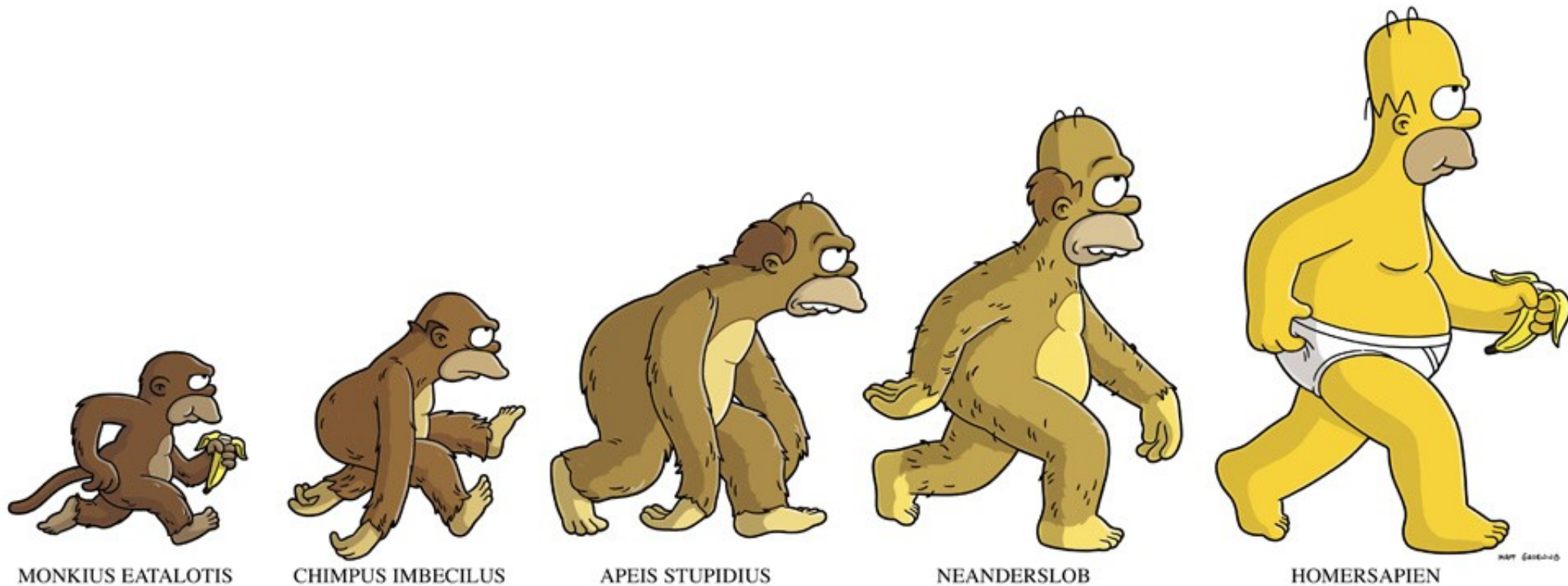


CHAPITRE V : Mutations et évolution

Leçon 12 : Génome humain et histoire humaine

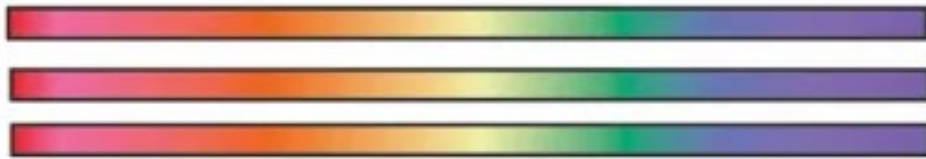


HOMERSAPIEN

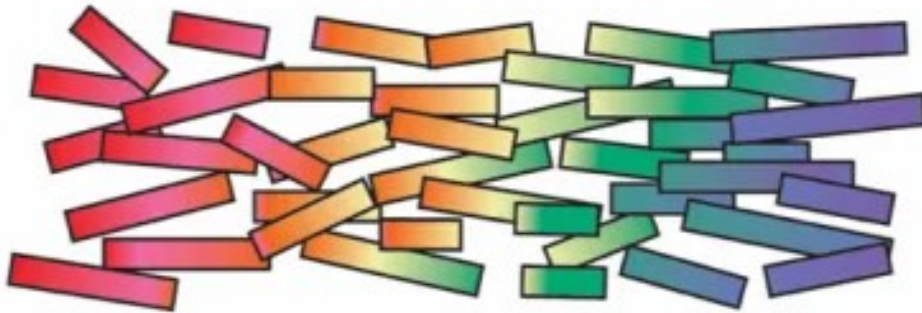
Human Genome Project



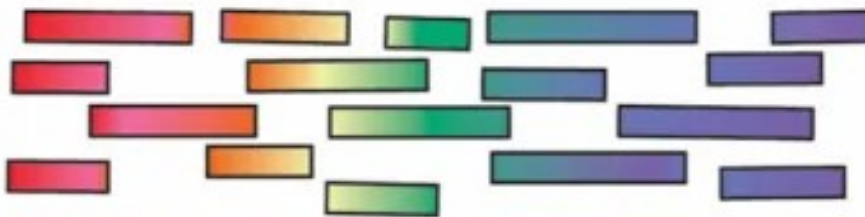
Un échantillon d'ADN est recueilli



De nombreuses copies sont produites



Les copies sont découpées en petits fragments aléatoires (1 000 nucléotides maximum)



