

Rappels de 2nd

Gène : Séquence de **nucléotides** (portée par un chromosome) qui détermine un caractère héréditaire.

Allèle : Version d'un **gène** apparue suite à une **mutation**

Mutation : Modification de la séquence de nucléotides d'un gène.

Sélection naturelle : Mécanisme qui fait varier la **fréquence** d'un allèle dans une population sous l'effet de la pression de l'**environnement**. La fréquence des allèles qui confèrent un avantage dans un milieu donné **augmente** au cours du temps alors que la fréquence des allèles **désavantageux** diminue au cours du temps.

Dérive génétique : Evolution au **hasard** de la fréquence d'un allèle qui ne confère ni avantage ni inconvénient à l'individu qui le porte. La transmission de cet allèle est due uniquement au hasard.

Plus une population est de **petite** taille, plus l'effet de la dérive génétique est important.

→ fiche bilan

Chapitre 1 : L'évolution humaine

L'Homme, *Homo sapiens*, peut être regardé, sur le plan évolutif, comme toutes les autres espèces. Il est le résultat de l'évolution et est en perpétuelle évolution. Son histoire évolutive fait partie de celle des primates.

I. L'homme est un primate

A. Le groupe des primates

Le groupe des primates se caractérise par le partage de caractères qu'aucun autre mammifère ne possède:

- le **pouce opposable** aux autres doigts qui rend la main préhensile
- des **ongles plats** (qui remplacent les griffes) ...

L'homme, *Homo sapiens*, possède ces caractères donc c'est un primate **au même titre que le gorille, le chimpanzé, le macaque...**

On cherche à positionner l'homme dans ce groupe des primates. Pour ceci on doit apprendre à construire un arbre phylogénétique (arbre de parenté).

B. Construire un arbre phylogénétique

Un arbre phylogénétique permet de reconstituer une histoire évolutive.

➤ 1. en utilisant des caractères anatomiques

Au cours de l'évolution, les caractères évoluent.

Schéma du diaporama

Pour un caractère, on peut définir un **état ancestral** (ou primitif) et un **état dérivé**. L'état dérivé peut correspondre à l'apparition d'un caractère nouveau, à la disparition d'un caractère ou à la transformation d'un caractère préexistant.

On considère que si 2 espèces possèdent le même **caractère dérivé** c'est qu'elles l'ont hérité d'un ancêtre commun qui possédait déjà ce caractère.

Pour déterminer l'état ancestral ou dérivé d'un caractère, on choisit un être vivant qui n'appartient pas au même groupe que les autres et qui possède tous les caractères à l'état ancestral.

Deux espèces sont d'autant plus étroitement apparentées qu'elles partagent de caractères à l'état dérivé.

Pour construire un arbre phylogénétique :

1. on construit une **matrice taxons-caractères**

Exemple :

Taxons	caractères		
	vertèbres	poils	doigts
Chien			
Mésange			
Sardine			
Ver de terre (extragroupe)	0	0	0

0 : état ancestral
1 : Présence de l'innovation évolutive (= état dérivé)

Matrice taxons-caractères

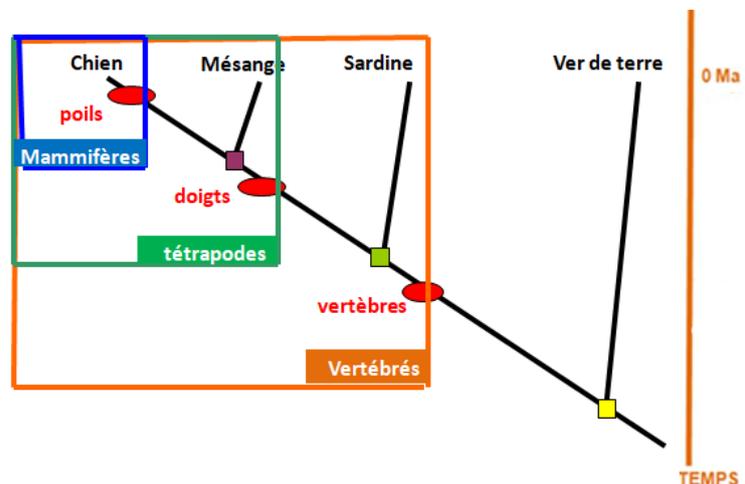
2. On détermine les relations de parenté entre espèces en utilisant les données de la matrice

Les caractères dérivés les plus partagés sont apparus « plus tôt » au cours de l'évolution (dans l'exemple ci-dessus, les vertèbres) alors que les caractères dérivés les moins partagés sont apparus « plus tard » au cours de l'évolution (dans cet exemple, le placenta).

