

Évolution, parentés et lignée humaine

COURS • S13 • TERMINALE

Spécialité de terminale, programme officiel. Cours original rédigé avec une IA. Le cours de ton enseignant fait foi.

Sommaire du cours

Ce que tu dois savoir faire	1
Cours	2
Exemples résolus	8
Méthodes et pièges	10
Vers le PASS	10
Exercices	10
Corrigés	12

Ce que tu dois savoir faire

- Distinguer homologie et analogie (convergence) et justifier qu'un caractère est homologue chez plusieurs espèces.
- Identifier l'état ancestral et l'état dérivé d'un caractère et construire une matrice de caractères.
- Construire un arbre phylogénétique à partir de caractères dérivés partagés, en appliquant le principe de parcimonie.
- Lire un arbre : ancêtre commun hypothétique, groupe monophylétique, degré de parenté, et repérer un groupe qui n'est pas monophylétique.
- Construire un arbre à partir d'une matrice de distances moléculaires et utiliser le principe de l'horloge moléculaire.
- Situer l'espèce humaine parmi les primates et les hominoïdes, et expliquer pourquoi le chimpanzé est son plus proche parent actuel.
- Identifier, sur des squelettes ou des crânes, les caractères dérivés liés à la bipédie et à la lignée humaine.
- Présenter l'histoire évolutive du genre Homo comme un buisson buissonnant, avec ses principales espèces et leurs métissages.
- Expliquer, à l'aide de la sélection naturelle, des exemples de liens entre évolution et santé (résistance aux antibiotiques, persistance de la lactase, drépanocytose et paludisme).

Cours

1. Parenté et ancêtre commun

Toutes les espèces actuelles sont issues d'une histoire commune : deux espèces sont d'autant plus **apparentées** qu'elles partagent un **ancêtre commun** plus récent. Établir des liens de parenté ne revient pas à chercher qui descend de qui parmi les espèces actuelles, mais à déterminer **qui est plus proche de qui**, c'est-à-dire qui partage avec qui l'ancêtre commun le plus récent.

Pour cela, on compare des **caractères** : un caractère est un attribut observable (anatomique, embryologique, cellulaire, moléculaire) qui peut présenter plusieurs **états** (par exemple, « vertèbres » : présentes ou absentes).

1.1. Homologie et analogie

Deux structures sont **homologues** si elles occupent la même position dans le plan d'organisation, présentent les mêmes connexions avec les structures voisines et le même développement embryonnaire, même si leur forme et leur fonction diffèrent. Leur ressemblance s'explique par un **héritage commun**. Exemple : le membre antérieur des tétrapodes (bras humain, aile de chauve-souris, nageoire de dauphin, patte de cheval) comprend toujours un os du bras (humérus), deux os de l'avant-bras (radius et ulna), puis les os du poignet et des doigts.

Deux structures sont **analogues** si elles remplissent la même fonction sans être homologues : l'aile d'un oiseau et l'aile d'un papillon permettent toutes deux de voler, mais leur organisation est totalement différente. Leur ressemblance résulte d'une **convergence évolutive** : des pressions de sélection semblables ont façonné des structures semblables dans des lignées indépendantes. Les analogies ne renseignent pas sur la parenté.

Les **molécules** fournissent aussi des homologies : des gènes dont les séquences sont nettement plus semblables que ne le prévoirait le hasard sont homologues et dérivent d'un gène ancestral commun.

2. États ancestraux, états dérivés et groupes

2.1. Polariser un caractère

Au cours de l'évolution, un caractère passe d'un **état ancestral** (primitif) à un **état dérivé** (évolué), qui constitue une **innovation évolutive**. Une innovation apparue chez un ancêtre est transmise à tous ses descendants, sauf perte secondaire. Ainsi :

Seuls les **états dérivés partagés** renseignent sur la parenté : deux espèces qui partagent un état dérivé l'ont hérité d'un ancêtre commun chez qui il est apparu. Partager un état ancestral ne prouve aucune parenté particulière.

Pour savoir quel état est ancestral, on utilise un **groupe externe** : une espèce que l'on sait plus éloignée de toutes les espèces étudiées. L'état présent chez le groupe externe est considéré comme ancestral. On s'appuie aussi sur les fossiles (l'état le plus ancien est en général ancestral) et sur le développement embryonnaire.

On résume les données dans une **matrice de caractères** : une ligne par espèce, une colonne par caractère, avec 0 pour l'état ancestral et 1 pour l'état dérivé.

2.2. Groupes monophylétiques

Un **groupe monophylétique** (ou **clade**) réunit un ancêtre commun et **tous** ses descendants. Il est défini par au moins une innovation partagée. Exemples : les tétrapodes (vertébrés à quatre membres chirodiens), les amniotes (dont l'embryon se développe dans un amnios), les mammifères (poils, mamelles).

Certains groupes de la classification traditionnelle ne sont pas monophylétiques, car ils excluent une partie des descendants d'un ancêtre : les « **poissons** » (qui excluent les tétrapodes, pourtant issus d'un ancêtre poisson) ou les « **reptiles** » (qui excluent les oiseaux, plus proches des crocodiles que les crocodiles ne le sont des lézards). Ces groupes, fondés sur des états ancestraux ou sur l'absence d'un caractère, ne sont plus retenus dans la classification phylogénétique.

3. Construire et lire un arbre phylogénétique

3.1. La méthode

Un **arbre phylogénétique** représente une hypothèse sur les relations de parenté entre espèces.