Les fragments sont séquencés et sont informatiquement remis dans l'ordre

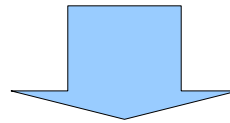
..AATGCACTGCGATTCCGATGAAGGGCATTGGC...

Le génome complet est assemblé

L'assemblage des fragments

- Recouvrements partiels des séquences

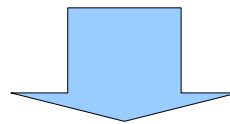
ATGCTAGTTTCATC
TTCATCGGCTTTGCA
TTGCATGGTAATTAA



ATGCTAGTTTCATC

TTCATCGGCTTTGCA

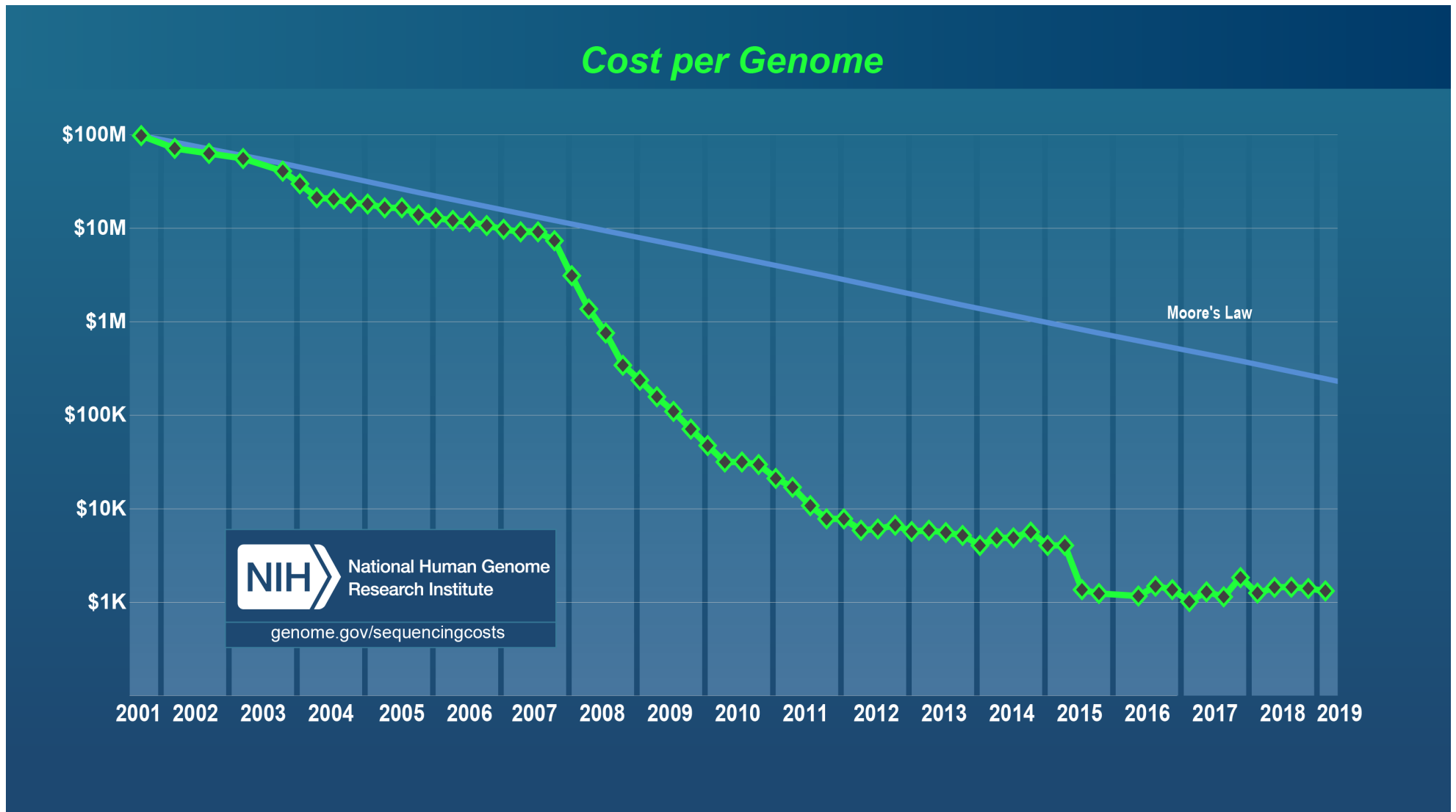
TTGCATGGTAATTAA



ATGCTAGTTTCATCGGCTTTGCATGGTAATTAA

Méthodes de séquençage modernes

- + rapides / - chères



Distances génétiques entre les séquences

- ADN mitochondriaux de différentes populations humaines : on compte les **différences** entre les séquences pour calculer un pourcentage

