

Comparaison simple

	222	230	240	250	260	270	280	290	300	310	320
Traitement	0										
acod.adn	0	AAGGTGCTGACACCGTGGGAGGATGTCCTCGTGGTGACCCCTTGGCTGGCTCCCATTGTCTGGGAGGGCACATTCAACATCGACATCCTCAACGAGCAG									
bcod.adn	0	-----									
ocod.adn	0						AC	T-G-CTG-CTC	AT-GTCTG-AG	CACAT-CA-CATCGACATC-TCA-CGAGCAGT	

Sélection : 0/4 lignes

TP12 Biodiversité au sein d'une espèce, les mutations à l'origine des allèles

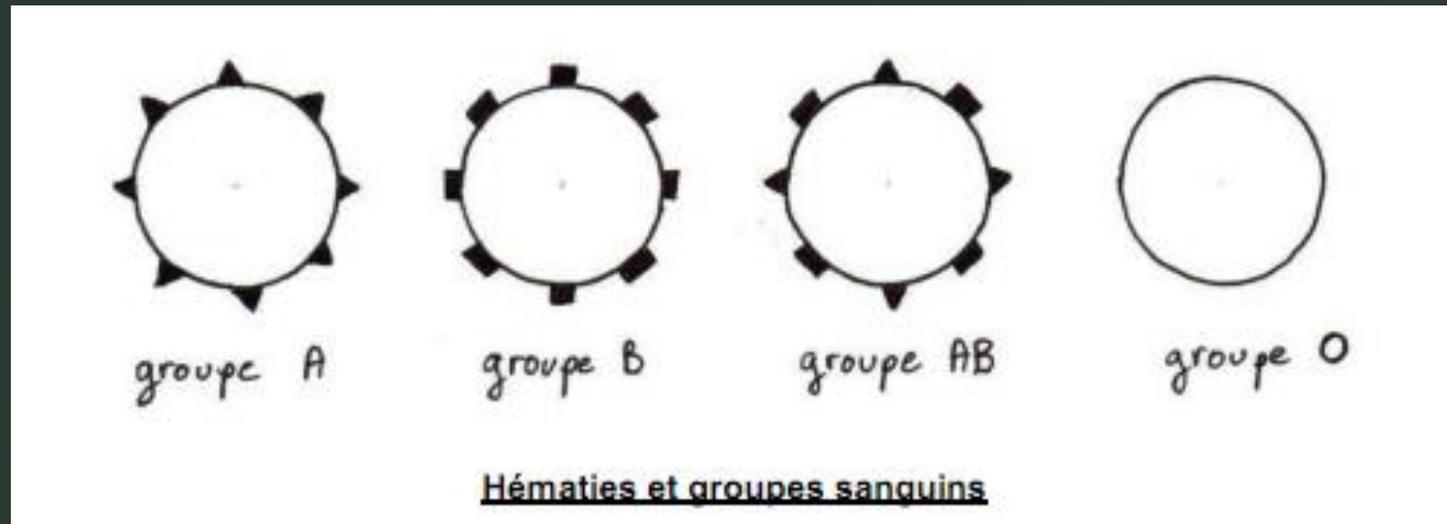


Frottis sanguin observé au MO X600 après coloration.

