

Nouvelles approches en bioarchéologie : de la molécule à l'atome
Le 25 mars 2016, Auditorium de la Grande Galerie de l'Evolution, MNHN, Paris 5^e

Programme préliminaire

Langues : français / anglais (les communications durent 30 minutes + 10 minutes de discussions)

Programme

- 10:00 : Accueil et présentation de la journée
- 10:10 : 2006-2016 : La révolution paléogénomique, par Ludovic ORLANDO (Univ. Copenhague, Danemark)
- 10:50 : Analyse paléogénomique: défis statistiques et algorithmiques, par Laurent FRANTZ (Univ. Oxford, Royaume-Uni)
- 11:30 : Using palaeogenetic approaches with plant remains in order to understand crop domestication, par Terrence BROWN (Univ. Manchester, Royaume-Uni)
- 12:10 : *Pause déjeuner*
- 14:00 : Advances in proteomic techniques for bioarchaeology: species identification and beyond, par Michael BUCKLEY (Univ. Manchester, Royaume-Uni)
- 14:40 : L'apport de l'étude des résidus organiques dans les poteries archéologiques, par Mélanie ROFFET-SALQUE & Richard EVERSLED (Univ. Bristol, Royaume-Uni)
- 15:20 : *Pause café*
- 15:50 : Bioarchéologie des isotopes stables des métaux, par Vincent BALTER (Laboratoire de Géologie, ENS Lyon, France)
- 16:30 : Recent revolutions in radiocarbon dating, par Michael DEE (Univ. Oxford, Royaume-Uni)
- 17:10 : Discussion générale
- 17:30 : Clôture de la journée



Nouvelles approches en bioarchéologie : de la molécule à l'atome

2006-2016: La révolution paléogénomique

Ludovic Orlando

Centre for GeoGenetics, Natural History Museum of Denmark, Copenhagen, Denmark

Née dans le milieu des années 1980, la paléogénétique a longtemps été limitée par la quantité d'information génétique alors accessible dans les archives archéologiques et paléontologiques. Cette dernière décennie a véritablement révolutionné cette discipline et plus d'une centaine de génomes anciens complets ont déjà été caractérisés. Les raisons d'un tel succès sont multiples. Tout d'abord, l'ADN n'est certes pas mieux préservé aujourd'hui qu'hier mais notre capacité à y accéder s'est considérablement améliorée grâce au développement de technologies toujours plus sensibles. Ensuite, des vestiges particuliers tels que les cheveux et les os pétreux se sont révélés constituer de véritables coffres-forts à ADN ancien. Enfin et surtout, les technologies de séquençage désormais disponibles sont capables de générer jusqu'à plusieurs milliards de séquences en à peine quelques jours, là où les technologies anciennes auraient nécessité plusieurs millénaires. En s'appuyant donc sur des méthodes plus sensibles, en séquençant plus vite et toujours plus, et en développant des algorithmes informatiques capables de dénicher, d'authentifier et d'aligner les séquences anciennes avec une grande fiabilité, la paléogénétique a cédé la place à la paléogénomique, ouvrant un champ d'investigations jusqu'alors inégale. L'origine des peuplements anciens, leur isolement ou leur admixture, peut aujourd'hui être décryptés par l'information présente dans les génomes anciens, mais aussi les agents des grandes épidémies du passé ainsi que les raisons de leur extrême virulence. Les processus de différenciation entre espèces et populations, ainsi que leur adaptation sont en passe d'être révélés, notamment lors de phénomènes aussi importants pour l'histoire des civilisations que les processus domesticatoires. Outre les génomes, leurs régulations épigénétiques en lien avec les conditions environnementales socio-culturelles commencent à être identifiées et les communautés anciennes, qu'elles soient microbiennes (microbiomes) ou environnementales (par exemple, végétales et animales), et leur dynamique face aux changements globaux, sont aussi devenues un objet formidable d'investigations génétiques. Cette présentation reprendra les grandes étapes qui ont accompagné une décennie de révolutions paléogénomiques et, tout en décrivant leurs limites, illustrera une diversité d'applications nouvelles.

Analyse paléogénomique: défis statistiques et algorithmiques.

Laurent Frantz

Palaeo-BARN, Research Laboratory for Archaeology and History of Art, University of Oxford, Oxford, United-Kingdom.

La paléogénétique a depuis quelques années cédé la place à la paléogénomique. Désormais, les chercheurs ne se contentent plus de quelques centaines de bases d'ADN et il est maintenant possible de générer plusieurs milliards de bases en quelques jours. L'analyse de ces bases de données gigantesques offre un pouvoir de résolution sans précédent. Par le biais de la phylogénie ou de la génétique des populations, il est désormais possible de tester des hypothèses de plus en plus détaillées sur l'origine des civilisations modernes mais également de découvrir des phénomènes biologiques et historiques qui, jusque-là, nous étaient inconnues.



En effet, l'obtention de génomes d'espèces et de populations éteintes, combinée à ces méthodes basées sur la statistique de pointe, nous offre des perspectives inégalées sur l'histoire des populations humaine, animale et végétale. Il est désormais possible de modéliser des phénomènes comme la contribution génétique (et donc biologique) que des lignées disparues ont fourni à des populations modernes par le biais de flux génétique, ou de caractériser des changements de fréquence d'allèles, dans le temps, dû à la sélection naturelle et artificielle (p. ex. la tolérance au lactose dans les populations humaines), voire de mieux comprendre le phénomène d'extinction, mais aussi de retracer l'origine géographique et temporelle d'espèces clef (p. ex. domestique). Cependant, bien que l'analyse statistique des génomes soit devenue une routine, de nombreux défis, similaires à ceux rencontrés par l'industrie du « big data », restent encore à relever. En effet, la quantité astronomique de données et leur complexité posent de nombreux problèmes algorithmiques et statistiques. Cette présentation a pour but d'illustrer le pouvoir de résolution mais aussi les limites de ces méthodes.

