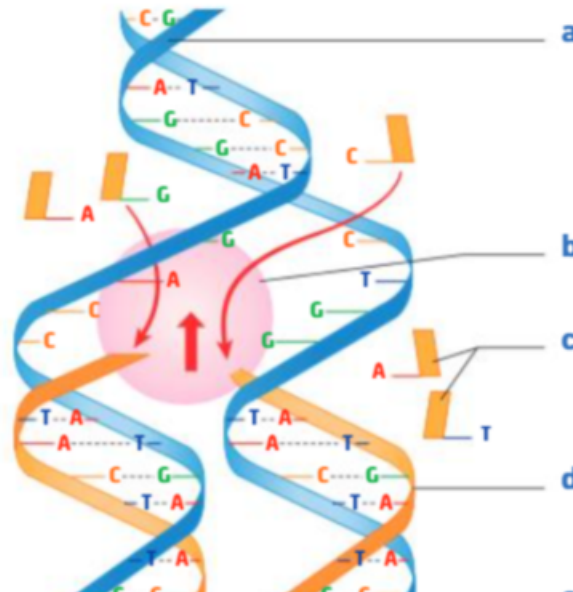


Chapitre 3 ENQUÊTE SUR NOTRE GÉNOME

Annoter un schéma

Indiquez les légendes à placer sur ce schéma et un titre.



Les 1eres lettres te donneront le mot de passe pour commencer ton enquête

Etude d'un nouveau fossile découvert

La grotte de Denisova se trouve dans le massif de l'Altai en Russie, à proximité des frontières avec la Chine et la Mongolie. Elle est étudiée depuis les années 1970 et a livré de nombreux restes attestant de son occupation depuis 280 000 ans.

En 2008 une phalange a été découverte dans des sédiments datés de 50 000 à 30 000 ans.

À cette époque, on connaît au moins deux espèces appartenant au genre *Homo* : *Homo sapiens* (comme l'homme de Cro Magnon, qui est en fait notre espèce) et *Homo neanderthalensis*.

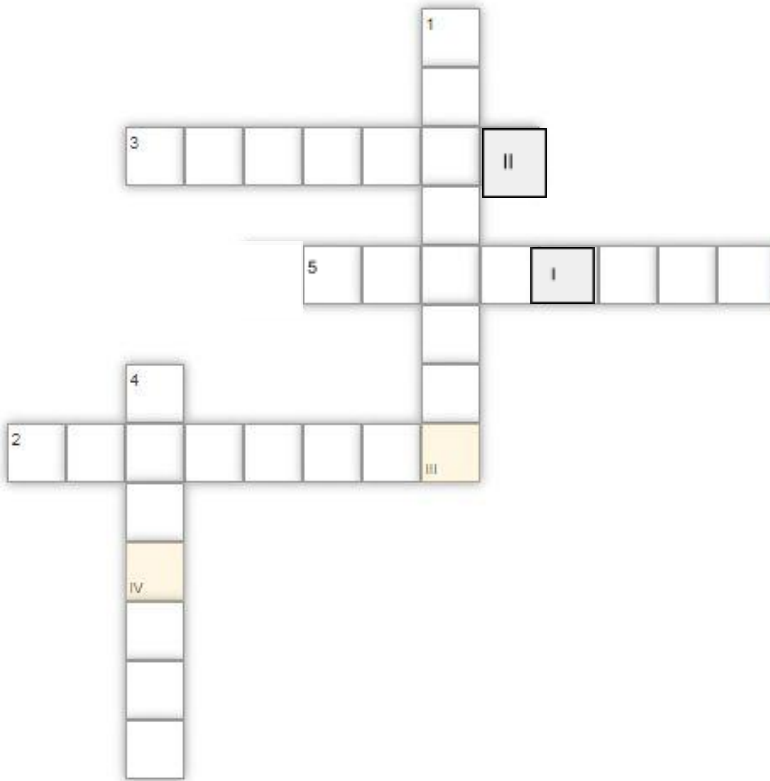


La phalange trouvée à Denisova. Thilo Parg/Wikimedia, CC BY-SA

Les chercheurs ont pu extraire et séquencer l'ADN mitochondrial de la phalange, comme avait pu en 1997 être séquencé l'ADN mitochondrial de fossiles de l'Homme de Néanderthal et montrer ainsi qu'il s'agissait bien d'une espèce différente de la nôtre, car la séquence obtenue était significativement différente de celle d'un *Homo sapiens*.

