

Thème 1A - CH5: L'HISTOIRE HUMAINE LUE DANS SON GÉNOME

La diversité génétique est due aux mutations accumulées de génération en génération. En étudiant des génomes actuels ou d'individus fossiles, on peut reconstituer les principales étapes de l'histoire humaine.

Comment peut-on reconstituer l'histoire humaine à partir de l'étude de son génome?

I- CONNAÎTRE LE GÉNOME HUMAIN ET RECONSTITUER DES LIENS DE PARENTÉ:

1- Le séquençage du génome humain:

Le **séquençage** permet de connaître l'**enchaînement des nucléotides de l'ADN** contenu dans les cellules d'un individu.

Le génome des humains modernes (**Homo sapiens**) a été complètement séquencé en 2004. Environ **20 000 gènes** ont été identifiés. Ils n'occupent que 1,5 % de la totalité du génome. La fonction de la plus grande partie du génome humain est aujourd'hui inconnue.

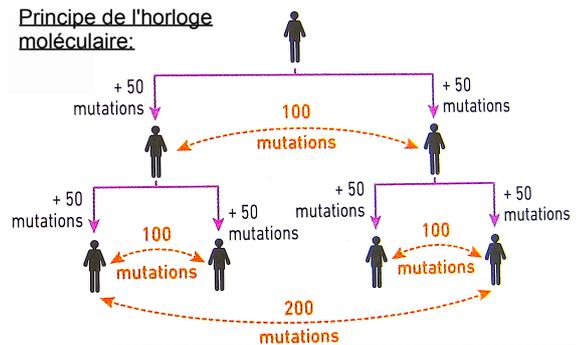
Le séquençage complet de génomes fournit l'identité génétique d'un individu en détectant l'ensemble des **mutations** qu'il possède. La comparaison de génomes a révélé que **les humains sont très peu diversifiés génétiquement**: deux humains ont une **différence génétique de 0,1 %** seulement.

2- Mutations et reconstitution des liens de parenté:

Si deux individus possèdent des **mutations en commun**, l'explication la plus probable est que ces mutations sont **héritées d'un ancêtre commun qui en était porteur**.

Le dénombrement des mutations peut servir d'**horloge moléculaire** pour dater la séparation de différentes lignées humaines. En effet, on admet que **le nombre de différences accumulées par mutations dans le génome de deux individus est proportionnel au nombre de générations et au temps qui les séparent de leur dernier ancêtre commun**. (Dans l'espèce humaine on estime à 50 le nombre de mutations accumulées par génération).

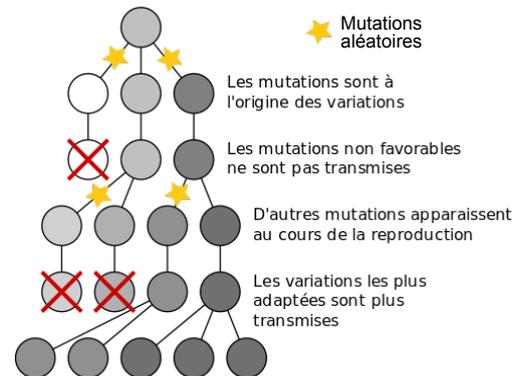
Principe de l'horloge moléculaire:



II- LA DIVERSITÉ HUMAINE LUE DANS LES GÉNOMES: Voir Ex P88-89

Certains **allèles** sont **plus fréquents** dans certaines populations car ils ont apporté un **avantage sélectif** à un moment donné de leur histoire. En effet, les **mutations** se produisent de façon **aléatoire**. Si une mutation apporte un **avantage** à ceux qui la détiennent, ils auront **plus de chance de survivre et d'avoir une descendance**. Ainsi, la **fréquence de cette mutation augmente de génération en génération**. C'est le processus de **sélection naturelle**.

Ex: La persistance de la capacité à digérer le lait à l'âge adulte est un exemple de sélection d'un allèle qui code pour la lactase: cette enzyme permet de digérer le lait qui est une source de vitamine D.



