

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

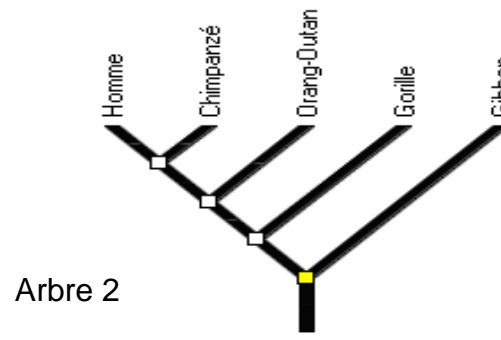
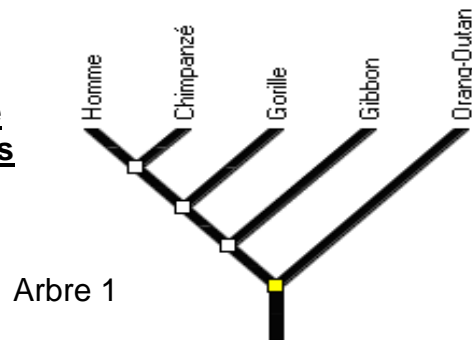
Fiche sujet – candidat (1/2)

Mise en situation et recherche à mener

Les liens de parentés 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 :

- Logiciel Anagène
- Séquences de molécules homologues chez différentes espèces de primates actuels (voir tableau ci-dessous)

Document 2 : séquences de molécules homologues disponibles

(x = disponible dans le logiciel Anagène)

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)

Barème

Proposer une démarche d'investigation permettant de choisir, avec les données moléculaires fournies, le plus cohérent des deux arbres de parenté 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.

4 points

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

Fiche sujet – candidat (2/2)

Etape 2 : <u>Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables</u>	Barème
<p>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.</p> <p>Appeler l'examineur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.</p>	8 points
Etape 3 : <u>Présenter les résultats pour les communiquer</u>	Barème
<p>Présenter, sous la forme de votre choix, les résultats obtenus lors du traitement des séquences.</p> <p>Répondre sur la fiche-réponse candidat.</p>	5 points
Etape 4 : <u>Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème</u>	Barème
<p>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).</p> <p>Répondre sur la fiche-réponse candidat.</p>	3 points

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

Fiche réponse - candidat (recto)

Etablissement :

Classe :

Nom :

Prénom :

Etape 3 : Présenter les résultats pour les communiquer

A rendre à l'issue de l'épreuve

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

Fiche réponse candidat (verso)

Etablissement :

Classe :

Nom :

Prénom :

Etape 4 : Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème

A rendre à l'issue de l'épreuve

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

Fiche-protocole - candidat

Matériel disponible et protocole d'utilisation du matériel

Matériel :

- logiciel ANAGENE de traitement des données moléculaires
- 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↑ + 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 + 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						
Gestion de l'outil : <ul style="list-style-type: none"> - Utilisation correcte d'Anagène (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) <u>aide mineure</u> : remarques orales ou conseils <u>aides majeures</u> : <ul style="list-style-type: none"> - fiche technique anagène - 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 	Obtention de résultats exploitables : <i>Traitement permettant d'obtenir les nombres et pourcentages de différences (ou d'identités) par rapport à la molécule de référence.</i> <u>Aide mineure</u> : remarques orales ou conseils <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	Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante , seul ou avec <u>une aide mineure</u> (maîtrise le matériel, respecte les consignes et gère correctement son poste de travail). Il obtient des résultats exploitables .	 A			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante mais avec <u>des aides mineures répétées</u> . Il obtient des résultats exploitables .	 B			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante mais avec <u>une aide majeure</u> . 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.

<u>Respect des règles inhérentes au mode de communication choisi :</u> Dessin, image numérique, schéma, tableau Des éléments de texte doivent expliciter le mode de communication choisi pour le rendre compréhensible.	<u>Exactitude et exhaustivité des éléments de commentaire associés :</u> <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> <i>Exactitude des valeurs (distances, pourcentages ou nombres de différences ou de ressemblances).</i>	Le candidat présente un résultat compréhensible (explicité par des éléments de texte pertinents), complet et exact , qui respecte les règles de communication .	↑ A								
		Le candidat présente un résultat compréhensible (explicité par des éléments de texte pertinents), complet et exact , mais qui ne respecte pas les règles de communication .	B								
		Le candidat présente un résultat peu compréhensible et/ou incomplet et/ou inexact .	C								
		Le candidat présente un résultat incompréhensible .	D								
Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème											
Niveau A = niveau B + Les résultats obtenus ont permis de conclure qu'une des deux hypothèses (arbre 1) est plus probable d'après les données fournies. 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	Niveau B = niveau C + : 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.	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.	Non cohérent.	Le candidat utilise de manière satisfaisante (pertinente, complète, exacte et critique) les informations tirées des résultats obtenus pour apporter une réponse au problème posé.	↑ A						
				Le candidat exploite de façon satisfaisante les résultats mais ne répond pas au problème posé.	B						
				Le candidat exploite les résultats de façon non satisfaisante qu'il y ait ou non référence au problème posé.	C						
				Le candidat n'exploite pas les résultats de façon satisfaisante et ne répond pas au problème posé.	D						
				NOTE / 20							

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

Fiche laboratoire et évaluateur (1/2)

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**)
- 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 technique COMPARAISON-CONVERSION AVEC ANAGENE** (compatible avec la version du logiciel).
- **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.

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

Fiche laboratoire et évaluateur (2/2)

Données complémentaires pour l'étape 3 :

Exemple de communication possible des résultats :

Matrice des distances pour les 3 types de séquences entre l'homme (pris pour référence) et les 4 autres grands primates actuels
(en % de différence)

Molécules comparées Espèces comparées à l'homme	NAD	Globine G	Cytoxydase
Chimpanzé	11,0	0,0	2,6
Gorille	13,5	2,0	3,9
Orang-outang	24,5	1,4	6,2
Gibbon	24,1	2,7	5,7

Attention : 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.

Le % de différences = 100% - % d'identités.

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

Aide majeure

Protocole détaillé *pour comparer les molécules homologues (étape 2) :*

- **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.

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

Document de secours

<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>
---	--	--