



GEOLOGIE TSExp

Moussa Sery COULIBALY

Concept General 01: L'Evolution de la Terre et du monde Vivant

COURS DE GEOLOGIE TERMINALE Science Exacte

Sous-concept 01 : Histoire de l'Evolution de la terre et des êtres vivants

Activité 01 : Origine et évolution de la terre

L'âge de l'univers est estimée à 15 milliards d'années. Elle est l'une des huit planètes du système solaire.

Ces planètes gravitent autour du soleil.

Le soleil est l'une des milliards d'étoiles regroupées dans la voie lactée. Le système solaire occupe une place excentrée sur un des bras de la voie lactée.

La galaxie est regroupée en amas et en super amas. L'univers rassemble l'ensemble des supers amas.

La terre est formée il y a 4,5 Ga. La terre primitive ne comptait ni océan ni continent. Elle était constituée d'une sphère de magma et une température avoisinant les 2000 degrés.

Il y a 4,57 Ga il y a eu une superbe explosion suite à laquelle un nuage interstellaire composé de gaz et de poussière se forme sur lui-même. À son centre se forme le soleil, tandis qu'à la périphérie des particules s'amassent des gaz qui se condensent pour former la terre. Donc il y a 4,45 Ga la terre avait la forme actuelle.

Les éléments intervenus dans la formation de la terre sont : les grains provenant du nuage interstellaire des petits corps se laissant appeler les planetisimaux, les embryons planétaires et les météorites.

Les études physiques ont démontré que l'univers semble être formé au cours d'un phénomène appelé Big-bang. Il y a 13,7 Ga cet âge a pu être calculé à partir du taux d'expansion actuelle de l'univers et est constamment réévaluée.

Une explosion a transformé une très grande quantité d'énergie et de matière.

La formation de la terre se déroule en plusieurs étapes :

- Vers 4,568 Ga de minuscules grains solides se condensent et se collent.
 - Une fois qu'une taille centimétrique a été atteinte les grains sédimentent dans le plan médian du disque.
 - Ils s'agglomèrent pour former des planetisimaux puis un embryon planétaire.
- Plusieurs dizaines d'embryons planétaires s'entrechoquent et forment la terre. Puis un noyau *métallique*, un manteau, une croûte basaltique s'individualise. L'énergie provenant des chocs est tellement importante que la future terre arrivée en fin de croissance fond formant un magma silicaté et un noyau de fer.

La collision ultérieure due aux météorites apporte de nouveaux matériaux. On pense qu'une partie de l'eau aujourd'hui présente sur terre a été apportée par les objets portés formés dans les parties internes du système solaire. Au bout de quelques centaines de millions d'années, la terre a acquis une structure proche de l'actuelle avec un noyau central métallique, un manteau silicaté solide, une enveloppe externe portant les premiers continents et les premiers océans et une enveloppe gazeuse.

Consigne

1. Détermine l'âge de l'univers.
2. Qu'est-ce qui est à l'origine de sa formation ?
3. Situe la terre dans l'univers et détermine son âge.
4. Cite les éléments intervenants dans la formation de la terre.
5. Décris les étapes de la formation de la terre.
6. Quelle est la composition de la terre primitive ?

Synthèse partielle

5. Les étapes sont :

-Grains solides, Condensation des grains, sédimentation dans le plan médian, agglomération pour donner les planetisimaux, les planetisimaux s'entrechoquent pour former la terre.

6. La terre était formée d'une sphère de magma dont la température avoisine 2000°

Activité 02 : L'évolution de la planète terre.

Elle était entièrement recouverte de volcans. Puis ces volcans ont commencées à expulser des gaz de l'intérieur de la terre et surtout de la vapeur d'eau. Après 150 millions d'années de dégazage intensif du magma du manteau une atmosphère primitive composée de méthane, d'ammoniaque, de gaz carbonique et autres gaz s'est formée.

La terre s'est refroidie et la température de son atmosphère est descendue sous 100° permettant ainsi à toutes les vapeurs d'eau de se transformer en eau liquide par condensation. Des pluies diluviennes se sont abattues sur la terre et les premiers océans sont formés.

Consigne : à partir de ce texte et les dessins

1. Explique la formation de l'atmosphère primitive.

2. L'atmosphère primitive ne contenait pas de dioxygène pourquoi ?
3. Comment les premiers océans sont formés ?
4. Décris l'évolution morphologique de la terre de 200 millions d'années à nos jours.
5. Pourquoi dit-on que l'ouverture de l'océan atlantique n'a lieu partout en même temps ?

Synthèse partielle

1. L'atmosphère primitive est formée il y a environ 150 millions d'années de dégazage intensif du magma du manteau. Une atmosphère primitive s'est formée. Composée de vapeur d'eau, de méthane, d'ammoniaque, et d'autres gaz.....
2. Il n'y avait pas de l'oxygène car il n'y avait pas d'êtres producteurs.
3. Le refroidissement de la partie superficielle de la terre permet la formation d'une croûte externe solide, ainsi que la condensation de la vapeur d'eau en nuages puis en pluies diluviennes pendant des millions d'années. Ces pluies ont remplies les terres basses formant ainsi les premiers océans.
4. La terre s'est formée il y a 46000 Ma par collision et agglomération de blocs de corps célestes semblables aux météorites.

