

Thème 3: Génétique et Évolution

La biodiversité actuelle peut se décrire par la diversité des écosystèmes, des êtres vivants présents sur notre planète et des allèles qu'ils portent. Elle n'est qu'une infime partie de la biodiversité qui a existé.

Comment expliquer la biodiversité actuelle ?

Chapitre I: Les mécanismes à l'origine de la diversité des êtres vivants

I: Les mécanismes de diversification des êtres vivants avec modification des génomes

A: Reproduction sexuée et diversité génétique des êtres vivants

La reproduction sexuée introduit une diversité des individus dans la descendance tout en conservant les caractéristiques de l'espèce. Ainsi tous les individus d'une même espèce possèdent le même caryotype et le même génome. Ils présentent cependant des génotypes différents.

1: Reproduction sexuée et stabilité du caryotype

La méiose est un ensemble de 2 divisions successives et indissociables qui produit 4 cellules haploïdes (n chromosomes à 1 chromatide) à partir d'une cellule diploïde ($2n$ chromosomes à 2 chromatides). Elle permet le passage de la phase diploïde à la phase haploïde. (Caractéristiques des phases à connaître, et à savoir schématiser)

La fécondation est la fusion entre 2 cellules haploïdes, elle conduit à la formation d'un zygote. Les cellules haploïdes qui fusionnent peuvent être des cellules spécialisées (exemple des gamètes dans l'espèce humaine), ou des cellules non spécialisées (exemple des cellules du mycélium de *Sordaria*). Lors de la fécondation, il y a d'abord fusion des cytoplasmes des 2 cellules haploïdes: c'est la cytogamie qui conduit à la formation d'une cellule diploïde contenant 2 noyaux haploïdes; puis fusion des noyaux ou caryogamie qui conduit à la formation d'un noyau diploïde

L'alternance méiose / fécondation permet la stabilité du caryotype au cours des générations successives

2: Le brassage génétique au cours de la méiose

La méiose est à l'origine de deux types de brassages:

Un brassage inter-chromosomique en métaphase 1: La position des bivalents de part et d'autre du plan équatorial de la cellule en métaphase 1 de méiose est aléatoire. La répartition des chromosomes en anaphase 1 l'est donc aussi. Il en résulte un brassage qui affecte les gènes indépendants; ainsi, pour 23 paires de chromosomes on obtient 2^{23} génotypes différents possibles au niveau des gamètes produits par chaque individu.

Un brassage intra-chromosomique en prophase 1: En prophase 1 de méiose, des crossing over peuvent avoir lieu au niveau des chiasmas formés par les bivalents: il y a échange de fragments de chromatides homologues mais non sœurs. Il en résulte un brassage des gènes liés situés de part et d'autre du chiasma.

Ces brassages sont à l'origine d'une très grande variabilité des génotypes des gamètes produits par chaque individu. Pour 23 paires de chromosomes homologues chez l'Homme, le brassage inter chromosomique induit 2^{23} soit 8 millions de gamètes de génotypes différents; le brassage intra chromosomique a une influence difficilement chiffrable. Le brassage inter chromosomique qui a lieu en métaphase I s'exerce sur des chromosomes qui peuvent avoir subi au préalable un crossing over (brassage intra chromosomique). Les brassages intra et inter chromosomiques sont donc indissociables; la combinaison de ces deux brassages augmente considérablement la diversité des gamètes produits.

3: Le brassage génétique au cours de la fécondation

La fécondation réunit au hasard 2 gamètes; elle amplifie les brassages génétiques de la méiose: la diversité des génotypes possibles chez les zygotes est égale au produit (multiplication) de la diversité des génotypes des gamètes de chacun des 2 parents.

Les brassages de la méiose et de la fécondation permettent la création de nouveaux génotypes

4: Duplications et anomalies du caryotype

4.1: La création de nouveaux gènes par duplication

Il existe des similitudes entre différents gènes au sein d'une même espèce; ces similitudes s'observent également au niveau péptidique. On considère qu'une similitude entre 2 séquences peptidiques supérieure à 20 % ne peut être due au hasard mais indique une parenté ou origine commune. Chez une espèce donnée, l'ensemble des gènes ayant des séquences nucléotidiques similaires et codant pour des protéines similaires (dans leurs séquences peptidiques, dans leurs structures 3D et parfois dans leurs fonctions) constitue une famille multigénique; les gènes appartenant à cette famille sont qualifiés de gènes homologues. Pour former une famille multigénique à partir d'un premier gène ancestral, il est nécessaire de dupliquer le gène ancestral une ou plusieurs fois.

