

SVT	<b>Thème 1A : Génétique et évolution</b>	TSpéSVT
Ac	<b>Chapitre 3 : L'inéluctable évolution de la structure génétique des populations</b>	ESTHER

## Activité 4 : L'Homme de Denisova, une notion d'espèce difficile à établir

### Introduction sur l'exemple de Denisova

Une équipe décrit pour la première fois les caractéristiques du plus mystérieux cousin des premiers hommes, l'Homme de Denisova. Des travaux qui, s'ils constituent un premier pas, suscitent cependant quelques réserves. Dans la grande famille des hominines (les ancêtres des hommes et leurs proches cousins) l'Homme de Denisova reste le grand inconnu. Un cousin dont on sait l'existence mais dont on ne connaît aucune caractéristique physique, faute d'un registre fossile fourni. De récents travaux ont cependant permis d'avancer considérablement dans notre connaissance de ce groupe qui vivait jusqu'il y a environ 50 000 ans dans différentes régions d'Asie. Une étude, menée par Liran Carmel de l'Université de Jérusalem, publiée dans la revue Cell apporte des éléments inédits sur la morphologie de ce cousin disparu. Plus trapu qu'*Homo sapiens*, l'Homme de Denisova serait plus proche de Neandertal d'un point de vue morphologique.

Découvert en 2010 par Svante Pääbo, paléogénéticien à l'institut Max Planck, à l'intérieur de la grotte de Denisova dans l'Altaï en Sibérie (Russie), on ne connaissait de lui que des morceaux de phalanges et quelques dents que le froid sibérien avait particulièrement bien conservés. C'est l'analyse ADN de ces fragments qui a permis de montrer que ces restes appartenaient, en fait, à une espèce d'*Homo* encore inconnue. En mars 2019, dans la revue Nature, Jean-Jacques Hublin chercheur à l'institut Max Planck, publiait un article montrant qu'une mandibule découverte dans les hauts plateaux tibétains appartenait à un individu du même groupe que ceux mis au jour dans l'Altaï, donnant ainsi un premier indice sur la morphologie de ce mystérieux cousin des premiers hommes.

*Source : <http://acces.ens-lyon.fr/>*

### Etude de documents (exercice de type 2)

L'évolution récente de l'Homme D'après les premières analyses de son génome, l'Homme de Néandertal (*Homo neanderthalensis*) n'a pas contribué au patrimoine génétique de l'Homme moderne (*Homo sapiens*). Les Hommes anatomiquement modernes seraient apparus en Afrique, il y a quelque 200 000 ans, puis auraient progressivement remplacé les formes humaines plus archaïques partout sur la planète. Parmi ces espèces figure l'Homme de Néandertal. Il semble que, suite aux dernières recherches génétiques réalisées sur des restes fossiles, cette conclusion doive être révisée : un métissage entre l'Homme de Néandertal et l'Homme moderne aurait existé.

Consigne – Niveau 1<sup>ère</sup> Spé SVT (issu d'un sujet de la banque E3C1) : Expliquer en quoi l'étude de l'ADN de restes fossiles a permis de montrer qu'il a existé un flux de gènes, donc un métissage entre l'Homme moderne et d'autres espèces du genre *Homo* au cours de l'histoire humaine récente.

Consigne – Niveau Terminale Spé SVT (adapté aux objectifs du programme) : Expliquer en quoi l'étude de l'ADN de restes fossiles a permis de montrer qu'il a existé un flux de gènes entre les différentes populations d'Homininés et en quoi cet exemple illustre la difficile notion d'espèces.

*Vous organiserez votre réponse selon une démarche de votre choix intégrant des données issues des documents et des connaissances complémentaires nécessaires.*

