

## LIENS DE PARENTE ET DONNEES MOLECULAIRES

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 des séquences nucléotidiques et peptidiques. On dispose des séquences nucléotidiques de gènes codant pour des molécules homologues et des séquences peptidiques de protéines homologues.

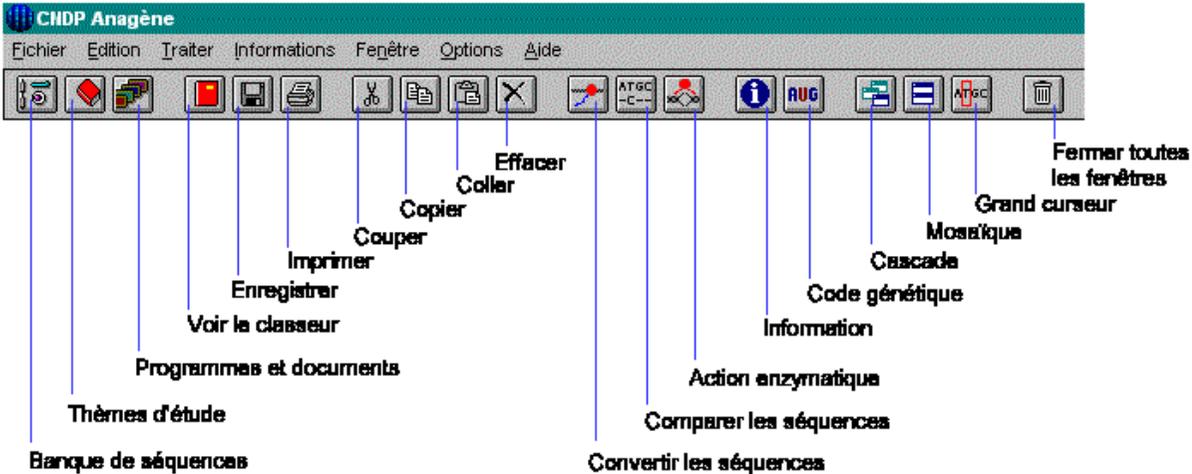
#### Matériel :

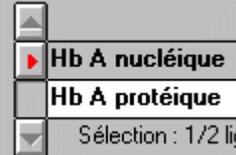
logiciel ANAGENE avec le fichier « seq-mol.edi » dans le répertoire « sauve » qui comporte les séquences :

- d'une portion d'un gène du complexe CMH ( Complexe Majeur d'Histocompatibilité),
- d'une portion d'un gène du complexe HLA (Human Leucocyte Antigen),
- de gènes codant pour une enzyme impliquée dans la synthèse de NAD (Nicotinamide Adénine Di nucléotide),
- peptidiques de globine gamma (une chaîne peptidique d'une hémoglobine impliquée dans le transport du dioxygène),
- d'un cytochrome C (transporteur d'électrons impliqué dans la respiration).

Activités et déroulement des activités	Capacités et principaux critères d'évaluation	Barème
1- <b>Ouvrir</b> le fichier « seq-mol.edi » dans le répertoire « sauve » et <b>choisir</b> , parmi les séquences proposées, les séquences peptidiques et nucléotidiques utiles pour préciser la parenté de l'Homme avec d'autres vertébrés. Indiquez les espèces que vous sélectionnez. <b>Appeler l'examineur pour vérification</b>	<b>Utiliser un logiciel</b> pour sélectionner des séquences.	3
2- <b>Justifier</b> le choix des séquences.	<b>Adopter une démarche explicative.</b>	2
3- <b>Traiter</b> les séquences nucléotidiques d'une part et peptidiques d'autre part, à l'aide du logiciel, afin de répondre au sujet et en prenant l'Homme comme référence. <b>Appeler l'examineur pour vérification de la démarche.</b>	<b>Utiliser un logiciel</b>	6
4- <b>Construire</b> , sur la fiche réponse, un tableau quantifiant les différences entre les molécules des espèces sélectionnées et celles de l'Homme, pour chacun des deux types de séquences.	<b>Représenter des données sous forme d'un tableau.</b>	6
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

Les icônes de la barre d'outils	Les bulles d'aide
 <p>CHDP Anagène 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 Coller Effacer Grand curseur Mosaïque Code génétique Information Action enzymatique Comparer les séquences Convertir les séquences</p>	 <p>Convertir les séquences 20 30</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>- <b>Banque de séquences</b></li> <li>- <b>Thèmes d'étude</b></li> <li>- <b>Programmes et documents</b></li> </ul> <p>ou par <b>Fichier/ Ouvrir</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.</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 <b>séquence référence</b> sera toujours <b>placée en premier</b>.</p>
<p><b>Informations sur la séquence sélectionnée</b></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><b>ATTENTION : la séquence de référence est toujours placée en premier.</b> Les flèches permettent de déplacer la séquence sélectionnée (vers le haut, vers le bas).</p>	<p>La <b>comparaison simple</b> est utilisée pour comparer deux allèles d'un même gène ou des séquences homologues.</p>

