

Thème 1 - La Terre dans l'Univers, la vie, l'évolution du vivant Thème 1-A Génétique et évolution **Thème 1-A-1 Le brassage génétique et sa contribution à la diversité génétique** En classe de seconde, une première approche de la diversité génétique a été effectuée. En classe de première S, les mutations ont été étudiées à l'échelle moléculaire ainsi que leur contribution à la production de diversité génétique. En classe terminale, on étudie les aspects génétiques de la sexualité en se limitant au cas des organismes pluricellulaires. **Bilans : divisions cellulaires, ADN, gène, allèles, brassage génétique.**

Connaissances	Capacités, attitudes
<p>La méiose est la succession de deux divisions cellulaires précédée comme toute division d'un doublement de la quantité d'ADN (réplication). Dans son schéma général, elle produit quatre cellules haploïdes à partir d'une cellule diploïde. Au cours de la méiose, des échanges de fragments de chromatides (crossing-over ou enjambement) se produisent entre chromosomes homologues d'une même paire. Les chromosomes ainsi remaniés subissent un brassage interchromosomique résultant de la migration aléatoire des chromosomes homologues lors de la 1ère division de méiose. Une diversité potentiellement infinie de gamètes est ainsi produite. Des anomalies peuvent survenir. Un crossing-over inégal aboutit parfois à une duplication de gène. Un mouvement anormal de chromosomes produit une cellule présentant un nombre inhabituel de chromosomes. Ces mécanismes, souvent sources de troubles, sont aussi parfois sources de diversification du vivant (par exemple à l'origine des familles multigéniques). <i>Objectifs et mots-clés. Brassage génétique inter et intrachromosomique au cours de la méiose. Diversité des gamètes. Stabilité des caryotypes. (Collège, seconde, première. La mitose, les mutations, les allèles. Première idée de la recombinaison.) [Limites. La nomenclature des phases de la méiose n'est pas exigible. La description cytologique de la méiose s'appuie sur le seul cas de la production de gamètes chez les animaux diploïdes à cycle monogénétique. Les mécanismes moléculaires de la recombinaison ne sont pas au programme. L'analyse des produits de méiose se limite aux diplontes par l'étude des descendants issus d'un croisement avec un homozygote récessif pour tous les loci étudiés : la génétique des haplontes n'est pas au programme.] Convergence. Mathématiques : probabilités. Pistes. Croisement entre la combinatoire génétique et la formalisation mathématique.</i></p>	<p>Ordonner et interpréter des observations microscopiques de cellules en méiose. Effectuer une analyse statistique simple d'un brassage interchromosomique (en analysant des produits de méiose). Représenter schématiquement le déroulement de la méiose à partir d'une cellule diploïde. Effectuer une analyse statistique simple d'un remaniement intrachromosomique (en analysant des produits de méiose) Illustrer schématiquement le mécanisme du crossing-over et ses conséquences génétiques. Illustrer schématiquement les mécanismes expliquant certaines anomalies chromosomiques.</p>
<p>Au cours de la fécondation, un gamète mâle et un gamète femelle s'unissent : leur fusion conduit à un zygote. La diversité génétique potentielle des zygotes est immense. Chaque zygote contient une combinaison unique et nouvelle d'allèles. Seule une fraction de ces zygotes est viable et se développe. <i>Objectifs et mots-clés. La fécondation est abordée à partir d'un exemple choisi chez une espèce animale présentant un cycle monogénétique diplophasique. (Collège, seconde, première. Première idée des mécanismes de la fécondation.) [Limites. Seules les notions de portée générale sont exigibles. Si l'élève doit pouvoir illustrer son propos par un exemple, aucun n'est imposé par le programme. Si l'on met en évidence la fusion des matériels nucléaires, les autres phénomènes cellulaires de la fécondation (réaction acrosomiale, réaction corticale, activation métabolique) sont hors programme.] Pistes. Approche mathématique du risque génétique.</i></p>	<p>Observer et interpréter des observations microscopiques relatives à la fécondation. Réaliser une analyse statistique simple des résultats d'une fécondation Décrire schématiquement un exemple de fécondation et ses conséquences génétiques.</p>

Chapitre 03 Le brassage génétique et sa contribution à la diversité génétique

Le cycle de développement correspond à l'enchaînement des différentes phases de la vie d'un être vivant depuis le stade gamète jusqu'au stade adulte apte à produire des gamètes. La phase diploïde débute lors de la formation du zygote. Elle se poursuit par les différents stades de développement de l'individu, résultant de nombreuses mitoses. Chacun des stades de cette phase est caractérisé par des cellules diploïdes. Une cellule diploïde est une cellule possédant chaque chromosome en double exemplaire (chromosomes homologues) ; sa formule chromosomique chez l'Homme est $2n = 46$ chromosomes. La phase haploïde correspond aux gamètes. Une cellule haploïde est une cellule ne possédant qu'un seul exemplaire de chaque chromosome (et donc de chaque gène).

Comment la reproduction sexuée assure-t-elle à la fois la stabilité d'une espèce et la diversité des individus qui la composent ?

I Méiose et fécondation, facteurs de stabilité génique de l'espèce

TP5(étude du mécanisme de méiose avec le lys et compréhension du « rôle » de la fécondation dans le retour à la diploïdie) Insister sur la fécondation qui ajoute encore de la diversité...(mécanisme de méiose x2!!!)

A. La méiose, passage de la diploïdie à l'haploïdie

La méiose se déroule partir d'une **cellule germinale** : cellule à l'origine des gamètes.

Au cours de l'interphase précédant la méiose (phase S), la quantité d'ADN est doublée, ce qui donnera une cellule avec une masse d'ADN de 4 qui au cours des deux divisions successives donnera 2 cellules avec une masse de 2 puis 4 cellules avec une masse de 1.

La méiose est une succession de 2 divisions cellulaires, chaque division est composée de 4 phases : prophase, métaphase, anaphase et télophase.

La première division méiotique : la division réductionnelle (on passe d'un caryotype à 2n chromosomes à un caryotype à n chromosomes)

La prophase I, très longue se caractérise par l'apparition des chromosomes et la disparition de l'enveloppe nucléaire. Les chromosomes homologues s'apparient. Les chromosomes étant à 2 chromatides, chaque ensemble de 2 chromosomes réunis constitue une **tétrade** ($2 \times 2 = 4$ chromatides).