- Les **feuilles** (extrémités des branches) sont les espèces étudiées, actuelles ou fossiles.
- Chaque **nœud** représente un **ancêtre commun hypothétique**, que l'on ne cherche pas à identifier à un fossile précis.
- Les innovations sont placées sur les branches, juste après le nœud de l'ancêtre chez qui elles sont apparues.

Méthode de construction à partir d'une matrice :

1. on identifie l'état ancestral de chaque caractère grâce au groupe externe ;
2. on classe les caractères dérivés du plus partagé au moins partagé ;
3. on emboîte les groupes : les espèces qui partagent le plus d'états dérivés sont regroupées le plus près des feuilles ;
4. on place chaque innovation sur la branche correspondante.

Lorsque les caractères ne s'emboîtent pas parfaitement, plusieurs arbres sont possibles. On retient alors, selon le **principe de parcimonie**, l'arbre qui nécessite le **moins de changements d'état** au total : c'est l'hypothèse la plus économique. Un caractère qui doit apparaître deux fois indépendamment (convergence) ou réapparaître après une perte (réversion) coûte des changements supplémentaires.

3.2. Lire correctement un arbre

- Deux espèces sont d'autant plus proches qu'elles partagent un **ancêtre commun plus récent** (un nœud plus proche des feuilles).
- On peut faire pivoter les branches autour d'un nœud sans changer les relations de parenté : l'ordre des feuilles de gauche à droite n'a aucune signification.
- Aucune espèce actuelle n'est l'ancêtre d'une autre espèce actuelle : toutes sont au même niveau, au bout de branches de même âge.
- Un arbre est une **hypothèse** révisable : de nouveaux caractères ou de nouveaux fossiles peuvent la modifier.

4. Les arbres moléculaires et l'horloge moléculaire

On compare des séquences d'ADN ou de protéines homologues. Après **alignement** des séquences, on compte, pour chaque paire d'espèces, le nombre ou le pourcentage de **différences**, que l'on présente dans une **matrice de distances**.

Méthode de construction (principe simple) :

1. on regroupe les deux espèces les moins différentes : elles partagent l'ancêtre commun le plus récent ;
2. on considère ce groupe comme une seule unité et on recommence avec les autres espèces ou groupes, de la distance la plus faible à la plus forte.

Les mutations s'accumulent dans les séquences au cours du temps. Pour certaines séquences, le **taux de substitution** est à peu près constant au cours du temps : le nombre de différences entre deux espèces est alors **proportionnel au temps** écoulé depuis leur divergence. C'est le principe de l'**horloge moléculaire**. Calibrée par une divergence datée grâce aux fossiles, elle permet d'estimer la date d'autres divergences :

date de divergence $\approx$ (différence entre les deux espèces / différence de référence) $\times$ **date de référence**

Cette estimation reste approximative : le taux de mutation varie selon les gènes, les lignées et la durée des générations. Les dates moléculaires doivent être confrontées aux fossiles.

5. La place de l'espèce humaine parmi les primates

5.1. L'espèce humaine est un primate

L'espèce humaine, **Homo sapiens**, appartient aux **mammifères** (poils, mamelles) et, parmi eux, aux **primates**, dont les innovations sont notamment : une main préhensile à **pouce opposable**, des **ongles plats** au lieu de griffes, des yeux en position frontale permettant une **vision stéréoscopique**, un cerveau relativement volumineux.

Au sein des primates, l'espèce humaine fait partie des **hominoïdes**, qui n'ont **pas de queue** : gibbons, orang-outans, gorilles, chimpanzés, bonobos et humains.

Hominoïdes actuels

gibbons

orang-outans

gorilles

chimpanzés et bonobos

espèce humaine

Repères complémentaires, sans séquence causale

5.2. Le chimpanzé, plus proche parent actuel

Les données anatomiques et surtout moléculaires montrent que les plus proches parents actuels de l'espèce humaine sont le **chimpanzé** et le **bonobo**. Sur les séquences d'ADN comparables, les génomes humain et chimpanzé ne diffèrent que d'environ 1,2 %. Le gorille est un peu plus éloigné, l'orang-outan encore plus.

Le **caryotype** humain compte 46 chromosomes, celui des chimpanzés 48. La comparaison des bandes chromosomiques montre que le chromosome 2 humain résulte de la **fusion** de deux chromosomes ancestraux, restés séparés chez les autres grands singes : on y retrouve des vestiges de télomères en son milieu et un second centromère inactif.

L'ancêtre commun le plus récent de l'espèce humaine et des chimpanzés aurait vécu en Afrique **il y a environ 7 millions d'années** (les estimations varient de 6 à 10 millions d'années selon les méthodes).

L'espèce humaine ne « descend » pas du chimpanzé : les deux espèces partagent un ancêtre commun, qui n'était ni un chimpanzé ni un humain. Depuis leur séparation, les deux lignées ont évolué pendant la même durée.

5.3. Ce qui distingue l'espèce humaine

Les différences entre l'espèce humaine et les chimpanzés tiennent moins au nombre de gènes qu'à des différences de **séquence**, d'**expression des gènes** (moment, durée et intensité) et de **développement**. Par exemple, la croissance du cerveau humain se prolonge longtemps après la naissance. Parmi les caractères dérivés propres à la lignée humaine : la **bipédie permanente**, un **cerveau plus volumineux** par rapport à la taille du corps, une face réduite, des canines peu développées, et des capacités cognitives et culturelles (langage articulé, transmission de techniques complexes) très développées. Ces différences sont de degré plus que de nature pour de nombreux caractères : les chimpanzés utilisent aussi des outils et transmettent des savoir-faire.

