

DOSSIER · NOTRE ESPÈCE

Sapiens, une histoire africaine

trois cent mille ans,
deux souches et plusieurs sorties

Nous ne venons pas d'un berceau mais d'un continent, nous ne sommes pas nés d'une population mais de deux, et nous ne sommes pas sortis d'Afrique une fois mais plusieurs. Ce que la paléanthropologie et la génétique disent aujourd'hui de l'espèce qui donne son nom à ce site.

Ce que contient ce dossier

Le site s'appelle l'épopée sapiens, et sa bibliothèque avait un dossier sur Néandertal, un sur Denisova, et rien sur nous. Voici l'état des connaissances sur notre propre espèce, révisions récentes comprises.

1	L'Afrique, mais laquelle	p. 3
	Jebel Irhoud, Omo, Herto, Florisbad : la fin du berceau unique, et ce que « panafricain » veut dire.	
2	Deux souches, quatre-vingts et vingt	p. 5
	Le modèle qui fait descendre toute l'humanité actuelle de deux populations séparées pendant un million d'années.	
3	Sortir d'Afrique, plusieurs fois	p. 7
	Misliya, Apidima, Skhul et Qafzeh : les tentatives sans lendemain, et la vague qui a peuplé le monde.	
4	Les rencontres	p. 9
	Néandertal, Denisova, et les populations fantômes que seul l'ADN connaît.	
5	Ce qui a fait la différence	p. 11
	Pourquoi nous, et pas les autres : ce que les données soutiennent, et ce qu'elles ne soutiennent pas.	

AVANT-PROPOS

Trois récits que ce dossier abandonne

Le berceau unique. On a longtemps cherché le lieu et la date de naissance de notre espèce, quelque part en Afrique de l'Est, vers deux cent mille ans. Les fossiles marocains de Jebel Irhoud, datés de 315 000 ans, et la redatation d'Omo ont fait éclater ce cadre.

La sortie d'Afrique. Au singulier, elle n'existe pas. Il y a eu des sorties, dont plusieurs se sont éteintes sans descendance actuelle, et une seule a peuplé le monde.

La supériorité. L'idée que notre espèce aurait supplanté les autres par une qualité propre, cognitive ou technique, résiste mal à ce que l'on sait aujourd'hui de Néandertal. Le chapitre 5 expose ce qui reste défendable, et c'est plus modeste.

COMMENT LIRE CE DOSSIER

Trois niveaux de certitude

Les pages qui suivent distinguent systématiquement ce qui est **observé**, un fossile trouvé et daté, ce qui est **reconstitué**, un scénario tiré de génomes actuels, et ce qui est **discuté**, quand deux équipes lisent les mêmes données autrement.

Les dates sont données avec leur marge d'erreur lorsqu'elle est publiée. Un âge sans marge n'est pas une date plus sûre, c'est une date incomplète.

L'épilogue reprend cette distinction sous forme de bilan, et la page de sources indique où lire les publications d'origine.

L'Afrique, mais laquelle

Pendant quarante ans, le berceau de notre espèce était l'Afrique de l'Est, et sa naissance remontait à deux cent mille ans. Deux publications ont suffi à déplacer les deux bornes, et à changer la question elle-même.

En 2017, une équipe conduite par Jean-Jacques Hublin publie la datation de fossiles humains trouvés à Jebel Irhoud, au Maroc, à cent kilomètres de l'Atlantique. Les silex chauffés du même niveau donnent, par thermoluminescence, **315 000 ans, à trente-quatre mille près**. Une dent de la mandibule Irhoud 3, datée par séries de l'uranium et résonance de spin électronique, confirme l'ordre de grandeur avec 286 000 ans.

Le visage de ces individus est déjà le nôtre : court, rétracté sous le front, avec un menton en formation. Leur boîte crânienne, en revanche, reste allongée, à l'ancienne. Ils sont des *Homo sapiens* par la face, pas encore par le crâne, et cela suffit à faire d'eux les plus anciens représentants connus de notre espèce.

Le Maroc, pas l'Éthiopie

La surprise n'est pas seulement la date, c'est la géographie. Jebel Irhoud est à l'extrémité nord-ouest du continent, à cinq mille kilomètres de la vallée du Rift où l'on cherchait depuis les années 1960. Les auteurs en tirent la conclusion qui a fait date : l'émergence de notre espèce a probablement été **panafricaine**, portée par des populations réparties sur tout le continent et reliées par des échanges intermittents.

Cette lecture a un mérite et une difficulté. Elle explique pourquoi les fossiles anciens ressemblent à une mosaïque, chacun moderne par certains traits et archaïque par d'autres. Elle rend en revanche la définition de l'espèce plus floue : si l'on naît partout et progressivement, il n'y a plus de premier *sapiens*.

Omo vieillit aussi

En 2022, une équipe menée par Céline Vidal règle un vieux problème stratigraphique en Éthiopie. Les fossiles d'Omo-Kibish, longtemps datés d'environ 197 000 ans, sont recouverts d'une couche de cendres que l'on a pu relier à une éruption majeure du volcan Shala. En datant les dépôts de cette éruption, ils obtiennent pour Omo I un âge minimum de **233 000 ans**.

Au passage, la même étude retire à Herto le calage chronologique dont il bénéficiait : les deux crânes éthiopiens d'*Homo sapiens idaltu*, publiés en 2003, perdent leur ancrage à 160 000 ans. Une date qui saute est aussi un résultat.



Le crâne Jebel Irhoud 1, ici en moulage. La face est courte et rétractée, comme la nôtre ; la boîte crânienne, vue de profil, reste longue et basse.

Photo Jonathan Chen - CC BY-SA 4.0 - Wikimedia Commons

Comment on date un fossile sans âge

Un os ne porte pas sa date. On date ce qui l'entoure, et à Jebel Irhoud, ce sont des silex brûlés. Chauffé au-delà de trois cents degrés, un silex remet à zéro l'horloge qu'il contient : les électrons piégés dans son réseau cristallin sont libérés. Ensuite, la radioactivité naturelle du sédiment les repiège, à un rythme mesurable. Chauffer l'échantillon en laboratoire libère cette énergie sous forme de lumière, et la quantité de lumière donne le temps écoulé depuis le feu. C'est la **thermoluminescence**.

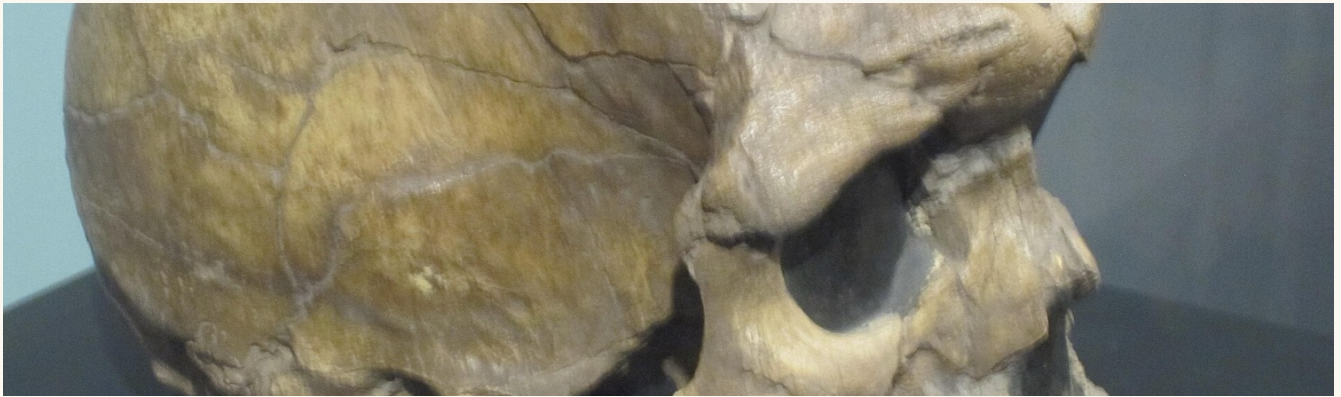
La méthode ne date donc pas le fossile, elle date un feu allumé par ceux qui l'ont côtoyé. C'est solide quand les silex chauffés proviennent du même niveau que les os, ce qui est le cas ici, et fragile quand la stratigraphie a été remaniée.