Attention ne pas faire de confusions avec les notions d'allèles et chromosomes homologues:

- 2 allèles d'un même gène occupent le même locus sur les deux chromosomes homologues d'une même paire
- 2 gènes homologues occupent des loci différents

Des crossing over inégaux sont à l'origine des duplications géniques; cela conduit à la formation de 2 gènes identiques à partir d'un gène ancestral. L'un des deux duplicatas du gène se trouve automatiquement déplacé à un autre locus, sur le même chromosome ou sur un autre chromosome. Chaque duplicata subit alors des mutations aléatoires indépendamment des autres duplicatas du gène ce qui explique les différences observées entre les différents gènes. La divergence entre 2 gènes peut débuter dès la duplication du gène ancestral commun aux 2 gènes considérés.

Dans la mesure où on considère le taux de mutation constant et identique chez les gènes considérés (hypothèse de l'horloge moléculaire), la divergence dépend uniquement du temps écoulé depuis la duplication: plus le pourcentage de différences (mutations) est faible entre 2 gènes ou protéines, plus la divergence a été courte, et plus la duplication du gène ancestral est récente. Il est donc possible de reconstituer l'histoire évolutive d'une famille multigénique..

4.2 Les anomalies de la méiose

Une disjonction tardive des bivalents en anaphase 1 ou des chromatides sœurs en anaphase 2 peut conduire à la formation de gamètes anormaux (disomique ou aneusomique); si ces gamètes participent à la fécondation, le zygote présentera une trisomie (ex: syndrome de Dawn ou trisomie 21) ou une monosomie (ex: syndrome de Turner ou monosomie X)

B: Les mécanismes non liés à la reproduction sexuée créant de la diversité génétique

1: La création de nouveaux allèles par mutations

Il existe un polymorphisme génique: chaque gène existe sous différentes formes alléliques. Un allèle est l'une des versions sous laquelle un gène peut exister.

A l'échelle de l'individu, on peut observer pour un gène donné:

- 2 allèles identiques: l'individu est homozygote pour le gène considéré: exemple de génotype: (Ia//Ia)
- 2 allèles différents: l'individu est hétérozygote pour le gène considéré: exemple de génotype: (Ia//Ib)

A l'échelle de la population, on peut observer pour un gène donné:

- plusieurs allèles: le gène est alors qualifié de polyallélique
- plusieurs allèles dont au moins deux ont une fréquence supérieure ou égale à 1% : le gène est alors qualifié de polymorphe

Les différents allèles d'un gène présentent des variations plus ou moins importantes dans leurs séquences nucléotidiques; ces différences sont dues à des mutations. Une mutation est une modification aléatoire de la séquence nucléotidique d'un gène; le taux de mutations est d'environ 1 mutation pour 1 milliard de nucléotides soit 3,5 mutations lors de chaque réplication de l'ADN; certains facteurs de l'environnement augmentent le taux de mutations, on parle d'agents mutagènes. On distingue différents types de mutations aux conséquences variables: les mutations ponctuelles ou étendues; par addition, délétion, substitution; somatiques ou germinales.

Les mutations (germinales) peuvent être à l'origine de nouveaux allèles d'un gène, qui peuvent éventuellement se répandre dans la population.

Tous les individus d'une même espèce possèdent le même caryotype, et le même génome, mais du fait de l'existence de différents allèles des gènes, chaque individu possède un génotype qui lui est propre (à l'exception des vrais jumeaux). Cette variabilité des génotypes explique en partie la variabilité des phénotypes au sein de l'espèce.

