

1 Relations de parenté chez les Vertébrés et établissement de phylogénies

Les êtres vivants actuels sont tous constitués de cellules qui contiennent de l'ADN, support de l'information génétique. La transcription et la traduction de cet ADN permettent la synthèse de protéines par l'intermédiaire du code génétique universel, qui fait correspondre un triplet de nucléotides à un acide aminé. Cette unité des êtres vivants résulte du fait qu'ils ont tous le même ancêtre commun.

La grande diversité des formes constatée actuellement est la conséquence de l'évolution qui implique que les espèces se transforment au cours du temps et donnent naissance à de nouvelles espèces. Il existe donc des relations de parenté plus ou moins étroites entre tous les êtres vivants.

1. La comparaison de caractères homologues chez les Vertébrés permet d'établir des relations de parenté

Les Vertébrés possèdent un plan d'organisation commun ce qui implique que l'ancêtre commun à tous les Vertébrés possédait ce plan d'organisation. La détermination d'un ancêtre commun à un ensemble d'êtres vivants nécessite donc la recherche de similitudes au niveau de *caractères homologues*, entre les individus du groupe étudié. Les caractères utiles sont de nature variée : embryonnaires, anatomiques, moléculaires...

2. Un arbre phylogénétique traduit l'évolution des êtres vivants au cours des temps géologiques

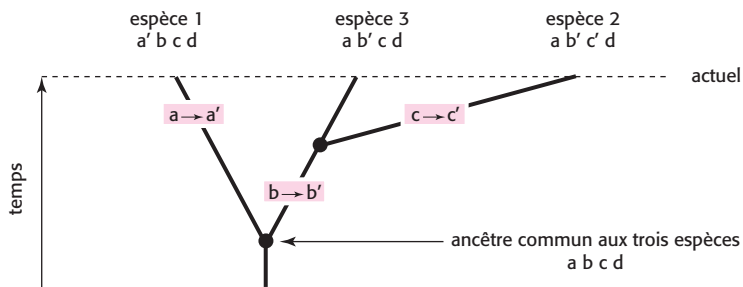
- Des ressemblances ont été observées entre trois espèces actuelles (1, 2 et 3). On s'intéresse à quatre caractères : A, B, C et D. Chacun de ces caractères existe sous deux états : a/a', b/b', c/c' et d/d'.
- a', b', c' et d' proviennent d'une transformation des états a, b, c et d au cours des temps géologiques; a', b', c' et d' sont les *états dérivés* des caractères étudiés tandis que a, b, c et d correspondent aux *états primitifs*.

- Dans un premier temps, il faut répertorier les états des caractères pour chaque espèce : espèce 1 : a' b c d; espèce 2 : a' b' c' d; espèce 3 : a' b' c d;

Espèce 1	0		
Espèce 2	3	0	
Espèce 3	2	1	0
	Espèce 1	Espèce 2	Espèce 3

- Puis compléter un tableau en indiquant le nombre de caractères différents entre les espèces prises deux à deux.

- C'est l'analyse du tableau qui permet ensuite de construire un arbre phylogénétique. Puisque les espèces 2 et 3 ne diffèrent que par un des caractères étudiés, elles doivent être proches parents et elles doivent descendre d'un ancêtre qui avait les trois caractères qu'elles ont en commun. L'espèce 1 est plus proche de l'espèce 3. Il est possible de construire plusieurs arbres à partir de ces observations, le partage d'états dérivés témoignant d'une étroite parenté entre deux espèces. Celui retenu ici est le plus probable car il fait intervenir un minimum de changements au cours du temps : il obéit au principe de parcimonie.



1-1. Exemple d'arbre phylogénétique.

L'ancêtre commun aux trois espèces est hypothétique ; on le définit grâce à l'ensemble des caractères dérivés partagés par des espèces qui sont apparues plus récemment.

L'erreur classique à éviter

Ne pas confondre organes homologues et organes analogues. Deux organes homologues ont une structure identique traduisant une relation de parenté sans avoir nécessairement la même fonction. Deux organes analogues réalisent la même fonction sans présenter la même structure.

2 L'Homme dans le règne animal

Homo sapiens est le seul représentant actuel des Homininés. Quels sont les critères permettant de définir l'appartenance à la lignée humaine ?

1. Classification et évolution des êtres vivants sont étroitement liées

- L'Homme actuel (*Homo sapiens sapiens*) appartient à différentes catégories d'êtres vivants, apparues à différentes périodes de l'histoire de la vie.
- L'ordre d'apparition des différentes catégories correspond à l'ordre hiérarchique de la classification des êtres vivants. La classification traduit donc des relations de parenté entre les êtres vivants.