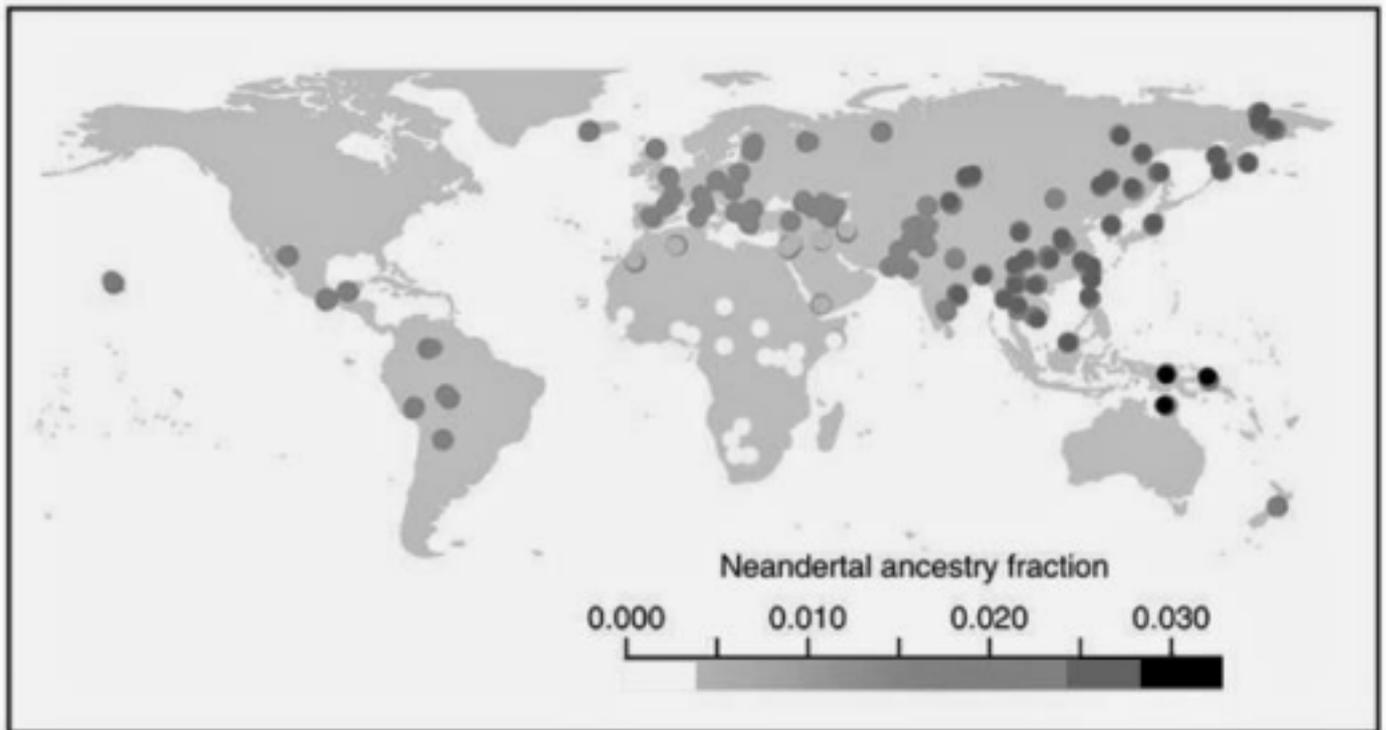
#### **Document 1 - Méthode d'analyse des génomes des populations d'hominidés**

Le génome des Néandertaliens a été comparé au génome du chimpanzé et aux génomes d'Hommes modernes d'Europe, de Papouasie-Nouvelle Guinée, de Chine, d'Afrique... Si l'on considère de courtes portions d'un chromosome de différents individus, un chinois et un africain par exemple, un test statistique permet de déterminer si le même chromosome d'un Néandertalien ressemble plus à l'un ou à l'autre. Si les Néandertaliens sont restés un groupe indépendant, on ne devrait pas trouver plus de ressemblances entre leurs séquences et celles du génome d'un chinois qu'entre leurs séquences et celles du génome d'un Africain par exemple. Plus le pourcentage de ressemblance entre les génomes de 2 populations est important plus cela indique un flux de gènes entre les 2 populations traduisant un métissage d'autant plus récent que le pourcentage est élevé. D'après Perrier, Jean-Jacques. « Néandertal est en nous ».

Pour La Science, 7 mai 2010.