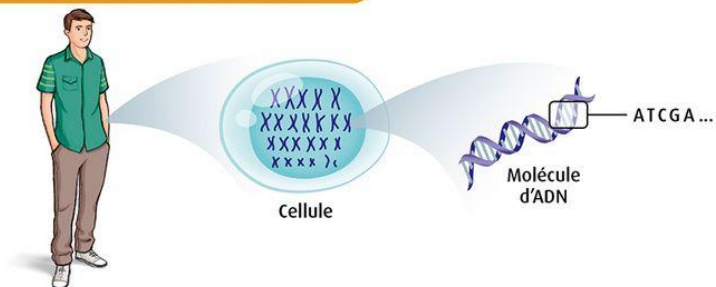
EST CE UNE NOUVELLE ESPÈCE? EST-ELLE PROCHE DES 2 ESPÈCES CONNUES ?

Descriptions	
1	changement d'un ou plusieurs nucléotides
2	mutation par un nucléotide enlevé
3	mutation provoquée
4	les changements de séquence en crée de nouveaux
5	Les UV en sont un



Le séquençage du génome humain

Séquencer un génome = Connaître l'enchaînement des bases de l'ADN sur les 46 chromosomes



Quelques caractéristiques du génome humain	Date du premier séquençage complet	Taille du génome	Nombre de gènes	Proportion de gènes codants	Proportion de gènes à la fonction connue
	2004	3 milliards de paires de bases	≈ 20 000	<p>ADN codant ADN non codant</p>	<p>Portions d'ADN aux fonctions connues Portions d'ADN aux fonctions inconnues</p>

COMBIEN DE GENES POSSEDE L' ESPECE HUMAINE HOMO SAPIENS ?

