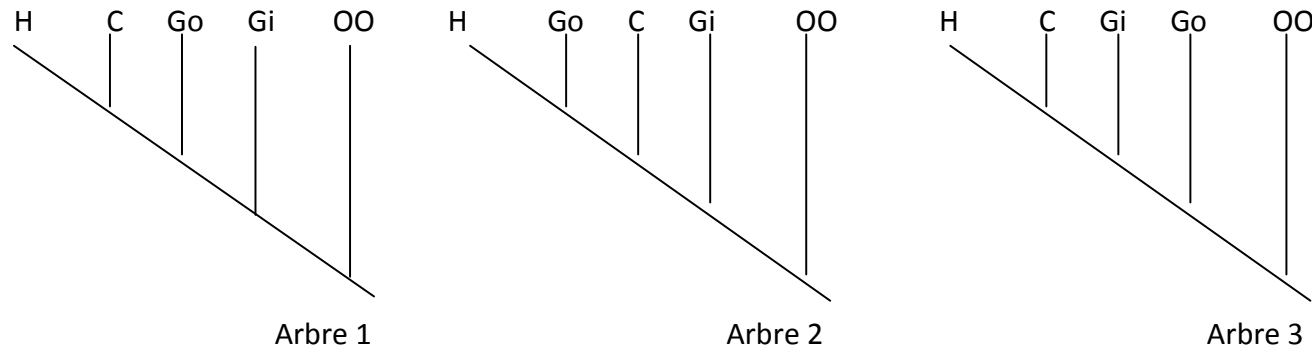


TP n°8	Etablissement des liens de parenté entre les primates	Thème 1-A-4
---------------	--	--------------------

Mise en situation et recherche à mener		
<p>Comme toutes les espèces qui peuplent la terre, l'Homme (Homo sapiens) a une histoire évolutive. Cette histoire s'inscrit dans celle, plus large, des primates. Ce groupe comprend de nombreuses espèces actuelles et fossiles.</p> <p>On cherche à établir, à partir de données morphologiques et moléculaires, les liens de parenté entre ces primates actuels.</p>		
Ressources		
<p>Matériel envisageable :</p> <ul style="list-style-type: none"> • Ordinateur avec logiciels Phylogène et Anagène. • caractères anatomiques et morphologiques de différents primates et de l'Homme. • Séquences polypeptidiques : myoglobine, cytochrome oxydase, hémoglobines alpha, epsilon, gamma. • Séquences nucléotidiques : ADN mitochondrial, NAD. 		
Etape 1 : Concevoir une stratégie pour résoudre une situation problème (durée maximale 10 minutes)		
<p>Proposer une stratégie de résolution réaliste permettant de déterminer les relations de parenté entre différents primates et l'Homme.</p> <p style="text-align: center;">Appeler l'examineur pour vérifier votre proposition. Votre proposition peut s'appuyer sur un document écrit et/ou être faite à l'oral.</p>		2
Etape 2 : Utiliser des techniques et gérer le poste de travail		
<p>Mettre en œuvre la 1^{ère} partie du protocole pour obtenir des résultats exploitables</p> <p style="text-align: center;">Appeler l'examineur pour vérifier vos résultats.</p>	<p>Critères de réussite : Obtention du tableau de comparaison Obtention de la matrice codée Obtention de l'arbre phylogénétique correctement organisé</p>	4
Etape 3 : Exploiter les résultats		
<p>- 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. - Justifier s'il est possible d'établir des relations de parenté entre les grands singes que sont l'Homme, le Gorille, le Chimpanzé, le Gibbon et l'Orang-Outan.</p>		6
Etape 4 : Utiliser des techniques et gérer le poste de travail		
<p>Mettre en œuvre la 2^{ème} partie du protocole pour obtenir des résultats exploitables</p> <p style="text-align: center;">Appeler l'examineur pour vérifier votre ou vos préparations.</p>	<p>Critères de réussite : Comparaison réussie Détermination des pourcentages de similitudes ou de différences.</p>	3
Etape 5 : Communiquer à l'aide de modes de représentation		
<p>Sous la forme de votre choix présenter et traiter les données brutes pour qu'elles apportent les informations nécessaires à la résolution du problème.</p>	<p>Présentation sur un format A4 Titre pertinent Soin</p>	3
Etape 6 : Appliquer une démarche explicative		
<p>Déterminer, à partir de l'ensemble de vos résultats, l'arbre de parenté le plus probable entre les grands primates actuels (Gorille, Orang-Outan, Gibbon, Homme et Chimpanzé)</p>	<p>Utilisation pertinentes des informations tirées des résultats pour répondre au problème posé</p>	2

Ressources

Document 1 : Trois arbres phylogénétiques hypothétiques montrant les relations de parenté entre l'Homme et quelques Primates à partir des données moléculaires :



H : Homme ; C : Chimpanzé ;
OO : Orang-Outan
Gi : Gibbon ; Go : Gorille

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 Tupaïe (petit mammifère non primate)

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

Données à comparer : séquences de molécules homologues polypeptidiques et nucléotidiques. (cf. ci-dessous)

Binôme 1

Myoglobine
Cytochrome oxydase
Gène 1 ADN mitochondrial

Binôme 2

Hémoglobine Alpha (A)
Hémoglobine Gamma (G)
Gène 2 ADN mitochondrial

Binôme 3

Myoglobine
Hémoglobine Epsilon (E)
Gène de la NAD

Binôme 4

Myoglobine
Hémoglobine Gamma (G)
Gène 1 ADN mitochondrial

Binôme 5

Hémoglobine Alpha (A)
Hémoglobine Gamma (G)
Gène de la NAD

Binôme 6

Myoglobine
Hémoglobine Epsilon (E)
Gène 1 ADN mitochondrial

Binôme 7

Myoglobine
Hémoglobine Gamma (G)
Gène 2 ADN mitochondrial

Binôme 8

Myoglobine
Cytochrome oxydase
Gène de la NAD


Partie 1 : Procédure détaillée pour comparer les caractères morpho-anatomiques avec Phylogène

1 : cliquer sur **construire une matrice** et choisir les espèces et les caractères à comparer ; penser à cliquer sur **vérifier** pour passer à l'étape 2.

2: cliquer sur **polariser et coder les états de caractères** de la matrice.

- choisir comme extra groupe le **Toupaïe** (c'est un mammifère mais il n'appartient pas aux primates et présente les caractères à l'état ancestral).
- cliquer sur **vérifier** pour passer à l'étape 3.

3. cliquer sur **établir des parentés** :

- cliquer sur les espèces à comparer, puis sur 
- cliquer sur les caractères, les uns après les autres puis construire l'arbre en réunissant les branches des caractères dérivés ensemble.

Partie 2 : Procédure détaillée pour comparer les molécules homologues avec anagène

Utilisation du logiciel Anagène

- **Ouvrir** les séquences fournies (cf. répartition par binôme) pour les espèces suivantes : **Chimpanzé, Gorille, Homme et Orang-outan.**
- **Sélectionner** judicieusement les séquences et les espèces à comparer
- **Mettre** la séquence de l'Homme en référence
- **Utiliser** les fonctionnalités du logiciel pour **comparer** les séquences. (alignement avec discontinuités)
- **obtenir** des informations sur la ligne pointée.

Rappel : la séquence placée en tête sert de référence à la comparaison.

Pour information : hosa = Homme (Homo sapiens) – patr = Chimpanzé (Pan troglodytes) – gogo = Gorille (Gorilla gorilla) – popy = Orang outan (Pongo pygmaeus)