

## Activité 15 : Les relations de parenté au sein des primates

En 1871, Darwin publie *The Descent of Man, and Selection in Relation to Sex*. Dans cet ouvrage, il s'affranchit du dogme religieux en étendant à l'être humain sa théorie de la descendance avec modification.

**Objectif : Mettre en évidence les relations de parenté entre les primates.**



Une comparaison des caractéristiques morphologiques et anatomiques de différentes espèces actuelles permet d'établir leurs liens de parenté (a).

Au cours de l'évolution, des caractères apparaissent ou changent. Ces innovations permettent la transformation d'un caractère ancestral en un caractère dérivé. Elles sont transmises d'un ancêtre qui les possède à sa descendance. Ainsi, plus le nombre de caractères dérivés partagés par deux espèces est important et plus ces espèces sont apparentées ; autrement dit, plus leur ancêtre commun est récent.

Une matrice de comparaison permet de déterminer facilement le nombre de caractères dérivés partagés par deux espèces (b). Cette matrice sert ainsi à la construction d'un arbre de parenté ou **arbre phylogénétique (DOC. 2)**.

a Caractères morphologiques observables à l'œil nu de différentes espèces.

### Etude des données anatomiques

1. Ouvrir le logiciel **Phylogène de votre ordinateur**
2. Choisir sur le 1<sup>er</sup> écran la collection **Archontes** (Primates) puis la fonctionnalité « Construire » dans le menu « Activités »

Vous allez générer une matrice des caractères qui vous permettra de compléter le tableau ci-dessous.

3. Pour générer la matrice, sélectionner en bas de l'écran les espèces souhaitées en cliquant sur chacune d'elles.

**Especies à sélectionner : Chimpanzé, Gibbon, Bonobo, Orang-Outan, Gorille, Homme, Babouin, Tupaïe et Macaque.**

Toutes ces espèces sauf le Tupaïe font partie des primates.

4. Choisir les caractères dans le menu déroulant.

**Caractères à sélectionner : Pouce, Queue, Terminaison des doigts et Appendice nasal.**


5. Remplir la matrice vide en cliquant sur chacune des cases et en utilisant les informations qui apparaissent en bas à droite de l'écran.
6. Vérifier l'exactitude de la matrice et corriger si nécessaire.

**Compléter alors le tableau de la page suivante.**

7. Une fois la vérification effectuée, choisir la fonctionnalité « Polariser » dans le menu « Activités »
8. En bas de l'écran à gauche, choisissez une espèce représentant un extra-groupe (une espèce qui n'appartient pas au groupe des primates). Une fois votre choix effectué, cliquer sur « Colorer les états primitifs suivant l'extra-groupe »
9. En bas de l'écran au centre est indiqué la couleur des états dérivés des caractères (Le jaune par défaut). Tout en bas choisissez dans le menu déroulant : « Colorer de la même manière les états identiques ». Cliquez alors dans les cases du tableau sur les caractères qui ne font pas parti de l'extra-groupe. **Cliquez ensuite sur vérifier.**

**Complétez votre tableau en entourant de bleu les caractères primitifs et en surlignant en jaune (ou une autre couleur) les états dérivés (ou innovations évolutives)**

10. Une fois la vérification effectuée, choisir la fonctionnalité « Etablir des parentés » dans le menu « Activités »

11. Cliquer sur les espèces à comparer, puis sur 

12. Cliquer sur un caractère dans le tableau **puis construire l'arbre en réunissant ensemble les branches contenant l'état dérivé du caractère sélectionné.**

13. Recommencer la même opération avec le caractère suivant dans le tableau.

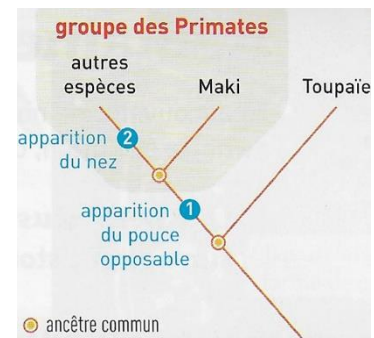
Caractères Espèces	Pouce	Queue	Terminaison des doigts	Appendice nasal	Sinus frontal (cavité crânienne)
Chimpanzé					Présence
Gibbon					Absence
Bonobo					Absence
Orang-Outan					Absence
Gorille					Présence
Homme					Présence
Babouin					Absence
Macaque					Absence
Toupaïe					Absence

### Construire un arbre phylogénétique

La construction d'un arbre phylogénétique permet de visualiser les liens de parenté entre différentes espèces.

Par exemple, le Maki est plus proche des autres espèces que le Toupaïe car il partage avec elles un pouce opposable (1). Mais, ne possédant pas de nez (2), il apparaît comme le plus éloigné des autres espèces du groupe des Primates.

L'apparition d'un ou de 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 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.



- Les **états dérivés se positionnent entre les différentes branches**, ainsi les branches situées après ce caractère le possèdent, les branches situées avant possèdent le caractère ancestral. Un arbre phylogénétique présente uniquement les caractères dérivés.
- Les **ancêtres communs se placent au nœud des branches**

**En vous aidant du document fourni, de l'arbre réalisé avec le logiciel et de la matrice des caractères, construisez l'arbre phylogénétique des primates étudiés.**

- **Replacer** sur votre arbre les moments où apparaissent les caractères anatomiques étudiés.
- **Entourer** le dernier ancêtre commun de tous les primates.
- **Citer** les caractères propres aux primates.

**Sachant que les hominidés (grands singes) possèdent un coccyx à la place de la queue et un sinus frontal, entourer le groupe des hominidés sur l'arbre.**

### **Etude des données moléculaires**

1. Choisir la fonctionnalité « Etude moléculaire » dans le menu « Activités »
2. Ouvrez les séquences COX2-Primates.aln
3. Choisissez les espèces pour lesquelles les données anatomiques sont insuffisantes pour établir les relations de parenté avec précision.
4. Cliquez sur Matrice des Distances. Celle-ci représente le nombre de différence entre les molécules COX2 des espèces choisies.

**Déterminer alors quelle est l'espèce la plus proche de l'être humain**