

## TP15- LES RELATIONS DE PARENTE ENTRE L'HOMME ET LES PRIMATES

### Mise en situation et recherche à mener

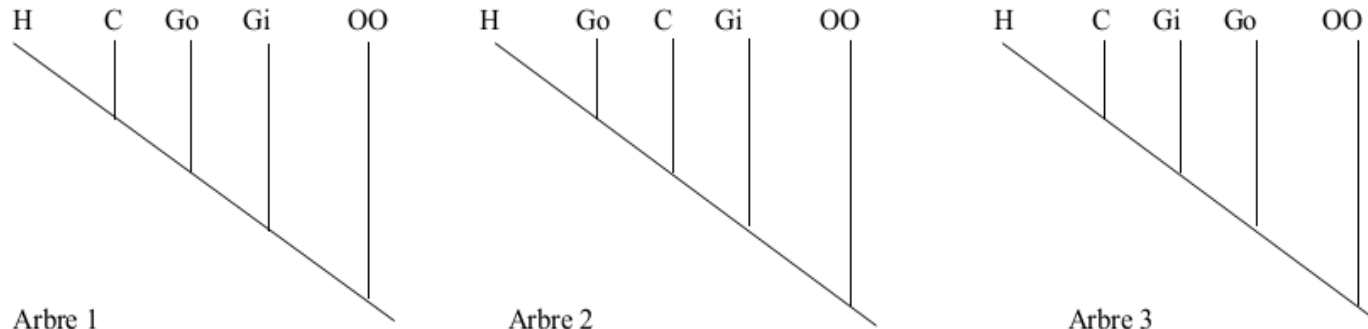
l'Homme (*Homo sapiens*) a une histoire évolutive qui s'inscrit dans celle plus large des Primates. l'Homme est parmi les Primates, un Hominoïde. Il possède une grande proximité génétique avec ces derniers et des caractères propres à sa lignée (la lignée humaine).

Au sein des hominoïdes les ressemblances morphologiques sont importantes et ils possèdent de très nombreux gènes et protéines en commun.

*Dans le groupe des primates, on précisera la place de l'Homme parmi les Hominoïdes .*

### Ressources

#### Document 1 : Trois arbres phylogénétiques hypothétiques entre l'Homme et quelques *Hominoïdes*



H : Homme ; C : Chimpanzé ; OO : Orang-Outan ; Gi : Gibbon ; Go : Gorille

#### Ressources :

- On dispose des données anatomiques concernant les taxons étudiés : forme des orbites, pouce, queue, narine, rhinarium, terminaison des doigts.

-On dispose de molécules communes aux Hominoïdes (plus de 20% de similitudes qui ne sont pas le fait du hasard). Ce sont des molécules dites homologues :

***ADNmt Primates, COI Primates, COX2-Primates, pour Phylogène).***

-Logiciel Phylogène et sa fiche d'utilisation qui permet d'établir des phylogénies grâce à des comparaisons anatomiques et moléculaires

- Fiche document 1 les principes d'établissement des phylogénies.

-Arbre Phylogénétique des primates

### Etape1 : Démarche d'investigation

**1-Proposer** une démarche d'investigation permettant de répondre à la problématique

### Etapas 2, 3, 4

**2-Mettre en œuvre le protocole pour obtenir des résultats exploitables**

**3- Présenter les résultats pour les communiquer :**

à l'aide des données anatomiques sous forme d'un arbre phylogénétique polarisé et correctement annoté (après construction de la matrice taxons-caractères) :

-les caractères dérivés partagés par les différents taxons sont reportés aux bons endroits sur l'arbre,

-le groupe monophylétique des Hominoïdes est encadré, l'ancêtre commun aux primates d'une part et l'ancêtre commun aux Hominoïdes d'autre part sont repérés sur l'arbre.

**4-Répondre à la problématique : faire un choix correctement argumenté** d'un arbre phylogénétique consensus pour le groupe des Hominoïdes parmi les 3 proposés à partir de la comparaison des données moléculaires proposées.

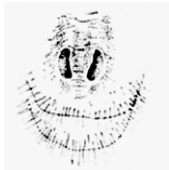
QUELQUES CLADES CHEZ LES PLUS PROCHES PARENTS DE L'HOMME ET QUELQUES UNS DE LEURS CARATERES DERIVES PROPRES

**Primates** : Groupe monophylétique comprenant des espèces variées qui possèdent certains caractères exclusifs que leur a légué leur ancêtre commun dont : **Pouce opposable** (= main préhensile), **ongles plats** (au lieu de griffes), **Vision binoculaire** (due à la migration des orbites vers l'avant)

**Haplorrhiniens** : disparition du Rhinarium (truffe) et des vibrisses, apparition du nez



la truffe (ex : chez le Aye-aye, un primate lémurien)



nez a= nez à narines fendues d'un Platyrrhinien (ouistiti),

**Simiiformes** : (**singes**) fermeture postérieure de l'orbite (figure b), les os frontaux fusionnent en un seul os frontal (figure 2b), etc.