[illegible]

Comparaisons des fréquences des allèles dans différentes populations

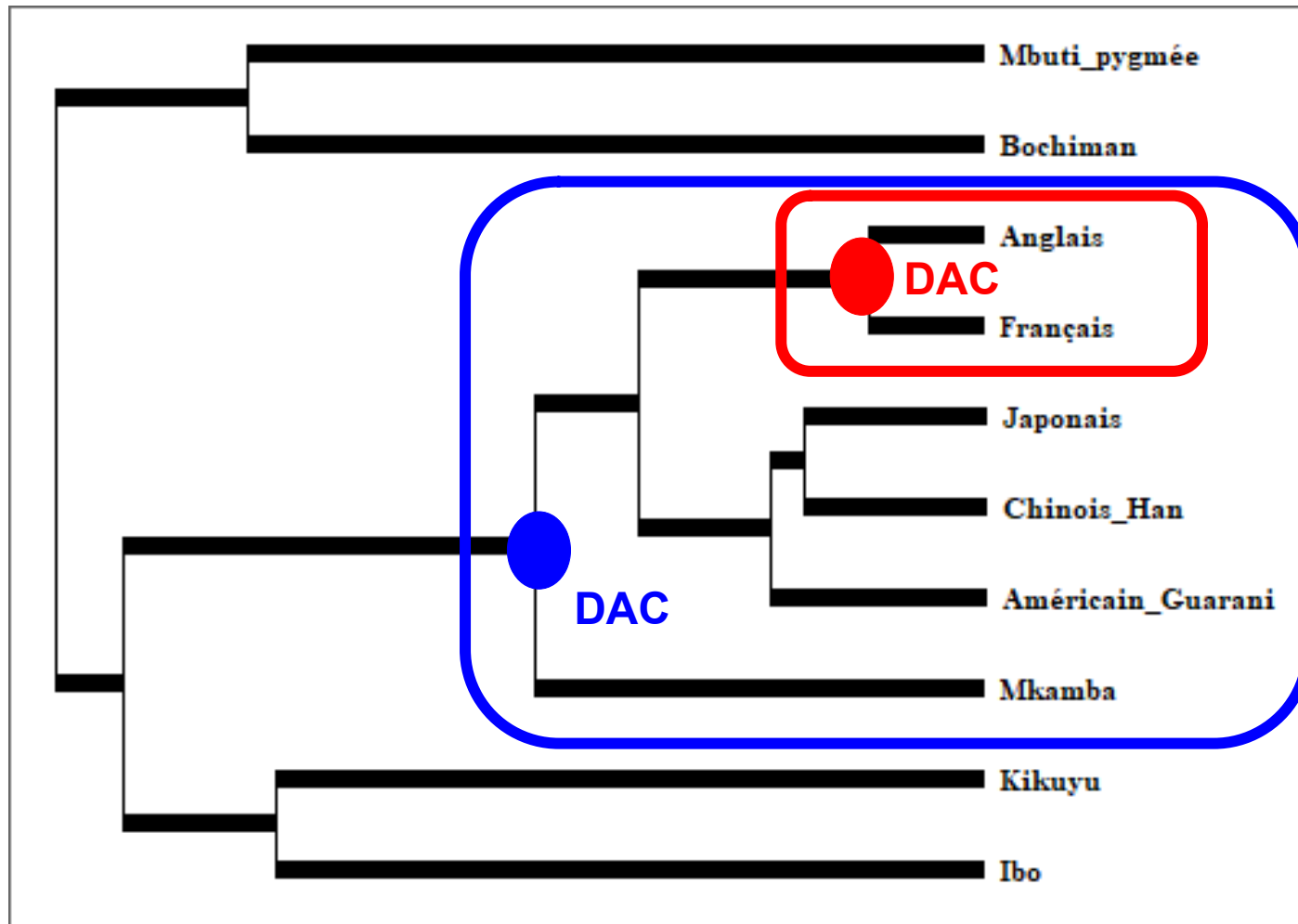
- Permet aussi de calculer une distance génétique