Sur la mandibule elle-même, les auteurs ont croisé deux autres méthodes, les séries de l'uranium et la résonance de spin électronique, appliquées à l'émail d'une dent. Les deux approches, indépendantes, tombent dans le même intervalle.

La marge de trente-quatre mille ans qui accompagne le chiffre n'est pas une précaution de style. Elle signifie que l'âge réel se situe très probablement entre 281 000 et 349 000 ans, et qu'un article annonçant « 315 000 ans » sans la marge a déjà commencé à déformer.

Une mosaïque, pas une lignée

Mis bout à bout, les fossiles africains du Pléistocène moyen dessinent moins une lignée qu'un buisson : Florisbad en Afrique du Sud vers 260 000 ans, Kabwe en Zambie vers 300 000, Jebel Irhoud au Maroc vers 315 000, Omo en Éthiopie vers 233 000, Herto vers 160 000. Aucun n'est exactement moderne, tous le sont en partie, et ils ne s'alignent pas dans le temps.



Les crânes d'Herto, en Éthiopie, décrits en 2003 sous le nom d'*Homo sapiens idaltu*, ici en moulage. La redatation d'Omo en 2022 leur a retiré leur calage chronologique : leur âge exact est de nouveau ouvert.

Photo Alessandromerilli - domaine public

Ce que « moderne » veut dire

Quatre traits servent à reconnaître un crâne d'*Homo sapiens* : une face courte et rétractée sous le front, un menton osseux, une boîte crânienne haute et globulaire, et l'absence de bourrelet sus-orbitaire continu. Les fossiles anciens n'en présentent jamais l'ensemble.

La globularité, notamment, arrive tard : elle n'est complète qu'il y a environ cent mille ans, soit deux cents millénaires après Jebel Irhoud. Notre crâne actuel est donc plus récent que notre espèce, ce qui explique une partie des disputes de classement.

La carte des découvertes est une carte des fouilles

Une précaution s'impose avant de tirer des conclusions géographiques. Les fossiles humains ne sont pas répartis en Afrique selon leur abondance passée, mais selon trois filtres : la conservation, l'accessibilité et l'histoire de la recherche.

Les sols acides et la forêt dense d'Afrique centrale détruisent l'os ; les grands rifts et les grottes karstiques le conservent et l'exposent. L'Afrique de l'Est a été prospectée sans interruption depuis les années 1930, l'Afrique de l'Ouest presque pas. Le vide sur la carte n'est pas un vide de population, c'est un vide de fouilles.

C'est une raison de plus de se méfier des annonces de berceau. Chaque nouveau chantier déplace la carte, et il en reste beaucoup à ouvrir.

Ce que l'ADN ancien ne dira pas en Afrique

La génétique a transformé la préhistoire européenne parce que l'ADN se conserve dans le froid. En Afrique, la chaleur et l'humidité le détruisent : les plus anciens génomes humains africains dépassent à peine quinze mille ans,

Le tableau que la plupart des chercheurs retiennent aujourd'hui est celui de populations dispersées sur un continent immense, séparées par des déserts et des forêts qui s'ouvraient et se refermaient au rythme du climat, échangeant des gènes par intermittence. L'espèce ne serait pas née en un point : elle se serait **assemblée**.

ceux de Taforalt au Maroc, contre quatre cent mille ans pour la Sima de los Huesos en Espagne.

Cette asymétrie a une conséquence directe sur ce dossier. Tout ce que nous savons de l'ascendance profonde de notre espèce vient de l'analyse de génomes **actuels**, à laquelle on demande de restituer des événements vieux de plusieurs centaines de milliers d'années. C'est possible, la méthode est éprouvée, mais la marge d'incertitude n'a rien à voir avec celle d'un séquençage direct.

Kabwe, la date qui a bougé de cent mille ans

Un exemple donne la mesure de l'instabilité de ce tableau. Le crâne de Kabwe, en Zambie, trouvé en 1921, était couramment estimé à 500 000 ans. Une datation directe publiée en 2020 par séries de l'uranium et résonance de spin électronique l'a ramené à environ **299 000 ans**, à vingt-cinq mille près.

Il devient alors le contemporain de Jebel Irhoud, tout en présentant une anatomie beaucoup plus archaïque. Deux formes très différentes vivaient donc au même moment sur le même continent, ce qui est exactement ce que prévoit le modèle panafricain.

LE PIÈGE DE VOCABULAIRE

« Homme moderne » ne veut rien dire de précis

L'expression mélange trois choses : une anatomie, un comportement et une date. Un fossile peut être anatomiquement moderne sans être associé à des comportements dits modernes, et inversement, des comportements complexes sont attestés chez Néandertal.

Les auteurs prudents écrivent donc « *Homo sapiens* » pour l'anatomie, et décrivent les comportements séparément, sans en faire un critère d'espèce.

2 CHAPITRE DEUX

Deux souches, quatre-vingts et vingt

En 2025, un modèle génétique publié dans Nature Genetics conclut que toute l'humanité actuelle descend de deux populations séparées pendant plus d'un million d'années, puis réunies il y a trois cent mille ans dans une proportion de 80 contre 20.

Le résultat vient d'une méthode, pas d'un fossile. Trevor Cousins, Aylwyn Scally et Richard Durbin, à Cambridge, ont construit un modèle appelé *cobraa* qui teste explicitement une hypothèse que les modèles antérieurs n'exploraient pas : une population ancestrale qui se sépare en deux, reste séparée longtemps, puis se réunit.

Appliqué aux génomes humains actuels, le modèle donne des valeurs remarquablement stables : séparation il y a environ **1,5 million d'années**, retrouvailles il y a environ **300 000 ans**, dans un rapport d'environ **80 % contre 20 %**. Le signal est présent dans toutes les populations vivantes, africaines comprises, ce qui exclut qu'il s'agisse d'un métissage tardif avec Néandertal ou Denisova.

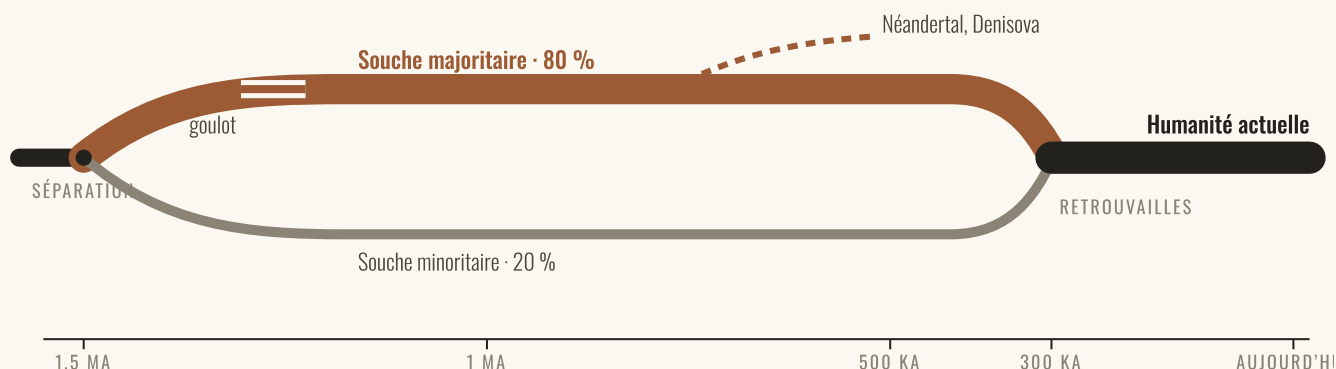
Ce que le modèle dit de plus

Trois observations complètent le tableau, et ce sont elles qui rendent le résultat convaincant plutôt que joli.