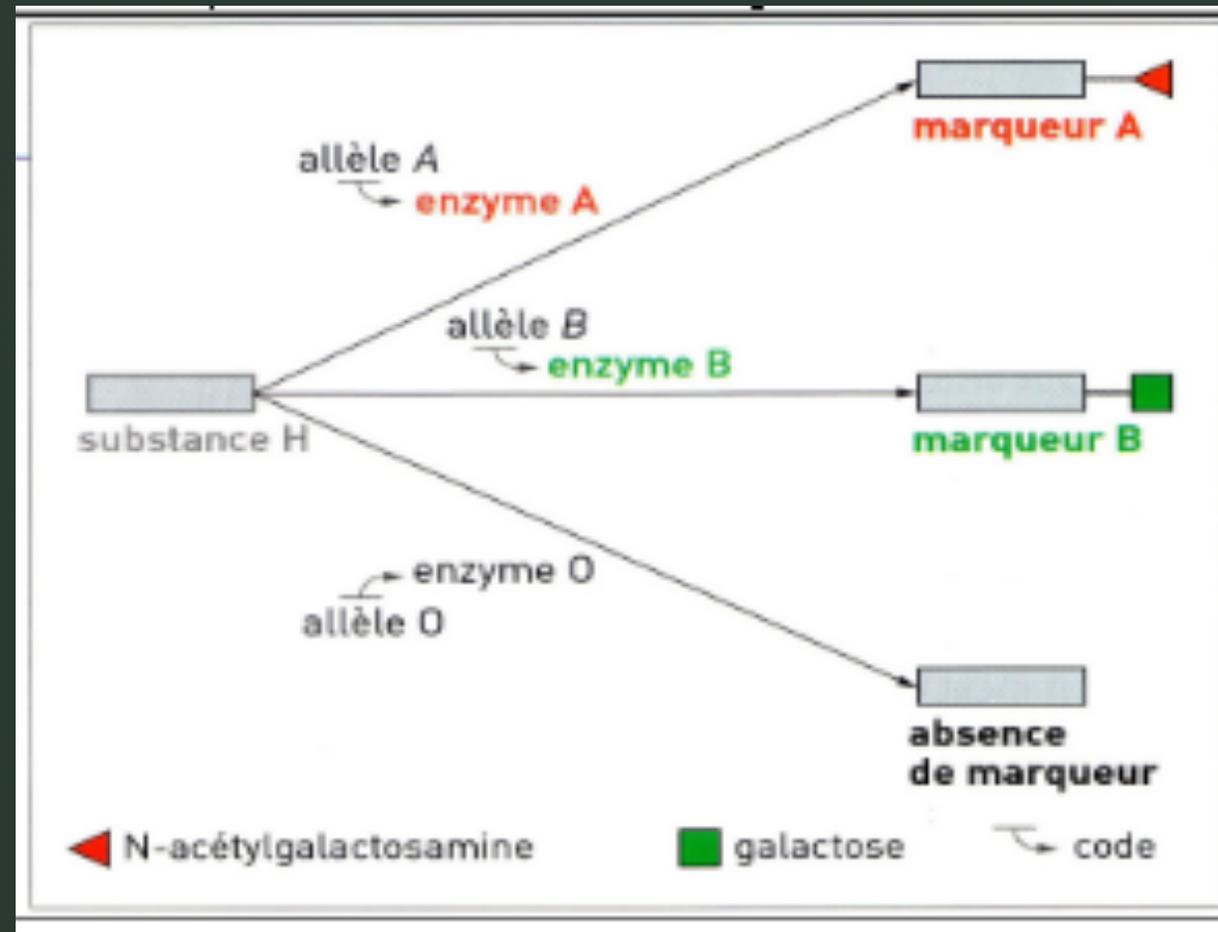


- ATTENTION: les marqueurs ABO ne sont pas visibles au MO! Ce sont des molécules....
- NB au centre 2 globules blancs

- un individu de groupe sanguin A présente à la surface de ses hématies des marqueurs de type A
- un individu de groupe sanguin B présente à la surface de ses hématies des marqueurs de type B
- un individu de groupe sanguin AB présente à la surface de ses hématies des marqueurs de type A et des marqueurs de type B
- un individu de groupe sanguin O ne présente aucun marqueur à la surface de ses hématies.



Un gène humain, 3 allèles humains codant 3 protéines (enzymes) humaines différentes



