

Correction Activité "Le génome de l'Homme de Denisova dévoile ses secrets"

b. Montrer que les résultats apportés par ces deux arbres ont abouti à une conclusion différente de celle envisagée initialement par les chercheurs dont l'objectif initial était de déterminer si l'espèce d'hominidé qui avait séjourné dans la grotte de Denisova était un *Homo neanderthalensis* ou un *Homo sapiens*.

La matrice des distances ci-dessous indique le nombre de différences entre les séquences de l'ADNmt des 8 individus étudiés (la séquence entière contient 16592 nucléotides). On constate une homogénéité des séquences d'une part entre tous les *H.sapiens* (nombre de différences compris en 11 et 30) et d'autre part entre tous les *H.neanderthalensis* (nombre de différences compris entre 9 et 10).

Or, l'Homme de Denisova présente plus de 370 différences avec les 3 *H. neanderthalensis* et plus de 380 différences avec les 3 *H. sapiens*.

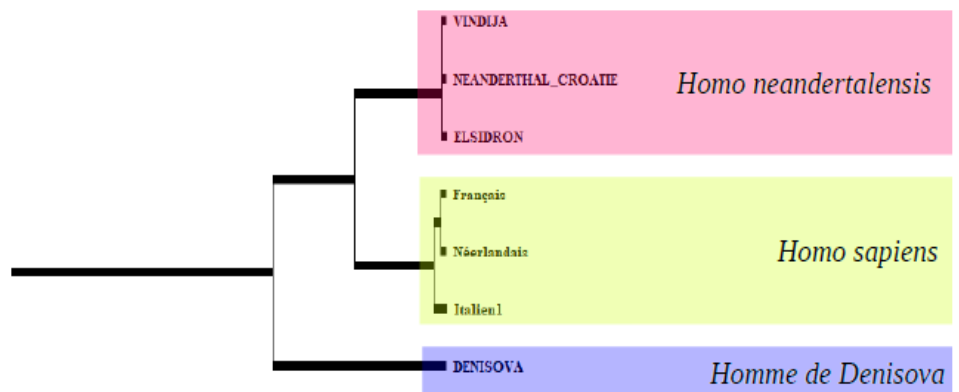
Ce nombre élevé de différences nous montre que l'Homme de Denisova est très différent d'une part des *H. neanderthalensis* et d'autre part des *H. sapiens*. De fait, il ne peut être rattaché à aucune de ces deux espèces (comme l'avait initialement envisagé l'équipe de chercheurs). L'Homme de Denisova est donc le représentant d'une autre espèce.

	Italien1	Français	Néerlandais	VINDIJA	NEANDERTHAL_CROATIE	ELSIDRON	DENISOVA	PAN_PANISCUS
Italien1	0	25	30	206	207	202	390	1.46E3
Français		0	11	196	197	192	384	1.45E3
Néerlandais			0	201	202	197	385	1.46E3
VINDIJA				0	9	10	376	1.43E3
NEANDERTHAL_CROATIE					0	9	377	1.43E3
ELSIDRON						0	374	1.44E3
DENISOVA							0	1.46E3
PAN_PANISCUS								0

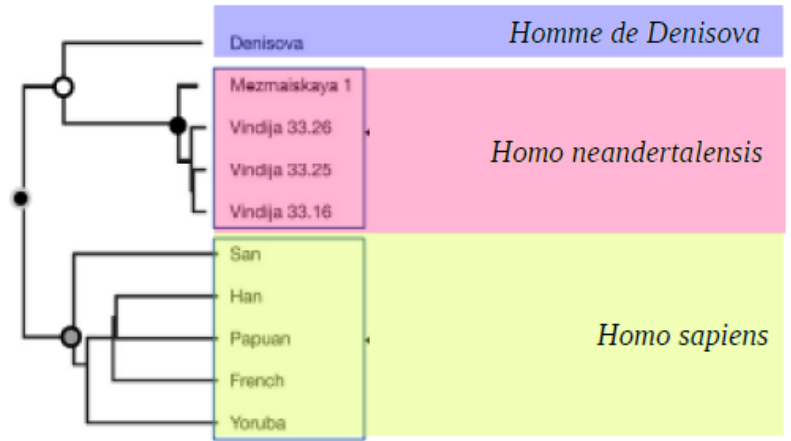
	Italien1	Français	Néerlandais	VINDIJA	NEANDERTHAL_CROATIE	ELSIDRON	DENISOVA	PAN_PANISCUS	
Italien1	0	25	30	206	207	202	390	1.46E3	<i>Homo sapiens</i>
Français		0	11	196	197	192	384	1.45E3	
Néerlandais			0	201	202	197	385	1.46E3	
VINDIJA				0	9	10	376	1.43E3	<i>Homo neanderthalensis</i>
NEANDERTHAL_CROATIE					0	9	377	1.43E3	
ELSIDRON						0	374	1.44E3	
DENISOVA							0	1.46E3	<i>Homme de Denisova</i>
PAN_PANISCUS								0	<i>Bonobo</i>

