

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

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. Pour cela, on utilise des données anatomiques et on effectue des comparaisons moléculaires (séquences nucléotidiques de gènes codant pour des molécules homologues).

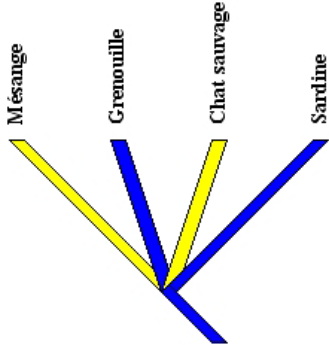
Matériel :

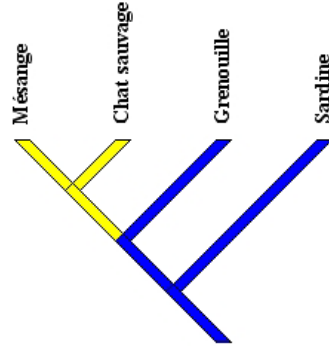
- logiciel PHYLOGENE (avec le fichier images Archont.phg),
- fiche technique d'utilisation du logiciel PHYLOGENE,
- logiciel ANAGENE avec le fichier « seq-ADN.edi » dans le répertoire « sauve » qui comporte les séquences suivantes :
 - séquences d'une portion d'un gène du complexe CMH (Complexe Majeur d'Histocompatibilité),
 - séquences d'une portion d'un gène du complexe HLA (Human Leucocyte Antigen),
 - séquences de gènes codant pour une enzyme impliquée dans la synthèse de NAD (Nicotinamide Adénine Di nucléotide),
- fiche technique d'ANAGENE.

Activités et déroulement des activités	Capacités et principaux critères d'évaluation	Barème
1- En utilisant uniquement les données anatomiques et les fonctionnalités du logiciel PHYLOGENE, préciser les relations de parenté entre l'Homme, le Chimpanzé, le Gorille, l'Orang-outan et le Gibbon. Appeler l'examineur pour vérification	Utiliser un logiciel	5
2- On s'intéresse ensuite aux données moléculaires. Ouvrir le fichier « seq-ADN.edi » situé dans le répertoire « sauve » du logiciel ANAGENE et choisir les séquences utiles pour préciser les relations de parenté entre l'Homme et les vertébrés précédents.	Utiliser un logiciel	2
3- Justifier ce choix de séquences.	Adopter une démarche explicative	2
4- Traiter les séquences à l'aide du logiciel afin de répondre au sujet. Appeler l'examineur pour vérification	Utiliser un logiciel	4
5- Construire un tableau des différences entre l'Homme et les différentes espèces sélectionnées en prenant l'Homme comme référence. Les informations sur chaque séquence sélectionnée sont fournies par le logiciel.	Représenter des données sous forme d'un tableau	5
6- Indiquer les trois espèces qui apparaissent les plus proches de l'Homme en justifiant votre choix.	Adopter une démarche explicative	2








LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

1 – Construire une matrice de caractères	Exemple de matrice de caractères																									
<p>Ouvrir un <i>fichier image</i>. Cliquez sur <i>construire</i>. Sélectionner les espèces en cliquant sur chacune d'elles. Un nouveau clic sur la figure enlève l'espèce de la sélection. Choisir les caractères dans le menu déroulant. Remplir le tableau en cliquant dans chacune des cases et en utilisant les informations qui apparaissent en bas, à droite de l'écran. Vérifier votre tableau. Corriger si nécessaire.</p>	<table><tr><th></th><th>Amnios</th><th>Placenta</th><th>Doigts</th><th>Pièces basales</th></tr><tr><td>Mésange</td><td>présent</td><td>absent</td><td>présents</td><td>une</td></tr><tr><td>Grenouille</td><td>absent</td><td>absent</td><td>présents</td><td>une</td></tr><tr><td>Chat sauvage</td><td>présent</td><td>présent</td><td>présents</td><td>une</td></tr><tr><td>Sardine</td><td>absent</td><td>absent</td><td>absents</td><td>nombreuses</td></tr></table>		Amnios	Placenta	Doigts	Pièces basales	Mésange	présent	absent	présents	une	Grenouille	absent	absent	présents	une	Chat sauvage	présent	présent	présents	une	Sardine	absent	absent	absents	nombreuses
	Amnios	Placenta	Doigts	Pièces basales																						
Mésange	présent	absent	présents	une																						
Grenouille	absent	absent	présents	une																						
Chat sauvage	présent	présent	présents	une																						
Sardine	absent	absent	absents	nombreuses																						

