

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).



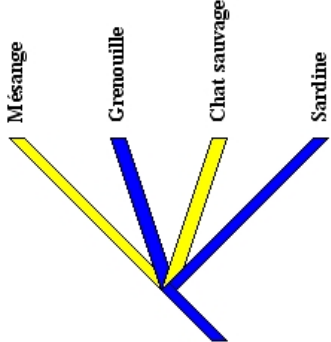



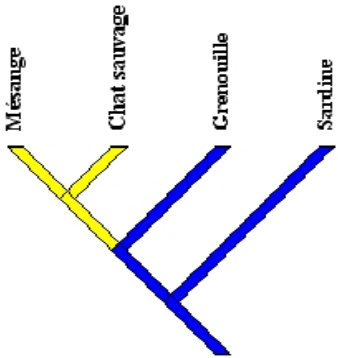

On cherche à préciser la parenté de l'Homme avec quelques autres vertébrés.

Matériel :

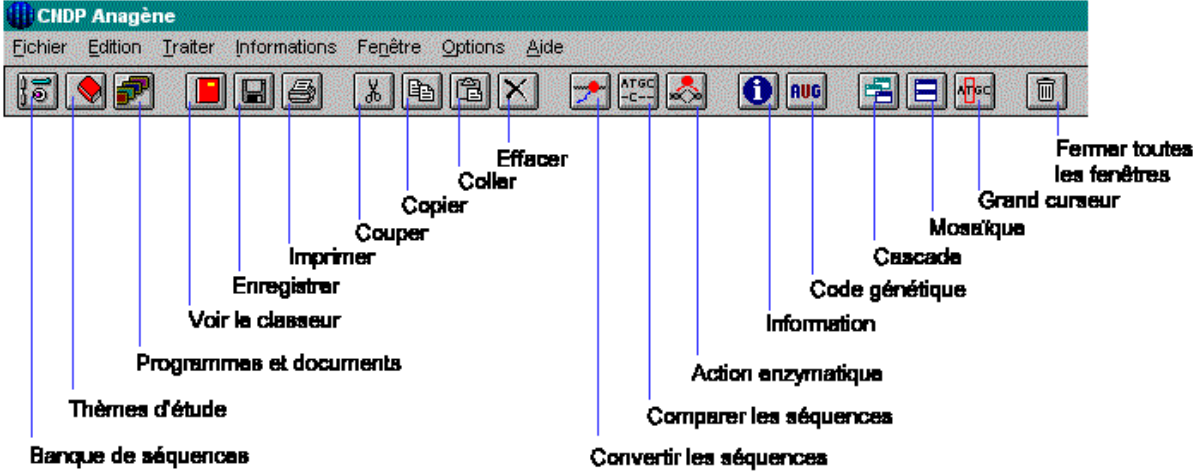
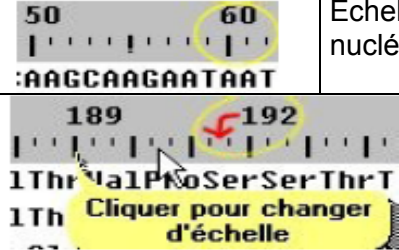

- logiciel PHYLOGENE (avec le fichier images « archont.phg »),
- fiche technique d'utilisation du logiciel PHYLOGENE,
- logiciel ANAGENE avec le fichier « seq-ADN.edi » dans le répertoire « sauve » qui comporte les séquences suivantes :
 - séquences d'une portion d'un gène du complexe CMH (Complexe Majeur 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,
- fiche réponse - candidat.