Fréquence des allèles A, B et O dans quelques populations humaines

Population	Pourcentage des allèles		
	A	B	O
Aborigène (Australie)	21,9	0	78,1
Anglaise	26,8	5,2	68
Canadienne	25,1	7,2	67,7
Égyptienne	22,6	18,7	58,7
Française	26,3	7,4	66,3
Indienne du Pérou	0	0	100
Navajo (Amérique du Nord)	14,6	0	85,4
Russe	20,9	15,2	63,8
Vietnamienne	13,9	24,4	61,7
Mondiale	24,1	9	66,9

Arbre phylogénétique des populations humaines

- Construction à partir d'une matrice de distances



Algorithme WPGMA

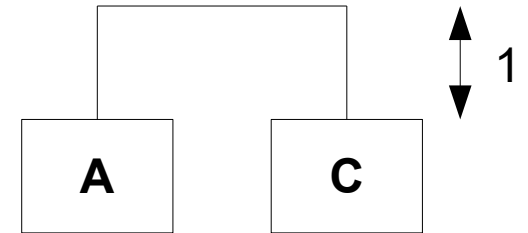
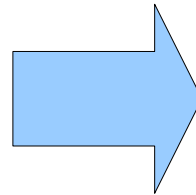
- Regroupement successif des populations les plus proches

	A	B	C	D
A	0	5	2	8
B		0	5	7
C			0	8
D				0

Matrice de distances entre 4 groupes

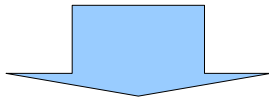
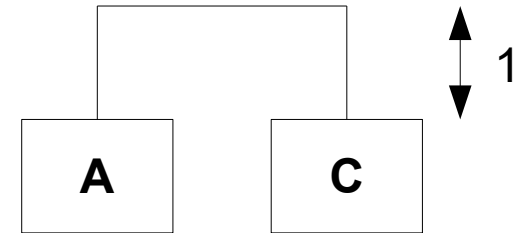
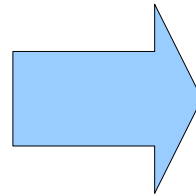
Algorithme WPGMA

	A	B	C	D
A	0	5	2	8
B		0	5	7
C			0	8
D				0



Algorithme WPGMA

	A	B	C	D
A	0	5	2	8
B		0	5	7
C			0	8
D				0

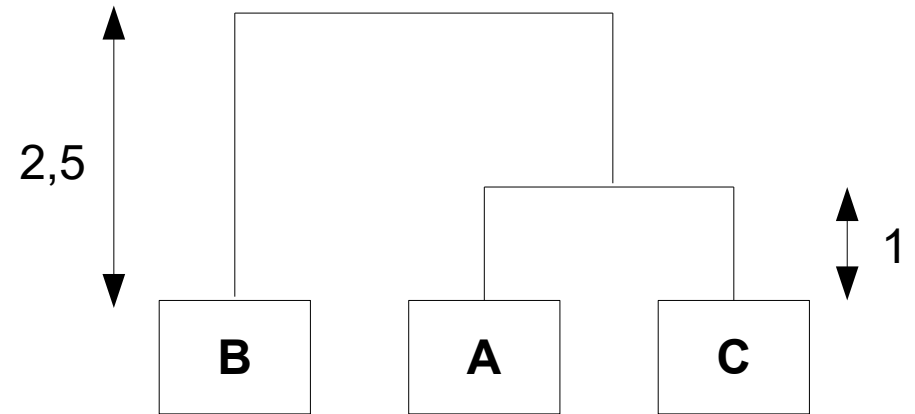
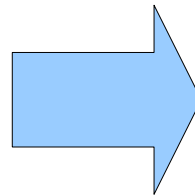


	AC	B	D
AC	0	5	8
B		0	7
D			0

Nouvelle distance = Moyenne des anciennes distances

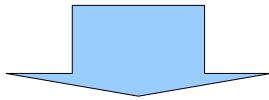
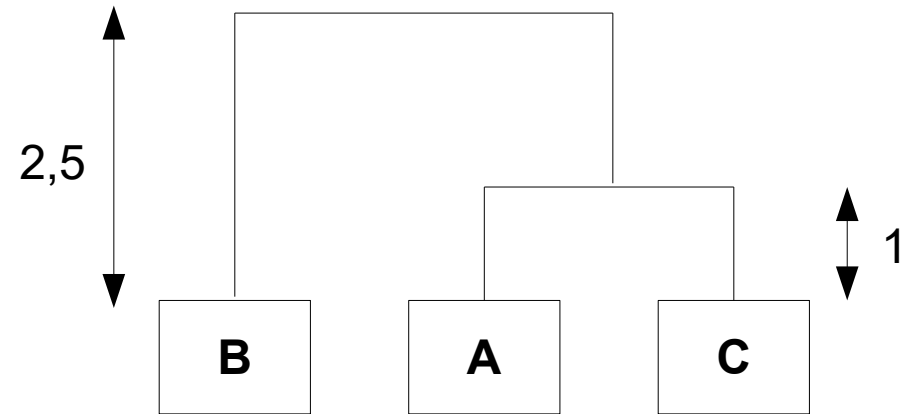
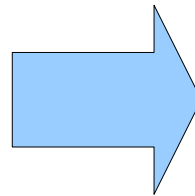
Algorithme WPGMA