Immédiatement après la séparation, la population majoritaire traverse un **goulot d'étranglement sévère** : ses effectifs s'effondrent. C'est une prédiction indépendante, que le modèle n'avait pas besoin de produire pour ajuster les données.

Les segments hérités de la population minoritaire sont, dans nos génomes, **plus rares au voisinage des gènes**. Autrement dit, cet apport était légèrement délétère dans le fond génétique majoritaire, et la sélection l'a raboté là où il comptait le plus. C'est exactement ce que l'on observe pour l'ADN néandertalien, avec cent mille ans d'écart.

Enfin, les régions issues de la population majoritaire sont celles qui ressemblent le plus aux génomes néandertaliens et dénisoviens. La souche majoritaire serait donc aussi celle dont descendent les autres humanités : elle est le tronc, la minoritaire est une branche revenue.



Le modèle en une image. Une population ancestrale se sépare en deux il y a environ 1,5 million d'années. La branche majoritaire traverse un goulot d'étranglement, puis donne aussi naissance aux néandertaliens et aux dénisoviens. Les deux souches se rejoignent il y a environ 300 000 ans, dans un rapport de 80 contre 20.

Schéma l'épopée sapiens, d'après Cousins, Scally & Durbin, Nature Genetics, 2025

Ce que fait *cobraa*, en clair

Prenez deux copies d'un même chromosome, chez une seule personne : celle qui vient de son père et celle qui vient de sa mère. En remontant le temps, ces deux copies finissent par se rejoindre chez un ancêtre commun. Le moment de cette rencontre varie d'un endroit du génome à l'autre : très récent ici, très ancien là.

La distribution de ces dates de rencontre porte la mémoire de la démographie passée. Une population qui s'effondre produit beaucoup de rencontres très anciennes. Une population coupée en deux pendant longtemps produit un excès

de rencontres à la date de la séparation, parce que deux copies venues de moitiés différentes ne peuvent pas se rejoindre avant elle.

C'est ce signal que *cobraa* cherche, et qu'il trouve. Il ne lit pas un ancêtre, il lit la forme d'un nuage de dates, et en déduit le scénario démographique qui la produirait.

Une précision s'impose, car elle est presque toujours perdue en chemin : ces deux souches sont l'une et l'autre **africaines**, et antérieures à notre espèce. Il ne s'agit pas d'un métissage entre *Homo sapiens* et une autre humanité, mais de l'assemblage dont *Homo sapiens* est issu.

Qui étaient ces deux populations

Personne ne le sait, et c'est la limite honnête de ce dossier. Aucun fossile n'est identifiable à l'une ou à l'autre. Les candidats évoqués, *Homo heidelbergensis*, *Homo rhodesiensis*, *Homo naledi*, le sont sur des arguments de date et de géographie, pas sur de l'ADN : les génomes africains anciens ne remontent pas au-delà de quelques dizaines de milliers d'années, le climat détruisant l'ADN.

John Hawks, qui a suivi ce dossier de près, formule la prudence utile : à cette profondeur temporelle, les modèles n'ont presque certainement pas la puissance d'entrer dans le détail. Il a pu y avoir plus de deux souches, avec des contributions plus faibles, ou des flux de gènes variables au fil du temps plutôt qu'un événement unique.

Ce que cela change au récit

Beaucoup, et rien. Rien, parce que notre espèce reste africaine, et que les dates des fossiles ne bougent pas. Beaucoup, parce que le schéma d'une lignée unique qui se transforme graduellement est remplacé par une **histoire de séparations et de retrouvailles**, la même que celle que l'on décrit désormais pour les néandertaliens, les dénisoviens et à peu près toutes les espèces bien étudiées.

La coïncidence de dates mérite d'être relevée sans être surinterprétée : les deux souches se rejoignent il y a environ trois cent mille ans, au moment où apparaissent les premiers fossiles que nous appelons *Homo sapiens*. Le lien de cause à effet n'est pas démontré. Il est difficile de ne pas y penser.

Trois objections légitimes

Le modèle choisit parmi ce qu'il connaît. Un modèle structuré qui n'envisage que deux souches trouvera deux souches, y compris si la réalité en comportait quatre avec des échanges permanents. Les auteurs le disent : les reprises de presse l'oublient.

Aucun ADN ancien ne vient trancher. Le résultat repose entièrement sur des génomes de personnes vivantes. Il n'existe et n'existera sans doute jamais d'ADN africain vieux de trois cent mille ans qui permettrait de vérifier directement.

Les dates sont des ordres de grandeur. Elles dépendent d'une hypothèse sur la vitesse des mutations et sur la durée d'une génération. Changez la première de vingt pour cent, et toutes les dates bougent d'autant.

Rien de tout cela ne disqualifie le travail. Cela indique où porter l'attention lorsqu'une étude ultérieure donnera des chiffres différents : ce ne sera pas forcément une contradiction, ce sera peut-être un autre étalonnage.

Ni Adam ni Ève

Une confusion revient dès qu'on parle d'ancêtres communs, et ce chapitre est l'occasion de la lever. L'« Ève mitochondriale » et l'« Adam chromosomique Y » sont des objets techniques : la femme dont descend, de mère en fille, l'ADN mi-

tochondrial de tous les vivants, et l'homme dont descend, de père en fils, le chromosome Y.

Ils n'ont pas vécu au même moment, ils ne se sont jamais rencontrés, et ils n'étaient pas seuls : des milliers de contemporains ont transmis le reste de notre génome. Ces ancêtres changent d'ailleurs d'identité au fil des extinctions de lignées : ils sont un point de vue sur la généalogie, pas un couple fondateur.

Le modèle des deux souches ne réintroduit pas un couple originel. Il décrit des **populations**, de plusieurs milliers d'individus chacune, dont les descendance se sont mélangées pendant des dizaines de millénaires.

Une histoire banale chez les mammifères

Ce schéma de séparation puis de retrouvailles n'a rien d'exotique. Il est devenu la règle partout où l'on séquence sérieusement : ours bruns et ours polaires échangent des gènes depuis des centaines de milliers d'années, les babouins d'Afrique de l'Est forment un réseau de lignées qui se croisent, les bisons d'Europe descendent d'une hybridation ancienne.

Ce qui a longtemps fait exception, c'est nous, parce que nous nous représentions comme une lignée pure et rectiligne. La génomique a fini par nous ranger avec les autres.

Un mot qui revient : introgression

Le terme désigne l'entrée durable de gènes d'une population dans une autre, à la faveur de mélanges répétés puis de retours vers la population majoritaire. C'est ce qui distingue une hybridation sans lendemain d'un apport qui persiste des centaines de milliers d'années.

Notre génome en porte au moins trois traces : celle des deux souches ancestrales, celle de Néandertal, celle de Denisova. Trois échelles de temps, un seul mécanisme.

