

**Correction TP 5 : Un regard sur l'évolution de l'Homme : la place de l'Homme parmi les primates**

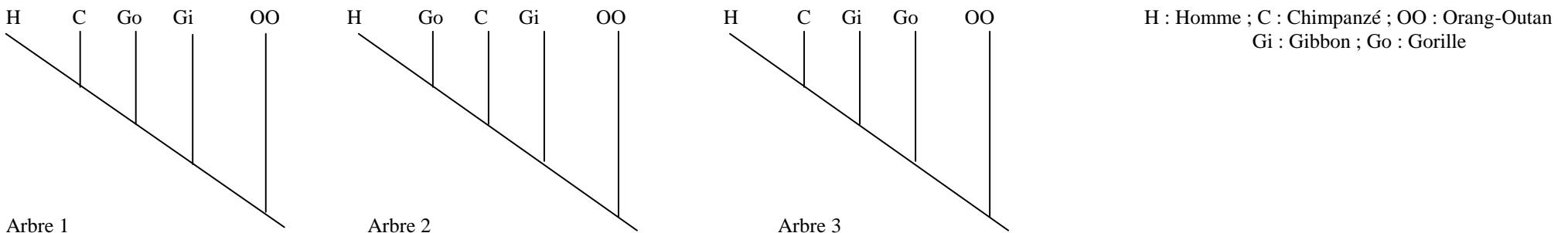
**Mise en situation et recherche à mener**

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 trois 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 : Trois arbres phylogénétiques hypothétiques montrant les relations de parenté entre l'Homme et quelques Primates à partir des données moléculaires :**



**Document 2 : Comparaison des données morpho-anatomiques et établissement des liens de parentés entre primates avec le logiciel « Phylogène »**

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, Saki, Macaque, Tarsier, Maki et Toupaïe (petit mammifère non primate)

**Document 3 : Comparaison des données moléculaires avec le logiciel « Géniegen »**

Données à comparer : séquences de molécules homologues d'ADN du fichier seq-ADN.edi

Séquences de molécules homologues disponibles  (x = disponible dans le fichier seq-ADN.edi)	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

## Concevoir une stratégie pour résoudre une situation problème :

### 1. Rappelez la problématique ou l'objectif :

Le problème consiste à établir les liens de parentés entre les Primates actuels et de déterminer la place de l'Homme parmi les Primates.

### 2. Indiquez la méthode utilisée et ce que vous allez faire :

La comparaison s'établit sur le partage en commun des caractères homologues à l'état dérivé. On se propose donc de comparer des données anatomiques et morphologiques à l'aide du logiciel Phylogène et d'établir un arbre de parenté entre les Primates.

Puis pour affiner, confirmer ou infirmer nos résultats nous allons étudier des données moléculaires, en comparant grâce au logiciel Géniegen des molécules homologues possédées par tous les Primates étudiés c'est à dire les séquences d'ADN de NAD, protéiques de Globine G et de Cytoxydase. Cette comparaison permettra de choisir lequel des trois arbres proposés est le plus vraisemblable.

### 3. Précisez et les résultats attendus :

On peut penser que l'Homme est plus proche du Chimpanzé que Gorille, du Gibbon ... Mettez ce que les documents vous apprennent et ce qui vous paraît le plus logique....

