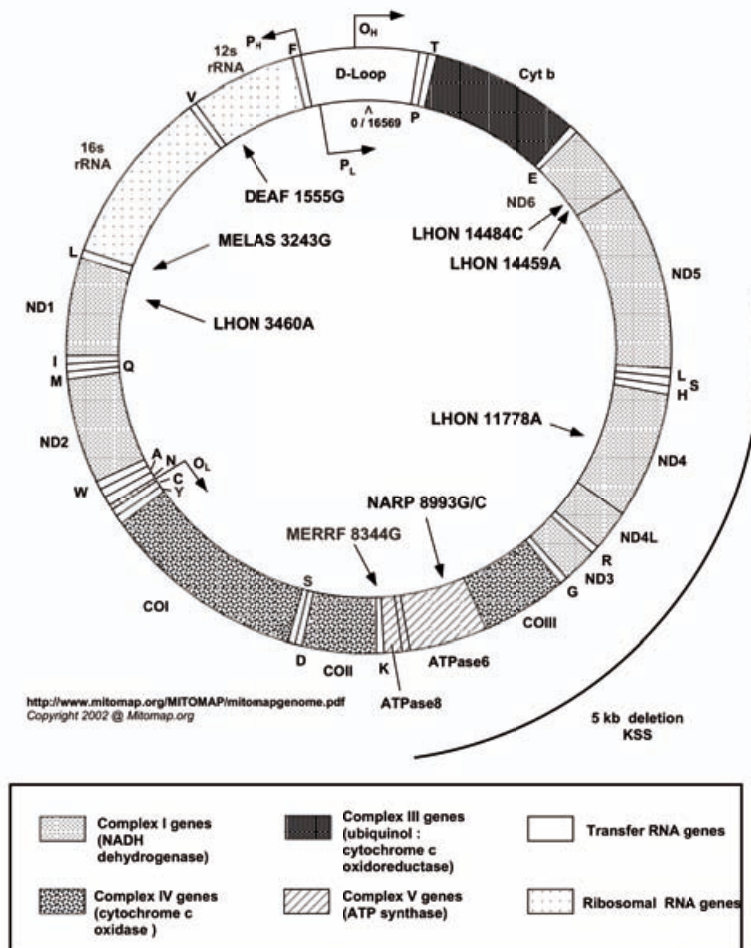


Encadré 1



Carte du génome mitochondrial, tirée du site **MITOMAP**, un site qui centralise une foule d'informations sur l'ADNmt humain et sa variabilité dans les populations actuelles (www.mitomap.org/MITOMAP).

La région « D-Loop » de la molécule contient une courte séquence, de quelques 400 paires de bases, très polymorphe (très variable entre individus), car elle mute encore plus vite que le reste de la molécule. Cette séquence non codante, nommée **HVS1** (pour *Hyper-Variable Segment 1*) est probablement le segment d'ADN le plus étudié dans l'espèce humaine : HVS1 a été en effet séquencé dans des dizaines de milliers d'échantillons d'ADN !

La combinaison de nucléotides observés uniquement sur HVS1 permet parfois de classer la molécule dans l'une ou l'autre des branches de la **phylogénie moléculaire** de l'ADNmt (voir **encadré 2**), mais souvent c'est insuffisant, et l'information concernant d'autres positions sur la molécule est alors nécessaire.

On trouve, sur MITOMAP (www.mitomap.org/bin/view.pl/MITOMAP/HaplogroupMarkers), des estimations des fréquences de ces branches (appelées « haplotypes » ou « haplogroupes » dans le jargon spécialisé) dans diverses régions du monde, ainsi que les nucléotides sur HVS1 permettant d'identifier ces branches (« HVS1 motif »).

Encadré 2

La phylogénie moléculaire est une technique de classification de séquences d'ADN (ou d'ARN ou de protéines) pour en reconstituer ainsi l'évolution à partir d'une séquence ancestrale commune. Cela revient donc à reconstituer les relations de parenté entre molécules.

On pourra lire **Lopez et al. 2002** pour une introduction en français (mais assez difficile) à ce domaine de la biologie évolutive.

On pourra aussi consulter le « mtDNA tree Build » sur **Phylotree.org** (www.phylotree.org/), un site dédié à la mise à jour de la **phylogénie moléculaire** de l'ADNmt humain à mesure que des nouvelles séquences sont publiées.

Et pour en savoir plus sur la variabilité de l'ADNmt humain, on pourra lire la revue de **Pakendorf & Stoneking 2005**, ou l'article de recherche de **Balloux et al. 2009**.

