

## Fiche de présentation

Classe : <b>Terminale</b>	Enseignement : <b>Chimie-biochimie-sciences du vivant</b>
---------------------------	-----------------------------------------------------------

THEME du programme : <b>5</b>	Sous-thème : <b>5-1</b>
-------------------------------	-------------------------

### **Les organismes vivants sont divers mais apparentés**

#### **Extrait du BOEN**

<b>Connaissances</b>	<b>Capacités</b>
La biodiversité est le témoin d'une évolution toujours en cours. Les organismes vivants peuvent être positionnés sur un <b>arbre phylogénétique</b>	Exploiter des ressources documentaires pour : <ul style="list-style-type: none"><li>• relier biodiversité et génomes</li><li>• construire ou analyser des arbres phylogénétiques simples</li></ul>

#### **Compétences transversales et attitudes**

- *rechercher, extraire et organiser l'information utile,*
- *manipuler, exploiter des résultats, appliquer des consignes,*
- *présenter la démarche suivie, exprimer les résultats obtenus, communiquer à l'aide d'un langage adapté, à l'écrit comme à l'oral.*

#### **Type de ressource**

- *Banque de données.*

#### **Résumé du contenu de la ressource (et conditions de mise en œuvre si besoin)**

Les génomes des espèces sont des archives. Ils permettent d'imaginer les événements génétiques moléculaires de l'évolution qui ont conduit à des innovations, à leur diversification et à leur complexification (familles multigéniques, gènes chimères...). Ces innovations génétiques sont aléatoires ; leur nature ne dépend pas des caractéristiques du milieu. L'évolution des génomes résulte d'un bricolage moléculaire qui a conduit à faire du neuf avec du vieux.

#### ***Piste d'exploitation pédagogique des données fournies :***

Utilisation du logiciel Anagène et de banques de données permettant la comparaison de séquences nucléotidiques et protéiques : comparaison de différents allèles d'un gène, comparaison des gènes d'une famille multigénique (gènes CDC2, gènes homéotiques, globines alpha et bêta, etc.).

L'intérêt du choix de certaines séquences dans cette banque de données est basé sur le fait que ces mêmes exemples peuvent être à nouveau utilisés dans la suite de la progression pour la construction des arbres phylogénétiques.

Mots clés de recherche : Index anagène phylogène biodiversité phylogénétique

Provenance : Académie de Limoges

Adresse du site académique : <http://www.ac-limoges.fr/>

## Ressource :

Site web de l' équipe « Actualisation Continue des Connaissances des Enseignants en Sciences » :  
Access.inrp

Adresse du site : <http://aces.inrp.fr/evolution/logiciels/anagene/sequences/index-anagene-phylogene>

Le choix des molécules permet de rechercher les relations de parenté au sein d'ensembles plus ou moins étendus. Ainsi, le gène **CDC2** qui code pour un polypeptide jouant un rôle majeur dans la réalisation du cycle cellulaire peut être utilisé pour les **relations de parenté au sein des eucaryotes**. Les **gènes homéotiques** permettent de rechercher les parentés chez les **métazoaires bilatéraux**. Les gènes codant pour les **globines alpha et bêta** se prêtent à l'établissement de **phylogénies chez les Vertébrés**.

### Exemple : utilisation du gène CDC2.

Le gène *cdc2* (*cell division cycle*), chez la Levure, ou *cdk1* (*cyclin dependant kinase*), chez les Vertébrés, code pour une protéine kinase cycline dépendante, c'est-à-dire qui a besoin, pour être activée, de se lier à une cycline.

Il est présent chez tous les Eucaryotes et il a été isolé et séquencé chez de nombreux organismes unicellulaires ou pluricellulaires. L'homologie est très importante entre tous ces gènes.

D'autre part, des expériences de transgénèse ont montré que le gène *cdc2* d'une espèce, transféré dans une cellule d'une autre espèce, peut y régir le cycle cellulaire : ainsi, des Levures thermosensibles de la souche *Schizosaccharomyces Pombe* dans lesquelles on a transféré le gène *cdc2* humain deviennent capables de se diviser à des températures élevées.

Ces observations et expériences sont en faveur d'une origine commune et ancienne des mécanismes de contrôle du cycle cellulaire et mettent en évidence la grande unité du monde vivant.

Les travaux sur le gène **CDC2** et sur les autres gènes régulateurs du cycle cellulaire ont valu à P. Nurse, L. Harwell et T. Hunt le prix Nobel de médecine 2001.

### ***Pistes d'exploitation pédagogique des données fournies :***

Les données moléculaires peuvent être utilisées pour établir des relations de parenté entre les êtres vivants.

Ces données s'avèrent bien utiles, notamment quand les autres types de données (anatomiques, morphologiques ou embryologiques) ne sont pas utilisables ; c'est le cas notamment lorsque l'on veut préciser des relations de parenté entre des organismes très différents.

Le gène **CDC2** est présent chez tous les organismes eucaryotes, et l'utilisation de données relatives à cet exemple sensibilise à l'idée que les mécanismes fondamentaux de la vie cellulaire sont partagés par tous les organismes eucaryotes.

La présence du gène **CDC2** chez tous ces êtres vivants traduit une origine commune.

Exemple : utilisation des gènes homéotiques.

Les gènes homéotiques ne se ressemblent qu'au niveau des homéoboîtes codant pour les homéodomaines protéiques.

Cette similitude de séquences suggère une origine commune, c'est-à-dire une séquence ancestrale commune, donc une origine commune pour les êtres vivants qui les possèdent, c'est-à-dire l'Homme, la Souris, le Xénope, la Drosophile, la Sacculine et le Dicyemie.

***Pistes d'exploitation pédagogique des données fournies :***

L'exploitation des données sur les homéoboîtes et les homéodomaines des gènes homéotiques permet d'aborder la notion d'unité du vivant et d'établir des relations de parenté entre certains organismes. Ainsi, des parentés pourront être établies entre des organismes très différents tels un Vertébré, un Arthropode, un Crustacé ou un Ver parasite, alors que les données anatomiques et morphologiques étaient difficilement utilisables.

Exemple : utilisation des globines alpha et bêta.

Tous les Vertébrés à l'exception des Lamproies et Myxines possèdent au moins deux gènes de globine : le gène bêta et le gène alpha. Les protéines d'alpha globine et de bêta globine constituant les molécules d'hémoglobine ont la même fonction chez tous : la fixation et le transport de dioxygène. Toutes les molécules de bêta globine des Vertébrés sont homologues ; il en est de même des molécules d'alpha globine.

***Pistes d'exploitation pédagogique des données fournies :***

Les parentés entre les Vertébrés peuvent être établies à partir des séquences nucléiques et/ou protéiques.

Les données fournies permettent de préciser les parentés entre quelques Vertébrés appartenant à différents groupes à partir de données moléculaires.