DATE DU 1 ER SÉQUENÇAGE COMPLET DU GÉNOME HUMAIN

J ADDITIONNE LES CHIFFRES TROUVÉS

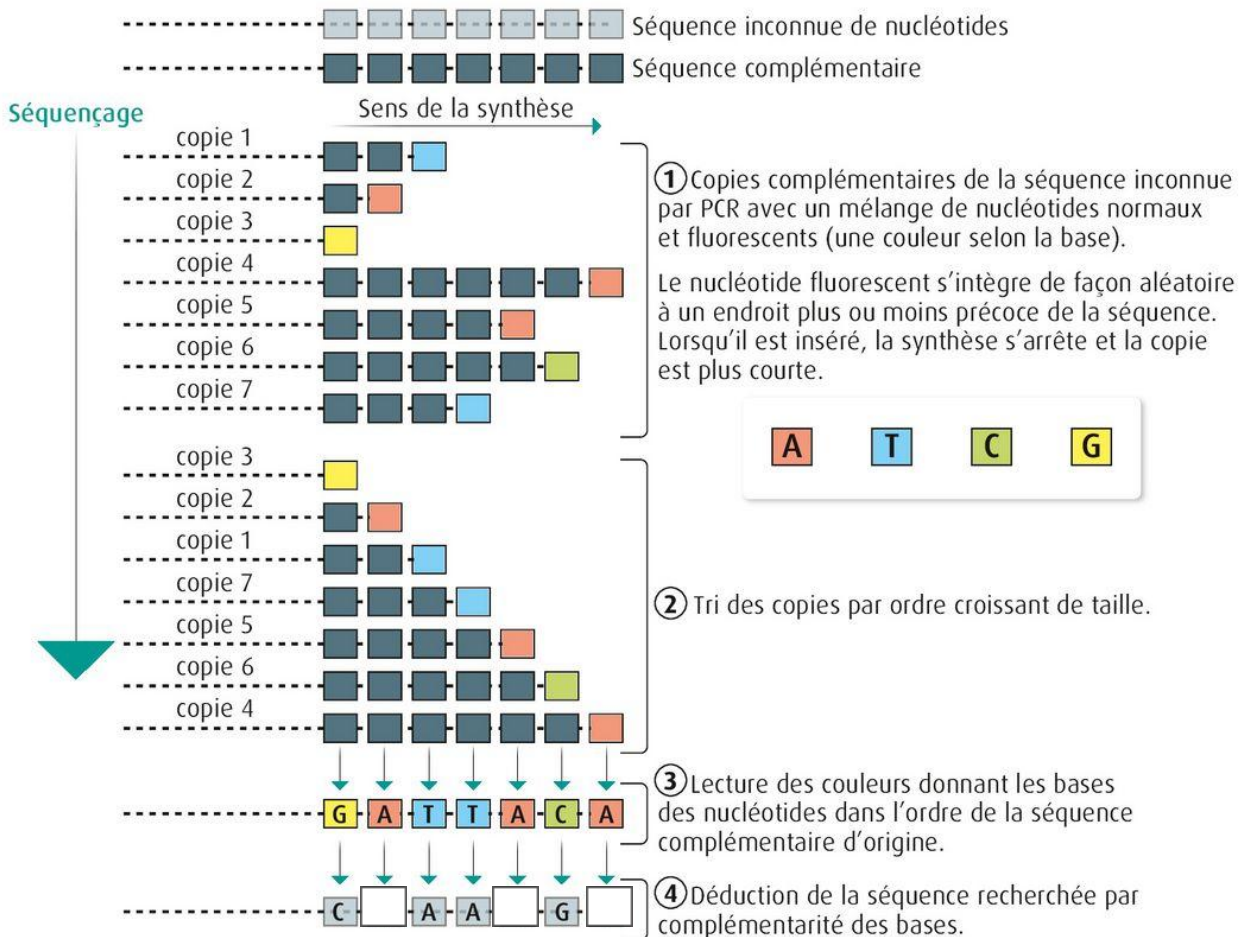


PAR QUELLE MÉTHODE A-T-ON PERMIS DE RECONSTITUER CET ADN de DENISOVA ?



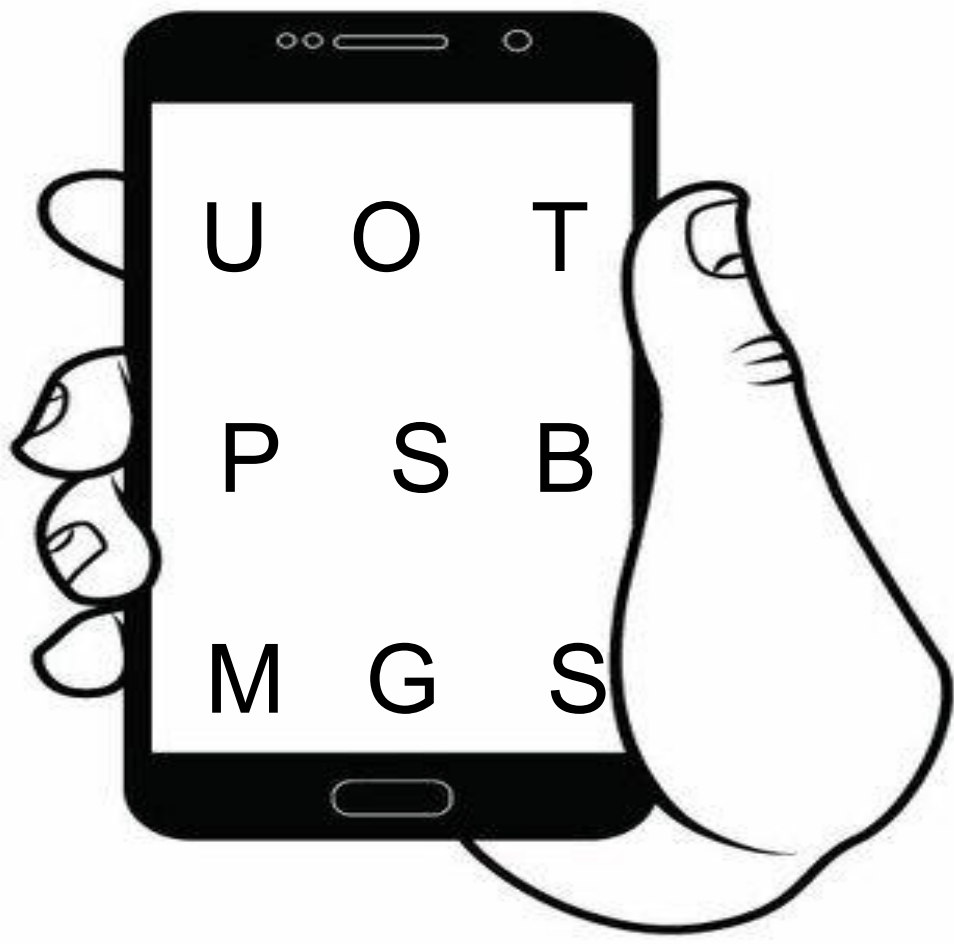
La méthode de séquençage de Sanger- 1977

Frederick Sanger invente une méthode de séquençage de l'ADN en utilisant l'ADN polymérase afin de déterminer les nucléotides présents dans une séquence inconnue. L'enzyme synthétise de nouveaux brins en utilisant des nucléotides normaux ou fluorescents. Quand un nucléotide fluorescent se fixe, cela entraîne l'arrêt de l'ADN polymérase.



© Belin Éducation/Humensis, 2019 SVT 1re enseignement de spécialité
© Amandine Wanert

QUEL NUCLÉOTIDE MANQUE-T-IL?



U O T

P S B

M G S