

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

Fiche sujet – candidat (1/2)

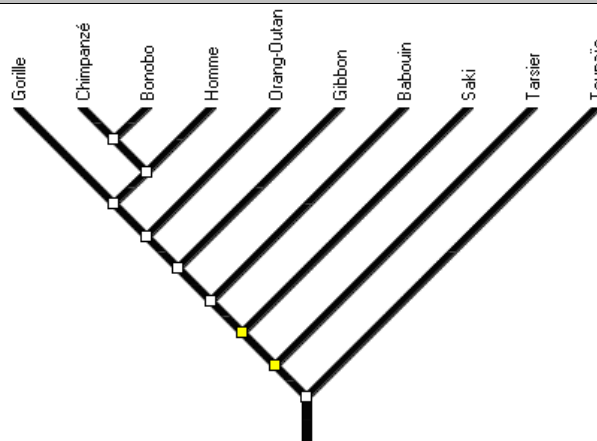
**Mise en situation et recherche à mener**

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**



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

**Matériel disponible :**

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

**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)

| <b>Etape 2 : <u>Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables</u></b>  | <b>Barème</b>   |
|---|-----------------|
| <p><b>Réaliser</b> 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><b>Appeler l'examineur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.</b></p> | <b>8 points</b> |
| <b>Etape 3 : <u>Présenter les résultats pour les communiquer</u></b>  | <b>Barème</b>   |
| <p><b>Présenter</b>, sous la forme de votre choix, les résultats obtenus lors du traitement des données anatomiques et des données moléculaires utiles.</p> <p><b>Répondre sur la fiche-réponse candidat.</b></p>   | <b>5 points</b> |
| <b>Etape 4 : <u>Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème</u></b>   | <b>Barème</b>   |
| <p><b>Valider ou non</b>, à partir de l'ensemble de vos résultats, l'arbre phylogénétique proposé.</p> <p><b>Répondre sur la fiche-réponse candidat.</b></p>  | <b>3 points</b> |

**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  |               |  |  |  |
|--|--|--|---------------|--|--|--|
| <b>Concevoir une stratégie pour résoudre une situation-problème</b>  |  |  |               |  |  |  |
| <b>Niveau A = niveau B↑ +</b><br>Proposer de comparer les caractères anatomiques et moléculaires pour établir des parentés et pouvoir ou non valider l'arbre   | Stratégie <b>opérationnelle</b> :<br>Le candidat propose une stratégie de résolution <b>rigoureuse, réalisable</b> au laboratoire en accord avec le problème.<br>Le candidat <b>précise</b> ce qu'il s'attend à obtenir.   | ↑<br><b>A</b>  |               |  |  |  |
| <b>Niveau B = niveau C +</b><br>Proposer de comparer les caractères anatomiques et moléculaires  | Stratégie <b>presque opérationnelle</b> :<br>Le candidat propose une stratégie de résolution <b>suffisamment rigoureuse</b> qui répond au problème posé <b>mais ne précise pas</b> ce qu'il s'attend à obtenir.  | <b>B</b>   |               |  |  |  |
| <b>Niveau C :</b><br>Proposer de comparer les caractères anatomiques et moléculaires   | Stratégie <b>peu opérationnelle</b> :<br>Le candidat propose une stratégie de résolution réalisable au laboratoire <b>mais insuffisamment rigoureuse ou incomplète</b> pour répondre au problème posé  | <b>C</b>   |               |  |  |  |
| <b>Non cohérent</b>  | Stratégie <b>non opérationnelle ou absente.</b>  | <b>D</b>   |               |  |  |  |
| <b>Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables</b>  |  |  |               |  |  |  |
| <p style="text-align: center;"><b>Gestion de l'outil :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Utilisation correcte de phylogène (construction matrice, polarisation et construction de l'arbre)</li> <li>- Utilisation correcte d'Anagène (afficher les séquences et les sélectionner)</li> <li>- Type de traitement judicieusement choisi (alignement avec discontinuités au moins pour la cytoxydase)</li> <li>- Organisation et gestion des fenêtres d'affichage et de traitement (taille facilitant la lecture de séquences multiples)</li> </ul> <p><u>aide mineure</u> : remarques orales ou conseils<br/> <u>aides majeures</u> :<br/>                     intervention de l'examinateur dans :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- la polarisation des caractères</li> <li>- la construction de l'arbre</li> <li>- l'organisation (homme en référence)</li> <li>- le choix du type de comparaison simple ou avec discontinuité</li> </ul> | <p style="text-align: center;"><b>Obtention de résultats exploitables :</b></p> <p><i>Traitement permettant d'obtenir un arbre correct</i></p> <p><i>Traitement permettant d'obtenir les nombres et pourcentages de différences (ou d'identités) par rapport à la molécule de référence.</i></p> <p><u>Aides mineures</u> : remarques orales ou conseils</p> <p><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</p> | Le candidat met en œuvre le protocole de manière <b>satisfaisante</b> , seul ou avec <b>une aide mineure</b> (maîtrise le matériel, respecte les consignes et gère correctement son poste de travail).<br><i>Il obtient des <b>résultats exploitables</b>.</i> | ↑<br><b>A</b> |  |  |  |
|  |  | Le candidat met en œuvre le protocole de manière <b>satisfaisante</b> mais avec <b>des aides mineures répétées</b> .<br><i>Il obtient des <b>résultats exploitables</b>.</i>   | <b>B</b>      |  |  |  |
|  |  | Le candidat met en œuvre le protocole de manière <b>satisfaisante</b> mais avec <b>une aide majeure</b> .<br><i>Il obtient des <b>résultats exploitables</b>.</i>  | <b>C</b>      |  |  |  |
|  |  | Le candidat met en œuvre le protocole de manière <b>approximative ou incomplète malgré toutes les aides</b> apportées.<br><i>Il n'obtient <b>pas de résultats exploitables</b>.<br/>                     Un <b>document de secours</b> est indispensable.</i>  | <b>D</b>      |  |  |  |