6. L'histoire évolutive de la lignée humaine

6.1. Les caractères de la lignée humaine

La **lignée humaine** regroupe toutes les espèces, actuelles et fossiles, plus proches de l'espèce humaine que des chimpanzés. Ses membres sont appelés **homininés**. On les reconnaît, sur des fossiles souvent fragmentaires, à des caractères dérivés liés à :

- la **bipédie** :
- **trou occipital** (passage de la moelle épinière) placé sous le crâne, en position avancée et centrée, et non en arrière ;
- **colonne vertébrale** à plusieurs courbures (forme en S) ;
- **bassin court et large**, en forme de cuvette, qui soutient les viscères ;
- **fémur oblique** : les genoux sont rapprochés sous le centre de gravité ;
- **gros orteil aligné** avec les autres, non opposable, et pied voûté ;
- le **crâne et la denture** : arcade dentaire **parabolique** (en U chez les chimpanzés), canines réduites, face moins projetée vers l'avant (prognathisme réduit), boîte crânienne plus volumineuse (dans le genre Homo).

Caractère	Chimpanzé	Australopithèque (Lucy)	Homo sapiens
Volume crânien moyen	environ 400 cm ³	environ 400 cm ³	environ 1 350 cm ³
Trou occipital	en arrière	plus avancé	centré sous le crâne
Bassin	haut et étroit	court et large	court et large
Arcade dentaire	en U	intermédiaire	parabolique
Locomotion	quadrupède, grimpeur	bipède, encore grimpeur	bipède exclusif

6.2. Les premiers hominés et les australopithèques

- **Sahelanthropus tchadensis** (« Toumaï »), découvert au Tchad, environ **7 millions d'années** : crâne à trou occipital plutôt avancé et canines réduites ; c'est l'un des plus anciens hominés proposés.
- **Orrorin tugenensis** (Kenya, environ 6 millions d'années), dont le fémur suggère une bipédie.
- **Ardipithecus** (Éthiopie, environ 4,4 millions d'années) : bipède au sol, mais gros orteil encore opposable.
- **Les australopithèques** (genre Australopithecus, environ 4,2 à 2 millions d'années, Afrique de l'Est et du Sud), dont **Lucy** (Australopithecus afarensis, environ 3,2 millions d'années) : bipédie déjà bien installée, mais bras longs et doigts courbés, signes d'une vie encore en partie arboricole ; cerveau de taille comparable à celui d'un chimpanzé.
- **Les paranthropes** (environ 2,7 à 1,2 million d'années), aux mâchoires et molaires très puissantes, contemporains des premiers Homo.

6.3. Le genre Homo

Le genre **Homo** apparaît en Afrique il y a environ **2,8 à 2,4 millions d'années**. Ses caractères dérivés sont une bipédie exclusive (bassin, membres inférieurs allongés), un **volume crânien plus important**, une face et une denture réduites. La fabrication d'outils n'est plus considérée comme propre au genre Homo : des outils taillés de 3,3 millions d'années ont été découverts au Kenya.

Espèce	Période approximative	Répartition	Volume crânien	Remarques
Homo habilis	2,4 à 1,5 Ma	Afrique de l'Est	550 à 700 cm ³	outils taillés
Homo erectus	1,9 Ma à environ 100 000 ans	Afrique, Asie	800 à 1 100 cm ³	premières sorties d'Afrique, maîtrise du feu
Homo neanderthalensis	environ 400 000 à 40 000 ans	Europe, Asie occidentale	environ 1 500 cm ³	sépultures, outils élaborés
Homo floresiensis	environ 100 000 à 50 000 ans	île de Flores (Indonésie)	environ 400 cm ³	très petite taille

Espèce	Période approximative	Répartition	Volume crânien	Remarques
Dénisoviens	jusqu'à environ 50 000 ans	Asie	non connu précisément	connus surtout par leur ADN
Homo sapiens	depuis environ 300 000 ans	Afrique, puis monde entier	environ 1 350 cm ³	menton, front vertical

Les plus anciens fossiles attribués à Homo sapiens (Jebel Irhoud, au Maroc) datent d'environ **300 000 ans**. Notre espèce a ensuite colonisé tous les continents à partir de l'Afrique.

6.4. Un buisson, pas une échelle

L'histoire de la lignée humaine n'est pas une suite linéaire d'espèces se remplaçant l'une l'autre, du « singe » à l'humain. C'est un **buisson** : à de nombreuses périodes, **plusieurs espèces d'homininés ont coexisté**. Il y a 50 000 ans, Homo sapiens partageait encore la planète avec les Néandertaliens, les Dénisoviens et Homo floresiensis. La plupart des branches se sont éteintes ; une seule espèce subsiste aujourd'hui.

L'ADN ancien extrait de fossiles a révélé des **métissages** : environ 1,5 à 2 % du génome des populations actuelles non africaines provient des Néandertaliens, et certaines populations d'Océanie portent quelques pourcents d'ADN dénisovien. Ces échanges montrent que les frontières entre ces espèces n'étaient pas complètement fermées.

L'attribution d'un fossile à une espèce reste délicate : les restes sont souvent rares et incomplets, la variabilité au sein d'une espèce est mal connue, et chaque nouvelle découverte peut modifier l'arbre.

7. Évolution et santé

Les mécanismes de l'évolution, sélection naturelle et dérive, continuent d'agir aujourd'hui, sur les agents pathogènes comme sur les populations humaines. Ils aident à comprendre certains problèmes médicaux.

