

TP n°12 : Sapiens, Neandertal et Denisova : des espèces différentes ?

Le site de la grotte de Denisova, situé dans les montagnes de l'Altai en Sibérie, est connu depuis les années 70. Les différentes études montrent que la cavité a été utilisée par des hominidés depuis 125 000 ans. Dans cette grotte, on a retrouvé de nombreux outils et bijoux dont l'âge est estimé à -35 000 ans (Paléolithique). Mais, en 2010, des chercheurs ont identifié quelques dents et fragments d'une phalange d'auriculaire sur le site. Les quelques restes retrouvés ont amené les archéologues à classer ces restes fossiles comme une nouvelle espèce du genre Homo : l'Homme de Denisova.

D'après <https://www.hominides.com/html/actualites/nouvelle-espece-hominide-siberie-0288.php>

Les restes fossiles étant trop réduits, à vérifier l'appartenance de l'Homme de Denisova à une nouvelle espèce.

Vous présenterez vos résultats dans un compte-rendu.



Compte-rendu TP

1. En utilisant le logiciel Phylogène, vous allez faire apparaître un arbre phylogénétique à partir de données moléculaires issues de l'**ADN mitochondrial**. Ces données moléculaires sont présentées dans un tableau appelé matrice des distances, qui indique le nombre de différences entre les séquences étudiées.

- Ouvrir le logiciel **Phylogène**.

- Puis « Fichier », « Ouvrir ». Le fichier à ouvrir est « **Ligneehumaine_et_Chimpanzes.aln** » (sur la clé USB).

- Sélectionner, dans la matrice (partie basse de la page) : 3 Homo sapiens (Italien1, Français, Néerlandais), 3 Néanderthaliens (NEANDERTHAL_CROATIE, VINDIJA, ELSIDRON), 1 Denisovien (DENISOVA) et un Singe Bonobo (PAN_PANISCUS).

- Cliquer sur « Matrice des distances », puis sur « Arbre ».

- Vous aider des documents fournis pour analyser vos résultats et répondre à la problématique.

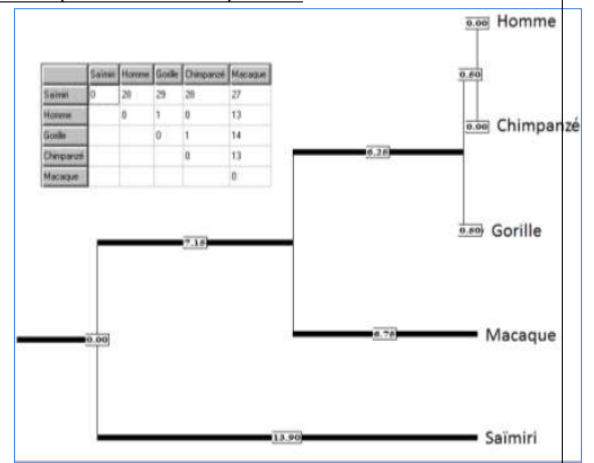
Document 1 : Etablir une classification sur la base des séquences d'ADN ou de protéines

Les arbres phylogénétique peuvent nous renseigner sur le **degré de parenté** grâce à l'étude des **séquences nucléiques (ADN) ou peptidiques (protéines)** de gènes conservés tels que les **globines**, qui forment des familles multigéniques.

En effet, on peut déterminer le pourcentage de différences entre 2 **séquences du même type** (globine, ADN mitochondrial, ...) chez des êtres vivants dont on recherche les liens de parenté (Homme, Chimpanzé ...). Ces différences sont alors recensées dans une **matrice de distances**.

Partant du principe que plus le temps passe, plus les mutations s'accumulent, et ce, à un taux relativement constant, on peut déterminer que plus les séquences sont éloignées, plus elles ont été séparées il y a longtemps. Inversement, plus les séquences sont proches, plus leur séparation est récente.

Sur cet arbre, on remarque que la longueur des branches est proportionnelle à la distance. Chaque branche présente la moitié de la distance totale entre les 2 espèces étudiées. Par exemple, le Chimpanzé et l'Homme ont une distance de seulement 0,5% (1% de distance réparti sur chaque branche). En effet, on a pu démontrer que l'Homme et le Chimpanzé sont les 2 Primates les plus proches et ils partagent un **ancêtre commun dont l'âge est de l'ordre de 7 millions d'années (7 Ma)**.



