



THEME 1A - Transmission, variation et expression du patrimoine génétique

TP9 - L'histoire de l'Humanité lue dans son génome

Le site de la grotte de Denisova, situé dans les montagnes de l'Altaï 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. Etant donné leur âge, ces ossements pourraient appartenir à **Homo sapiens** (présent depuis -130 000 ans) ou à **Homo neanderthalensis** (qui a disparu il y a 30 000 ans). Ces fragments montrent trop peu de caractères morphologiques et les scientifiques ont donc demandé une analyse génétique de ces fragments. Le résultat obtenu n'était absolument pas attendu par les chercheurs.

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



Problématique : Comment l'ADN de ces fossiles peut-il permettre de reconstruire l'histoire de l'Humanité ?

Matériel : Manuel Belin p48-53

- PC muni du logiciel ANAGENE et du fichier **ADNmt.edi** + Fiche technique ANAGENE

- logiciel PHYLOGENE et fichiers de molécules (Lignée humaine_ADNmt > **Lignee-humaine.aln**) de la collection Hominines

Aides :

- FT Anagène
- FT Phylogène

Activités et déroulement des activités	Capacités et critères de réussite
<p>➤ <u>ETAPE 1 : Proposez une stratégie expérimentale</u></p> <p>➤ Proposez une stratégie qui permet de d'identifier les relations de parenté entre ces fossiles afin de savoir si <i>H. denisova</i> est plus proche de <i>H. sapiens</i> ou <i>H. neanderthalensis</i> (s'aider du document 1).</p> <p>📞 Appelez le professeur pour vérification</p> <p>➤ <u>ETAPE 2 : Mettez en œuvre le(s) protocole(s) proposé(s)</u></p> <p>➤ Réalisez la manipulation en suivant le protocole proposé afin de construire un arbre phylogénétique de quelques représentants de la lignée humaine.</p> <p>📞 Appelez le professeur pour vérification</p> <p>➤ <u>ETAPE 3 : Présentez vos résultats selon une forme judicieuse</u></p> <p>➤ Votre production doit déterminer quelle est l'espèce la plus proche de <i>H. denisova</i>.</p> <p>➤ <u>ETAPE 4 : Rédigez une conclusion qui réponde au problème posé</u></p> <p>➤ Rédigez une conclusion récapitulant vos observations et répondant au problème posé.</p> <p>En fin de séance, rangez le matériel utilisé et fermez la session informatique.</p>	<p>Concevoir une stratégie Quoi, Comment, Attendu ? <i>Envisager quelles ressources utiliser et avec quel logiciel, quoi comparer.</i></p> <p>Utiliser un logiciel de traitement de données (ANAGENE) <i>Comparer des séquences de même nature, utiliser une comparaison avec discontinuité, utiliser le bouton « info », modifier la référence</i></p> <p>Utiliser un logiciel de traitement de données (PHYLOGENE) <i>Ouvrir la collection Hominines puis choisir Fichier > Ouvrir > Fichiers de molécules (Lignée humaine_ADNmt > Lignee-humaine.aln)</i></p> <p>Communiquer à l'écrit <i>Choisir le mode de représentation des résultats et leur interprétation, donner des valeurs (attention à leur nature : ressemblance ou différence), donner un titre, légèder.</i></p> <p>Rédiger un texte scientifique <i>On a vu que ... Or on sait que ... Donc ...</i> <i>Utiliser le vocabulaire scientifique, donner des arguments, des valeurs, faire les liens entre les observations et les connaissances.</i></p> <p>Gérer et organiser le poste de travail</p>

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

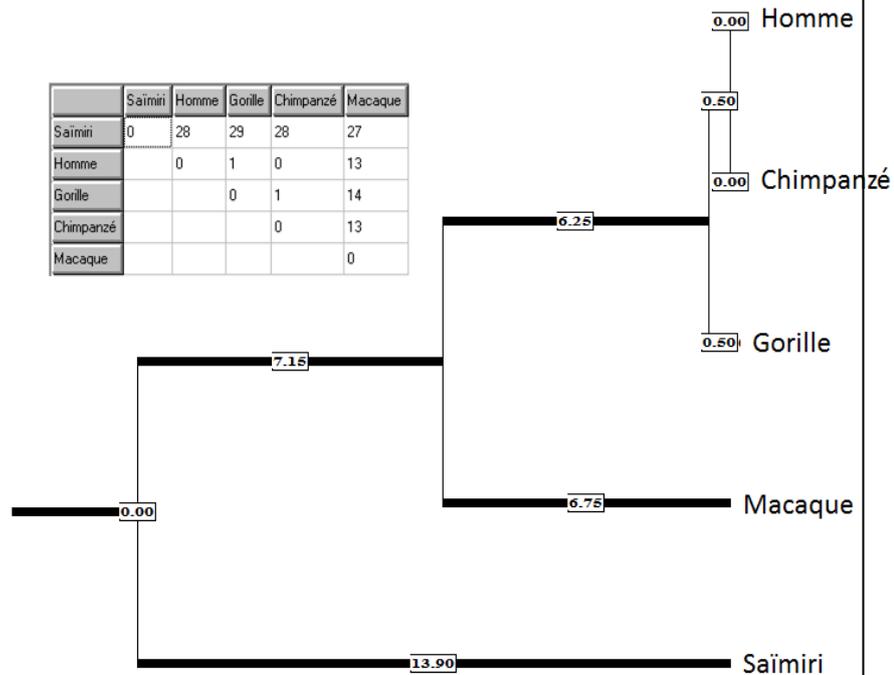
Les arbres phylogénétique peuvent nous renseigner sur le **degré de parenté** grâce à l'étude des **séquences nucléiques (ADN) ou peptidiques (protéines)** de gènes conservés tels que les **globines**, qui forment des familles multigéniques.