Activités et déroulement des activités	Capacités	Barème
1- Ouvrir avec le logiciel PHYLOGENE le fichier images « archont.phg ». Traiter uniquement des données anatomiques sélectionnées à l'aide des fonctionnalités du logiciel, pour tenter de préciser les relations de parenté entre l'Homme, le Chimpanzé, le Gorille, l'Orang-outan et le Gibbon (répondre sur la fiche réponse - candidat). Montrer que les seules données anatomiques sont insuffisantes. Appeler l'examineur pour vérification	Utiliser un logiciel de traitement de données	3
<i>On s'intéresse ensuite aux données moléculaires</i>	Comprendre la manipulation	1
2- Ouvrir le fichier « seq-ADN.edi » situé dans le répertoire « sauve » du logiciel ANAGENE puis choisir et sélectionner les séquences utiles pour préciser les relations de parenté entre l'Homme et les vertébrés précédents. Appeler l'examineur pour vérification	Utiliser un logiciel de gestion de données	3
3- Justifier , sur la fiche réponse, ce choix de séquences.	Appliquer une démarche explicative	2
4- Traiter les séquences à l'aide du logiciel, en prenant l'Homme comme référence, afin de préciser les relations de parenté. Appeler l'examineur pour vérification	Utiliser un logiciel de traitement de données	4
5- Construire , sur la fiche réponse, un tableau quantifiant les différences entre les molécules des différentes espèces sélectionnées et celles de l'Homme.	Représenter des données sous forme d'un tableau	4
6- Indiquer , sur la fiche réponse, les trois espèces qui apparaissent les plus proches de l'Homme en justifiant votre choix.	Appliquer une démarche explicative	2
7- Fermer les logiciels en fin d'épreuve.	Gérer et organiser le poste de travail	1

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

Construire une matrice de caractères	Exemple de matrice de caractères	Déplacer les branches de l'arbre brut	Arbre brut traité																									
<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.</p>	<table border="1"> <thead> <tr> <th></th> <th>Amnios</th> <th>Placenta</th> <th>Doigts</th> <th>Pièces basales</th> </tr> </thead> <tbody> <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> </tbody> </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	<p>Cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris. Sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite. Si le branchement est possible, un doigt pointé apparaît. Si on ne peut faire le branchement souhaité directement, faire un branchement provisoire sur une branche latérale puis faire le branchement souhaité.</p>	
	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																								
<p>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>		<p> Annule les opérations réalisées (une par une).</p>																										
<p>Afficher l'arbre brut</p>	<p>Arbre brut</p>	<p> Zoom avant et zoom arrière.</p>																										
<p>Cliquez sur le menu Arbre : un arbre brut apparaît. La seule hypothèse de départ est que toutes les espèces choisies ont une origine commune (un même ancêtre commun). Toutes les branches sont réunies. En cliquant sur un caractère dans la matrice, un code couleur apparaît :</p>		<p> Affichage des légendes sur chaque branche (état du caractère) sous forme de texte par défaut.</p> <p> Permet de réarranger les branches de l'arbre et l'affichage du code couleur.</p> <p> Permutation des branches autour d'un nœud. Cliquez sur cette icône puis se placez au niveau d'un nœud et cliquez à nouveau.</p>																										
<ul style="list-style-type: none"> - Bleu : état 1 (par exemple absence - le plus souvent état primitif) - Jaune : état 2 (par exemple présence - le plus souvent état dérivé) 	<p>Ci-dessus le caractère amnios a été sélectionné.</p>	<p> Annule toutes les opérations. Retour au point de départ (origine commune à tous les taxons). <i>Un clic droit sur cette partie d'écran permet de choisir l'affichage des longueurs des arbres (nombre de changements qu'ils supposent).</i></p>																										

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

Les icônes de la barre d'outils		Numérotation des éléments d'une séquence	
			
		<p>Echelle de repérage des nucléotides</p> <p>Attention au décalage des numéros</p> <p>On passe de l'échelle numérotant les nucléotides à celle des acides aminés en cliquant sur l'échelle.</p>	
		<p>Bulles d'aide</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/ sauve</p>		 <p>Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. On peut sélectionner plusieurs séquences.</p> <p>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.</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. Les flèches grises haut-bas permettent de placer la séquence de référence.</p> <p>On peut effectuer :</p> <ul style="list-style-type: none"> - une comparaison par alignement qui permet de comparer avec discontinuités, en éliminant les décalages résultant de délétion(s) ou d'insertion(s),. - une comparaison simple, point par point des séquences sans aucun alignement. <p>Attention : les valeurs affichées sont soit des ressemblances, soit des différences</p>	
Informations sur la ou les séquence(s) sélectionnée(s)			
<p>Utiliser le menu <i>informations</i> / sur la <i>ligne pointée</i> pour obtenir des informations sur la sélection : soit d'une ligne, soit de toutes les lignes en cliquant d'abord devant « traitement ».</p>			
Créer des séquences			
<p>Ouvrir le menu Fichier Sélectionner « créer » puis choisir le type de séquence et lui donner un nom. Taper ou choisir votre séquence dans la fenêtre d'édition de séquences.</p>			
<p>ATTENTION : pour comparer, la séquence de référence est toujours celle qui est placée en premier.</p>			

