

Annexe

Document n°1 : Principe de la réalisation d'une empreinte génétique

En comparant les séquences de nucléotides de plusieurs individus actuels, il a été montré que chaque profil génétique est unique. Ainsi, le génome d'une personne permet de l'identifier de la même manière qu'une empreinte digitale (sauf pour les vrais jumeaux) : c'est son **empreinte génétique**.

Vidéo 1 à regarder sur mon site

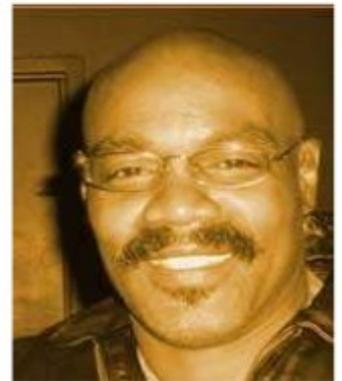
<https://enseignants.lumni.fr/fiche-media/00000001649/analyse-d-empreintes-genetiques-dans-une-enquete-policiere.html>

Document n°2 : Une histoire vraie....

En 1982, Marvin Anderson a été condamné pour agression sexuelle en Virginie à 210 ans de prison (véridique!). La condamnation était basée entièrement sur l'identification visuelle par la victime. En 2001, les progrès en analyse génétique moléculaire étant très importants, une analyse ADN a été menée à partir de pièces à conviction conservées et contenant des traces de sperme de l'agresseur, prélevé sur la victime. Bien que partiellement dégradé, l'échantillon d'ADN a alors permis de mener une analyse basée sur plusieurs séquences de l'ADN («D8S1179» sur les chromosomes 8, «D21S11» sur les chromosomes 21 et «D18S51» sur les chromosomes 18). Les chromosomes sexuels de l'individu ont été identifiés (rappel : XY chez l'homme et XX chez la femme).

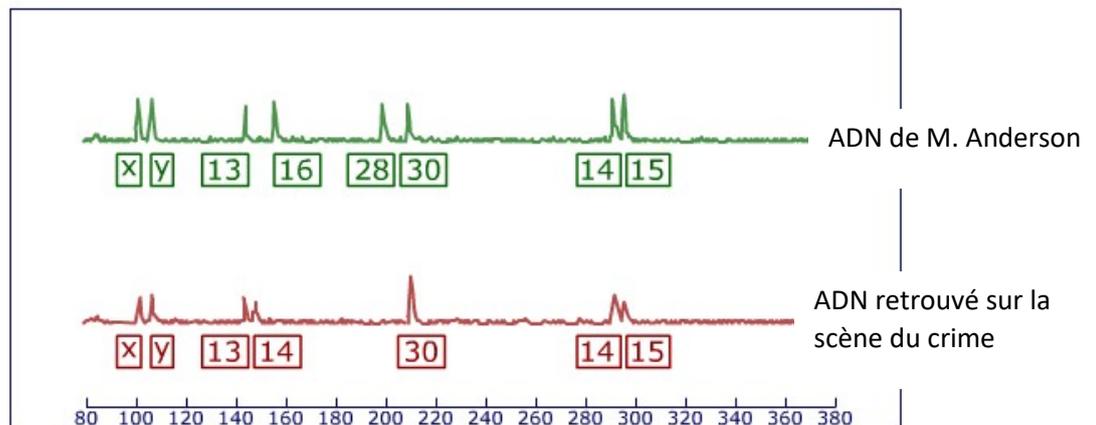
Le résultat de cette analyse est présenté dans le tableau ci-dessous.

Vidéo 2 à regarder sur mon site



Document n°3 : Résultat de l'empreinte génétique de M. Anderson comparée à celle trouvée sur la scène de crime

Chaque nombre indiqué correspond à un allèle de la séquence étudiée : par exemple la séquence «D8S1179» présente les allèles «13» et «16» chez Marvin Anderson.

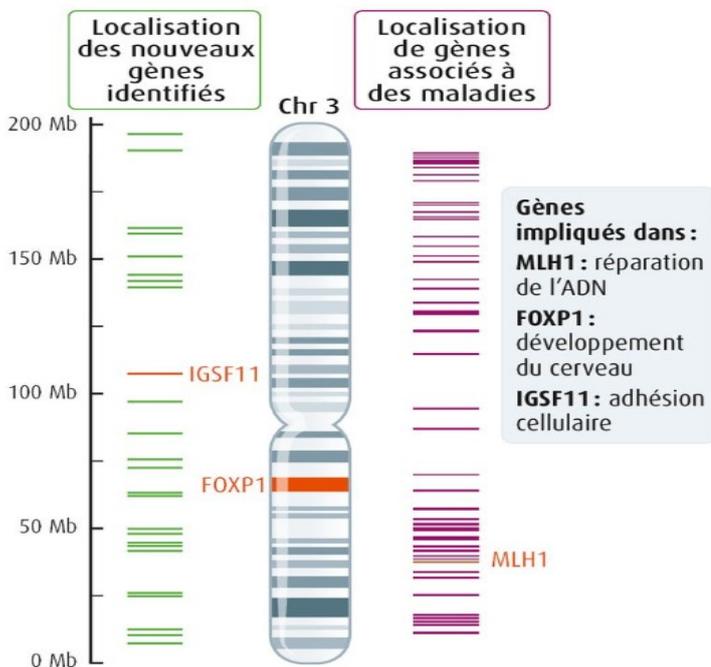


Echantillon	Sex	D8S1179	D21S11	D18S51
Anderson	XY	13, 16	28, 30	14, 15
Scène crime	XY	13, 14	30	14, 15

Pour aller plus loin :

les 1^{er}
génomés
séquencés

Organismes	Taille du génome	Date du premier séquençage complet
Bactériophage MS2 RNA (virus)	3 600 bases	1976 (le premier génome complet connu)
<i>Haemophilus influenzae</i> (bactérie)	1,8 millions de paires de base	1995
Levure de bière (champignon)	12 millions de paires de base	1996
Humain, <i>Homo sapiens</i>	3 milliards de paires de base	2004



Extrait très simplifié du résultat du séquençage du chromosome 3 humain