

**LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES version ANAGENE**

Fiche sujet – candidat

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 préciser la parenté de l'Homme avec quelques autres vertébrés.**

Matériel :

- Deux logiciels et leurs fiches techniques : PHYLOGENE (avec la collection « **Archontes** » (Primates)) et ANAGENE avec le fichier « **seq-adn-prot.edi** » dans le répertoire « **sauve** » qui comporte les séquences suivantes :

- séquences partielles d'un gène du complexe HLA (Human Leucocyte Antigen) et d'un gène du complexe CMH (Complexe Majeur d'Histocompatibilité)
- séquences de gènes codant pour une enzyme impliquée dans la synthèse de NAD (Nicotinamide Adénine Dinucléotide)
- séquences peptidiques de la cytochrome oxydase II (cytoxydase), enzyme impliquée dans la respiration mitochondriale
- séquences peptidiques de la NADH déshydrogénase enzyme impliquée dans le métabolisme

Activités et déroulement des activités	Capacités	Barème
1- <b>Ouvrir</b> avec le logiciel PHYLOGENE la collection « Archontes » (Primates). Utiliser les fonctionnalités du logiciel pour <b>construire une matrice</b> taxons-caractères des données anatomiques permettant de préciser les relations de parenté de l'Homme avec le Chimpanzé, le Gorille, l'Orang-outan, et le Gibbon (groupe d'étude). Le Tupaïe sera présent dans la matrice mais n'appartient pas au groupe d'étude. Aucun arbre n'est attendu. <b>Appeler l'examineur pour vérification à l'écran</b>	<b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b>	<b>3</b>
- <b>Polariser</b> les caractères <b>et coder</b> leurs états en utilisant les fonctionnalités du logiciel (le Tupaïe possède tous les caractères à l'état primitif). <b>Appeler l'examineur pour vérification à l'écran</b>	<b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b>	<b>2</b>
2- <b>Montrer</b> , à partir des résultats obtenus à la question précédente, l'utilité des données moléculaires pour préciser les degrés de parenté entre les espèces du groupe d'étude.	<b>Comprendre la manipulation</b>	<b>1</b>
3- <b>Ouvrir</b> avec le logiciel ANAGENE le fichier « seq-adn-prot.edi » situé dans le répertoire « sauve » puis <b>choisir toutes les séquences utilisables</b> pour <b>préciser</b> les relations de parenté de l'Homme avec ces espèces. <b>Justifier</b> , sur la fiche réponse - candidat, ces choix de séquences. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Appliquer une démarche explicative</b>	<b>2</b>
4- <b>Sélectionner et traiter pour comparer</b> successivement les lots de séquences choisies. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b>	<b>5</b>
5- <b>Présenter</b> sous forme d'un tableau, sur la fiche réponse – candidat les comparaisons en pourcentage, pour les lots de molécules choisies. Pour obtenir ces valeurs, <b>utiliser</b> une des fonctionnalités du logiciel <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Représenter des données sous forme d'un tableau</b> <b>Utiliser un logiciel de traitement de données</b>	<b>4</b> <b>1</b>
6- <b>Identifier</b> , sur la fiche réponse, les 2 espèces qui apparaissent les plus proches de l'Homme, en argumentant vos choix.	<b>Appliquer une démarche explicative</b>	<b>2</b>