

## TP 1 : ADN : la mémoire cachée de nos origines

Pendant longtemps, l'étude de l'évolution reposait surtout sur les fossiles et la comparaison des formes anatomiques. Ces méthodes ont permis d'identifier un lien étroit entre l'Homme et les grands singes, mais elles ne permettaient pas de mesurer précisément la parenté entre les espèces.

À partir des années 1970, la comparaison des séquences d'ADN a profondément transformé la démarche scientifique. Grâce aux techniques de séquençage, il est devenu possible d'évaluer directement le nombre de différences génétiques entre espèces et donc d'estimer l'ancienneté de leur ancêtre commun. Les gènes mitochondriaux, faciles à analyser et présents chez tous les eucaryotes, ont joué un rôle clé dans cette révolution.

L'ADN porte l'ensemble des informations héréditaires. Lorsque deux espèces partagent un grand nombre de séquences identiques, cela signifie qu'elles descendent d'un ancêtre commun proche. Dans ce TP, nous allons comparer les séquences d'ADN de quatre primates ( l'Homme, le Chimpanzé, le Gorille et l'Orang-outan ) afin de déterminer leurs degrés de parenté et de reconstruire un arbre phylogénétique.

**Comment la comparaison de séquences d'ADN entre plusieurs primates permet-elle de reconstituer leurs liens de parenté et d'estimer la date de leurs ancêtres communs ?**

**Objectifs :**

- Comparer des séquences d'ADN de primates.
- Réaliser un alignement de séquences avec GeniGene 2.
- Calculer des pourcentages d'identité.
- Construire et interpréter un arbre phylogénétique simple.

**Matériel :**

- Ordinateur avec logiciel GeniGene 2, et séquences
- Fichier contenant les séquences ADN de 4 primates.

**1. Importation et exploration des séquences :**

***Manipulation :***

1. Ouvrir GeniGene 2 en ligne.
2. Importer les séquences ADN fournies (grands singes.edi).
3. Vérifier que les quatre séquences apparaissent dans le logiciel.

**Questions**

1. Pourquoi doit-on comparer des gènes homologues (identiques chez toutes les espèces étudiées) ?

---



---



---

2. Donner deux raisons pour lesquelles les gènes mitochondriaux sont souvent utilisés pour reconstituer les parentés. (doc.1)

---



---



---

**2. Alignement des séquences**

Un alignement permet de placer côté à côté les nucléotides homologues afin de repérer les différences.

***Manipulation :***

1. Sélectionner toutes les séquences.
2. Cliquer sur **Action** puis **Aligner les séquences**.
3. Observer les similarités et les différences.

**Questions**

3a. Les séquences de l'Homme et du Chimpanzé semblent-elles très différentes ?

---



---



---

3b. Qu'est-ce que cela suggère sur leur histoire évolutive ?

---



---



---

4. Les différences entre l'Homme et l'Orang-outan sont-elles plus nombreuses ? Expliquer pourquoi.

---



---



---

### **3. Mesure des pourcentages d'identité**

***Manipulation :***

1. Ouvrir **Tableau de comparaison** dans **Affichage**.

Reporter les résultats :

Comparaison	% identité
Homme / Chimpanzé	
Homme / Gorille	
Homme / Orang-outan	

#### **Questions**

5. Quelle espèce est la plus proche génétiquement de l'Homme ?

---



---

6. Pourquoi ne peut-on pas dire que l'Homme « descend du chimpanzé » ?

---



---

### **4. Construction d'un arbre phylogénétique**

***Manipulation :***

1. Ouvrir l'onglet **Affichage : Phénogramme (arbre)**.
2. Sélectionner la méthode basée sur les distances.

7. Dessine l'arbre phylogénétique obtenu :

#### **Questions**

8. Quels deux primates forment un **groupe frère** dans l'arbre obtenu ?

---



---

9. Parmi les distances génétiques observées, lesquelles indiquent : un ancêtre commun plus récent ? Un ancêtre commun plus ancien ?

---



---

**10.** En une phrase, expliquer comment les données génétiques permettent de reconstruire l'évolution humaine.

### **5. Bilan** : rédiger une courte conclusion (5 lignes)

**À partir des résultats obtenus, explique comment l'analyse de l'ADN permet d'établir les liens de parenté entre l'Homme et les autres primates.**

## **Document 1 : L'intérêt de l'étude des gènes mitochondriaux dans la reconstitution de l'évolution :**

*L'ADN mitochondrial est un petit ADN présent dans les mitochondries, transmis presque uniquement par la mère. Il est très utile pour étudier l'évolution car il existe chez tous les êtres vivants eucaryotes, ce qui permet de comparer facilement différentes espèces.*

Contrairement à l'ADN du noyau, il ne se mélange pas lors de la reproduction : il évolue donc de manière plus régulière et plus simple à analyser. Il accumule aussi des mutations assez rapidement, ce qui permet de repérer les différences entre espèces proches et d'estimer l'ancienneté de leurs ancêtres communs.

*Enfin, comme il est présent en grande quantité dans chaque cellule, on peut souvent l'extraire même à partir de fossiles très anciens. Pour toutes ces raisons, les gènes mitochondriaux sont largement utilisés pour construire des arbres phylogénétiques et comprendre l'évolution.*

**Document 2 : Comment les scientifiques datent les ancêtres communs entre les espèces ?**

Pour dater l'ancêtre commun entre deux espèces, les scientifiques comparent leurs séquences d'ADN. Plus les différences génétiques sont nombreuses, plus la séparation entre les lignées est ancienne. Cette méthode repose sur la « montre moléculaire » : les mutations s'accumulent dans le temps à un rythme globalement régulier.

*L'Homme et le Chimpanzé ont des génomes très proches (plus de 98 % identiques) : leur ancêtre commun est donc récent, estimé à 6 à 8 millions d'années, ce qui correspond à des fossiles comme Toumaï (~7 Ma).*

En revanche, l'Homme et l'Orang-outan présentent davantage de différences génétiques : leur ancêtre commun est plus ancien, daté de **12 à 14 millions d'années**, en accord avec des fossiles asiatiques comme *Sivapithecus* ( $\approx 12$  Ma).

Ainsi, en combinant ADN et fossiles, les chercheurs peuvent reconstituer l'histoire évolutive des primates.