2: Les mutations touchant les gènes homéotiques ou gènes du développement

Les gènes homéotiques déterminent la mise en place des organes le long de l'axe antéro-postérieur et définissent ainsi le plan d'organisation. Ils présentent une homologie de séquence et constituent donc une famille multigénique, très conservée au cours de l'évolution (gènes ancestraux communs). Leur expression combinée, en agissant sur des gènes-cibles à un instant du développement, détermine la mise en place des structures anatomiques. La modification en intensité et/ou de la durée et/ou de la chronologie de l'expression de ces gènes entraîne une modification dans la mise en place des structures anatomiques. (Hétérochronies du développement)

3: Hybridation et polyploïdisation

L'hybridation de deux individus d'espèces différentes conduit à un hybride ayant hérité d'un lot de chromosomes non homologues de chaque parent. L'absence d'homologues rendant impossible l'appariement en prophase I, la méiose ne peut aboutir: ces hybrides sont donc stériles. Dans certains cas, il s'effectue un doublement de l'ensemble des chromosomes de l'hybride reformant des paires d'homologues. La fertilité est rétablie et les descendants sont tous polyploïdes. La polyploïdisation est la multiplication naturelle ou artificielle du nombre de chromosomes aboutissant à l'état polyploïde (3n, 4n, etc...).

4: Transferts horizontaux

Un transfert horizontal correspond à la transmission de gènes entre espèces différentes, d'un virus à une plante ou un animal par exemple, ou entre 2 bactéries. L'information génétique exogène, acquise s'intègre au génome des cellules-hôtes qui est ainsi modifié et l'exprime, ce qui modifie son phénotype. Si le transfert affecte les cellules germinales, le génome modifié peut être transmis aux générations suivantes.

II: Les mécanismes de diversification des êtres vivants sans modification des génomes

1: Les symbioses

La symbiose est une association durable à bénéfices réciproques entre deux êtres vivants d'espèces différentes. La symbiose existe entre de nombreux êtres vivants très différents : animaux, végétaux, champignons, bactéries. La diversité des formes symbiotiques est obtenue sans modification génétique des espèces associées.

2: Apprentissage de nouveaux comportements

Chez les vertébrés principalement, certains comportements sont transmis au sein d'un groupe : il s'agit de comportements culturels. Ces comportements sont le résultat d'un apprentissage, ils ne sont pas déterminés génétiquement.

La biodiversité est donc la conséquence de processus génétiques et non génétiques et de leur évolution au cours du temps.

Chapitre II: Les processus évolutifs triant et structurant la biodiversité

I: La variabilité des populations

Une population est un ensemble d'individus appartenant à une même espèce, peuplant un même espace géographique, et ayant tendance à se reproduire entre eux. Les populations comprennent des individus qui diffèrent par leur patrimoine génétique et par leurs caractères. Cette diversité observée ne représente qu'une infime partie de la diversité créée par les mécanismes évoqués précédemment.

1: La dérive génétique est l'évolution d'une population causée par des phénomènes aléatoires et imprévisibles comme la rencontre aléatoire des gamètes lors de la fécondation. La dérive génétique concerne surtout les allèles neutres c'est-à-dire qui ne confèrent ni avantage ni désavantage sélectif.

Les effets de la dérive génétique sont d'autant plus importants que la population est petite. En effet, le petit nombre de géniteurs et/ou de descendants fait que statistiquement certains allèles ne seront pas transmis, tandis que dans une population de grande dimension (au moins plusieurs milliers d'individus), où les rencontres entre reproducteurs se font au hasard, les fréquences des allèles sont généralement stables.

La dérive génétique conduit donc, de façon aléatoire, à l'augmentation ou à la diminution de la fréquence des différents allèles et ainsi à une diminution de la diversité génétique d'une population.

La formation et le devenir d'une petite population fait intervenir deux phénomènes: lorsqu'une petite population est issue d'une population plus grande, elle ne possède pas tous les allèles de la grande population. C'est ce qu'on appelle **l'effet fondateur**. Les fréquences alléliques sont donc modifiées. Ensuite, au sein de la petite population, la dérive génétique modifie rapidement la fréquence des allèles, ce qui produit des éliminations d'allèles.

2: La sélection naturelle est une modification de la fréquence des phénotypes par les conditions du milieu dans lequel vit une population. En fonction d'un contexte écologique précis (pression du milieu, compétition entre êtres vivants...) certains phénotypes peuvent conférer un avantage ou un désavantage: le milieu exerce une sélection des phénotypes.

Dans un contexte donné, les individus possédant un phénotype conférant un avantage sélectif ont plus de chances de survie et se reproduisent davantage que ceux présentant un phénotype conférant un désavantage sélectif.