Les étapes de sa formation :

- Le réchauffement dû à la radioactivité et aux forces gravitationnelles ont fait un corps très chaud.
 - La phase de différenciation le fer et les éléments lourds tombent au centre tandis que les éléments légers montent à la surface pour former la croûte terrestre.
 - La formation des couches concentriques avec un noyau dense.
- La condensation de la vapeur d'eau, et donc l'apparition des océans. Les chutes de météorites se font beaucoup plus rares.

Le refroidissement superficiel se poursuivant, la vie va apparaître dans l'eau : les premières bactéries se forment, et sont à l'origine de roches arrondies appelées « stromatolithes », dont les plus anciens datent de -3,5Ga.

Ces bactéries ressemblent beaucoup à certaines bactéries actuelles, les cyanobactéries, qui ont la particularité de provoquer la précipitation du carbonate de calcium (calcaire), à l'origine de ces roches arrondies.

5. L'océan atlantique tend encore à s'élargir tandis que l'océan pacifique a tendance à se rétrécir à cause de l'avancée des deux Amériques et les deux arcs

insulaire asiatiques.

Activités 03 : Evolution de la vie sur la planète terre

Origine de la vie :

L'origine de la vie remonte à environ 3,5 milliards d'années. L'atmosphère était composée de méthane d'ammoniaque, de gaz carbonique et d'autres gaz qui sont encore abondants de nos jours.

Les chimistes ont reconstitués expérimentalement ces conditions en laboratoire. Si ces gaz sont mélangés dans un flacon avec de l'eau et en y ajoutant de l'énergie sous forme de charge électriques les substances organiques se forment spontanément y compris les acides aminés et les éléments entrant dans la structure de acides nucléiques.

Il paraît que les étendues d'eaux à la surface de la terre formait une sorte de soupe primitive de composés organiques précurseur de la vie à partir desquelles s'est formés les premiers êtres vivants les bactéries.

Consigne :

1. Cite les conditions dans lesquelles la vie serait-elle formée .
2. Quelles sont les premiers êtres formés sur la terre ?
3. Explique l'expression soupe primitive.

Synthèse Partielle

1. Les conditions dans lesquelles la vie semble être formée sont les suivantes :

- La température de l'eau descend sous 100°
- Absence de dioxygène
- Rayonnements ultraviolets et intenses.
- Atmosphère riche en gaz volcaniques.

On pense dans un premier temps il y eut formation de la molécule organique à partir de la seule molécule minérale constituant la molécule périodique.

2. La trace des plus anciens laissés par les êtres vivants découvert à ce jour date de 3,8 G a. Il semble qu'il s'agit de bactéries.

3. La soupe primitive :

Est le milieu liquide dans lequel la vie est supposée être apparue. C'est le milieu biotique consistant en un milieu liquide chaud contenant des molécules organiques (les acides aminés et les bases azotées) et dans lequel se seraient formées les premières cellules vivantes.

La théorie de la soupe primitive suggère que la vie commencée dans un étang ou un océan a la suite d'une combinaison de produits chimiques.

La toute première trace de vie est apparue au précambrien détectée par les scientifiques il y a environ 3,8 milliards d'années. C'étaient les traces de leurs activités. Ces formes étaient des bactéries primitives anaérobies elles fabriquaient et rejetaient le dioxygène.

Evolution de la vie :

Est-ce tous les êtres vivants ont une origine commune ?

La présence de cellules dans tous les êtres vivants laisse penser qu'ils possèdent tous un ancêtre commun et donc une origine commune.

Mais quel phénomène aurait pu être à l'origine de cette pluie de météorites ?

La course de ces météorites aurait pu être modifiée par le champ de gravité de la plus grosse planète du système solaire: Jupiter. En se désintégrant lors de leur collision avec la Terre, les météorites auraient libéré de l'eau. Au fil des collisions les océans seraient apparus. Contrairement à ce que l'on a longtemps pensé, la formation des océans aurait été relativement rapide. Le géologue Stephen Mojzsis, en mesurant la teneur en oxygène de zircons extraits des plus anciennes roches terrestres, pense que les roches auxquelles appartenaient ces zircons se sont formées en présence d'eau. A partir de l'âge des zircons (environ 4 milliards d'années), S.Mojzsis a estimé que les océans avaient mis environ 150 millions d'années à se former. 150 millions d'années après sa formation, notre Terre avait donc des océans riches en fer (de couleur verte) et son atmosphère plus dense que l'actuelle lui donnait une teinte rougeâtre. La température à la surface était certainement de l'ordre de 93°C. Les gaz qui constituent cette atmosphère primitive sont le diazote, le dioxyde de carbone et le méthane. Petit à petit le bombardement météoritique va se ralentir. C'est l'étude des stromatolithes qui va fournir une explication à l'apparition du dioxygène de l'atmosphère. Ces cyanobactéries utilisent du dioxyde de carbone et la lumière et rejettent du dioxygène.

Comment ce nuage de poussières a-t-il engendré la Terre ?

Ce nuage de poussière est appelé nuage moléculaire. Ce nuage est immense, plusieurs centaines d'années lumière (quelques milliards de km de diamètre). Il

est formé de débris d'étoiles ayant appartenu à un univers primitif, étoiles qui auraient explosé après avoir consumé toute leur énergie. Lors de l'explosion, les particules (dont des éléments lourds : fer, nickel, aluminium, silicone...) qui constituaient ces étoiles ont été vaporisées à travers toute la galaxie. Puis, sous l'effet d'une force, [la gravité](#), ces particules se sont rassemblées pour former des étoiles et des planètes.