La métaphase I est caractérisée par le positionnement des chromosomes à l'équateur, ils forment une figure de plaque équatoriale. Les centromères sont disposés de part et d'autre du plan équatorial de la cellule.

L'anaphase I correspond à la séparation des bivalents. Chaque chromosome à 2 chromatides se dirige vers l'un des 2 pôles de la cellule. Ce phénomène a un impact majeur = passage de 2n à n chromosomes.

Au cours de la télophase I, 2 cellules filles à n chromosomes à 2 chromatides se forment.

La deuxième division méiotique : la division équationnelle.

Elle débute dès la fin de la télophase II, elle permet la séparation des chromatides sœurs et aboutit à la formation de 4 cellules filles à n chromosomes.

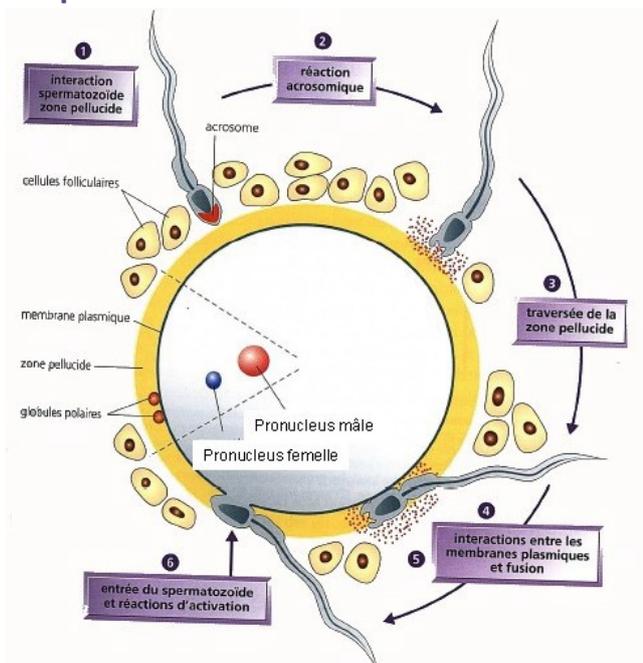
La méiose est la succession de deux divisions cellulaires précédée comme toute division d'un doublement de la quantité d'ADN (réplication). Dans son schéma général, elle produit quatre cellules haploïdes à partir d'une cellule diploïde.

B. La fécondation, passage de l'haploïdie à la diploïdie

Au cours de la fécondation, un gamète mâle et un gamète femelle s'unissent : leur fusion conduit à la formation d'un zygote.

Au cours des cycles de développement des êtres vivants, l'alternance méiose/fécondation assure le passage de la phase diploïde à la phase haploïde et le retour à la diploïdie.

Cette alternance est indispensable au maintien de la stabilité chromosomique au cours des générations.



II Méiose et fécondation, sources de diversité génétique

A. Le brassage des chromosomes lors de la méiose

TP05 : b- avec drosu, à la recherche de la source de la diversité génétique...

le constat de la répartition 25/25/25/25 % permet de constater et de vérifier le brassage interK schématiser lors du a.

- Un brassage interchromosomique

En métaphase de méiose I, la disposition des chromosomes de chaque chromosome d'une paire de part et d'autre du plan équatorial est aléatoire, c'est un brassage inter-chromosomique.

Pour 2n chromosomes, il y a 2^n combinaisons possibles. Chez l'Homme, $2n=46$.

En ne tenant compte que du brassage inter-chromosomique, il y a 2^{23} gamètes différents. ($2^{23} = 8,4 \cdot 10^6$).

TP06 : EM a- Passer par un cas où il n'y a pas de recombinant... normalement ça fige la compréhension avant de passer à l'intra...

b- Énigme lié à un brassage intra ???? que c'est il passé ? Poser une hypothèse. Explication en TP6.

B. L'amplification de la diversité des gamètes grâce au brassage intra-chromosomique.

- Un brassage intrachromosomique

En prophase de **méiose I**, les chromosomes homologues s'apparient et forment des bivalents (= une paire de chromosomes homologues appariés). Il y a n bivalents. L'appariement des chromosomes étant très étroit, des échanges peuvent intervenir entre 2 chromatides de deux chromosomes différents en des points appelés chiasmata. Ces phénomènes d'échanges chromosomiques (recombinaison chromosomique) correspondent **au crossing-over (en fr = enjambement)**. Il provoque un brassage intra-chromosomique.

Au cours de la méiose, des échanges de fragments de chromatides (crossing-over ou enjambement) se produisent entre chromosomes homologues d'une même paire. Les chromosomes ainsi remaniés subissent un brassage interchromosomique résultant de la migration aléatoire des chromosomes homologues lors de la 1ère division de méiose. Une diversité potentiellement infinie de gamètes est ainsi produite.

C. L'amplification du brassage génétique par la fécondation

La fécondation est aléatoire, elle amplifie donc le brassage inter-chromosomique. Du coup, la diversité génétique potentielle des zygotes est immense. Chaque zygote contient une combinaison unique et nouvelle d'allèles. **Seule une fraction de ces zygotes est viable et se développe.**

Les brassages chromosomiques intervenant au cours de ces deux processus sont sources de diversification du vivant.

Au cours de la fécondation, un gamète mâle et un gamète femelle s'unissent : leur fusion conduit à un zygote. La diversité génétique potentielle des zygotes est immense. Chaque zygote contient une combinaison unique et nouvelle d'allèles. Seule une fraction de ces zygotes est viable et se développe.

III Des erreurs lors de la méiose, source d'une diversification génique

Malgré une apparente stabilité des mécanismes, certaines erreurs peuvent survenir au niveau de la répartition du matériel chromosomique lors de la méiose chez l'un des parents.

A. Non-disjonction des chromosomes homologues

Une non-disjonction des chromosomes homologues (Anaphase I) ou une non-disjonction des chromatides (Anaphase II) peuvent être à l'origine d'anomalies chromosomiques (comme des trisomies), d'altération du caryotype. Ces anomalies du nombre de chromosomes (ou **aneuploïdies**) sont fréquentes et peuvent concerner tous les chromosomes. Toutefois, la plupart d'entre elles sont "éliminées" au cours d'avortements spontanés, car les embryons ne sont pas viables.

