

Parenté entre les êtres vivants fossiles et actuels – Phylogénèse – Evolution

La recherche de lien de parentés parmi les Vertébrés

Voir feuille de révision.

Introduction

Le **vivant** : **procaryotes** (bactéries)+ **eucaryotes** (animaux + végétaux + champignons) ; mais **pas les virus**.

Voir fiche méthode 3.

On s'intéresse ici à l'**espèce** (= ensemble d'individus partageant des caractères communs, féconds entre-eux et engendrant des individus eux-même féconds).

I. Tous les être vivants ont des caractéristiques communes

- ils sont composés de **cellules** (=unité structurale et fonctionnelle du vivant),
- leur information génétique est constituée **d'ADN** (Acide DésoxyriboNucléique),
- afin de permettre la mitose (= division cellulaire), l'ADN est répliqué (1 molécule d'ADN → 2 molécules d'ADN).

Les modalités de la réplication de l'ADN sont les mêmes pour toutes les cellules.

- Les modalités de l'**expression des gènes** (ADN → ARN → protéines) sont les mêmes pour toutes les cellules.

Le **code génétique** (tableau de relation entre les triplets de bases de l'ADN et les acides aminés) est universel.

- Le partage de ces propriétés traduit l'**origine commune de tous les êtres vivants**.

L'état actuel du monde vivant résulte de l'**évolution** :

Evolution = modification des organismes au cours des générations des êtres vivants.

- Toutes les **espèces actuelles** et les **espèces fossiles** sont donc **apparentées** (=issues d'un même commun) mais elles le sont **plus ou moins**.

- On s'intéresse aux liens de parenté des animaux **Vertébrés** :

= eucaryote, animaux possédant un squelette interne.

Regroupe les **poissons**, les **batraciens**, les **reptiles**, les **oiseaux**, les **mammifères** (classification classique).

Problématique :

Au sein des Vertébrés, quelles sont les relations de parenté ?

Par exemple, de trois espèces, la chauve-souris, l'homme et l'aigle, quelles sont les 2 espèces les plus proches ?

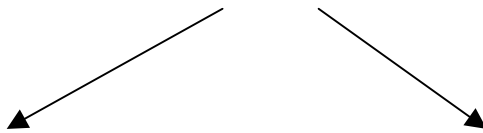
Comment peut-on établir les relations de parentés entre les Vertébrés ?

Quels sont les critères pour établir des relations de parentés entre les Vertébrés ?

II. L'établissement de parenté entre les Vertébrés actuels s'effectue par la comparaison de caractères homologues

A. notion de caractère et d'homologie de caractère

Caractère = élément observable d'un organisme.



Caractères **macroscopique**

morphologiques,
anatomiques
embryonnaires

Caractères **moléculaires**

= séquences d'ADN (de nucléotides)
ou séquence peptidique (d'acides aminés).

Activité 1 : Etude du membre antérieur des Vertébrés (voir feuille d'activité)

Bilan Activité 1 :

Homo = même

Un caractère est dit **homologue** chez deux espèces si ce caractère est hérité **d'un ancêtre commun**.

Ce que l'on ne sait pas au départ.

Comment savoir si un caractère macroscopique est homologue pour 2 espèces ?

Critères :

- **Plan d'organisation similaire,**
- **Une même position dans le plan d'organisation général de l'organisme,**
- **Une même origine embryologique.**

Par contre une **même fonction** n'est pas toujours synonyme d'homologie.

Malgré des zygotes (=œuf fécondé) et des jeunes très différents **les embryons de Vertébrés passent tous par un stade embryonnaire, où ils ont la même allure et la même organisation.**

Ce stade embryologique commun traduit **une forte parenté des Vertébrés.**

Activité 3 : Etude d'un caractère embryonnaire: l'amnios (voir livre p 22 doc 1)

Bilan Activité 3

Amnios = enveloppe embryonnaire délimitant une cavité (= la cavité amniotique), contenant un liquide (=le liquide amniotique), nécessaire au développement de l'embryon.