Sous l'effet des forces gravitationnelles, les particules du nuage moléculaire se sont agglomérées, puis, pendant une dizaine de millions d'années, le nuage s'est comprimé lentement sous l'effet de sa propre gravité. Cette compression a provoqué l'accroissement de la vitesse de rotation du nuage. L'énergie dégagée par l'apport de matière a réchauffé le centre du nuage. Cette boule en rotation est devenue notre Soleil (1,4 millions de km de diamètre) !

Histoire géologique

L'ouverture de l'océan Atlantique commence par une phase de [rifting](#) au niveau de l'Atlantique central, lié à des phénomènes distendus post-[varisque](#).

Au [Permien](#), le domaine continental entre l'Amérique et l'Afrique du Nord-Ouest subit une surrection qui conduit à un début de dislocation de cette zone continentale. Un important volcanisme a lieu qui conduit à la formation de la [Province magmatique centre atlantique](#). Au [Trias](#) s'initie une phase de rifting au niveau des marges du [Maroc](#) et de la [Nouvelle Écosse](#)¹⁵. L'accrétion de [plancher océanique](#) s'initie dès la fin du [Sinémurien](#)¹⁶ et se poursuit jusqu'à aujourd'hui. Enfin, l'ouverture de l'Atlantique nord a lieu à l'[Éocène](#), il y a environ 50 millions d'années.

Formation de l'océan atlantique

L'ouverture de l'Océan Atlantique est le résultat de la fragmentation du [supercontinent](#) de la [Pangée](#), et de la migration des [continents africain, sud-américain, eurasien](#) et [nord-américain](#) au cours du [Mésocène](#).

Les premiers épisodes de [rifting](#) de l'Océan Atlantique central démarrent au niveau des marges ouest-africaines et nord-américaines au [Trias Moyen](#) et perdurent jusqu'à l'[océanisation](#) au [Jurassique Inférieur](#)¹⁷. Les premières phases d'accrétions de [planchers océaniques](#) sont débattues entre le [Sinémurien](#)¹⁸ et le [Toarcien](#)¹⁹. Dans la [stratigraphie](#) générale décrites sur les [marges](#)

conjuguées nord-américaines et ouest-africaines, les évaporites et les séries « rouges » sédimentaires détritiques continentales triasiques sont recouvertes par des formations épaisses de **carbonates jurassiques**²⁰. L'ouverture de l'Atlantique est associée également à la mise en place d'une province volcanique affectant l'ensemble de la région : les basaltes de la **province magmatique centre-Atlantique** (CAMP basalts dans la littérature anglophone) datés précisément à 200 ± 3 Ma (**Hettangien**)²¹.

Sa vitesse d'expansion actuelle est d'environ deux centimètres par an.

L'Océan Atlantique occupe un long bassin s'étendant du nord au sud, borné à l'ouest par les **Amériques**, à l'est par l'**Europe** et l'**Afrique**. Il atteint une profondeur maximale de 8 605 m à la **fosse de Milwaukee** près de **Porto Rico**. La **dorsale médio-atlantique** étant toujours active, la création de **plancher océanique** y est encore observable (**fumeurs noirs**, **laves en coussins**, **hydrothermalisme**...).

Géométrie des dorsales médio-océaniques

En termes de **bathymétrie**, la **dorsale médio-atlantique** apparaît comme une chaîne de montagne sous-marine causée par trois facteurs simultanés :

- l'épaisseur de la **croûte océanique** y étant très faible, voire nulle (**manteau** porté à l'affleurement), la dorsale ne subit pas l'effet « d'enfoncement » dans le manteau marquant habituellement la croûte océanique qui est globalement dense ;
- les **cellules convectives mantelliques** actives à la base des **dorsales** tendent à appliquer une force dirigée vers le haut à l'aplomb de ces dernières ;
- enfin, la **croûte océanique** au niveau des dorsales est plus jeune, donc plus chaude et donc globalement moins subsidence.

La dorsale médio-atlantique s'étend depuis l'île **Jan Mayen** au nord jusqu'à environ 58° de latitude sud, pour une largeur maximale de 1 600 km. Le centre de la dorsale est occupé par un fossé profond de plus de 1 000 m et large de 25 à 50 km. De part et d'autre de ce fossé, la dorsale s'élève à moins de 1 500 m au-dessous du niveau de la mer, plusieurs montagnes s'élèvent même au-dessus de l'eau et forment des îles.

L'Atlantique sud possède une dorsale additionnelle, la **dorsale de Walvis**.

La dorsale médio-atlantique partage l'océan Atlantique en deux grandes dépressions dont la profondeur varie entre 3 700 et 5 500 mètres. Des dorsales transverses les divisent en plusieurs bassins.

Etapes de la formation de la terre :

Etape 0. Genèse du système solaire : la terre commence à se former, en même temps que le soleil et les autres planètes, par accrétion de poussières minérales issues de générations d'étoiles (nébuleuse proto-solaire). Ce point de départ se situe vers – 4 milliard et demi d'années.

Etape 1. La chute des particules minérales les unes sur les autres, qui, du point de vue de la terre sont autant de météorites, fait monter la température de l'ensemble et conduit à sa fusion. Les éléments se ségrègent. Le fer liquide se dirige vers le centre et va former le noyau liquide ; autour, les silicates de magnésium, en un mélange de solide et de liquide, surnagent (manteau) ; à la périphérie, une mince croûte solide. Les gaz se séparent des solides et commencent à constituer une atmosphère, ou bien s'échappent de la terre pour les plus légers.

