

### Activité 1 : La place de l'Homme dans l'évolution

« L'Homme descend du singe » est une phrase qu'on attribue souvent à Darwin, père de la théorie scientifique de l'évolution par sélection naturelle. En réalité, Il n'a jamais affirmé cela. Pour Darwin, l'être humain fait partie d'un groupe comprenant toutes les espèces de singe... Il serait donc un singe.

On cherche ici à comprendre quelle est la place de l'être humain dans l'arbre du vivant et quelle est l'espèce cousine la plus proche de la nôtre.

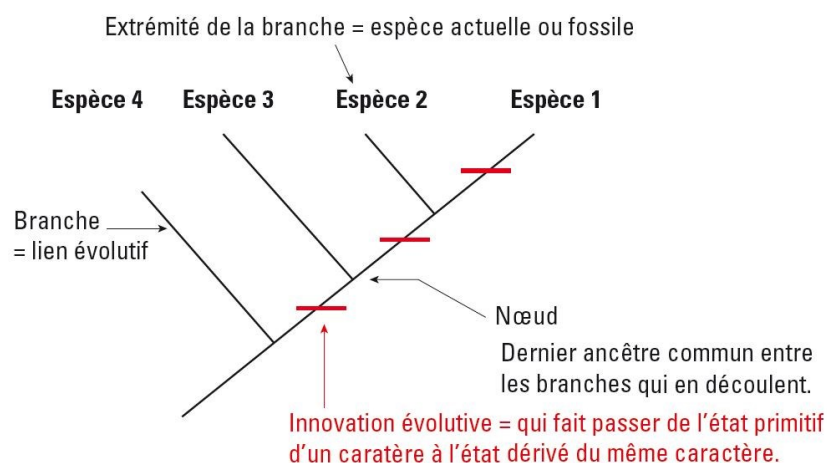
Compétences travaillées : Construire un arbre phylogénétique, utiliser une base de données, effectuer des mesures avec un logiciel, analyser des documents et mettre en relation des informations.

#### Partie A : En utilisant les données anatomiques

Consignes	Document
<p>1°) Dans le logiciel Phylographe, <b>choisir la collection partagée « Archonte (primates) »</b> du Niveau lycée. Pour simplifier le travail, supprimer :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Les espèces Bonobo, Indri, Maki, Babouin</li> <li>- Le caractère « Knuckle Walking » qui n'est pas anatomique</li> </ul> <p>2°) Construire l'arbre phylogénétique des primates et faites en une capture d'écran <b>Appelez le professeur pour validation à chaque étape</b></p> <p>3°) Ajouter sur l'arbre les innovations évolutives.</p> <p>4°) Quels sont les plus proches cousins de l'espèce humaine ? Indiquez quel est l'état dérivé de caractère partagé par toutes ces espèces.</p> <p>5°) A l'aide de recherches sur internet, Donnez le nom de ce groupe.</p>	<p>Logiciel : <a href="https://evoluscope.fr/phylographe/">https://evoluscope.fr/phylographe/</a> Une fiche technique est disponible dans le menu « Aide »</p> <p>Dans les activités, la collection Archonte (primates) est :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Dans « collection partagée »</li> <li>- Dans l'onglet « Banque Morpho-anatomique »</li> <li>- Cocher « Ancienne collection de Phylogène » et « Niveau lycée »</li> </ul> <p><b>Document 1 : Innovations évolutives et état dérivé de caractère</b></p>
<p><b>Conclusion : Montrez qu'on ne peut pas déterminer le nom de l'espèce la plus proche cousine de la nôtre en utilisant uniquement ces données morpho-anatomiques.</b></p>	

#### Document 1 : Innovations évolutives et état dérivé de caractère

Un **arbre phylogénétique** est une des figures qui traduit les relations de parenté entre un ensemble d'êtres vivants actuels ou fossiles. Cet arbre se base sur le partage d'états dérivés de caractères par les espèces cousines. Une **innovation évolutive** (apparition ou transformation d'un organe, d'une molécule...), apparue chez un organisme qui l'a transmise à tous ses descendants. On peut donc distinguer l'**état ancestral** (ou primitif) et l'**état dérivé** (apparu suite à l'innovation) du caractère. Ex : chez l'Homme, le coccyx est un **état dérivé du caractère queue** (notre lignée l'a perdue et le coccyx en est la trace).



**Partie B : En utilisant les données moléculaires**

Consignes	Document
1°) Dans le logiciel Geniegen2, <b>chargez le fichier « Hominoides.edi » disponible sur Moodle.</b> 2°) Utilisez les fonctionnalités du logiciel pour obtenir un tableau de comparaison affichant les pourcentages de différences entre les gènes de la NADH déshydrogénase (notée NAD) des espèces présentes. 3°) Utilisez les fonctionnalités du logiciel pour obtenir un arbre « phénogramme » montrant les liens de parentés entre ces gènes d'espèces différentes. 4°) Quels est l'espèce cousine la plus proche de l'être humain ? 5°) Refaire les étapes 1, 2 et 3 mais avec les séquences des protéines Globine G.	Logiciel : <a href="https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/geniegen2/">https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/geniegen2/</a>  <i>REM : Pour faire une comparaison, il est nécessaire d' « aligner les séquences » d'abord.</i>  <b>Document 2 : Utilité des gènes et des protéines pour établir des relations de parenté</b>
<b>Conclusion : Indiquez quelle est l'espèce la plus proche de l'être humain et expliquez pourquoi il est important d'utiliser plusieurs séquences de gènes ou de protéines pour déterminer les liens de parentés entre les espèces.</b>	

**Document 2 : Utilité des gènes et des protéines pour établir des relations de parenté**

Les gènes, portés par l'ADN se caractérisent par leur séquence en nucléotides, c'est-à-dire l'ordre dans lequel les nucléotides du gène se positionnent sur la molécule d'ADN. Cette séquence forme l'information génétique du gène. Elle est basée sur un alphabet de quatre nucléotides (A, T, C et G).

Les protéines sont des molécules constituées d'acides aminés. Là encore, ces acides aminés sont placés dans un ordre précis : la séquence. La séquence des acides aminés d'une protéine dépend de celle du gène qui code pour la protéine. Il s'agit cette fois d'un alphabet à 20 acides aminés.

Une mutation provoque un changement dans la séquence en nucléotide d'un gène. Cela peut provoquer un changement dans celle de la protéine codée par le gène.

Plus deux espèces se sont séparées il y a longtemps, plus les mutations se sont accumulées de façon différente dans les deux lignées. **Il en résulte que plus des séquences (génétiques ou protéiques) sont proches, plus les espèces étudiées sont proches dans la phylogénie du vivant.**

	Autoévaluation
<b>Accéder aux données numériques</b> = J'ouvre les fichiers utiles à ma recherche	
<b>Faire une comparaison</b> Avec Phylographe (remplir la matrice) Avec Geniegen2 (afficher la comparaison)	
<b>Faire un arbre phylogénétique</b> Avec Phylographe Avec Geniegen2	
<b>Faire une capture d'écran propre en limitant la taille des fichiers</b>	
<b>Analyser les données et les mettre en relation</b>	

Rappel pour l'autoévaluation :

A = Réussir sans aide / B = Réussir avec un peu d'aide / C = Réussir avec des aides majeures / D = Échec