

Objectif : les génomes, les traces qu'ils contiennent et les informations qu'ils apportent - extraire et organiser des informations.

Observation : à faire [1spe-remo-T1-chap04](#).

Problème : comment et quelles informations tire-t-on de l'ADN humain ?

Matériel : livre p. 84, Génigen, 1spe-TP-T1A-chap04 1 D-loop.edi.

Compétences	Activités expérimentales	Capacités
<p>Raisonnement, argumenter, conclure en exerçant des démarches scientifiques et un sens critique</p> <p>Mettre en œuvre un protocole dans le respect des consignes de sécurité et dans le respect de l'environnement</p> <p>Rechercher, extraire et exploiter l'information utile</p> <p>Rechercher, extraire et exploiter l'information utile</p> <p>Raisonnement, argumenter, conclure en exerçant des démarches scientifiques et un sens critique</p>	<p>1 - Le séquençage du génome Rechercher ce qu'est "le projet génome humain". Expliquer comment Sanger a réalisé le premier séquençage de l'ADN p. 84. Les banques de données p. 2.</p> <p>2 - Le génome et l'histoire de l'humanité, les néandertaliens p. 86 Comparer les séquences d'ADN de l'homme moderne et du néandertalien p. 3. Expliquer comment la population actuelle possède des allèles néandertaliens et leur évolution.</p> <p>3 - Le génome et la sélection naturelle - La tolérance au lactose p. 88 Expliquer le fonctionnement des gènes pour la production de la lactase. Identifier l'allèle ancestral p. 4. - Les gènes de l'immunité p. 90 Réaliser une carte mentale intitulée un exemple de sélection la peste.</p> <p>Bilan Expliquer l'intérêt et les risques des applications du séquençage.</p>	<p>- Rechercher et exploiter des documents montrant comment a été déterminée la première séquence du génome humain.</p> <p>- Explorer quelques stratégies et outils informatiques de comparaisons de séquences entre génomes individuels.</p> <p>- Calculer le nombre de générations humaines successives en mille, dix mille et cent mille ans et en déduire le nombre théorique d'ancêtres de chacun d'entre nous à ces dates. Conclure.</p> <p>- Rechercher et exploiter des documents sur les génomes de néandertaliens et/ou de denisoviens.</p> <p>- Rechercher et exploiter des documents montrant l'existence d'allèles néandertaliens dans les génomes humains actuels.</p>

Rédaction d'un compte-rendu sur feuille double faisant apparaître la démarche expérimentale.

1spé-T1A-Chapitre 04-TP 10 L'histoire humaine lue dans son génome : Génomes humains et histoire évolutive

1 - Le séquençage du génome

Les banques de données actuelles.

Faire une recherche sur le gène de la lactase : LCT

[Genome data viewer](#)

[National center for biotechnology information](#)



5 : allèles

Donner :

- la position du gène (chromosome)
- le nombre de nucléotides du gène
- Le nombre d'exons
- Quel est le gène situé avant LCT (les flèches indiquent le sens de lecture)

2 - Le génome et l'histoire de l'humanité, les néandertaliens p. 86

Matériel disponible et protocole d'utilisation du matériel

Ressource complémentaire : ADN mitochondriaux d'Homo sapiens et Homo neanderthalensis : fichier **D-loop.edi**

Une fois l'ADN mitochondrial extrait des fossiles (ou directement d'hommes modernes), il faut choisir une séquence nucléotidique pour comparer ces ADN. On a choisi de courtes régions hypervariables connues pour leur fréquence de mutation élevée. Cela permet de suivre une histoire évolutive concentrée sur une période de temps relativement courte (quelques centaines de milliers d'années seulement).

Matériel :

- Geniegen2
- FT L06bis

Afin de déterminer l'histoire de l'humanité, comparer avec le logiciel GenieGen

- les séquences D1 des H. neanderthalensis puis les séquences D1 des H. sapiens.
- une séquence D1 des H. neanderthalensis avec une séquence D1 des H. sapiens.
- même type de comparaison avec D2.

Présenter les résultats sous forme de tableau.

Appeler l'examineur pour vérifier les résultats

Séquence d'ADN	Espèce	Région de la boucle D	Datation (en années)	Remarques
hn-D1-1997	<i>H. neanderthalensis</i>	hypervariable 1	29 000	spécimen de vallée de Néander en Allemagne 1856
hn-D1-2000	<i>H. neanderthalensis</i>	hypervariable 1	28-29 000	spécimen de la grotte de Vindija en Croatie
hs-D1-2003-12	<i>H. sapiens</i>	hypervariable 1	24-25 000	Cro-Magnon de la grotte de Paglicci en Italie
hs-D1-2003-25	<i>H. sapiens</i>	hypervariable 1	23 000	Cro-Magnon de la grotte de Paglicci en Italie
hs-D1-sujetAS	<i>H. sapiens</i>	hypervariable 1	<i>actuel</i>	prélèvement sur un individu européen
hs-mitochondrie-D1	<i>H. sapiens</i>	hypervariable 1	<i>actuel</i>	extrait de la séquence complète du génome mitochondrial
hn-D2-1999	<i>H. neanderthalensis</i>	hypervariable 2	29 000	spécimen de vallée de Néander en Allemagne, trouvé en 1856
hn-D2-2000	<i>H. neanderthalensis</i>	hypervariable 2	28-29 000	spécimen de la grotte de Vindija en Croatie
hs-mitochondrie-D2	<i>H. sapiens</i>	hypervariable 2	<i>actuel</i>	extrait de la séquence complète du génome mitochondrial

En complément si besoin : <https://planet-vie.ens.fr/article/1802/adn-mitochondrial-homo-sapiens-homo-neanderthalensis>

3 - Le génome et la sélection naturelle
- La tolérance au lactose p. 88

Identifier le fonctionnement

Dans génigen2, ouvrir la banque de séquence et rechercher « lactase » ouvrir et comparer :

- Famille-LP-LNP (individus tolérant ou pas), gène LCT
- Reg-Famille-LCT gène MCM6

Identifier l'allèle ancestral.

On a identifié dans l'ADN néandertalien la séquence suivante :

TGCGCTGGTAATACAGATAAGATAATGTAGCCCCTGGCCTCAAAGGAACTCTCCTCCTTA

Rechercher avec l'outil [BLAST](#) (voir fiche technique page 95) une séquence correspondante dans l'ADN actuel.

Choisir un individu puis graphics

[Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#)

Homo sapiens isolate MOZ_VBP-0018 MCM6 gene, intron

Sequence ID: [KU661853.1](#) Length: **579** Number of Matches: **1**

Range 1: 144 to 203 [GenBank](#) [Graphics](#)

[Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
106 bits(57)	7e-20	59/60(98%)	0/60(0%)	Plus/Plus
Query 1	TGCGCTGGTAATACAGATAAGATAATGTAGCCCCTGGCCTCAAAGGAACTCTCCTCCTTA	60		
Sbjct 144	TGCGCTGGCAATACAGATAAGATAATGTAGCCCCTGGCCTCAAAGGAACTCTCCTCCTTA	203		

Expliquer comment la fréquence de l'allèle muté a pu augmenter au cours des générations.