3. On représente ces relations de parenté sous la forme d'un arbre

Un arbre phylogénétique est constitué de branches à l'extrémité desquelles on place les espèces (actuelles ou fossiles). Sur les branches de l'arbre, on localise les différentes innovations évolutives (caractères dérivés qui sont apparus).

- **Innovations évolutives**
- **Ancêtre commun au chien et à la mésange**
- **Ancêtre commun au chien, à la mésange et à la sardine**
- **Ancêtre commun au chien, à la mésange et à la sardine et au ver de terre**



Arbre de parenté déduit des données de la matrice précédente

Remarques :

- toutes les espèces actuelles ou fossiles sont situées à l'extrémité des branches de l'arbre
- les ancêtres communs se trouvent à l'intersection des branches, ce ne sont pas des fossiles, ce sont des ancêtres hypothétiques, on peut déduire leurs caractéristiques (car un ancêtre possédait toutes les innovations apparues avant) mais on ne les connaît pas.
- toutes les espèces qui descendent d'un même ancêtre commun possèdent tous les caractères dérivés que possédait cet ancêtre

En étudiant cet arbre, on peut dire :

- l'ancêtre commun au chien et à la mésange possédait des vertèbres et des doigts
- la mésange est plus étroitement apparentée au chien et à l'Homme qu'à la sardine car elle partage avec le chien et l'Homme plus de caractères à l'état dérivé.

➤ **2. en utilisant des données moléculaires**

Il est également possible de comparer des séquences de nucléotides de gènes ou des séquences d'acides aminés de protéines. On considère que si 2 protéines ont plus de 20% de leur séquence en commun, elles dérivent d'une molécule ancestrale et que les espèces qui les possèdent donc un ancêtre commun. **Plus les similitudes sont importantes, plus l'ancêtre commun est récent et plus les espèces sont apparentées.**

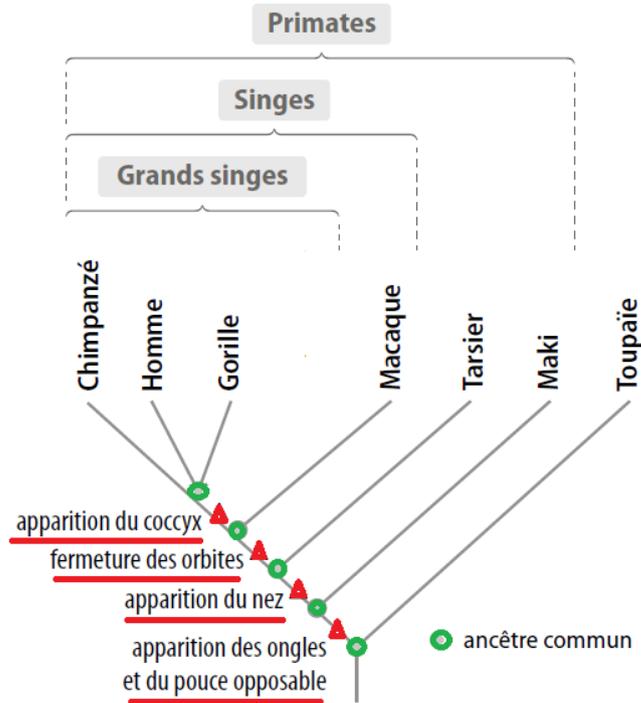
C. La place de l'homme parmi les primates

Activité p 232,233 du livre

1.

	Terminaison des doigts (griffes ou ongles)	Pouce	Appendice nasal	Orbites	Vertèbres caudales* (queue ou coccyx*)
Homme		opposable	nez	fermées	
Chimpanzé		opposable	nez	fermées	
Gorille		opposable	nez	fermées	
Macaque		opposable	nez	fermées	
Tarsier		opposable	nez	ouvertes	
Maki		opposable	truffe	ouvertes	
Toupaie		non opposable	truffe	ouvertes	

b Matrice de comparaison de quelques caractères de différentes espèces (caractères ancestraux, caractères dérivés).

