|  |  |
| --- | --- |
| **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 : 3hTP : 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 NATHANLa 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 peuDoc 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 NATHANLes 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 NATHANPar 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. |