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

Présenter des résultats pour les communiquer.

|   |  |   |        |  |  |  |  |
|---|--|---|--------|--|--|--|--|
| <p><b><u>Respect des règles inhérentes au mode de communication choisi :</u></b></p> <p>Arbre phylogénétique représenté<br/>Des éléments de texte doivent expliciter le mode de communication choisi pour le rendre compréhensible.</p> <p>Tableau présentant les comparaisons obtenues<br/>Des éléments de texte doivent expliciter le mode de communication choisi pour le rendre compréhensible.</p> | <p><b><u>Exactitude et exhaustivité des éléments de commentaire associés :</u></b></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><br/><i>Exactitude des valeurs (distances, pourcentages ou nombres de différences ou de ressemblances).</i></p> | <p>Le candidat présente un <b>résultat compréhensible</b> (explicité par des éléments de texte pertinents), <b>complet et exact</b>, qui respecte les <b>règles de communication</b>.</p>             | ↑<br>A |  |  |  |  |
|   |  | <p>Le candidat présente un <b>résultat compréhensible</b> (explicité par des éléments de texte pertinents), <b>complet et exact</b>, mais qui ne respecte pas les <b>règles de communication</b>.</p> | B      |  |  |  |  |
|   |  | <p>Le candidat présente un <b>résultat</b> peu compréhensible <b>et/ou incomplet et/ou inexact</b>.</p>   | C      |  |  |  |  |
|   |  | <p>Le candidat <b>présente un résultat incompréhensible</b>.</p>  | D      |  |  |  |  |

Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème

|   |  |        |  |  |  |  |
|---|--|--------|--|--|--|--|
| <p><b>Niveau A = niveau B +</b><br/>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 <b>satisfaisante</b> (pertinente, complète, exacte et critique) les informations tirées des résultats obtenus pour <b>apporter une réponse</b> au problème posé.</p> | ↑<br>A |  |  |  |  |
| <p><b>Niveau B = niveau C + :</b><br/>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 <b>satisfaisante</b> les résultats <b>mais ne répond pas</b> au problème posé.</p>  | B      |  |  |  |  |
| <p><b>Niveau C :</b> Les données anatomiques ou moléculaires sont prises en compte mais il n'y a pas de validation de l'arbre.</p>  | <p>Le candidat <b>exploite</b> les résultats de façon <b>non satisfaisante</b> qu'il y ait ou non référence au problème posé.</p>  | C      |  |  |  |  |
| <p>Non cohérent.</p>  | <p>Le candidat <b>n'exploite pas</b> les résultats de façon satisfaisante <b>et ne répond pas</b> 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<br>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