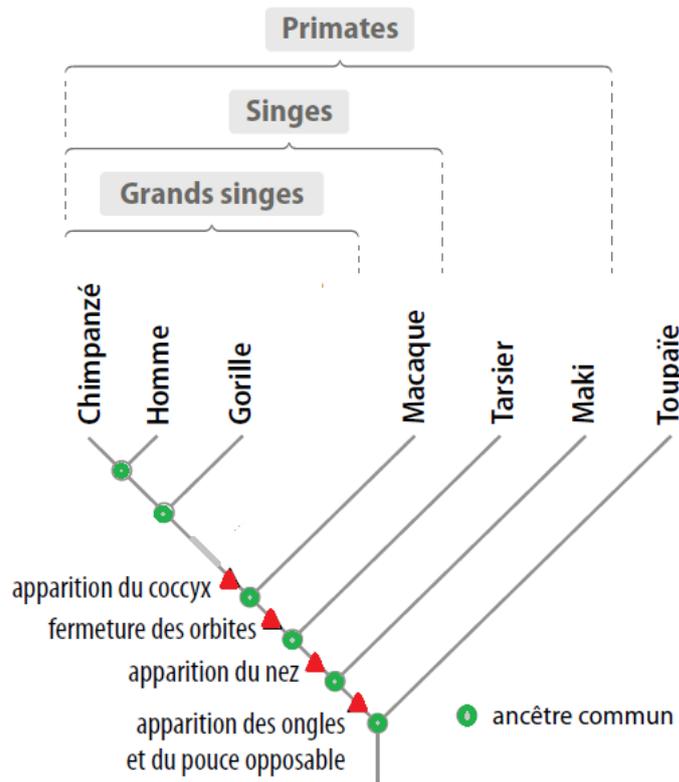


Arbre de parenté correspondant :

2. Ici, la seule étude des caractères morphologiques et anatomiques ne permet pas de préciser les parentés au sein du groupe des « Grands singes » (Homme, chimpanzé, gorille et orang-outan). En effet, on voit que ces 4 espèces partagent toutes un même ancêtre commun, on ne peut donc pas dire si l'Homme est plus apparenté à l'une des 3 autres espèces.

3. On observe que le l'Homme et le chimpanzé présentent le % de différence le plus faible pour le gène de la microcéphaline (1,03 %) dont on nous dit qu'il est représentatif d'une comparaison à l'échelle du génome. Le chimpanzé est donc l'espèce la plus proche de l'Homme.

On peut donc préciser l'arbre obtenu précédemment :



La comparaison de caractères morphologiques, anatomiques et de séquences de molécules montre que l'Homme appartient au groupe des grands primates (Gibbon, Orang-outang, Gorilles, Chimpanzé, Homme). Les données moléculaires permettent de préciser les relations de parenté au sein du groupe des grands primates. L'Homme est plus étroitement apparenté au Chimpanzé qu'il ne l'est aux autres grands primates. Il partage avec le Chimpanzé un ancêtre commun récent (6 à 7 Ma).

II. Le rameau humain

A. Reconstituer l'histoire évolutive du rameau humain

Pour identifier les caractères dérivés apparus sur le rameau humain, on compare l'Homme et son plus proche parent, le Chimpanzé. **Tous les caractères dérivés que possède Homo sapiens mais pas le chimpanzé** sont forcément apparus sur le rameau humain.

Pour déterminer l'ordre d'apparition de ces caractères, on utilise les fossiles. Tout fossile **qui possède au moins un caractère dérivé propre à Homo sapiens fait partie du rameau humain.**

2 grands types de caractères sont apparus sur le rameau humain :

- des caractères en lien avec la **bipédie** : un bassin large et évasé, des fémurs longs et inclinés, un trou occipital avancé (insertion de la colonne vertébrale dans le crâne), ...
- des caractères en lien avec **l'augmentation du volume crânien**, le redressement de la face, la modification de la **mandibule qui devient parabolique...**

B. Les principaux représentants du rameau humain

Tous les fossiles appartenant au rameau humain et datés de plus de 3 Ma ont été retrouvés en Afrique : le rameau humain a émergé en Afrique

Par le passé, de nombreuses espèces du rameau humain ont existé et ont cohabité ; par exemple :

- Le genre des **australopithèques** qui regroupe de nombreuses espèces (toutes Africaines) qui ont vécu entre -4,5 MA et -1 MA. Ce genre est caractérisé par une bipédie imparfaite et une capacité crânienne réduite (400 cm³).
- Le **genre Homo**, caractérisé par une **bipédie plus élaborée** et une **capacité crânienne plus importante** (> 600 cm³). Les premiers représentants fossiles du genre *Homo* sont datés de 2,5Ma. Nous (*Homo Sapiens*) en sont les seuls représentants actuels. Cependant ce genre a été plus diversifié dans le passé et notre espèce a **cohabité** avec d'autres espèces de ce même genre, aujourd'hui disparues comme l'homme de Neandertal (*Homo Neanderthalensis*) ou les Denisoviens (*Homo Denisovensis*).

