

# La place de l'Homme parmi les Primates.

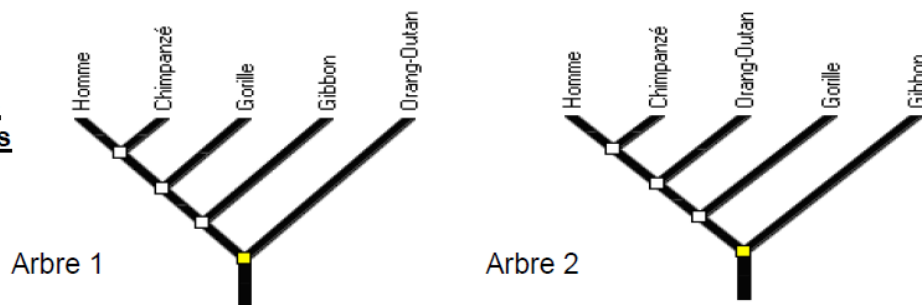
## Mise en situation et recherche à mener

Les liens de parenté au sein des primates (Homme, Gorille, Chimpanzé, Orang-Outan et Gibbon) 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 morphologiques et moléculaires, les liens de parenté entre ces primates actuels.

### Ressources

**Document 1 : deux arbres de parenté hypothétiques entre les espèces étudiées**



### Matériel :

- Logiciel phylogène de comparaison de caractères morphologiques homologues chez les êtres vivants
- Logiciel anagène 2 de traitement de données moléculaires.
- Fichier contenant des séquences de molécules homologues (molecules.edi) chez différentes espèces de primates actuels
- Fiches techniques des logiciels



**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

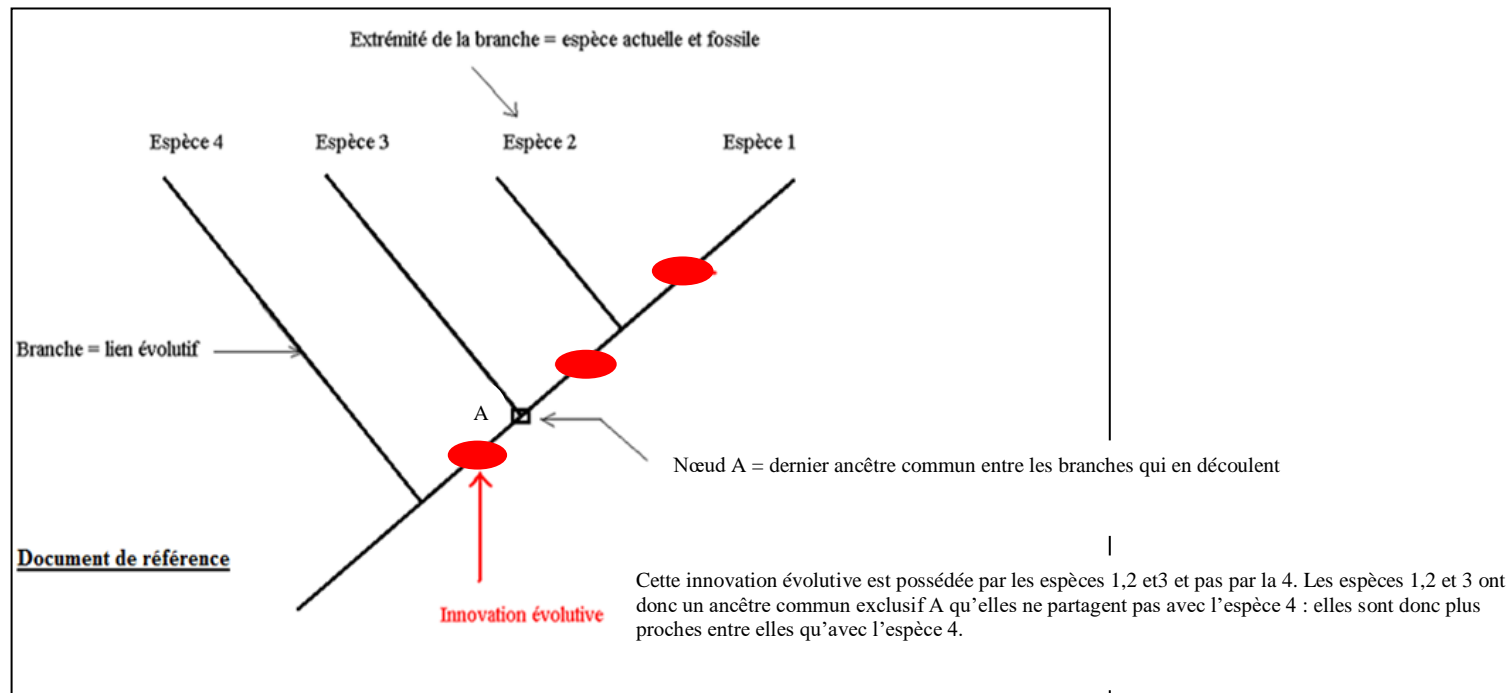
## Exigences

1) Proposer une démarche d'investigation permettant de déterminer la place de l'homme au sein des primates.