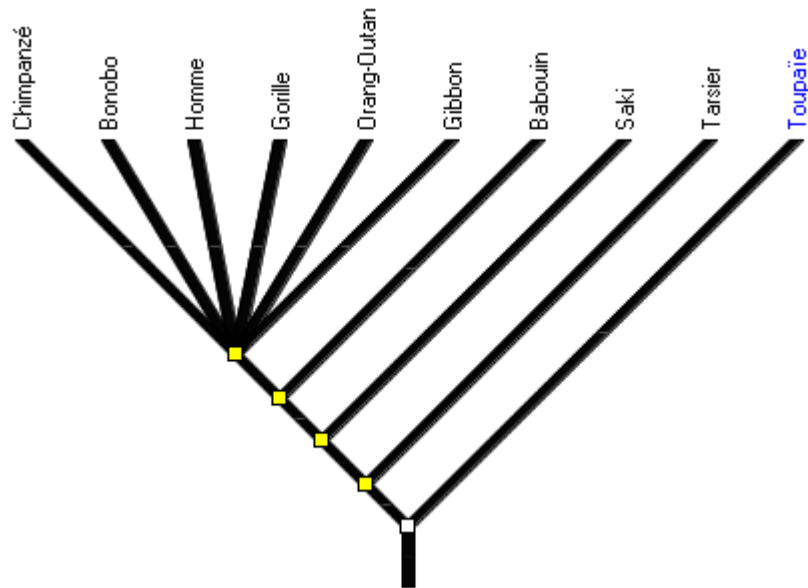
|             | Appendice nasal | Narines     | Orbites  | Pouce         | Queue    | Terminaisons des doigts |
|-------------|-----------------|-------------|----------|---------------|----------|-------------------------|
| Babouin     | Nez             | Rapprochées | Fermées  | Opposable     | Présente | 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<br/>longueur : 237 bases<br/>→ référence pour la comparaison</p> <p>NAD_Chimpanzé<br/>longueur : 237 bases<br/>→ 26 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme,<br/>soit 11,0 % de différence</p> <p>NAD_Gorille<br/>longueur : 237 bases<br/>→ 32 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme,<br/>soit 13,5 % de différence</p> | <p>Globine G Homme<br/>Séquence peptidique<br/>longueur : 148 acides aminés<br/>→ référence pour la comparaison</p> <p>Globine G Chimpanzé<br/>longueur : 148 acides aminés<br/>→ 0 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,<br/>soit 0,0 % de différence</p> <p>Globine G Gorille<br/>longueur : 148 acides aminés<br/>→ 3 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,<br/>soit 2,0 % de différence</p> | <p>cytoxydase_Homme<br/>Séquence peptidique alignée<br/>longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités)<br/>→ référence pour la comparaison</p> <p>cytoxydase_Chimpanzé<br/>longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités)<br/>→ 221 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme,<br/>soit 97,4 % d'identité</p> <p>cytoxydase_Gorille<br/>longueur : 229 acides aminés (sans compter les discontinuités)</p> |
|---|---|--|

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

|   |   |   |
|---|---|---|
| <p>NAD_Orang-outang<br/>longueur : 237 bases<br/>→ 58 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme,<br/>soit 24,5 % de différence</p> <p>NAD_Gibbon<br/>longueur : 237 bases<br/>→ 57 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme,<br/>soit 24,1 % de différence</p> | <p>Globine G Orang-Outang<br/>longueur : 148 acides aminés<br/>→ 2 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,<br/>soit 1,4 % de différence</p> <p>Globine G Gibbon<br/>longueur : 148 acides aminés<br/>→ 4 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme,<br/>soit 2,7 % de différence</p> | <p>→ 220 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme,<br/>soit 96,1 % d'identité</p> <p>cytoxydase_Gibbon<br/>longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités)<br/>→ 214 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme,<br/>soit 94,3 % d'identité</p> <p>cytoxydase_Orang Outan<br/>longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités)<br/>→ 213 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme,<br/>soit 93,8 % d'identité</p> |
|---|---|---|