

Comme toutes les espèces qui peuplent la planète, l'Homme (*Homo sapiens*) a une histoire évolutive. Cette histoire, qui continue aujourd'hui de s'écrire, s'inscrit dans celle des primates. En effet, l'Homme est un primate de l'ancien monde qui partage de nombreux caractères dérivés avec les autres primates (cf document de référence). Ce groupe des primates comprend de nombreuses autres espèces actuelles et fossiles.

Comment préciser les liens de parenté des humains au sein des primates et déterminer quel est le plus proche parent de l'homme ?

Partie 1 : détermination des relations de parenté grâce à l'étude de caractères morpho-anatomiques

1. Suivre le protocole « Phylogène » afin de construire l'arbre de parentés, puis l'imprimer.
2. En utilisant le document 1, représenter sur votre arbre les groupes suivants
 - Primate
 - Singe
 - Grand singe (ou Hominoïdés)
3. Quel est le plus proche parent de l'humain ?

Partie 2 : utilisation de données moléculaires

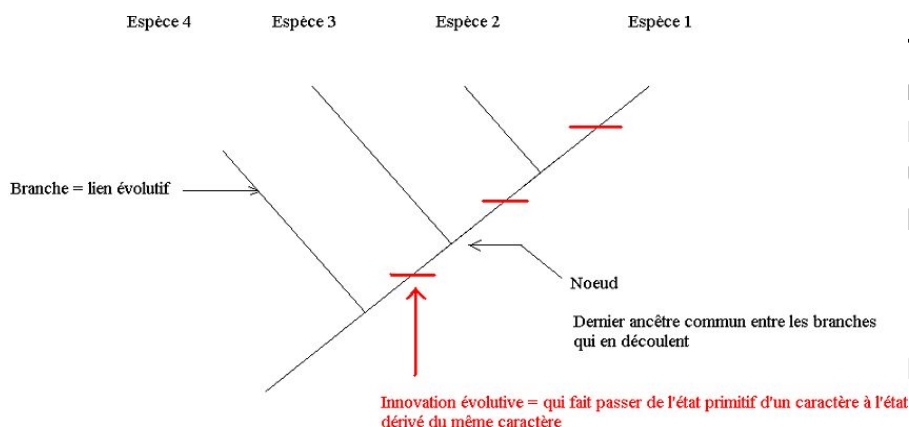
4. En utilisant le doc 2, déterminer quel est le plus proche parent de l'humain. Justifier votre réponse.
5. Manuel doc 5 p 207 : que montre l'étude de ces caryotypes

Document de référence : la notion de caractères dérivés et partagés

Les relations de parenté s'établissent sur le partage de caractères à l'état dérivé. En effet un caractère peut exister sous deux états :

- primitif (ancestral)
- dérivé : résultant de l'apparition d'une innovation évolutive

Cette innovation peut être à l'origine de la modification du caractère, sa disparition ou l'apparition d'un nouveau caractère.



Toutes les espèces possédant un même caractère à l'état dérivé l'ont hérité d'un ancêtre commun. C'est un être virtuel qui le premier a possédé cette innovation.

Les arbres phylogénétiques :

Dans la représentation des relations de parenté par les arbres phylogénétiques :

- chaque branche est terminée par une espèce
- les innovations évolutives se positionnent entre les nœuds
- l'ancêtre commun à deux espèces qui possèdent l'innovation se place au niveau du nœud suivant. Attention un ancêtre commun n'est pas un fossile, c'est un être vivant hypothétique

- l'extra-groupe : espèce qui sert de référence et qui correspond à la première branche. Cette espèce ne possède que des caractères à l'état primitif.

Le fait que deux groupes partagent le même caractère dérivé permet d'émettre l'hypothèse qu'il leur a été transmis par un ancêtre commun.

Plus deux espèces sont parentes plus elles possèdent de caractères dérivés.

Document 1 : Les caractères spécifiques de quelques groupes

L'apparition d'un ou plusieurs caractères dérivés permet de définir un groupe où toutes les espèces sont issues d'un même ancêtre commun. Par exemple, le pouce opposable est l'un des caractères dérivés spécifiques du groupe des primates. Les singes eux sont des primates dotés d'une orbite fermée. Parmi eux, les grands singes (encore appelés hominoïdes) se caractérisent par l'absence de queue remplacée par un coccyx.

Document 2: Des données moléculaires afin de préciser des relations de parentés au sein d'un groupe

Afin d'obtenir un arbre phylogénétique plus précis, il est possible de comparer les séquences* nucléotidiques d'un même gène présent chez différentes espèces (a). En effet, au cours du temps, l'ADN accumule des modifications liées aux mutations*. Pour un gène donné, et en supposant constante la fréquence des mutations, plus les différences

seront importantes et plus l'ancêtre commun entre deux espèces sera ancien. La matrice des distances (b) présente le pourcentage de différences entre les séquences d'un même gène comparées deux à deux. Ces résultats sont représentatifs de ceux obtenus par une comparaison de l'ensemble des génomes* de ces espèces.

			1150			1155			1160			1165			1170			1175			1180			1185			1190			1195			1200		1	
HOMME	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	G	C	C	C		
CHIMPANZE	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	G	C	G	G	C	
GORILLE	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	G	C	A	G	C	
ORANGUTAN	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	G	C	A	G	C	
SAIMIRI	C	C	A	A	G	G	C	T	G	C	A	A	C	T	G	T	G	C	A	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	G	C	A	G	C

a Comparaison partielle du gène de la microcéphaline chez différents Primates (réalisée avec le logiciel *Phylogène*).

b Matrice des distances issue de la comparaison de la séquence entière du gène de la microcéphaline (2 529 nucléotides) chez quelques Primates. Les valeurs indiquent le pourcentage de différence. ➤

	HOMME	CHIMPANZE	GORILLE	ORANGUTAN	SAIMIRI
HOMME	0	1.03	1.54	2.85	10
CHIMPANZE		0	1.23	2.57	9.77
GORILLE			0	2.77	9.92
ORANGUTAN				0	9.09
SAIMIRI					0