

### 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.**

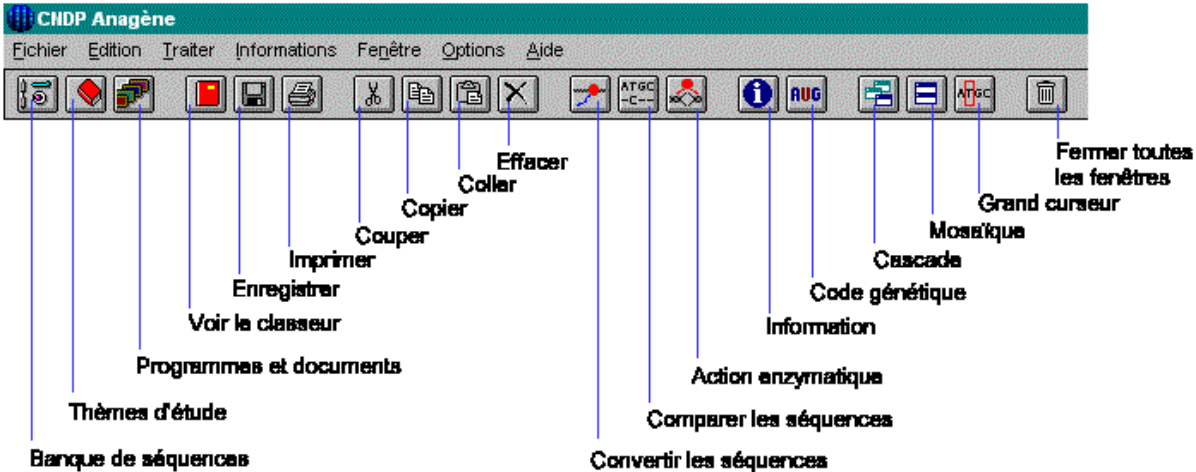

Pour cela, on se propose de comparer les séquences nucléotidiques de deux gènes, chez plusieurs vertébrés considérés comme proches de l'Homme.

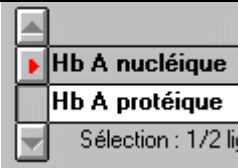
**Matériel :** logiciel ANAGENE avec le fichier « genes1\_2.edi » dans le répertoire « sauve » qui comporte les séquences :

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

Activités et déroulement des activités	Capacités et principaux critères d'évaluation	Barème
1- <b>Ouvrir</b> le fichier « genes1_2.edi » du répertoire « sauve » et <b>obtenir</b> à l'écran l'affichage des séquences. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel</b>	1
2- <b>Rédiger</b> en quelques lignes, sur la fiche réponse, une méthode d'exploitation de ces données destinée à comparer les séquences.	<b>Adopter une démarche explicative.</b>	2
3- <b>Traiter</b> les séquences à l'aide du logiciel, pour établir des comparaisons en prenant l'Homme comme référence. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel</b> pour sélectionner des séquences	7
4- <b>Construire</b> , sur la fiche réponse, deux tableaux (un pour chacun des deux gènes) indiquant le nombre de différences entre les molécules des espèces considérées et celles de l'Homme.	<b>Représenter des données sous forme d'un tableau</b>	7
5- En comparant les données des deux tableaux, <b>discuter</b> de la parenté de l'Homme avec les espèces sélectionnées.	<b>Adopter une démarche explicative</b>	3

## LIENS DE PARENTE ET DONNEES MOLECULAIRES (II)

Les icônes de la barre d'outils	Les bulles d'aide
 <p>CHDP Anagène</p> <p>Fichier Edition Traiter Informations Fenêtre Options Aide</p> <p>Thèmes d'étude Banque de séquences Programmes et documents Voir le classeur Enregistrer Imprimer Couper Copier Effacer Coller</p> <p>Convertir les séquences Comparer les séquences Action enzymatique Information Code génétique Cascade Mosaïque Grand curseur Fermer toutes les fenêtres</p>	 <p>Pour vous aider, une <b>bulle d'aide</b> s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris</p>

Editer une séquence	Sélectionner une séquence
<p>Sélectionner cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Banque de séquences</li> <li>- Thèmes d'étude</li> <li>- Programmes et documents</li> </ul> <p>ou par <b>Fichier/ Ouvrir/ sauve</b></p>	 <p>Le bouton de sélection affiche une flèche rouge. Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. Elle est qualifiée de ligne pointée. On peut sélectionner plusieurs séquences.</p>

Traiter une séquence	Comparer des séquences
<p>Utiliser pour cela le menu <i>traiter</i>. On peut <b>comparer les séquences</b> ou <b>convertir ces séquences</b>. Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.</p>	<p>La comparaison des séquences ne peut se faire que sur des séquences de même nature. La séquence référence sera toujours placée en premier. Les flèches haut-bas situées à gauche du tableau permettent de déplacer la séquence sélectionnée.</p>
Informations sur la ou les séquence(s) sélectionnée(s)	
<p>Utiliser le menu <i>informations / sur la ligne pointée</i> pour obtenir des informations sur la sélection : soit d'une ligne, soit de toutes les lignes en cliquant devant « traitement ».</p>	<p>On peut utiliser dans ce cas, la <b>comparaison simple</b> ou la <b>comparaison par alignements avec discontinuités</b>.</p>
<p><b>ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours à placer en premier.</b></p>	