Encadré 3

A cause de la recombinaison, qui brasse, à chaque génération, le matériel génétique d'origine paternelle et maternelle, chaque segment du génome a sa propre généalogie, et par là même sa propre phylogénie, indépendante de celles d'autres segments.

Ainsi, pour certains gènes humains, l'ancêtre commun serait plus vieux qu'un million d'années, soit bien plus vieux que les plus anciens fossiles de notre espèce. On pourra lire **Excoffier 1997** pour en savoir un peu plus à propos des multiples généalogies de nos gènes...

Encadré 4

Les entreprises qui proposent de retracer vos ancêtres à partir de votre ADN fleurissent sur le web, en ciblant une clientèle non-avertie, qui ne peut pas connaître les limites d'une telle démarche.

A lire pour en savoir plus : **Langaney 2009** et **Weiss & Long 2009**. On pourra aussi lire, à propos d'une de ces entreprises, celle du projet « Genography », l'analyse de **Darlu 2008**.

REFERENCES

Anderson et al. 1981 : *Sequence and organization of the human mitochondrial genome*. Anderson S, Bankier AT, Barrell BG, de Bruijn MH, Coulson AR, Drouin J, Eperon IC, Nierlich DP, Roe BA, Sanger F, Schreier PH, Smith AJ, Staden R, Young IG (1981). Nature 290(5806):457-65. www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/7219534?dopt=Citation.

Andrews et al. 1999 : *Reanalysis and revision of the Cambridge reference sequence for human mitochondrial DNA*. Andrews RM, Kubacka I, Chinnery PF, Lightowlers RN, Turnbull DM, Howell N (1999). Nature Genetics 23(2):147.

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10508508?dopt=Citation.

PubMed : base de données et moteur de recherche des publications de recherches scientifiques dans les domaines des sciences de la vie (biologie et médecine,

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/).

Ingman et al. 2000 : *Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans*.

Ingman M, Kaessmann H, Pääbo S, Gyllensten U. (2000). Nature 408(6813):708-13.

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11130070.

Hedges 2000 : *Human evolution. A start for population genomics*. Hedges SB (2000). Nature

408(6813):652-3. www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/11130051.

Lopez et al. 2002 : *Phylogénie et évolution moléculaires*. Lopez P, Casane D, Philippe H

(2002). Médecine/Sciences 18: 767. www.erudit.org/revue/MS/2002/v18/n11/000472ar.pdf.

Pakendorf & Stoneking 2005 : *Mitochondrial DNA and human evolution*. Pakendorf B,

Stoneking M (2005). Annual Review of Genomics and Human Genetics 6:165-83.

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16124858.

Balloux et al. 2009 : *Climate shaped the worldwide distribution of human mitochondrial DNA*

sequence variation. Balloux F, Handley LJ, Jombart T, Liu H, Manica A (2009). Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 276(1672):3447-55.

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed?term=balloux%20%2B%20jombart%20%2B%20liu%20%2B%20Manica.

Sanchez-Mazas 2001 : *Les origines de l'homme, au cœur de ses gènes*. Sanchez-Mazas A

(2001). Pour la science 289:84-91. www.refdoc.fr/Detailnotice?idarticle=10729550.

Crubézy 2003 : *Homo sapiens prend de l'âge*. Crubézy E, Braga J (2003). La recherche

368:30-35. www.larecherche.fr/content/recherche/article?id=4497.

Excoffier 1997 : *Ce que nous dit la généalogie des gènes*. Excoffier L (1997). La Recherche

302: 82-89. cat.inist.fr/?aModele=afficheN&cpsidt=2847891.

Langaney 2009 : *Human population genetics and « ancestry » business*. Langaney A

(2009). International Journal of Modern Anthropology 2 : 53-55.

www.ajol.info/index.php/ijma/article/viewFile/60351/48588.

Weiss & Long 2009. *Non-Darwinian estimation: my ancestors, my genes' ancestors*. Weiss

KM, Long JC (2009). Genome Research 19(5):703-10.

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed?term=Weiss%20k%20%2B%20Long%20j%20%2B%202009.

Darlu 2008 : *Comment « National Geographic » vend le rêve des origines*. Darlu P (2008).

Le Monde diplomatique, Juin 2008 :20-21. [www.monde-](http://www.monde-diplomatique.fr/2008/06/DARLU/15979)

diplomatique.fr/2008/06/DARLU/15979.