

Modèle CCYC : ©DNE

Nom de famille (naissance) :
(Suivi s'il y a lieu, du nom d'usage)

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Prénom(s) :

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

N° candidat :

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

N° d'inscription :

--	--	--	--



Né(e) le :

(Les numéros figurent sur la convocation.)

		/			/					
--	--	---	--	--	---	--	--	--	--	--

1.1

ÉVALUATION

CLASSE : Première

VOIE : Générale Technologique Toutes voies (LV)

ENSEIGNEMENT : Sciences de la vie et de la Terre. Spécialité de première.

DURÉE DE L'ÉPREUVE : 02h00

Niveaux visés (LV) : LVA

LVB

Axes de programme :

Corps humain et santé, le fonctionnement du système immunitaire humain

La Terre, la vie et l'évolution du vivant, transmission, variation et expression du patrimoine génétique

CALCULATRICE AUTORISÉE : Oui Non

DICTIONNAIRE AUTORISÉ : Oui Non

Ce sujet contient des parties à rendre par le candidat avec sa copie. De ce fait, il ne peut être dupliqué et doit être imprimé pour chaque candidat afin d'assurer ensuite sa bonne numérisation.

Ce sujet intègre des éléments en couleur. S'il est choisi par l'équipe pédagogique, il est nécessaire que chaque élève dispose d'une impression en couleur.

Ce sujet contient des pièces jointes de type audio ou vidéo qu'il faudra télécharger et jouer le jour de l'épreuve.

Nombre total de pages : 8



Classe de première

Voie générale

Épreuve de spécialité
non poursuivie en classe de terminale

Sciences de la vie et de la Terre

Évaluation

Durée de l'épreuve : 2 heures

Les élèves doivent traiter les deux exercices du sujet.

Les calculatrices ne sont pas autorisées.



Exercice 2 – Pratique d’une démarche scientifique – 10 points

La Terre, la vie et l'évolution du vivant
Transmission, variation et expression du patrimoine génétique

L'évolution récente de l'Homme

D'après les premières analyses de son génome, l'Homme de Néandertal (*Homo neanderthalensis*) n'a pas contribué au patrimoine génétique de l'Homme moderne (*Homo sapiens*). Les Hommes anatomiquement modernes seraient apparus en Afrique, il y a quelque 200 000 ans, puis auraient progressivement remplacé les formes humaines plus archaïques partout sur la planète. Parmi ces espèces figure l'Homme de Néandertal. Il semble que, suite aux dernières recherches génétiques réalisées sur des restes fossiles, cette conclusion doive être révisée : un métissage entre l'Homme de Néandertal et l'Homme moderne aurait existé.

Expliquer en quoi l'étude de l'ADN de restes fossiles a permis de montrer qu'il a existé un flux de gènes, donc un métissage entre l'Homme moderne et d'autres espèces du genre *Homo* au cours de l'histoire humaine récente

Vous organiserez votre réponse selon une démarche de votre choix intégrant des données issues des documents et des connaissances complémentaires nécessaires.

Modèle CCYC : ©DNE

Nom de famille (naissance) :

(Suivi s'il y a lieu, du nom d'usage)

Prénom(s) :

N° candidat : N° d'inscription :

(Les numéros figurent sur la convocation.)