ATTENTION : il existe des aneuploïdies qui résultent d'erreurs de mitose lors des premières divisions de la cellule œuf...

B. Crossing-over inégal

Un crossing-over inégal aboutit parfois à une duplication de gènes à l'origine par exemple des familles multigéniques (revoir 1ère S).

Des anomalies peuvent survenir. Un crossing-over inégal aboutit parfois à une duplication de gène. Un mouvement anormal de chromosomes produit une cellule présentant un nombre inhabituel de chromosomes. Ces mécanismes, souvent source de troubles, sont aussi parfois sources de diversification du vivant (par exemple à l'origine des familles multigéniques).

→ EVALUATION à prévoir.

Thème 1-A-2 Diversification génétique et diversification des êtres vivants L'association des mutations et du brassage génétique au cours de la méiose et de la fécondation ne suffit pas à expliquer la totalité de la diversification génétique des êtres vivants. Il s'agit ici de donner une idée de l'existence de la diversité des processus impliqués, sans chercher une étude exhaustive. En outre, une diversification des êtres vivants n'est pas toujours liée à une diversification génétique. **Bilan : processus de diversification du vivant.**

Connaissances

D'autres mécanismes de diversification des génomes existent : hybridations suivies de polyploïdisation, transfert par voie virale, etc. S'agissant des gènes impliqués dans le développement, des formes vivantes très différentes peuvent résulter de variations dans la chronologie et l'intensité d'expression de gènes communs, plus que d'une différence génétique. Une diversification des êtres vivants est aussi possible sans modification des génomes : associations (dont symbioses) par exemple. Chez les vertébrés, le développement de comportements nouveaux, transmis d'une génération à l'autre par voie non génétique, est aussi source de diversité : chants d'oiseaux, utilisation d'outils, etc.

Objectifs et mots-clés. Il s'agit de montrer la variété des mécanismes de diversification à l'oeuvre et l'apport de la connaissance des mécanismes du développement dans la compréhension des mécanismes évolutifs. [Limites. Un traitement exhaustif des mécanismes possibles n'est pas attendu.]

Capacités, attitudes

Étudier les modalités d'une modification du génome. Comparer des gènes du développement pour en identifier les homologues de séquences. Interpréter un changement évolutif en termes de modification du développement. Étudier un exemple de diversification du vivant sans modification du génome.

Chapitre 04 Les processus de diversification du vivant

Les mutations, à l'origine de nouveaux allèles, associées aux brassages génétiques ayant lieu au cours de la méiose sont à l'origine d'une diversification du vivant. D'autres mécanismes participent à cette diversification.

Quels sont les différents mécanismes permettant une diversification du vivant ?

I Diversification des êtres vivants avec modification du génome

TP 07

A. Hybridation et polyploïdisation

Parfois, malgré un génome différent, deux espèces restent interfécondes. Lorsqu'elles se croisent, elles forment un individu hybride. Celui-ci possède un génome différent de celui de ses deux parents. La plupart du temps, l'hybride est stérile car il ne peut former de gamètes (Pb des bivalents lors de la méiose). En revanche, si l'hybridation est suivie d'une polyploïdisation (allo), les hybrides deviennent fertiles, et peuvent donc transmettre leur patrimoine génétique à leur descendance. Cette polyploïdisation correspond à une réplication non suivie d'une division cellulaire (les chromosomes présents étant en double exemplaire, la méiose peut alors avoir lieu). Ce phénomène va engendrer un caryotype caractéristique d'une nouvelle espèce : l'autopollinisation va permettre ensuite le développement de cette espèce.

L'hybridation suivie d'une polyploïdisation peut être la source d'une diversification génétique du vivant.

Attention : La polyploïdisation peut aussi avoir lieu chez un individu(Auto) à partir d'un gamète non fécondé. On n'assiste alors pas à l'apparition d'une nouvelle espèce.(revoir l'exploitation des hybrides résultant du croisement de deux variétés d'une même espèce.

B. Transfert par voie virale (transfert horizontal)

Les virus contiennent tous une molécule porteuse d'information génétique (ADN ou ARN). Pour se multiplier, Les virus injectent leur matériel génétique dans des cellules-hôtes. Ces gènes viraux intègrent le patrimoine génétique de la cellule infectée. Si ce sont des cellules de la lignée germinale, ils peuvent être transmis à la descendance.

Le transfert génique par voie virale peut être la source d'une diversification génétique du vivant.

C. Variation dans la chronologie et l'intensité d'expression de gènes

Il existe, le long de l'ADN, des signaux reconnus par l'ARN polymérase, marquant le commencement et la fin du processus transcriptionnel. Ces signaux sont constitués par des séquences de nucléotides particulières, généralement communes à tous les gènes et à tous les organismes eucaryotes. Ces séquences très homologues sont nommées promoteurs et terminateurs.

Au cours du développement, les caractéristiques spécifiques d'un individu se forment petit à petit. Ce développement est sous le contrôle de gènes : les gènes du développement. La **chronologie** et l'**intensité** d'expression de ces gènes déterminent la mise en place du plan d'organisation de l'organisme.

Des formes vivantes très différentes peuvent donc résulter de variations dans la chronologie et l'intensité d'expression de gènes du développement communs, plus que d'une différence génétique.

→ Ne pas oublier que les crossing-over inégaux sont également à l'origine de diversification !

II Diversification des êtres vivants sans modification du génome

A. La symbiose

La symbiose est une association durable et à bénéfice réciproque entre deux ou plus organismes appartenant à des espèces différentes. Les lichens sont des organismes composés résultant d'une symbiose entre au moins un champignon hétérotrophe appelé mycobionte, représentant la majorité de l'ensemble, et des cellules microscopiques possédant de la chlorophylle (algue verte ou cyanobactérie autotrophe pour le carbone) nommées « photobiontes ». Cette association forme un thalle où les deux types de cellules sont associés. Cette association modifie fortement la morphologie des deux symbiotes. Le champignon du lichen fournit le support aux algues, les sels minéraux nécessaires, ainsi qu'une réserve d'humidité. L'algue élabore de la matière carbonée qu'elle fournit au champignon. Cette association permet aux lichens de survivre dans des milieux où aucun des deux symbiotes seuls ne pourrait le faire.

