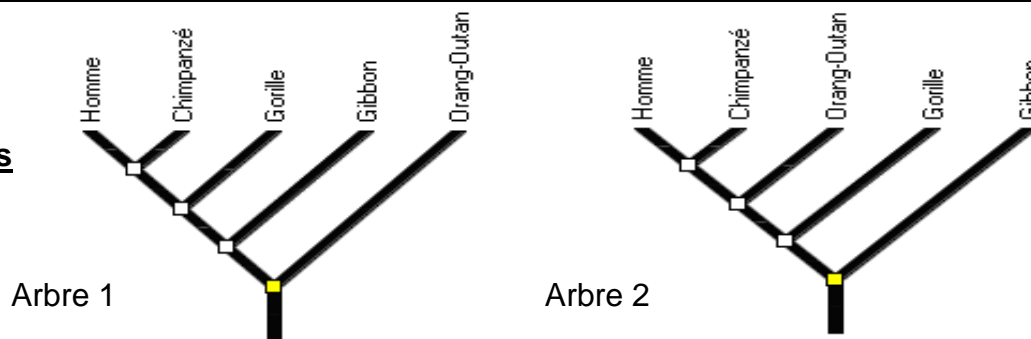


Mise en situation et recherche à mener

Les liens de parenté au sein des grands primates (Homme, Gibbon, Gorille, Chimpanzé, Orang-outan) ont longtemps été discutés par la communauté scientifique comme en attestent les deux arbres de parenté (ou phylogénétiques) présentés ci-dessous (document ressource 1). **On cherche à établir, à partir de données moléculaires, les liens de parenté entre les grands primates actuels.**

Ressources

Document 1 : deux arbres de parenté hypothétiques entre les espèces étudiées



Matériel disponible :

- Séquences de molécules homologues chez différentes espèces de primates actuels (voir tableau ci-dessous) ;
- matériel courant de laboratoire (verrerie, instruments, matériel d'observation, de mesures, informatique etc.)

Document 2 : séquences de molécules homologues disponibles

(x = disponible)

Taxons \ Séquences (nature)	NAD (nucléique)	HLA (nucléique)	Globine G (protéique)	NADH (protéique)	Cytoxydase (protéique)
Orang outang	x		x		x
Macaque				x	x
Homme	x	x	x	x	x
Gorille	x		x	x	x
Chimpanzé	x		x	x	x
Gibbon	x		x	x	x

Etape 1 : Concevoir une stratégie pour résoudre une situation-problème (durée maximale : 10 minutes)

Proposer une démarche d'investigation permettant de choisir, avec les données moléculaires fournies, l'arbre de parenté le plus cohérent entre les deux qui vous sont proposés.

Appeler l'examineur pour vérifier votre proposition et obtenir la suite du sujet.

Votre proposition peut s'appuyer sur un document écrit (utiliser les feuilles de brouillon mises à votre disposition) et/ou être faite à l'oral.

Etape 2 : Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables

Réaliser le traitement des séquences à l'aide de la fiche protocole candidat fournie, afin de déterminer les liens de parenté entre l'Homme (pris comme référence) et les autres grands primates.

Appeler l'examineur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.

Etape 3 : Présenter les résultats pour les communiquer

Présenter, sous la forme de votre choix, les résultats obtenus.

Répondre sur la fiche-réponse candidat, appeler l'examineur pour vérification de votre production.

Etape 4 : Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème

Exploiter les résultats pour déterminer, à partir de l'ensemble de vos résultats, l'arbre de parentés le plus probable entre grands primates actuels (Gorille, Orang-outan, Gibbon, Homme et Chimpanzé).

Répondre sur la fiche-réponse candidat.

Matériel disponible et protocole d'utilisation du matériel**Matériel :**

- logiciel de traitement des données moléculaires et sa fiche des fonctionnalités usuelles
- fichier molecules.edi contenant des séquences à traiter

Protocole :

- **Afficher** les séquences du fichier molecules.edi enregistré dans le dossier «sauve».
- **Procéder**, pour une molécule homologue, à un **traitement approprié** des séquences, afin d'établir les relations de parenté entre l'Homme (pris comme référence) et les espèces Gorille, Orang-outan, Gibbon et Chimpanzé.
- **Recommencer** avec les deux autres molécules homologues.