La conséquence est la variation des fréquences alléliques au sein des populations: un phénotype conférant un avantage, permet une meilleure reproduction et donc une meilleure transmission des allèles favorables dont la fréquence augmente, augmentant ainsi la fréquence du phénotype conférant l'avantage. Et inversement pour les allèles défavorables qui, moins transmis, tendent à être éliminés de la population.

II: La spéciation

La sélection naturelle, et le hasard (dérive génétique, effet fondateur) modifient la diversité des populations au cours des générations. Ces modifications aboutissent parfois à la naissance d'une nouvelle espèce ou au contraire à l'extinction de l'une d'elle.

Deux populations isolées par une barrière comportementale ou géographique évoluent indépendamment l'une de l'autre: elles accumulent des différences génétiques. Au bout d'un certain temps, les différences entre les individus des deux populations sont telles qu'ils ne peuvent plus se reproduire entre eux: il y a isolement reproducteur et donc isolement génétique (absence d'échange d'allèles entre les populations). Chaque population forme une nouvelle espèce: il y a eu spéciation.

Une espèce peut disparaître, si l'isolement génétique est rompu ou si tous les individus qui la composent disparaissent. L'existence d'une espèce est donc limitée dans le temps.

La notion d'espèce est difficile à définir, on retiendra sa définition typologique:

Karl von Linné (1707-1778): Une espèce est définie par un « ensemble de caractéristiques morphologiques communes avec un organisme de référence ou holotype. »

Et sa définition biologique:

Ernst Mayr (1904-2005): « *Les espèces sont des groupes de populations naturelles réellement ou potentiellement inter-féconds* » (1942)

Chacune de ces définitions présente de nombreuses limites; nous retiendrons une définition placée dans un contexte dynamique évolutif tentant d'inclure les aspects typologiques (ressemblances), biologiques (interfécondité), génétiques (flux génétiques), écologiques (partage d'une niche écologique) et phylogénique (inscription dans une filiation).

Une espèce est un ensemble d'individus qui, sur un laps de temps donné, présentent des caractéristiques communes (phénotypiques et caryotypiques), sont réellement ou potentiellement interféconds, et ont une descendance fertile.

Les espèces naissent à partir d'espèces précédentes, elles se modifient et se renouvellent au cours des temps, elles ont des durées de vies limitées et peuvent disparaître; une espèce ne peut se définir que sur un intervalle de temps donné.

Chapitre III: Un regard sur l'évolution de l'homme

Les mécanismes de l'évolution s'appliquent au monde vivant dans son ensemble. L'animal Homo sapiens sapiens, son origine et son évolution doivent entrer dans ce cadre. L'histoire de la lignée humaine repose sur des faits observés : données paléontologiques, anatomo-morphologiques, caryotypiques et moléculaires

I: La phylogénie: étude des relations de parenté

La phylogénie est l'étude des relations de parenté entre les êtres vivants actuels ou fossiles. Il s'agit de déterminer des liens de parenté ("qui est plus proche parent de qui ?") et non pas des liens de descendance ("qui descend de qui ?"). Un arbre phylogénétique est une forme de représentation qui traduit les relations de parenté entre un ensemble d'êtres vivants, actuels et/ou fossiles.

Deux espèces sont plus apparentées entre elles qu'elles ne le sont avec une troisième espèce si elles partagent entre elles un ancêtre commun qui leur est exclusif (c'est à dire plus récent que l'ancêtre commun partagé avec la 3^e espèce). L'existence de cet ancêtre commun exclusif est révélée par le partage exclusif de similitudes (caractères homologues; séquences moléculaires homologues) héritées de leur ancêtre commun exclusif.

1: Établir des parentés basées sur le partage de caractères homologues

Un **caractère** est un attribut observable d'un organisme; c'est la désignation de ce que l'on observe (exemple: couleur des yeux). On peut distinguer différents états d'un caractère (exemple pour le caractère «couleur des yeux» : états bleu, vert, noir...)

Pour établir des parentés, les ressemblances (analogies) ne sont pas suffisantes, il faut se baser sur des caractères homologues:

Notion d'homologie: Deux caractères observés chez 2 espèces différentes sont supposés homologues si ils entretiennent les mêmes relations avec les structures voisines; si ils présentent le même plan d'organisation; et/ou si ils ont la même origine embryologique et ce quelques soient leurs formes ou leurs fonctions.