Aparté sur l'origine endosymbiotique des cellules eucaryotes contemporaines.

B. Le développement de comportements nouveaux

- **Le chant des oiseaux**

Le chant des oiseaux a diverses fonctions : séduction en période de reproduction, délimitation du territoire, repérage des individus. Le chant est propre à chaque espèce. L'apprentissage du chant est réalisé pendant la période juvénile. Cet apprentissage se fait par imitation.

Au sein d'une même espèce, le chant peut présenter des variations selon les régions où les animaux vivent. Ces variations sont transmises de génération en génération. La diversité du chant des oiseaux est donc en partie liée à des facteurs non génétiques.

- **L'utilisation des outils**

De nombreuses espèces animales utilisent des outils (des fourmis aux primates). L'étude de ces animaux montre que la fabrication et la manipulation de ces outils est transmises de génération en génération suite à un apprentissage ou par imitation.

Ces deux exemples (symbiose et apprentissage de comportement) montrent qu'il est possible d'obtenir une diversification du vivant sans que le génome ne soit impliqué.

Thème 1-A-3 De la diversification des êtres vivants à l'évolution de la biodiversité La biodiversité a été définie et présentée comme produit et étape de l'évolution. Dans les classes précédentes, il a été montré que des individus porteurs de diverses combinaisons génétiques peuvent différer par leurs potentiels reproducteurs (plus grande attirance sexuelle exercée sur le partenaire ; meilleure résistance à un facteur du milieu, aux prédateurs ; meilleur accès à la nourriture, etc.). Cette influence, associée à la dérive génétique, conduit à une modification de la diversité génétique des populations au cours du temps. **Bilan : la biodiversité et sa modification.**

Connaissances

Sous l'effet de la pression du milieu, de la concurrence entre êtres vivants et du hasard, la diversité des populations change au cours des générations. L'évolution est la transformation des populations qui résulte de ces différences de survie et du nombre de descendants. *Objectifs et mots-clés.* On insistera sur l'existence d'une survie différentielle et sur la diversité de l'effectif des descendants des individus qui conduisent à une modification des populations. *Sélection naturelle et dérive génétique sont replacées dans ce cadre global.*

La diversité du vivant est en partie décrite comme une diversité d'espèces. La définition de l'espèce est délicate et peut reposer sur des critères variés qui permettent d'apprécier le caractère plus ou moins distinct de deux populations (critères phénotypiques, interfécondité, etc.). Le concept d'espèce s'est modifié au cours de l'histoire de la biologie. Une espèce peut être considérée comme une population d'individus suffisamment isolés génétiquement des autres populations. Une population d'individus identifiée comme constituant une espèce n'est définie que durant un laps de temps fini. On dit qu'une espèce disparaît si l'ensemble des individus concernés disparaît ou cesse d'être isolé génétiquement. Une espèce supplémentaire est définie si un nouvel ensemble s'individualise.

Objectifs et mots-clés. Dans la continuité de l'approche des classes précédentes, il convient de montrer que l'espèce est une réalité statistique, collective et que c'est dans cette optique que la spéciation peut être envisagée. [Limites. Il ne s'agit pas de conduire à une définition incontestable de l'espèce ou de la spéciation, mais simplement de montrer que ce concept dont on ne peut aujourd'hui se passer pour décrire le monde vivant est pourtant d'une nature très délicate.]

Capacités, attitudes

Analyser une situation concrète, à partir d'arguments variés (données génétiques, paléontologiques, biologiques, arbres phylogénétiques, etc.).

Analyser des exemples de spéciation dans des contextes et selon des mécanismes variés à partir de documents fournis. Analyser des informations relatives à la définition des limites d'une espèce vivante. Analyser des exemples d'hybrides interspécifiques fertiles ou non.

Chapitre 05 De la diversification du vivant à l'évolution de la biodiversité

Dans le chapitre précédent, on a identifié les processus de diversification du vivant à l'origine d'une évolution de la biodiversité interspécifique. **Comment la biodiversité peut-elle être modifiée à l'échelle des espèces ?**

I Biodiversité et notion d'espèce

La biodiversité se définit à différentes échelles dont celles de l'espèce. Définir ce qu'est une espèce peut au premier abord être facile.

A. La définition scientifique de l'espèce

La notion d'espèce au beaucoup évolué au cours du temps. Plusieurs étapes peuvent être repérées :

- La domestication nécessite la notion d'espèce. Cette notion reste cependant non formalisée (=empirique).
- **Platon** reconnaît l'existence de « types permanents » dans le monde vivant.
- XIIe siècle : Emprunté du latin species « sorte, catégorie » (veut dire également « apparence, aspect ») = Ensemble de ce qui présente les mêmes caractères essentiels (critère de ressemblance).
- Au XVIIe et au XVIIIe siècle, de nombreux zoologistes et botanistes utilisent le mot espèce, mais sans lui donner un fondement rigoureux, situation qui aboutit à une prolifération des noms attribués aux espèces décrites.
- **John Ray**, botaniste anglais (1627-1705), est le 1^{er} à essayer de définir rigoureusement le terme espèce comme « ensemble d'individus qui engendrent, par la reproduction, d'autres individus semblables à eux-mêmes ».
- **Carl von Linné** (1707-1778) s'inspire de John Ray pour élaborer son système de classification, mais utilise uniquement le critère de ressemblance.
- **Encyclopédie** (1755) « Tous les individus semblables qui existent sur la surface de la Terre sont regardés comme composant l'espèce de ces individus »
- **Darwin** (1802-1882), « l'espèce évolue au cours du temps d'où la difficulté de la définir ».
- **Morgan and Co** → génétique
- **Ernest Mayr** (1942) généticien allemand définit le terme espèce comme « des groupes de populations naturelles, effectivement ou potentiellement interfécondes, qui sont génétiquement isolées d'autres groupes similaires ».

Cette définition, actuellement admise, correspond à un concept qui a mis du temps à être mis en place et qui est susceptible d'évoluer dans l'avenir.

