

### **Activité 9: La place de l'homme parmi les primates**

Les mécanismes de l'évolution s'appliquent au monde vivant dans son ensemble. L'animal *Homo sapiens sapiens*, son origine et son évolution doivent entrer dans ce cadre. L'histoire de la lignée humaine repose sur des faits observés : données paléontologiques, anatomo-morphologiques, caryotypiques et moléculaires.

#### **Comment préciser les degrés de parenté entre les espèces actuelles ou fossiles au sein des primates ?**

La phylogénie est l'étude des relations de parenté entre les êtres vivants actuels ou fossiles. Il s'agit de déterminer des liens de parenté ("qui est plus proche parent de qui ?") et non pas des liens de descendance ("qui descend de qui ?"). Un arbre phylogénétique est une forme de représentation qui traduit les relations de parenté entre un ensemble d'êtres vivants, actuels et/ou fossiles.

**Deux espèces sont plus apparentées entre elles qu'elles ne le sont avec une troisième espèce si elles partagent entre elles un ancêtre commun qui leur est exclusif (c'est à dire plus récent que l'ancêtre commun partagé avec la 3<sup>e</sup> espèce). L'existence de cet ancêtre commun exclusif est révélée par le partage exclusif de similitudes (caractères homologues; séquences moléculaires homologues) héritées de leur ancêtre commun exclusif.**

#### **I: Établir des parentés basées sur le partage de caractères homologues**

Un caractère est un attribut observable d'un organisme; c'est la désignation de ce que l'on observe (exemple: couleur des yeux). On peut distinguer différents états d'un caractère (exemple pour le caractère «couleur des yeux» : états bleu, vert, noir...)

##### **Pour établir des parentés, les ressemblances (analogies) ne sont pas suffisantes, il faut se baser sur des caractères homologues:**

**Notion d'homologie:** Deux caractères observés chez 2 espèces différentes sont supposés homologues si ils entretiennent les mêmes relations avec les structures voisines; si ils présentent le même plan d'organisation; et/ou si ils ont la même origine embryologique et ce quelques soient leurs formes ou leurs fonctions. Il s'agit d'une hypothèse d'homologie que l'on ne peut valider qu'après avoir construit et choisi l'arbre; les caractères sont effectivement homologues si l'établissement de la phylogénie montre qu'ils sont hérités d'un ancêtre commun aux espèces.

**Notion d'analogie:** Deux caractères qui présentent la même forme et/ou la même fonction ne sont pas forcément homologues. On parle d'analogie lorsque des caractères présentent des formes et/ou des fonctions similaires sans être hérités d'un ancêtre commun. (exemple: les ailes des oiseaux et des chauve souris en tant que surfaces volante)

##### **Seul le partage d'états dérivés des caractères témoigne d'une étroite parenté**

**État primitif ou ancestral:** État d'un caractère ne résultant pas d'une innovation évolutive dans le cadre d'étude.

**État dérivé:** État d'un caractère résultant d'une innovation évolutive dans le cadre d'étude.

**Une innovation évolutive** (ou changement d'état) est le passage de l'état ancestral à l'état dérivé.

Les notions d'états ancestraux et dérivés sont des notions relatives au cadre d'étude dans lequel on se situe.

##### **Les arbres phylogénétiques basés sur le partage d'états dérivés de caractères homologues sont des cladogrammes:**

Ils comportent 3 composantes:

- Les feuilles (extrémités des branches) qui sont des espèces actuelles (placées au sommet de l'arbre) ou des espèces fossiles
- Des nœuds qui sont des ancêtres communs hypothétiques
- Des branches (ou entre nœuds) qui sont des liens évolutifs au cours des quels sont apparues des innovations évolutives (chaque branche doit être justifiée par au moins une innovation évolutive)

Les ancêtres communs représentés sur les arbres phylogénétiques sont hypothétiques, définis par l'ensemble des caractères dérivés partagés par des espèces qui leur sont postérieures ; ils ne correspondent pas à des espèces fossiles précises.