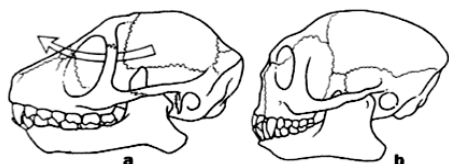


figure 1

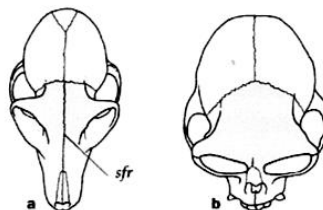


figure 2

**Catarrhiniens** : narines ouvertes vers le bas, séparées par une cloison fine (plus de narines largement séparées et fendues)



Nez b=nez à narines rapprochées d'un Catarrhinien (ex : chimpanzé)

**Hominoïdes** : les vertèbres caudales s'atrophient et se soudent en coccyx, il n'y a donc plus de queue (figure 1 a et b), fusion de l'os scaphoïde et de l'os central (deux os de la main) après la naissance (post natale)

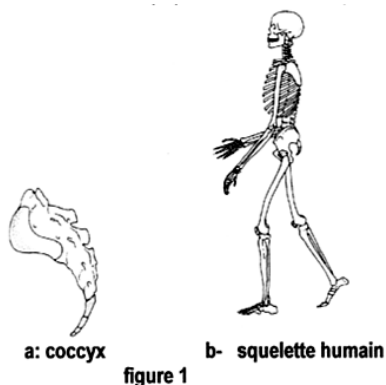


figure 1

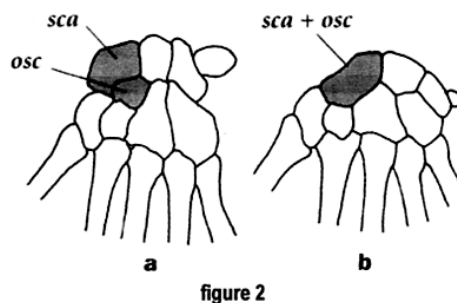


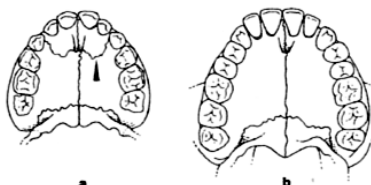
figure 2

**Hominoïdes** : cortex cérébral présentant un plissement accru (b)



**Hominidés** : fusion de l'os scaphoïde et de l'os central (deux os de la main) avant la naissance (pré natale)

**Homininés** : une suture à l'avant de la voûte palatine s'efface chez l'adulte (a= palais d'un enfant, b= palais d'un adulte)



## FICHE DOCUMENT 1

### CERTAINES RESSEMBLANCES SONT UTILISEES POUR ETABLIR DES RELATIONS DE PARENTE

#### I-LES DONNEES UTILISEES SONT DES **HOMOLOGIES**

► **des caractères homologues** (anatomiques, morphologiques ...)

**Ce sont des caractères qui dérivent d'une même structure ancestrale**

*ex : la nageoire du poisson et le membre antérieur des tétrapodes*

Les caractères homologues existent sous deux états : **ancestral -ou primitif-** et **dérivé**. L'état dérivé correspond à une **innovation évolutive** par rapport à l'état ancestral du caractère.

► **des molécules homologues**

**Qui dérivent d'une même molécule ancestrale (gènes, protéines...)**

*Ex : les gènes de globine des différents vertébrés*

#### II- ETABLIR DES LIENS DE PARENTE

Seul **le partage d'une homologie** (une innovation évolutive ou d'une molécule homologue) **permet d'établir un lien de parenté entre des taxons.**