Le mot est parfois employé pour dramatiser un résultat. Il ne décrit pourtant rien d'autre qu'un fait démographique ordinaire : des populations voisines qui échangent des conjoints pendant assez longtemps pour que la trace en reste.

COMMENT LIRE UN RÉSULTAT DE CE TYPE

Un modèle n'est pas une observation

Ce que produit *cobraa* est le scénario qui explique le mieux la variation observée dans les génomes actuels, parmi ceux que le modèle sait représenter. Un scénario absent du modèle ne peut pas gagner, même s'il est vrai.

La force du résultat tient à sa convergence avec d'autres approches : le modèle de Ragsdale et ses collègues, publié dans *Nature* en 2023, aboutit lui aussi à une structure ancestrale profonde, avec des paramètres différents mais une conclusion de même nature.

La bonne formulation est donc : **plusieurs méthodes indépendantes s'accordent à dire que l'ascendance humaine n'est pas une lignée unique**. Les chiffres exacts, eux, bougeront encore.

3

CHAPITRE TROIS

Sortir d'Afrique, plusieurs fois

Des *Homo sapiens* quittent l'Afrique dès 200 000 ans, peut-être avant. Presque toutes ces sorties se sont éteintes sans descendance actuelle. Une seule, tardive, a peuplé le monde.

La distinction est essentielle et elle est récente. Longtemps, « la sortie d'Afrique » désignait un événement unique, daté d'environ soixante mille ans, à partir duquel tout le peuplement de la planète se déroulait. Les fossiles disaient déjà le contraire, on ne savait pas quoi en faire.

Les tentatives sans lendemain

Misliya, en Israël, a livré en 2018 un maxillaire d'*Homo sapiens* daté entre 177 000 et 194 000 ans : la plus ancienne preuve de notre espèce hors d'Afrique.

Apidima, en Grèce, a fourni en 2019 un fragment crânien attribué à *Homo sapiens* et daté d'environ 210 000 ans. L'attribution reste discutée, et le fossile est incomplet.

Skhul et Qafzeh, au Levant, documentent une présence bien établie entre 120 000 et 90 000 ans, avec des sépultures et des parures. Ces populations ont vécu à plusieurs millénaires, en voisinage avec des néandertaliens.

Aucune de ces populations n'a laissé de descendance décelable dans les génomes actuels. Elles se sont éteintes, ou ont été absorbées sans laisser de trace mesurable. Le Levant a fonctionné comme un couloir à double sens, tantôt occupé par les uns, tantôt par les autres, au gré du climat.

La vague qui a peuplé le monde

Tous les humains actuels hors d'Afrique descendent d'une même population, sortie il y a environ soixante mille ans. La preuve n'est pas fossile, elle est génétique : la diversité génétique hors d'Afrique est un sous-ensemble de la diversité africaine, et tous les non-Africains partagent le même événement de métissage avec Néandertal.

Cette dernière donnée a été précisée en 2024 et 2025 par l'étude de génomes très anciens, ceux de Ranis en Allemagne et de Zlatý kůň en Tchéquie, vieux d'environ quarante-cinq mille ans. Ils portent des segments néandertaliens issus d'un **événement unique, daté entre 49 000 et 45 000 ans**, partagé par tous les non-Africains séquencés à ce jour.



La grotte de Misliya, dans la falaise du mont Carmel, en Israël. Un maxillaire d'*Homo sapiens* y a été daté entre 177 000 et 194 000 ans : la plus ancienne trace de notre espèce hors d'Afrique.

Photo Hanay · CC BY 3.0 · Wikimedia Commons

Plus loin que le Levant

Des restes plus lointains sont régulièrement annoncés comme témoins d'une dispersion précoce. Ils méritent d'être cités, et discutés avec la même prudence.

En Chine, la grotte de Fuyan, à Daoxian, a livré quarante-sept dents attribuées à *Homo sapiens* et datées de 80 000 à 120 000 ans. La datation, obtenue sur des concrétions et non sur les dents, a été contestée, et le débat n'est pas clos.

À Sumatra, la grotte de Lida Ajer a fourni deux dents d'*Homo sapiens* datées autour de 70 000 ans. En Australie, le site de Madjedbebe a été daté de 65 000 ans, ce qui reste l'estimation la plus haute et la plus discutée pour l'arrivée des premiers habitants du continent.

Ces dates, si elles se confirment, n'entrent pas nécessairement en conflit avec la génétique. Elles peuvent documenter, là encore, des populations parties tôt et éteintes ensuite, ou obliger à avancer un peu la dispersion principale. Le désaccord entre les fossiles et les génomes est, dans ce domaine, un moteur plus qu'un problème.

Ce que cette date implique

Si le métissage est unique et daté de 49 000 à 45 000 ans, alors les ancêtres de tous les non-Africains vivaient encore ensemble à cette date, dans une même population. La dispersion à travers l'Eurasie est donc postérieure, et rapide.

Et les restes d'*Homo sapiens* plus anciens que cinquante mille ans trouvés hors d'Afrique, à Misliya, à Apidima, en Chine, appartiennent à d'autres populations, dont nous ne descendons pas. Ce ne sont pas nos ancêtres : ce sont des cousins qui ont tenté le voyage avant nous et n'ont pas tenu.

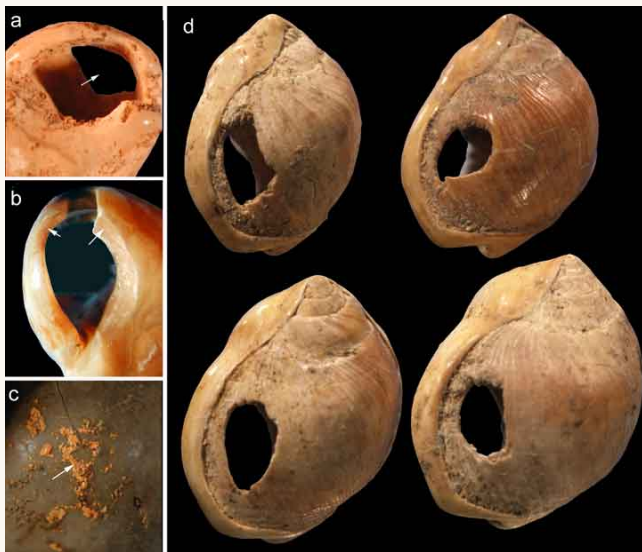
Pourquoi celle-là et pas les autres

La question reste ouverte. Trois éléments sont régulièrement avancés, aucun n'est démontré.

Le climat. Les sorties réussies coïncident avec des phases où le Sahara verdit et où le Levant devient franchissable. Mais des sorties antérieures ont bénéficié des mêmes fenêtres.

La démographie. Une population plus nombreuse au départ résiste mieux aux accidents. Le goulot d'étranglement mesuré dans les génomes non africains montre pourtant un effectif fondateur réduit, quelques milliers d'individus tout au plus.

La technique et les réseaux. Les industries associées à la dernière vague sont plus variées, et les matières premières circulent sur de plus longues distances. C'est un indice de réseaux plus étendus, pas une preuve de supériorité.



Perles en coquillage de la grotte de Blombos, en Afrique du Sud, vieilles d'environ 75 000 ans. Ces coquilles de nasses, percées et usées par le frottement d'un lien, comptent parmi les plus anciennes parures connues.