c. Discuter de la place des Denisoviens dans la lignée humaine.

L'arbre ci-contre, construit avec la matrice des distances précédente basée sur l'ADNmt, montre qu'il existe une parenté plus étroite entre le groupe des Néanderthaliens et des Sapiens qu'entre les Néanderthaliens et Denisova. Cela signifie que la séparation entre les Néanderthaliens et les Sapiens est plus récente que la séparation avec Denisova.



Dans l'arbre fourni, établi avec des séquences d'ADN nucléaire, nous voyons qu'il existe une parenté plus étroite entre le groupe des Néanderthaliens et Denisova qu'entre les Néanderthaliens et les Sapiens. Cela signifie que la séparation entre les Néanderthaliens et Denisova est plus récente que la séparation avec les Sapiens. Donc, nous constatons que selon les molécules prises en compte, les liens de parenté entre les trois groupes sont différents.



2. A l'aide de l'ensemble des documents ci-dessous, expliquer pourquoi les Tibétains ne présentent pas le mal aigu des montagnes, en comparant leur génome avec celui des Hans et des denisoviens.

Tout d'abord, nous apprenons que les Tibétains sont adaptés à la vie en altitude et ne sont donc pas confrontés au mal chronique des montagnes qui est lié à un taux élevé de globules rouges dans le sang.

Le **document 2** nous montre que les Tibétains possèdent une concentration en hémoglobine qui est comprise entre 15 et 16g/100mL pour la majorité des hommes et des femmes. Ces valeurs sont inférieures à celles des Hans, population chinoise installée en haute altitude depuis 1 siècle, chez lesquels la concentration en hémoglobine est de 17 à 19g/100mL pour la majorité des individus. Ainsi, les Tibétains présentent une adaptation de leur teneur en hémoglobine.

Le **document 3** nous indique les proportions des 3 génotypes pour le gène EPAS1 chez ces Tibétains. Nous constatons que le génotype G/G est très largement majoritaire au contraire du génotype C/C qui est beaucoup plus rare alors même qu'il caractérise tous les autres Sapiens. Nous pouvons donc nous interroger sur cette répartition très particulière.

Le traitement des données moléculaires nous permet de constater que l'allèle G est identique à celui porté par l'Homme de Denisova. En revanche, les séquences portées par le Néanderthalien et les autres représentants de la lignée humaine sont différentes.

Ainsi, un même allèle G est présent de manière très majoritaire dans deux populations (Tibétains et Denisoviens) soumises aux mêmes conditions (haute altitude). Cette répartition ne semble donc pas être aléatoire et nous pouvons envisager un exemple de **sélection naturelle**. Selon cette hypothèse, les individus porteurs de cet allèle sont favorisés en conditions de haute altitude (par exemple en produisant moins de globules rouges). Ils se reproduisent donc mieux et la transmission de l'allèle G est favorisée dans leur descendance. Si les populations se sont maintenues plusieurs générations dans ce même environnement, cela a conduit à une augmentation importante de la fréquence de l'allèle G.

La présence de l'allèle G chez les Denisoviens et chez les Tibétains, mais son absence chez les autres Sapiens permet d'éliminer l'idée que l'ancêtre commun des Denisoviens et des Sapiens ait possédé cet allèle car dans ce cas cet allèle aurait une distribution beaucoup plus large parmi les Sapiens. Les chercheurs optent alors pour l'existence de croisements (ou hybridations) entre des Sapiens et des Denisoviens, alors même qu'ils appartiennent à deux espèces différentes.

Ainsi, la présence d'un allèle chez des Homo sapiens ainsi que chez des formes d'hominidés fossiles permet de reconstituer une partie de l'histoire évolutive de la lignée humaine.