Né(e) le : / /



1.1

Document 1 - Méthode d'analyse des génomes des populations d'hominidés

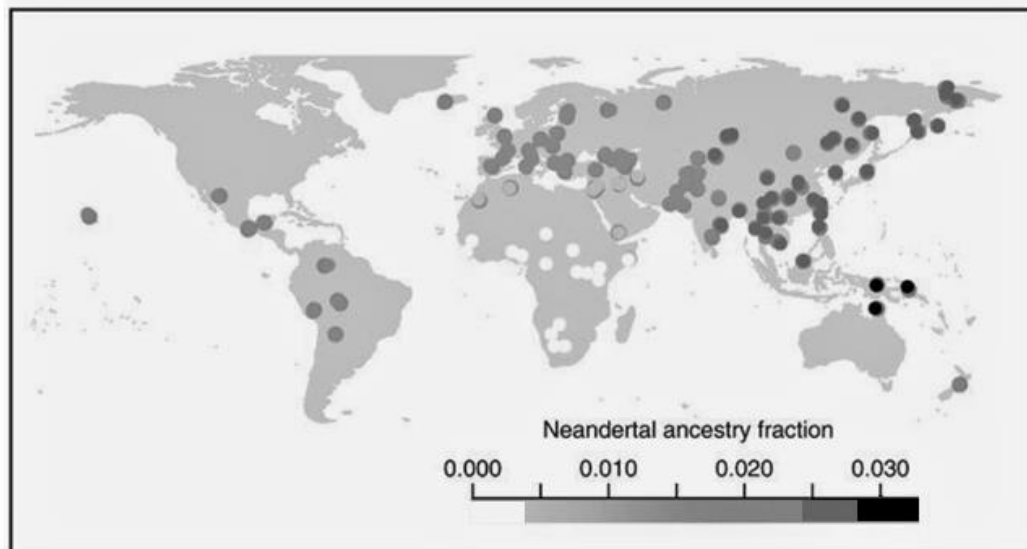
Le génome des Néandertaliens a été comparé au génome du chimpanzé et aux génomes d'Hommes modernes d'Europe, de Papouasie-Nouvelle Guinée, de Chine, d'Afrique...

Si l'on considère de courtes portions d'un chromosome de différents individus, un chinois et un africain par exemple, un test statistique permet de déterminer si le même chromosome d'un Néandertalien ressemble plus à l'un ou à l'autre. Si les Néandertaliens sont restés un groupe indépendant, on ne devrait pas trouver plus de ressemblances entre leurs séquences et celles du génome d'un chinois qu'entre leurs séquences et celles du génome d'un Africain par exemple. Plus le pourcentage de ressemblance entre les génomes de 2 populations est important plus cela indique un flux de gènes entre les 2 populations traduisant un métissage d'autant plus récent que le pourcentage est élevé.

D'après Perrier, Jean-Jacques. « Néandertal est en nous ». Pour La Science, 7 mai 2010.

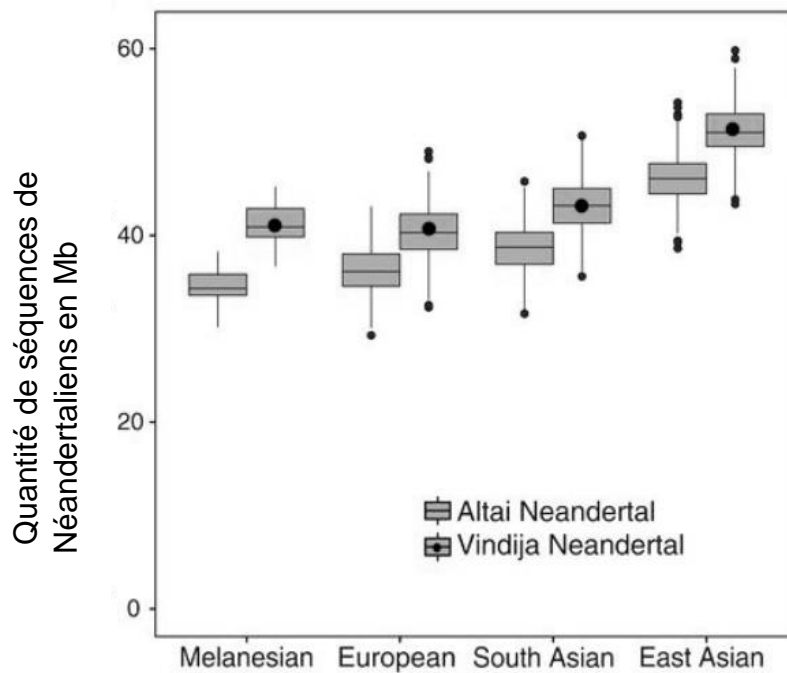
Document 2 - De l'ADN néandertalien dans le génome d'*Homo sapiens* actuel

Document 2.A - Pourcentage d'ADN néandertalien retrouvé dans différentes populations d'Homme moderne (0.01 correspond à 1%).