Photo C. Henshilwood & F. d'Errico - CC BY 2.5 - Wikimedia Commons

Le Sahara comme une porte battante

Sortir d'Afrique par le nord suppose de traverser le plus grand désert du monde. Or le Sahara n'est pas un désert permanent : tous les vingt mille ans environ, la variation de l'orbite terrestre renforce la mousson africaine, les lacs se remplissent et une savane parcourue de rivières s'installe. On parle de **Sahara vert**.

Les fenêtres humides connues, autour de 130 000, de 105 000 et de 80 000 ans, correspondent assez bien aux traces de présence humaine en Arabie et au Levant. Entre deux fenêtres, la porte se referme, et les populations qui se trouvaient du mauvais côté sont isolées.

Cette respiration explique une partie des échecs. Une population sortie pendant une phase humide se retrouve, quelques millénaires plus tard, dans un couloir redevenu aride, coupée de l'arrière-pays qui l'alimentait en effectifs. Il ne faut pas beaucoup plus pour éteindre quelques milliers de personnes.

Deux portes, pas une

La sortie par le nord, le Sinaï et le Levant, est la mieux documentée par les fossiles. Une seconde route, par le détroit de Bab el-Mandeb, entre la corne de l'Afrique et le Yémen, est régulièrement proposée : le niveau des mers, plus bas de plusieurs dizaines de mètres, y réduisait la traversée à quelques kilomètres.

Les outils trouvés en Arabie, et les lacs qui la couvraient pendant les phases humides, rendent cette route plausible. Aucun fossile humain ne la démontre encore, et les sites côtiers de l'époque sont aujourd'hui sous l'eau.

CE QUE L'ON NE DIT PLUS

La « révolution » de 50 000 ans

On a longtemps décrit une explosion culturelle soudaine vers cinquante mille ans, censée expliquer le succès de notre espèce. Les découvertes africaines l'ont dissoute : ocre gravée à Blombos vers 75 000 ans, parures en coquillage à 90 000, pigments et outils composites bien avant.

Les couches de Blombos ont aussi livré des blocs d'ocre gravés de motifs géométriques, des pointes façonnées par pression et des récipients ayant servi à préparer un mélange à base d'ocre, vers 100 000 ans. Chacune de ces trouvailles a d'abord été accueillie avec scepticisme, puis confirmée par d'autres sites.

D'autres sites d'Afrique australe racontent la même chose. À Diepkloof, des coquilles d'œuf d'autruche gravées de motifs réguliers, transformées en gourdes, sont datées d'environ 60 000 ans. À Border Cave, des outils en os et une matière collante conservée sur un manche documentent des gestes techniques élaborés.

Ce qui ressemblait à une révolution était surtout un effet de source : l'Europe, mieux fouillée, livrait des vestiges spectaculaires à partir de cette date. L'Afrique, moins fouillée, montrait la même chose plus tôt et de façon plus diffuse.

4 CHAPITRE QUATRE

Les rencontres

Notre espèce n'a jamais été seule. Elle a croisé Néandertal, Denisova, et au moins deux populations que personne n'a jamais vues, connues seulement par les traces qu'elles ont laissées dans nos génomes.

Le premier génome néandertalien complet, publié en 2010, a mis fin à un débat de vingt ans en une phrase : les non-Africains portent de l'ADN néandertalien. La proportion est faible, de **1,5 à 2 %** selon les populations, mais elle est partout, et elle est absente ou presque des populations africaines qui n'ont pas connu de retour eurasien.

Néandertal, une seule fois

La datation de ce métissage a été affinée jusqu'à devenir un point d'ancrage. Les génomes de Ranis et de Zlatý kůň, autour de quarante-cinq mille ans, portent des segments néandertaliens longs, donc récents à l'échelle des générations. L'analyse de leur longueur situe l'événement entre 49 000 et 45 000 ans avant le présent.

Un seul événement principal, partagé par tous les non-Africains : c'est une contrainte forte sur le récit. Elle signifie que la rencontre a eu lieu avant la grande dispersion, probablement au Proche-Orient, et qu'elle n'a pas été répétée par la suite de façon significative.

Ce que ces gènes font est mieux connu qu'il y a dix ans. Ils touchent la peau, les cheveux, l'immunité, le métabolisme des lipides, la coagulation, et la réponse aux virus. Certains ont été avantageux à l'arrivée dans un environnement nouveau, d'autres sont associés aujourd'hui à des risques accrus, dont un locus impliqué dans les formes graves d'une maladie respiratoire récente.

Denisova, plusieurs fois

Le cas dénisovien est différent, et plus riche. Il n'y a pas eu un métissage mais au moins trois, avec des populations dénisoviennes distinctes. Les Papous et les Aborigènes d'Australie portent jusqu'à **4 à 6 %** d'ADN dénisovien, les Asiatiques continentaux beaucoup moins.

Le gène le plus commenté est *EPAS1*, hérité des Denisoviens et sélectionné chez les Tibétains : il permet de vivre en altitude sans surproduire de globules rouges. C'est le cas le mieux documenté d'une adaptation humaine héritée d'une autre espèce.



La grotte de Denisova, dans l'Altai sibérien. Une phalange et quelques dents y ont suffi, en 2010, à révéler une humanité entière que personne n'avait soupçonnée.

Photo Yuriy59 · CC BY-SA 3.0 · Wikimedia Commons

Une humanité connue par presque rien

Le cas dénisovien mérite d'être raconté pour ce qu'il dit de la discipline. En 2010, un fragment de phalange d'auriculaire, trouvé dans une grotte de l'Altai, livre un génome qui ne correspond ni à nous ni à Néandertal. Une espèce est identifiée sans crâne, sans squelette, sans nom latin officiel.

Depuis, la moisson reste maigre en os et abondante en information. Une mandibule trouvée à Xiahe, sur le plateau tibétain, a été rattachée aux Denisoviens par l'analyse de ses protéines, l'ADN ayant disparu. En 2025, un crâne conser-

vé à Harbin, en Chine, a été attribué à son tour à cette population, sur la base de protéines et d'ADN extraits du tartre dentaire.

Si cette attribution tient, nous disposons enfin d'un visage. Et il rappelle que les Denisoviens ont occupé un territoire immense, de la Sibérie au sud-est asiatique, pendant des centaines de milliers d'années, sans que la paléanthropologie classique en ait jamais rien su.

Ces pourcentages ne se lisent pas directement dans un génome : ils s'obtiennent en comparant la ressemblance d'un génome actuel avec un génome néandertalien, et celle d'un génome africain de référence avec le même. La différence, minime mais systématique, donne la part héritée.

Les fantômes

Restent les populations dont on ne connaît ni os ni nom. En Afrique de l'Ouest, la structure de certains génomes actuels implique un apport venu d'une lignée qui aurait divergé avant même la séparation d'avec Néandertal. Aucun fossile ne lui correspond, et sous ces climats, aucun ADN ne sera récupéré.

La même logique s'applique à un « super-archaïque » détecté dans le génome dénisovien lui-même. Nos cousins avaient leurs propres cousins, et les ont rencontrés.

Le mot fantôme n'est pas une facilité de langage : ces populations sont des inférences, pas des observations. Elles peuvent se révéler être des populations connues dont l'ADN nous manque, ou disparaître si un meilleur modèle explique les mêmes données autrement.

Ce que ces rencontres disent de nous

Elles règlent une vieille question de vocabulaire. Si l'on définit une espèce par l'impossibilité d'avoir une descendance féconde, alors Néandertal et nous formons une seule espèce. La biologie moderne n'emploie plus ce critère de façon stricte, précisément parce que l'hybridation entre lignées distinctes est banale chez les mammifères.

