

LES RELATIONS DE PARENTES ENTRE L'HOMME ET LES GRANDS PRIMATES

L'Homme est une espèce qui peut être regardée sur le plan évolutif comme toute autre espèce. Comme toutes les espèces qui peuplent la planète Terre, l'Homme (*Homo sapiens*) a une histoire évolutive. Cette histoire, qui continue aujourd'hui, s'inscrit dans celle, plus large, des Primates.

Quelle est la place de l'Homme parmi les Primates ?

Comprendre la manipulation ou proposer une démarche de résolution

1. **Proposer une méthode qui permettrait d'établir les liens de parentés entre l'homme et les primates. Donnez les caractères communs à l'homme et aux primates**

Activité 1 TP 8chap 8 TS Etablissement des liens de parenté à partir des caractères morpho-anatomiques

Cette étude vise à établir des relations de parenté entre l'Homme et les autres primates en construisant des arbres phylogénétiques basés sur le partage de caractères dits dérivés, c'est-à-dire correspondant à une innovation évolutive. Plus le nombre de caractères dérivés partagés est important entre deux espèces, plus celles-ci sont proches, c'est-à-dire possèdent un ancêtre commun récent.

Utiliser des techniques

Ouvrir le logiciel phylogène :

- Sélectionner la collection Archontes (Primates)
- **2. Construire une matrice des caractères en choisissant les 8 animaux suivants : Babouin - Chimpanzé - Gibbon - Gorille - Homme - OrangOutan- Tarsier - Tupaïe (qui n'est pas un primate) puis les caractères anatomiques et morphologiques qui suivent : terminaison desdoigts - pouce - orbites - queue – narines**
- **3. Utiliser des fonctionnalités du logiciel pour réaliser l'arbre phylogénétique le plus probable en adéquation avec la matrice précédente.**

L'arbre le plus probable est celui qui possède le minimum de ramifications.

Appeler l'enseignant pour vérification

4. **Placer sur l'arbre des caractères dérivés, tracer le clade (ensemble) correspondant aux primates et positionner leur dernier ancêtre commun (DAC).**

Communiquer à l'aide de modes de représentation

5. **Recopier le résultat ou effectuer une copie d'écran**

Adopter une démarche explicative

6. **Quel est le plus proche parent de l'homme ?**

Pour représenter les groupes frères

- « **Grouper** » : cliquer sur la colonne du caractère : les groupes se forment suivant leurs caractères partagés.
- « **Classer** » : procéder de la même manière : les groupes s'emboîtent suivant leurs caractères partagés.

	Amnios	Placenta	Doigts	Pièces basales
Mésange	présent	absent	présents	une
Grenouille	absent	absent	présents	une
Chat sauvage	présent	présent	présents	une
Sardine	absent	absent	absents	nombreuses

Pour afficher l'arbre à partir d'un tableau affiché

Afficher l'arbre brut	Arbre brut
<p>Cliquer sur Arbre. La seule hypothèse de départ est que toutes les espèces choisies ont une origine commune (un même ancêtre commun)</p> <p>En cliquant sur un caractère dans la matrice, un code couleur apparaît : - Bleu : absence (le plus souvent état primitif) - Jaune : présence (le plus souvent état dérivé)</p> <p>CI-CONTRE LE CARACTÈRE AMNIOS A ETE SELECTIONNE.</p>	

Déplacer les branches de l'arbre	Arbre traité
<p>Cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris. Sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite. Si le branchement est possible, un doigt pointé apparaît.</p>	

LES OUTILS POUR LA CONSTRUCTION D'UN ARBRE PHYLOGENETIQUE	
	Annule les opérations réalisées (une par une).
	Zoom avant et zoom arrière.
	Affichage des légendes sur chaque branche (état du caractère) sous forme de texte par défaut.
	Permet de réarranger les branches de l'arbre et l'affichage du code couleur.
	Enracinement : cliquer sur cette icône, puis se placer sur une branche (ou sur un nœud) et cliquer à nouveau. L'arbre est alors enraciné sur le taxon choisi.
	Permutation des branches autour d'un nœud. Cliquer sur cette icône puis se placer au niveau d'un nœud et cliquer à nouveau.
	Annule toutes les opérations. Retour au point de départ (origine commune à tous les taxons).