2. L'Homme et le Chimpanzé partagent un ancêtre commun récent

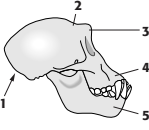
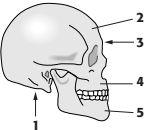
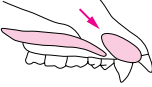
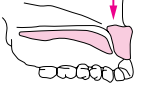


L'analyse de données chromosomiques permet de situer l'Homme dans le règne animal. La comparaison des caryotypes de l'Homme (46 chromosomes) et du Chimpanzé (48 chromosomes) révèle de nombreuses similitudes. 13 paires de chromosomes sont identiques entre ces deux espèces et les autres chromosomes ne diffèrent que légèrement. Ces deux espèces sont donc étroitement apparentées. Cette conclusion est confirmée par l'analyse de données moléculaires. L'Homme et le Chimpanzé ont donc un ancêtre commun récent.

3. Des critères précis déterminent l'appartenance à la lignée humaine

- Pour déterminer si un fragment fossile appartient à la lignée humaine, il doit présenter certains critères. Les *critères anatomiques* peuvent être mis en évidence par comparaison entre l'Homme et le Chimpanzé; ils sont répertoriés dans le tableau ci-contre.
- La position du trou occipital, central sur le crâne de l'Homme, permet la bipédie, le crâne reposant « sur » la colonne vertébrale (tandis que chez le Chimpanzé, le crâne, situé en avant de la colonne vertébrale du fait de

la position postérieure du trou occipital ne le permet pas). Le bassin court et large offre une surface d'attache importante aux muscles assurant la station verticale.

- L'existence de traces fossiles d'une *activité culturelle* témoigne également de l'appartenance à la lignée humaine.
- Tout fossile présentant au moins un de ces caractères dérivés est considéré comme appartenant à la lignée humaine.

Comparaison des crânes	Chimpanzé	Homme
Comparaison des bassins	 <p>1 : trou occipital en arrière 2 : front fuyant 3 : bourrelet sus-orbitaire 4 : face allongée vers l'avant 5 : menton fuyant</p> <p>capacité crânienne < 400 cm³ en moyenne</p>	 <p>1 : trou occipital central 2 : grand front droit 3 : petite arcade sourcilière 4 : face plate 5 : menton droit</p> <p>capacité crânienne de l'ordre de 1 400 cm³</p>
Comparaison des prémaxillaires	 <p>prémaxillaire oblique</p>	 <p>prémaxillaire redressé (vertical)</p>
Comparaison des arcades dentaires	 <p>arcade dentaire en U</p>	 <p>arcade dentaire parabolique</p>

1-2.

L'erreur classique à éviter

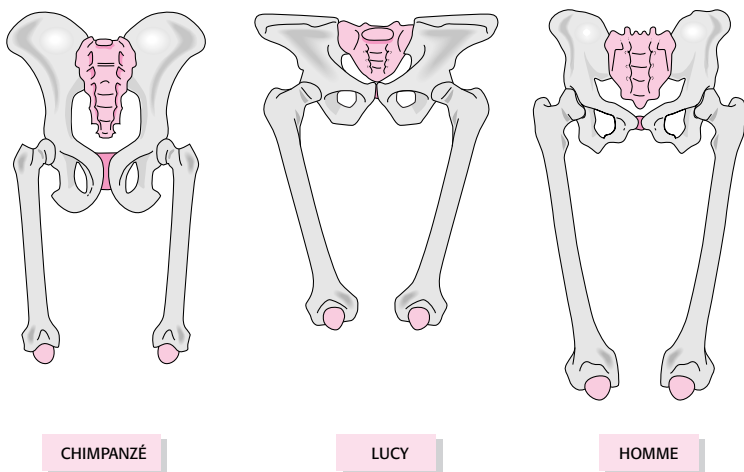
Le dernier ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé n'est ni un Chimpanzé ni un Homme.

3 Lignée humaine et évolution

Plusieurs espèces d'Homininés, actuellement disparues (fossiles) ont vécu entre 6 millions d'années (Ma) et 100 000 ans, époque où apparaissent les Homo sapiens. La lignée humaine est définie comme l'histoire évolutive des Homininés, du plus ancien ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé, jusqu'à l'Homme actuel.

