

**Document n°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'Altaï en Sibérie) des traces d'activités et des ossements de néanderthaliens datés sur une période comprise entre -30 000 et - 50 000 ans.



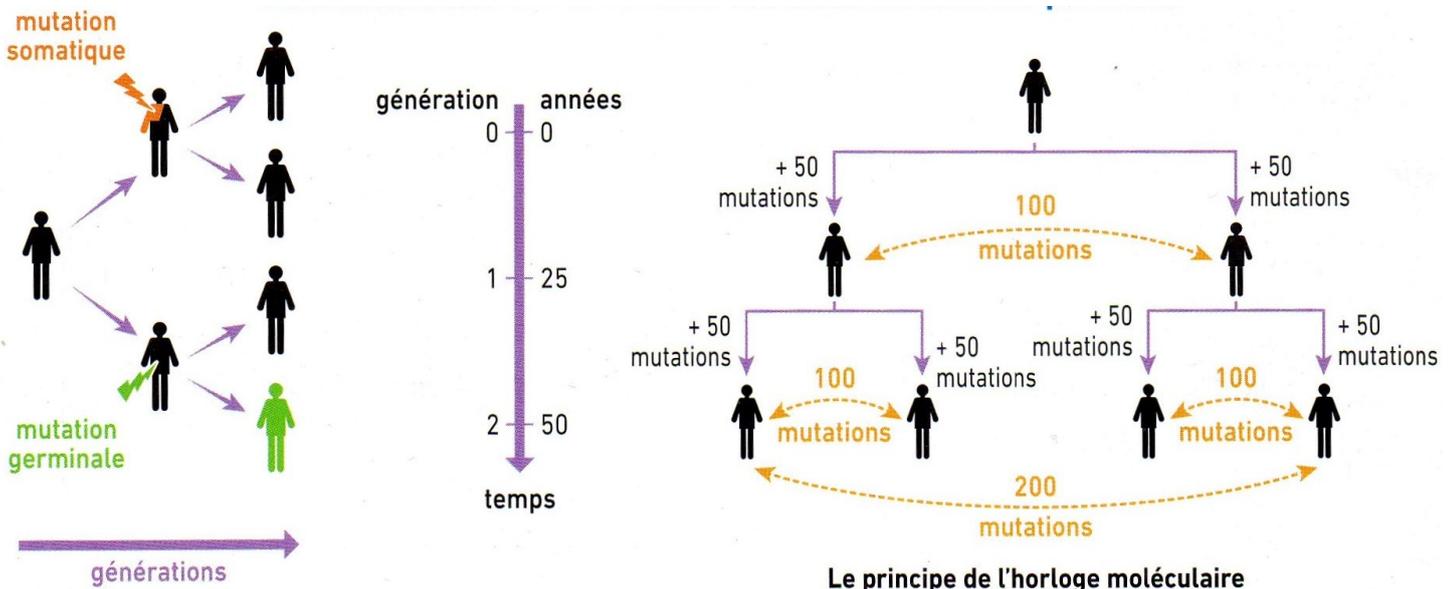
Cependant, quelques ossements parcellaires d'un squelette, appelé « Homme de Denisova », (une phalange, un orteil et deux dents - dont une molaire) ne permettait pas de déterminer l'aspect de cet individu. Néanmoins, ces ossements montrent que l'espèce était très robuste, certainement plus proche du 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 n°2:**

**2a : Transmission des mutations et établissement de liens de parenté**

L'ADN évolue au cours du temps sous l'effet des mutations. Or, celles-ci se réalisent spontanément et à un rythme régulier (sauf conditions exceptionnelles). Selon ce principe, on peut donc considérer que plus deux séquences génétiques sont similaires entre deux espèces, plus ces deux espèces ont un ancêtre commun récent. En utilisant la fréquence des mutations au cours du temps, on peut même estimer l'âge de cet ancêtre commun et ainsi construire un arbre phylogénétique.

