

Nom des participants du groupe:

TP25: Une histoire des populations d'après l'étude des haplogroupes

Une équipe de **génétiens menés par Spencer Wells a dressé la carte des grandes migrations humaines depuis 60.000 ans, lorsque des hommes ont quitté le berceau africain.**

Par l'analyse de certains marqueurs génétiques, ils ont pu retracer des lignées et retrouver l'origine géographique de lointains ascendants.

On cherche à identifier ces marqueurs afin de mettre en évidence le flux migratoire sortant d'Afrique.

RESSOURCES

<p>Spencer Wells s'intéresse à deux types de matériel génétique, le chromosome Y et l'ADN des mitochondries.</p> <p>Le premier ne se transmet que de père à fils et piste donc la lignée paternelle.</p> <p>Les mitochondries, elles, renferment un ADN qui leur est propre et sont absentes des spermatozoïdes. Ces gènes ne se transmettent par conséquent que de la mère à ses enfants. Voir Doc 1 et 2 P52</p>	<p>Dans ces gènes apparaissent parfois, au hasard, de minuscules mutations qui changent une base pour une autre (= SNP single-nucleotide polymorphism.)</p> <p>Cartographier ces SNP permet de les utiliser comme marqueur génétique pour identifier le génotype des individus.</p> <p>Un haplogroupe désigne l'ensemble d'individus portant une de ces mutations.</p> <p>On appelle haplotype, l'ensemble d'allèles tendant à être transmis ensemble à la descendance</p> <p>Les descendants porteront alors ce patrimoine génétique légèrement modifié et au bout de quelques générations, le groupe humain habitant cette région sera ainsi caractérisé par cette mutation apparue un jour chez un des ancêtres.</p>	<p>Matériel à disposition</p> <ul style="list-style-type: none">● Logiciel de comparaison de séquences moléculaires● Séquence nucléotidique de l'ADN mitochondrial de différents haplogroupes● Séquence nucléotidique de l'ADN mitochondrial d'un haplogroupe précis à tester● Logiciel phylogène établissant des liens de parenté sous forme d'arbre phylogénétique
--	---	---

1- **Indiquez les conséquences vérifiables** des affirmations ci-dessus si on tient compte du matériel génétique d'un groupe d'individus sédentaires face à un groupe d'humains ayant effectué, dans le passé, une migration ; vous utiliserez une phrase sous la forme « si plusieurs individus.....alors on pourrait prouver.....ce qui permettrait de délimiter plusieurs.....et de retracer ainsi..... »

--

2- Dans Anagène, **comparez la [séquence de l'ADN mitochondrial](#)** des individus des haplogroupes H avec celle des haplogroupes H1a et L2a1a1 et relevez les % d'identité.

3- **Analysez vos résultats afin de :**

- Proposer une origine aux ressemblances et aux différences entre les séquences de l'ADN mitochondrial de deux individus
- Proposez une explication à la plus grande ressemblance entre les haplogroupes H et H1a

On étend à présent notre étude sur d'autres haplogroupes retrouvés au sein de la population humaine lorsque les lignées se sont séparées.

L'horloge moléculaire est un **calcul** effectué par les généticiens permettant de transposer le **degré de divergence moléculaire entre deux espèces** (nombre de mutations détectées dans l'ADN d'un sujet A par rapport à un sujet B) en estimation du **temps passé depuis la séparation des deux espèces** A et B afin de retrouver l'**âge de leur ancêtre commun** le plus récent.

4- **Proposez un protocole** réaliste, à partir du matériel proposé dans les ressources du début de TP, permettant de récupérer toutes les données nécessaires au calcul des généticiens mettant en parallèle mutation et lien de parenté entre espèces.

5- Dans le logiciel Phylogène, utilisez les [séquences d'ADN mitochondrial](#) proposées pour **déterminer quels sont les haplogroupes avec le plus de ressemblances**, et donc les plus apparentés,

6- **Expliquez** alors comment ces relations de parenté permettent de connaître l'histoire des migrations des populations humaines

Document complémentaire