7.1. L'évolution des agents pathogènes

- **Résistance aux antibiotiques** : dans une population de bactéries, des variants résistants préexistent (par mutation) ou sont acquis par transfert horizontal. L'antibiotique élimine les bactéries sensibles et **sélectionne** les résistantes, qui se multiplient. L'usage excessif ou inadapté d'antibiotiques accélère donc la propagation des résistances. D'où les recommandations : n'utiliser un antibiotique que contre une infection bactérienne, respecter la dose et la durée prescrites.
- **Évolution des virus** : le virus de la grippe mute rapidement ; ses protéines de surface changent d'une saison à l'autre, ce qui oblige à adapter chaque année la composition du vaccin.

7.2. L'évolution des populations humaines

- **Persistance de la lactase** : chez la plupart des mammifères, la production de lactase (enzyme digérant le lactose du lait) cesse après le sevrage. Dans certaines populations humaines pratiquant l'élevage laitier depuis plusieurs millénaires, un allèle permettant la persistance de la lactase à l'âge adulte est devenu fréquent : il conférait un avantage nutritionnel. C'est un exemple de **sélection naturelle récente**.

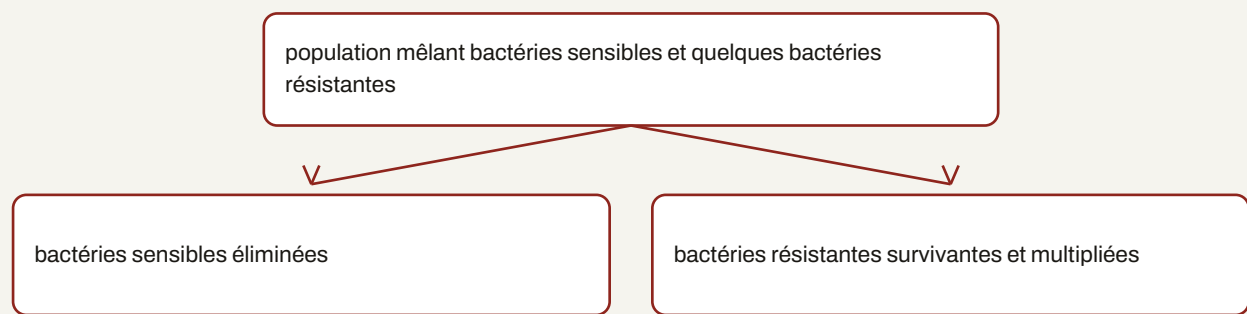
- **Drépanocytose et paludisme** : l'allèle HbS de la bêta-globine provoque, à l'état homozygote, une maladie grave (la drépanocytose). Pourtant, il est fréquent dans des régions où sévit le paludisme. Les **hétérozygotes** (HbA/HbS) sont en effet plus résistants aux formes graves du paludisme que les homozygotes HbA/HbA. Cet **avantage des hétérozygotes** maintient l'allèle HbS à une fréquence élevée dans ces régions.

7.3. Héritage évolutif et mode de vie actuel

L'organisme humain résulte d'une longue évolution dans des environnements très différents de l'environnement actuel. Certaines difficultés peuvent s'expliquer par :

- des **compromis évolutifs** : la bipédie a imposé un bassin étroit, tandis que la sélection a favorisé un gros cerveau ; il en résulte un accouchement plus difficile que chez les autres primates ;
- un **décalage** entre un organisme façonné dans un environnement où la nourriture était rare et l'activité physique importante, et le mode de vie actuel (alimentation très riche, sédentarité) : c'est une hypothèse avancée pour expliquer en partie l'augmentation du diabète de type 2 et de l'obésité.

Effet d'un traitement antibiotique sur une population bactérienne



Deux branches distinctes • ce schéma ne relie pas les deux issues entre elles

Exemples résolus

Exemple 1 : construire un arbre à partir d'une matrice de caractères

Énoncé. On étudie six vertébrés : lamproie (groupe externe), requin, truite, grenouille, lézard, souris. Caractères (0 : état ancestral, 1 : état dérivé) : mâchoires (lamproie 0, toutes les autres 1) ; squelette osseux (lamproie 0, requin 0, truite 1, grenouille 1, lézard 1, souris 1) ; quatre membres chiridiens (grenouille, lézard, souris : 1 ; autres : 0) ; amnios (lézard, souris : 1 ; autres : 0) ; poils et mamelles (souris : 1 ; autres : 0). a) Justifie le choix de l'état ancestral. b) Construis l'arbre. c) Nomme trois groupes monophylétiques. d) Le groupe {requin, truite} est-il monophylétique ?

Résolution. a) La lamproie, groupe externe, est supposée plus éloignée de toutes les autres espèces : les états qu'elle présente (absence de mâchoires, d'os, de membres, d'amnios, de poils) sont considérés comme **ancestraux** ; les autres états sont dérivés. b) On classe les innovations de la plus partagée à la moins partagée : mâchoires (5 espèces) $\supset$ squelette osseux (4) $\supset$ membres chiridiens (3) $\supset$ amnios (2) $\supset$ poils (1). Les ensembles s'emboîtent parfaitement. L'arbre s'écrit, en notation parenthésée :

(lamproie, (requin, (truite, (grenouille, (lézard, souris))))

avec les innovations placées ainsi : mâchoires sur la branche menant au nœud requin-souris ; squelette osseux sur celle menant au nœud truite-souris ; membres chiridiens avant le nœud grenouille-souris ; amnios avant le nœud lézard-souris ; poils et mamelles sur la branche de la souris. Chaque innovation n'apparaît qu'une fois : l'arbre est le plus parcimonieux (5 changements). c) Groupes monophylétiques : par exemple les **gnathostomes** {requin, truite, grenouille, lézard, souris}, les **tétrapodes** {grenouille, lézard, souris}, les **amniotes** {lézard, souris}. d) Le requin et la truite ne partagent aucune innovation qui leur soit propre ; l'ancêtre commun du requin et de la truite est aussi l'ancêtre de la grenouille, du lézard et de la souris. {requin, truite} n'est pas monophylétique : c'est un regroupement du type « poissons », défini par l'absence de membres.

