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** |
| Arbre 2Arbre 1 **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)*

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  **Séquences (nature)****Taxons** | 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’examinateur 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** |

Fiche sujet – candidat (2/2)

|  |  |
| --- | --- |
| **Etape 2 : Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables** | **Barème** |
| **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’examinateur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.** | **8 points** |
| **Etape 3 : Présenter les résultats pour les communiquer** | **Barème** |
| **Présenter**, sous la forme de votre choix, les résultats obtenus lors du traitement des séquences.**Répondre sur la fiche-réponse candidat.** | **5 points** |
| **Etape 4 :** **Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème** | **Barème** |
| **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.** | **3 points** |

Fiche réponse - candidat (recto)

|  |
| --- |
| Etablissement : Classe :Nom : Prénom : |
| **Etape 3 : Présenter les résultats pour les communiquer** |

**A rendre à l’issue de l’épreuve**

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**

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 séquencesdu fichiermolecules.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.
 |

**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 :**- 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)aide mineure : remarques orales ou conseilsaides majeures : * fiche technique anagène
* intervention de l’examinateur dans :
	+ l’organisation (homme en référence)
	+ le choix du type de comparaison simple ou avec discontinuité
 | ***Obtention de résultats exploitables :****Traitement permettant d’obtenir les nombres et pourcentages de différences (ou d’identités) par rapport à la molécule de référence.**Aide mineure : remarques orales ou conseils**aide majeure :* *l’examinateur 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 **une aide mineure** (maitrise 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** maisavec **des aides mineures répétées**.*Il obtient des* ***résultats exploitables.*** | **B** |
| Le candidat met en œuvre le protocole de manière **satisfaisante** 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** |
| **Présenter des résultats pour les communiquer.** |
| **Respect des règles inhérentes au mode de communication choisi :**Dessin, image numérique, schéma, tableauDes éléments de texte doivent expliciter le mode de communication choisi pour le rendre compréhensible. | ***Exactitude et exhaustivité des éléments de commentaire associés :****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)**Exactitude des valeurs (distances, pourcentages ou nombres de différences ou de ressemblances).* | Le candidat présente un **résultat compréhensible** (explicité par des éléments de texte pertinents), **complet et exact,** quirespecte 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 | 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** |   |   |   |   |
| **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. | Le candidat exploite de façon **satisfaisante** les résultats **mais** **ne répond pas** au problème posé. | **B** |
| **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. | Le candidat **exploite** les résultats de façon **non satisfaisante**qu’il y ait ou non référence au problème posé. | **C** |
| Non cohérent. | Le candidat **n’exploite pas** les résultats de façon satisfaisanteet **ne répond pas** au problème posé. | **D** |
| **NOTE / 20** |  |  |  |  |

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.** |

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 comparéesEspècescomparées 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.** |

Aide majeure

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

* + **Editer** les séquencesdu fichiermolecules.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.

Document de secours

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| NAD\_Homme longueur : 237 bases 🡪 référence pour la comparaisonNAD\_Chimpanzé longueur : 237 bases 🡪 26 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme, soit 11,0 % de différenceNAD\_Gorillelongueur : 237 bases🡪 32 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme, soit 13,5 % de différenceNAD\_Orang-outanglongueur : 237 bases🡪 58 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme, soit 24,5 % de différenceNAD\_Gibbonlongueur : 237 bases🡪 57 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme, soit 24,1 % de différence | Globine G HommeSéquence peptidiquelongueur : 148 acides aminés 🡪 référence pour la comparaisonGlobine G Chimpanzélongueur : 148 acides aminés 🡪 0 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 0,0 % de différenceGlobine G Gorillelongueur : 148 acides aminés 🡪 3 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 2,0 % de différenceGlobine G Orang-Outanglongueur : 148 acides aminés 🡪 2 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 1,4 % de différenceGlobine G Gibbon longueur : 148 acides aminés 🡪 4 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 2,7 % de différence | cytoxydase\_HommeSéquence peptidique alignée longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) 🡪 référence pour la comparaisoncytoxydase\_Chimpanzélongueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) 🡪 221 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase\_Homme, soit 97,4 % d'identitécytoxydase\_Gorille longueur : 229 acides aminés (sans compter les discontinuités) 🡪 220 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase\_Homme, soit 96,1 % d'identitécytoxydase\_Gibbonlongueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) 🡪 214 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase\_Homme, soit 94,3 % d'identitécytoxydase\_Orang Outanlongueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) 🡪 213 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase\_Homme, soit 93,8 % d'identité |