

Proposition de correction pour l'ECE : MUTATION SELECTIONNEE AU COURS DE LA DOMESTICATION DU MAIS

Étape 1 : NE PAS OUBLIER D'APPELER L'EVALUATEUR AVANT LES 40' ET SI POSSIBLE DANS LES 10 premières MINUTES POUR NE PAS PERDRE SON TEMPS SUR LE RESTE DE L'ECE.

- Ce que je dois montrer : que le caractère « glumes réduites » des maïs cultivés par l'Homme dépend d'une mutation sélectionnée au cours de la domestication et commune à tous les maïs actuels.

- Ce que je dois faire : comparer les séquences de gènes TGA1, mais aussi les séquences protéiques de TGA1, de téosinte et de maïs car cette protéine TGA1 est impliquée dans la régulation de la taille des glumes.

De plus, les protéines codées par les gènes effecteurs sont directement à l'origine des phénotypes que l'on observe chez la plante (un chaume ou des chaumes, un épi ou des épis etc...).

Afin d'observer une mutation qui soit commune à tous les maïs mais absente de toutes les téosintes, je dois donc comparer les séquences nucléotidiques et peptidiques de plusieurs individus de téosinte et plusieurs individus de maïs.

- Ce que j'attends : si je trouve une mutation qui soit identique chez tous les individus de maïs et absente chez tous les individus de téosinte alors le caractère « glumes réduites » des maïs cultivés par l'Homme dépend bien d'une mutation sélectionnée au cours de la domestication et commune à tous les maïs actuels. Sinon cette affirmation est erronée.

Proposition de correction pour l'ECE : MUTATION SELECTIONNEE AU COURS DE LA DOMESTICATION DU MAIS

Étape 2 :

Une autre manière de faire...

Génie génétique

Fichier **Affichage** Sélection Edition Action Informations Document

Séquences brutes

Choix d'affichage → globaux

par séquence

par catégorie

Afficher le décalage

<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Teosinte-ind1.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Teosinte-ind2.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Mais-ind1.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Mais-ind2.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Mais-ind3.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Mais-ind4.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Teosinte-ind3.adn	5' ATGGATT
<input checked="" type="checkbox"/>	TGA1-Teosinte-ind4.adn	5' ATGGATT

Choix d'affichage globaux

- Afficher les séquences suivant leur nature
- Toujours afficher les deux brins pour l'ADN

Afficher, si possible, pour toutes les séquences

- ADN 5'3' ou transcription inverse en ADN
- ADN Chaîne complémentaire 3'5' ou transcription inverse
- ARN ou transcription en ARN
- Protéine ou traduction en protéine

En cas de traduction, traduire

- du début au premier codon Stop
- le premier cadre de lecture ouvert (ORF)
- du début à la fin
- les cadres de lecture ouverts successifs

Afficher les Textes

OK Annuler

Proposition de correction pour l'ECE : MUTATION SELECTIONNEE AU COURS DE LA DOMESTICATION DU MAIS

Étape 2 : Puis...

The screenshot displays the 'Génie génétique' software interface. The 'Affichage' menu is open, with 'Comparaison' selected. The main window shows a sequence alignment with a cursor at position 6. A 'Séquences' dialog box is open, showing a comparison of the sequence 'TGA1-Mais-ind1.adn' against other sequences. The comparison highlights a mutation at position 6, where the sequence 'TGA1-Mais-ind1.adn' has a 'C' instead of an 'A'.

Menu Affichage options:

- Séquences brutes
- Choix d'affichage
- Comparaison
- Afficher le décalage

Main Window Information:

- Acide aminé sous le curseur : 1
- Triplet de bases sous le curseur : 1 ; 2 ; 3
- Cadre de lecture : 1

Sequence Alignment:

```
5' ATGGATTGGGATCTCAAGGCGGCGGGCGCGTGGGACCTCGCGGAGCTGGAGCAGGACCACGC
N MetAspTrpAspLeuLysAlaAlaGlyAlaTrpAspLeuAlaGluLeuGluGlnAspHisAl

5' ATGGATTGGGATCTCAAGGCGGCGGGCGCGTGGGACCTCGCGGAGCTGGAGCAGGACCACGC
N MetAspTrpAspLeuLysAlaAlaGlyAlaTrpAspLeuAlaGluLeuGluGlnAspHisAl
```

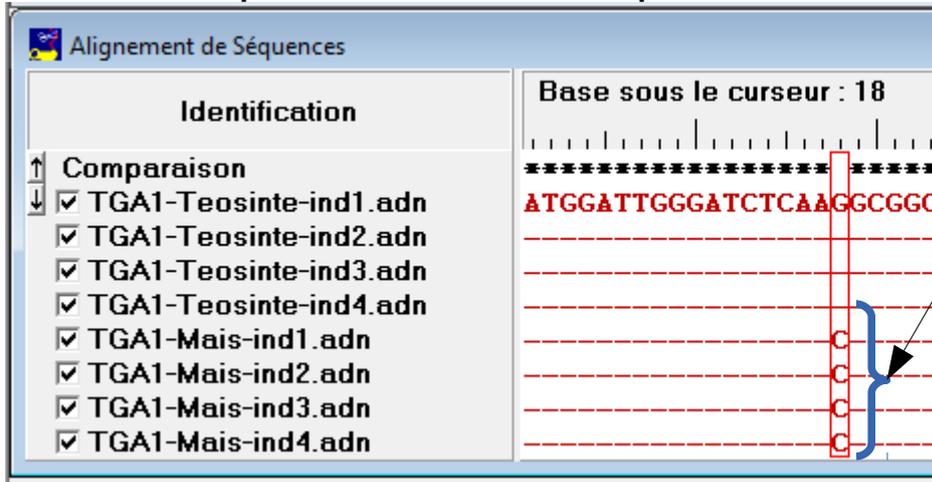
Séquences Dialog Box:

Identification	Acide aminé sous le curseur : 6	Triplet de bases sous le curseur : 16 ; 17 ; 18
<input type="checkbox"/> TGA1-Teosinte-ind1.adn	Met	CGC
<input type="checkbox"/> TGA1-Teosinte-ind2.adn	-	GC
<input type="checkbox"/> TGA1-Teosinte-ind3.adn	-	Al
<input type="checkbox"/> TGA1-Teosinte-ind4.adn	-	GC
<input type="checkbox"/> TGA1-Mais-ind1.adn	C	Al
<input type="checkbox"/> TGA1-Mais-ind2.adn	Asn	GC
<input type="checkbox"/> TGA1-Mais-ind3.adn	C	Al
<input type="checkbox"/> TGA1-Mais-ind4.adn	Asn	GC

Proposition de correction pour l'ECE : MUTATION SELECTIONNEE AU COURS DE LA DOMESTICATION DU MAIS

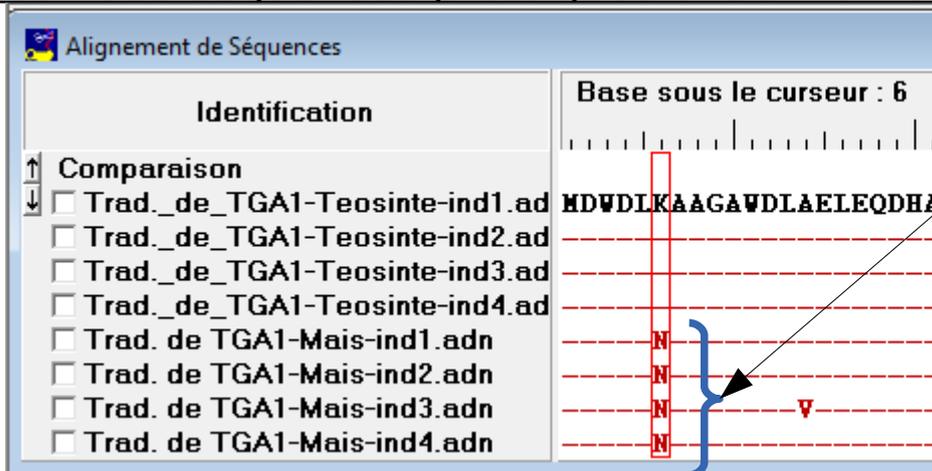
Étape 3 : PAS DE TEXTE SEUL ET AVEC DES TITRES ADAPTES !

Comparaison des séquences nucléotidiques entre individus de maïs et individus de téosinte :



Mutation en position 18 par substitution d'un nucléotide à Guanine chez les téosintes par un nucléotide à cytosine chez les maïs : mutation partagée par tous les maïs et inexistante chez tous les téosintes.

Comparaison des séquences protéiques entre individus de maïs et individus de téosinte :



Conséquence de la mutation en position 18 : en position 6 de la protéine, les téosintes présentent un acide aminé K alors que les maïs présentent un acide aminé N : acide aminé identique à la même position dans la protéine partagé par tous les maïs et différent chez tous les téosintes.

Proposition de correction pour l'ECE : MUTATION SELECTIONNEE AU COURS DE LA DOMESTICATION DU MAIS

Étape 4 : ELLE DOIT ÊTRE AU MAXIMUM CONSTRUITE

- L'étape 3 me permet de montrer que : la mutation en position 18 du gène TGA 1 est partagée par tous les maïs et inexistante chez tous les téosintes. De plus, l'acide aminé induit par cette mutation est identique, à la même position 6 dans la protéine, est partagé par tous les maïs et différent chez tous les téosintes

- Or, je sais que : le gène TGA1 code une protéine impliquée dans la réalisation du phénotype du maïs, donc tout caractère phénotypique intéressant sera sélectionné et donc le gène à l'origine de ce phénotype le sera lui aussi. Ainsi, si je trouve une mutation qui soit identique chez tous les individus de maïs et absente chez tous les individus de téosinte alors l'allèle du gène TGA1 présentant cette mutation, codant le caractère « glumes réduites », sera sélectionnée au cours de la domestication et commune à tous les maïs actuels.

- Donc je conclus : Comme je trouve une mutation qui soit identique chez tous les individus de maïs et absente chez tous les individus de téosinte alors le caractère « glumes réduites » des maïs cultivés par l'Homme dépend bien d'une mutation sélectionnée au cours de la domestication et commune à tous les maïs actuels.