Elles déplacent aussi la question du remplacement. Néandertal n'a pas seulement disparu : il a été, en partie, absorbé. Une fraction de son génome vit dans deux milliards de personnes, ce qui est une forme de survie que personne n'avait envisagée avant 2010.

Denny, fille de deux humanités

En 2018, l'analyse d'un fragment d'os de la même grotte donne un résultat qu'on n'attendait pas de son vivant : l'individu, une adolescente surnommée Denny, avait une **mère néandertalienne et un père dénisovien**. Pas un lointain ancêtre commun : ses parents eux-mêmes.

La probabilité de tomber sur un hybride de première génération dans un échantillon de quelques dizaines de restes est infime, sauf si ces unions étaient fréquentes. C'est l'argument que les auteurs ont retenu, et il a changé la manière dont on se représente ces rencontres : non pas des accidents rarissimes, mais un fonctionnement ordinaire des marges entre populations.

Les déserts du génome

L'ADN néandertalien n'est pas réparti au hasard dans nos chromosomes. De vastes régions en sont totalement dépourvues, et ces déserts ne sont pas quelconques : ils concernent le chromosome X et les gènes exprimés dans les testicules.

C'est la signature classique d'une **incompatibilité hybride**, bien connue chez d'autres mammifères : les fils issus de ces unions étaient probablement peu fertiles, et la sélection a éliminé ces segments en quelques dizaines de générations. Nos deux espèces étaient donc interfécondes, mais à la limite de ne plus l'être.

Lire l'ADN d'un sol

Dernier tournant technique, et non le moindre : on sait désormais extraire de l'ADN humain du sédiment d'une grotte, sans le moindre ossement. Des couches de Denisova, d'Espagne et de Géorgie ont ainsi livré la présence de néandertaliens ou de dénisoviens là où les fouilles n'avaient trouvé que des outils.

Cela signifie qu'une partie de la carte des occupations humaines va être redessinée dans les prochaines années à partir de terre tamisée, et non de fossiles. Les populations fantômes d'aujourd'hui ne le resteront pas toutes.

Cinq humanités, puis une

Il y a cent mille ans, la Terre portait au moins cinq humanités : *Homo sapiens* en Afrique et au Levant, les néandertaliens en Europe et au Proche-Orient, les dénisoviens en Asie, *Homo floresiensis* sur l'île de Florès, *Homo luzonensis* aux Philippines. *Homo naledi* vivait peut-être encore en Afrique du Sud, et *Homo erectus* à Java.

Trente mille ans plus tard, il n'en reste qu'une. Cette situation, une seule espèce humaine sur la planète, est une **anomalie à l'échelle des sept derniers millions d'années** : la règle a toujours été la coexistence de plusieurs.

Nous vivons donc dans un monde appauvri, et notre solitude est si récente que nous la prenons pour l'ordre naturel des choses. Le chapitre suivant examine ce qu'on peut, et surtout ce qu'on ne peut pas, en conclure sur notre compte.

Ce que l'on cherche maintenant

Trois chantiers occupent les laboratoires. Retrouver de l'ADN africain plus ancien, en exploitant les grottes d'altitude et les protéines quand l'ADN a disparu. Documenter les Dénisoviens autrement que par des fragments, ce que l'attribution du crâne de Harbin pourrait permettre. Et étendre l'analyse des sédiments aux sites déjà fouillés, dont les archives de terre dorment dans les réserves des musées.

Un dernier chantier, moins visible, consiste à relire les collections anciennes. Plusieurs des résultats cités dans ce chapitre proviennent d'ossements sortis de terre il y a cinquante ans et rangés dans un tiroir, auxquels on a simplement appliqué des méthodes qui n'existaient pas alors.

L'ORDRE DE GRANDEUR

Ce que chacun porte

Un Européen ou un Asiatique porte environ **2 % d'ADN néandertalien**. Mais ce ne sont pas les mêmes 2 % d'une personne à l'autre : mis bout à bout, les fragments présents dans les populations actuelles reconstituent de **20 à 40 % du génome néandertalien**.

Autrement dit, une part importante de Néandertal est encore là, dispersée dans des milliards de personnes qui en portent chacune un morceau différent.

5

CHAPITRE CINQ

Ce qui a fait la différence

Pourquoi notre espèce est-elle la seule qui reste ? La réponse honnête tient en trois mots : on ne sait pas. Voici ce que les données soutiennent, ce qu'elles affaiblissent, et ce qu'elles excluent.

La question est mal posée dès qu'elle prend la forme « qu'avions-nous de plus ». Elle suppose une supériorité, et cherche ensuite laquelle. Or les cinquante dernières années ont surtout consisté à retirer, une à une, les qualités qu'on croyait propres à notre espèce.

Ce qui n'est plus défendable

Le langage. Néandertal partage avec nous les variantes du gène *FOXP2*, possède un os hyoïde comparable et un canal hypoglosse de même calibre. Rien n'indique qu'il ne parlait pas.

Le symbolique. Sépultures, pigments, plumes d'oiseaux, coquillages percés, structures aménagées au fond d'une grotte à Bruniquel il y a 176 000 ans : le dossier néandertalien s'est considérablement étoffé.

La technique. Le débitage Levallois demande une planification élaborée, et la colle de bouleau produite par distillation suppose une chaîne opératoire de plusieurs heures à température contrôlée.

Le cerveau. Celui de Néandertal était en moyenne plus volumineux que le nôtre. La forme diffère, notamment le cervelet, mais aucune inférence solide n'en découle sur les capacités.

Ce qui reste sur la table

La démographie. C'est l'explication la mieux étayée, et la moins flatteuse. Les populations d'*Homo sapiens* semblent avoir été plus nombreuses et plus denses, ce qui change tout : une innovation a plus de chances d'apparaître, et surtout de se transmettre sans se perdre. Une population trop petite oublie ses techniques.

Les réseaux. Les matières premières circulent sur des distances nettement plus longues chez *sapiens* que chez Néandertal, jusqu'à plusieurs centaines de kilomètres. Des réseaux plus étendus signifient plus d'échanges, plus de secours en cas de mauvaise année, et une meilleure circulation des savoirs.

Le climat comme arbitre

Entre 60 000 et 40 000 ans, l'Europe traverse une série d'oscillations climatiques brutales, parfois de dix degrés en quelques décennies. Les milieux se recomposent, les proies se déplacent, et les populations humaines se fragmentent en isolats de plus en plus petits.

Les néandertaliens ont traversé de tels épisodes pendant deux cent mille ans sans disparaître. Ce qui change à la fin, c'est qu'une autre population humaine occupe désormais le terrain libéré à chaque contraction. Une population fragmentée peut se reconstituer si elle est seule ; elle ne le peut plus si la place a été prise.

L'explication par une catastrophe unique, en particulier l'éruption des Champs Phlégréens il y a environ 39 000 ans, n'a pas résisté à l'examen : plusieurs sites montrent une occupation continue de part et d'autre du niveau de cendres, et Néandertal était déjà en recul avant.

Ce que la démographie fait aux techniques

Un résultat contre-intuitif éclaire l'hypothèse démographique. Dans une population trop petite, une technique complexe se perd, non par bêtise mais par arithmétique : chaque apprentissage est imparfait, et il faut assez d'apprenants pour qu'au moins un égale ou dépasse le meilleur des maîtres.

Le cas le plus discuté est celui de la Tasmanie, isolée du continent australien à la fin de la dernière glaciation : sa population, réduite à quelques milliers de personnes, a cessé au fil des millénaires de fabriquer des outils osseux et de pêcher le poisson à écailles.