Le problème est que le critère d'interfécondité n'est pas toujours applicable de façon tranchée : des populations A et B, B et C peuvent être interfécondes, alors que les populations A et C ne le sont pas. De même, certaines races de chiens s'hybrident sans problème — et ont une descendance féconde — avec des loups, tandis que leur hybridation avec d'autres races de leur propre espèce peut être impossible (par exemple une femelle Chihuahua et un mâle Saint-Bernard) Ne parlons pas des « espèces » ne se

reproduisant pas (ou très peu) de façon sexuée... La notion d'espèce se dissout alors dans une sorte de flou. L'interfécondité ne permet donc pas de dire qu'il s'agit de mêmes espèces tandis que la non-interfécondité suffit à dire qu'il s'agit d'espèces différentes.

Une espèce regroupe sous le **même nom**, un ensemble **apparenté d'individus qui**, dans leur **milieu naturel non perturbé**, se reconnaissent comme partenaires sexuels et donnent une **descendance féconde** (**Lecoindre, 2008**), en 2011, le même auteur écrit : « dans la nature il n'y a pas d'espèces : il n'apparaît que des barrières de reproduction. Les espèces, c'est nous qui les créons à partir d'un modèle théorique » (Revue Espèces – n° 1 – septembre 2011).

→ **on peut donc faire évoluer ses représentations à la lumière de données nouvelles.**

La définition de l'espèce est délicate et peut reposer sur des critères variés qui permettent d'apprécier le caractère plus ou moins distinct de deux populations (critères phénotypiques, interfécondité, etc.). Le concept d'espèce s'est modifié au cours de l'histoire de la biologie.

La diversité du vivant est en partie décrite comme une diversité d'espèces.

B. La spéciation

TP08-→ De la diversification des populations à la spéciation / possible en classe entière

Une population d'individus identifiée comme constituant une espèce n'est donc définie que durant un laps de temps fini. C'est le produit et une étape de l'évolution. On dit qu'une espèce disparaît si l'ensemble des individus concernés disparaît ou cesse d'être isolé génétiquement.

Une nouvelle espèce apparaît si **un nouvel ensemble d'individu s'individualise** à partir d'une ou plusieurs espèces préexistantes. On parle de **spéciation**. L'origine de la spéciation est toujours l'installation d'une **barrière reproductrice** : ADN incompatible, absence d'intérêt pour les parades amoureuses de l'autre, périodes de reproduction différentes, ou tout simplement isolement géographique.

II Les mécanismes de modification de la biodiversité

A. Quelques mécanismes indispensables.

→ L'**installation d'un polymorphisme** génétique ou non est indispensable : par mutations, transferts de gènes, polyploidie ou symbiose et transmissions de comportements.

→ Un **isolement reproducteur doit s'installer** entre deux groupes (au moins) d'une même espèce pour laisser le temps aux deux populations d'évoluer de façons différentes.: barrière géographique par exemple.

→ *Les types d'isollements reproducteurs (Trop précis mais pour infos)*

1. **PREZYGOTIQUE**: empêche l'accouplement ou la fécondation.

A. **Isolement écologique**: les populations vivent dans des habitats différents et ne se rencontrent jamais.

B. **Isolement temporel**: l'accouplement ou la floraison surviennent à des moments différents de la journée ou de l'année.

C. **Isolement éthologique**: Il n'y a pas d'attraction sexuelle entre les mâles et les femelles.

D. **Isolement mécanique**: la copulation ou la pollinisation sont empêchées par une incompatibilité structurale des organes sexuels.

E. **Isolement gamétique**: les gamètes mâles et femelles ne se rencontrent pas ou ne survivent pas.

2. **POSTZYGOTIQUE**: empêche le développement d'adultes viables et féconds.

A. **Non-viabilité des hybrides**: les zygotes hybrides ne se développent pas normalement ou n'atteignent pas la maturité sexuelle.

B. **Stériorité des hybrides**: les hybrides ne produisent pas de gamètes fonctionnels.

C. **Déchéance des hybrides**: la progéniture des hybrides est malingre ou stérile.

On considère généralement que quatre "forces" peuvent agir pour faire évoluer les fréquences alléliques des gènes dans une population :

- la mutation ou une duplication suivie de mutation (en créant un polymorphisme génétique),
- la dérive (fluctuation aléatoire des fréquences alléliques du fait du nombre fini de reproducteurs),
- la sélection (en affectant le nombre de descendants par individu → fluctuation non aléatoire des fq alléliques),
- la migration (en modifiant la taille de la population).

La première force indispensable est l'apparition d'un polymorphisme génétique (mutation, transfert génétique ou duplications = CO imparfait) : aucune autre des forces ne peut agir sans ce polymorphisme !!!

La seconde est l'isolement reproducteur qui permet à plusieurs populations d'évoluer sans partager le fruit de leur évolution.

La troisième est le combiné de la dérive génétique, la sélection naturelle et de nouvelles apparitions de polymorphismes génétiques(ou au moins l'un des trois) dans chacune des populations.

B. La dérive génétique

Fluctuation aléatoire des fréquences alléliques du fait du nombre fini de reproducteurs.

Dans une population infinie, théoriquement la fréquence des différents allèles d'un gène demeure constante au fil des générations. En situation réelle, ce n'est pas le cas. Les populations représentent un groupe fini. La **fréquence des allèles varie au cours des générations**. Cette dérive génétique est indépendante du milieu et ne dépend que du nombre d'individus de la population, plus l'effectif est important, moins la dérive est présente. Elle conduit à une modification de la biodiversité génétique de génération en génération.

C. La sélection naturelle

Fluctuation non aléatoire des fréquences alléliques. L'(les) allèles qui augmente(nt) en fréquence sont celles qui permettent une meilleure reproduction au cours des générations.

Au sein d'une population, un polymorphisme existe. Celui-ci engendre des combinaisons alléliques variées.

Dans un environnement précis, certaines combinaisons alléliques peuvent conférer, à certains individus, **un meilleur potentiel reproducteur** (plus grande attirance sexuelle exercée sur le partenaire ; meilleure résistance à un facteur du milieu, aux prédateurs ; meilleur accès à la nourriture, etc.) par rapport à d'autres. Cette variation conduit à une modification de la diversité génétique des populations au cours du temps.

