

Annexe 2 TD8b

Etablir les liens de parenté grâce aux données génétiques

Document 1 : Présentation de l'Homme de Denisova

Jusque dans les années 2010, une simple découverte de fossiles permettait d'identifier d'anciennes espèces aujourd'hui disparues. *Homo erectus*, *Sahelanthropus tchadensis*, *Homo neanderthalensis*, *Paranthropus boisei*, *Australopithecus afarensis*,... Toutes ces espèces ont été connues par la découverte de squelettes fossilisés plus ou moins complets... En comparant avec les autres squelettes on pouvait ainsi caractériser une espèce.

En 2008, des chercheurs avaient exhumé dans la grotte de Denisova (Montagnes de l'Altai en Sibérie) des traces d'activités et des ossements de néanderthaliens datés sur une période comprise entre **-30000 et - 50000 ans**.



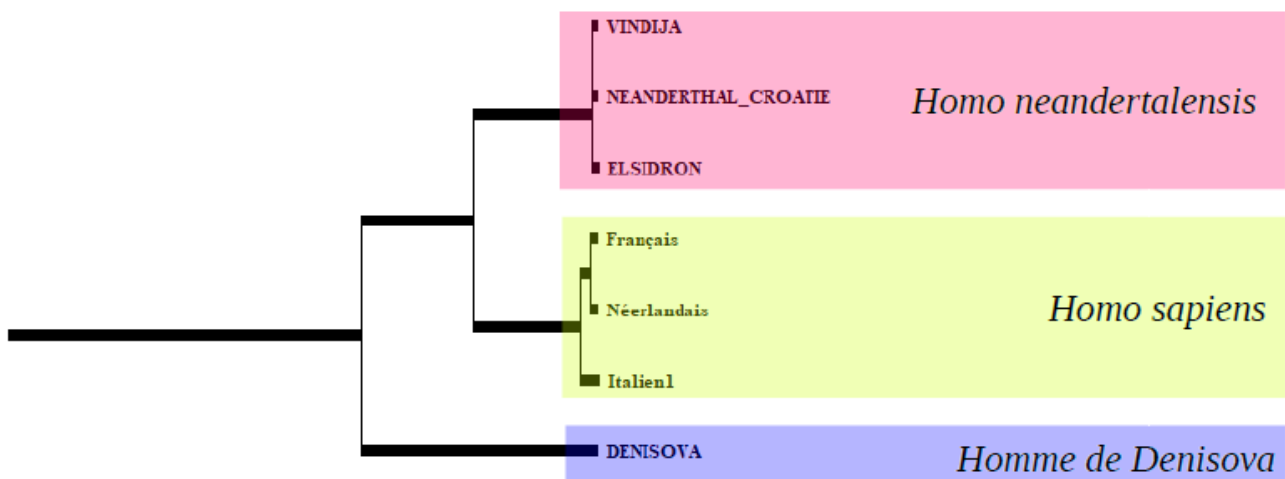
Cependant, quelques ossements parcellaires d'un squelette, appelé « Homme de Denisova », (une phalange, un orteil et deux dents - dont une molaire) ne permettaient pas de déterminer l'aspect de cet individu. Néanmoins, ces ossements montrent que l'espèce était très robuste, certainement plus proche du physique néanderthalien que celui d'*Homo sapiens*.

En 2010, l'équipe du généticien Svante Pääbo (Institut Max-Planck, Leipzig en Allemagne) a pu extraire l'ADN à partir de la phalange, puis a séquencé l'ADN mitochondrial ou ADNmt (c'est une molécule d'ADN circulaire localisée dans la mitochondrie, organe des cellules).

Document 2 : Arbre phylogénétique obtenu à partir de l'ADN mitochondrial de différentes espèces d'Homme : (logiciel Phylogène)

Les séquences d'ADN peuvent être comparées pour établir des arbres phylogénétiques. Un arbre phylogénétique est une représentation des liens de parenté entre les espèces. Dans un arbre phylogénétique, **plus deux espèces ont une ressemblance moléculaire plus elles ont un lien de parenté étroit c'est-à-dire que leur ancêtre commun est récent**. Plus il y a de différences entre 2 moléculaires entre 2 espèces et plus leur ancêtre commun est ancien.