Amniotes = vertébrés possédant un amnios , dont l'embryon se développe en milieu terrestre
== Reptiles, Oiseaux, et Mammifères.

Activité 4 : Construction d'un arbre représentant la parenté entre des espèces de Vertébrés

C. Les relations de parenté contribuent à construire des arbres phylogénétiques

Phylogénie : relations de parenté évolutive entre les êtres vivants.

Arbre phylogénétique : représente la parenté entre les êtres vivants.

Phylogénèse : reconstitution de l'histoire évolutive des lignées à partir des liens de parenté.

La phylogénie permet de **trouver parmi un ensemble d'espèce le groupe-frère** (=la ou les espèces les plus apparentées) à une espèce donnée. Elle ne permet de trouver les ancêtres communs à plusieurs espèces.

Principe : Les êtres sont d'autant plus apparentés que leur dernier ancêtre commun est proche dans l'histoire de la vie.

Nœud : représente l'ancêtre commun le plus récent des branches qui en découlent.

Extrémité des branches : Les espèces vivantes actuelles ou fossiles

jamais représentées sur une branche ou un nœud.

Branches: liens évolutifs entre l'ancêtre commun et les espèces actuelles ou fossiles.

Remarques

1) Les ancêtres communs représentés sur les arbres phylogénétiques sont **hypothétiques**, définis par l'ensemble des caractères dérivés partagés par des espèces qui leur sont postérieures ; **ils ne correspondent pas à des espèces fossiles précises.**

Une espèce fossile ne peut être considérée comme la forme ancestrale à partir de laquelle se sont différenciées les espèces postérieures. **Le fossile est une lignée évolutive éteinte.**

2) L'expression « **fossile vivant** » est à exclure.

= **espèce inchangée au cours des temps géologiques**

or 5% du génome détermine la morphologie des Vertébrés

Une espèce vivante actuelle et une espèce fossile peuvent se ressembler morphologiquement et pourtant être très éloignées l'une de l'autre au niveau de leur séquence du génome.

D. Les comparaisons moléculaires renseignent sur le degré de similitude entre les espèces.

Activité 5 : notion d'horloge moléculaire

Activité 6 : utilisation du logiciel Phylogene

Bilan Activité 5 et 6

La possession de **gènes communs** (= **protéines communes**) permet de proposer des relations de parentés.

Méthode :

Comparaison de 2 séquences nucléotidiques (peptidiques) :

on compte le nombre de nucléotides (acides aminés) différents **entre les 2 séquences**.



On admet que la **vitesse d'évolution des molécules (=horloge moléculaire) est identique pour toutes les lignées**.



Donc le **nombre de différences observées entre 2 séquences est proportionnel au temps écoulé** depuis que ses 2 espèces se sont séparées.



Donc le **degré de similitude renseigne sur le degré de parenté**.



On construit ainsi un arbre phylogénétique.

Les molécules (ADN ou peptide / protéines) hérités d'un ancêtre commun sont dites **homologues**.

Attention : On ne parle pas d'état primitif ou d'état dérivé, ici.

Une espèce vivante actuelle et une espèce fossile peuvent se ressembler morphologiquement et pourtant être très éloignées l'une de l'autre au niveau de leur séquence du génome.

III. Un résultat : La Classification phylogénétique des Vertébrés

Activité 7: Classification phylogénétique des Vertébrés (voir livre p 27 doc 2 et page 28 doc1)
--

Bilan Activité 7

Un **groupe monophylétique** comprend **toutes les espèces issues d'un ancêtre possédant l'état du dérivé caractère (y compris cet ancêtre).**

Les **Vertébrés** sont un groupe monophylétiques.

Les **reptiles** dans la classification classique des Vertébrés ne sont **pas monophylétiques**.

Les oiseaux feraient partie des reptiles.

Conclusion :

- Méthode approchée de celles des chercheurs : méthode très exigeante

Elle aboutit à la **Classification Phylogénétique du Vivant**,

Il reste des indéterminations, il va y avoir des changements.

Elle diffère de la classification classique.

- Seule l'**évolution** permet d'expliquer à la fois l'**unité** et la **diversité** du monde vivant