

Titre de l'activité : L'ÉVOLUTION RAPIDE DES ORGANISMES MICROBIENS EXPLIQUE LES PROBLÈMES DE SANTÉ LIÉS À LA RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

✓ **Niveau** : LYC, terminale enseignement scientifique

✓ **Notions à construire (BO)**: L'évolution permet de comprendre des phénomènes biologiques ayant une importance médicale. L'évolution rapide des organismes microbiens nécessite d'adapter les stratégies prophylactiques, les vaccins et les antibiotiques.

✓ **Place dans la démarche**:

Le chapitre 3.3 *L'évolution humaine* a été traitée avant le 3.2 *L'évolution comme grille de lecture du monde*. En effet, le chapitre 3.3 permet de présenter l'utilisation de la comparaison des caractères morpho-anatomiques et l'utilisation de la ressemblance génétique entre les espèces de primates pour déduire leurs relations de parenté. Cette dernière peut être faite avec le gène de l'opsine par exemple.

Compétences:

- Présenter et exploiter des résultats pour discuter de la validité d'une hypothèse.
- Communiquer sur ses démarches, ses résultats et des choix à l'écrit en utilisant un langage rigoureux et des outils pertinents.
- Argumenter des choix en matière de santé et d'environnement en prenant en compte des arguments scientifiques.

✓ **Activité proposée**

L'activité consiste à montrer que si on réalise une matrice de similarité avec un gène de résistance aux antibiotiques, les résultats obtenus ne seront pas en accord avec les relations de parenté des espèces étudiées. En effet, les microbes réalisent de très nombreux transferts latéraux de gènes, indépendamment de leur lien de parenté et particulièrement lorsqu'ils partagent un environnement à forte pression sélective

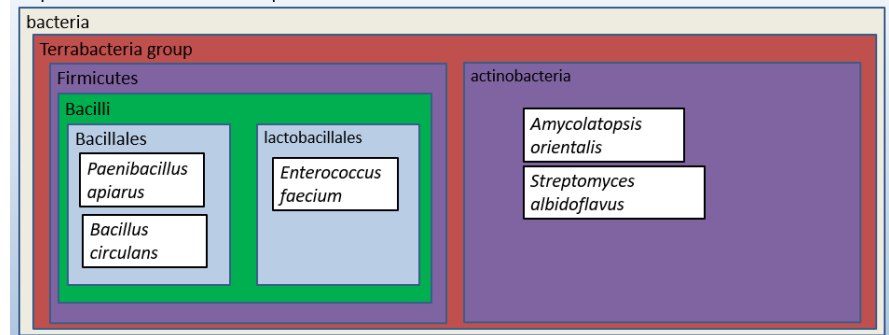
✓ **Supports documentaires** :

classification emboîtée des relations de parenté de différentes bactéries

✓ **Supports expérimental** :

GENIGEN2 et fichier .edi de comparaison du
Gène vanA de résistance aux antibiotiques

Représentation des relations de parenté entre les 5 bactéries étudiées sous la forme d'une classification emboîtée



CONSIGNE COMMUNE:

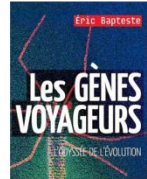
- Proposez une différenciation de cette activité en fonction du fait que le groupe est hétérogène (élèves de spé et de non spé SVT)
- Indiquez sur quoi porte la différenciation (contenus / processus d'apprentissages/organisation du travail dans la classe / productions des élèves...)
- Indiquer la (les) plus value attendues de cette différenciation

Titre de l'activité : L'ÉVOLUTION RAPIDE DES ORGANISMES MICROBIENS EXPLIQUE LES PROBLÈMES DE SANTÉ LIÉS À LA RÉSISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES

Evolution bactérienne rapide et santé : le problème des antibiotiques

.../... Or des bactéries pratiquent des transferts horizontaux de gènes : c'est-à-dire des transferts entre bactéries qui ne sont pas de la même espèce.

