

LIENS DE PARENTE ET DONNEES MOLECULAIRES (II)

L'établissement de relations de parenté entre les vertébrés actuels s'effectue par comparaison de caractères homologues (embryonnaires, morphologiques, anatomiques et moléculaires).

On cherche à établir la parenté de l'Homme avec quelques autres vertébrés.

Pour cela, on se propose de comparer les séquences nucléotidiques de deux gènes, chez plusieurs vertébrés considérés comme proches de l'Homme.

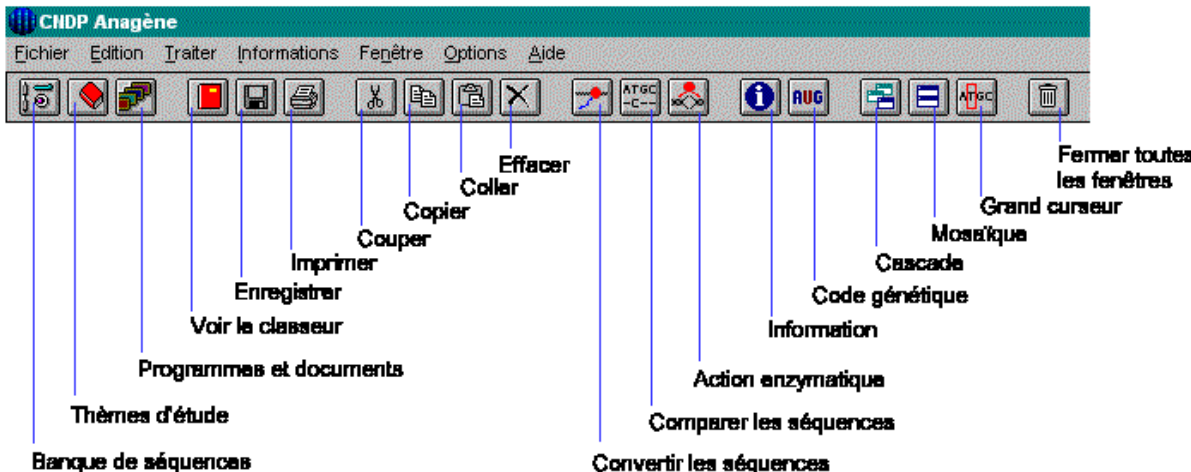


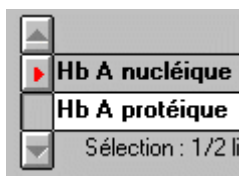
Matériel :

logiciel ANAGENE (et sa fiche technique) avec le fichier « genes1_2.edi » dans le répertoire « sauve » qui comporte les séquences :

- d'une portion d'un gène 1 chez différents vertébrés (le Bonobo, le Chimpanzé, le Gibbon, le Gorille, le Macaque, l'Orang-outang et l'Homme),
- d'une portion d'un gène 2 chez les mêmes vertébrés.

Activités et déroulement des activités	Capacités	Barème
1- Ouvrir le fichier « genes1_2.edi » du répertoire « sauve » et obtenir à l'écran l'affichage des séquences.	Utiliser un logiciel de traitement de données	1
Appeler l'examineur pour vérification		
2- Proposer , sur la fiche réponse, une démarche permettant de répondre au problème posé, à partir des données affichées.	Comprendre la manipulation	2
3- Traiter les séquences à l'aide du logiciel pour montrer les différences entre les espèces, en prenant l'Homme comme référence. Justifier le type de comparaison utilisé.	Utiliser un logiciel de traitement de données	5
Appeler l'examineur pour vérification		
4- Construire , sur la fiche réponse, deux tableaux (un pour chacun des deux gènes) donnant les résultats des comparaisons entre les molécules des espèces considérées et celles de l'Homme, exprimées en pourcentage.	Représenter des données sous forme d'un tableau	8
Appeler l'examineur pour vérification		
5- En comparant les données des deux tableaux, discuter de la parenté de l'Homme avec les espèces sélectionnées.	Appliquer une démarche explicative	3
6- En fin d'épreuve, fermer le logiciel.	Gérer et organiser le poste de travail	1

LIENS DE PARENTE ET DONNEES MOLECULAIRES (II)

Les icônes de la barre d'outils		Numérotation des éléments d'une séquence	
<div></div>		<div></div>	Echelle de repérage des nucléotides
		<div></div>	Attention au décalage des numéros
		On passe de l'échelle numérotant les nucléotides à celle des acides aminés en cliquant sur l'échelle	
		Bulles d'aide Pour vous aider, une bulle d'aide s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris	
Editer une séquence		Sélectionner une séquence	
Sélectionner cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène : <ul style="list-style-type: none">- Banque de séquences- Thèmes d'étude- Programmes et documents ou par Fichier/ Ouvrir/ sauve		<div></div>	Cliquer sur le bouton de sélection . La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences. La flèche rouge indique la ligne pointée, sur laquelle il est possible d'obtenir des informations et que l'on peut déplacer à l'aide des flèches grises, haut - bas.
Traiter une séquence		Comparer des séquences	
Utiliser pour cela le menu <i>traiter</i> . On peut comparer les séquences ou convertir ces séquences . Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.		La comparaison des séquences ne peut se faire que sur des séquences de même nature. Les flèches grises haut-bas permettent de placer la séquence de référence. On peut effectuer :	
Informations sur la ou les séquence(s) sélectionnée(s)			
Utiliser le menu <i>informations</i> / sur la ligne pointée pour obtenir des informations sur la sélection : soit d'une ligne, soit de toutes les lignes en cliquant d'abord devant « traitement ».			
Créer des séquences			
Ouvrir le menu Fichier Sélectionner « créer » puis Choisir le type de séquence et lui donner un nom . Taper ou choisir dans la fenêtre d'édition de séquences, votre séquence.			
ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier.			