A la maison : faire l'exercice résolu 5 p 242 du livre (en cachant la correction), puis faire son autocorrection.

1 QCM

Pour chaque proposition, identifiez la (ou les) bonne(s) réponse(s).

1. Plus 2 espèces partagent de caractères résultant d'innovations évolutives :

- a. plus elles sont proches parentes.
- b. plus leur degré de parenté est grand.
- c. tout dépend des caractères.

2. D'après le DOC. 1, l'être humain est plus proche parent :

	Bonobo	Chimpanzé commun	Homme	Gorille	Macaque
Bonobo	0	0,881	2,64	3,08	11,9
Chimpanzé commun		0	2,64	3,08	11,9
Homme			0	3,08	11,9
Gorille				0	12,3
Macaque					0

DOC 1 Pourcentage de différence dans la séquence de la protéine COX2 chez cinq grands singes.

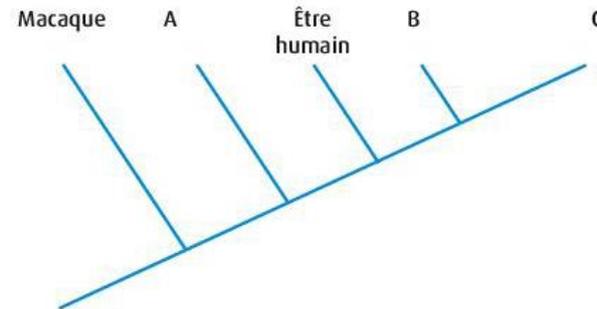
Le gène *cox2* est impliqué dans l'immunité chez les vertébrés. Les séquences de ce gène sont comparées afin d'estimer les ressemblances génétiques entre les espèces et d'en déduire leur degré de parenté.

- a. du chimpanzé commun que du bonobo.
- b. du gorille que du macaque.
- c. du bonobo que du gorille.

3. D'après le DOC. 1, les deux espèces les plus proches parentes sont :

- a. le chimpanzé commun et l'être humain.
- b. l'être humain et le gorille.
- c. le bonobo et le chimpanzé commun.

4. À partir des données du DOC. 1, les liens de parenté entre les espèces ont été représentés sous forme d'un arbre de parenté (DOC. 2).



DOC 2 Arbre de parenté de cinq primates.

Les espèces correspondant aux lettres sont :

- a. A = gorille, B = chimpanzé commun ou bonobo, C = chimpanzé commun ou bonobo.
- b. A = gorille, B = chimpanzé commun forcément, C = bonobo forcément.
- c. A = chimpanzé commun ou bonobo, B = chimpanzé commun ou bonobo, C = gorille.

5. Plus 2 espèces sont proches parentes :

- a. plus leurs derniers ancêtres communs sont lointains dans le passé.
- b. plus leurs derniers ancêtres communs sont récents.
- c. moins elles ont d'ancêtres en commun.

6. D'après les données du DOC. 1, le chimpanzé commun partage l'ancêtre commun le plus récent avec :

- a. l'être humain.
- b. le gorille.
- c. le bonobo.

12 Les liens de parenté des primates

✓ Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

Le groupe des primates présente une grande diversité avec plus de cent quatre-vingts espèces répertoriées. Au sein du groupe, la phylogénie permet de préciser les liens de parenté par l'étude des caractères qu'ils possèdent.



2 **Le tarsier des Philippines.**
C'est l'un des plus petits primates existants. Il mesure environ 10 cm.

