

1-2 Parenté entre êtres vivants actuels et fossiles - Phylogenèse - Évolution (3 semaines) - Sciences de la vie et Sciences de la Terre-

En classe de seconde, l'objectif général du thème "Cellule, ADN et unité du vivant" était de dégager la notion d'origine commune des espèces vivantes, confortant l'idée d'évolution déjà introduite au collège. Des études portant sur différents niveaux d'organisation – cellule, molécule et organisme – ont permis d'établir que les similitudes anatomiques des Vertébrés s'inscrivent dans un plan d'organisation commun mis en place suivant un programme génétiquement déterminé.

En classe de première scientifique, la relation entre gènes et protéines a été approfondie. L'universalité des modalités d'expression des gènes et du code génétique a été soulignée, renforçant ainsi l'idée d'origine commune des êtres vivants.

En classe terminale scientifique, on cherche à établir des relations de parenté plus précises au sein des Vertébrés actuels et fossiles. La place de l'Homme dans le règne animal et l'état actuel des idées sur l'évolution de la lignée humaine sont étudiés.

Alors que les phénomènes qui se déroulent à l'échelle d'un individu durent de quelques fractions de secondes (certaines réactions métaboliques) à quelques années (développement embryonnaire, croissance...), les phénomènes liés à l'évolution des espèces se conçoivent sur des échelles de temps plus indéterminées, avec des périodes de stabilité et des périodes de crise.

Cette partie du programme se prête particulièrement à des prolongements pluridisciplinaires (enseignement d'éducation civique, juridique et sociale, enseignement de philosophie...)

La recherche de parenté chez les Vertébrés – L'établissement de phylogénies

Depuis une trentaine d'années, la systématique phylogénétique a modifié les classifications biologiques traditionnelles. Il convient d'aller à l'encontre d'un certain nombre d'idées fausses (vision linéaire de l'évolution, finalisme et anthropocentrisme conduisant à décrire l'évolution biologique comme une série de perfectionnements aboutissant à l'Homme...).

Il est important également de veiller à une bonne compréhension du vocabulaire scientifique : « ancêtre commun », « chaînon manquant », « lien de parenté », persistance du concept de « fossile vivant »... En effet, si on n'y prêtait pas garde, la confusion entre un vocabulaire courant (ancêtre, parenté...) et un vocabulaire spécialisé risque d'aboutir au placage naïf d'une généalogie – au sens propre – sur une phylogénie.

La construction d'une phylogénie a pour but de reconstituer une histoire évolutive. La notion d'ancêtre commun est essentielle pour comprendre un arbre phylogénétique. Elle s'appuie sur l'idée que les caractères communs possédés par un groupe d'espèces sont hérités d'une population ancestrale commune. La notion d'ancêtre commun centrée sur l'idée de transmission héréditaire de caractères au fil des générations peut être abordée à partir des acquis de la seconde :

- ancêtre commun à tous les êtres vivants reposant sur l'idée que les propriétés communes à toutes les cellules sont un héritage des premiers organismes apparus sur Terre ;
- ancêtre commun exclusif d'un groupe d'êtres vivants, par exemple : plus récent ancêtre commun propre aux Vertébrés, ayant le plan d'organisation partagé par tous. L'ensemble forme un groupe monophylétique.

On se limite à signaler que la classification traditionnelle ne contient pas que des groupes monophylétiques (ex : les reptiles).

L'établissement de phylogénies chez les Vertébrés est la conséquence de la recherche de parentés entre eux.

Document d'accompagnement du programme de SVT de terminale S - février 2002

A partir de cela, on peut dégager l'idée que les espèces sont plus ou moins apparentées en fonction de l'éloignement de leur plus récent ancêtre commun dans l'histoire de la vie, et en établir la traduction par un arbre phylogénétique.

La démarche suivie doit conduire les élèves à extraire les informations fournies par un arbre phylogénétique, c'est-à-dire :

- indiquer, de façon purement qualitative, le degré relatif de parenté des divers groupes systématiques (espèces, genres...) retenus dans l'échantillon analysé.
- exploiter les données fournies pour brosser un portrait des caractéristiques du plus récent ancêtre commun à un ensemble d'organismes. Cela implique que le document fournisse les innovations évolutives prises en compte pour la réalisation de cet arbre.