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)**.

	Saimiri	Homme	Gorille	Chimpanzé	Macaque
Saimiri	0	28	29	28	27
Homme		0	1	0	13
Gorille			0	1	14
Chimpanzé				0	13
Macaque					0



Document 2 : Les fossiles de la grotte de Denisova (Sibérie)



La **grotte de Denisova** est connue depuis les années 1970 pour ses bijoux et ses productions lithiques proches de l'industrie du Moustérien. De nombreux objets ont été exhumés de la grotte mais aucun ossement n'avait jamais été découvert. En 2010, quelques dents (à droite) et un morceau de phalange auriculaire ont été identifiés. La phalange serait issue d'un enfant. Les dents ont d'abord été prises pour des dents d'ours des cavernes vu leur taille importante. Cet Homme de Denisova serait donc un humain à grandes dents.

Le niveau géologique (sédiments) est daté de -50 000 ans mais la **datation au carbone 14** n'a pas pu confirmer cet âge. Aucun crâne complet n'a pu être trouvé mais un fragment de crâne de 5 cm a été découvert en 2018 (publication à venir).

Document 3 : Des fossiles similaires trouvés au Tibet

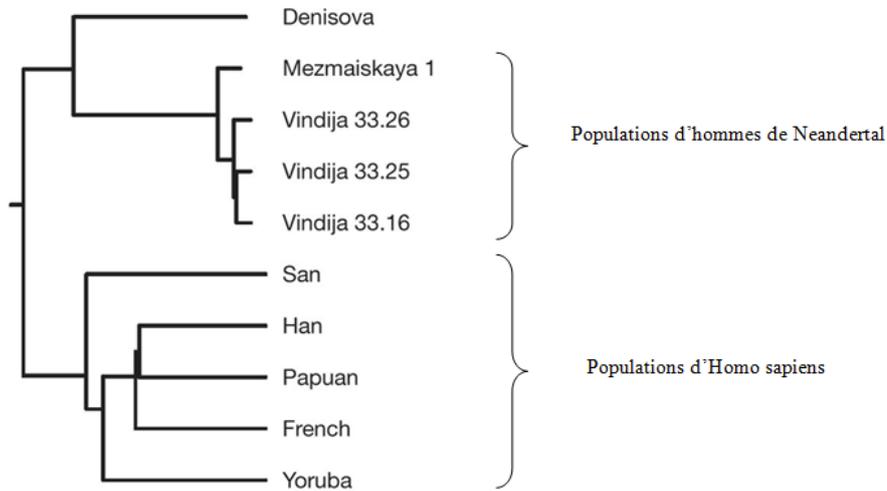
La découverte du fossile de Denisova a permis de relancer l'étude d'un autre fossile. Trouvé dans la **grotte de Baishiya**, un sanctuaire bouddhiste à Xiahe, dans la province chinoise du Gansu. Ce fossile est connu par une mandibule qui a été découverte en 1980 par un moine. D'après ses dents, il s'agissait vraisemblablement d'un **adolescent**.

La mandibule est "**extrêmement robuste**, avec des **dents de très grande taille**". Son propriétaire aurait "le menton fuyant". Cette caractéristique de « grandes dents » a interpellé les chercheurs qui ont alors cherché à savoir s'il s'agit de la même lignée d'hominidé.

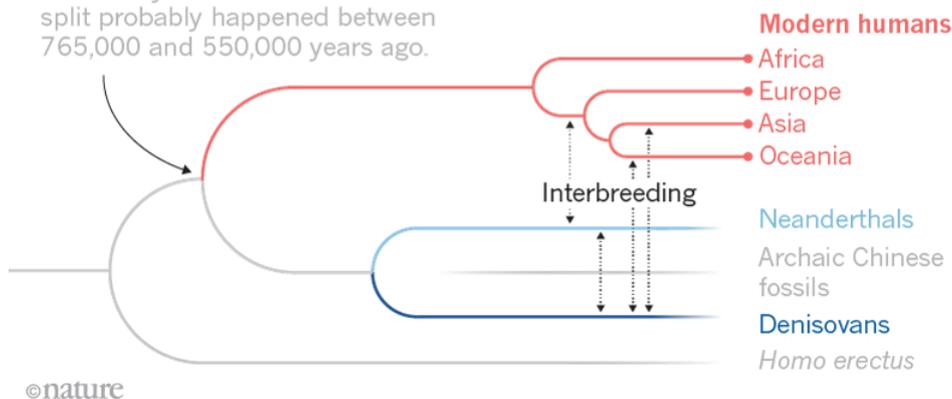
D'autre part, la mandibule est recouverte d'une croûte de carbonate qu'un laboratoire de Taïwan s'est chargé de dater, établissant qu'elle avait au minimum 160.000 ans. Cet âge minimal correspond à celui des plus vieux spécimens de la grotte de Denisova.



Document 4 : Arbres phylogénétiques obtenus à partir de la comparaison de l'ADN nucléaire



DNA analysis indicates that this split probably happened between 765,000 and 550,000 years ago.



©nature

<https://www.nature.com/articles/d41586-019-00672-2>

