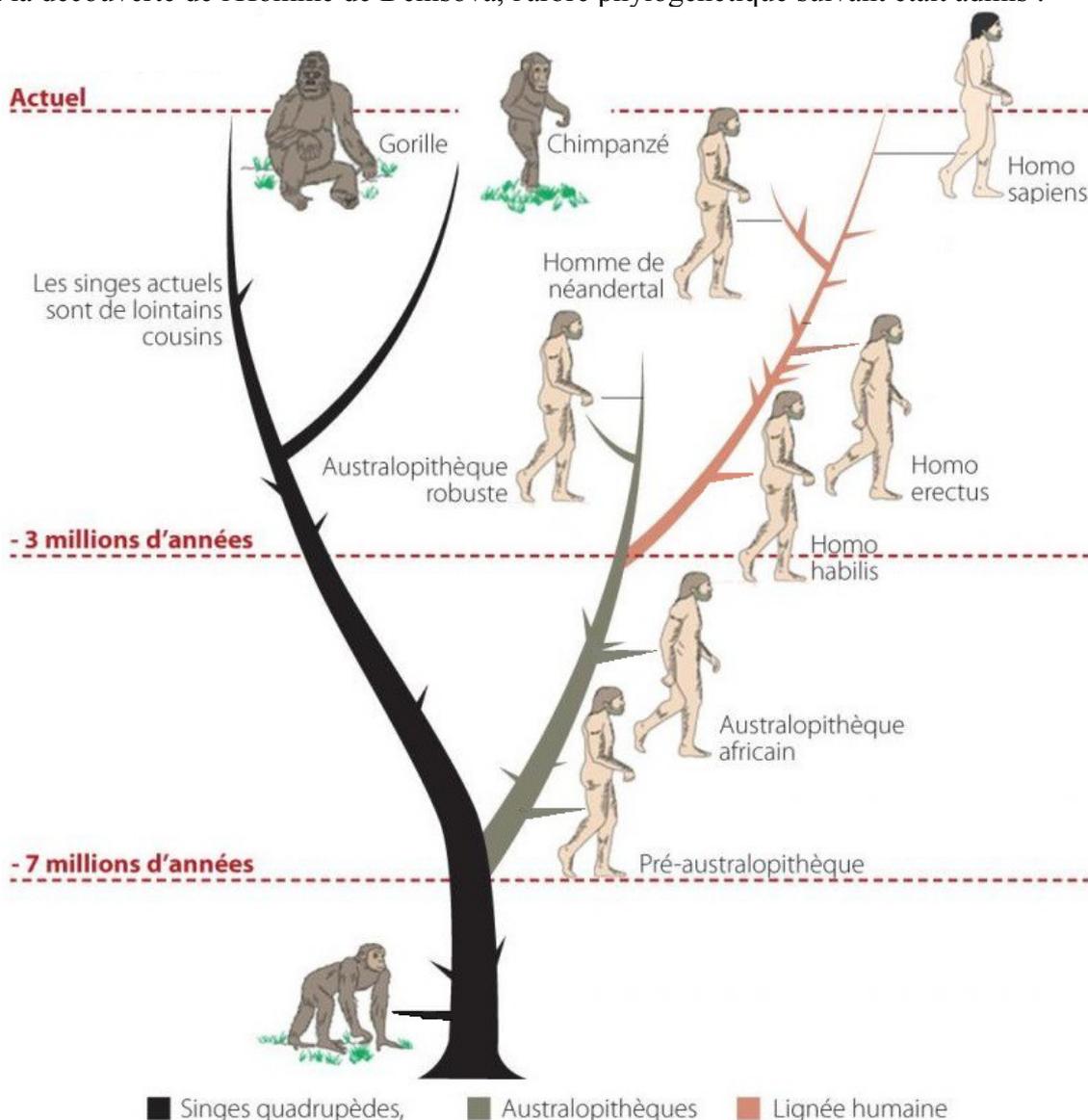


Génomes fossiles et histoire de l'humanité

Jusque dans les années 2010, une simple découverte de fossiles permettait d'identifier d'anciennes espèces aujourd'hui disparues. *Homo erectus*, *Sahelanthropus tchadensis*, *Homo neanderthalensis*, *Paranthropus boisei*, *Australopithecus afarensis*... Toutes ces espèces ont été connues par la découverte de squelettes fossilisés plus ou moins complets... En comparant avec les autres squelettes on pouvait ainsi caractériser une espèce.

Avant la découverte de l'Homme de Dénisova, l'arbre phylogénétique suivant était admis :



Arbre phylogénétique des Hominidés admis avant la découverte de Dénisova

En 2008, des chercheurs avaient exhumé dans la grotte de Denisova (voir document 1 page 54) des traces d'activités et des ossements. Cependant, ces quelques ossements (une phalange, un orteil et deux dents), ne permettaient pas de déterminer l'aspect et le squelette de cet individu.

D'après : <https://www.hominides.com/>

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 ou ADNmt (voir les documents 1 et 2 page 52).

Nous allons exploiter ces données pour retrouver les relations de parenté de l'Homme de dénisova avec les autres Hommes récents (Homme de néandertal et Homo sapiens).

L'Homme de néandertal à vécu approximativement de -450 000 ans à -30 000 ans.

Sa répartition vous est présenté par le document suivant :