Il s'agit d'une hypothèse d'homologie que l'on ne peut valider qu'après avoir construit et choisi l'arbre; les caractères sont effectivement homologues si l'établissement de la phylogénie montre qu'ils sont hérités d'un ancêtre commun aux espèces.

Notion d'analogie: Deux caractères qui présentent la même forme et/ou la même fonction ne sont pas forcément homologues. On parle d'analogie lorsque des caractères présentent des formes et/ou des fonctions similaires sans être hérités d'un ancêtre commun. (exemple: les ailes des oiseaux et des chauve souris en tant que surfaces volante)

Seul le partage d'états dérivés des caractères témoigne d'une étroite parenté

État primitif ou ancestral: État d'un caractère ne résultant pas d'une innovation évolutive dans le cadre d'étude.

État dérivé: État d'un caractère résultant d'une innovation évolutive dans le cadre d'étude.

Une innovation évolutive (ou changement d'état) est le passage de l'état ancestral à l'état dérivé.

Les notions d'états ancestraux et dérivés sont des notions relatives au cadre d'étude dans lequel on se situe.

Les arbres phylogénétiques basés sur le partage d'états dérivés de caractères homologues sont des cladogrammes:

Ils comportent 3 composantes:

- Les feuilles (extrémités des branches) qui sont des espèces actuelles (placées au sommet de l'arbre) ou des espèces fossiles
- Des nœuds qui sont des ancêtres communs hypothétiques
- Des branches (ou entre nœuds) qui sont des liens évolutifs au cours des quels sont apparues des innovations évolutives (chaque branche doit être justifiée par au moins une innovation évolutive)

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.

Plus des espèces partagent de caractères à l'état dérivé, plus leur ancêtre commun est récent, plus leur lien de parenté est étroit

En pratique, on choisit l'arbre le plus parcimonieux, c'est à dire celui qui implique le moins de changements d'états (innovations évolutives et réversions)

2: Établir des parentés basées sur le degré de similitude entre séquences moléculaires homologues

Des protéines qui assurent la même fonction chez des espèces différentes et qui présentent de grandes similitudes dans leurs séquences peptidiques sont dites homologues (les gènes qui codent ces protéines chez les différentes espèces considérées sont également qualifiés d'homologues).

Les similitudes observées ne peuvent être dues au hasard, elles témoignent d'une parenté entre les espèces étudiées. En comparant les séquences on peut également mettre en évidence des différences qui sont dues à des mutations.

Si on admet que la vitesse d'évolution des molécules (taux de mutation par unité de temps ou horloge moléculaire) est identique pour toutes les lignées, alors le nombre de différences observées entre 2 séquences est donc proportionnel au temps écoulé (divergence) depuis que ces 2 espèces se sont séparées (spéciation).

Le degré de similitude renseigne donc sur le degré de parenté: plus le degré de similitude est élevé, plus la divergence a été courte, plus l'ancêtre commun exclusif est récent, et plus les espèces sont apparentées.

Les arbres phylogénétiques obtenus par cette méthode sont des phénogrammes, la longueur des branches traduit la divergence depuis les spéciations à partir des ancêtres communs (nœuds)

II: La place de l'homme au sein des primates

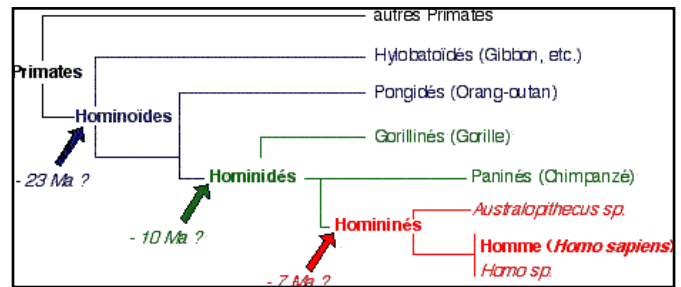
1: La place de l'homme au sein du vivant

L'application des principes de la phylogénie au cas de l'homme, permet de situer l'homme au sein du monde vivant; on montre ainsi que l'homme est:

- un eucaryote (les premières formes datent de - 1200 Ma), ses cellules contiennent un noyau et d'autres organites
- un vertébré (-500 Ma) avec un squelette qui rigidifie le corps,
- un tétrapode (-390 Ma), il possède un cou et 4 membres tous munis de doigts,
- un amniote (-340 Ma) car il se développe à partir d'une annexe embryonnaire temporaire, l'amnios, qui le nourrit et le protège.
- un mammifère, dont les premiers sont apparus il y a 200 Ma. Ils ont tous en commun des glandes mammaires et des poils
- un primate (-65 Ma) avec son pouce opposable aux autres doigts permettant la préhension

Au sein des primates, il appartient à la super-famille des *Hominoides* (regroupant les Primates dépourvus de queue), à la famille des *Hominidés* (regroupant l'Homme, ses ancêtres et leurs collatéraux; ainsi que les Chimpanzés et les Gorilles), et à la sous famille des *Homininés* (regroupant les genres *Homo* et *Australopithecus*).

On montre ainsi que l'homme et les chimpanzés sont plus apparentés entre eux qu'ils ne le sont avec les autres espèces.



2: Les caractères de l'ancêtre commun homme chimpanzé

Il est possible de réaliser un portrait robot de l'ancêtre commun hypothétique de l'homme et du chimpanzé. Cet ancêtre commun n'est pas connu ; ce n'est ni chimpanzé ni un homme (ni aucun autre primate actuel) car les singes actuels comme l'homme sont le résultat d'une évolution depuis cet ancêtre commun.

Tout ce que l'on sait de lui, c'est qu'il possédait tous les caractères ancestraux des différents groupes auxquels appartiennent l'homme et le chimpanzé : caractères des eucaryotes, des vertébrés, des tétrapodes, des amniotes, des mammifères, des hominoïdes, des hominidés. Il possédait aussi les états dérivés des caractères partagés par l'homme et le chimpanzé.

Cet ancêtre commun devait avoir une taille moyenne (1,30 m), peser 30 à 40 kg, avoir des canines modérément saillantes, un cerveau relativement développé (300 à 400 cm³). Il devait mener une vie arboricole, avoir une vie sociale développée, être capable de confectionner des outils rudimentaires et devait posséder la faculté d'apprendre (capacité d'imiter).

III: Les caractères dérivés humains

1: L'acquisition du phénotype

Le phénotype s'acquiert au cours du développement pré et postnatal et dépend principalement de la durée et de l'intensité dans la chronologie d'action des gènes du développement. Des modifications affectant des gènes du développement, même mineures (mutations ponctuelles) peuvent modifier la chronologie du développement (hétérochronie) et / ou modifier l'expression des gènes de structure induisant ainsi des modifications majeures du phénotype, ce qui permet d'expliquer les différences phénotypiques entre l'homme et le chimpanzé malgré la grande similarité génétique entre ces espèces.

2: Les critères d'appartenance à la lignée humaine et au genre Homo

Depuis la divergence homme-chimpanzé, des innovations évolutives différentes sont apparues indépendamment dans la lignée humaine et dans la lignée du chimpanzé. Les innovations évolutives qui sont spécifiques à la lignée humaine constituent des critères d'appartenance à la lignée humaine. On peut ainsi considérer que tout fossile possédant au moins une de ces innovations évolutives spécifiques à la lignée humaine appartient à la lignée humaine.

On retiendra entre autres les innovations suivantes:

		État du caractère chez le chimpanzé (état ancestral ou dérivé spécifique à la lignée du chimpanzé)	État du caractère chez l'homme (État dérivé spécifique à la lignée humaine) = critère d'appartenance à la lignée humaine
Caractères liés à la bipédie	Position trou occipital	Reculée	Centrale
	Forme du bassin	Long et étroit	Court et large
	Forme des fémurs	Droits	Obliques
Caractères crâniens	Volume crânien	Volume crânien faible: 400 cm ³	Volume crânien élevé: 1500 cm ³
	Angle facial	Faible: prognathie (avancée de la face)	Élevé: orthognathie (face droite)
	Forme arcade dentaire	En U	En V (parabolique)
Caractères liés à la culture	Utilisation d'outils	Occasionnellement utilisation d'outils très rudimentaires	Utilisation d'outils très sophistiqués
	Activité artistique	Pas d'activité artistique	Activités artistiques
	Rites funéraires	Pas de rites funéraires	Rites funéraires et sépultures
	Langage	Pas de langage	Langage

On montre selon le même raisonnement que le genre Homo est caractérisé par: le langage, la bipédie permanente, l'utilisation du feu, une face plate, un volume crânien supérieur à 700 cm³....

