

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

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 ?

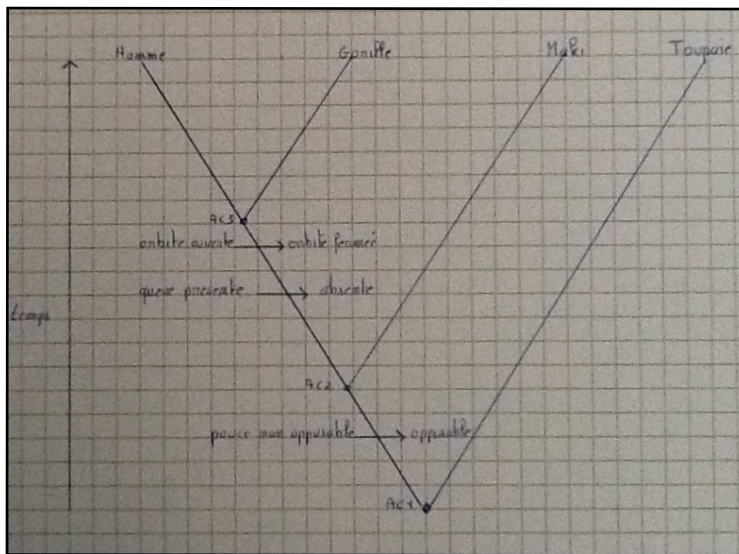
La phylogénie est l'étude des relations de parenté entre les êtres vivants actuels ou fossiles. ("qui est plus proche parent de qui ?")

Un arbre phylogénétique est une forme de représentation qui traduit les relations de parenté entre un ensemble d'êtres vivants, actuels et/ou fossiles.

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

Seul le partage d'états dérivés de caractères homologues témoigne d'une étroite parenté. Des espèces qui partagent entre elles des états dérivés de caractères homologues ont hérité ces états dérivés d'un ancêtre commun qui leur est exclusif et donc plus récent que les ancêtres communs partagés avec d'autres espèces qui ne possèdent pas ces états dérivés. Ces espèces sont donc plus apparentées entre elles qu'elles ne le sont des autres espèces qui ne partagent pas ces états dérivés.

#### 1: Dans un groupe d'étude réduit: Homme - Gorille - Maki



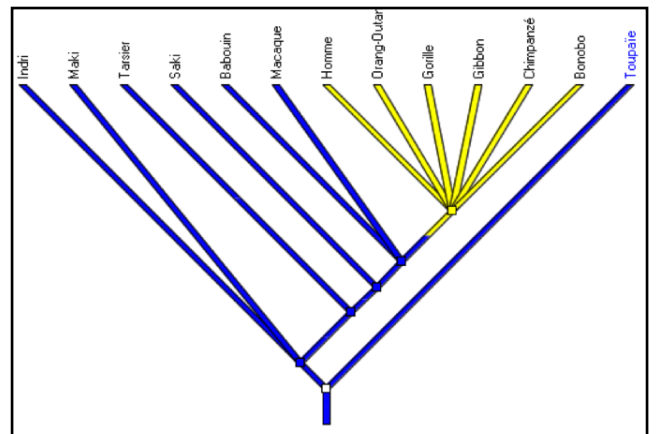
	Orbite	Pouce	Queue
Homme	Fermée	Opposable	Absente
Gorille	Fermée	Opposable	Absente
Maki	Ouverte	Opposable	Présente
Toupaie	Ouverte	Non oppos	Présente

D'après l'arbre retenu (le plus parcimonieux) ci contre, l'Homme et le Gorille sont plus apparentés entre eux qu'ils ne le sont du Maki. En effet, l'homme et le gorille partagent les états dérivés des caractères orbite et queue, ils possèdent donc un AC exclusif (dont ils ont hérité ces états dérivés) qu'ils ne partagent pas avec le Maki.

On peut établir un portrait robot de AC3: il possédait des pouces opposables, une orbite fermée et il n'avait pas de queue.

#### 2: Dans un groupe d'étude plus vaste: déterminer la place de l'homme au sein de primate

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



La comparaison des caractères macroscopiques met en évidence que c'est avec l'Orang Outan, le Gorille, le Chimpanzé, le Bonobo et le Gibbon que l'Homme partage le plus grand nombre d'états dérivés de caractères homologues (pouce opposable, ongles, nez, orbites fermées, narines rapprochées et queue). Ces 6 espèces partagent donc un ancêtre commun exclusif que ne partagent pas les autres Primates du groupe étudié; elles sont donc plus apparentées entre elles qu'elles ne le sont des autres primates. En revanche on ne peut préciser avec les données macroscopiques étudiées davantage les relations de parenté entre ces 6 espèces. Il faudrait prendre en compte davantage de caractères, ou bien se baser sur des données moléculaires.

