Production proposée à l'occasion de la formation sur les nouveaux programmes de lycée en SVT

Cette séance/séquence est une proposition qui ne s'oppose en rien à votre liberté pédagogique dans le choix de vos activités de classe.

- Niveau : 1ère spécialité
- Thématique : Transmission, variation et expression du patrimoine génétique
- Thème et sous thème : L'histoire humaine lue dans son génome
- Intitulé de la séquence / (Si séance, précisez la place dans la progression) : Séance. Etude de l'histoire récente humaine, exemple des amérindiens. Placée après une séance sur l'étude de l'histoire humaine plus ancienne et avant l'enzymologie.
- Nombre de semaine / d'heure : 2h.
- Intervenant(s) envisagé(s) : professeur d'histoire pouvant apporter des informations complémentaires sur les amérindiens.
- **Description synthétique de l'activité ou du scénario :**

Situation de départ : partir de la présence des différentes populations amérindiennes, les localiser sur une carte. Parler des 2 populations : Kalinas et Emérillons, les premiers seraient issus d'une famille linguistique d'amérindiens plus ancienne arrivée en Guyane à partir du 10ème siècle et les Emérillons descendraient d'une famille linguistique différente arrivée en Guyane plus tardivement. (13ème siècle).
Pour arriver à la **problématique :** Est-ce que ces différentes populations amérindiennes descendent d'une différentes populations ou d'une même population d'origine ?

Etude comparative des séquences génétique ensuite pour les 2 populations étudiées ◊ on identifie les liens de parenté mais on observe une diversité génétique beaucoup plus grande chez les Kalinas.
Démarche : On cherche à déterminer si ces populations descendent d'une population d'origine commune et comment elles ont évolué suite à leur arrivée en Guyane. Pour cela, on va réaliser la comparaison des séquences génétiques chez différents individus de chaque population permettant de déterminer les ressemblances et les différences entre les séquences ce qui nous donnera une idée de la diversité génétique au sein des populations et des liens de parentés au sein des populations et entre populations.
Traitements possibles des séquences d'une région hypervariable (évolue rapidement), non codante de l'ADN mitochondrial : Comparaison des séquences et établissement d'une matrice des ressemblances ou des distances.
Interprétation des pourcentages d'identité et explication proposée (mise en relation avec leurs connaissances sur la dérive génétique)
Etude d'un document (ou intervention) sur l'histoire des 2 populations amérindiennes. ◊ Mise en relation avec les données génétiques et conclusion.

1) Déroulement du scénario ou de la séance (phases de travail de l'élève)	**2) Ressources, supports d'information utilisés, documents fournis à l'élève :**	**3) Compétences et capacités travaillées :**	**4) Productions élèves attendues : Trace écrite, manipulation , schéma, exposé oral, écrit, diaporama, site, blog...**	**5) Évaluation (formes et critères d'évaluation)**	**6) Différenciation envisagée (consignes, tâches, supports, formes d'aides…)**
Problématisation. Recherche de la stratégie. Etude comparative des séquences génétique pour les 2 populations étudiées. Comparaison des séquences et établissement d'une matrice des ressemblances ou des distances. Interprétation des pourcentages d'identité et explication proposée (mise en relation avec leurs connaissances sur la dérive génétique) Etude d'un document sur l'histoire des 2 populations amérindiennes ou intervention du professeur d'histoire. Mise en relation avec les données génétiques et conclusion.	Séquences génétiques et informations tirées de : *Stéphane Mazières et al. « Structure génétique et histoire biologique de trois populations amérindiennes de Guyane française ».* *Antropo, n° 11 (2006).* *www.didac.ehu.es/antropo.* Logiciel anagène. Fichiers de séquences génétiques. Document complémentaire sur l'histoire des amérindiens.	Concevoir et mettre en œuvre des stratégies de résolution. Communiquer sur ses démarches, ses résultats et ses choix, en argumentant. Explorer quelques stratégies et outils informatiques de comparaisons de séquences entre génomes individuels. Utiliser un logiciel de traitement de données. Communiquer dans un langage scientifiquement approprié : écrit, numérique Recenser, extraire, organiser et exploiter des informations à partir de documents. Formuler et résoudre une question ou un problème scientifique. Interpréter des résultats et en tirer des conclusions.	Présentation orale de la stratégie de résolution. Manipulation : comparaison de séquences sur anagène. Compte rendu numérique avec un tableau présentant la matrice des ressemblances (ou des distances). Rédaction d'un texte argumenté pour l'exploitation des résultats, la mise en relation avec les informations sur l'histoire des amérindiens et rédaction de la conclusion.	Evaluation de l'utilisation du logiciel, du compte rendu. Critères de réussite : l'élève sait mettre en oeuvre une stratégie en vue de répondre à la problématique, utiliser les fonctionnalités du logiciel anagène, communiquer ses résultats par un tableau (matrice), exploiter ces résultats et les mettre en relation avec ses connaissances ou des informations afin de répondre à la problématique.	Fiche technique du logiciel anagène. Aide sur les fonctionnalités du logiciel. Protocole détaillé pour les élèves en difficultés dans la mise en œuvre. Fiche méthode sur la construction d'une matrice. Possibilité de traiter plus ou moins de séquences.