

## TP 7 : Un regard sur l'évolution de l'homme

### **I- Niveau et insertion dans le programme**

- Terminale S obligatoire  
Thème 1-A Génétique et évolution  
  
Thème 1-A-4 Un regard sur l'évolution de l'Homme
- Extrait du programme :  
D'un point de vue génétique, l'Homme et le chimpanzé, très proches, se distinguent surtout par la position et la chronologie d'expression de certains gènes.

### **II- Principe et objectif :**

- Principe : Utiliser un logiciel de simulation pour comprendre établir un lien de parenté entre l'Homme et les primates
- Objectif : Découvrir quelles sont les relations de parenté entre les primates et l'Homme

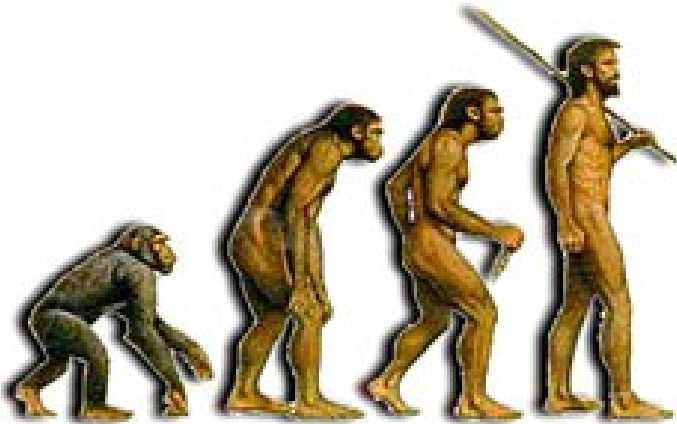
### **III- Matériel nécessaire :**

- Poste élève : ordinateur avec logiciels phylogène, anagène
- Poste professeur : Vidéoprojecteur avec logiciels phylogène et anagène

**Mise en situation et recherche à mener**

**« Ce dessin reflète l'image que les gens ont aujourd'hui de l'évolution en particulier humaine. L'homme moderne correspond à des stades évolutifs différents et l'homme correspond à l'étape ultime. ». Ce document est simple mais ne correspond pas aux données récoltées par les paléontologues.**

Voilà ce que Sophie a pu entendre de l'émission de télévision qu'elle regardait et hop l'orage ne lui a pas permis d'en apprendre davantage. Voilà plusieurs fois qu'elle entend que : « l'homme ne descend pas du singe », comment pourrait elle ..... alors la parenté de l'homme avec les autres primates ?



**Ressources**

La classification actuelle des êtres vivants est une classification dite phylogénétique, c'est-à-dire basée sur les liens de parentés entre les espèces (qui est plus proche de qui dans l'histoire évolutive du vivant ?). Afin de déterminer ces liens de parenté on considère que plus le nombre de caractères dérivés partagés entre les espèces est grand, plus elles sont proches.

Matériel envisageable :

- de laboratoire (verrerie, instruments ...)
- d'observation (microscope, loupe binoculaire...)
- de mesure et d'expérimentation (balance, chaine ExAO...)
- informatique et d'acquisition numérique

## TP 7 : Un regard sur l'évolution de l'homme

**Caractère** n.m. Attribut d'un membre d'une population, ou d'un taxon, par lequel il diffère d'un autre membre d'un groupe ou d'un autre taxon. Plus généralement, un caractère peut être tout attribut utilisé pour reconnaître, décrire, définir ou différencier les taxons.

L'**état ancestral** ou **primitif** d'un caractère est un caractère présent chez un ancêtre commun d'espèces différentes.

L'**état dérivé** d'un caractère correspond à des caractères homologues présents chez des espèces différentes et résultant de l'évolution d'un même caractère primitif présent chez leur ancêtre commun.

- Le logiciel PHYLOGENE et sa fiche technique : logiciel de données anatomiques et morphologiques de différentes espèces, avec la collection « Archontes» (Primates)
- Le logiciel ANAGENE et sa fiche technique : banques de données moléculaires.

*Définitions d'après Guillaume Lecointre*

*<http://acces.ens-lyon.fr/biotic/evolut/parente/html/glossair.htm>*

### **Etape 1 : Concevoir une stratégie pour résoudre une situation problème (durée maximale : 10 minutes)**

**Proposer une démarche d'investigation** afin d'établir la parenté de l'homme avec les autres primates .

### **Etape 2 : Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables**

#### 1- Etablissement des liens de parenté à partir des caractères morfo-anatomiques :

**Utiliser** les données anatomiques fournies par le logiciel PHYLOGENE dans la collection « Archontes » afin de préciser les relations de parenté de l'Homme avec le Chimpanzé, le Gorille, l'Orang-outan, le Gibbon et le macaque (groupe d'étude). Le Tupaïa sera présent dans la matrice mais il n'appartient pas au groupe d'étude et possède tous les caractères à l'état ancestral. (ce n'est pas un primate, il constitue l'extra groupe) .

**Construire** une matrice de caractères.

**Réaliser** l'arbre phylogénétique en adéquation avec la matrice précédente.

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

#### 2- Etablissement des liens de parenté à partir de données moléculaires :

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.