## Document 2 - De l'ADN néandertalien dans le génome d'Homo sapiens actuel

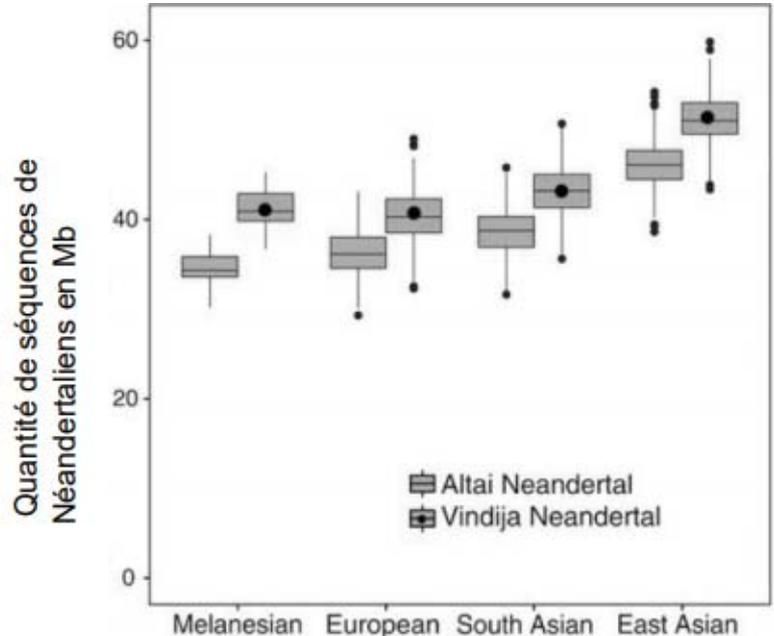
Document 2.A - Pourcentage d'ADN néandertalien retrouvé dans différentes populations d'Homme moderne (0.01 correspond à 1%).



Document 2.B – Quantité de séquences de Néandertaliens en mégabases (mégabase = million de paires de bases) retrouvées chez les Mélanésiens, les Européens, les Asiatiques du Sud et les Asiatiques de l'Est.

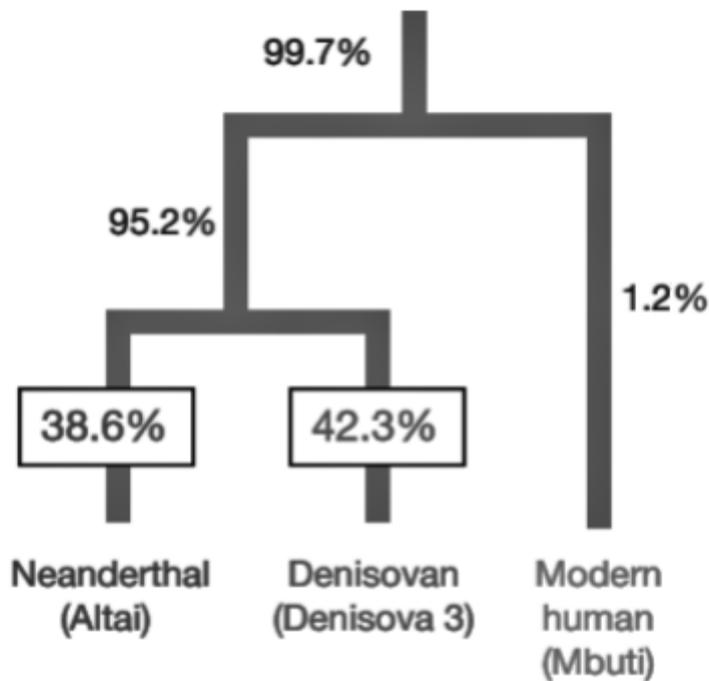
On compare l'ADN de populations actuelles avec l'ADN de plusieurs fossiles de Néandertaliens pour estimer le nombre de mégabases provenant de Néandertaliens : l'ADN d'Hommes modernes actuels est comparé avec l'ADN provenant d'un fossile Néandertalien de la grotte de Denisova dans les montagnes d'Altai en Asie nommé Altai Neandertal et avec l'ADN de 3 fossiles Néandertaliens provenant d'un site nommé Vindija Neandertal en Croatie (Europe).

D'après l'article de Prüfer, Kay. « A high-coverage Neandertal genome from Vindija Cave in Croatia », 5 octobre 2017.