Document 2.B



Quantité de séquences de Néandertaliens en mégabases (mégabase = million de paires de bases) retrouvées chez les Mélanésiens, chez les Européens, les Asiatiques du Sud et les Asiatiques de l'Est.

On compare l'ADN de populations actuelles avec l'ADN de plusieurs fossiles de Néandertaliens pour estimer le nombre de mégabases provenant de Néandertaliens : l'ADN d'Hommes modernes actuels est comparé avec l'ADN provenant d'un fossile Néandertalien de la grotte de Denisova dans les montagnes d'Altaï en Asie nommé Altaï Neandertal et avec l'ADN de 3 fossiles Néandertaliens provenant d'un site nommé Vindija Neandertal en Croatie (Europe).

D'après l'article de Prüfer, Kay. « A high-coverage Neandertal genome from Vindija Cave in Croatia », 5 octobre 2017. https://www.eva.mpg.de/documents/AAAS/Pruefer_High-coverage_Science_2017_2486633.pdf

Modèle CCYC : ©DNE

Nom de famille (naissance) :


(Suivi s'il y a lieu, du nom d'usage)

Prénom(s) :

N° candidat : N° d'inscription :

(Les numéros figurent sur la convocation.)

Né(e) le : / /



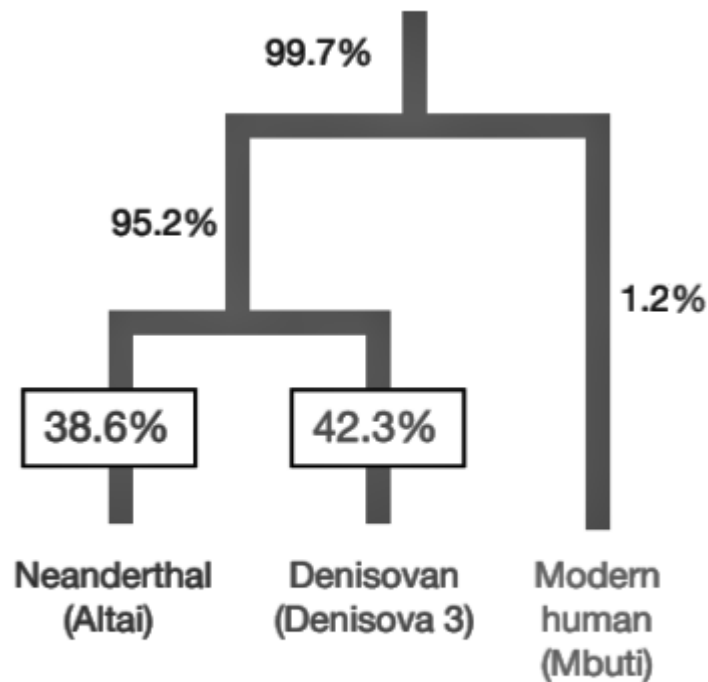
RÉPUBLIQUE FRANÇAISE

1.1

Document 3 - Une nouvelle espèce d'Homo

Dans l'Altaï sibérien, et plus précisément dans la grotte de Denisova, plusieurs fossiles sont trouvés. La séquence complète de l'ADN mitochondrial (contenu dans les mitochondries) d'un de ces fossiles révèle qu'elle diffère trop de l'ADN mitochondrial des Néandertaliens et des Hommes modernes pour qu'on puisse conclure que l'individu séquencé appartenait à l'une de ces espèces. Or le fragment osseux est daté d'une époque où des hommes modernes et des hommes de Néandertal vivaient en Sibérie, il y a un peu plus de 50 000 ans. Les individus appartenant à cette nouvelle espèce du genre Homo sont nommés Hommes de Denisova ou Dénisoviens.

Parmi les fossiles de la grotte de Denisova, un fragment d'os découvert en 2012 a permis d'extraire de l'ADN nucléaire d'assez bonne qualité pour permettre un séquençage. Les résultats de ce séquençage permettent d'établir les liens de parenté de ce fossile appelé Denisova 11, avec les Dénisoviens, les Néandertaliens et les Hommes modernes.