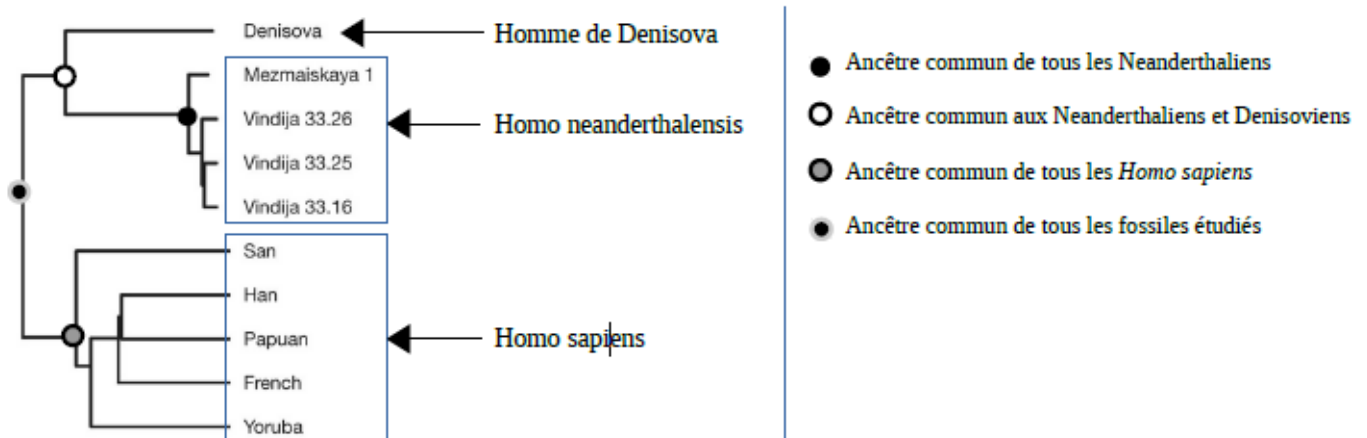
L'ADN mitochondrial provient des mitochondries présentes dans le cytoplasme des cellules. Les informations qu'il apporte sont souvent partielles car les mitochondries ne sont transmises que par la mère (dans l'ovule) donc on n'a pas accès au génome complet de l'individu.



Document 3 : Arbre phylogénétique obtenu à partir de l'ADN nucléaire de différentes espèces d'Homme

En 2010, à partir de l'ADN nucléaire, le génome entier de l'homme de Denisova a été séquencé.

L'arbre phylogénétique ci-dessous a été établi à partir de comparaisons de l'ADN nucléaire (= issu du noyau) de différentes formes fossiles ou actuelles :



Document 4 : Denny fait sa révolution

En 2019, la même équipe de chercheurs a extrait l'ADN mitochondrial et l'ADN nucléaire d'un autre fragment d'os daté de -90 000 ans et retrouvé dans la grotte de Denisova. Cet individu fut nommé Denisova 11 et surnommé « Denny ».

A propos de Denny, la paléogénéticienne Pontus Skoglund déclarait « C'est probablement la personne la plus fascinante qui ait jamais eu son génome à séquencer ».



Source : <https://www.hominides.com>

Document 5 : Données issues de l'ADN mitochondrial de Denny

Cette étude avait été faite sur l'ADN mitochondrial des cellules de l'os car ce dernier est en plus grande quantité que l'ADN nucléaire, et donc plus facile à extraire des restes osseux. Cependant, l'ADN mitochondrial a la particularité de n'être transmis que par la mère, et donc on ne connaissait rien du père de Denny.

Origine géographique de l'échantillon	Nombre de différences avec Denny
Néanderthalien de Sibérie	5
Dénisovien de Sibérie	354
Homo sapiens actuel	185* * moyenne réalisée sur plusieurs individus vivant sur des continents différents

Tableau présentant le nombre de différences nucléotidiques entre les séquences d'ADN mitochondrial de Denny et de celles d'autres individus

Rappel : Plus les séquences sont semblables, plus les liens de parenté sont étroits

Document 6 : Données issues de l'ADN nucléaire de Denny

Les gènes comparés dans cette étude sont présents chez les 3 espèces à l'état dérivé alors que chez le chimpanzé, le bonobo, le gorille et l'Orang-Outan, ces gènes sont présents à l'état ancestral.
Plus 2 espèces partagent des gènes à l'état dérivé (= nouveau), plus elles ont des liens de parenté étroits.

	Pourcentage d'allèles de gène de Denny commun avec l'espèce comparée
Génome de l'Homme de néanderthal	38,6%
Génome de l'Homme de Denisova	42,3%
Génome de l'Homo sapiens	1,2%

Tableau comparant le génome nucléaire de Denny et ceux d'autres individus