

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

Fiche sujet – candidat (1/2)

Mise en situation et recherche à mener

Les liens de parentés au sein des primates ont longtemps été discutés par la communauté scientifique. Un arbre phylogénétique (document 1) présente des liens de parenté entre plusieurs espèces.

On cherche à valider ou non les relations de parenté représentées dans l'arbre phylogénétique entre des primates actuels.

Ressources

Document 1 : arbre phylogénétique proposé



Matériel disponible :

- Logiciel Anagène : données moléculaires
- Logiciel Phylogène : collection Archontes primates. Données anatomiques

Caractères anatomiques disponibles dans le logiciel phylogène : appendice nasal, narines, pouces, orbites, queue, terminaison des doigts.

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 valider l'arbre proposé
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, DONNEES ANATOMIQUES ET 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 données anatomiques et des données moléculaires utiles à l'aide de la fiche protocole candidat fournie, afin de déterminer les liens de parenté entre les espèces actuelles proposées.</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 données anatomiques et des données moléculaires utiles.</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>Valider ou non, à partir de l'ensemble de vos résultats, l'arbre phylogénétique proposé.</p> <p>Répondre sur la fiche-réponse candidat.</p>	3 points

LIENS DE PARENTE, DONNEES ANATOMIQUES ET 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

LIENS DE PARENTE, DONNEES ANATOMIQUES ET 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, DONNEES ANATOMIQUES ET MOLECULAIRES

Fiche-protocole - candidat

Matériel disponible et protocole d'utilisation du matériel

Matériel :

- logiciel PHYLOGENE
- collection « archontes primates »

Protocole :

- **Charger** la collection « Archontes primates »
- **Construire**, une matrice puis **Polariser** les caractères en considérant le tupaïe comme l'espèce extra-groupe
- **Etablir** un arbre à partir de la matrice obtenue

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 utiles, afin d'établir les relations de parenté entre les espèces proposées
- **Recommencer** si nécessaire avec d'autres molécules homologues.

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

Fiche barème d'évaluation

		Curseur				
Concevoir une stratégie pour résoudre une situation-problème						
Niveau A = niveau B⁺ + Proposer de comparer les caractères anatomiques et moléculaires pour établir des parentés et pouvoir ou non valider l'arbre	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 caractères anatomiques et moléculaires	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 caractères anatomiques et moléculaires	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	Stratégie non opérationnelle ou absente.	D				
Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables						
Gestion de l'outil : - Utilisation correcte de phylogène (construction matrice, polarisation et construction de l'arbre) - 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> : intervention de l'examinateur dans : - la polarisation des caractères - la construction de l'arbre - l'organisation (homme en référence) - le choix du type de comparaison simple ou avec discontinuité	Obtention de résultats exploitables : <i>Traitement permettant d'obtenir un arbre correct</i> <i>Traitement permettant d'obtenir les nombres et pourcentages de différences (ou d'identités) par rapport à la molécule de référence.</i> <u>Aides mineures</u> : remarques orales ou conseils <u>Aide majeure</u> : L'examinateur montre au candidat comment afficher directement les résultats du traitement (information sur la ligne pointée) ou donne un document de secours	Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante , seul ou avec une aide mineure (maîtrise le matériel, respecte les consignes et gère correctement son poste de travail). <i>Il obtient des résultats exploitables.</i>	↑ A			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante mais avec des aides mineures répétées . <i>Il obtient des résultats exploitables.</i>	B			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière satisfaisante mais avec une aide majeure . <i>Il obtient des résultats exploitables.</i>	C			
		Le candidat met en œuvre le protocole de manière approximative ou incomplète malgré toutes les aides apportées. <i>Il n'obtient pas de résultats exploitables.</i> Un document de secours est indispensable.	D			

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

Présenter des résultats pour les communiquer.

<p><u>Respect des règles inhérentes au mode de communication choisi :</u></p> <p>Arbre phylogénétique représenté Des éléments de texte doivent expliciter le mode de communication choisi pour le rendre compréhensible.</p> <p>Tableau présentant les comparaisons obtenues Des éléments de texte doivent expliciter le mode de communication choisi pour le rendre compréhensible.</p>	<p><u>Exactitude et exhaustivité des éléments de commentaire associés :</u></p> <p><i>Toute formulation qui permet de représenter les liens de parenté entre le babouin, le saki, le tarsier, le tupaïa et les autres primates</i></p> <p><i>Toute formulation qui explicite la cohérence du mode de représentation choisi avec les comparaisons attendues (comparaison entre grands primates)</i> <i>Exactitude des valeurs (distances, pourcentages ou nombres de différences ou de ressemblances).</i></p>	<p>Le candidat présente un résultat compréhensible (explicité par des éléments de texte pertinents), complet et exact, qui respecte les règles de communication.</p>	↑ A				
		<p>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.</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 + Les données anatomiques et moléculaires sont bien prises en compte. Les résultats obtenus permettent de valider l'arbre mais aucune donnée ne permet de préciser la place du Bonobo. Selon les données moléculaires exploitées la place du gibbon et de l'orang-outan est discutable.</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 + : Les données anatomiques ou moléculaires sont prises en compte. Les résultats obtenus permettent de valider une partie de l'arbre.</p>	<p>Le candidat exploite de façon satisfaisante les résultats mais ne répond pas au problème posé.</p>	B				
<p>Niveau C : Les données anatomiques ou moléculaires sont prises en compte mais il n'y a pas de validation de l'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				