L'évolution apparaît comme la transformation des populations qui résulte des différences de survie et du nombre de descendants. Sous l'effet de la pression du milieu, de la concurrence entre êtres vivants et du hasard, la diversité des populations change au cours des générations.

III Pour avoir une spéciation.

Une espèce supplémentaire est définie si un **nouvel ensemble s'individualise**. Pour cela :

- il faut qu'**au moins deux groupes soient isolés**, les individus de ces groupes ne pourront plus se reproduire. **Deux solutions** :

- 1- la spéciation **allopatrique** : l'isolement est de nature géographique, les individus ne sont plus en contact.
- 2- La spéciation **sympatrique** : l'isolement est de nature reproducteur, les individus restent en contact sans pouvoir se croiser en donnant une descendance fertile. (ex : isolement temporel : les gamètes ne sont pas émis en même temps.)

- Les deux(ou plus) environnements qui accueillent les populations sont différents peuvent engendrer des **pressions différentes(voir inverses) sur le même allèle**. Un individu présentant le caractère innovant sera favorisé dans un environnement 1 et pourra être défavorisé dans un environnement 2 : les **sélections naturelles sont différentes**.

- La **dérive génétique étant aléatoire, elle se déroulera forcément de façons différentes** dans chacune des populations isolées, même si les conditions y sont semblables.

- Les **modifications génétiques** (mutations aléatoires , duplications, ruptures de chromosomes ou transferts...) vont se produire de façons différentes dans chaque population isolée.

On parlera de **spéciation lorsque les individus des deux populations ne pourront plus s'hybrider en donnant une descendance fertile...**(mais on a vu que ce n'était pas si simple...)

Dernier point : Plus la population initiale est petite (par extinction, migration, isolement...) plus l'ensemble des phénomènes liés à la spéciation seront importants du fait de la faible diversité allélique.

C'est l'effet fondateur

Thème 1-A-4 Un regard sur l'évolution de l'Homme *Homo sapiens* peut être regardé, sur le plan évolutif, comme toute autre espèce. Il a une histoire évolutive et est en perpétuelle évolution. Cette histoire fait partie de celle, plus générale, des primates

Connaissances

Capacités,
attitudes

→ D'un point de vue génétique, l'Homme et le chimpanzé, très proches, se distinguent surtout par la position et la chronologie d'expression de certains gènes. Le phénotype humain, comme celui des grands singes proches, s'acquiert au cours du développement pré et postnatal, sous l'effet de l'interaction entre l'expression de l'information génétique et l'environnement (dont la relation aux autres individus). Les premiers primates fossiles datent de - 65 à -50 millions d'années. Ils sont variés et ne sont identiques ni à l'Homme actuel, ni aux autres singes actuels. La diversité des grands primates connue par les fossiles, qui a été grande, est aujourd'hui réduite. Homme et chimpanzé partagent un ancêtre commun récent. Aucun fossile ne peut être à coup sûr considéré comme un ancêtre de l'homme ou du chimpanzé.

Comparer les génotypes de différents primates. Positionner quelques espèces de primates actuels ou fossiles, dans un arbre phylogénétique, à partir de l'étude de caractères ou de leurs productions.

→ Le genre *Homo* regroupe l'Homme actuel et quelques fossiles qui se caractérisent notamment par une face réduite, un dimorphisme sexuel peu marqué sur le squelette, un style de bipédie avec trou occipital avancé et aptitude à la course à pied, une mandibule parabolique, etc. Production d'outils complexes et variété des pratiques culturelles sont associées au genre *Homo*, mais de façon non exclusive. La construction précise de l'arbre phylogénétique du genre *Homo* est controversée dans le détail.

Objectif. Appliquer au cas Homo sapiens les acquis en matière d'évolution. (Collège, première : premières idées sur la place de l'Homme dans l'évolution ; pigments rétinien et place de l'Homme parmi les primates.) [Limites. L'étude de fossiles n'a aucun objectif exhaustif. Il s'agit simplement d'illustrer la diversité des primates fossiles, notamment de ceux habituellement classés dans le genre Homo. Aucun arbre phylogénétique précis n'est exigible mais comment, en s'appuyant sur tel ou tel caractère, on aborde sa construction. La controverse sur le détail précis de l'arbre est évoquée et illustre une question scientifique en devenir. Cependant, les différentes conceptions en présence ne sont en aucun cas exigibles.] Convergence. Philosophie : Regards croisés sur l'Homme. Pistes. Étude comparée des primates ; arts de la préhistoire.

06. Un regard sur l'évolution de l'Homme

L'espèce humaine est issue d'une longue histoire évolutive.

Comment retracer l'histoire évolutive de l'espèce humaine ?

I. La place de l'espèce humaine au sein de la biosphère actuelle

TP09 : type ECE mise en place d'un arbre représentant les parentés.

A. Les caractéristiques des Primates

L'étude comparative de ses caractéristiques morpho-anatomique permet de le replacer (=classer) au sein de la biodiversité actuelle : c'est un eucaryote, vertébré, tétrapode, amniote, mammifère, placentaire,

Primate (pouce opposable aux autres doigts et des ongles, ce qui rend la main préhensile, capable de saisir des objets, yeux situés vers l'avant : leur permettant d'avoir une vision binoculaire très large)

Dans ce groupe, Homme et chimpanzé sont des :

Haplorhiniens (Simien) présence d'un « vrai » nez (pas de rhinarium)

(Les Simiens se subdivisent en Platyrhiniens qui peuplent exclusivement le continent américain et en Catarhiniens en Afrique et Eurasie. Les *Platyrhiniens* ont des narines écartées, possèdent 36 dents et une queue préhensile)

Catarhiniens, à narines rapprochées, à denture constituée de 32 dents

Parmi lesquels les Cercopithécoïdes (ou Primates à « queue ») avec les Babouins, Macaques, Gibbons, Cercopithèques et les

Hominoïdes : coccyx, membres antérieurs plus longs que les postérieurs, durée de vie longue, un cerveau proportionnellement plus développé, une taille plus élevée, une longue période de développement des jeunes qui restent dépendants de leur mère pendant plusieurs années. Ils mesurent de 70 à 180 cm et pèsent de 30 à 230 kilos. (Gorilles, Chimpanzés, Orang-outang et l'espèce humaine)

Des comparaisons génétiques permettent de préciser les relations de parenté au sein des Hominoïdes.