- Proposer une stratégie en relation avec le pb (ce qu'on fait, comment et quels résultats sont envisagés)

Etape 2 : <u>Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables</u>	
<p>2) <b>Mettre en œuvre le protocole</b> afin de préciser les liens de parenté entre l'homme et les autres primates actuels.  <b>Appeler le professeur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.</b></p>	- Maîtrise des outils des logiciels
Etape 3 : <u>Présenter les résultats pour les communiquer</u>	
<p>3) Sous la forme de votre choix, <b>traiter</b> les données obtenues pour les <b>communiquer</b>.</p> <p><b>Compte rendu présentant l'ensemble des réponses et productions réalisées avec les protocoles.</b></p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Matrice 1 phylogène complétée</li> <li>- Arbre correct, complet et titré et légendé</li> <li>- Matrice des données moléculaires complète et correcte</li> </ul>
Etape 4 : <u>Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème</u>	
<p>4) <b>Exploiter l'ensemble des résultats pour préciser</b> la place de l'homme au sein des primates et <b>déterminer</b>, l'arbre de parentés le plus probable entre grands primates actuels (Gorille, Orang-outan, Gibbon, Homme et Chimpanzé).</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Solution en cohérence avec le problème posé. (je vois que, je sais que, je conclus que )</li> </ul>

AIDE :



**Procédure détaillée pour comparer les caractères morfo-anatomiques avec phylogène**

**Réaliser** la comparaison entre l'Homme et les autres Primates, à l'aide du logiciel Phylogène, afin de déterminer les liens de parenté entre ces espèces.

1. cliquer sur construire une matrice et sélectionner les espèces et les caractères à comparer ;

Données à comparer : *appendice nasal, orbite, pouce, queue, terminaison des doigts, narines* du fichier « Archontes (Primates) »

Espèces à comparer : Homme, Chimpanzé, Gorille, Gibbon, Orang-outan, Maki, Tarsier, Macaque et Tupaïe (petit mammifère non primate)

2. compléter la matrice en cliquant dans chaque case et en choisissant le bon caractère.

**NB** : le rhinarium est le museau de la majorité des Mammifères constitué par une truffe et des vibrisses. Le chat, le chien ont un rhinarium.

3. cliquer sur vérifier pour passer à l'étape suivante.

- **compléter** la matrice du document 1A. Cliquer sur un caractère du tableau de comparaison et noter

- 0 si c'est un caractère ancestral
- 1 si c'est un caractère dérivé.

4. Dans l'onglet « *Activités* », choisir « *établir des parentés* » pour construire l'arbre de parenté de ces espèces  
→ *Organiser le tableau* en rangeant les colonnes du caractère le plus partagé au caractère le moins partagé.

→ *Choisir les taxons* Cliquer sur chaque espèce dans le tableau (en bas de l'écran) pour les faire apparaître à l'écran puis sur chaque caractère morphologique un à un du partagé par le plus grand nombre jusqu'au caractère le moins partagé.

→ Utiliser les commandes pour relier ensemble les espèces qui partagent les mêmes caractères dérivés (= caractères nouveaux). En jaune apparaissent les branches des espèces partageant le même caractère dérivé.

- **recopier** l'arbre obtenu.

- **placer** sur votre arbre les **derniers ancêtres communs** (en les numérotant : DAC1 etc).

- **entourer** le dernier ancêtre commun de tous les primates.

- **placer** sur votre arbre les **innovations évolutives** de chaque ancêtre commun (= caractères dérivés) en utilisant le numéro du caractère figurant dans le document 1A.

- **citer** les caractères propres aux primates.

- **justifier** s'il est possible ou non d'établir des relations de parenté entre les grands singes que sont l'Homme, le Gorille, le Chimpanzé, le Gibbon et l'Orang-Outan.

**Procédure détaillée pour comparer les molécules homologues avec anagène**

**Réaliser** le traitement des séquences à l'aide de la fiche protocole fournie du logiciel anagène, **afin de déterminer les liens de parenté entre l'Homme** (pris comme référence) et les **autres grands primates**.

1. ouvrir les séquences du fichier *molecules.edi* enregistré dans **Commun \_ SVT \_ Banque de molécules \_ Anagen - Sauve**.

2. **sélectionner judicieusement les séquences et les espèces à comparer**.

3. mettre la séquence de l'Homme.

4. traiter les séquences par **comparaison par alignements avec discontinuités**.

5. obtenir des informations sur la ligne pointée.

- **présenter vos résultats afin de mettre en évidence les liens de parenté entre l'Homme et les autres primates**.



**Document 1 : Matrice des caractères macroscopiques chez quelques primates**

<b>Matrice des caractères étudiés : 0= caractère ancestral et 1 = caractère dérivé</b>							
<b>Animaux</b>	(1) appendice nasal	(2) orbites	(3) pouces	(4) queue	(5) terminaison des doigts	(6) narines	Total
Homme							
Chimpanzé							
Gorille							
Gibbon							
Orang-outan							
Maki							
Tarsier							
Macaque							
Toupaïe							

**Document 1 : Matrice des caractères macroscopiques chez quelques primates**

<b>Matrice des caractères étudiés : 0= caractère ancestral et 1 = caractère dérivé</b>							
<b>Animaux</b>	(1) appendice nasal	(2) orbites	(3) pouces	(4) queue	(5) terminaison des doigts	(6) narines	Total
Homme							
Chimpanzé							
Gorille							
Gibbon							
Orang-outan							
Maki							
Tarsier							
Macaque							
Toupaïe							