1A4 – Un regard sur l'évolution de l'Homme
LIENS DE PARENTE ET DONNEES MOLECULAIRES

Fiche barème d'évaluation

		Curseur				
Concevoir une stratégie pour résoudre une situation-problème						
Niveau A = niveau B auquel on ajoute : Proposer de choisir l'arbre le plus probable à condition qu'il soit confirmé par le plus de molécules.		Stratégie opérationnelle : Le candidat propose une stratégie de résolution rigoureuse, réalisable au laboratoire en accord avec le problème. Le candidat précise ce qu'il s'attend à obtenir.	↑ A			
Niveau B = niveau C auquel on ajoute : Proposer de comparer les trois séquences nucléotidiques et peptidiques communes aux 5 espèces concernées pour établir les parentés.		Stratégie presque opérationnelle : Le candidat propose une stratégie de résolution suffisamment rigoureuse qui répond au problème posé mais ne précise pas ce qu'il s'attend à obtenir.	B			
Niveau C : Proposer de comparer les séquences d'une ou deux sur les trois molécule(s) nucléotidique(s) ou peptidique(s) commune(s) aux 5 espèces concernées pour établir les parentés.		Stratégie peu opérationnelle : Le candidat propose une stratégie de résolution réalisable au laboratoire mais insuffisamment rigoureuse ou incomplète pour répondre au problème posé	C			
Non cohérent (choix du Macaque et/ou du HLA, et/ou du NADH, ...).		Stratégie non opérationnelle ou absente .	D			
Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables						
<p>Gestion de l'outil :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Utilisation correcte du logiciel de traitement de séquences anagène ou geniegen (afficher les séquences et les sélectionner) - Type de traitement judicieusement choisi (alignement avec discontinuités au moins pour la cytoxydase) - Organisation et gestion des fenêtres d'affichage et de traitement (taille facilitant la lecture de séquences multiples) <p><u>aide mineure</u> : remarques orales ou conseils ; <u>aides majeures</u> :</p> <ul style="list-style-type: none"> - procédure détaillée de comparaison (à l'aide du logiciel) - intervention de l'examineur dans : <ul style="list-style-type: none"> o l'organisation (Homme en référence) o le choix du type de comparaison simple ou avec discontinuité 	<p>Obtention de résultats exploitables :</p> <p><i>Traitement permettant d'obtenir les nombres et les pourcentages de différences (ou d'identités) par rapport à la molécule de l'espèce prise comme référence.</i></p> <p><u>Aide mineure</u> : remarques orales ou conseils</p> <p><u>aide majeure</u> : l'examineur montre au candidat comment afficher directement les résultats du traitement (information sur la ligne pointée) ou donne le document de secours</p>	Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante (maîtrise du matériel, respect des consignes et gestion correcte du poste de travail), seul ou avec une aide mineure . Il obtient des résultats exploitables .	↑ A			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante mais avec des aides mineures répétées . Il obtient des résultats exploitables .	B			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière correcte mais avec une aide majeure . Il obtient des résultats exploitables .	C			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière approximative ou incomplète malgré toutes les aides apportées. Il n'obtient pas de résultats exploitables . Un document de secours est indispensable.	D			

1A4 – Un regard sur l'évolution de l'Homme
LIENS DE PARENTE ET DONNEES MOLECULAIRES

Présenter des résultats pour les communiquer.

<p><u>Respect des règles inhérentes au mode de communication choisi :</u></p> <p>Dessin, image numérique, schéma, tableau ...</p>	<p><u>Exactitude et exhaustivité des éléments de commentaire associés :</u></p> <p><i>Toute formulation qui explicite la cohérence du mode de représentation choisi avec les comparaisons attendues (trois molécules sont comparées et elles le sont entre l'Homme et les 4 autres grands primates)</i></p> <p><i>Exactitude des valeurs (distances, pourcentages ou nombres de différences ou de ressemblances).</i></p>	<p>Le candidat présente un résultat compréhensible, complet et exact, qui respecte les règles de communication.</p>	↑ A				
		<p>Le candidat présente un résultat compréhensible, complet et exact, mais qui ne respecte pas les règles de communication.</p>	B				
		<p>Le candidat présente un résultat peu compréhensible et/ou incomplet et/ou inexact.</p>	C				
		<p>Le candidat présente un résultat incompréhensible.</p>	D				

Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème

<p>Niveau A = niveau B auquel on ajoute :</p> <p>Les résultats obtenus ont permis de conclure qu'une des deux hypothèses (arbre 1) est plus probable d'après les données fournies.</p> <p>Les parentés à établir sont : avec les séquences de NAD : arbre 1 / avec les séquences de globine G : arbre 2 / avec les séquences de cytoxydase : arbre 1</p>	<p>Le candidat utilise de manière satisfaisante (pertinente, complète, exacte et critique) les informations tirées des résultats obtenus pour apporter une réponse au problème posé.</p>	↑ A				
<p>Niveau B = niveau C auquel on ajoute :</p> <p>Toutes les molécules homologues et toutes les espèces sont prises en compte, mais les résultats obtenus n'ont pas conduit au choix du bon arbre.</p>	<p>Le candidat exploite de façon satisfaisante les résultats mais ne répond pas au problème posé.</p>	B				
<p>Niveau C : Les molécules homologues et/ou les espèces ne sont pas toutes prises en compte et les résultats obtenus ont conduit au choix du mauvais arbre ou à aucun choix d'arbre.</p>	<p>Le candidat exploite les résultats de façon non satisfaisante qu'il y ait ou non référence au problème posé.</p>	C				
<p>Non cohérent.</p>	<p>Le candidat n'exploite pas les résultats de façon satisfaisante et ne répond pas au problème posé.</p>	D				

Prescriptions			Autorisations	
Blouse	Gants	Lunettes	Calculatrice	Papier brouillon
Non	Non	Non	Non	Fourni

Données complémentaires pour l'étape 2 :

Matériel par poste :

- Logiciel ANAGENE (version 1 ou 2) ou geniegen (**Logiciel connu du candidat**) avec sa **fiche des fonctionnalités usuelles**
- Fichier molecules.edi **fourni à copier dans le dossier « sauve » avant l'épreuve.**
- Fiche réponse-candidat papier ou numérique : **avant l'épreuve, créer sur le bureau un dossier et y copier une fiche réponse-candidat numérique vierge. Ce dossier devra être vidé à l'issue de l'évaluation.**
- Fiche-protocole.

Le choix du traitement est déterminé par les différences de longueurs entre les séquences à comparer : si les longueurs sont différentes, la comparaison avec discontinuité est imposée.

Aides majeures :

- **Fiche procédure de COMPARAISON-CONVERSION** (compatible avec le logiciel et éventuellement sa version).
- **Protocole détaillé** : voir fiche
- **Document de secours**

A la fin de l'étape 2, l'évaluateur doit s'assurer que le candidat possède l'ensemble des informations nécessaires pour les étapes suivantes.

Procédure détaillée pour comparer les molécules homologues (étape 2), à fournir à tout candidat incapable de faire seul la comparaison :

- **Editer** les séquences du fichier molecules.edi enregistré dans le dossier «sauve».
- **Sélectionner**, pour une molécule homologue, les séquences de l'Homme, du Gorille, de l'Orang-outan, du Gibbon et du Chimpanzé.
- **Mettre** la séquence de l'Homme en référence.
- **Traiter** les séquences par comparaison simple si les 5 séquences ont la même longueur et avec discontinuité dans le cas contraire.
- **Obtenir les informations** sur la ligne pointée ou sur la sélection.
- Lorsqu'on choisit la comparaison simple, les informations données sont exprimées en pourcentages de différences alors que si la comparaison a été faite par alignements avec discontinuités, ce sont les pourcentages d'identités qui sont donnés.
- **Recommencer** avec les deux autres molécules homologues.

<p>NAD_Homme longueur : 237 bases → référence pour la comparaison</p> <p>NAD_Chimpanzé longueur : 237 bases → 26 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 11,0 % de différence</p> <p>NAD_Gorille longueur : 237 bases → 32 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 13,5 % de différence</p> <p>NAD_Orang-outang longueur : 237 bases → 58 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 24,5 % de différence</p> <p>NAD_Gibbon longueur : 237 bases → 57 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 24,1 % de différence</p>	<p>Globine G Homme Séquence peptidique longueur : 148 acides aminés → référence pour la comparaison</p> <p>Globine G Chimpanzé longueur : 148 acides aminés → 0 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 0,0 % de différence</p> <p>Globine G Gorille longueur : 148 acides aminés → 3 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 2,0 % de différence</p> <p>Globine G Orang-Outang longueur : 148 acides aminés → 2 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 1,4 % de différence</p> <p>Globine G Gibbon longueur : 148 acides aminés → 4 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 2,7 % de différence</p>	<p>cytoxydase_Homme Séquence peptidique alignée longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → référence pour la comparaison</p> <p>cytoxydase_Chimpanzé longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 221 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 97,4 % d'identité</p> <p>cytoxydase_Gorille longueur : 229 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 220 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 96,1 % d'identité</p> <p>cytoxydase_Gibbon longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 214 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 94,3 % d'identité</p> <p>cytoxydase_Orang Outan longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 213 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 93,8 % d'identité</p>
---	---	---