|  |  |
| --- | --- |
| **Thème 1 : La Terre, la vie et l’organisation du vivant.**  **• Transmission, variation et expression du patrimoine génétique.**  **Atelier 2 : L’histoire humaine lue dans son génome.** | **Acquis :**  - Le génome = ensemble de l’information portée par l’ADN dans chaque cellule d’un organisme.  - Organisation de la molécule d'ADN.  - Les divisions cellulaires et reproduction conforme de l’ADN.  - La réplication de l’ADN.  - Le rôle des mutations dans la variation génétique.  **Types d'évaluations diagnostiques imaginables:**  - repérer une mutation dans une séquence donnée (position, type de mutation, bases concernées)  - reconstituer un arbre phylogénétique à partir d’un tableau de caractères (actuels et fossiles). |
| **Idées essentielles :**  - Les génomes portent en eux-mêmes les traces de l’histoire des êtres humains.  - Ces traces s’altèrent avec le temps mais permettent néanmoins de remonter à un grand nombre de générations.  - La diversité des génomes permet de reconstituer des relations de parentés.  **Limites (en plus de celles définies par le programme) :**  - Les divers composants d’un génome (gènes, pseudo gènes, éléments mobiles, séquences répétées, etc.) ne sont pas exigibles. |
| **Capacités mobilisées :**  Séance 1 – paragraphe 4a + 4b  - Explorer quelques stratégies et outils informatiques de comparaisons de séquences entre génomes individuels.  - Rechercher et exploiter des documents montrant comment a été déterminée la première séquence du génome humain.  - Rechercher et exploiter des documents montrant l’existence d’allèles néandertaliens dans les génomes humains actuels.  - 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.  - Rechercher et exploiter des documents sur les génomes de néandertaliens et/ou de dénisoviens.  Séance 2 – paragraphe 4c  - Rechercher et exploiter des documents montrant l’influence de la sélection naturelle sur génome humain actuel. |
| **Situations déclenchantes possibles :**  Photo comparative espèce humaine actuelle et fossile.  (observation de ressemblance anatomique donc notion d’ancêtre commun)  Autre argument montrant cette relation de parenté : comparaison séquence ADN  **Ébauche de progression avec les problématiques, la démarche et le découpage temporel :**  Cours : 3h  TP : 2h – un seul TP  ---------------------------------------------------------------------------------------------  Problématique :  - Comment l’étude des génomes des êtres humains actuels peut-elle nous renseigner sur l’histoire de nos ancêtres ?  - Quelles techniques permettent de montrer que les génomes portent en eux-mêmes les traces de l’histoire des êtres humains ?  - Quelles sont les causes qui expliquent les variations des génomes humains ?  ---------------------------------------------------------------------------------------------  Séance 1 (2 heures). – Source SVT NATHAN.  **Thème 1 : La Terre, la vie et l’organisation du vivant.**  **Chapitre 1 : Transmission, variation et expression du patrimoine génétique.**  **4) L’histoire humaine lue dans son génome.**  **4a) Séquençage et comparaison des génomes.**  🞸 La méthode : Doc 1a NATHAN  La méthode Sanger a permis de séquencer la totalité du génome humain : il comprend 3 milliards de pb.  🞸 La comparaison: Doc 2 NATHAN –Anagene  **BILAN : La diversité allélique entre les génomes humains individuels permet de les identifier et, par comparaison, de reconstituer leurs relations de parentés.**  **4b) Génomes fossiles et histoire de l’humanité.**  Doc 3c et 3d NATHAN.  Les populations européennes et asiatiques actuelles possèdent dans leur génome jusqu’à 3 % d’ADN néanderthalien.  Les populations africaines en ont très peu  Doc 3f et 3g NATHAN.  L’étude du génome des humains actuels montre la présence d’allèles néandertaliens dont certains sont impliqués dans l’adaptation à l’environnement (couleur de la peau, rythme du sommeil).  Il y a donc eu croisement entre les néandertaliens et les hommes modernes.  **BILAN :Grâce aux techniques modernes, on peut connaître les génomes d’êtres humains disparus à partir de restes fossiles. En les comparant aux génomes actuels, on peut ainsi reconstituer les principales étapes de l’histoire humaine récente.**  --------------------------------------------------------------------------------------------------- Séance 2 (1 heure). – Source SVT NATHAN.  **4c) Sélection actuelle et passé.**  🞸 La sélection actuelle : tolérance au lactose - Doc 1 et 2 NATHAN  Les populations ancestrales étaient intolérantes au lactose.  L’apparition de l’élevage coïncide avec la mutation d’un gène responsable de la synthèse de l’enzyme - lactase – liée à la tolérance au lactose.  Doc 3 NATHAN  Par sélection naturelle, la fréquence de ce gène muté a augmenté dans les populations humaines depuis la pratique de l’élevage.  🞸 La sélection passé : résistance à la peste - Doc NATHAN  Sous forme d’un exercice (à la maison ?)  **BILAN : Certaines variations génétiques résultent d’une sélection actuelle (tolérance au lactose, résistance à la haute altitude) ou passée (résistance à la peste).** | **Activités envisageables (TP, exercices, sortie pédagogique) :**  **(Exemples contextualisés localement si possible)**  •TP1 : Comparaison de séquences d’ADN – Anagene / GeniGen (séquences nucléotidiques mitochondriales néanderthale, dénisovien, sapiens ==> http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/evolution/enseignement-de-levolution/analyses/adn-mitochondrial)  •Exercice (à la maison ?) : La sélection passé : résistance à la peste.  • Exercice (à la maison ?) : Calcul du nombre théorique d’ancêtres d’un être humain / Comparaison avec un effectif ayant migré. |