Caractères étudiés	Griffes ou ongles plats	Narines	Appendice nasal	Queue
Espèces				
Koala (extra-groupe)	Griffes	Écartées	Truffe	Présence
Indri	Ongles	Écartées	Truffe	Présence
Tarsier	Ongles	Écartées	Nez	Présence
Babouin	Ongles	Rapprochées	Nez	Présence
Orang-outang	Ongles	Rapprochées	Nez	Absence

1 **Matrice de caractères de cinq mammifères.**

Questions

1. Construire l'arbre phylogénétique des espèces présentées, en ne retenant comme caractères que les innovations évolutives et en précisant bien les caractères partagés.
2. Entourer le groupe des catarhiniens sur l'arbre phylogénétique, sachant que ce groupe est constitué de primates ayant des narines rapprochées.

17 Une phylogénie des primates précisée à l'aide de données moléculaires

✓ Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

L'être humain se situe phylogénétiquement au sein des hominidés et, plus largement, au sein des primates. Une phylogénie établie à partir de critères morfo-anatomiques peut être précisée avec des données moléculaires.

Séquence étudiée	Chimpanzé	Macaque	Gorille
Opsines bleues (protéines)	100 %	96 %	99,7 %
Gène MYH16	97,7 %	96,6 %	97,7 %
Gène ASPM	99,5 %	97,3 %	99,1 %

1 **Résultats de comparaison de quelques séquences peptidiques et nucléotidiques entre l'être humain et d'autres primates.** *Pourcentage de similitudes*

Questions

1. Proposer un arbre phylogénétique basé sur les données du tableau
2. Au sein des primates, quelle est l'espèce la plus apparentée à l'être humain ? Justifiez votre réponse.



2 **Macaque japonais**

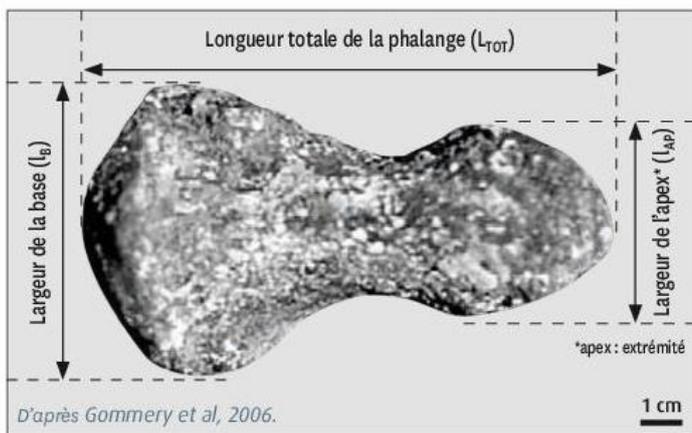
16 Effectuer des calculs, rédiger une argumentation scientifique

La découverte d'*Orrorin tugenensis*

En 2000, treize ossements correspondant au moins à cinq individus distincts, sont mis au jour dans les collines Tugen du rift* kényan. Leur analyse révèle qu'il s'agit d'une nouvelle espèce, que les chercheurs nomment *Orrorin tugenensis*.

Orrorin signifie «l'homme des origines», en langue locale. Ces ossements ont été datés à environ -6 Ma.

*rift : fossé d'effondrement dû à l'action de forces tectoniques divergentes.



DOC 1 Phalange de pouce de *Orrorin tugenensis*.

	Être humain	Chimpanzé commun	Orang-Outan de Bornéo
$\frac{l_{AP}}{l_b} \times 100$	69	62	53
$\frac{l_{AP}}{L_{TOT}} \times 100$	42	22,6	35,6

DOC 2 Rapports de données mesurées sur la phalange de pouce de trois primates actuels.

Chimpanzé commun

Orrorin tugenensis

Être humain

Coupe transversale à travers le col du fémur

Le rapport entre l'épaisseur de la paroi osseuse supérieure du col du fémur et l'épaisseur de la paroi osseuse inférieure donne une indication sur le mode de locomotion de l'animal. En effet, un appui répété sur les membres inférieurs, causé par une bipédie prolongée, est associée à une paroi osseuse supérieure plus fine que la paroi inférieure.

DOC 3 Cols du fémur chez trois primates.

QUESTION

À l'aide des documents, justifiez l'assignation de ces ossements à la lignée humaine (hominines).

8 Quelques attributs de trois représentants de la lignée humaine⁽¹⁾

Construire l'arbre de parenté correspondant en positionnant chaque espèce et les innovations évolutives.