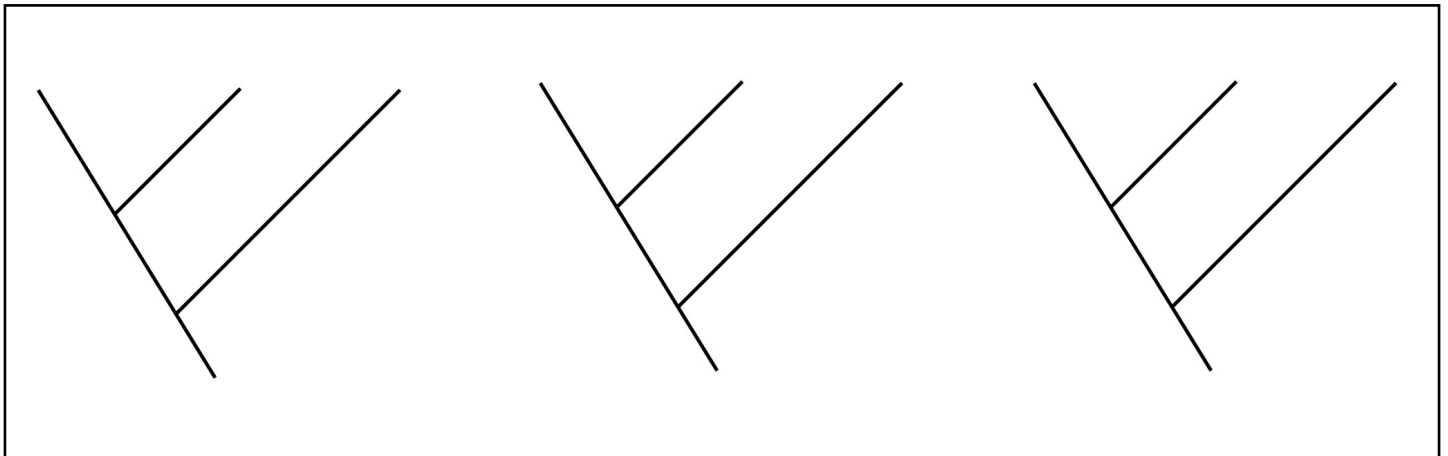
Une espèce fossile ne peut être considérée comme la forme ancestrale à partir de laquelle se sont différenciées les espèces postérieures. Le fossile est une lignée évolutive éteinte.

##### **Plus des espèces partagent de caractères à l'état dérivé, plus leur ancêtre commun est récent, plus leur lien de parenté est étroit**

En pratique, on choisit l'arbre le plus parcimonieux, c'est à dire celui qui implique le moins de changements d'états (innovations évolutives et réversions)

#### **A: On cherche à déterminer les 2 espèces les plus apparentées dans le groupe d'étude Homme - Gorille - Maki**

Schématisez les 3 parentés possibles pour ce groupe d'espèces.