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

Etablissement :

Classe :

Nom :

Prénom :

A rendre à l'issue de l'épreuve - Utiliser le verso si nécessaire

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

Capacités et critères d'évaluation (en gras, évaluation pendant la séance)	Barème	Nom des élèves			
1. Utiliser un logiciel (PHYLOGENE) : - construire le tableau des caractères anatomiques (régime alimentaire et structure sociale non inscrites) - afficher l'arbre	2 1				
Comprendre la manipulation - les quatre espèces sont enracinées au même endroit ; - les caractères sélectionnés ne permettent pas de préciser les relations de parenté.	1				
2. Utiliser un logiciel (ANAGENE) : - affichage des séquences de la NAD uniquement ; - affichage de tous les vertébrés présents.	3				
3. Appliquer une démarche explicative - molécules homologues seules comparables.	2				
4. Utiliser un logiciel (ANAGENE) - traitement choisi : comparaison (simple ou avec discontinuité acceptée) ; - séquence de référence NAD Homme.	2 2				
5. Représenter des données sous forme d'un tableau - utiliser la fonction « information sur la ligne pointée » ; - tableau des différences entre séquences correctement conçu (tableau à double entrée) et avec un titre pertinent ; <i>accepter tableau des ressemblances si raisonnement exact.</i> - exactitude des valeurs (aucune erreur tolérée).	1 2 1				
6. Appliquer une démarche explicative - choix correct ; - plus son degré de différence est élevé, plus une espèce est éloignée de l'Homme.	2				
7. Gérer et organiser le poste de travail - logiciels fermés en fin d'épreuve.	1				
Note	/20				

LIENS DE PARENTE CHEZ LES VERTEBRES

La banque fournie pour ce sujet est seq-ADN.edi.

Pour l'intégrer à ANAGENE, il faut recopier le fichier « seq-ADN.edi.» du CDROM dans le répertoire « sauve » d'ANAGENE.

Dans ce sujet, la fiche technique ne doit pas être modifiée.

Consignes pour l'évaluation

Attention : lorsqu'on choisit la comparaison simple, les informations données sur les séquences sont exprimées en pourcentages de différence alors que si la comparaison a été faite par alignements avec discontinuités, ce sont les pourcentages d'identité qui sont donnés.

- Ne pas pénaliser un élève qui exprimerait la comparaison des molécules en pourcentages de ressemblance et dont le raisonnement serait juste ;
- à l'issue de la question 1 si l'élève n'a pas réussi, il peut passer à la suite puisqu'il utilise un autre logiciel mais il n'a pas de points pour le 1 ;
- si l'élève ne fait pas les bons choix à la question 2, l'évaluateur lui propose les bonnes séquences afin qu'il puisse continuer son épreuve mais il n'obtient pas de points à la question 2 ni à la question 3 (justification du choix) ;
- de même, s'il ne parvient pas à répondre à la question 4, l'évaluateur lui affiche le traitement des séquences à l'écran et n'attribue pas les points.

Ce sujet ne doit pas être choisi si les élèves n'ont pas préalablement été familiarisés avec l'utilisation d'ANAGENE et PHYLOGENE.

Prescriptions (oui-non)			Autorisations (oui-non)	
Blouse	Gants	Lunettes de protection	Calculatrice	Papier brouillon
Non	Non	non	non	Fourni par l'établissement