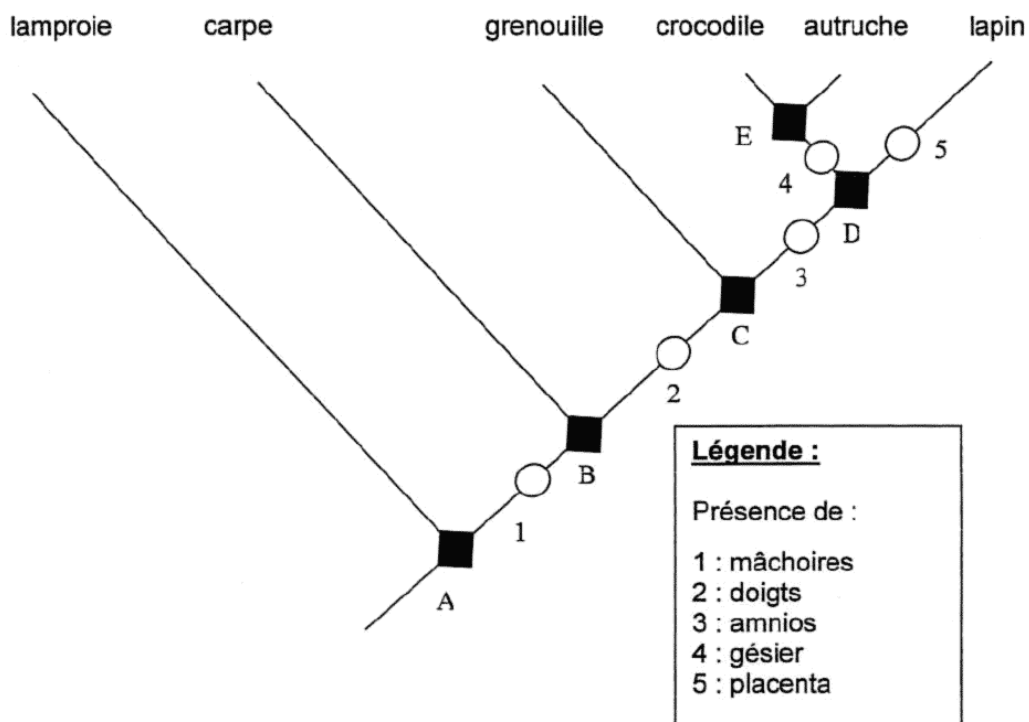
**On peut les regrouper dans le même groupe monophylétique (clade) avec leur DAC** (dernier ancêtre communs exclusif) **chez lequel l'innovation évolutive est apparue.**

#### III-TRADUIRE DES LIENS DE PARENTE

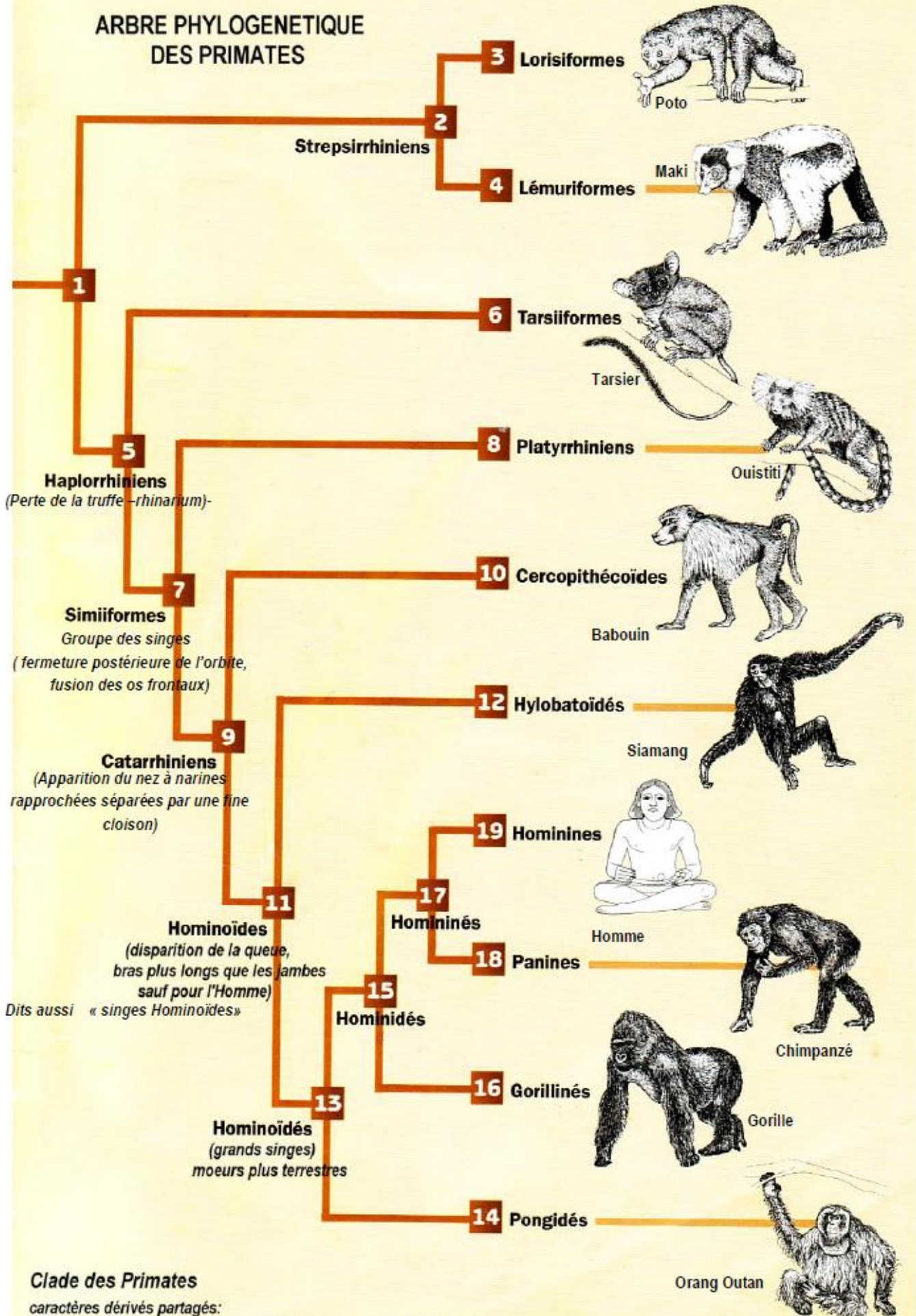
Un **arbre phylogénétique** est un schéma qui traduit les relations de parenté entre un ensemble d'êtres vivants et/ou fossiles :