Logiciel Phylogène.

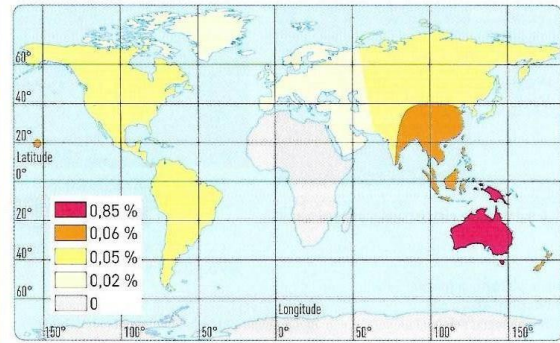
L'histoire humaine décryptée grâce au séquençage de ses gènes

L'équipe de Sankararaman a analysé le génome de 257 individus provenant de 120 populations non africaines. Pour chaque individu, les chromosomes nucléaires ont été étudiés. Le tableau ci-dessous montre la proportion d'allèles à l'état dérivé d'origines néandertalienne et dénisovienne présents actuellement dans les génomes d'*Homo sapiens*. Les

chercheurs ont constaté que le chromosome X est particulièrement pauvre en allèles à l'état dérivé. Ils ont émis l'hypothèse que seules les femmes hybrides, issues d'un accouplement entre un *Homo sapiens* et un Néandertalien ou entre un *Homo sapiens* et un Dénisovien, ont pu avoir une descendance fertile.

Population	Individus	Ascendants Néandertaliens (%)		Ascendants Dénisoviens (%)	
		Chromosomes autosomes	X	Chromosomes autosomes	X
Amérique	29	1,37 +/- 0,11	0,26 +/- 0,18	0,05 +/- 0,01	0,00 +/- 0,00
Asie centrale	27	1,40 +/- 0,12	0,23 +/- 0,18	0,05 +/- 0,01	0,00 +/- 0,00
Asie de l'Est	50	1,39 +/- 0,11	0,32 +/- 0,28	0,06 +/- 0,02	0,00 +/- 0,01
Océanie	26	1,54 +/- 0,12	0,42 +/- 0,36	0,85 +/- 0,43	0,18 +/- 0,17
Asie du Sud	48	1,19 +/- 0,11	0,40 +/- 0,26	0,06 +/- 0,03	0,01 +/- 0,03
Asie de l'Ouest	77	1,06 +/- 0,12	0,18 +/- 0,19	0,02 +/- 0,01	0,00 +/- 0,00

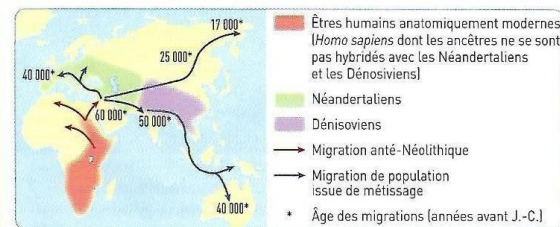
a. Données du génome provenant de 120 populations différentes



Les données issues de ce travail ont permis aux généticiens de déterminer les régions d'habitation des différentes populations et les pourcentages d'allèles à l'état dérivé d'origine dénisovienne chez les *Homo sapiens*. Les populations actuelles qui possèdent la plus grande fréquence d'allèles dénisoviens sont les Océaniens (Papous de Nouvelle Guinée [1,12%]) et aborigènes d'Australie [0,85%]) puis les sherpas tibétains (0,1%).

b. Répartition dans le monde des allèles à l'état dérivé d'origine dénisovienne chez les *Homo sapiens* Source : *Current biology*, 16 (2016)

1 Les travaux de Sankararaman et al. (2016)



Les migrations d'*Homo sapiens* ont été reconstituées à partir de l'étude de restes fossiles et archéologiques. Les aires de répartition des Néandertaliens et des Dénisoviens sont déduites des données fossiles, génétiques, et archéologiques.

Source : planet-vie.ens.fr

2 Les voies de migration de l'espèce *Homo sapiens* depuis l'Afrique

Hachette, Première, spécialité SVT, 2019, docs 1 & 2 p.56.