Exemple 2 : arbre moléculaire des hominoïdes et horloge moléculaire

Énoncé. Pourcentages de différences entre séquences d'ADN (données simplifiées) : Homme et chimpanzé 1,2 ; Homme et gorille 1,6 ; chimpanzé et gorille 1,6 ; Homme et orang-outan 3,1 ; chimpanzé et orang-outan 3,1 ; gorille et orang-outan 3,1. a) Construis l'arbre. b) La séparation de la lignée de l'orang-outan est datée par les fossiles à environ 16 millions d'années. En supposant une horloge moléculaire, estime la date de la divergence entre l'Homme et le chimpanzé, puis celle de la lignée du gorille. c) Critique ce résultat sachant que Toumaï, considéré comme un homininé, est daté d'environ 7 millions d'années.

Résolution. a) La plus petite distance (1,2) relie l'Homme et le chimpanzé : ils partagent l'ancêtre commun le plus récent. Le gorille est ensuite à 1,6 de chacun d'eux : il se rattache au groupe Homme-chimpanzé. L'orang-outan, à 3,1 de tous, se rattache en dernier. **Arbre : (orang-outan, (gorille, (Homme, chimpanzé)))**. b) La différence est proportionnelle au temps de divergence.

- Homme et chimpanzé : $t \approx (1,2 / 3,1) \times 16 \approx 0,387 \times 16 \approx 6,2$ millions d'années.
- Lignée du gorille : $t \approx (1,6 / 3,1) \times 16 \approx 0,516 \times 16 \approx 8,3$ millions d'années.

c) Si Toumaï, daté d'environ 7 millions d'années, appartient bien à la lignée humaine, la séparation Homme-chimpanzé est **au moins aussi ancienne que 7 millions d'années**, plus que l'estimation de 6,2 millions d'années. Plusieurs explications sont possibles : le taux de mutation n'est pas strictement constant (il dépend notamment de la durée des générations), la date de calibration est elle-même incertaine, ou l'attribution de Toumaï à la lignée humaine est discutée. **L'horloge moléculaire fournit un ordre de grandeur, à confronter aux données fossiles.**

Exemple 3 : reconnaître un homininé bipède

Énoncé. On compare trois fossiles ou squelettes : X a un trou occipital situé en arrière du crâne, un bassin haut et étroit, une arcade dentaire en U et un gros orteil écarté ; Y a un trou occipital avancé, un bassin court et large, un fémur oblique, un volume crânien d'environ 420 cm³ et des doigts courbés ; Z a un trou occipital centré, un bassin court et large, un volume crânien d'environ 1 000 cm³ et une face réduite. a) Classe-les selon leur mode de locomotion. b) Lequel ou lesquels appartiennent à la lignée humaine ? c) Propose, pour Y et Z, un genre possible.

Résolution. a) X présente tous les caractères d'un **quadrupède grimpeur** (trou occipital en arrière, bassin étroit, gros orteil opposable). Y et Z présentent les caractères de la **bipédie** : trou occipital avancé ou centré, bassin court et large, et, pour Y, fémur oblique. b) La bipédie est un caractère dérivé de la lignée humaine. **Y et Z appartiennent à la lignée humaine** ; X n'en présente aucun caractère dérivé. c) Y combine bipédie, petit cerveau (environ 420 cm³, comme un chimpanzé) et doigts courbés témoignant d'une vie encore en partie arboricole : **il peut s'agir d'un australopithèque**. Z combine bipédie, cerveau nettement plus volumineux et face réduite : **il peut appartenir au genre Homo** (son

volume crânien, environ $1\,000\text{ cm}^3$, correspond par exemple à *Homo erectus*).

Méthodes et pièges

- Pour construire un arbre, commence toujours par polariser les caractères avec le groupe externe, puis emboîte les ensembles d'espèces partageant chaque innovation.
- Ne regroupe jamais des espèces sur un état ancestral partagé (par exemple « absence de membres ») : seuls les états dérivés partagés témoignent d'une parenté.
- Sur un arbre, la parenté se lit aux nœuds : cherche l'ancêtre commun le plus récent, pas la position des espèces de gauche à droite.
- N'écris jamais qu'une espèce actuelle descend d'une autre espèce actuelle (« l'Homme descend du chimpanzé ») : elles partagent un ancêtre commun.
- Dans une matrice de distances, regroupe d'abord les deux espèces les moins différentes, puis rattache les autres une à une.
- Pour l'horloge moléculaire, vérifie que tu compares bien des différences mesurées sur la même séquence, et présente le résultat comme une estimation.
- Pour identifier un homininé, cite plusieurs caractères de la bipédie (trou occipital, bassin, fémur, pied) et non un seul.
- La lignée humaine est un buisson : évite tout schéma en « marche du progrès » où chaque espèce remplace la précédente.
- En évolution et santé, la sélection agit sur des variations préexistantes : l'antibiotique ne crée pas la résistance, il la sélectionne.

