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 2  Arbre 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 conseils  aides 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** mais avec **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, tableau  Des 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 satisfaisante et **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 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.** |

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 comparaison  NAD\_Chimpanzé  longueur : 237 bases  🡪 26 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme,  soit 11,0 % de différence  NAD\_Gorille  longueur : 237 bases  🡪 32 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme,  soit 13,5 % de différence  NAD\_Orang-outang  longueur : 237 bases  🡪 58 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme,  soit 24,5 % de différence  NAD\_Gibbon  longueur : 237 bases  🡪 57 bases différentes de la séquence de référence NAD\_Homme,  soit 24,1 % de différence | Globine G Homme  Séquence peptidique  longueur : 148 acides aminés  🡪 référence pour la comparaison  Globine G Chimpanzé  longueur : 148 acides aminés  🡪 0 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,  soit 0,0 % de différence  Globine G Gorille  longueur : 148 acides aminés  🡪 3 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,  soit 2,0 % de différence  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  Globine G Gibbon  longueur : 148 acides aminés  🡪 4 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,  soit 2,7 % de différence | cytoxydase\_Homme  Séquence peptidique alignée  longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités)  🡪 référence pour la comparaison  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  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  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  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 |