**Ouvrir** avec le logiciel ANAGENE le fichier « seq-adn-prot.edi» situé dans le répertoire « sauve » puis **choisir** uniquement les séquences utilisables pour préciser les relations de parenté de l'Homme avec ces cinq espèces. (voir tableau joint).

**Justifier** ces choix de séquences.

**Sélectionner** et **traiter** successivement les lots de séquences choisies afin d'établir des liens de parenté.

TP 7 : Un regard sur l'évolution de l'homme

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

Sous la forme de votre choix, **traiter** les données obtenues pour les **communiquer**.

**Placer** sur l'arbre les changements d'états des caractères (=innovations évolutives), le dernier ancêtre commun (DAC) de tous les primates.

**Etape 4 : Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème**

**Exploiter les résultats pour Identifier** les 2 espèces qui apparaissent les plus proches parents de l'Homme, et **argumenter** vos choix. **Montrer** l'utilité des données moléculaires pour **préciser** les degrés de parenté entre les espèces du groupe d'étude.

TP 7 : Un regard sur l'évolution de l'homme

**Tableau des séquences de molécules homologues disponibles dans le fichier « seq.ADNprot.edi » sous anagène.**

(x = disponible dans le logiciel Anagène)

<b>Taxons</b>	<b>Séquences (nature)</b>	Gène de l'enzyme permettant la synthèse de NADH (nucléique)	HLA (nucléique)	CMH (nucléique)	l'enzyme permettant la synthèse de NADH (protéique)	Cytochrome oxydase (protéique)
Bonobo						x
Orang outang		x				x
Macaque					x	x
Homme		x	x		x	x
Gorille		x			x	x
Chimpanzé		x		x	x	x
Gibbon		x			x	x
Maki						x

**Lexique**

**Etabli par Guillaume Lecointre, MNHN**

**Arbre phylogénétique ou cladogramme** : Schéma ou "arbre" exprimant une hypothèse sur les parentés phylogénétiques entre plusieurs taxons\*. Chacun de ses points de branchements ou noeuds, est défini par une ou plusieurs caractères dérivés. Le cladogramme représente donc une répartition des caractères dérivés dans les taxons. le cladogramme est aussi une classification par emboîtement.

**Clade** n.m. Vient du grec clados qui signifie branche. Taxon\* strictement monophylétique, c'est-à-dire contenant un ancêtre et tous ses descendants.

**Extragroupe** n.m. On dit aussi groupe extérieur ou encore "outgroup" tiré de l'anglais. Groupe que l'on sait a priori placer en dehors d'un ensemble de taxons\* dont on cherche les relations de parenté\*.

**Homologie** (caractères homologues) Sont homologues deux structures qui, prises dans des êtres différents, conservent la même organisation fondamentale - le même plan - et les mêmes connexions essentielles avec les organes avoisinants et ce, malgré les variations d'aspect de ces structures (Owen, 1843). Cette définition est celle de l'homologie de position dont on tire les liens de parenté. Historiquement, cette notion remonte à Geoffroy Saint Hilaire (1825). De nos jours, on l'appelle aussi homologie primaire, car elle correspond aux hypothèses d'homologie formulées en début d'analyse phylogénétique.

Similarité chez une ou plusieurs espèces, d'organes ou de parties d'organes, lorsque l'on peut présumer que cette correspondance provient de l'héritage d'un ancêtre commun. Cette définition est celle de l'homologie de filiation, ou encore homologie secondaire. Le concept de filiation étant lié à un arbre, l'homologie secondaire entre caractères est révélée par l'arbre le plus parcimonieux. Remarque : Selon Hennig, différents caractères qui sont tenus pour des étapes de transformation d'un même caractère originel sont appelés homologues. Cette définition s'applique aussi aux caractères moléculaires. En l'absence de preuve contraire, deux caractères similaires sont à priori présumés homologues. (Principe de Hennig, que l'on applique lorsque l'on aligne les séquences d'un gène ou d'une protéine).

**Matrice (de caractères)** n.f. Tableau à double entrée comportant en général verticalement une série d'espèces ou de taxons et horizontalement une série de caractères. Dans les cases du tableau figurent sous forme codée les états des caractères pour chacun des taxons. L'analyse cladistique des caractères donne lieu à une telle matrice, les états sont généralement codés 0, 1, 2, etc.

**Monophylétique (groupe)** n.m. En Systématique phylogénétique\*, groupe qui comprend une espèce ancestrale et tous ses descendants. On dit aussi d'un groupe monophylétique qu'il est un clade\*.

**Noeud** n.m. Point de rencontre de trois branches ou segments de branches dans un arbre.

**Taxon** n.m. Ensemble des organismes reconnus et définis dans chacune des catégories de la classification biologique hiérarchisée. En d'autres termes : contenu concret d'une catégorie. Exemple : *Canis lupus*, le Loup, est un taxon de rang spécifique (catégorie : espèce) ; les canidés (*Chien*, *Loup*, *Renard* .) constituent un taxon de rang familial (catégorie : famille).