Etape 2 : La graine sous forme de fer solide commence à se former, entourée de fer liquide ; la croûte s'épaissit ; l'eau se condense en pluie, on observe le début de formation d'un océan ; une atmosphère primitive se forme. La chute de météorites se poursuit. Cette étape dure quelques millions d'années.

Etape 3 : Tectonique des plaques

A - 4 milliards d'années, la terre est pratiquement constituée telle que nous la connaissons aujourd'hui, avec le noyau de fer liquide, la graine solide, le manteau devenu essentiellement solide ; il y a convection dans le manteau et entraînement de ce qui va constituer les plaques tectoniques. La tectonique des plaques a donc un fonctionnement ancien. Elle était plus rapide au début, la croûte étant plus mince, et le manteau plus chaud. Après un milliard d'années, la croûte est relativement épaisse. Les plus anciennes roches retrouvées sur terre ont - 3.6 milliards d'années.

Comment ce nuage de poussières a-t-il engendré la Terre ?

Ce nuage de poussière est appelé nuage moléculaire. Ce nuage est immense, plusieurs centaines d'années lumière (quelques milliards de km de diamètre). Il est formé de débris d'étoiles ayant appartenu à un univers primitif, étoiles qui

auraient explosé après avoir consommé toute leur énergie. Lors de l'explosion, les particules (dont des éléments lourds : fer, nickel, aluminium, silicone...) qui constituaient ces étoiles ont été vaporisées à travers toute la galaxie. Puis, sous l'effet d'une force, [la gravité](#), ces particules se sont rassemblées pour former des étoiles et des planètes.

Sous l'effet des forces gravitationnelles, les particules du nuage moléculaire se sont agglomérées, puis, pendant une dizaine de millions d'années, le nuage s'est comprimé lentement sous l'effet de sa propre gravité. Cette compression a provoqué l'accroissement de la vitesse de rotation du nuage. L'énergie dégagée par l'apport de matière a réchauffé le centre du nuage.

Cette boule en rotation est devenue notre Soleil (1,4 millions de km de diamètre) !



Le reste du nuage, la nébuleuse solaire, s'est étiré pour former un disque de matière. L'accrétion des particules a permis la formation d'objets plus gros : les planetisimaux (quelques mètres à quelques dizaines de mètres de diamètre). La naissance du système solaire aurait duré 10 à 15 millions d'années.



Grâce à quel processus des poussières se sont-elles transformées en planète ?

En mars 2003, une expérience informelle réalisée par l'astronaute Donald Pettit dans la station spatiale internationale, a permis de comprendre ce processus. Cet astronaute s'amusait à observer des sachets contenant du sel en apesanteur. L'intérêt de l'observation de D. Petit fut révélé par un autre astronaute : Stanley Love.



Particules de sel en apesanteur

En apesanteur, lorsque deux cristaux de sel entrent en collision, cela crée une charge électrostatique qui les force à s'agglomérer. Si on secoue le sac plastique contenant l'amas, il se désagrège mais dès que l'on arrête, l'amas se reforme. Cette première phase d'existence de la Terre (amas de poussières) aurait eu lieu il y a 4,5 milliards d'années. Lorsque cet amas atteint une taille suffisante (800 mètres de diamètre), sa masse est si importante qu'il aspire la poussière présente dans le disque environnant.

Pendant environ trois millions d'années, dans le système solaire interne, ces amas vont se regrouper pour former une vingtaine de protoplanètes.



Puis les protoplanètes entrent en collision et fusionnent pour donner quelques planètes dont Vénus, Mercure, Mars et la Terre. Notre Terre se serait formée sur une période d'environ 30 millions d'années ; ce qui restait du nuage a donné la ceinture d'astéroïdes dont provient l'essentiel des météorites. Les chocs aléatoires ont conduit à la formation de corps plus gros que ceux déjà formés ou à leur désintégration.

La température de cette Terre primitive est d'environ 4700°C (chaleur due aux collisions). Cette Terre est donc formée de matière en fusion. Petit à petit, la Terre se refroidit, les éléments les plus légers remontant vers la surface et les plus lourds (fer) s'enfonçant pour former un noyau. La solidification du noyau interne de la Terre aurait commencé il y a 3,5 milliards d'années.

Le matériau terrestre initial est constitué de fer à plus de 85% sous forme métallique réduite, et à moins de 15% sous forme métallique oxydée (ces proportions ont été obtenues à partir de l'analyse des chondrites).

Les météorites carbonatées dites CI (carbonatées de type Ivuna) auraient une composition chimique qui se rapprocherait de celle de la nébuleuse solaire primitive. Or ce matériau était initialement très oxydé. Pour pouvoir former les planètes, ce matériau a dû être réduit. A l'origine de cette réduction : un rayonnement constitué d'hydrogène chaud (un phénomène semblable est à l'origine de la formation des chondrites à enstatite (modèles pour la formation de la Terre), rayonnement correspondant à la phase T Tauri du Soleil

(rayonnement d'étoile jeune observé pour la première fois dans la constellation du Taureau)).



La Terre s'est donc refroidie jusqu'à atteindre une température de 1100°C.

