T.P. 2.2 PLACE DE L'HOMME CHEZ LES PRIMATES

Le groupe « homme » fait partie des primates. Il ressemble aux singes : gorille, chimpanzé, …mais n'est pas un singe. Qu'est ce qui rassemble l'homme aux autres primates ? Qu'est-ce qui différencie l'homme des autres primates ? Quelle est la place de l'homme parmi les primates ? Quelle est l'espèce la plus proche de l'homme ?

SUIVI DU TP

Pour positionner l'humain parmi les primates il faut d'abord déterminer les caractères dérivés qu'il partage avec eux. Il faut identifier ensuite les caractères anatomiques qui le différencient des autres primates. Si les caractères anatomiques ne suffisent pas, il faut alors utiliser les caractères moléculaires. Les comparaisons moléculaires amènent à identifier, de manière hypothétique, l'espèce la plus proche de l'homme.

Utiliser les caractères biologiques et moléculaires présentés par PHYLOGENE. Utiliser ensuite les comparaisons moléculaires possibles avec ANAGENE. Voir protocole phylogène Voir protocole anagène

Les réponses aux questions précédentes se représentent en :

- schéma de regroupements successifs
- arbre phylogénétiques
- matrice ou tableau de comparaison chiffrée, des molécules.
- texte court regroupant l'essentiel des résultats.

Critique des résultats obtenus : A partir de photos d'homme et de chimpanzé, on peut trouver **d'autres critères humains** : formulez-en quelques uns, pour relativiser le résultat obtenu.

PROTOCOLE PHYLOGENE

Chemin : programme, phylogène, phylogène-C, programme, phylo

Pour la comparaison de caractères anatomiques :

- Fichier, sélectionner une autre collection : choisir les « Archontes » = primates.
- Fichier, ouvrir fichier de caractères, « primates.tab » : ouvrir.
- Le tableau de caractères primates est déjà rempli. Enlever : régime alimentaire, structure sociale, rhinarium.

Vérifier le tableau. Enlever : Toupaïe, Indri.

Pour la comparaison de molécules :

- Fichier, ouvrir, molécule, parenté entre organismes, primates : Tableau de molécules :
- Choisir successivement : cytochrome C oxydase, globine béta, globine epsilon, globine gamma, involucrine 2
- Pour chacune d'entre elles rechercher le groupe le plus proche de l'homme.

Pour représenter les groupes frères

« Creurer » : eliquer eur le celepre du corectère : les groupes es forment		Amnios	Placenta	Doigts	Pièces basales
• « Grouper » : cliquer sur la colonne du caractère : les groupes se forment suivant leurs caractères partagés.	Mésange	présent	absent	présents	une
	Grenouille	absent	absent	présents	une
« Classer » : procéder de la même manière : les groupes s'emboîtent suivant	Chat sauvage	présent	présent	présents	une
ieurs caracteres partages.	Sardine	absent	absent	absents	nombreuses

Pour afficher l'arbre à partir d'un tableau affiché

Afficher l'arbre brut	Arbre brut
Cliquer sur <i>Arbre.</i> La seule hypothèse de départ est que toutes les espèces choisies ont une origine commune (un même ancêtre commun) En cliquant sur un caractère dans la matrice, un code couleur apparaît : - Bleu : absence (le plus souvent état primitif) - Jaune : présence (le plus souvent état dérivé) CI-CONTRE LE CARACTERE AMNIOS A ETE SELECTIONNE.	Mésange Grenouille Chat sauvage Sardine

Déplacer les branches de l'arbre	Arbre traité
Cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris.	Mésange
Sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le	Chat sauvage
branchement là où on le souhaite.	Grenouille
Si le branchement est possible, un doigt pointé apparaît.	Sardine

LES OUTILS POUR LA CONSTRUCTION D'UN ARBRE PHYLOGENETIQUE		
P	Annule les opérations réalisées (une par une).	
A A	Zoom avant et zoom arrière.	
¥	Affichage des légendes sur chaque branche (état du caractère) sous forme de texte par défaut.	
2	Permet de réarranger les branches de l'arbre et l'affichage du code couleur.	
2	Enracinement : cliquer sur cette icône, puis se placer sur une branche (ou sur un nœud) et cliquer à nouveau. L'arbre est alors enraciné sur le taxon choisi.	
U	Permutation des branches autour d'un nœud. Cliquer sur cette icône puis se placer au niveau d'un nœud et cliquer à nouveau.	
¥	Annule toutes les opérations. Retour au point de départ (origine commune à tous les taxons).	

PROTOCOLE ANAGENE

Chemin : tous les programmes, Anagène 2

Pour faire apparaître les séquences d'acides aminés ou de nucléotides

(Fichier) Banque de séquences, séquences fournies, TS, relations de parentés

- au sein des primates : molécule d'opsine S (protéine du pigment visuel, associée au rétinal qui n'est pas protéique)
- puis des hominidés : ADN mitochondrial boucle D (les mitochondries possèdent un ADN spécifique)

Après avoir **choisi** (surbrillance) et **chargé** (OK) les séquences d'acides aminés, il faut les **sélectionner** dans le tableau (fond blanc) et mettre **l'homme en 1**° (flèche rouge pour monter ou descendre).

Pour comparer les séquences

Une fois sélectionnées avec l'homme en référence, on les **compare** en tenant compte de leurs **discontinuités**. L'information, « **i** » donne directement les % de ressemblances ou de différences avec la molécule de référence, sans avoir à les compter sur toute la longueur de la molécule.

Retour suivi de TP



EDITER UNE SEQUENCE	SELECTIONNER UNE SEQUENCE	
Sélectionner cette séquence dans un répertoire d'Anagène : - Banque de séquences - Fichier/ Ouvrir	Le bouton de sélection affiche une flèche rouge. Cliquer sur le bouton de sélection. La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc. Elle est qualifiée de ligne pointée.	

TRAITER UNE SEQUENCE	COMPARER DES SEQUENCES	
Utiliser pour cela le menu <i>traiter</i> . On peut <i>comparer les séquences</i> ou <i>convertir ces</i> séquences. Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.	La comparaison des séquences ne se fait que su des séquences de même nature. La séquence référence est placée en premier	
INFORMATIONS SUR LA SEQUENCE SELECTIONNEE		
Utiliser le menu <i>informations / informations sur la ligne pointée</i> pour obtenir des informations sur la séquence sélectionnée par rapport à la référence.	La <i>comparaison avec discontinuité</i> est utilisée ici pour comparer des séquences homologues.	