NOTE / 20

LIENS DE PARENTE, DONNEES ANATOMIQUES ET 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 PHYLOGENE + fiche technique
- Collection Archontes primates
- Logiciel ANAGENE (**version 1 ou 2**) + **fiche technique**
- 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 :

- **Protocole détaillé phylogène** : voir fiche
- **Protocole détaillé anagène** : voir fiche
- **Documents 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, DONNEES ANATOMIQUES ET 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, DONNEES ANATOMIQUES ET MOLECULAIRES

Aide majeure

Protocole détaillé *pour comparer les caractères anatomiques (étape 2) :*

- **Charger** la collection Vertébrés Lycée
- **Sélectionner**, les espèces présentes dans l'arbre
- **Construire** une matrice en sélectionnant les caractères anatomiques proposés
- **Polariser** les caractères en considérant les caractères de l'espèce extra-groupe, le tupaïe, comme primitifs
- **Construire** un arbre à partir des données de la matrice

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 du chimpanzé 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, si nécessaire**, avec les deux autres molécules homologues

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

Document de secours

Matrice taxons / caractères obtenue d'après Phylogène

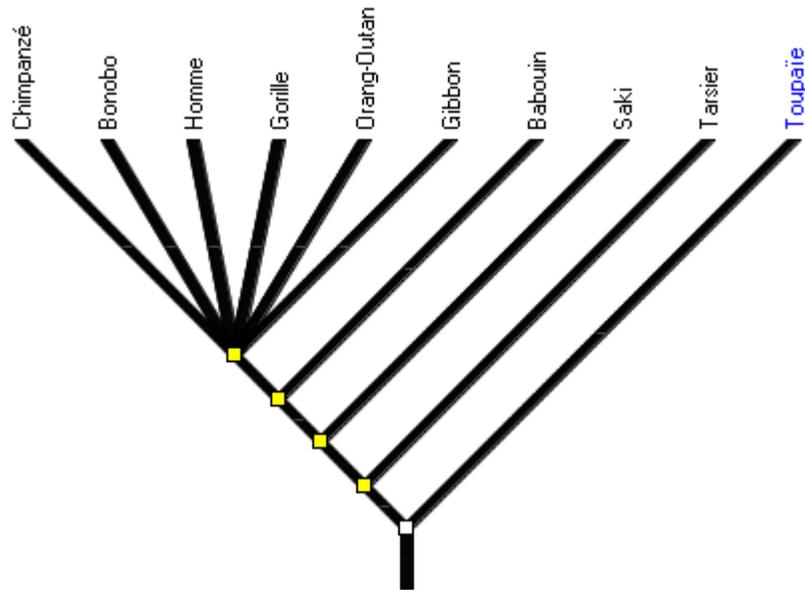
	Appendice nasal	Narines	Orbites	Pouce	Queue	Terminaisons des doigts
Babouin	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Présente	Ongles
Bonobo	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Chimpanzé	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Gibbon	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Homme	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Gorille	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Orang-Outan	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Saki	Nez	Ecartées	Fermées	Opposable	Présente	Ongles
Tarsier	Nez	Ecartées	Ouvertes	Opposable	Présente	Ongles
Toupaïe	Truffe	Ecartées	Ouvertes	Non opposable	Présente	Griffes

Matrice taxons / caractères polarisée obtenue d'après Phylogène

	Appendice nasal	Narines	Orbites	Pouce	Queue	Terminaisons des doigts
Babouin	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Présente	Ongles
Bonobo	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Chimpanzé	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Gibbon	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Homme	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Gorille	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Orang-Outan	Nez	Rapprochées	Fermées	Opposable	Absente	Ongles
Saki	Nez	Ecartées	Fermées	Opposable	Présente	Ongles
Tarsier	Nez	Ecartées	Ouvertes	Opposable	Présente	Ongles
Toupaïe	Truffe	Ecartées	Ouvertes	Non opposable	Présente	Griffes

LIENS DE PARENTE, DONNEES ANATOMIQUES ET MOLECULAIRES

Arbre obtenu à partir des comparaisons anatomiques d'après phylogène



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>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>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)</p>
-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

LIENS DE PARENTE, DONNEES ANATOMIQUES ET MOLECULAIRES

<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 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>→ 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>
---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------	-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------