Vers le PASS

En PASS, la phylogénie n'est plus enseignée pour elle-même, mais ses raisonnements irriguent plusieurs disciplines. En microbiologie, la sélection de bactéries résistantes et la diffusion des gènes de résistance sont au cœur du bon usage des antibiotiques et de l'interprétation des antibiogrammes. En génétique et en biochimie, l'exemple de l'hémoglobine S (avantage des hétérozygotes face au paludisme) et la persistance de la lactase reviennent pour relier variations génétiques, fréquences alléliques et phénotypes. En anatomie, la bipédie explique l'organisation du bassin, de la colonne vertébrale et du pied humains.

Suite en PASS : Antimicrobiens, résistance et interprétation des preuves

Exercices

Niveau 1 : s'entraîner

1. Définis : caractère homologue, convergence évolutive, état dérivé, groupe externe, groupe monophylétique, homininé.
2. Indique si les paires de structures suivantes sont homologues ou analogues, en justifiant : a) aile de chauve-souris et bras humain ; b) aile d'oiseau et aile de papillon ; c) nageoire de dauphin et patte de cheval ; d) forme fuselée du requin et du dauphin.
3. Sur l'arbre (lamproie, (requin, (truite, (grenouille, (lézard, souris)))), indique : a) l'espèce la plus proche du lézard ; b) si la truite est plus proche du requin ou de la souris ; c) si le groupe {truite,

grenouille} est monophylétique.

4. Cite quatre caractères du squelette liés à la bipédie et indique, pour chacun, l'état observé chez un chimpanzé.
5. Deux espèces diffèrent de 4 % sur une séquence dont le taux de différence s'accumule à raison de 1 % par million d'années de divergence entre deux lignées. Estime la date de leur divergence.

Niveau 2 : type bac

6. Matrice de caractères (0 ancestral, 1 dérivé) pour cinq espèces, la première servant de groupe externe. Caractères : c1 vertèbres, c2 mâchoires, c3 membres chirodiens, c4 amnios, c5 plumes. Lamproie : 1, 0, 0, 0, 0. Perche : 1, 1, 0, 0, 0. Salamandre : 1, 1, 1, 0, 0. Crocodile : 1, 1, 1, 1, 0. Moineau : 1, 1, 1, 1, 1. a) Construis l'arbre. b) Place les innovations c2 à c5. c) Explique pourquoi c1 n'apporte aucune information pour cet arbre. d) Le groupe « reptiles » réunit traditionnellement le crocodile et le lézard, mais exclut le moineau. Sachant que le crocodile est plus proche du moineau que du lézard, explique pourquoi ce groupe n'est pas monophylétique.
7. Matrice de différences (en %) sur une séquence protéique : A et B : 2 ; A et C : 6 ; A et D : 10 ; B et C : 6 ; B et D : 10 ; C et D : 10. a) Construis l'arbre. b) La divergence entre D et les autres est datée de 50 millions d'années. Estime les dates des deux autres divergences.
8. On dispose des données suivantes sur des hominins : Australopithecus afarensis, de 3,9 à 2,9 Ma ; Paranthropus boisei, de 2,3 à 1,2 Ma ; Homo habilis, de 2,4 à 1,5 Ma ; Homo erectus, de 1,9 Ma à 0,1 Ma ; Homo neanderthalensis, de 0,4 Ma à 0,04 Ma ; Homo sapiens, depuis 0,3 Ma. a) Indique les espèces contemporaines vers 2 Ma, puis vers 50 000 ans. b) Explique pourquoi on parle de buisson et non d'échelle. c) Explique comment l'ADN ancien a modifié la vision des relations entre Homo sapiens et Homo neanderthalensis.
9. Dans une région d'élevage laitier, on mesure la fréquence de l'allèle de persistance de la lactase : 0,05 dans des restes humains datés de 7 000 ans, 0,7 dans la population actuelle. a) Décrit l'évolution. b) Explique-la par la sélection naturelle en précisant les trois conditions nécessaires. c) Explique pourquoi l'allèle est resté rare dans les populations sans élevage laitier.
10. Un patient reçoit un antibiotique pour une infection. On dénombre ses bactéries : jour 0 : 10^8 bactéries dont 10 résistantes ; jour 3 : 10^3 bactéries sensibles et 10^4 résistantes ; il arrête alors le traitement de lui-même. a) Calcule la proportion de bactéries résistantes au jour 0 et au jour 3. b) Explique l'évolution de cette proportion. c) Explique pourquoi l'arrêt prématuré du traitement est un problème pour le patient et pour la population.

Niveau 3 : vers le PASS

11. QCM (une ou plusieurs réponses exactes). A. Deux espèces qui partagent un état ancestral sont forcément proches parentes. B. Un nœud d'un arbre représente un ancêtre commun hypothétique. C. Le chimpanzé est l'ancêtre de l'espèce humaine. D. Le chromosome 2 humain résulte de la fusion de deux chromosomes ancestraux. E. Plusieurs espèces du genre Homo ont coexisté il y a 50 000 ans.
12. Trois espèces A, B, C et un groupe externe O sont décrits par trois caractères (0 ancestral, 1 dérivé) : c1 : A 1, B 1, C 0 ; c2 : A 1, B 1, C 0 ; c3 : A 0, B 1, C 1 ; O a l'état 0 pour tous. a) Calcule le nombre minimal de changements d'état pour chacun des trois arbres possibles : ((A, B), C), ((B, C), A) et ((A, C), B). b) Indique l'arbre retenu par le principe de parcimonie. c) Comment interpréter alors l'état dérivé de c3 chez B et C ?