Transposé au Paléolithique, ce mécanisme suggère que la différence entre les deux espèces n'était peut-être pas dans les têtes, mais dans le nombre de têtes reliées entre elles.

Les réseaux, une mesure concrète

L'argument des réseaux n'est pas une intuition : il se chiffre. On mesure la distance entre le lieu où un silex, une obsidienne ou un coquillage a été ramassé et le lieu où il a été abandonné. Chez les néandertaliens, cette distance dépasse rarement quelques dizaines de kilomètres. Sur les sites d'*Homo sapiens* du Paléolithique supérieur, elle atteint couramment deux à trois cents kilomètres, parfois plus pour les coquillages.

Un objet ne marche pas seul. Ces distances mesurent des relations : alliances, échanges de conjoints, visites saisonnières. Un réseau étendu est une assurance contre la mauvaise année locale, et un canal par lequel une technique circule au lieu de se perdre.

La comparaison a ses limites : les sites néandertaliens sont plus anciens, donc moins bien conservés, et les matières premières lointaines s'y repèrent plus difficilement. La différence est nette, elle n'est pas absolue.

Le hasard. Il n'est pas une explication par défaut. Les modèles montrent que deux populations aux capacités identiques peuvent voir l'une disparaître si la seconde arrive en nombre suffisant et de façon répétée. L'extinction n'a pas besoin d'une cause noble.

La forme que prend la réponse aujourd'hui

Le consensus, s'il en existe un, tient dans une combinaison : une espèce venue en flux continus depuis un continent plus peuplé, dans un climat instable qui fragmentait les populations locales, avec des réseaux d'échange plus larges et une démographie plus dynamique. Aucun de ces facteurs ne suffit ; ensemble, ils suffisent.

Ce qui a disparu, ce n'est pas Néandertal seul. C'est la diversité humaine elle-même : cinq humanités il y a soixante mille ans, une seule aujourd'hui. C'est peut-être le fait le plus remarquable de ce dossier, et le moins souvent formulé.

Ce que nous sommes devenus depuis

L'évolution ne s'est pas arrêtée à la sortie d'Afrique. La persistance de la lactase, la tolérance à l'altitude, la résistance à certains agents infectieux, la pigmentation claire aux latitudes hautes sont toutes postérieures, et pour certaines vieilles de moins de cinq mille ans.

Nous sommes donc une espèce jeune, issue de deux souches plus anciennes, métissée avec au moins deux autres humanités, et encore en train de changer. Le mot « aboutissement », qui traîne dans beaucoup de récits sur l'évolution humaine, n'a aucun sens biologique.

Quand Néandertal disparaît vraiment

La date a longtemps flotté, en partie parce que les mesures au carbone 14 sous-estiment fortement l'âge des échantillons anciens dès qu'une trace de carbone récent les contamine. Un programme de redatation systématique, conduit avec des protocoles de purification stricts, a ramené les occupations néandertaliennes les plus récentes entre **41 000 et 39 000 ans**.

Les dates très tardives annoncées dans le sud de l'Espagne, autour de 30 000 ans, n'ont pas survécu à cette révision. Il n'y a donc pas eu de refuge ibérique tardif, et la disparition a été plus rapide qu'on ne le pensait.

Cela laisse une fenêtre de coexistence de plusieurs millénaires en Europe, largement suffisante pour des échanges, mais trop courte pour parler d'un remplacement progressif site par site.

Une extinction locale, répétée

Ce que montrent les cartes de dates, c'est une disparition qui n'a rien d'un front continu. Des régions se vident, d'autres restent occupées, certaines sont réoccupées par les uns après les autres. L'extinction ressemble à une série de petites disparitions locales, chacune banale, dont la somme est définitive.

Les génomes néandertaliens tardifs confirment le tableau : ils montrent une consanguinité élevée et une diversité génétique faible, signe de populations

déjà réduites et isolées avant même l'arrivée de notre espèce.

La question mieux posée

Plutôt que « pourquoi Néandertal a-t-il disparu », les chercheurs formulent aujourd'hui : « pourquoi une population plus petite, déjà fragmentée, n'a-t-elle pas résisté à l'arrivée continue d'une autre, plus nombreuse, dans un climat qui les défavorisait toutes les deux ? » Posée ainsi, la question n'appelle plus de supériorité pour être résolue.

Le Châtelperronien, un cas d'école

Dans quelques sites français, dont la grotte du Renne à Arcy-sur-Cure, une industrie appelée châtelperronienne associe des outils de tradition néandertalienne à des parures et à des outils en os, jusque-là considérés comme des marqueurs de notre espèce.

Deux lectures s'affrontent depuis trente ans. Ou bien les néandertaliens ont produit ces objets, seuls ou par contact avec les nouveaux venus. Ou bien les couches ont été mélangées par des terriers et des piétinements, et l'on additionne des vestiges qui n'ont jamais été contemporains.

Le débat n'est pas tranché, et il est instructif pour cela : il montre à quel point nos conclusions dépendent de la qualité de la stratigraphie, c'est-à-dire du soin avec lequel un site a été fouillé, parfois il y a soixante ans.

Ce que nous avons cessé de chercher

Une part du travail de ces vingt dernières années a consisté à abandonner des questions plutôt qu'à les résoudre. Le premier *Homo sapiens*, le lieu exact de son apparition, le trait qui nous distingue : ces objets n'existent probablement pas sous la forme où on les cherchait.

Ce n'est pas un échec. Une discipline progresse aussi en reconnaissant qu'une question était mal posée, et la préhistoire humaine en offre, depuis dix ans, une démonstration inhabituellement claire.

Reste une observation d'ordre général, valable au-delà de la préhistoire : les explications qui flattent celui qui les formule méritent un examen plus sévère que les autres. L'histoire de notre espèce en a fourni un siècle et demi d'exemples.

LE RÉFLEXE CRITIQUE

Se méfier des explications à une cause

Un article qui explique le succès de *sapiens* par une seule chose, un gène, une arme, une capacité cognitive, doit être lu avec méfiance. Ces récits sont satisfaisants, faciles à titrer, et systématiquement démentis par la découverte suivante.

La question « pourquoi nous ? » restera probablement sans réponse simple, parce qu'il n'y en a peut-être pas.

Ce que nous savons, ce que nous supposons

Ce qui est établi

- Les plus anciens fossiles attribués à notre espèce sont marocains, à Jebel Irhoud, et datés de 315 000 ans à trente-quatre mille près.
- Omo I, en Éthiopie, a au moins 233 000 ans, contre 197 000 admis auparavant.
- Des *Homo sapiens* sont présents hors d'Afrique dès 180 000 ans, sans descendance actuelle décelable.
- Tous les non-Africains descendent d'une population sortie il y a environ soixante mille ans.
- Le métissage avec Néandertal résulte d'un événement principal daté de 49 000 à 45 000 ans, partagé par tous les non-Africains.
- Les Papous et les Aborigènes australiens portent plusieurs pour cent d'ADN dénisovien, issu de plusieurs mélanges distincts.

Ce qui est probable

- Notre ascendance remonte à deux populations séparées vers 1,5 million d'années et réunies vers 300 000 ans, dans un rapport proche de 80 contre 20.
- L'émergence de l'espèce a été panafricaine plutôt que localisée dans un berceau unique.
- Le succès de la dernière sortie tient à la démographie et à l'étendue des réseaux, plus qu'à une supériorité cognitive.

Ce qui n'est pas su

- À quelles populations fossiles correspondent les deux souches ancestrales.
- Pourquoi les sorties antérieures à cinquante mille ans ont échoué.
- Ce qui a réellement causé la disparition de Néandertal, et la part qu'y a prise notre espèce.
- Combien d'humanités ont existé sans laisser ni fossile ni ADN.