À partir de ces éléments, on peut construire un arbre phylogénétique. Dans cet arbre, les espèces présentant des attributs communs sont enracinées sur un même nœud. Chaque nœud correspond à l'ancêtre commun hypothétique des espèces enracinées sur ce nœud. Les caractères d'un ancêtre commun hypothétique sont ceux qui se trouvent en dessous de la ramification (=nœud).

L'Homme est un Primate, il partage avec le Chimpanzé l'ancêtre commun le plus récent avec la biodiversité actuelle.

B. Homme et Chimpanzé, deux espèces très proches

L'analyse du caryotype de l'Homme (23 paires de chromosomes) et celui du Chimpanzé (24 paires de chromosomes) montre de grandes ressemblances. On observe également des remaniements chromosomiques. Le chromosome 2 de l'Homme résulte de la fusion des chromosomes 2p et 2q que l'on retrouve chez les autres Hominoïdes.

L'étude de la séquence de différents gènes trouvés chez les Primates montre que c'est entre le Chimpanzé et l'Homme que les différences sont les plus faibles. En ne considérant que les **séquences codantes**, Homme et Chimpanzé sont proches à 99%. Les différences ne représentent que 1%. Par comparaison, deux génomes humains pris au hasard diffèrent de 0,1%.

Les **phases de développement** sont les mêmes :

embryonnaire : organogenèse globale (dont cérébrale)

foetale : développement des organes pour devenir fonctionnels.

Lactéale : naissance à l'apparition de la première molaire sup.

de substitution : changements du corps qui se terminent à la puberté.

La phase embryonnaire dure 2 semaines chez le chimpanzé et 8 chez l'homme. Hors il s'agit de la phase durant laquelle se met en place le système nerveux... Cela peut expliquer la différence de développement cérébrale.

La comparaison des crânes embryonnaires du chimpanzé et de l'humain montre de grandes similitudes. Par la suite, le crâne du chimpanzé développe des caractères nouveaux (mâchoire prognathe, bourrelets sus-orbitaires...) alors que celui de l'humain croît, mais ne développe pas ces caractères. Il y a une **hétérochronie** du développement humain par rapport à celui du chimpanzé : les organes ne se développent pas à la même vitesse dans les deux espèces. → Cela provient de différences dans la chronologie et l'intensité de l'expression de gènes de développement.

Quelques exemples :

Gène ASPM : intervient dans la régulation des mitoses au niveau cérébrale pendant la période embryonnaire uniquement, il s'exprime plus longtemps chez les humains (8 semaines au lieu de 3). Il existe une microcéphalie chez l'homme du fait de la mutation de ce gène → argument en faveur de sa fonction de développement cérébral.

Le crâne cesse de se modifier chez l'homme avant le chimpanzé (phéno inverse d' ASPM.) ainsi que la migration du trou occipital.

Gène MYH16 : gène qui provoque le développement des muscles de la mâchoire pendant la phase lactéale : il est muté chez l'homme → **néoténie**.

Cela se traduit par des différences dans la durée des phases du développement des deux espèces. Les phases sont plus longues chez les humains que chez les Chimpanzés. On parle de **néoténie** (conservation des caractères juvéniles à l'état adulte). Ce ralentissement a des conséquences sur le phénotype humain. C'est durant la phase embryonnaire que les neurones sont générés. L'allongement de cette phase permet un nombre plus important de neurones chez l'Homme. Les phases infantile et juvénile sont des phases privilégiées pour l'apprentissage.

L'allongement des phases d'apprentissage, combiné au nombre de neurones plus important, permet des capacités intellectuelles plus développées chez l'Homme que chez le Chimpanzé.

Comme pour le Chimpanzé, l'acquisition du phénotype humain adulte repose sur les interactions des individus avec leur environnement, mais aussi sur un apprentissage et une communication entre individus.

D'un point de vue génétique, l'Homme et le Chimpanzé, très proches, se distinguent surtout par la position et la chronologie d'expression de certains gènes.

Le phénotype humain, comme celui des grands singes proches, s'acquiert au cours du développement pré et postnatal, sous l'effet de l'interaction entre l'expression de l'information génétique et l'environnement (dont la relation aux autres individus).

II. La place de l'espèce humaine au sein de la biosphère passée

A. Diversité passée des Primates

Le plus vieil ancêtre fossile découvert des Primates date de – 55 Ma. Il s'agit d'*Archicebus achilles*.

En extrapolant à partir de ce fossile, on considère actuellement que l'ancêtre commun à l'ensemble des Primates doit dater d'environ -65 Ma. D'autres fossiles plus récents ont été trouvés. Ils possèdent des caractéristiques variées qui leur sont propres. Ces fossiles ne sont ni identiques à l'Homme actuel, ni aux autres singes actuels. *La diversité importante des Primates connue grâce aux fossiles est aujourd'hui réduite. (380 espèces il y a 30 millions d'années contre 190 aujourd'hui, 66 espèces de grands primates sur tous les continents contre 20 aujourd'hui et seul l'homme est en dehors des régions inter-tropicales).*

L'ordre d'apparition des caractères chez les fossiles est cohérent avec celui déduit de l'arbre phylogénétique construit avec les Primates actuels.

Les premiers primates fossiles datent de -65 à -55 millions d'années. Ils sont variés et ne sont identiques ni à l'Homme actuel, ni aux autres singes actuels. La diversité des grands primates connue par les fossiles, qui a été grande, est aujourd'hui réduite.

B. Les caractéristiques de l'ancêtre commun de l'Homme et du Chimpanzé

TP 10 : recueil d'infos → double but déterminer le DAC, déterminer les critères d'appartenance au groupe des Hominés.

La comparaison de l'Homme et du Chimpanzé permet d'identifier certains caractères que devait présenter leur ancêtre commun. Malgré tout, il ne ressemble ni à l'un ni à l'autre, car chacune de ces deux espèces a évolué depuis leur séparation. Cet ancêtre devait utiliser des outils. Il devait pouvoir transmettre une culture et apprendre. Il devait présenter une conscience de soi et vivre en groupe. Il devait avoir un volume crânien de 300 à 400 cm³. Il devait mesurer 1 mètre pour 30 à 40 kg. Il devait être un bipède occasionnel. Le chimpanzé est un bipède occasionnel alors que l'Homme est un bipède permanent.