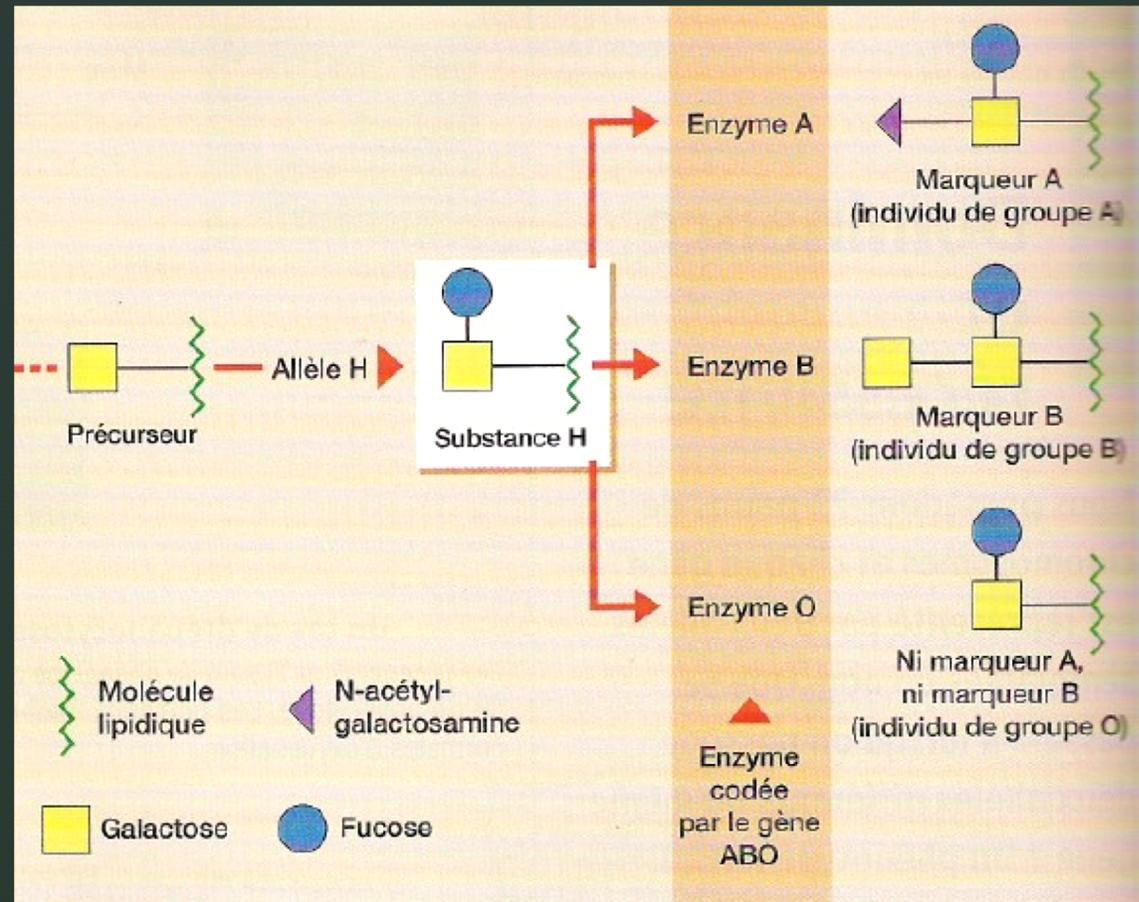
Comparaison des séquences nucléotidiques de 3 allèles d'un même gène, avec le logiciel Anagène

The screenshot displays the Anagène software interface, which is used for sequence alignment and comparison. The main window is titled "CNDP-INRP Anagène (usage réservé à l'acquéreur)".

The interface is divided into several sections:

- Affichage des séquences:** This section shows a sequence alignment of three alleles: `acod.adn`, `bcod.adn`, and `ocod.adn`. The alignment is displayed over a range of positions from 0 to 90. The sequences are identical in this region: `0 ATGGCCGAGGTGTTGCGGACGCTGGCCGGAAAACCAAATGCCACGCACTTCGACCTATGATCCTTTTCCTAATAATGCTTGTCTTGGTCTTGTGGT`.
- Comparaison simple:** This section shows a simple comparison of a specific region (positions 222 to 320). The alignment is displayed over a range of positions from 222 to 320. The sequences are: `Traitement` (0), `acod.adn` (0 AAGGTGCTGACACCGTGGAAAGGATGTCTCGTGGTGACCCCTTGGCTGGCTCCCATTGTCTGGGAGGGCACATTCAACATCGACATCCTCAACGAGCAG), `bcod.adn` (0), and `ocod.adn` (0 -----AC---T-G-CTG-CTC--AT-GTCTG--AG--CACAT-CA-CATCGACATC-TCA-CGAGCAGT).