	AC	B	D
AC	0	5	8
B		0	7
D			0



Algorithme WPGMA

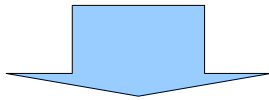
	AC	B	D
AC	0	5	8
B		0	7
D			0



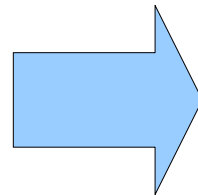
	ABC	D
ABC	0	7,5
D		0

Algorithme WPGMA

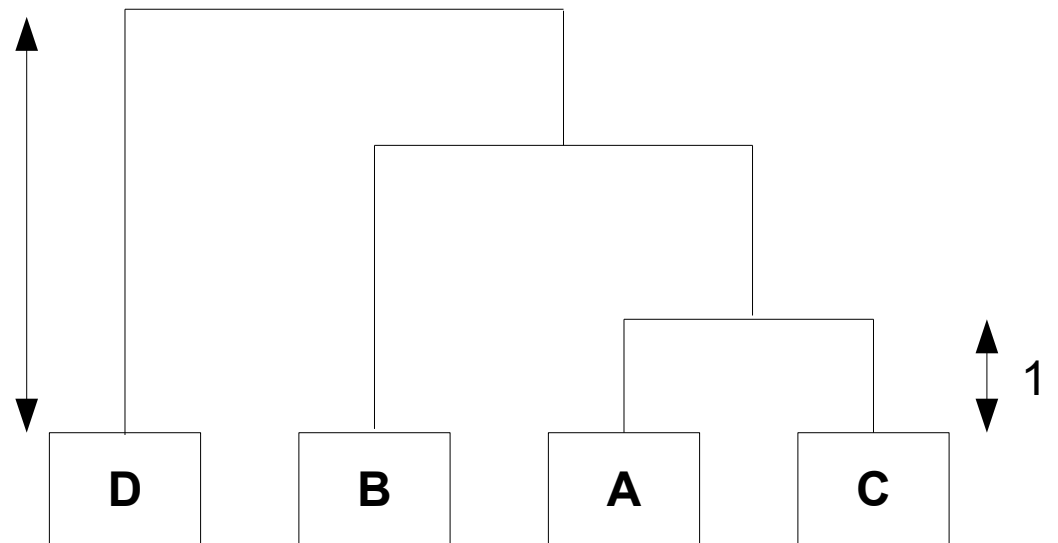
	AC	B	D
AC	0	5	8
B		0	7
D			0



	ABC	D
ABC	0	7,5
D		0