Alors que la Terre a environ 50 millions d'années, elle va entrer en collision avec une autre protoplanète (de la taille de Mars). Cette collision sera telle que la Terre va "fondre". Cette collision serait à l'origine de "l'éjection de la Lune". La Lune se serait formée par agglomération des résidus de roche vaporisés lors de l'impact.

Au départ, la Lune était beaucoup plus proche de la Terre qu'actuellement, sa présence a engendré les marées.

La collision a probablement modifié l'axe de rotation de la Terre, cette inclinaison est à l'origine des saisons.

L'impact qui a donné naissance à la Lune aurait aussi déterminé la différenciation de la Terre et son organisation en plusieurs couches. Les deux objets qui sont entrés en collision avaient déjà chacun un noyau. Lors du choc les deux noyaux auraient fusionné et donné un seul noyau. A la suite de l'impact, la surface de la Terre serait restée en fusion pendant des milliers d'années, formant un "océan magmatique" d'au moins 1 000 km de profondeur. La fusion des silicates a produit un magma appauvri en silicium. Les solides résiduels silicatés, plus denses, ont constitué le manteau inférieur. L'alliage fer/nickel liquide, encore plus dense, a migré vers le centre, réduisant sur son passage une partie des silicates en silicium, incorporant ce silicium ainsi que de l'oxygène. Cette migration (en moins d'un million d'années) a entraîné

COURS DE GEOLOGIE TERMINALE Science Exacte

tous les éléments ayant une forte affinité pour le fer tels que le platine, l'or, l'iridium, le tungstène...

Lors de la fusion du manteau supérieur, la quasi totalité des gaz se sont échappés, contribuant à la formation de l'atmosphère.

A l'issue de cette différenciation primitive, il y a 4535 millions d'années, la Terre était donc constituée d'un noyau liquide d'environ 3400 km de diamètre, d'un manteau inférieur (1900 km d'épaisseur) et d'un manteau supérieur (océan magmatique d'environ 1000 km d'épaisseur).

Cette Terre primitive a failli disparaître à cause d'une tempête solaire. Mais son noyau, par un effet dynamo, a protégé la Terre en créant un bouclier magnétique : la magnétosphère. Sans son noyau, la Terre ne pourrait pas conserver une atmosphère. Cette atmosphère primitive contenait sûrement des gaz rares (néon, argon, krypton...), peu d'hélium, du dioxyde de carbone et de l'azote.

A ce stade de son histoire, la Terre ne possède toujours pas de croûte ni d'eau. En effet le système solaire interne est encore beaucoup trop chaud pour que l'eau puisse exister à l'état liquide. D'une part les matériaux constituant la Terre primitive ne contenaient pas assez d'hydrogène pour que son oxydation puisse former de l'eau, et d'autre part l'hydrogène terrestre n'a pas la bonne signature isotopique (peu ou pas de deutérium).

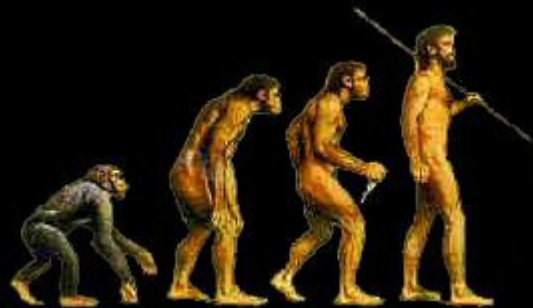
Résumé de l'histoire de la terre

Pour proposer un résumé de l'histoire de la terre, on présente le plus souvent la métaphore du calendrier en disant en raccourci que, si la terre se forme le 1er janvier, il faut attendre quelques secondes après le début du 31 décembre pour voir arriver l'homme. C'est une métaphore temporelle, proposons une métaphore spatiale : l'histoire de la terre de la base de la tour Eiffel jusqu'au sommet. L'homo sapiens qui enterre ses ancêtres, qui a une activité artistique, correspond à quelques millimètres de peinture sur la flèche de la tour Eiffel. Le reste, ce sont toutes les époques qui nous ont précédés. Cette métaphore spatiale nous fait imaginer que tout cela est encore sous nos pieds et attend de surgir par l'observation et par nos raisonnements. Les époques bien connues

en Europe occidentale, primaire, secondaire, tertiaire, forment l'essentiel de la hauteur de la tour. On retrouve sur la figure différents événements (certains déjà signalés) comme sortie de la vie de l'eau, au cours du primaire, les périodes de glaciations, différentes extinctions des formes vivantes, les époques de supercontinents etc.

L'apparition de l'homme

Les plus lointains ancêtres de l'homme (les australopithèques) sont apparus il y a 4 millions d'années. Des ancêtres plus proches (Lucy, homo habilis, puis homo erectus) ont commencé à utiliser des outils. Il y a 750.000 ans, ils ont maîtrisé le feu.



Désormais, nous changeons encore d'échelle de temps pour parler en milliers d'années, puis en années...

L'homme actuel (l'homo sapiens-sapiens), est apparu il y a 200.000 ans. Cela représente 0,0013% de la durée d'existence de l'univers.

Sur ces 200.000 ans, 194.000 ans correspondent à ce que l'on appelle la "préhistoire". Les hommes de cette époque vivaient en groupes nomades, se nourrissant grâce à la cueillette, la chasse et la pêche. Ils ont conscience de la mort, ils utilisent un langage, ils sculptent des objets et créent des représentations artistiques qu'ils peignent sur des rochers.

