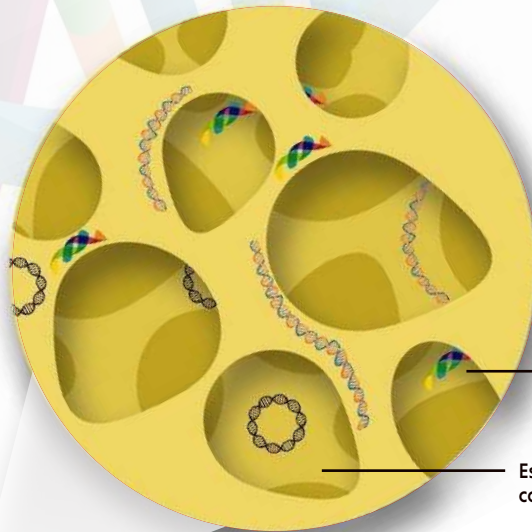


PALÉO- GÉNÉTIQUE MODE D'EMPLOI



ADN

Esquilles d'os
contenant de l'ADN

1

PRÉPARATION D'UN ÉCHANTILLON OSSEUX

Un échantillon est prélevé par réduction en poudre de l'intérieur d'un os, afin d'obtenir un mélange de minuscules esquilles d'os contenant des fragments d'ADN ancien ou moderne (contaminant). La très grande majorité de l'ADN provient de champignons, bactéries et autres microorganismes du sol venus vivre dans le cadavre après la mort ; malgré toutes les précautions prises, des contaminations avec de l'ADN humain moderne, du manipulateur ou de personnes ayant été en contact avec l'os, sont aussi possibles.

6

IDENTIFIER L'ESPÈCE PAR L'ADN

D'autres algorithmes comparent le génome ainsi obtenu à divers génomes de référence afin de mesurer les distances génétiques entre populations. On s'intéresse en particulier au nombre de variations ponctuelles d'un génome à l'autre. En effet, plus ces variations, nommées SNP (pour *single nucleotid polymorphism*), sont nombreuses, plus les chances sont grandes que les individus comparés appartiennent à deux formes humaines distinctes. En général, le nombre de SNP différenciant deux individus d'une même espèce est faible (environ une variation sur 1000 chez *H. sapiens*), mais bien plus grand lorsqu'on compare l'ADN de deux espèces (environ une base sur 100 entre une espèce humaine et le chimpanzé) ou de deux formes humaines (environ une variation sur 250 entre *Homo sapiens* et les Néandertaliens ou Dénisoviens). Le nombre de SNP distinguant Néandertaliens et Dénisoviens est également assez grand pour que l'on distingue ces deux formes. Ces mêmes SNP ont aussi permis de distinguer l'ADN des Dénisoviens du nord (celui du fossile Denisova 1) de celui de Dénisoviens du sud, passé dans les génomes des Papous et des Aborigènes d'Australie.

Génome humain de référence

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A C T C A T C A T T C C A T A G T G A A T G G A C A G T C

Séquences obtenues du génome ancien

T C C A A A G C A T

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A C T C A T C A T T C C A T A G T G A A T G G A C A G T C

A T T A C C A A T A A C T C A T C A T T C C A T A G T G A A T G G A C A G T A

T signalant
la désamination
de la cytosine

Variation ponctuelle
entre génome ancien et
génome de référence

Erreur
de séquençage
manifeste

T G A A T G G A C A G T C

G A A T G G A C A G T C

T C C A A A G C A T C A C C A C C A A T A A C T C A T C A T T C C C T A G T G A A T G G A C A G T C

5

RECONSTITUTION DE L'ADN

Les algorithmes de puissants ordinateurs comparent les séquences obtenues à un ou plusieurs génomes de référence (par exemple le génome de sapiens) afin de reconstituer numériquement le génome ancien. Ils s'appuient sur le fait que ces génomes présentent de grandes similarités. Peu à peu, les fragments de séquences s'assemblent comme un long puzzle linéaire où le nombre de redondances est un gage de fiabilité. Afin de ne pas confondre les séquences correspondant à de l'ADN ancien avec d'éventuels contaminants modernes, les algorithmes traquent aussi les endroits des séquences analysées où ils lisent T au lieu de C par rapport au génome de référence. Ces T sont des indices qu'il s'agit bien de séquences anciennes. Pourquoi ? Parce que lorsque l'ADN vieillit, les cytosines de l'extrémité des fragments ont tendance à se muer en une autre base, l'uracile U, mais l'amplificateur transforme systématiquement ces U en T. Ce sont ces T de remplacement qui prouvent que l'ADN est ancien.