IV: Diversité passée et relations de parenté au sein du genre Homo

L'hominisation est l'acquisition des caractères dérivés humains anatomiques et culturels. L'ancêtre commun Homme-Chimpanzé a été daté vers environ -6 Ma. A partir de cet ancêtre commun se sont individualisées la lignée humaine (Homininés) et celle du chimpanzé. Excepté Homo sapiens, toutes les espèces de la lignée humaine sont des espèces d'Homininés fossiles qui peuvent être classées en différents groupes dont les plus caractéristiques sont Australopithèque et Homo. L'évolution de la lignée humaine montre une grande diversification d'espèces plus ou moins apparentées (évolution buissonnante).

Les Homininés apparaissent en Afrique : Australopithèque vers -4Ma, Homo vers -2,5Ma. Les Australopithèques sont bipèdes (bassin, fémurs...) mais leurs caractères crâniens sont dans l'ensemble primitifs (volume crânien comparable à celui des singes). Il existe donc un ancêtre commun Homme-Australopithèque daté vers -4Ma à partir duquel se sont séparées la branche Australopithèque et la branche Homo. L'évolution du genre Homo se caractérise:

- du point de vue anatomique, par l'affirmation de la bipédie permanente (identique à l'actuelle avec Homo erectus) et le développement progressif des caractères crâniens humains;
- du point de vue culturel, par la complexification des outils et des pratiques sociales (maîtrise du feu, langage, rites funéraires, art...)
- du point de vue des espèces, par une importante diversification
- du point de vue géographique, par des migrations depuis Homo erectus

Depuis l'extinction vers -30000 ans des Néandertaliens, Homo sapiens est le seul représentant actuel du genre Homo et des Homininés. Toutes les populations humaines actuelles seraient issues d'un ancêtre commun Homo sapiens, apparu en Afrique vers -200000 ans, qui aurait colonisé l'ensemble de la planète. L'existence de l'Homme est donc le résultat d'une évolution au même titre que celle de toutes les autres espèces actuelles.

Chapitre IV: Relation entre organisation et mode de vie fixée chez les plantes à fleur, résultat de l'évolution.

La vie fixée est source de contraintes liées notamment à l'impossibilité de se déplacer pour se procurer de la nourriture, se mettre à l'abri, se reproduire, ou coloniser de nouveaux territoires.

Au cours de l'évolution, des processus de nutrition, des systèmes de protection et de communication, ainsi que des modalités particulières de reproduction se sont mis en place chez les végétaux terrestres.

I: Les plantes terrestres, organismes fixés en interface avec leurs milieux

1: Les relations avec l'atmosphère

Les plantes terrestres existent en relation avec l'atmosphère. Elles présentent également une vaste surface d'échange avec l'air, constituée essentiellement par leurs feuilles. Grâce à cette surface foliaire, les plantes captent la lumière et les gaz utiles à leur métabolisme. Cette organisation optimise la photosynthèse, à l'origine de la matière organique des végétaux.

2: Les relations avec le sol

Les plantes sont des organismes se développant sur un sol. Elles vont établir une grande surface d'échange, dédiée à l'absorption d'eau et d'ions minéraux. Il s'agit de leur réseau racinaire, incluant aux extrémités des cellules spécialisées dans cette absorption hydro-minérale, les poils absorbants.

La surface d'échange racinaire est souvent étendue grâce à une association symbiotique avec les filaments mycéliens de certains champignons (mycorhizes)

3: Des systèmes conducteurs

Des systèmes conducteurs permettent les circulations de matières dans la plante, notamment entre parties aériennes et souterraines. 2 types de vaisseau coexistent:

- Les vaisseaux du xylème, qui acheminent la sève brute, mélange d'eau et d'ions minéraux, depuis les racines vers le reste de la plante ;
- Les vaisseaux du phloème, qui achemine la sève élaborée, avec les produits de la photosynthèse, depuis les feuilles vers le reste de l'organisme.