Les dernières 10.000 années de cette période ont été marquées par une évolution majeure au Proche-Orient, ainsi qu'en Inde et en Chine: l'invention de l'agriculture, dont la conséquence a été la sédentarisation. Et donc la création de villages. Puis de villes. C'est là que s'achève la préhistoire et que commence l'histoire. A partir de cet instant, le destin de l'homme ne sera plus déterminé principalement par l'évolution biologique, mais par les idées et la culture.

Tout ce qui va suivre s'est passé pendant les 6000 dernières années, soit 0,000045% de l'existence de l'univers.

Les plus lointains ancêtres de l'homme (les australopithèques) sont apparus il y a 4 millions d'années. Des ancêtres plus proches (Lucy, homo habilis, puis homo erectus) ont commencé à utiliser des outils. Il y a 750.000 ans, ils ont maîtrisé le feu.

Désormais, nous changeons encore d'échelle de temps pour parler en milliers d'années, puis en années...

L'homme actuel (l'homo sapiens-sapiens), est apparu il y a 200.000 ans. Cela représente 0,0013% de la durée d'existence de l'univers.

Sur ces 200.000 ans, 194.000 ans correspondent à ce que l'on appelle la "préhistoire". Les hommes de cette époque vivaient en groupes nomades, se nourrissant grâce à la cueillette, la chasse et la pêche. Ils ont conscience de la mort, ils utilisent un langage, ils sculptent des objets et créent des représentations artistiques qu'ils peignent sur des rochers.

Les dernières 10.000 années de cette période ont été marquées par une évolution majeure au Proche-Orient, ainsi qu'en Inde et en Chine: l'invention de l'agriculture, dont la conséquence a été la sédentarisation. Et donc la

création de villages. Puis de villes. C'est là que s'achève la préhistoire et que commence l'histoire. A partir de cet instant, le destin de l'homme ne sera plus déterminé principalement par l'évolution biologique, mais par les idées et la culture.

Les toutes premières traces de vie détectées par les scientifiques remontent à 3,8 milliards d'années. Il ne s'agit pas des fossiles d'êtres vivants mais de traces fossiles de leurs activités. Ces premières formes de vies sont des bactéries primitives anaérobies. Elles fabriquent et rejettent de l'oxygène dans les océans par photosynthèses. Elles envahissent progressivement la soupe primitive en Oxygène.

Il y a 1,9 milliards d'années, un nouveau type d'êtres vivants apparaît : Les premiers eucaryotes sont des algues unicellulaires. Les mers et les atmosphères continuent à s'enrichir en oxygène. Par la suite les algues unicellulaires apparaissent. Pendant plus d'un milliard d'années la vie est animée par ces unicellulaires. A cet effet certains de ces unicellulaires s'organisent en colonies et chaque de la colonie se spécialise dans une tâche. C'est ainsi que finit par apparaître il y a 670 millions d'années les êtres vivants pluricellulaires. Il y a 600 millions d'années les premiers mollusques apparaissent.

A la fin du précambrien il y a 545 millions d'années de très nombreux groupes d'invertébrés sont présents dans les mers.

b. Le paléozoïque : -545 Ma à -250Ma

Divisé en 6 périodes (cambrien, ordovicien, silurien, dévonien, carbonifère, permien)

La vie terrestre :

Au cours du silurien -440 Ma : Les petites plantes commencent a coloniser la terre. Ces végétaux évoluent et s'adaptent au nouvel environnement.

Au cours du dévonien -390 Ma il existe une flore terrestre formée de petites plantes, puis apparaissent les arbres et forment les premières forêts.

Au carbonifère : la terre est couverte de vastes forêts de fougères de prêles peuplées d'insectes.

La vie Marine

Au cambrien : apparait les gastéropodes et les arthropodes dont les trilobites.

A l'ordovicien : -510 Ma : Apparaît les premiers vertèbres qui ressemblaient aux poissons mais n'ont pas de mâchoire et sont couverts de cuirasse osseuse.

Au silurien -440 Ma : apparait les premiers vrais poissons.

Au cours du primaire de nombreuses espèces vivantes au fond des mers migrent dans les eaux douces puis colonisent la terre ferme a la suite des premières plantes terrestres. Après les invertébrés ce sont aux vertèbres de conquérir à leur tour le milieu terrestre. Il y a 350 Ma ce sont les amphibiens dont le plus connu est l'Ichtyostéga. Des amphibiens adaptés a la terre ferme naissent des reptiles.

C. Le secondaire : -250 Ma a -65 Ma

le secondaire comprend trois périodes : trias, jurassique, crétacée

Les premières plantes a fleurs apparaissent au jurassique. Et prolifération des ammonites et des bélemnites.

Apogée des reptiles : dans les mers les ichtyostégas qui ressemblent aux dauphins, dans l'air les ptérosaures, et enfin sur la terre ferme se sont les dinosaures. Ils apparaissent au milieu du trias il y a 250 Ma et vont progressivement dominer tous les écosystèmes jusqu'à leur disparition au crétacés il y 65 Ma.

Les oiseaux font leur apparition il y a 150 Ma (pendant le jurassique) avec l'archéoptéryx, qui présent encore de nombreux caractéristiques de reptiles. Il a des plumes et une longue queue des griffes au bout des ailes des dents.

d. Le tertiaire : -65 Ma a -1,8 Ma

Le tertiaire est divisé en cinq : paléocène, éocène, oligocène, miocène, pliocène.

Diversification des mammifères au paléocène.