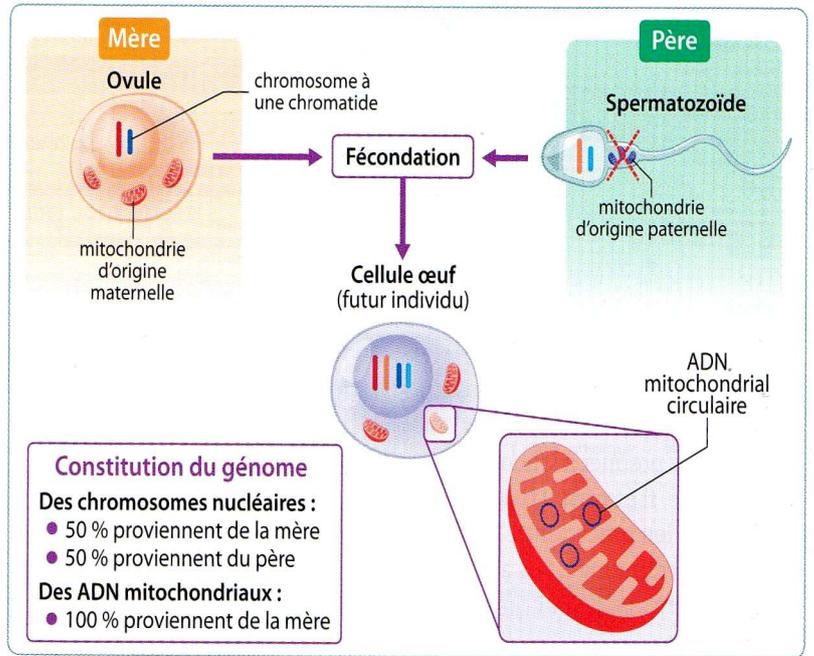


**2b : origines de l'ADN de la cellule œuf (et donc d'un individu)**

L'origine est double :

- l'ADN nucléaire (ADN contenu dans le noyau du spermatozoïde et de l'ovule)

- 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.

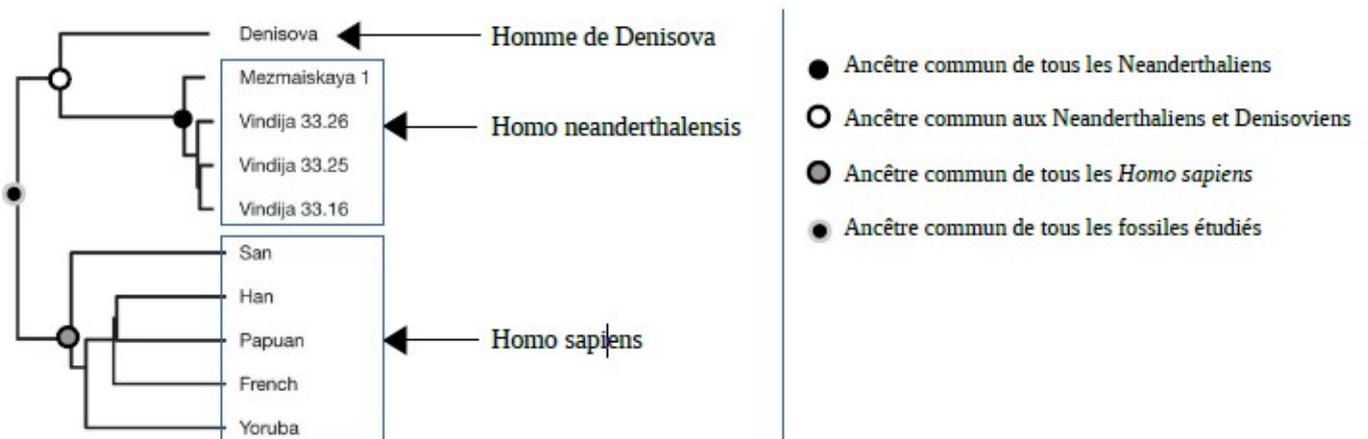


**Document n°3: logiciel Phylogène : Arbre phylogénétique à partir de l'ADN mitochondrial de différentes espèces de la lignée humaine et du chimpanzé : voir protocole dans l'activité**

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 moléculaires entre 2 espèces et plus leur ancêtre commun est ancien.

**Document n°4: 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 n°5: 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 »



### Document n°6 : 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 n°7 : Données issues de l'ADN nucléaire de Denny

Les gènes comparés dans cette étude sont donnés avec une précision de +/- 5%

	Pourcentage d'allèles de gène de Denny commun avec l'espèce comparée
Génome de l'Homme de néanderthal	38%
Génome de l'Homme de dénisova	42%
Génome de l'Homo sapiens	1%

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