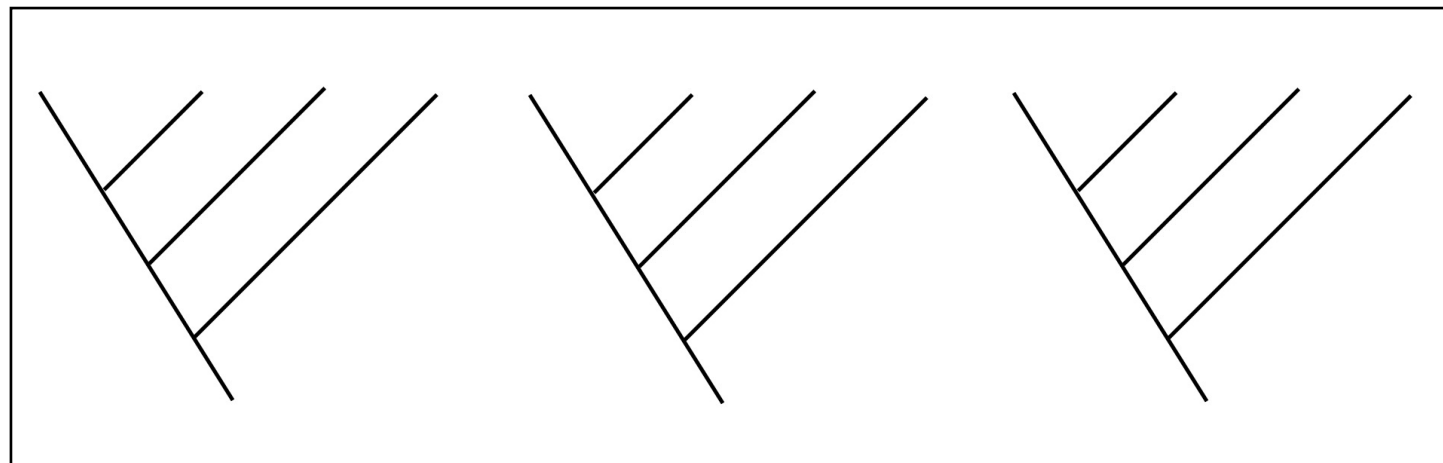


**Polariser** les caractères (distinguer les états ancestraux des états dérivés) en considérant le Tupaia comme taxon extra-groupe (moins apparenté aux espèces du groupe d'étude qu'elles ne le sont entre elles, et possédant à priori les états ancestraux des caractères). Colorier les états ancestraux en bleu, et les états dérivés en rouge dans la matrice taxon / états des caractères ci contre.

**Schématisez** à nouveau les 3 parentés possibles pour les espèces du groupe d'étude en ajoutant le Tupaia sur chacun de vos arbres

**Indiquez** sur chacun des trois arbres hypothétiques les changements d'états nécessaires à la justification de la phylogénie hypothétique, et **choisir** l'arbre le plus parcimonieux.

	Orbite	Pouce	Queue
Homme	Fermée	Opposable	Absente
Gorille	Fermée	Opposable	Absente
Maki	Ouverte	Opposable	Présente
Tupaia	Ouverte	Non oppos	Présente



## B: On cherche à établir des relations de parenté dans un groupe d'étude plus vaste, grâce au logiciel Phylogène

**Choisir** la collection ARCHONTES (primates). **Choisir** construire une matrice de caractères

**Choisir** les espèces: chimpanzé, bonobo, gorille, homme, gibbon, orang-outan, babouin, macaque, saki, maki, tarsier et tupaï (extragroupe)

**Choisir** les caractères: pouce, terminaison des doigts, appendice nasal, orbites, narines, queue.

**Utiliser** les fonctionnalités du logiciel pour : **remplir** la matrice de caractères, **polariser** la matrice, **réaliser** le cladogramme et **choisir** le plus parcimonieux

**Recopier** l'arbre le plus parcimonieux, et placer sur l'arbre : les changements d'états des caractères, le dernier ancêtre commun (DAC) de tous les primates et la position de l'Homme.

**Commenter** l'arbre retenu et faire un portrait robot de chacun des ancêtres communs.

A large, empty rectangular box with a black border, intended for the student to draw the final phylogenetic tree, indicate state changes, and provide commentary on the results.

## II: Établir des parentés basées sur le degré de similitude entre séquences moléculaires homologues

Afin de préciser la place de l'Homme au sein du groupe des primates, vous allez utiliser des données moléculaires.

Des protéines qui assurent la même fonction chez des espèces différentes et qui présentent de grandes similitudes dans leurs séquences peptidiques sont dites homologues (les gènes qui codent ces protéines chez les différentes espèces considérées sont également qualifiés d'homologues).

Les similitudes observées ne peuvent être dues au hasard, elles témoignent d'une parenté entre les espèces étudiées. En comparant les séquences on peut également mettre en évidence des différences qui sont dues à des mutations.

Si on admet que la vitesse d'évolution des molécules (taux de mutations par unité de temps ou horloge moléculaire) est identique pour toutes les lignées, alors le nombre de différences observées entre 2 séquences est donc proportionnel au temps écoulé (divergence) depuis que ces 2 espèces se sont séparées (spéciation).

Le degré de similitude renseigne donc sur le degré de parenté: plus le degré de similitude est élevé, plus la divergence a été courte, plus l'ancêtre commun exclusif est récent, et plus les espèces sont apparentées.

Les arbres phylogénétiques obtenus par cette méthode sont des phénogrammes, la longueur des branches traduit la divergence depuis les spéciations à partir des ancêtres communs (nœuds)

Dans le logiciel Phylogène, **Choisir** la collection «primates»

Dans Fichier, **ouvrir** le tableau de séquences et **choisir** la séquence Cox 2 primate.aln

**Sélectionner** les espèces du groupe d'étude (homme, gorille, orang-outang, chimpanzé, gibbon), et **affichez** la matrice de distances.

**Affichez** l'arbre (option arbre UPGMA) et les distances. **Recopier** et **commentez** l'arbre obtenu.

Faire de même avec une autre séquence, et **comparer** les résultats obtenus avec les différentes séquences utilisées.