Apparition des premiers australopithèques qui vont se diversifier en plusieurs

espèces au pliocène (4,2Ma).

L'apparition des premiers hommes homo Habilis il y a 2,4 Ma a la fin du tertiaire.

Le Quaternaire : -1,8 Ma à l'heure actuelle.

Le quaternaire est divisé en deux époques : Le pléistocène débute à -8000 ans et holocène qui se prolonge à l'heure actuelle.

Au début du quaternaire : il y a apparition et développement de l'homo erectus (-2Ma) en Afrique de l'est. C'est le premier à maîtriser le feu. L'homo erectus va progressivement peupler l'Afrique puis coloniser l'Europe, et l'Asie.

Il y a 200000 ans Homo erectus évolue pour donner naissance en Afrique à l'homo sapiens (L'homme moderne) et en Europe à l'homme de Neandertal.

Il y a 400000 ans Homo sapiens arrive en Europe où son représentant le plus célèbre est l'homme de Cro-Magnon.

Le seul représentant du genre homo est l'Homo sapiens c'est l'espèce humaine il y a 30000 ans

Consigne : A partir du texte

1. Pourquoi dit-on que les êtres vivants ont une origine commune ?
2. Nomme les êtres vivants et le phénomène responsables de la production de l'oxygène.
3. Explique l'événement ayant favorisé l'explosion de la vie terrestre.
4. Cite et explique deux caractères à résoudre par les animaux qui vont à la conquête du milieu terrestre.
5. A quel moment l'homme est apparu sur terre ?
6. Selon le milieu de vie combien de dinosaures existent-ils les quels

Synthèse partielle :

1. Tous les êtres vivants sont formés de cellules.
2. Les êtres vivants responsables de la production de l'oxygène sont les bactéries anaérobies.

Synthèse Partielle

1. La présence de cellules dans tous les êtres vivants laisse penser qu'ils possèdent tous un ancêtre commun et donc une origine commune.
2. Ce sont les algues qui sont responsables de la production de l'oxygène par le mécanisme de photosynthèse. C'est ainsi que l'atmosphère est enrichie en oxygène.

3. L'enrichissement de l'atmosphère, la formation de la couche d'ozone qui protège contre les rayons U.V ont beaucoup contribué à l'explosion de la vie sur terre.

4. Pendant le primaire des formes de vie sortent des mers et colonisent le milieu terrestre. Chez les animaux cela se traduit par l'acquisition d'un appareil pulmonaire et des membres permettant le déplacement hors de l'eau.

5. L'être humain est apparu au quaternaire.

6. Il ya environ 15 types de dinosaures.

Activité 04 : la crise géologique

A plusieurs reprises au cours du primaire le monde vivant a eu des crises profondes entraînant leur disparition massive de groupes entiers d'animaux et de plantes. La glaciation de la fin du dévonien entraîne la disparition de nombreux êtres vivants. A la fin du permien une gigantesque vague d'extinction se produit. Ces extinctions touchent en particulier la faune marine 90% des espèces marine disparaissent. C'est à cette époque que les trilobites disparaissent et l'ère suivante les formes de vie assez différentes vont se développer parmi les quels les dinosaures.

A la fin du crétacé il y a 65 Ma le secondaire se termine par une nouvelle crise biologique. Les trois quart du monde animal et végétal disparaissent. Les espèces typique de l'ère secondaire comptent au nombre des disparus : les bélemnites, les ammonites, les reptiles volants et les reptiles marines. Et les dinosaures.

De nombreuses hypothèses ont été avancées pour expliquer ce phénomène, mais la terre aurait connu en même temps deux cataclysmes : un astéroïde géant tombe du nord du Mexique, tandis que d'énormes éruptions volcaniques se produisent en Inde. D'énormes et très épais nuages de fumées de poussière, de roches en fusion obscurcissent le ciel. La température aurait chuté dans le monde entier. La lumière n'atteint plus la terre, sans lumière les plantes meurent entraînant la disparition des herbivores. Puis celle des carnivores.

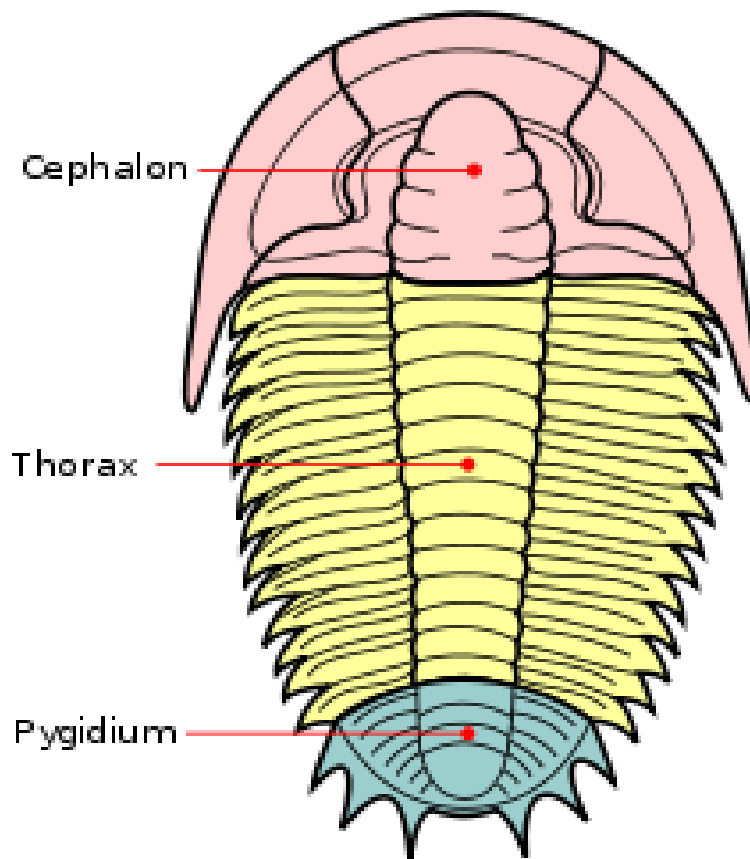
Parmi les rares espèces vivantes qui survivent à cette catastrophe on trouve les premiers mammifères, pendant l'ère suivante ils vont se diversifier prendre place dans les milieux occupés par les reptiles et devenir peu à peu la forme de vie dominante sur la terre.