« L'étude des systèmes aquatiques de la mer baltique, caractérisée par des variations physiques, chimiques et énergétiques marquées en fonction de la profondeur a ainsi dévoilé des voyages de gènes massifs et rapides entre les souches bactériennes présentes aux mêmes profondeurs, qui subissent donc les mêmes pressions écologiques. De nombreux gènes permettant de vivre en présence de faibles quantités de dioxygène ont par exemple été échangés dans les milieux les plus profonds » **Eric Baptiste Les gènes voyageurs p117**

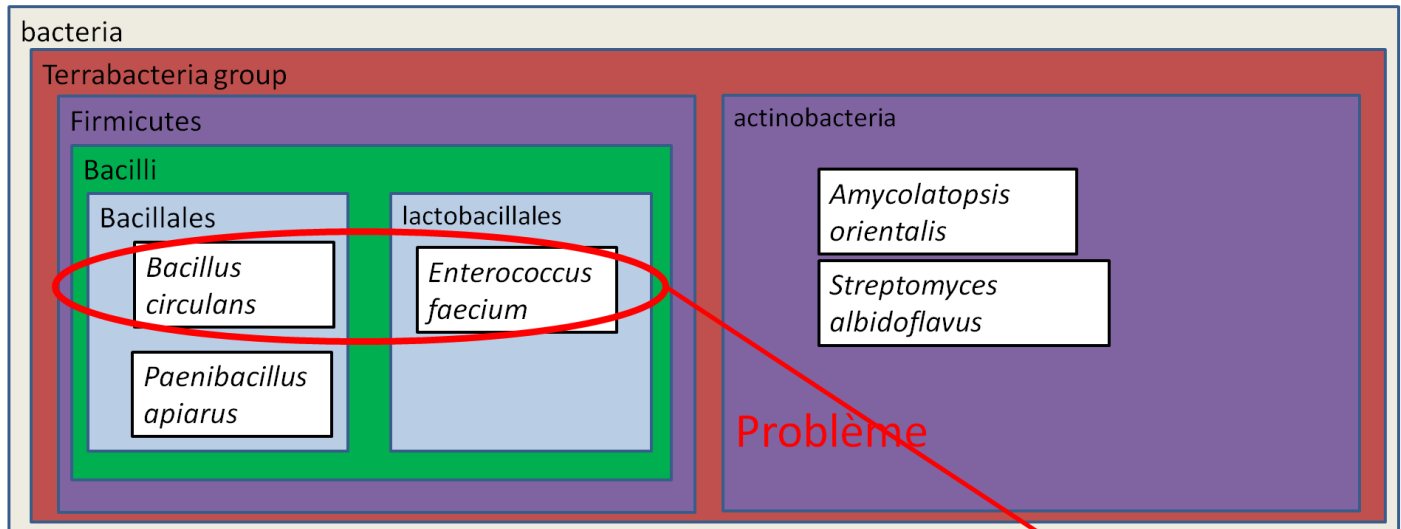


Les gènes de résistance aux antibiotiques sont-ils échangés de la même manière que ceux des bactéries des fonds de la mer baltique ?

VanA est un gène de résistance aux antibiotiques présent chez différentes bactéries. On cherche à savoir si ce gène a été échangé ou s'il a été hérité, par ces dernières, d'un ancêtre commun.

Proposez une démarche pour répondre au problème posé.

Représentation des relations de parenté entre les 5 bactéries étudiées sous la forme d'une classification emboîtée



	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
<i>Enterococcus faecium</i> gène vanA (1)	100	93,1	86,21	61,78	57,76
<i>Bacillus circulans</i> gène vanA (2)	93,1	100	85,06	60,92	57,4
<i>Paenibacillus apiarius</i> gène vanA (3)	86,21	85,06	100	61,49	57,1
<i>Streptomyces coelicolor</i> gène vanA (4)	61,78	60,92	61,49	100	68,39
<i>Amycolatopsis orientalis</i> gène vanA (5)	57,76	57,47	57,18	68,39	100

