

En 2008, des chercheurs avaient exhumé dans la grotte de Denisova (Montagnes de l'Altaï en Sibérie) des traces d'activités et des ossements datés sur une période comprise entre -30000 et - 40000 ans.

Une phalange (notée D3) a été trouvée dans des sédiments datés de 50 000 à 30 000 ans. Durant cette période, on connaît au moins 2 espèces appartenant au genre Homo : **Homo sapiens** et **Homo neanderthalensis**.

A défaut de données anatomiques riches, les chercheurs se sont tournés vers des **informations génétiques**. L'équipe du généticien Svante Pääbo (Institut Max-Planck, Leipzig en Allemagne) a réalisé une **extraction d'ADN à partir de la phalange** puis a séquencé l'**ADN mitochondrial** (c'est une molécule d'ADN circulaire localisée dans la mitochondrie, organe fréquent des cellules).

**On cherche à établir et expliquer les relations de parenté entre différentes populations de la lignée humaine, en s'appuyant sur des données moléculaires provenant en particulier des fossiles de Denisova.**

DOCUMENT DE RÉFÉRENCE

**Phalange de l'individu (D3) trouvée en 2008 :**

On a retrouvé que des fossiles très fragmentaires dans cette grotte (dents, quelques fragments d'os...), aucun squelette complet



**Une brève présentation de l'évolution du genre humain :**

Les premiers humains retrouvés en dehors de l'Afrique appartiennent à l'espèce **Homo erectus** (depuis 1,8 Ma à l'est de la Mer Noire en Géorgie, puis ailleurs en Asie et en Europe). Les Hommes de Néandertal sont plus récents. Ils sont connus par des fossiles retrouvés en Europe et en Asie (le plus ancien est daté de -430 000 ans, le plus récent de -30 000 ans). Leur crâne est caractérisé par un volume très important, un front fuyant, des bourrelets sus-orbitaires saillants et une absence de menton. On estime qu'ils ont cohabité pendant 10 000 ans avec les **Homo sapiens** (apparus il y a environ 200 000 ans et arrivés plus tardivement en Eurasie). Le génome d'Homo sapiens a été entièrement séquencé en 2004. En ce qui concerne **Homo neanderthalensis**, on a d'abord séquencé l'ADN mitochondrial\* (dit ADNmt) puis en 2010, l'ADN nucléaire a été également séquencé.

\*ADN mitochondrial= ADN présent dans les mitochondries, il est transmis par la mère

PROPOSER UNE DEMARCHE EXPERIMENTALE

**ETAPE 1 : Elaborer une stratégie pour répondre à une situation problème**

**Proposer une démarche d'investigation** permettant de **déterminer à quelle espèce** appartient l'échantillon D3. Votre démarche précisera :

- Ce que vous faites
- Comment vous le faites
- Ce que vous attendez comme résultats.



**APPELEZ LE PROFESSEUR POUR VERIFICATION A L'ORAL**

## UTILISER DES TECHNIQUES : LOGICIEL GENIEGEN2 ET PHYLOGENE

### ETAPE 2 : Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables

Afin de déterminer à quelle espèce appartient la phalange et de préciser les liens de parenté entre les 3 espèces humaines citées dans l'introduction :

- **Réaliser** une comparaison 2 à 2 des séquences d'ADN mitochondrial (1) similaires d'**espèces différentes** (sapiens et neanderthalensis) et d'individus de la **même espèce** afin de proposer un pourcentage d'identité nécessaire (ou de différences) pour déterminer l'appartenance de 2 échantillons à la même espèce ;
- **Traiter** judicieusement les séquences d'ADN mitochondrial (2) afin de déterminer l'espèce à l'origine de la phalange ;
- **Reconstituer** les liens de parenté des espèces humaines (sous forme de phénogramme (Geniegen2) et d'arbre phylogénétique (phylogene)) afin de discuter de la place des Denisoviens dans l'histoire de l'humanité.



### Matériel à disposition

logiciel de traitement de séquences (**Geniegen2**) et sa fiche technique ;  
- **pack de séquences** : ADN mitochondrial (boucle D) comparaison sapiens et neandertalensis

- **pack de séquences** : ADN mitochondrial complet ;

- **séquences individuelles** : ADN mitochondrial Denisova (phalange)

logiciel de classification (**phylogène**) et sa fiche technique ;

collection « Hominines », fichier « Lignée humaine\_ADNmt ». Sélectionner « Lignee-humaine\_et\_chimpanzes.aln » ;

### ETAPE 3 : Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème

**Rédiger une conclusion** répondant à la problématique donnée en introduction et concluez sur la place dans la lignée humaine de l'Homme de Denisova. (nouvelle espèce ou individu d'une espèce existante ?)



### Adopter une démarche explicative

- *exploiter l'ensemble des résultats (= je vois) ;*
- *intégrer des notions (issues des ressources et de la mise en situation) (= je sais) ;*
- *construire une réponse au problème posé explicative et cohérente intégrant les résultats (= je conclus).*