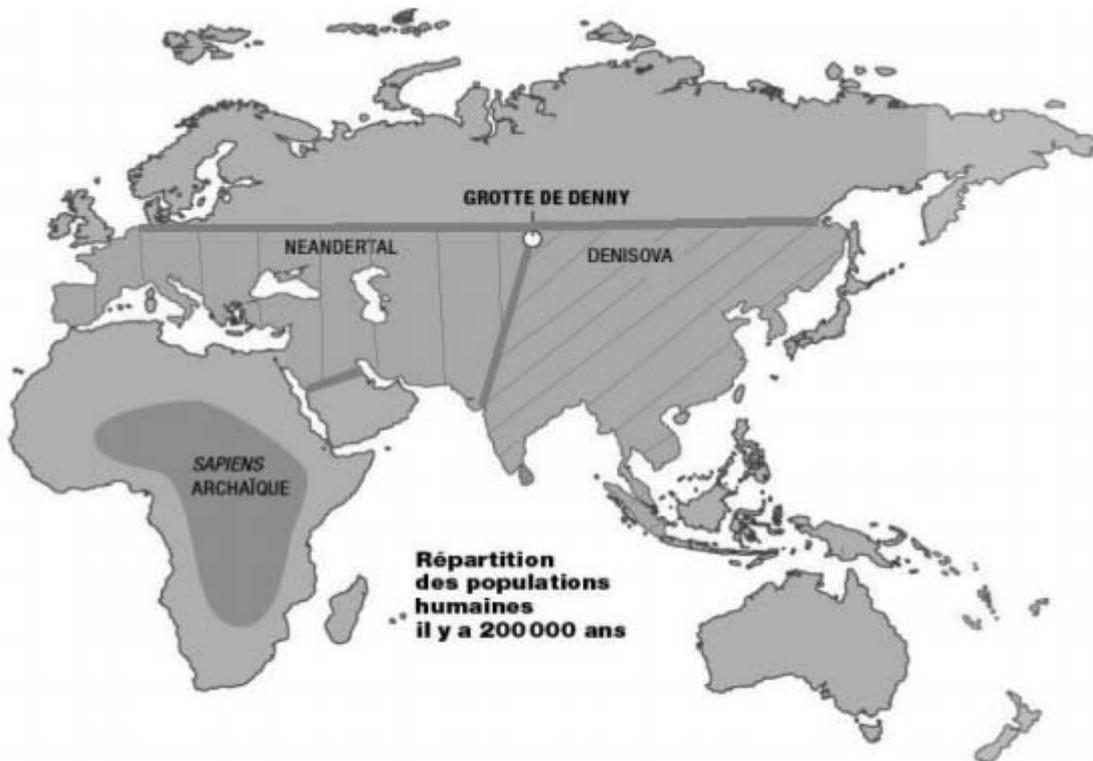
## Document 3 - Une nouvelle espèce d'Homo

Dans l'Altai sibérien, et plus précisément dans la grotte de Denisova, plusieurs fossiles sont trouvés. La séquence complète de l'ADN mitochondrial (contenu dans les mitochondries) d'un de ces fossiles révèle qu'elle diffère trop de l'ADN mitochondrial des Néandertaliens et des Hommes modernes pour qu'on puisse conclure que l'individu séquencé appartenait à l'une de ces espèces. Or le fragment osseux est daté d'une époque où des hommes modernes et des hommes de Néandertal vivaient en Sibérie, il y a un peu plus de 50 000 ans. Les individus appartenant à cette nouvelle espèce du genre Homo sont nommés Hommes de Denisova ou Dénisoviens. Parmi les fossiles de la grotte de Denisova, un fragment d'os découvert en 2012 a permis d'extraire de l'ADN nucléaire d'assez bonne qualité pour permettre un séquençage. Les résultats de ce séquençage permettent d'établir les liens de parenté de ce fossile appelé Denisova 11, avec les Dénisoviens, les Néandertaliens et les Hommes modernes.



Pourcentage de fragments d'ADN de Denisova 11 la reliant à des gènes de Néandertal, de Denisova et d'un humain moderne. (Source : Camille Gévaudan, « L'ado métisse de 90000 ans », aout 2018)

**Document 4 - Aires de répartition de l'Homme de Néandertal, de l'Homme de Denisova (Dénisoviens) et de l'Homme moderne à différentes périodes**



Thomas Cavallé-Fol. « Denny : l'enfant miraculeux de la préhistoire ». Science et Vie, s. d. <https://www.science-et-vie.com/science-et-culture/denny-l-enfant-miraculeux-de-la-prehistoire-44702>

Les études génétiques indiquent que l'Homme moderne aurait quitté l'Afrique entre - 100 000 et - 50 000 ans, et se serait répandu sur tous les continents en remplaçant les espèces humaines antérieures, comme l'Homme de Néandertal ou l'Homme de Denisova. Les plus anciens fossiles d'Homme moderne situés hors d'Afrique sont localisés au Proche-Orient. Les fossiles de Néandertaliens les plus récents datent d'environ - 40 000 ans, ceux du site de Vindija datant de - 40 000 à - 47 000 ans.