Ce qui bougera sans doute d'ici cinq ans

Un dossier sur ce sujet est daté par construction. Voici, à titre d'avertissement, les points sur lesquels il faut s'attendre à devoir corriger ces pages.

Les chiffres du modèle des deux souches. La date de séparation, celle des retrouvailles et le rapport de 80 contre 20 sont les paramètres d'un modèle jeune. Ils seront affinés, et peut-être remplacés par un scénario à trois composantes.

L'identité des Denisoviens. Si l'attribution du crâne de Harbin se confirme et que d'autres restes suivent, une humanité connue jusqu'ici par des frag-

ments prendra forme, avec son anatomie et sa répartition.

Les plus anciennes traces hors d'Afrique. L'Arabie et l'Asie du Sud-Est sont faiblement prospectées au regard de leur surface. Toute découverte y déplacera les dates d'un côté ou de l'autre.

Les protéines à la place de l'ADN. La paléoprotéomique permet déjà de classer des fossiles trop anciens ou trop chauds pour l'ADN. Elle est en train d'ouvrir aux régions tropicales ce que la génétique a ouvert aux régions froides.

Une dernière remarque

Rien de ce qui précède ne diminue notre espèce. Une histoire faite d'assemblages, de tentatives ratées et de rencontres est simplement moins linéaire que celle qu'on racontait, et beaucoup plus proche de ce que la biologie observe partout ailleurs.

MÉTHODE

Vérifier soi-même une annonce

Trois réflexes suffisent à trier la plupart des articles de presse consacrés à la préhistoire.

Chercher la revue et la date. Une découverte réelle est publiée quelque part, avec un identifiant DOI. Un article qui ne cite ni revue ni auteurs relaie souvent un communiqué, parfois vieux de plusieurs années.

Regarder la marge d'erreur. Un âge sans son intervalle est un âge amputé. Deux dates qui semblent se contredire sont parfois compatibles une fois leurs marges affichées.

Distinguer le fossile du modèle. Un os trouvé et daté, une reconstitution génétique, une simulation : ce sont trois niveaux de preuve différents, que les titres mélangent volontiers.

EN GUISE DE CONCLUSION

Une espèce composite

Nous nous racontions comme l'aboutissement d'une lignée. Les vingt dernières années ont montré autre chose : un assemblage. Deux souches anciennes réunies, une émergence répartie sur un continent, des sorties multiples dont une seule a tenu, et des gènes empruntés à au moins deux autres humanités.

Ce n'est pas moins glorieux. C'est simplement une autre histoire, et elle a l'avantage d'être celle que les données racontent.

Repères, sources et pour aller plus loin

Repères chronologiques

≈ 1,5 million d'années	Séparation des deux souches ancestrales de l'humanité actuelle (modèle génétique)
≈ 600 000 ans	Divergence entre la lignée qui mènera à Homo sapiens et celle des néandertaliens et dénisoviens
≈ 315 000 ans	Jebel Irhoud , Maroc : les plus anciens fossiles attribués à notre espèce
≈ 300 000 ans	Retrouvailles des deux souches, dans un rapport de 80 contre 20
≈ 299 000 ans	Kabwe , Zambie : un crâne beaucoup plus archaïque, pourtant contemporain
au moins 233 000 ans	Omo I , Éthiopie, redaté en 2022
177 000 à 194 000 ans	Misliya , Israël : la plus ancienne présence de notre espèce hors d'Afrique
120 000 à 90 000 ans	Skhul et Qafzeh , Levant : sépultures et parures, sans descendance actuelle connue
≈ 60 000 ans	Sortie d'Afrique de la population dont descendent tous les non-Africains
49 000 à 45 000 ans	Métissage avec les néandertaliens, événement principal partagé par tous les non-Africains
41 000 à 39 000 ans	Dernières occupations néandertaliennes connues

Jebel Irhoud. D. Richter, J.-J. Hublin et al., « The age of the hominin fossils from Jebel Irhoud, Morocco, and the origins of the Middle Stone Age », *Nature* 546, 2017, pour la datation à 315 ± 34 ka. Article compagnon de J.-J. Hublin et al. sur les fossiles.

Omo Kibish. C. Vidal et al., « Age of the oldest known Homo sapiens from eastern Africa », *Nature* 601, 2022, qui porte l'âge minimum d'Omo I à 233 ± 22 ka et retire à Herto son ancrage chronologique.

Les deux souches. T. Cousins, A. Scally & R. Durbin, « A structured coalescent model reveals deep ancestral structure shared by all modern humans », *Nature Genetics*, avril 2025. À lire avec A. Ragsdale et al., *Nature*, 2023, qui aboutit à une structure ancestrale par une autre voie.

Datation du métissage néandertalien. A. Sümer, J. Krause et al., « Earliest modern human genomes constrain timing of Neanderthal admixture », *Nature*, 2025, sur les génomes de Ranis et de Zlatý kůň.

Sorties d'Afrique. I. Hershkovitz et al., *Science*, 2018, sur Misliya. K. Harvati et al., *Nature*, 2019, sur Apidima, dont l'attribution reste discutée.

Denisova. Les travaux de l'Institut Max-Planck de Leipzig sur les génomes archaïques, et les publications sur *EPAS1* chez les populations tibétaines.

Comportements du Middle Stone Age africain. C. Henshilwood et al., sur Blombos, pour l'ocre gravée et les parures en coquillage.

Néandertal. R. Green, S. Pääbo et al., *Science*, 2010, pour le premier génome et la mise en évidence du métissage. T. Higham et al., *Nature*, 2014, pour la datation des dernières occupations néandertaliennes entre 41 000 et 39 000 ans.

Denny. V. Slon et al., « The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father », *Nature*, 2018.

ADN des sédiments. V. Slon, M. Meyer et al., *Science*, 2017, sur l'extraction d'ADN humain à partir de sédiments de grotte.

Kabwe. R. Grün et al., *Nature*, 2020, qui ramène le crâne de Broken Hill à environ 299 ka.

Déserts du génome. S. Sankararaman, D. Reich et al., *Nature*, 2014, sur la déplétion de l'ascendance néandertalienne sur le chromosome X et dans les gènes exprimés au niveau des testicules.

Transmission culturelle et démographie. J. Henrich, *American Antiquity*, 2004, sur la perte de techniques dans les petites populations, avec le cas tasmanien.

SUR EPOPEE-SAPIENS.COM

Les dossiers voisins

Néandertal et Denisova, dans la bibliothèque numérique, prennent l'histoire par l'autre bout : celle des humanités que nous avons croisées.

La frise de la préhistoire replace toutes ces dates les unes par rapport aux autres, avec les vingt-neuf espèces d'hominines connues.

La rubrique **Espèces humaines** donne une fiche par hominine, avec les fossiles de référence et l'état des débats.

COLOPHON

Dossier rédigé et mis en pages pour **l'épopée sapiens**, septembre 2026. Composé en Oswald. Illustrations sous licence libre : couverture, vallée du Rift au Kenya (Daniel Case, CC BY-SA 4.0) ; moulages des crânes d'Herto (Alessandro Merilli, domaine public) ; perles en coquillage de Blombos (C. Henshilwood et F. d'Errico, CC BY 2.5) ; grotte de Misliya (Hanay, CC BY 3.0) ; grotte de Denisova (Yuriy59, CC BY-SA 3.0) ; crâne Jebel Irhoud 1 (Jonathan Chen, CC BY-SA 4.0).

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