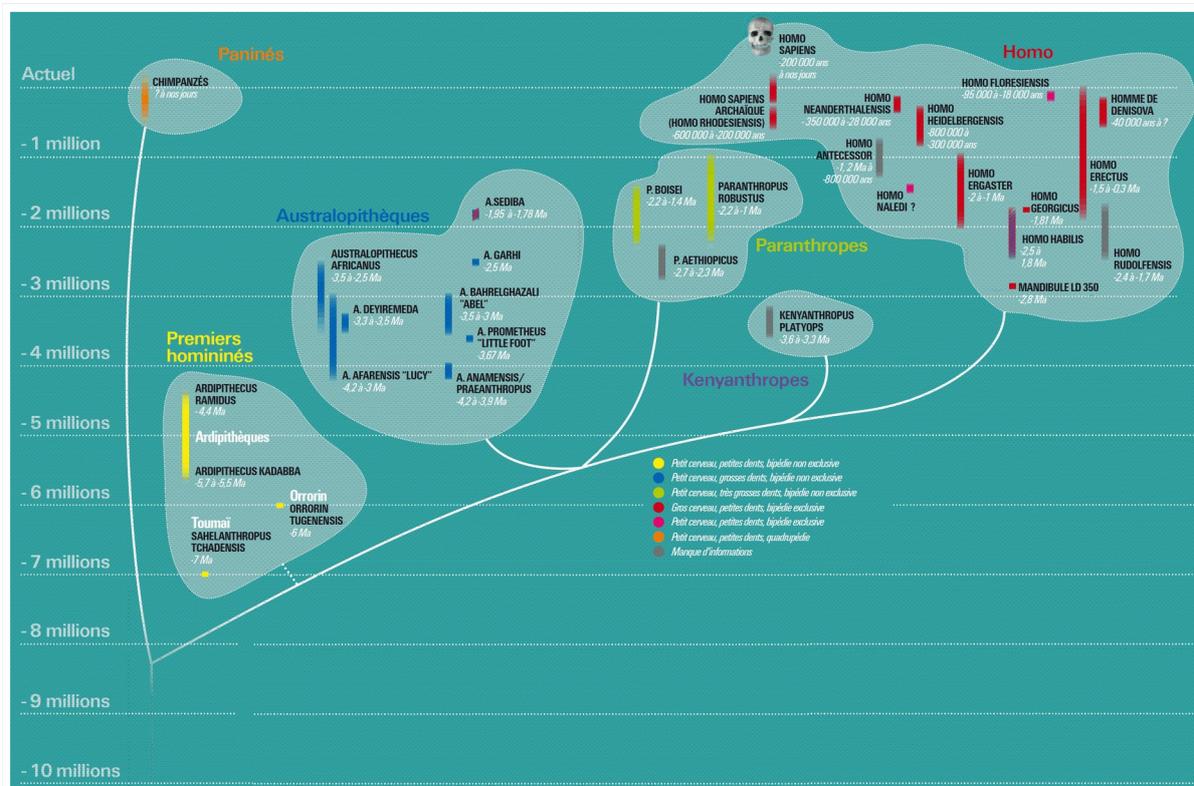
La description demeure globalement imprécise. Il est donc impossible de considérer tel ou tel fossile comme un ancêtre commun de l'Homme et du chimpanzé.

Homme et Chimpanzé partagent un ancêtre commun récent. Aucun fossile ne peut être à coup sûr considéré comme un ancêtre de l'Homme ou du chimpanzé.

C. La phylogénie du genre Homo et de ses cousins...

Le genre Homo regroupe l'Homme actuel et quelques fossiles qui se caractérisent notamment par une face réduite, un dimorphisme sexuel peu marqué sur le squelette, un style de bipédie avec trou occipital avancé et aptitude à la course à pied, une mandibule parabolique, etc. Production d'outils complexes et variété des pratiques culturelles sont associées au genre Homo, mais de façon non exclusive.

La phylogénie du genre Homo est un sujet scientifique en devenir où les idées admises à un moment donné peuvent être

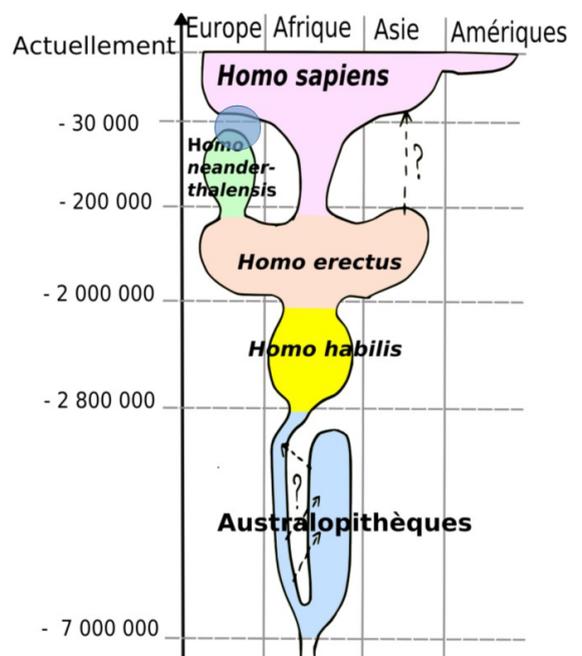


modifiées à la suite de nouvelles découvertes.

La construction précise de l'arbre phylogénétique du genre Homo est controversée dans le détail.

Dernières trouvailles : flux migratoire des Homo en deux phases principales :

- 1- Erectus quitte l'Afrique et envahit le moyen orient et l'Europe entre 1,5 et 2 Ma/ Néanderthalien est issu de cette population.
- 2- sortie de sapiens de l'Afrique, premières hybridation néanderthaliens/sapiens vers 60 000ans au proche orient / péninsule arabique mais peut être quelques dizaines de milliers d'années après la sortie d'Afrique... ???



Puis migration vers tous les coins du globe et certainement d'autres hybridations avec ce qu'on appelait avant 2010 d'autres espèces, mais qui sont en réalité d'autres population de la même espèce.