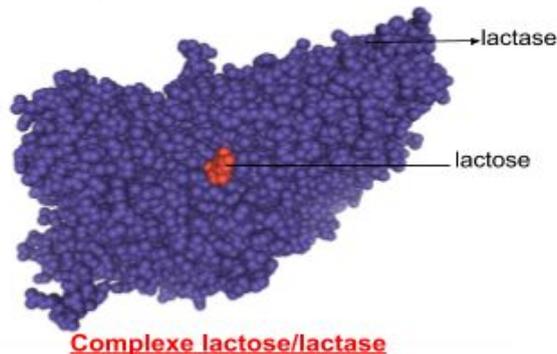


7-L'histoire humaine lue dans son génome

Le patrimoine génétique est transmis d'une génération à l'autre, il représente une formidable source d'information sur le passé de notre espèce, on cherche donc à montrer que notre patrimoine génétique a conservé les traces de notre passé évolutif où le hasard, la sélection et le transfert de gènes interspécifiques ont joué un rôle. **B**

Dans le lait, il y a un sucre naturellement présent qui est le lactose, après son absorption le lactose est normalement transformé en glucose et galactose à l'aide du lactase, une enzyme digestive formant ainsi un complexe Lactose/Lactase.



Or pour certaines personnes, cette enzyme est produite en quantité insuffisante donc le lactose est fermenté au lieu d'être dégradé à l'aide de bactéries ce qui produit des gaz et d'autres produits à l'origine des symptômes de l'intolérance au lactose.

le gène MCM6 permet de produire des protéines qui fonctionnent comme des hélicases permettant de catalyser l'ouverture d'acides nucléiques (ADN ou ARN), il est donc impliqué dans la production d'ARN c'est pour cela qu'il permet de réguler l'expression de LPH, le gène permettant de produire l'enzyme qui permet la tolérance au lactose, ainsi son expression est liée à une différence dans la transcription du gène. **TB**

MCM6 contient des régions régulatrices du LPH situés sur 2 de ses introns 13 et 9, les mutations sur ces zones variant selon les populations permettent au gène LPH de continuer à s'exprimer.

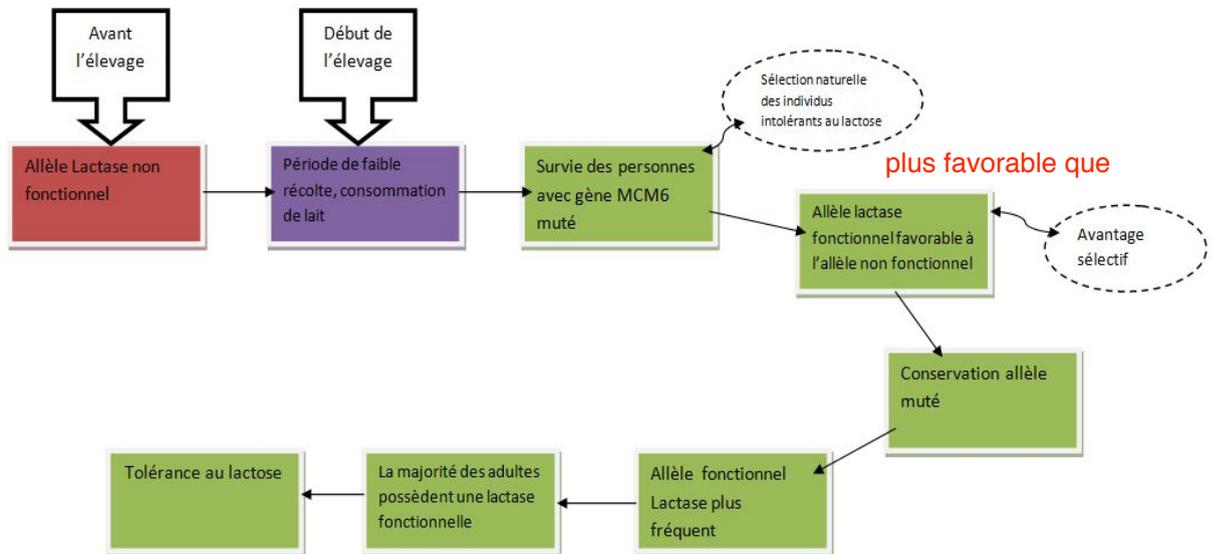
On constate que cette modification évolutionnaire ayant permis à l'homme de digérer le lactose n'a pas été possible partout, en effet les humains qui se sont particulièrement adaptés à la consommation de lait et de laiterie où une mutation permettant leur digestion est apparue sont principalement des populations d'Europe du nord et africaine (Afrique du nord, Somalie, Ethiopie) tandis que ces mutations sont presque inexistantes en Chine et les pays au sud de la Chine où il y a une forte intolérance au lactose.

On en déduit donc que la tolérance au lactose s'est faite grâce à des mutations ayant permis aux humains de produire la lactase une fois adulte, cela serait donc un phénomène apparu au cours des générations précédentes sur le modèle de la sélection naturelle et résultant de la dérive génétique. **l'un n'entraîne pas l'autre, il faut préciser**

En effet, on pense que chez les premiers agriculteurs du néolithique, en période de faibles récoltes, les individus pouvant boire du lait ont beaucoup mieux survécu que les autres donc ceux ayant subi une mutation au niveau du gène MCM6 ainsi l'allèle permettant aux cellules intestinales de produire la lactase est devenue beaucoup plus répandue, avant la période de l'élevage il n'était pas forcément intéressant d'avoir une lactase fonctionnelle à l'âge adulte.

Or cet avantage n'a pu exister que pour des individus ayant accès à une source de lait, c'est-à-dire pour des populations pratiquant l'élevage du bétail, d'où le fait que ce ne soit pas le cas dans tous les pays. **TB**

Schéma bilan de l'apparition d'une tolérance au lactose chez les populations humaines



On peut aussi retrouver les traces de notre passé évolutif grâce à l'ADN des fossiles avec la paléogénétique, si on a un os il peut être réduit en poudre pour avoir un échantillon d'os, or il peut y avoir des contamination de l'ADN à cause des champignons, les bactéries et d'autres microorganismes qui se seraient développés. **et donc ?**

La poudre est ensuite mise dans une solution enzymatique avec des sels minéraux et de l'alcool pour dissoudre la matrice osseuse de l'ADN ancien récupéré après filtration avec une membrane en silice.

Les molécules d'ADN subissent alors une polymérisation en chaîne enzymatique pour être multipliées après les avoir étiquetées. Il s'en suit un séquençage durant lequel les segments d'ADN sont traduits en successions de lettres (A/T/C/G) correspondant aux bases azotées. L'ADN est reconstruit grâce à des algorithmes avec plusieurs étapes (alignement des séquences, cartographie, réduction puis visualisation et analyse).

Le génome obtenu va être comparé à divers génomes afin de mesurer la distance génétique entre les populations, c'est l'identification de l'espèce par l'ADN. **B**

La découverte de quelques restes de fossiles dans une grotte de Russie a permis de définir par analyse génétique une nouvelle espèce d'Hominidé, les Homo denisovensis, les données génétiques ont montré qu'il ne s'agissait ni d'Homo sapiens ni d'Homo neandertalensis.

Matrice de distance :

(nombre de différences) **les pourcentages sont plus « parlants »**

	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
ADNmt sapiens (1)	0	405	405	208	2527
ADNmt denisova (2)	405	0	2	388	2531
ADNmt denisova (2) (3)	405	2	0	388	2531
ADNmt neandertalensis (4)	208	388	388	0	2523
ADNmt chimpanzé (5)	2527	2531	2531	2523	0