Les groupes sanguins A, B et O



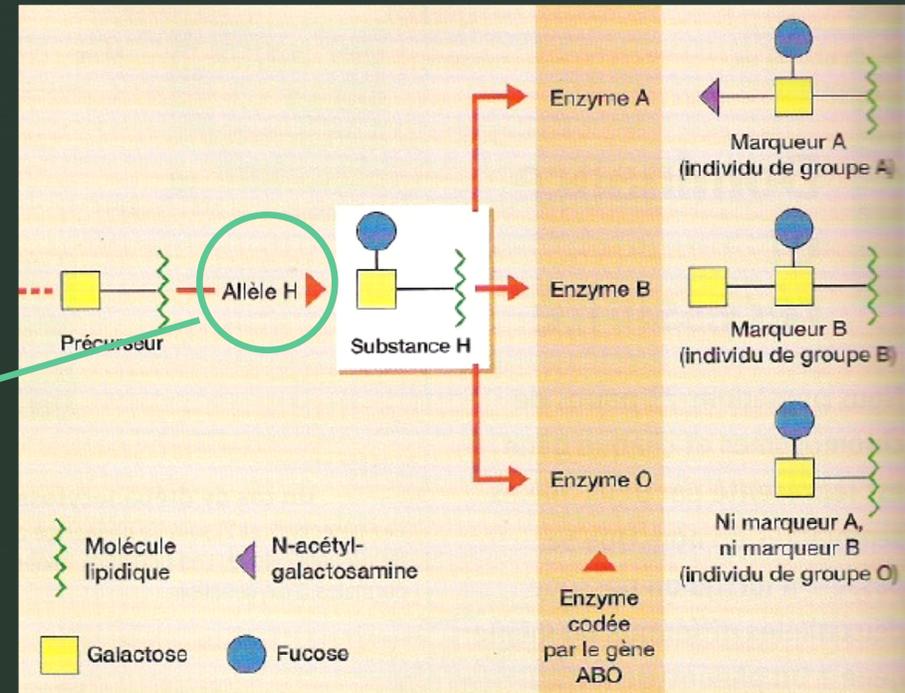
6 Les groupes sanguins A, B et O.

Ils sont déterminés par la présence de substances (marqueurs) situées au niveau de la membrane des hématies. La synthèse de ces marqueurs s'effectue par étapes, l'avant-dernière étape aboutissant à la formation de la substance H. La dernière étape dépend d'une enzyme, expression du gène ABO dont on connaît plusieurs allèles.

Deux allèles possibles:

H code pour une enzyme fonctionnelle

h code pour une enzyme non fonctionnelle



Un individu peut être de phénotype sanguin O, et pourtant posséder les allèles A et B, s'il est homozygote pour l'allèle récessif « défectueux » h.

Des parents de phénotype [O] peuvent donner naissance à des enfants de groupe A.

Exemple d'une mère (O//O, H//H) et d'un père (A//A, h//h)

	Génotype des gamètes de la mère (O/, H/)
Génotype des gamètes du père (A/, h/)	(A//O, H//h) [groupe A]

Ainsi des parents A//A, A//B , B//B , A//O, B//O ou O//O peuvent donner naissance à des enfants de phénotype [groupe sanguin O], s'ils sont tous les deux hétérozygotes H//h



1-B Biodiversité, résultat, étape de l'évolution

I. Les échelles de la biodiversité

A. La biodiversité à l'échelle de l'espèce

A.1. Au sein d'une espèce, les gènes peuvent présenter plusieurs versions

La définition de la notion d'espèce a pour principal critère le fait que les individus d'une même espèce peuvent se reproduire entre eux et engendrent une descendance viable et fertile.

Au sein de l'espèce humaine, il existe des marqueurs (ABO) à la surface des globules rouges. Certains Hommes sont de groupe A, d'autres B, d'autres AB, et enfin d'autres O. On connaît un gène, codant la protéine responsable de la synthèse de ces marqueurs.

Ainsi, un individu humain de phénotype [A], présente la version allélique A. Il existe donc 3 allèles différents pour le gène des groupes sanguins. Ce polyallélisme est à l'origine d'une diversité au sein de la population humaine.



Traces écrites (suite)

A.2. Les mutations sont à l'origine de nouveaux allèles

L'existence de plusieurs allèles pour un même gène est due aux mutations, changement rare, aléatoire et ponctuel de la séquence nucléotidique d'un gène, portion d'ADN. La biodiversité observée au sein de l'espèce humaine s'explique donc, entre autres, par les mutations.

Au sein de chaque espèce, la diversité des individus repose sur la variabilité de l'ADN : c'est la diversité génétique. Différents allèles d'un même gène coexistent dans une même population, ils sont issus de mutations qui se sont produites au cours des générations.