Fonctionnellement, l'eau est absorbée au niveau des racines car il existe une perte d'eau par évapotranspiration au niveau des feuilles. Les produits de la photosynthèse peuvent s'accumuler dans des organes de réserve (tige ou racine modifiées par exemple en bulbe, rhizome ou tubercule)

II: Les mécanismes de défenses

En tant qu'êtres vivants immobiles, les plantes sont exposées à des menaces qu'elles doivent affronter sans fuir. Elles ont donc développé des stratégies de défense efficaces, au cours de l'évolution, en s'adaptant sur les plans morphologique, biochimique et physiologique.

1: Les mécanismes de défenses face aux contraintes abiotiques: les conditions du milieu

La principale contrainte du milieu est la disponibilité en eau (stress hydrique) notamment lors de la "mauvaise saison" (saison sèche en milieu tropical, ou hiver avec sol gelé aux latitudes plus hautes). Parmi les nombreuses adaptations conservées par l'évolution, on retiendra notamment:

La cuticule imperméable et l'ouverture variable et modifiable des stomates pour lutter contre l'évapotranspiration

Les cryptes pilifères du laurier pour limiter l'évapotranspiration (adaptation à la sécheresse)

Le passage de la "mauvaise saison" sous forme d'organes de réserves souterrains (bulbe, rhizome, tubercule)

La réduction de l'appareil aérien par perte des feuilles (espèces caducifoliées) pendant la "mauvaise saison"

La vie ralentie des bourgeons et des graines pendant la "mauvaise saison"

2: Les mécanismes de défenses face aux contraintes biotiques: les prédateurs

Adaptations morphologiques	Epines, poils urticants, présence de cristaux en forme d'aiguilles dans les cellules, accumulation de silice dans les cellules, cuticule épaisse, cires
Adaptations biochimiques	Tanins (feuilles indigestes) Molécules perturbant le développement et l'alimentation des agresseurs. Alcaloïdes (toxiques) nicotine, caféine, cocaïne, morphine. Latex ou gommes et résines ; Substances volatiles attirants des prédateurs des ravageurs Synthèse de molécules de défense après identification d'une agression et modification de l'expression de certains gènes.
Adaptations de type collaboration plante/animal ou symbiose	En offrant un abri ou de la nourriture à des prédateurs de ravageurs

III: Les modalités de la reproduction des plantes

1: La fleur, un organe spécialisé

La fleur est un organe original, exclusif aux Angiospermes et dédié à la reproduction de l'individu. Une fleur est organisée en verticilles concentriques, avec, de l'extérieur vers l'intérieur, les sépales, les pétales, les étamines et les carpelles. Les étamines sont surmontées des anthères, organe mâle produisant le pollen (contenant les gamètes mâles). Les carpelles contiennent les ovules, (gamète femelle) et sont surmontés d'un stigmate accueillant les grains de pollens. L'organisation et le fonctionnement de la fleur permettent le rapprochement des gamètes entre plantes fixées.

2: Une structure contrôlée génétiquement

L'organisation florale est contrôlée par des gènes de développement. On dispose d'un modèle explicatif de la mise en place de la fleur (valable chez l'espèce *Arabidopsis thaliana*, très étudiée dans les laboratoires) à partir de l'expression localisée de gènes appartenant à 3 groupes notés A, B et C. L'expression du gène A serait à l'origine des sépales, les expressions conjointes des gènes A+B donneraient les pétales, les gènes B + C seraient à l'origine des étamines et le gène C seul conduirait aux carpelles.

3: La fleur, produit d'une co-évolution

La pollinisation de nombreux Angiospermes repose sur une collaboration animal pollinisateur/plante, qui est le produit d'une coévolution, à savoir une évolution conjointe de la plante et de l'animal au fil du temps. Les principaux pollinisateurs sont des insectes (papillons, abeilles...), mais il peut y avoir également des oiseaux ou des mammifères.

À l'issue de la fécondation, la fleur se transforme en fruit contenant des graines. La dispersion de ces graines est utile à la survie et à la propagation de l'espèce. Elle repose souvent sur une collaboration animal disséminateur/plante, la aussi produit d'une coévolution.

Bilan : La plante, organisme adapté à la vie fixée