13. Dans une région où sévit le paludisme, la fréquence de l'allèle HbS est de 0,1 chez les nouveau-nés, qui sont à l'équilibre de Hardy-Weinberg. À l'âge adulte, on observe 75 % de HbA/HbA, 25 % de HbA/HbS et pratiquement aucun HbS/HbS. a) Calcule les fréquences génotypiques à la naissance. b) Calcule la fréquence de HbS chez les adultes. c) Compare la survie relative des génotypes en calculant, pour chacun, le rapport fréquence adulte / fréquence à la naissance, et conclus.
14. On compare l'ADN mitochondrial de populations humaines actuelles : la diversité génétique est la plus forte en Afrique, et les populations hors d'Afrique ne portent qu'un sous-ensemble des lignées africaines. a) Montre que ces données sont compatibles avec une origine africaine d'Homo sapiens. b) Nomme le mécanisme de l'évolution qui explique la diversité plus faible hors d'Afrique. c) Explique pourquoi l'ADN mitochondrial ne renseigne que sur la lignée maternelle.

Corrigés

- Un **caractère homologue** est un caractère hérité d'un ancêtre commun, reconnu à sa position, ses connexions et son développement identiques, quelle que soit sa fonction. Une **convergence évolutive** est l'apparition indépendante de caractères semblables dans des lignées différentes, sous l'effet de pressions de sélection semblables. Un **état dérivé** est l'état nouveau d'un caractère, apparu chez un ancêtre et transmis à ses descendants. Un **groupe externe** est une espèce plus éloignée de toutes celles étudiées, qui sert à identifier les états ancestraux. Un **groupe monophylétique** réunit un ancêtre commun et tous ses descendants. Un **homininé** est une espèce, actuelle ou fossile, plus proche de l'espèce humaine que des chimpanzés.
- a) **Homologues** : même organisation (humérus, radius, ulna, os du poignet et des doigts), même position et mêmes connexions, malgré des fonctions différentes. b) **Analogues** : même fonction (vol) mais organisation totalement différente (squelette osseux de membre antérieur chez l'oiseau, expansion de la paroi du corps sans os chez le papillon) : convergence. c) **Homologues** : ce sont deux membres antérieurs de tétrapodes, de même plan d'organisation. d) **Analogues** : la forme fuselée, adaptée à la nage rapide, est apparue indépendamment chez un poisson cartilagineux et chez un mammifère : convergence.
- a) **La souris** : le lézard et la souris partagent l'ancêtre commun le plus récent (les amniotes). b) La truite partage avec la souris un ancêtre commun (nœud truite-souris) plus récent que celui qu'elle partage avec le requin (nœud requin-souris) : **la truite est plus proche de la souris que du requin**. c) L'ancêtre commun de la truite et de la grenouille est aussi l'ancêtre du lézard et de la souris : {truite, grenouille} n'est pas monophylétique.
- Trou occipital** avancé sous le crâne (en arrière chez le chimpanzé) ; **colonne vertébrale** à plusieurs courbures (peu courbée chez le chimpanzé) ; **bassin** court et large (haut et étroit chez le chimpanzé) ; **fémur oblique**, genoux rapprochés (fémur presque vertical, genoux écartés chez le chimpanzé) ; **gros orteil** aligné (opposable chez le chimpanzé).
- Le taux est de 1 % par million d'années de divergence entre deux lignées : $t = 4 / 1 = 4$ **millions d'années environ**.
- a) et b) Le groupe externe (lamproie) porte les états ancestraux. Les innovations s'emboîtent : mâchoires (perche, salamandre, crocodile, moineau) $\supset$ membres chirodiens (salamandre, crocodile, moineau) $\supset$ amniotes (crocodile, moineau) $\supset$ plumes (moineau). **Arbre** : (lamproie, (perche, (salamandre, (crocodile, moineau))))), avec c2 (mâchoires) sur la branche menant au nœud perche-moineau, c3 (membres chirodiens) sur la branche menant au nœud salamandre-moineau, c4 (amniotes) sur celle menant au nœud crocodile-moineau, c5 (plumes) sur la branche du moineau.