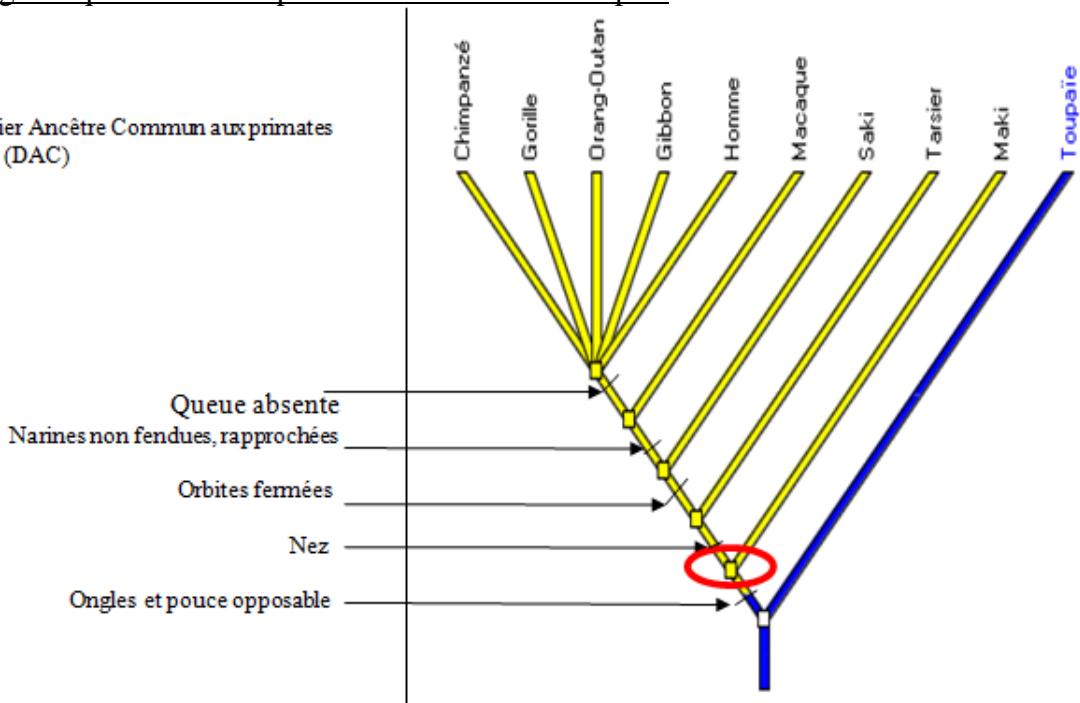
## Mettre en oeuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables :

	Appendice nasal	Orbites	Pouce	Queue	Terminaisons des doigts	Narines
Chimpanzé	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Gibbon	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Gorille	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Homme	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Maki	Truffe	Ouvertes	Opposable	Présente	Ongles	Ecartées
Macaque	Nez	Fermées	Opposable	Présente	Ongles	Rapprochées
Orang-Outan	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Saki	Nez	Fermées	Opposable	Présente	Ongles	Ecartées
Tarsier	Nez	Ouvertes	Opposable	Présente	Ongles	Ecartées
Toupaïe	Truffe	Ouvertes	Non opposable	Présente	Griffes	Ecartées

## Arbre phylogénétique de certains primates actuels et du Toupaïe

### Interprétation :

Dernier Ancêtre Commun aux primates (DAC)



La présence d'un pouce opposable et d'ongles à la terminaison des doigts sont les deux caractères qui permettent de placer l'Homme parmi les primates.

L'Homme, le Chimpanzé, le Gorille, l'Orang-Outang et le Gibbon possèdent tous les mêmes états de caractères à l'état dérivés, il est donc impossible à partir de ces données morpho-anatomiques d'établir des liens de parentés entre eux.

### **Remarque : Les homologies morphologiques et anatomiques.**

A partir des données morphologiques et anatomiques, on établit un cladogramme qui montre la proximité de l'Homme et des autres Hominoïdes, qui, au sein des primates, ne possèdent pas de truffe, ont les narines rapprochées et plus de queue comme les Gibbons, Orang-outan, Chimpanzés, Bonobos, et Gorille.

### **Mettre en oeuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables**

Il faut choisir les séquences communes aux espèces c'est-à-dire les molécules homologues ADN (NAD) et placer l'Homme en référence (flèche rouge et en haut).

Affichage des séquences			
CMH_Chimpanzé	◀	▶	0
NAD_Homme	◀	▶	0
NAD_Chimpanzé	◀	▶	0
HLA_Homme	◀	▶	0
NAD_Gibbon	◀	▶	0
NAD_Gorille	◀	▶	0
NAD_Orang-outang	◀	▶	0
Sélection : 5/7 lignes			

### **Présenter les résultats pour les communiquer**

- Présenter les résultats sous la forme d'un tableau est le plus judicieux.
- N'oubliez pas le titre

**Titre :**

### **Matrice des distances pour les 3 types de séquences entre l'homme (pris pour référence) et les 4 autres grands primates actuels (en % de différence)**

Molécules comparées	NAD	Globine G	Cytoxydase
Espèces comparées à l'homme			
Chimpanzé	11,0	0,0	2,6
Gorille	13,5	2,0	3,9
Orang-outang	24,5	1,4	6,2
Gibbon	24,1	2,7	5,7

**Attention :** Lorsqu'on choisit la comparaison simple, les informations données sont exprimées en pourcentages de différences alors que si la comparaison a été faite par alignements avec discontinuités, ce sont les pourcentages d'identités qui sont donnés. Vous pouvez choisir le mode de présentation (nombres, pourcentages, différences, ressemblances).