	Forme de la mâchoire	Canines	Première phalange	Épaisseur de l'émail des dents
<i>Australopithecus afarensis</i> (-2,5 à -3,5 MA)	En U	Développées	Incurvée	<u>Épais</u>
<i>Paranthropus robustus</i> (-2,2 à -1 MA)	En U	<u>Réduites</u>	<u>Droite</u>	<u>Épais</u>
<i>Homo ergaster</i> (-2,2 à -1 MA)	<u>Parabolique</u>	<u>Réduites</u>	<u>Droite</u>	<u>Épais</u>

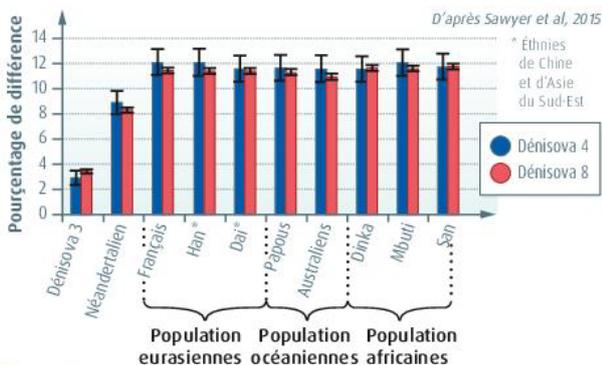
(1) Les caractères à l'état dérivé sont soulignés.

13 Exploiter des documents, rédiger une argumentation scientifique

Les Denisoviens

En 2008, au cours de fouilles dans la grotte de Denisova au Sud de la Sibérie, des chercheurs découvrent une phalange.

Ils l'attribuent à un Néandertalien, notamment en raison de la découverte d'os néandertaliens à 150 km de la grotte. D'autres fragments d'os et de dents sont découverts quelques années plus tard. En effectuant des comparaisons génétiques, les chercheurs décident d'attribuer trois de ces fossiles à une nouvelle espèce, celle de Denisoviens. Les fossiles sont nommés Denisova 3, 4 et 8.



DOC 1 Comparaison de l'ADN de Denisova 4 et 8 avec celui de Denisova 3, Néandertal et des humains actuels. L'ADN de Néandertal est issu de la phalange trouvée quelques années plus tôt dans la grotte.

QUESTION

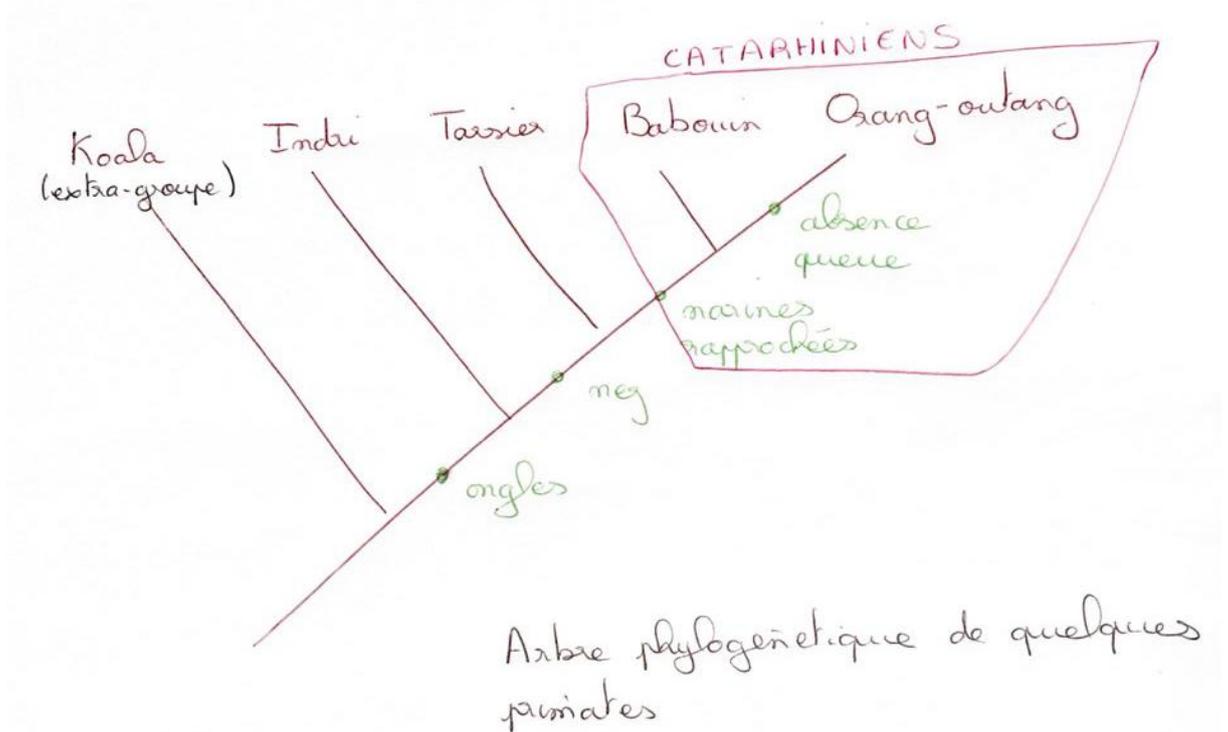
À l'aide du **DOC. 1**, exposez les arguments scientifiques qui justifient la décision des chercheurs.