Une activité possible consiste en la construction d'un arbre relatif aux seuls Vertébrés à partir d'une matrice de caractères. Dans cette matrice les états dérivés des caractères sont soulignés et tous les caractères pris en compte sont homologues (homologie de descendance). Cette construction est un outil de compréhension de la notion d'arbre phylogénétique. Avec des exemples tels que l'absence ou la présence d'amnios, l'absence ou la présence de doigts à l'extrémité des membres..., il est possible d'illustrer les notions « d'état primitif » et « d'état dérivé » d'un caractère.

On indiquera sommairement à l'élève que cette construction d'un arbre phylogénétique ne permet que d'approcher la méthode utilisée par les chercheurs, méthode dont la mise en œuvre est beaucoup plus exigeante. Elle ne peut cependant pas faire l'objet d'un sujet au baccalauréat.

En ce qui concerne les données moléculaires, on ne considère pas chaque nucléotide ou chaque acide aminé comme un caractère. Au niveau du lycée, on peut admettre que la séquence du gène ou celle du polypeptide constitue le caractère. La forte ressemblance entre les molécules de deux ou plusieurs espèces souligne leur homologie : elles dérivent d'une molécule possédée par le plus récent ancêtre commun aux espèces envisagées. Le degré de similitude renseigne sur le degré de parenté : cela signifie qu'on admet en première approximation que dans toutes les lignées la vitesse d'évolution des molécules envisagées a été à peu près la même (horloge moléculaire). Au lycée on n'utilise donc pas les méthodes de la cladistique pour établir les relations de parenté à partir des données moléculaires : on n'utilise pas les expressions « état primitif » et « état dérivé » d'un caractère pour les données moléculaires.

Outre le degré de similitude entre molécules homologues, la possession de gènes communs, partagés seulement par un ensemble de groupes systématiques, peut être utilisée pour proposer des relations de parenté.

Limites (ne sont pas exigibles) :

- *La construction d'arbres phylogénétiques.*
- *L'exploitation quantitative d'une matrice de données moléculaires.*
- *Les notions de convergence et de réversion.*
- *Les notions d'homologie primaire et d'homologie secondaire.*
- *La distinction entre groupe monophylétique, paraphylétique et polyphylétique.*
- *La présentation et la discussion de différentes théories de l'évolution.*
- *La notion d'extragroupe.*
- *Les critères qui permettent de qualifier un caractère de primitif ou de dérivé.*

La lignée humaine – La place de l'Homme dans le règne animal

Une recherche des âges approximatifs des plus anciens fossiles connus dans chacune des catégories auxquelles l'Homme appartient, montre qu'elles sont apparues successivement au cours de l'évolution: un eucaryote (-1200 MA ?), un vertébré (-500 MA ?), un tétrapode (-390 MA ?), un amniote (-340 MA ?), un mammifère (-220 MA ?), un primate (-65 MA ?), un hominoïde (-23MA ?), un hominidé (-10MA ?), un homininé (-4MA ?).

On peut ainsi faire le lien avec la partie I-4 et la datation absolue.

Le lien entre relations de parenté et classification étant établi, l'exploitation de données notamment moléculaires sur les Primates conduit à préciser la place de l'Homme dans le règne animal.

L'idée d'une parenté étroite entre le Chimpanzé et l'Homme étant dégagée, il importe d'utiliser les raisonnements précédemment vus pour reconstituer les caractéristiques de leur plus récent ancêtre commun, y compris sur le plan comportemental.

Limites (ne sont pas exigibles) :

- *La connaissance précise d'une classification des êtres vivants.*

Les critères d'appartenance à la lignée humaine

On précise que les homininés actuels ne sont représentés que par une seule espèce, *Homo sapiens*, dont le bassin est élargi et court tandis qu'il est long et étroit chez les autres hominoïdes. D'autres critères sont signalés : le prémaxillaire présente un redressement vertical et l'arcade dentaire est parabolique.

Pour définir les critères d'appartenance à la lignée humaine on peut :

- comparer le Chimpanzé et l'Homme. Le danger est évidemment d'induire l'idée fautive que l'ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé était un Chimpanzé.
- Les états dérivés des principaux caractères anatomiques de la lignée humaine étant reconnus, cela permet de comprendre pourquoi un spécialiste peut ranger tel os fossile ou telle mâchoire dans la lignée humaine.