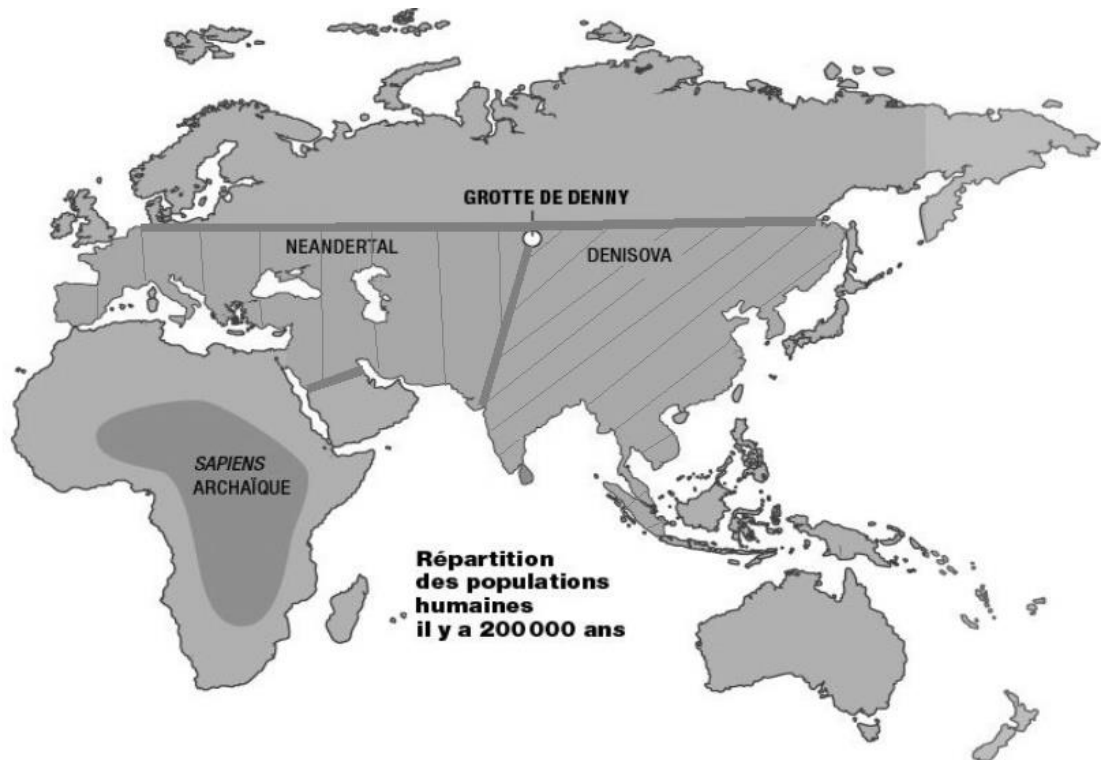


Pourcentage de fragments d'ADN de Denisova 11 la reliant à des gènes de Néandertal, de Denisova et d'un humain moderne.

D'après Gévaudan Camille, et Florian Bardou. « L'ado métisse de 90000 ans », aout 2018. https://www.liberation.fr/sciences/2018/08/26/l-ado-metisse-de-90-000-ans-et-l-etrange-aurore-violette_1674133. Slon, Viviane. « The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father ». Nature, 6 septembre 2018. https://www.eva.mpg.de/documents/Nature/Slon_The-genome_Nature_2018_2634311.pdf.



Document 4 - Aires de répartition de l'Homme de Néandertal, de l'Homme de Denisova (Dénisoviens) et de l'Homme moderne à différentes périodes



Thomas Cavaillé-Fol. « Denny : l'enfant miraculeux de la préhistoire ». *Science et Vie*, s. d.
<https://www.science-et-vie.com/science-et-culture/denny-l-enfant-miraculeux-de-la-prehistoire-44702>

Les études génétiques indiquent que l'Homme moderne aurait quitté l'Afrique entre - 100 000 et - 50 000 ans, et se serait répandu sur tous les continents en remplaçant les espèces humaines antérieures, comme l'Homme de Néandertal ou l'Homme de Denisova. Les plus anciens fossiles d'Homme moderne situés hors d'Afrique sont localisés au Proche-Orient.

Les fossiles de Néandertaliens les plus récents datent d'environ - 40 000 ans, ceux du site de Vindija datant de - 40 000 à - 47 000 ans.