

3) Génomes fossiles et histoire de l'humanité

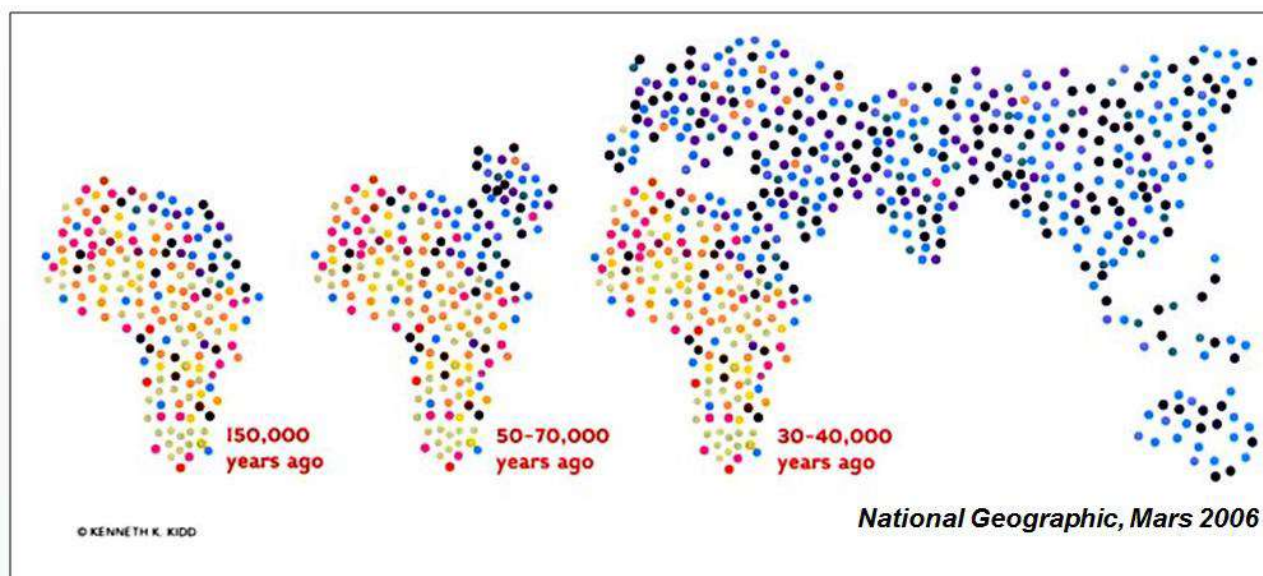
a- Le séquençage de génomes fossiles

Le séquençage permet également de connaître les génomes d'êtres humains disparus, à partir de restes fossiles. On extrait l'ADN contenu dans les fossiles mais on n'obtient souvent que des fragments car l'ADN se dégrade au cours du temps. Ensuite, on les amplifie par PCR et on séquence l'ADN. En les comparant aux génomes actuels, on peut ainsi reconstituer les principales étapes de l'histoire humaine.

b- L'ADN mitochondrial et l'origine de l'espèce humaine

Les mitochondries sont des organites qui contiennent de l'ADN (théorie endosymbiotique). Le génom mitochondrial (ADN mt) subit davantage de mutations et permet d'obtenir des différences sur des individus très proches (cas de la lignée humaine). Par exemple, les différences entre Homo sapiens sont de l'ordre de 0,15% avec l'ADN du noyau (ADN nucléaire) mais de l'ordre de 8 à 10% avec l'ADN mitochondrial. L'analyse génétique est donc plus précise avec l'ADNmt.

D'autre part, l'ADN mitochondrial n'est transmis que par les mères (les spermatozoïdes perdent leurs mitochondries lors de la fécondation). Ceci permet d'identifier la lignée maternelle et de déterminer l'origine des populations humaines.



Chaque point de couleur correspond à une variation d'un marqueur génétique mitochondrial identifié sur les humains actuels. Grâce à ce marqueur, on détecte que la diversité génétique est très forte en Afrique actuellement, ce qui suggère une longue présence en Afrique (nombreuses mutations, phénomène de sélection naturelle...). Ainsi, le berceau de l'Humanité est l'Afrique.

D'autre part, la diversité plus faible sur les autres continents permet d'envisager qu'un petit groupe d'humains (probablement moins de 1000 personnes) aurait migré hors d'Afrique il y a 50 000 ans environ. Avec si peu d'individus, il y a une forte dérive génétique et également un effet fondateur.