie n'était pas une périphérie. Pendant un siècle, la paléanthropologie a raconté une histoire africaine puis européenne, l'Asie tenant le rôle d'annexe où *Homo erectus* aurait stagné. Le continent apparaît désormais comme un foyer d'humanités multiples, dont l'une a occupé le plateau tibétain avant nous et transmis à nos ancêtres de quoi y vivre.

La troisième touche à la notion même d'espèce. Trois humanités se côtoient dans une même vallée, échangent des gènes, et l'une d'elles nous lègue les moyens de respirer en altitude. Le mot « espèce » résiste mal à ce tableau : ce que nous appelions des espèces distinctes ressemble davantage à un réseau de populations, séparées par la géographie plus que par la biologie, et se retrouvant chaque fois que l'occasion s'en présentait.

Nous portons en nous les traces d'une humanité dont nous n'avons jamais vu le visage.

L'ÉTAT DU DOSSIER EN 2026

Il y a quelque chose de vertigineux à mesurer l'asymétrie de ce savoir. Nous connaissons la séquence de leurs gènes, la date de leur séparation d'avec les Néandertaliens, la structure de leurs populations, l'effet de certains de leurs allèles sur la physiologie d'êtres humains vivant aujourd'hui — et nous serions incapables de les reconnaître si nous en croisions un.

Ce dossier sera dépassé. C'est sa nature : chaque année apporte un fossile réattribué, un sédiment séquencé, une lignée supplémentaire. Nous le tiendrons à jour.

Sources principales

Découverte et premiers génomes. J. Krause *et al.*, *Nature*, 2010 — l'ADN mitochondrial qui révèle la lignée. D. Reich *et al.*, *Nature*, 2010 — le génome nucléaire et la contribution mélanésienne. M. Meyer *et al.*, *Science*, 2012 — génome à haute couverture de Denisova 3.

Métissages. V. Slon *et al.*, *Nature*, 2018 — Denisova 11, hybride de première génération. S. Sankararaman *et al.*, *Current Biology*, 2016 — répartition de l'ascendance archaïque. G. Jacobs *et al.*, *Cell*, 2019 — lignées dénisoviennes multiples chez les populations d'Asie et d'Océanie.

Introgression adaptative. E. Huerta-Sánchez *et al.*, *Nature*, 2014 — EPAS1 et l'adaptation tibétaine à l'altitude. F. Racimo *et al.*, sur les apports archaïques au métabolisme et à l'immunité.

Le Tibet. F. Chen *et al.*, *Nature*, 2019 — la mandibule de Xiahe identifiée par paléoprotéomique. D. Zhang *et al.*, *Science*, 2020 — ADN dénisovien dans les sédiments de Baishiya.

ADN des sédiments. V. Slon *et al.*, *Science*, 2017 — la méthode qui permet de détecter une humanité sans le moindre ossement.

Chronologie du site. Z. Jacobs *et al.* et K. Douka *et al.*, *Nature*, 2019 — datations des dépôts et des restes de la grotte de Denisova.

Anatomie prédite. D. Gokhman *et al.*, *Cell*, 2019 — reconstitution du squelette dénisovien à partir des profils de méthylation.

Le crâne de Harbin. Q. Ji *et al.*, *The Innovation*, 2021 — description et création d'*Homo longi* : travaux moléculaires ultérieurs sur son rattachement à la lignée dénisovienne.

Pour aller plus loin. Les fiches d'espèces et les dossiers liés sont consultables sur epopee-sapiens.com, notamment « Néandertal — état des connaissances 2026 », dont plusieurs chapitres éclairent celui-ci.

COLOPHON

Dossier rédigé et mis en pages pour **L'Épopée sapiens**, août 2026. Illustrations issues de Wikimedia Commons, sous licence libre : couverture et vallée de l'Anouï, Yuriy59 (CC BY-SA 3.0) ; phalange, Thilo Parg (CC BY-SA 3.0) ; Altaï, Anton S. (CC BY-SA 3.0) ; mandibule de Xiahe et grotte de Baishiya, Dongju Zhang (CC BY-SA 4.0) ; industrie de Baishiya, Huan Xia *et al.* (CC BY-SA 4.0) ; crâne de Harbin, Clumsystiggy (CC BY-SA 4.0) ; reconstitution faciale, Cicero Moraes (CC BY 4.0) ; hautes terres de Papouasie, Sherwin Carlquist (CC BY 4.0).

Contact rédaction : gerald.rougerie@epopee-sapiens.com