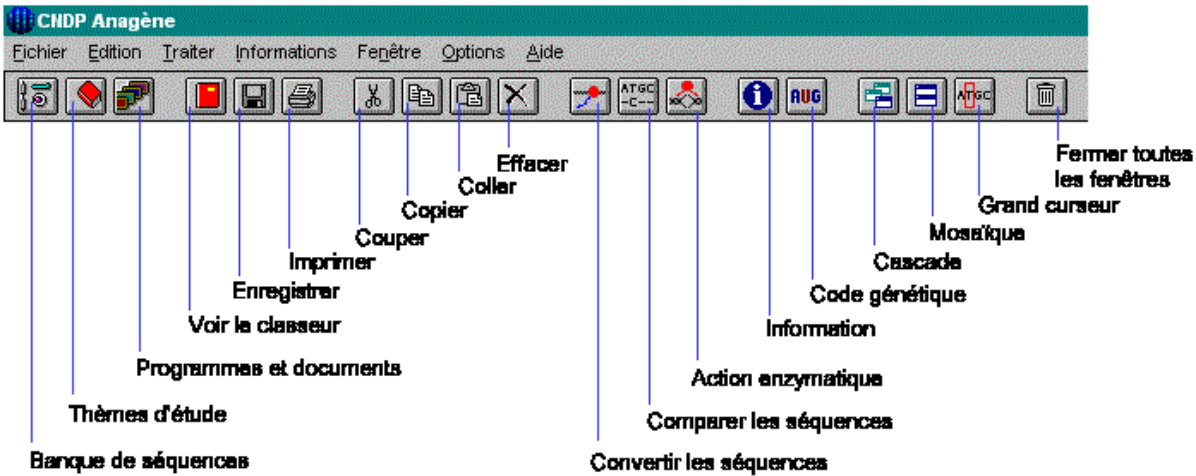

2 – Afficher l'arbre brut	Arbre brut
<p>Cliquez sur <i>Arbre</i>. La seule hypothèse de départ est que toutes les espèces choisies ont une origine commune (un même ancêtre commun). En cliquant sur un caractère dans la matrice, un code couleur apparaît : <ul style="list-style-type: none"> - Bleu : absence (le plus souvent état primitif) - Jaune : présence (le plus souvent état dérivé) </p> <p>Ci-contre le caractère amnios a été sélectionné.</p>	

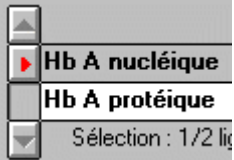
3 – Déplacer les branches de l'arbre	Arbre traité
<p>Cliquez sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris. Sans lâcher ce bouton, déplacez la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite. Si le branchement est possible, un doigt pointé apparaît.</p>	

Les outils pour la construction d'un arbre phylogénétique

	Annule les opérations réalisées (une par une).
	Zoom avant et zoom arrière.
	Affichage des légendes sur chaque branche (état du caractère) sous forme de texte par défaut.
	Permet de réarranger les branches de l'arbre et l'affichage du code couleur.
	Enracinement : cliquez sur cette icône, puis placez-vous sur une branche (ou sur un nœud) et cliquez à nouveau. L'arbre est alors enraciné sur le taxon choisi.
	Permutation des branches autour d'un nœud. Cliquez sur cette icône, puis placez-vous au niveau d'un nœud et cliquez à nouveau.
	Annule toutes les opérations. Retour au point de départ (origine commune à tous les taxons).

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

Les icônes de la barre d'outils	Les bulles d'aide
 <p>CHNDP Anagène</p> <p>Fichier Edition Traiter Informations Fenêtre Options Aide</p> <p>Thèmes d'étude Banque de séquences Programmes et documents Voir la classeur Enregistrer Imprimer Couper Copier Effacer Coller Convertir les séquences Comparer les séquences Action enzymatique Code génétique Information Cascade Mosaïque Grand curseur Fermer toutes les fenêtres</p>	 <p>Pour vous aider, une bulle d'aide 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"> - Banque de séquences - Thèmes d'étude - Programmes et documents <p>ou par Fichier/ Ouvrir</p>	 <p>Le bouton de sélection affiche une flèche rouge. Cliquez sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. Elle est qualifiée de ligne pointée.</p>

Traiter une séquence	Comparer des séquences
<p>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.</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. La comparaison simple est utilisée pour comparer deux allèles d'un même gène ou des séquences homologues.</p>
<p>Informations sur la séquence sélectionnée</p> <p>Utiliser le menu <i>informations / informations sur la ligne pointée</i> pour obtenir des informations sur la séquence sélectionnée par rapport à la séquence choisie comme référence.</p> <p>ATTENTION : la séquence de référence est toujours placée en premier. Les flèches permettent de déplacer la séquence sélectionnée (vers le haut, vers le bas).</p>	