AIDE

- Les résultats des comparaisons pour Denisova 4 et 8 sont-ils différents ?
- De quel individu les ADNs de Denisova 4 et 8 sont-ils le plus proche ?

Correction des exercices :

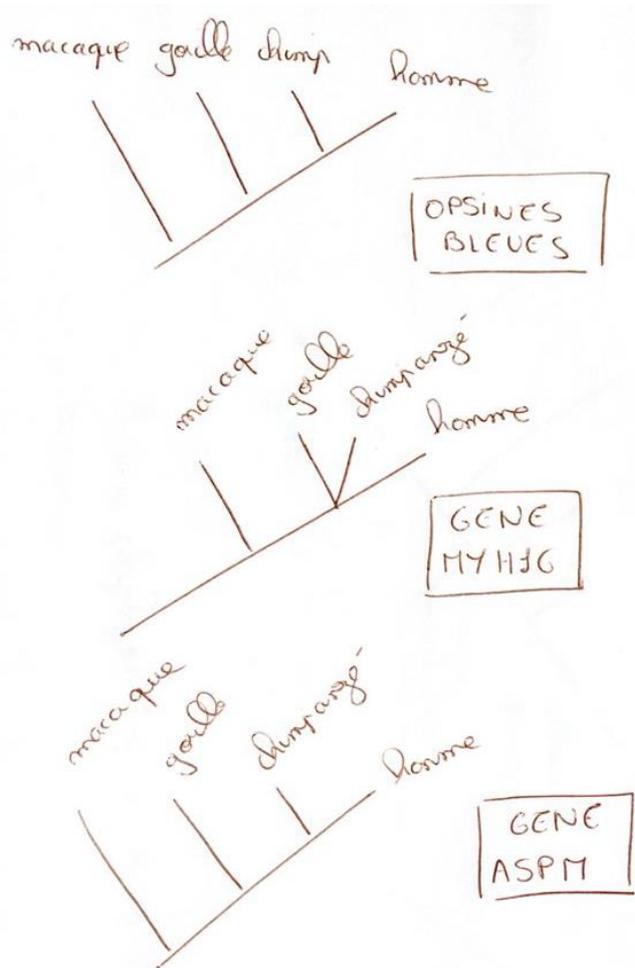
Exercice 12



Exercice 17

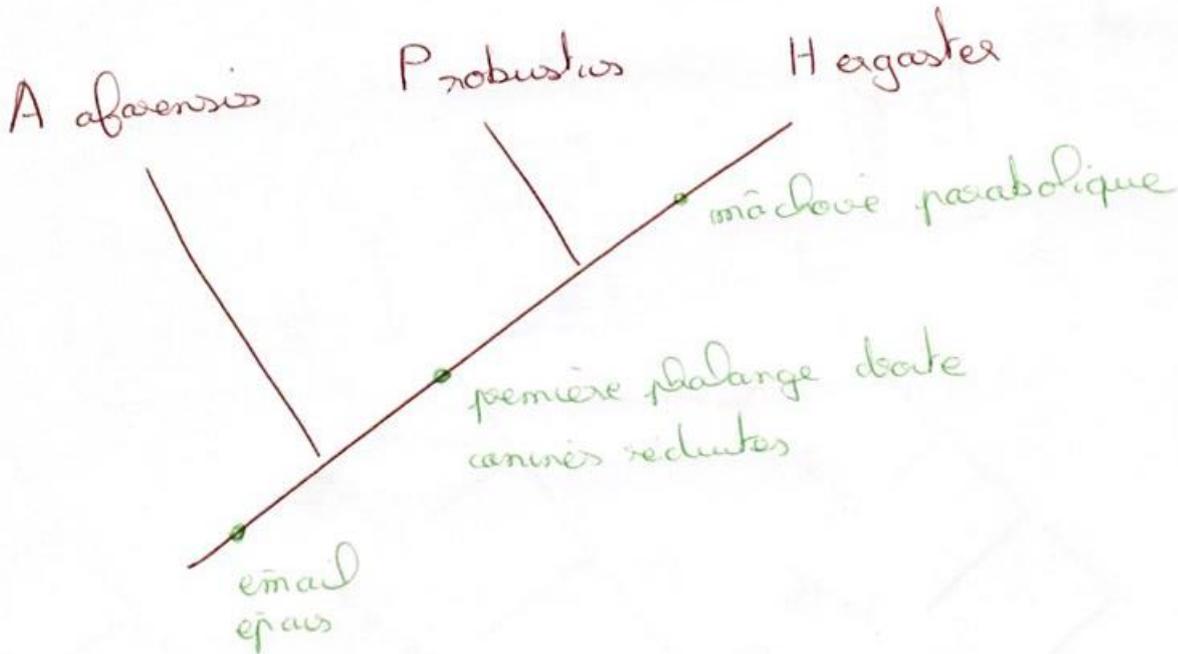
1.

2. Pour deux des trois molécules utilisées pour établir de relations de parenté entre ces espèces (opsines bleues et gène ASM), le chimpanzé est l'espèce qui est la plus proche de l'homme (parce que la comparaison des séquences peptidiques ou nucléotidiques révèle le moins de différence). Pour la dernière molécule utilisée (gène MYH16), chimpanzé et gorille apparaissent aussi proches l'un que l'autre de l'homme. En synthèse, on peut donc raisonnablement penser que **le chimpanzé est l'espèce la plus proche de l'homme.**



Exercice 8 :

Arbre de parenté de quelques représentants de la lignée humaine



Exercice 13 :

Le document présenté montre un très faible pourcentage de différence (moins de 4%) entre les ADN de Denisova 3, 4 et 8, alors que les ADN de Denisova 4 et 8 présentent environ 8% de différence avec l'ADN du fossile néanderthalien et presque 12% avec l'ADN de différentes populations d'Homo Sapiens actuels.

Le peu de différences entre les ADN des trois fossiles dénisoviens justifie de les positionner dans une même espèce, tandis que la différence plus importante existant entre ces ADN et celui du Néanderthalien justifie que cette nouvelle espèce soit distincte de celle de l'homme de Neandertal. La différence encore plus importante existant entre ces ADN et celui des Homo Sapiens actuels, confirme que ces fossiles n'appartiennent pas non plus à notre espèce.