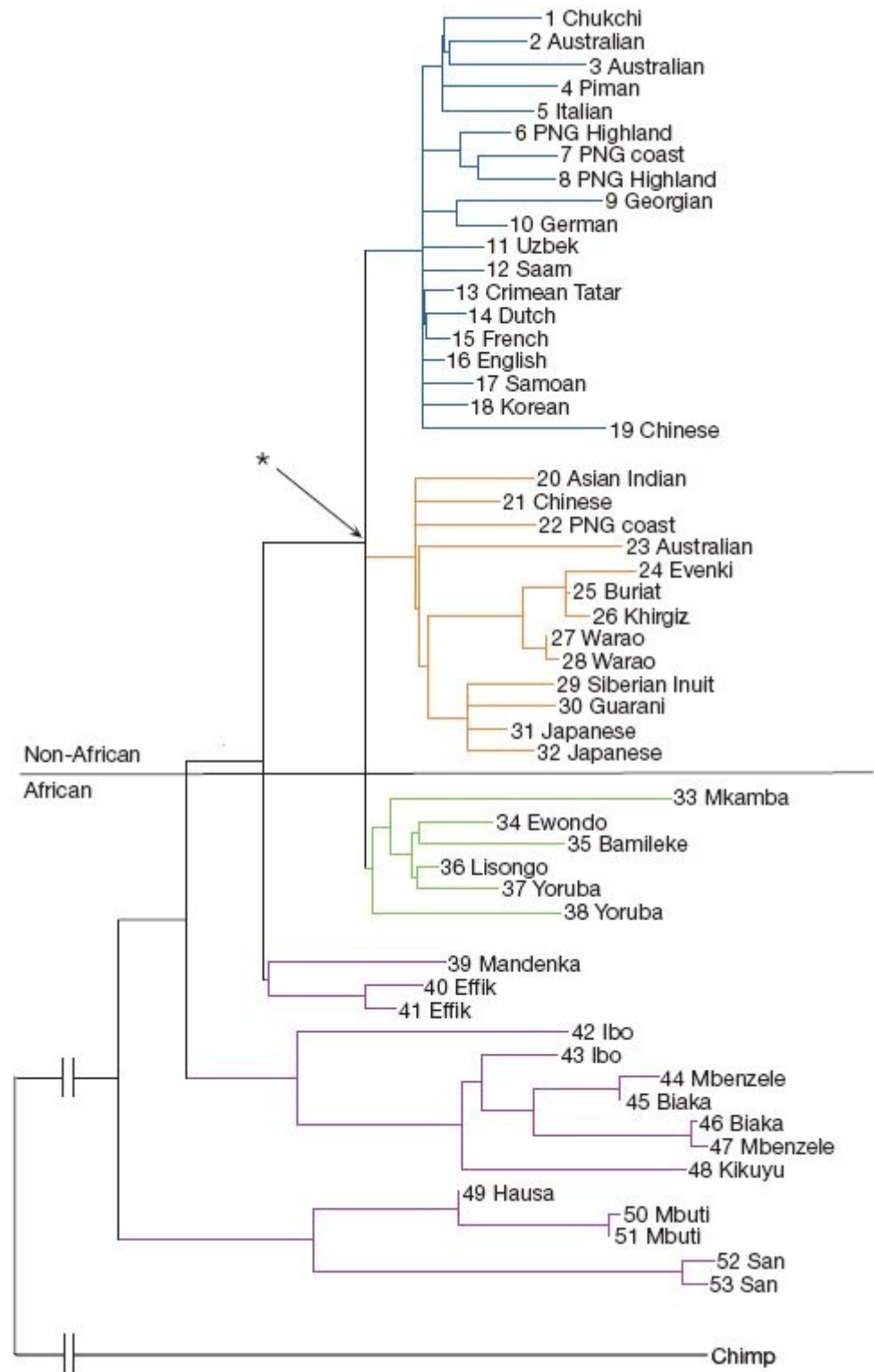
3,75



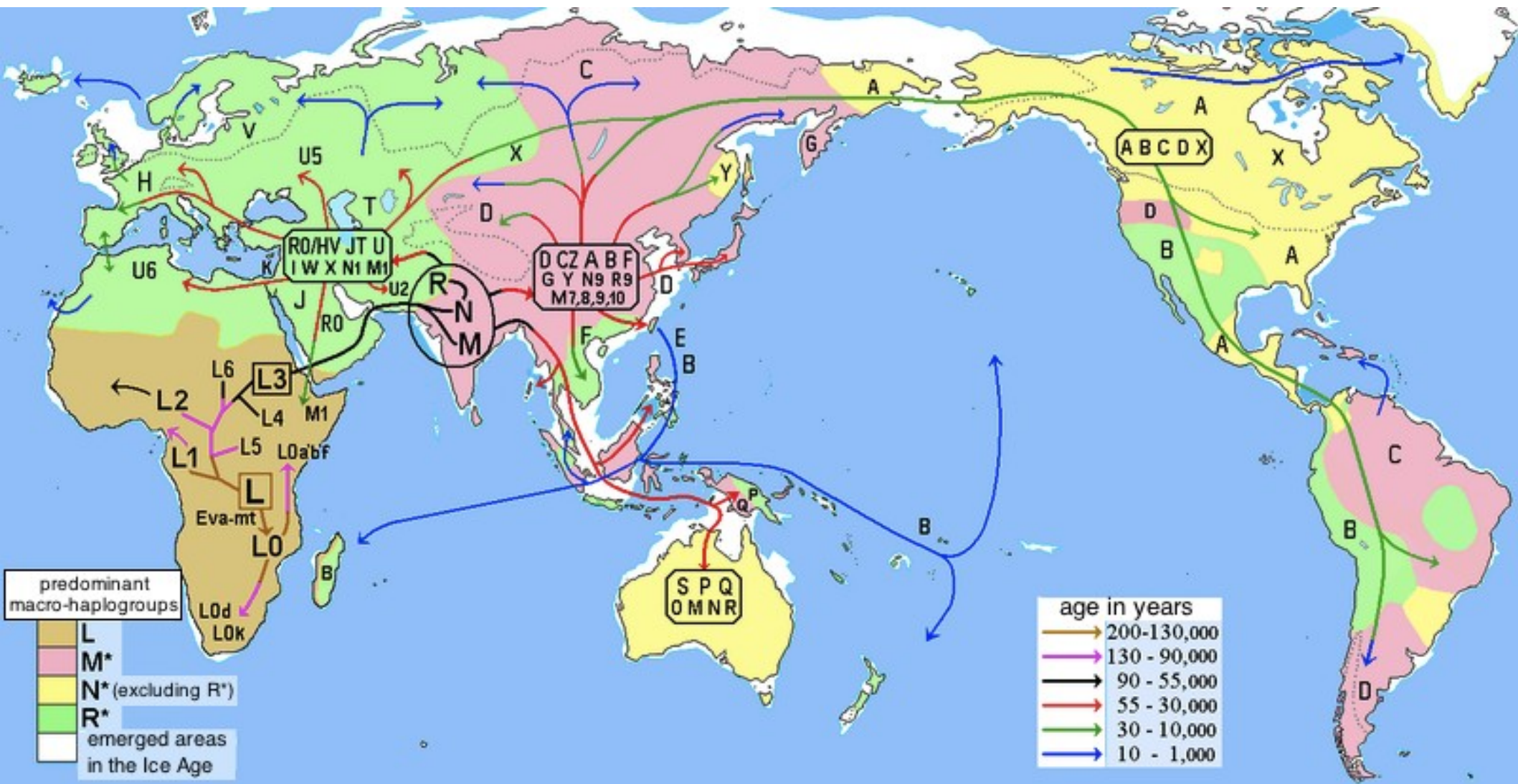
Arbre phylogénétique entre 4 groupes

Les migrations humaines préhistoriques

- Sortie d'Afrique il y a un peu plus de 60 ka



Les migrations humaines préhistoriques



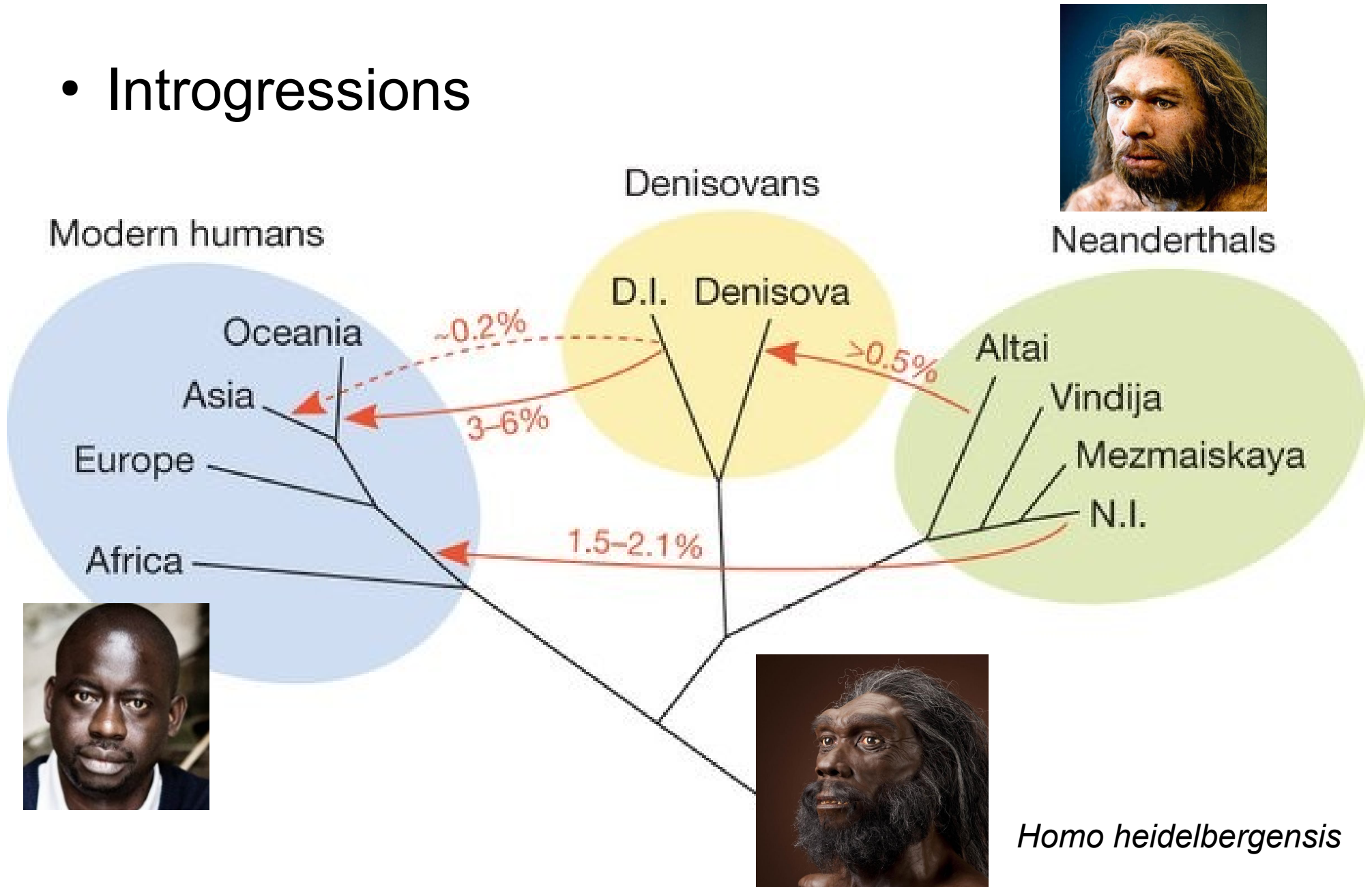
Autres espèces humaines