Activité 2 TP 8 chap 8 TS :

Etablissement des liens de parenté à partir de données moléculaires et du logiciel

phylogène

Afin de préciser la place de l'Homme au sein du groupe des grands primates, vous allez utiliser des données moléculaires.

Principe : le degré de similitude entre molécules dites homologues chez 2 espèces est assimilé au degré de parenté : le nombre de différences observées entre 2 séquences (nucléotidiques ou protéiques) est d'autant plus grand que l'ancêtre commun à ces 2 espèces est éloigné.

Utiliser des techniques

Pour la comparaison de molécules :

- Fichier, ouvrir, molécule, parenté entre organismes, primates :
- Tableau de molécules
- Choisir successivement : cytochrome C oxydase, globine bêta, globine epsilon, globine gamma, involucrine 2

7. Pour chacune d'entre elles rechercher le groupe le plus proche de l'homme.

8. Afficher l'arbre correspondant

Communiquer à l'aide de modes de représentation

9. recopier l'arbre et le justifier par les données de la matrice des distances (ou faites des captures d'écran)

Adopter une démarche explicative

10. préciser alors la place de l'Homme dans le groupe des grands Primates.

Activité 3 TP 8 chap 8 TS :

Etablissement des liens de parentés à partir des données moléculaires et du logiciel anagène

Utiliser des techniques

Pour faire apparaître les séquences d'acides aminés ou de nucléotides

- (Fichier) Banque de séquences, séquences fournies, TS, relations de parentés
- au sein des primates : molécule d'opsine S (protéine du pigment visuel, associée au rétinol qui n'est pas protéique)
- puis des hominidés : ADN mitochondrial boucle D (les mitochondries possèdent un ADN spécifique)

Après avoir choisi (surbrillance) et chargé (OK) les séquences d'acides aminés, il faut les sélectionner dans le tableau (fond blanc) et mettre l'homme en 1° (flèche rouge pour monter ou descendre).

Pour comparer les séquences

Une fois sélectionnées avec l'homme en référence, on les compare en tenant compte de leurs discontinuités.

L'information, « i » donne directement les % de ressemblances ou de différences avec la molécule de référence, sans avoir à les compter sur toute la longueur de la molécule.

LES ICONES DE LA BARRE D'OUTILS		LES BULLES D'AIDE	
EDITER UNE SEQUENCE		SELECTIONNER UNE SEQUENCE	
Sélectionner cette séquence dans un répertoire d'Anagène : - Banque de séquences - Fichier/ Ouvrir			Le bouton de sélection affiche une flèche rouge. Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. Elle est qualifiée de ligne pointée.
TRAITER UNE SEQUENCE		COMPARER DES SEQUENCES	
Utiliser pour cela le menu <i>traiter</i> . On peut <i>comparer les séquences</i> ou <i>convertir ces séquences</i> . Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.		La comparaison des séquences ne se fait que sur des séquences de même nature. La <i>séquence référence</i> est placée en premier.	
INFORMATIONS SUR LA SEQUENCE SELECTIONNEE		La <i>comparaison avec discontinuité</i> est utilisée ici pour comparer des séquences homologues.	
Utiliser le menu <i>informations / informations sur la ligne pointée</i> pour obtenir des informations sur la séquence sélectionnée par rapport à la référence.			

Communiquer à l'aide de modes de représentation

11. Recopier sur votre copie les tableaux

Adopter une démarche explicative

12. A partir des données moléculaires établissez le plus proche parent de l'homme, justifiez