

## Éléments de correction TP1 : ADN, la mémoire cachée de nos origines

### 1. Importation et exploration des séquences

#### 1. Pourquoi doit-on comparer des gènes homologues ?

Pour comparer l'évolution de plusieurs espèces, il faut utiliser des gènes provenant **du même gène ancestral**, afin que les différences observées reflètent réellement des mutations accumulées depuis un ancêtre commun.

#### 2. Deux raisons d'utiliser des gènes mitochondriaux :

- a) Ils sont présents chez tous les eucaryotes → facile de comparer différentes espèces.
  - b) Ils ne se recombinaient pas et évoluent régulièrement → plus simple pour dater les divergences évolutives.
- (+ possible : présents en grande quantité → utile pour les fossiles.)

### 2. Alignement des séquences

#### 3a. Les séquences Homme / Chimpanzé semblent-elles très différentes ?

Non, elles sont **quasiment identiques** : très peu de différences nucléotidiques.

#### 3b. Que suggère cela sur leur histoire évolutive ?

Qu'ils partagent un **ancêtre commun récent** ( $\approx 6-8$  Ma).

Peu de temps écoulé → peu de mutations.

#### 4. Les différences Homme / Orang-outan sont-elles plus nombreuses ? Pourquoi ?

Oui.

Parce que leur ancêtre commun est **beaucoup plus ancien** ( $\approx 12-14$  Ma), ce qui a laissé davantage de temps pour accumuler des mutations dans l'ADN.

### 3. Mesure des pourcentages d'identité

Tableau de comparaison (résultats fournis par GeniGene 2)

Comparaison	% identité
Homme / Chimpanzé	<b>99,25 %</b>
Homme / Gorille	<b>99,25 %</b>
Homme / Orang-outan	<b>98,87 %</b>

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

Le **Chimpanzé** (*Pan troglodytes*), avec **99,25 %** d'identité.

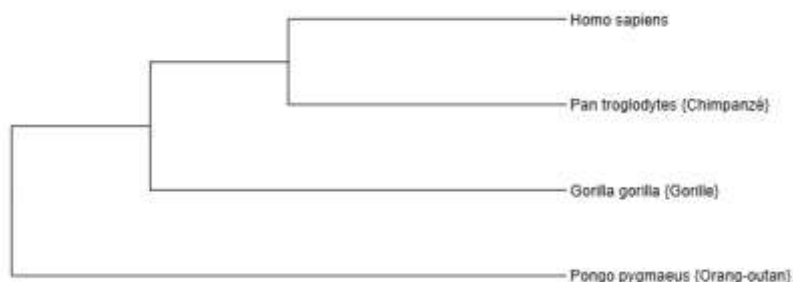
Le Gorille est presque aussi proche, mais légèrement moins selon les autres comparaisons.

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

Parce que l'Homme et le Chimpanzé descendent **tous deux d'un ancêtre commun**.

Le chimpanzé n'est pas l'ancêtre de l'Homme mais un **cousin évolutif**.

### 4. Construction de l'arbre phylogénétique



#### 7. Quels deux primates forment un groupe frère ?

**Homme + Chimpanzé**

Ce sont les deux lignées les plus proches.

#### 8. Les distances génétiques permettent d'identifier :

- **Ancêtre commun plus récent :**  
→ Homme / Chimpanzé (distance la plus faible, 99,25 % de similarité)
- **Ancêtre commun plus ancien :**  
→ Homme / Orang-outan (distance la plus grande, 98,87 % de similarité)

#### 9. Comment les données génétiques permettent-elles de reconstruire l'évolution humaine ?

En comparant l'ADN de différentes espèces, on mesure leur proximité génétique.

Plus deux espèces ont des séquences identiques, plus leur ancêtre commun est récent.

Ces distances permettent de construire un arbre phylogénétique.

### 5. Bilan (5 lignes)

L'analyse de l'ADN montre que l'Homme partage une très grande partie de ses séquences avec les autres primates. Les pourcentages d'identité révèlent que le Chimpanzé est notre plus proche parent, ce qui indique un ancêtre commun récent. L'Orang-outan, plus éloigné génétiquement, possède un ancêtre commun plus ancien avec nous. L'arbre phylogénétique construit à partir des distances génétiques confirme ces liens de parenté. Ainsi, l'ADN permet de reconstituer l'histoire évolutive de notre lignée avec précision.