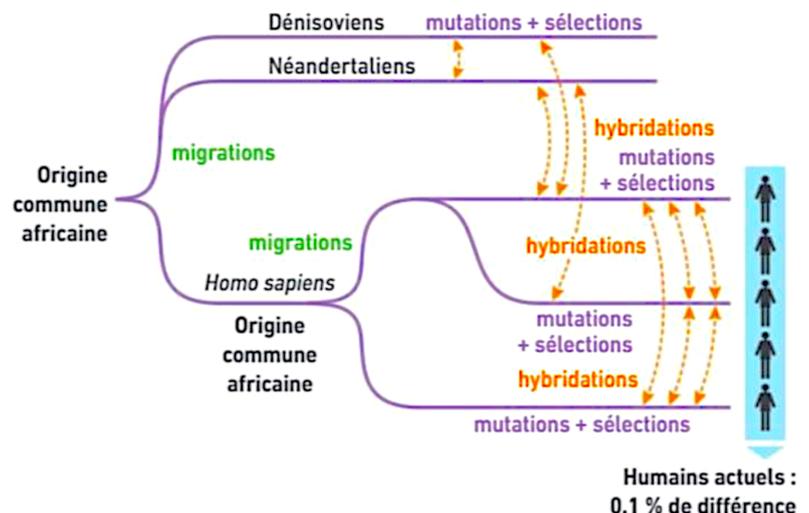
III- L'HISTOIRE DE L'HUMANITÉ LUE DANS LES GÉNOMES: Voir TP12

1- Des traces de génomes archaïques:

Il est possible d'**analyser les génomes d'êtres humains disparus** depuis des millénaires tels que l'homme de Néandertal ou l'homme de Denisova. Cependant on ne peut extraire que d'infimes quantités d'ADN des restes fossiles (os, dents...) car l'ADN est fragile et se dégrade au cours du temps. Cet ADN doit être **amplifié** (= production de plusieurs copies) puis **séquencé** (= on détermine l'ordre des nucléotides).

La comparaison avec les génomes actuels montre que des **hybridations** (événements de reproduction) ont eu lieu **entre les Homo sapiens et ces humains disparus**. Ainsi, 1 à 3 % du génome des Néandertaliens est présent dans les populations européennes et asiatiques, et des traces du génome de Denisoviens ont été retrouvées dans les populations d'Asie (1 %) et d'Océanie (6 %).

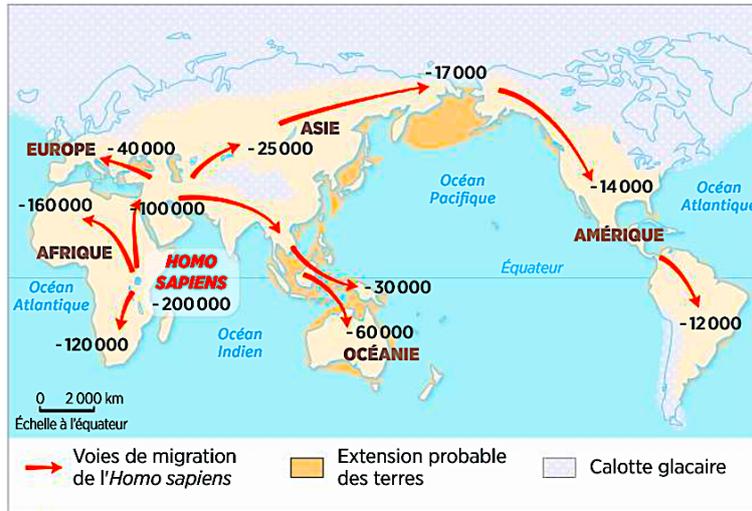
Les gènes concernés sont impliqués dans le système immunitaire, la pigmentation de la peau, l'adaptation à l'altitude...



2- Une origine unique et de multiples migrations:

La comparaison des génomes permet aussi de reconstituer les **principales migrations humaines** aboutissant au **peuplement de tous les continents à partir de l'Afrique**.

En effet, lorsque qu'une petite population se sépare d'une population ancestrale, elle n'emporte et ne transmet qu'une fraction des allèles qui étaient présents initialement. Après quelques générations, cette sous-population présente un faible nombre d'allèles différents pour ses gènes. La diminution de la diversité génétique dans les populations humaines lorsque l'on s'éloigne de l'Afrique de l'Est permet de penser que l'**Homo sapiens** a une **origine africaine**. Le premier flux migratoire de l'Homo sapiens hors d'Afrique date de - 100 000 ans environ. Il a alors colonisé d'autres territoires en Europe, en Asie et plus tardivement en Amérique. Au cours de ses migrations, l'Homo sapiens a côtoyé d'autres espèces humaines (aujourd'hui disparues) avec lesquelles il s'est hybridé: les Hommes de Néandertal et les Dénisoviens.



Les migrations d'Homo sapiens