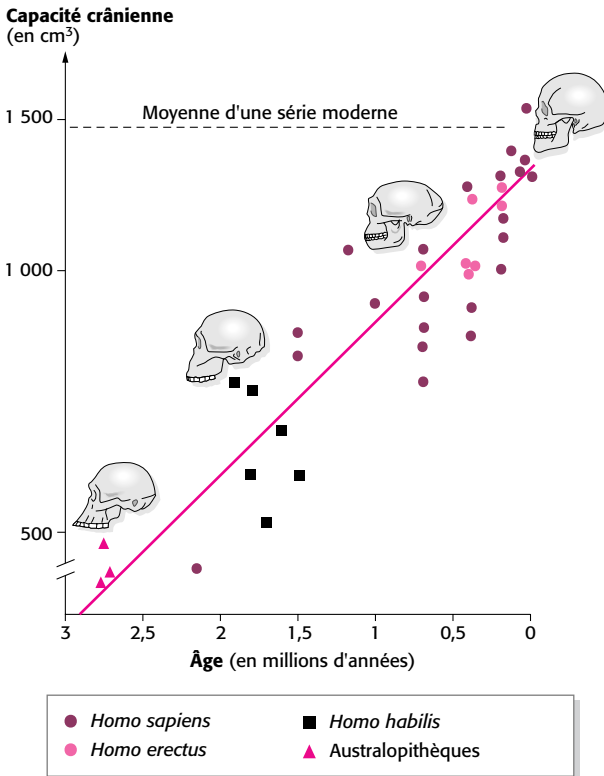
1. Les espèces présentant des caractères dérivés propres à l'Homme appartiennent à deux genres : Les Australopithèques et les Homo

- Les Australopithèques étaient des bipèdes permanents. En témoignent des empreintes de pas (Tanzanie : - 3,8 Ma) et la forme de leur bassin, court et large, se rapprochant davantage de celui d'un Homme que de celui d'un Chimpanzé.



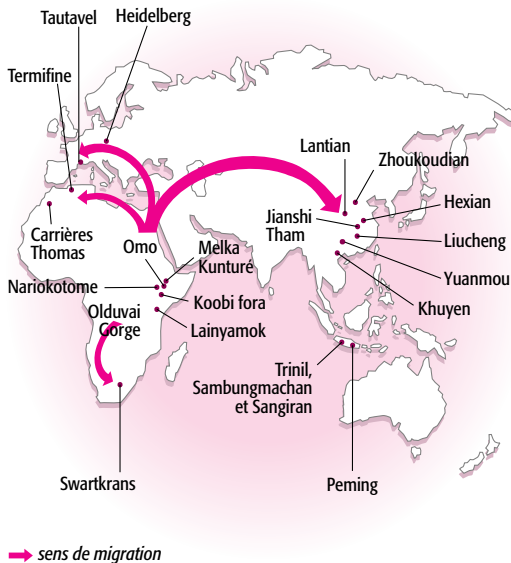
1-3. Comparaison du bassin d'un Chimpanzé, d'un Australopithèque (Lucy, Éthiopie, - 3 Ma) et d'un Homme actuel.

- Les Australopithèques ont vécu entre 4 Ma (*Australopithecus anamensis*) et 1 Ma (*Australopithecus robustus*).
- On estime actuellement qu'ils forment un rameau détaché assez tôt de celui des *Homo*.
- Les espèces du genre *Homo* possèdent des caractères dérivés crâniens et une réduction de la face. On considère actuellement qu'un fossile doit posséder une capacité crânienne supérieure à 600 cm³ pour être considéré comme appartenant au genre *Homo*.



1-4. Évolution de la morphologie crânienne d'*Australopithecus africanus* à *Homo sapiens sapiens* (Homme actuel).

- Les *Homo* les plus anciens sont datés de – 2,5 Ma (*Homo habilis*). À cette époque, vivaient aussi des Australopithèques; plusieurs espèces d’Homininés ont donc coexisté.
- Les espèces fossiles datées de – 4 à – 1,5 Ma proviennent toutes de la vallée du rift, en Afrique orientale; la lignée humaine serait donc apparue sur le continent africain.
- Les premiers Homininés à quitter l’Afrique sont les *Homo erectus* qui sont cependant apparus sur le continent africain il y a 1,6 Ma (adolescent de Turkana, Kenya). Ils forment un groupe très diversifié marqué par une augmentation du volume crânien (1 000 cm³ en moyenne). De nombreuses populations ont colonisé l’Afrique du Nord, l’Afrique du Sud, le Proche Orient, l’Asie et l’Europe. Les *Homo erectus* ayant colonisé l’Europe auraient évolué en *Homo sapiens Neanderthalensis* (Homme de Néanderthal) découverts en Europe.



+

1-5. Principales localités ayant fourni des fossiles d’*Homo erectus* et nous renseignant sur leurs migrations.

2. Les Hommes modernes (*Homo sapiens*) sont tous issus d'une même population ancestrale

Homo sapiens est une nouvelle espèce apparue récemment, il y a 100 000 à 200 000 ans, en Afrique et au Proche Orient. Elle aurait colonisé tous les continents, remplaçant *Homo erectus*. Les nombreuses migrations ont installé une distance géographique entre différentes populations qui serait la principale cause des différences de fréquences géniques observées entre les populations actuelles.

L'erreur classique à éviter

Les différents Homininés ne se sont pas strictement succédé au cours du temps. Plusieurs espèces ont coexisté.