Fiche sujet – candidat (1/2)

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

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  **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)** |
| **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’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.** |

Fiche sujet – candidat (2/2)

|  |
| --- |
| **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’examinateur 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’examinateur 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.** |

Fiche-protocole - 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 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 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** |
| **Gestion de l’outil :**- 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)aide mineure : remarques orales ou conseils ; aides majeures : * procédure détaillée de comparaison (à l'aide du logiciel)
* 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 les pourcentages de différences (ou d’identités) par rapport à la molécule de l’espèce prise comme 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, tableau … | ***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**, **complet et exact,** quirespecte les ***règles de communication.*** | **A** |   |   |   |   |
| Le candidat présente un **résultat compréhensible**, **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 auquel on ajoute :** 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 auquel on ajoute :** : 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** |
| **Niveau bilan à reporter dans le tableur de notation :** |  |  |  |  |

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) 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.** |

Fiche laboratoire et évaluateur (2/2)

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Données complémentaires pour l’étape 3 :** **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**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 |

**Remarque : on accordera tous les points à toute forme de communication présentant les valeurs exactes (distances, pourcentages ou nombres de différences ou de ressemblances) obtenues par la comparaison des trois molécules pertinentes (NAD nucléique, GlobineG et cytoxydase) entre l’Homme et les 4 autres grands primates.** |

Aide majeure

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

* + **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 |