L'interprétation des phylogénies établies:

- Repose sur des hypothèses: hypothèses de polarisation (extra groupe possédant les états ancestraux et phylogénétiquement plus éloigné); hypothèses d'homologie des caractères...
- Est relative aux cadres d'études: les relations de parenté sont établies à l'intérieur du cadre d'étude.
- Est relative aux caractères étudiés: choix des caractères et nombre de caractères étudiés.

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

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

Les similitudes observées témoignent d'une parenté entre les espèces étudiées qui auraient hérité ces séquences d'ancêtres communs plus ou moins éloignés dans le temps.

Les différences sont dues à des mutations. Si on admet que la vitesse d'évolution des molécules (taux de mutation par unité de temps ou horloge moléculaire) est constante et 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.

	Bonobo	Homme	Gorille	Orang	Gibbon	Macaque
Bonobo	0	6	7	12	14	27
Homme		0	7	14	13	27
Gorille			0	9	14	28
Orang				0	14	28
Gibbon					0	25
Macaque						0

Nombre de différence entre les séquences péptidique COX2  
D'après phylogène.

La comparaison moléculaire des séquences protéiques COX 2 chez les différentes espèces montre que l'homme et le chimpanzé (bonobo) sont les deux espèces les plus apparentées.

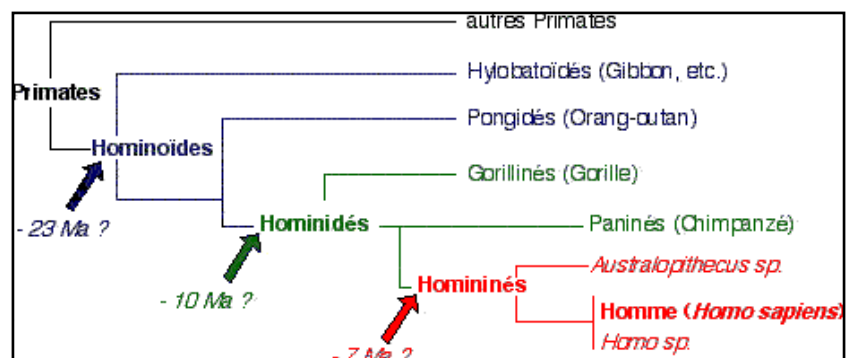
De nombreuses autres comparaisons établies à partir de différentes séquences moléculaires homologues confirment pour la plus part cette parenté Homme / Chimpanzé. Certaines phylogénies conduisent cependant à une parenté plus étroite entre le gorille et l'homme.

Les relations établies reposent sur l'hypothèse d'une horloge moléculaire (taux de mutation en fonction du temps) constante au cours du temps et identique dans les lignés étudiées.... ce qui n'est pas toujours le cas. Elles reposent aussi sur le taux de mutations de la séquence: insuffisamment discriminant si le taux est trop faible, avec un risque élevé de réversions si le taux est trop élevé.

On peut par divers recoupements estimer l'âge (intervalle d'âge) d'un ancêtre commun hypothétique et donc en déduire le taux de mutations de la molécule en fonction du temps. Ainsi, si l'ancêtre commun aux 6 primates a un âge estimé à 27 Ma alors la fréquence de mutation de COX2 est de 13,5 mutations / 27 Ma soit 0,5 mutations par Ma. On en déduit que l'ancêtre commun Homme Bonobo aurait 3/0,5 soit 6 Ma.

Les différents caractères morphologiques, anatomiques, embryonnaires, chromosomiques, moléculaires... présents chez l'Homme sont apparus successivement au cours de l'histoire des êtres vivants. L'homme est:

- un eucaryote (les premières formes datent de - 1200 Ma), ses cellules contiennent un noyau et d'autres organites
- un vertébré (-500 Ma) avec un squelette qui rigidifie le corps,
- un tétrapode (-390 Ma), il possède un cou et 4 membres tous munis de doigts,
- un amniote (-340 Ma) car il se développe à partir d'une annexe embryonnaire temporaire, l'amnios, qui le nourrit et le protège.
- un mammifère, dont les premiers sont apparus il y a 200 Ma. Ils ont tous en commun des glandes mammaires et des poils
- un primate (-65 Ma) avec son pouce opposable aux autres doigts permettant la préhension



**Hominoides** : super-famille regroupant les Primates dépourvus de queue.

**Hominidés** : famille regroupant l'Homme, ses ancêtres et leurs collatéraux. Ainsi les Chimpanzés et les Gorilles.

**Homininés** : sous-famille des Hominidés, (genres Homo et Australopithecus).