### Exemple de tableau de comparaison des molécules NAD, en % d'identités

	Chimpanzé	Gibbon	Gorille	Orang-outang
Homme	<b>89,03 %</b>	<b>75,9%</b>	<b>86,5 %</b>	<b>75,5 %</b>

**% de différences = 100 % - % de ressemblances**

NAD_Homme longueur : 237 bases → référence pour la comparaison	Globine G Homme Séquence peptidique longueur : 148 acides aminés → référence pour la comparaison	cytoxydase_Homme Séquence peptidique alignée longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → référence pour la comparaison
NAD_Chimpanzé longueur : 237 bases → 26 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 11,0 % de différence	Globine G Chimpanzé longueur : 148 acides aminés → 0 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 0,0 % de différence	cytoxydase_Chimpanzé longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 221 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 97,4 % d'identité
NAD_Gorille longueur : 237 bases → 32 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 13,5 % de différence	Globine G Gorille longueur : 148 acides aminés → 3 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 2,0 % de différence	cytoxydase_Gorille longueur : 229 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 220 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 96,9 % d'identité
NAD_Orang-outang longueur : 237 bases → 58 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 24,5 % de différence	Globine G Orang-Outang longueur : 148 acides aminés → 2 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 1,4 % de différence	cytoxydase_Gibbon longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 214 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 94,3 % d'identité
NAD_Gibbon longueur : 237 bases → 57 bases différentes de la séquence de référence NAD_Homme, soit 24,1 % de différence	Globine G Gibbon longueur : 148 acides aminés → 4 a.a. différents de la séquence de référence Globine G Homme, soit 2,7 % de différence	cytoxydase_Orang Outan longueur : 227 acides aminés (sans compter les discontinuités) → 213 a.a. identiques à la séquence de référence cytoxydase_Homme, soit 93,8 % d'identité

### **Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème**

Analyse :

**On constate que le pourcentage d'identités entre les séquences de NAD et comme entre celles de cytoxydase ou Globine G est plus élevé entre Homme et Chimpanzé (NAD : 89,3%, cytoxydase : 97,4 %, Globine G 100%) que entre l'Homme et le Gorille (NAD : 86,5%, cytoxydase : 96,9 %, Globine G 98%) qui est plus élevé qu'entre Homme et Gibbon (NAD : 75,9%, cytoxydase : 94,3 %, Globine G 97,3%) plus élevé qu'entre Homme et Orang-outang (NAD : 75,5%, cytoxydase : 93,8 %, Globine G 98,6%).**

Interprétation :

**On sait que plus le pourcentage d'identités entre deux espèces est élevé, plus leurs relations de parenté sont étroites c'est à dire plus ils partagent un ancêtre commun exclusif proche.**

**Donc parmi les primates étudiés, Chimpanzé est le plus proche parent de l'Homme et partage avec lui un ancêtre commun exclusif et récent. Info + : Celui-ci aurait vécu il y a 6 à 7 millions d'années.**

### **Remarque : Les homologies moléculaires.**

Les molécules présentent très peu de différences comme le montrent les matrices de pourcentages de nucléotides différents (rappel : **on ne parle pas d'état ancestral et dérivé pour les études moléculaires**) donc les plus proches parents de l'Homme sont les Chimpanzés et Bonobos (Chimpanzé nain), suivis de près par les Gorilles.

Ils appartiennent aux Hominidés et partagent un ancêtre commun récent.

**Rappel : aucun fossile ne peut être considéré comme un ancêtre commun !**

**L'arbre phylogénétique le plus probable à partir de la comparaison des séquences homologues NAD est donc l'arbre 1 :**

