

(3 points)



Question

Montrez comment les informations extraites de la matrice confirment la validité de l'arbre proposé.

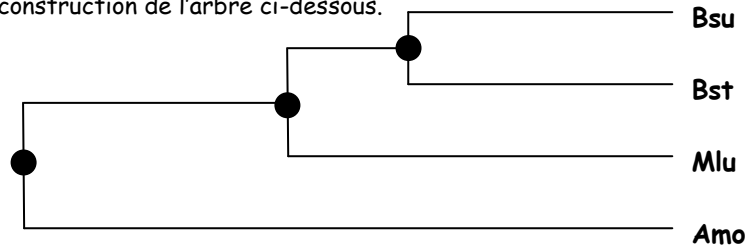
Document :

L'ARN contenu dans les ribosomes est, comme l'ARN messager, le produit d'une transcription de l'ADN.

On a comparé des séquences homologues de l'ARN qui constitue les ribosomes de quatre Bactéries Bsu, Bst, Amo et Mlu. Les pourcentages de substitutions nucléotidiques entre les séquences d'ARN ribosomiques de ces Bactéries sont présentés dans la matrice ci-dessous.

| Bactéries | Bsu | Bst | Amo | Mlu |
|-----------|-----|-----|-----|-----|
| Bsu | 0 | 17 | 31 | 23 |
| Bst | | 0 | 34 | 21 |
| Amo | | | 0 | 43 |
| Mlu | | | | 0 |

D'autres données ont permis la construction de l'arbre ci-dessous.



Correction Nouvelle Calédonie, nov 2005

| | | | Pts |
|---|------|--|------|
| On cherche à valider l'arbre phylogénétique fourni. | | | |
| Informations extraites du document | | Mise en relation / résolution du pb | |
| - Bsu et Bst : minimum de différences : 17 %. | 0,50 | - L'ancêtre commun de Bsu et Bst est le plus récent. | 0,50 |
| - Amo : maximum de différences (43%). | 0,50 | - L'ancêtre commun avec Bsu, Bst et Amo est le plus éloigné. | 0,50 |
| - Mlu : position intermédiaire car 23 % et 21% de différences avec Bsu et Bst. | 0,50 | - Mlu partage donc un ancêtre commun récent avec Bsu et Bst. | 0,50 |
| L'étude de la matrice permet de valider l'arbre phylogénétique obtenu, même si on peut proposer une situation différente de Amo aux vues des informations de la matrice et de sa plus forte homologie avec Bst, puis Bsu, et enfin Amo. | | | |