Using palaeogenetic approaches with plant remains in order to understand crop domestication

Terrence Brown

University of Manchester, Faculty of Life Sciences, United-Kingdom

Technical advances in the ways in which DNA and RNA are studied have led to dramatic developments in many areas of biomolecular archaeology. Most notable has been the application of 'next generation' sequencing methods to ancient DNA, which has enabled complete genome sequences to be obtained for two types of extinct hominin and various archaic and prehistoric examples of *Homo sapiens*. These methods are also being applied to preserved plant macrofossils, and promise to have an equally dramatic impact in archaeobotany. However, problems remain in obtaining DNA sequences from charred samples, which represent the commonest form of plant preservation in the Eurasian archaeobotanical record. In this presentation I will review progress to date and discuss how aDNA sequencing is likely to benefit studies of crop domestication in the coming years.

Advances in proteomic techniques for bioarchaeology; species identification and beyond

Michael Buckley

University of Manchester, Faculty of Life Sciences, United-Kingdom

In recent years there have been a growing number of archaeological studies that utilise proteomic techniques, particularly various forms of soft-ionisation mass spectrometry. The aims of these studies have typically been to obtain protein-based information from archaeological material beyond the means of morphological analysis, sometimes to identify the protein composition of a particular material but most frequently to determine the animal species of origin of these components (e.g., Zooarchaeology by Mass Spectrometry; ZooMS). This presentation will summarize the advances that have been made from the initial uptake of this technology into archaeology, to recent developments in high-throughput approaches highlighted with current examples that analyse thousands of specimens per site. It will also discuss advances in our understanding of the taxonomic resolution achievable with the various techniques currently in use, particularly the comparison of ZooMS collagen peptide



mass fingerprinting with in-depth proteome analyses, and present the latest findings relating to further information that can be obtained from the latter.

L'apport de l'étude des résidus organiques dans les poteries archéologiques

Mélanie Roffet-Salque et Richard P. Evershed

Organic Geochemistry Unit, University of Bristol, Bristol BS8 1TS, United-Kingdom.

L'étude de résidus organiques préservés dans des poteries archéologiques par des méthodes analytiques modernes a commencé dans les années 1970. Très tôt, l'analyse des lipides (ie graisses, cires et résines) préservées dans les résidus de surface de tessons s'est imposée comme une méthode efficace pour l'analyse fonctionnelle des céramiques.

Néanmoins, depuis la fin des années 1990, des développements méthodologiques ont permis de regarder au-delà de la seule analyse fonctionnelle. La détection de certains biomarqueurs dans les extraits lipidiques renseigne sur l'exploitation des ressources naturelles telles que les animaux et les plantes. La composition isotopique de composés spécifiques apporte aussi des informations sur l'environnement et les climats du passé, procurant ainsi de nouvelles opportunités de recherches. Enfin, la datation directe de lipides issus de poteries est en passe d'être appliquée pour la construction de chronologies.

Bioarchéologie des isotopes stables des métaux

Vincent Balter

Laboratoire de Géologie, ENS Lyon, France

Dans cette communication, je présenterai les derniers développements de géochimie des isotopes dits "non traditionnels", c'est à dire des métaux, en anthropobiologie et paléo-anthropologie. Tous les métaux étudiés (Mg, Ca, Fe, Cu et Zn) sont bioessentiels, c'est-à-dire que leurs concentrations sont régulées afin d'être au-dessus des seuils de carences et en dessous de ceux de toxicité. En revanche, les rapports isotopiques de ces métaux sont caractéristiques de chaque organe, y compris les os et les dents. Sans se focaliser sur les processus biochimiques à l'origine de ces fractionnements isotopiques, je montrerai comment les compositions isotopiques de l'émail dentaire peuvent être utilisées comme biomarqueurs alimentaires. Plus précisément, les isotopes du magnésium ($\delta^{26}\text{Mg}$) et du calcium ($\delta^{44}\text{Ca}$), qui ont une signature isotopique particulière dans le lait, sont de potentiels traceurs de l'allaitement et du sevrage. Les isotopes du fer ($\delta^{56}\text{Fe}$) et du cuivre ($\delta^{65}\text{Cu}$) sont différemment régulés entre les hommes et les femmes, ce qui peut servir à sexer les os fossiles. Les isotopes du zinc ($\delta^{66}\text{Zn}$) et $\delta^{65}\text{Cu}$ varient pendant le vieillissement chez les mammifères, laissant envisager des possibilités de détermination de l'âge au décès. Enfin, j'évoquerai le potentiel de la géochimie des métaux en paléopathologie.

Recent Revolutions in Radiocarbon Dating

Michael Dee

Oxford Radiocarbon Accelerator Unit, University of Oxford, Oxford OX1 3QY, United Kingdom



Radiocarbon dating is the most widely used scientific method for estimating the age of archaeological materials. Since its inception in the late 1940s, on-going research has continued to improve the versatility and effectiveness of the technique. Some such improvements have been so marked they are now commonly referred to as 'revolutions'. This presentation will briefly recap the most important revolutions in the history of radiocarbon dating and go on to discuss more recent breakthroughs, which include making the method more precise chemically and producing dates accurate to the exact calendar year.