C'est pourquoi les chercheurs ont décidé d'attribuer ces trois fossiles à une nouvelle espèce : celle des dénisoviens.

Exercice 16 :

Pour appartenir à la lignée humaine, il faut posséder au moins un caractère dérivé propre à l'Homme (et que ne possède pas le Chimpanzé).

- Les rapports mesurés sur la phalange de son pouce :

En effet, en utilisant l'échelle fournie, on mesure :

$$I_{AP}=5\text{cm} \quad I_B=7\text{cm} \quad L_{TOT}=12\text{ cm}$$

Donc $I_{AP}/I_B \cdot 100=71$, ce qui est beaucoup plus proche du rapport mesuré chez l'être humain (69) que chez le chimpanzé (62) ou l'orang outang (53).

Et $I_{AP}/L_{TOT} \cdot 100=41$, ce qui est beaucoup plus proche du rapport mesuré chez l'être humain (42) que chez le chimpanzé (22.6) ou l'orang outang (35.6).

- La présence d'un col du fémur de longueur comparable à celle de l'être humain (beaucoup plus long que celui du chimpanzé). Or on sait que l'allongement du col du fémur est un caractère lié à l'acquisition de la bipédie, caractéristique de la lignée humaine
- La paroi osseuse supérieure du col du fémur légèrement plus fine que la paroi inférieure, comme chez l'homme, ce qui est également associé à la bipédie (bien que, vu la forme de l'os, on pourrait penser qu'il a été déformé au cours de sa fossilisation)

Orrorin possède au moins 1 (et même 3 !) caractère dérivé spécifique à l'Homme donc ce squelette appartient à la lignée humaine.