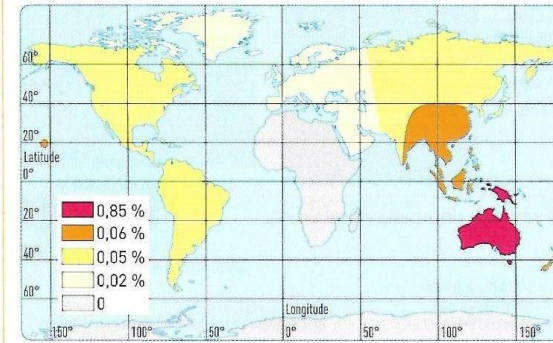
L'histoire humaine décryptée grâce au séquençage de ses gènes

L'équipe de Sankararaman a analysé le génome de 257 individus provenant de 120 populations non africaines. Pour chaque individu, les chromosomes nucléaires ont été étudiés. Le tableau ci-dessous montre la proportion d'allèles à l'état dérivé d'origines néandertalienne et dénisovienne présents actuellement dans les génomes d'*Homo sapiens*. Les

chercheurs ont constaté que le chromosome X est particulièrement pauvre en allèles à l'état dérivé. Ils ont émis l'hypothèse que seules les femmes hybrides, issues d'un accouplement entre un *Homo sapiens* et un Néandertalien ou entre un *Homo sapiens* et un Dénisovien, ont pu avoir une descendance fertile.

Population	Individus	Ascendants Néandertaliens (%)		Ascendants Dénisoviens (%)	
		Chromosomes autosomes	X	Chromosomes autosomes	X
Amérique	29	1,37 +/- 0,11	0,26 +/- 0,18	0,05 +/- 0,01	0,00 +/- 0,00
Asie centrale	27	1,40 +/- 0,12	0,23 +/- 0,18	0,05 +/- 0,01	0,00 +/- 0,00
Asie de l'Est	50	1,39 +/- 0,11	0,32 +/- 0,28	0,06 +/- 0,02	0,00 +/- 0,01
Océanie	26	1,54 +/- 0,12	0,42 +/- 0,36	0,85 +/- 0,43	0,18 +/- 0,17
Asie du Sud	48	1,19 +/- 0,11	0,40 +/- 0,26	0,06 +/- 0,03	0,01 +/- 0,03
Asie de l'Ouest	77	1,06 +/- 0,12	0,18 +/- 0,19	0,02 +/- 0,01	0,00 +/- 0,00

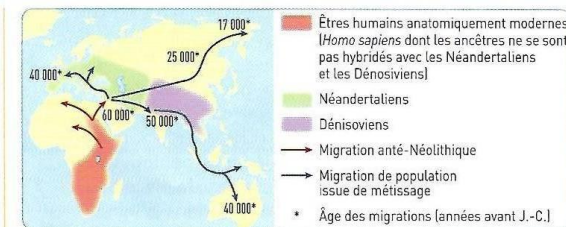
a. Données du génome provenant de 120 populations différentes



Les données issues de ce travail ont permis aux généticiens de déterminer les régions d'habitation des différentes populations et les pourcentages d'allèles à l'état dérivé d'origine dénisovienne chez les *Homo sapiens*. Les populations actuelles qui possèdent la plus grande fréquence d'allèles dénisoviens sont les Océaniens (Papous de Nouvelle Guinée [1,12%]) et aborigènes d'Australie [0,85%]) puis les sherpas tibétains (0,1%).

b. Répartition dans le monde des allèles à l'état dérivé d'origine dénisovienne chez les *Homo sapiens* Source : *Current biology*, 16 (2016)

1 Les travaux de Sankararaman et al. (2016)



Les migrations d'*Homo sapiens* ont été reconstituées à partir de l'étude de restes fossiles et archéologiques. Les aires de répartition des Néandertaliens et des Dénisoviens sont déduites des données fossiles, génétiques, et archéologiques.

Source : planet-vie.ens.fr

2 Les voies de migration de l'espèce *Homo sapiens* depuis l'Afrique

Hachette, Première, spécialité SVT, 2019, docs 1 & 2 p.56.