Limites : (ne sont pas exigibles)

- *La connaissance de la diversité des industries humaines*
- *Tout critère d'appartenance à la lignée humaine autre que ceux cités dans le programme*

Le caractère buissonnant de la lignée humaine

On appelle « **lignée humaine** » toute l'histoire évolutive des **Homininés à partir du plus récent ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé.**

La cladistique a rendu caduque la recherche de « l'ancêtre commun ». Certes toute espèce actuelle ou fossile a des ancêtres plus ou moins lointains. L'Homme et le Chimpanzé ne font pas exception à cette règle ; ils ont eu un ancêtre commun récemment (à l'échelle des temps géologiques). Mais dans la mesure où, comme le soulignait Darwin, les descendants sont forcément différents de leurs ancêtres (ceci est le sens même de l'évolution!), il n'y a pas de moyen d'identifier à coup sûr cet ancêtre sur des critères descriptifs parmi les fossiles retrouvés. Un arbre phylogénétique ne peut pas illustrer les processus évolutifs eux-mêmes car l'évolution n'est pas graduelle, mais fait intervenir des **ruptures**, des **discontinuités**.

De nombreuses interrogations sur la structure de la lignée humaine subsistent. Assigner un fossile à une espèce particulière est toujours sujet à caution, car en paléontologie l'espèce ne peut pas être soumise au critère d'interfécondité.

De plus, la découverte d'ossements et de traces d'activités est fragmentaire et dépend des aléas des fouilles et des hasards de la conservation de vestiges. La plupart des fossiles humains ne

sont connus que par un crâne ou des fragments crâniens, calotte, mandibules et dents. Il a fallu attendre l'an 2000 pour que soit exhumé à Drimolen, en Afrique du sud, le premier spécimen d'Australopithèque dont le crâne était associé à une mandibule complète. La découverte d'un squelette entier âgé de plus de 3 milliards d'années comme celui de Lucy est exceptionnelle; pourtant il n'était pas véritablement complet puisqu'il manquait le crâne.

Outre la prise de conscience du caractère buissonnant de l'évolution dans la lignée humaine, l'intérêt de l'étude d'arbres phylogénétiques relatifs à la lignée humaine est surtout de montrer le caractère révisable de ces arbres en fonction des fossiles nouvellement découverts. Ainsi, l'élève doit saisir qu'un arbre phylogénétique n'est pas une donnée à l'état brut, mais qu'il est toujours *inféré à partir de données*.

L'idée selon laquelle une espèce du genre *Australopithecus* aurait évolué en *Homo habilis*, évoluant à son tour en *Homo erectus* et finalement en *Homo sapiens* est donc beaucoup trop simple. Elle mérite d'être discutée en adoptant un point de vue critique. Il y a une probabilité très faible pour que Lucy ou d'autres australopithèques identifiés soient nos ancêtres.

Les débats et les incertitudes concernant l'identification et la classification des différents fossiles d'homininés sont encore très nombreux. Les élèves sont amenés à comprendre que la science n'est pas figée.

Limites (ne sont pas exigibles) :

- La construction d'un arbre buissonnant.
- Les noms scientifiques des fossiles autres que ceux du programme.

L'origine des hommes modernes, *Homo sapiens*

Cette partie du programme a pour but de sensibiliser les élèves à l'origine très récente d'*Homo sapiens* et à l'idée que toutes les populations actuelles seraient issues d'une même population ancestrale, ce qui est en accord avec le fait qu'il n'y a pas d'allèles particuliers capables de spécifier une population. En revanche, la principale cause des différences de fréquences géniques entre les populations est la **distance géographique**, qui traduit le processus de migration et de dérive de composition à partir d'un pool initial commun très diversifié. Ainsi, on trouve la plus grande diversité d'allèles à l'intérieur même des différentes populations africaines ; les distances génétiques s'avèrent simplement corrélées à la distance géographique qui sépare les autres populations à travers le globe.

Limites (ne sont pas exigibles) :

- Les arguments liés aux données sur l'ADN mitochondrial.
- La discussion sur l'origine polycentrique ou monocentrique de l'Homme moderne.