- c) Les vertèbres sont présentes chez **toutes** les espèces étudiées, y compris le groupe externe : ce caractère ne distingue aucun sous-groupe, **il n'apporte aucune information** sur les parentés internes.
- d) Si le crocodile est plus proche du moineau que du lézard, l'ancêtre commun du crocodile et du lézard est aussi l'ancêtre du moineau. Un groupe qui réunit crocodile et lézard mais exclut le moineau ne contient **pas tous les descendants** de cet ancêtre : **il n'est pas monophylétique**.
7. a) Plus petite distance : A et B (2) → groupe (A, B). C est à 6 de A et de B : il se rattache ensuite. D est à 10 de tous : il se rattache en dernier. **Arbre** : (D, (C, (A, B))).
- b) Calibration : 10 % correspondent à 50 millions d'années. Divergence C / (A, B) : $t \approx (6 / 10) \times 50 = 30$ millions d'années. Divergence A / B : $t \approx (2 / 10) \times 50 = 10$ millions d'années.
8. a) Vers 2 Ma : **Paranthropus boisei, Homo habilis et Homo erectus** coexistent (Australopithecus afarensis a disparu vers 2,9 Ma). Vers 50 000 ans : **Homo neanderthalensis et Homo sapiens** (ainsi que, d'après d'autres données, les Dénisoviens et Homo floresiensis ; Homo erectus a disparu vers 100 000 ans).
- b) Plusieurs espèces ont vécu en même temps et la plupart se sont éteintes sans descendance actuelle : les relations forment des **ramifications multiples**, et non une succession linéaire où chaque espèce remplacerait la précédente. **On parle donc de buisson**. c) L'ADN extrait de fossiles néandertaliens, comparé à celui des populations actuelles, montre que les populations non africaines portent **environ 1,5 à 2 % d'ADN d'origine néandertalienne**. Homo sapiens et Homo neanderthalensis se sont donc **métissés** et ont eu une descendance fertile : leur séparation reproductive n'était pas complète.
9. a) La fréquence de l'allèle est passée de **0,05 à 0,7** en environ 7 000 ans : il est devenu majoritaire.
- b) **Variabilité** : l'allèle de persistance existait, rare, dans la population. **Hérédité** : il se transmet aux descendants. **Avantage reproductif** : dans une population consommant du lait, les adultes capables de le digérer disposaient d'une ressource alimentaire supplémentaire, survivaient mieux et laissaient plus de descendants. **La sélection naturelle a donc fait augmenter la fréquence de l'allèle**. c) Sans consommation de lait à l'âge adulte, l'allèle **n'apporte aucun avantage** : il n'est pas sélectionné et sa fréquence ne dépend que de la dérive et des mutations. **Il reste donc rare**.
10. a) Jour 0 : $10 / 10^8 = 10^{-7}$, soit une bactérie sur dix millions. Jour 3 : $10^4 / (10^3 + 10^4) = 10^4 / 11\,000 \approx 0,91$, soit **environ 91 %**.
- b) L'antibiotique a éliminé l'immense majorité des bactéries sensibles, tandis que les résistantes, qui préexistaient, ont survécu et se sont multipliées. **L'antibiotique a sélectionné les bactéries résistantes** ; il ne les a pas créées. c) Pour le patient : l'infection persiste, désormais dominée par des bactéries **résistantes**, que le même antibiotique ne peut plus éliminer. Pour la population : ces bactéries résistantes peuvent être **transmises** à d'autres personnes, et leurs gènes de résistance transférés à d'autres bactéries, ce qui **propage la résistance**.
11. **Réponses exactes : B, D, E**. A est faux : un état ancestral partagé ne prouve aucune parenté particulière. C est faux : l'espèce humaine et le chimpanzé partagent un ancêtre commun ; aucune espèce actuelle n'est l'ancêtre d'une autre.
12. a) Arbre ((A, B), C) : c1 apparaît une fois (sur la branche du groupe A-B), c2 aussi ; c3 est dérivé chez B et C, qui ne forment pas un groupe : il faut **2 changements** (apparition chez B et chez C, ou apparition au nœud ABC puis réversion chez A). Total : $1 + 1 + 2 = 4$ **changements**.

Arbre ((B, C), A) : c1 et c2, dérivés chez A et B qui ne forment pas un groupe, demandent 2 changements chacun ; c3 apparaît une fois sur la branche B-C. Total : $2 + 2 + 1 = 5$ **changements**. Arbre ((A, C), B) : c1 et c2 demandent 2 changements chacun (A et B séparés), c3 aussi (B et C séparés). Total : $2 + 2 + 2 = 6$ **changements**. b) Selon le principe de parcimonie, on retient l'arbre le plus économique : ((A, B), C), avec **4 changements**. c) Dans cet arbre, l'état dérivé de c3 partagé par B et C ne peut pas venir de leur dernier ancêtre commun sans réversion chez A : il s'explique le plus probablement par une **convergence** (apparition indépendante chez B et chez C), ou par une réversion chez A.

13. a) $q = 0,1$ et $p = 0,9$: $HbA/HbA : p^2 = 0,81$; $HbA/HbS : 2pq = 0,18$; $HbS/HbS : q^2 = 0,01$.

b) Chez les adultes : $f(HbS) = f(HbS/HbS) + f(HbA/HbS)/2 = 0 + 0,25/2 = 0,125$. c) Rapports : $HbA/HbA : 0,75 / 0,81 \approx 0,93$; $HbA/HbS : 0,25 / 0,18 \approx 1,39$; $HbS/HbS : 0 / 0,01 = 0$. Ces rapports comparent les proportions relatives : la proportion d'hétérozygotes augmente de la naissance à l'âge adulte, celle des HbA/HbA diminue légèrement, et les HbS/HbS disparaissent. **Les hétérozygotes survivent le mieux** (résistance aux formes graves du paludisme), les homozygotes HbS/HbS sont éliminés par la drépanocytose et les HbA/HbA en partie par le paludisme. Cet avantage des hétérozygotes maintient l'allèle HbS , dont la fréquence passe même de 0,1 à 0,125 au cours de la vie d'une génération.

14. a) Une population plus ancienne a eu plus de temps pour accumuler des mutations : sa **diversité est plus grande**. De plus, si les populations non africaines ne portent qu'un sous-ensemble des lignées africaines, c'est qu'elles **dérivent d'une partie des populations africaines**. **Ces données sont compatibles avec une origine africaine d'Homo sapiens, suivie d'une dispersion hors d'Afrique**.

b) Les populations sorties d'Afrique ont été fondées par un nombre limité d'individus, qui n'emportaient qu'une partie de la diversité génétique : c'est un **effet fondateur** (une forme de **dérive génétique**), éventuellement suivi de goulots d'étranglement lors des migrations successives. c) Les mitochondries d'un individu proviennent du cytoplasme de l'ovocyte : le spermatozoïde n'en transmet pas à l'embryon. **L'ADN mitochondrial se transmet donc uniquement par la mère**, et ne retrace que l'histoire des lignées maternelles.