► **Chaque nouvelle branche traduit une innovation évolutive (disques 1 à 5)**

► **Un nœud de l'arbre (carrés noirs) correspond au dernier ancêtre communs exclusif (hypothétique)**



# ARBRE PHYLOGENETIQUE DES PRIMATES



## Clade des Primates

caractères dérivés partagés:

mains préhensiles aux pouces opposables aux autres doigts, ongles plats, orbites ayant migré vers l'avant et autorisant une vision binoculaire, prééminence de la vision sur l'odorat, espèces généralement omnivores ou herbivores-frugivores...

# FICHE PROTOCOLE



Attention les coups de pouce sont absents de l'épreuve de TP du bac

## I- -ETABLIR DES LIENS DE PARENTE A L'AIDE DES DONNEES ANATOMIQUES

### Construction de la matrice

-**Sélectionner** la collection des **Archontes** puis **Construire** la matrice des distances entre les taxons et l'Homme (voir fiche utilisation Phylogène)

On choisira les taxons suivants: Homme, Babouin, Bonobo (Chimpanzé), Gibbon, Gorille, Orang-outan, Saki, Tarsier Maki, Toupaï.

On choisira les caractères morpho- anatomiques : forme des orbites, pouce, queue, **narines (rhinarium –narines fendues séparées- ou narines rapprochées)**, appendice nasal (nez ou truffe), terminaison des doigts. (Pour le vocabulaire, consulter le glossaire dans la fonction « aide »).

### **Remarques :**

-**Le Toupaï est un taxon extra-groupe –non primate-, il permet de définir les caractères ancestraux et par opposition les caractères dérivés.**

-**Le Bonobo a été assimilé au Chimpanzé)**




**Coup de pouce :** Compléter chaque case de la matrice : un clic droit affiche l'état du caractère. Vérifier ensuite l'exactitude de la matrice puis passer à la construction de l'arbre.

-**Construction de l'arbre phylogénétique** (voir fiche utilisation Phylogène)

-**Recopier l'arbre pour le compléter.**



**Coup de pouce :** (icône ) cliquer sur les taxons pour les faire apparaître dans la fenêtre de droite, cliquer sur le premier caractère et **regrouper, au niveau d'un nœud, les taxons qui le possèdent à l'état dérivé**. Le nœud, représente l'ancêtre commun chez lequel le caractère est apparu sous sa forme dérivée. Ajuster les regroupements en procédant de même pour chaque caractère, revenir en arrière pour vérifier la cohérence des regroupements. **Attention, on veillera à ce que chaque nœud de l'arbre soit bien justifié par le partage d'un caractère homologue dérivé (au moins).**

## I- -ETABLIR DES LIENS DE PARENTE A L'AIDE DES DONNEES MOLECULAIRES

-Dans **Activités** sélectionner **étude moléculaire** puis les molécules **ADNmt Primates, COI Primates, COX2-Primates**.

-**Recopier** ces arbres pour les comparer afin de **choisir** parmi les trois phylogénies proposées dans l'activité, celle qui est la plus probable.



**Coup de pouce :** Le tableau proposé présente les séquences des acides aminés des molécules. Le code utilisé associe une lettre à un des 20 acides aminés existant (=code monolettre).

Sélectionner les taxons dont on veut comparer les molécules (un taxon sélectionné apparaît en gris). **La séquence de référence est toujours la première séquence sélectionnée, les différences par rapport à cette séquence sont indiquées en noir.**

Sélectionner **Matrice des distances**: le nombre de différences dans la succession des acides aminés chez les organismes pris 2 à 2 apparaît. Sélectionner **Arbre pour le faire apparaître**