- Néandertals et Homme moderne



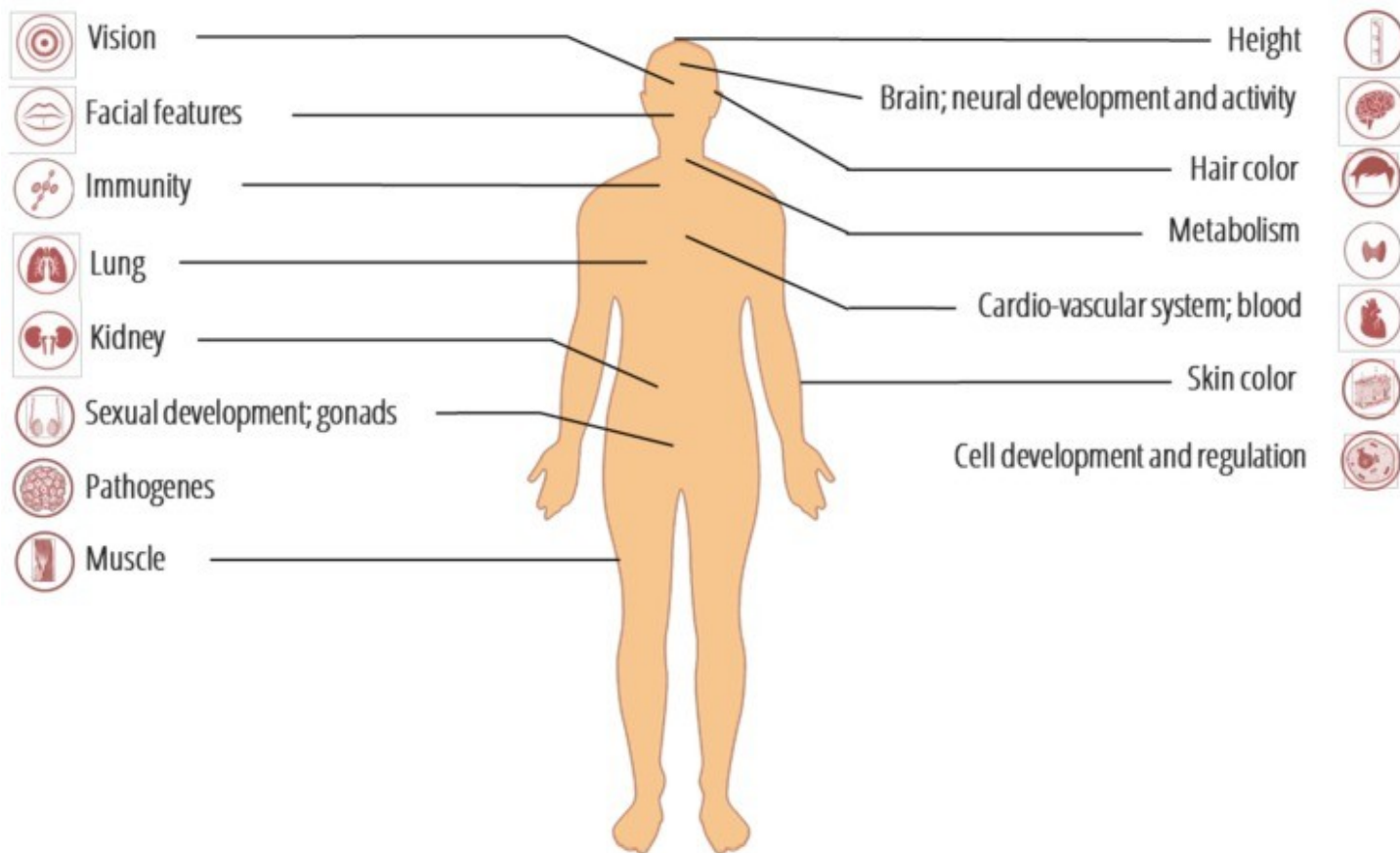
Hybridations entre espèces ?

- Introgressions



Exemples d'allèles néandertaliens

- Allèles néandertaliens comme **avantages** :
 - Pigments de la peau
 - Morphologie des cheveux
 - Fonctionnement du système immunitaire
- Allèles néandertaliens comme **inconvenients** :
 - Augmentation du risque de diabète de type II
 - Augmentation du risque de maladie de Crohn
 - Augmentation du risque de maladies cardiovasculaires



Sélection naturelle chez l'homme ?

- L'homme continue à évoluer
- Exemple de la couleur de peau comme adaptation à l'environnement