Le crétacé prend fin sur une très importante crise biologique au cours de la

quelle 75% des espèces animales et végétales disparaissent. Dans les mers les nombreux groupes de mollusque marins (ammonites) le micro-organisme et les planctons disparaissent. Sur terre les dinosaures et les reptiles volants disparaissent.

Consigne

1. Qu'est ce qu'une crise biologique ?
2. Quelles les crises majeures que la terre a connu ? Explique leurs causes.
3. Quelles différences fais-tu entre les animaux suivants ?
4. Pour quoi on les appelle les trilobites ?

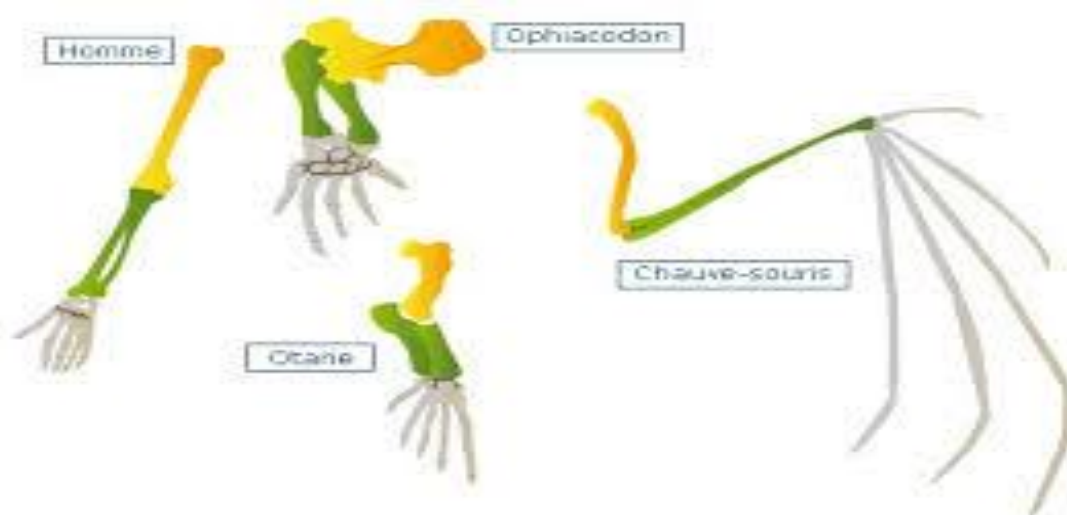


Le nom de trilobite provient de la subdivision du corps en trois lobes longitudinaux : un lobe médian, le rachis, et deux lobes latéraux, les plèvres (Fig. 1). On distingue également une subdivision en trois régions de l'avant vers l'arrière : le céphalon (« tête »), le thorax et le pygidium

Tous les êtres vivants présentent des structures cellulaires et un fonctionnement communs qui traduisent leur origine commune. L'apparence biodiversité du monde actuel est le résultat d'une évolution qui a débuté il y a plus de 3,8 milliards d'années. On peut établir des relations de parentés entre les êtres vivants actuels et fossiles en étudiant leurs caractères sous trois aspects différents :

- Les caractères microscopiques
- (morphologique / anatomiques)
- Les caractères embryologiques (impossible à établir pour les fossiles)
- Les caractères moléculaires

En confrontant les observations d'aujourd'hui aux données paléontologique, les arbres phylogénétiques rendent ainsi compte des relations plus ou moins étroites de parenté entre ces organismes. Il s'agit de la méthode la plus logique de classification des êtres vivants.



Le monde vivant est constitué des : procaryotes (bactéries)+ eucaryotes (animaux + végétaux + champignons)

Tous les êtres vivants ont des caractéristiques communes

- Ils sont composés de cellules.
- Leur information génétique est constituée d'ADN (Acide Désoxyribo Nucléique),
- Les mécanismes assurant le maintien du caryotype et des caractères d'une génération à la suivante au sein d'une même espèce sont les mêmes.

Réplication de l'ADN,

Mitose

Expression des gènes grâce à l'universalité du code génétique

- 3 segments osseux articulés (bras, avant-bras, main), constitués de la même manière (1 os : humérus, 2 os : radius, cubitus, 5 rayons osseux avec carpe, métacarpe, phalanges).
- Il est rattaché au squelette par la ceinture scapulaire (« épaules »).
- Il se met en place selon les mêmes modalités au cours du développement embryonnaire

NB : Les différences qui peuvent être notées proviennent d'une adaptation au mode de vie et de locomotion.

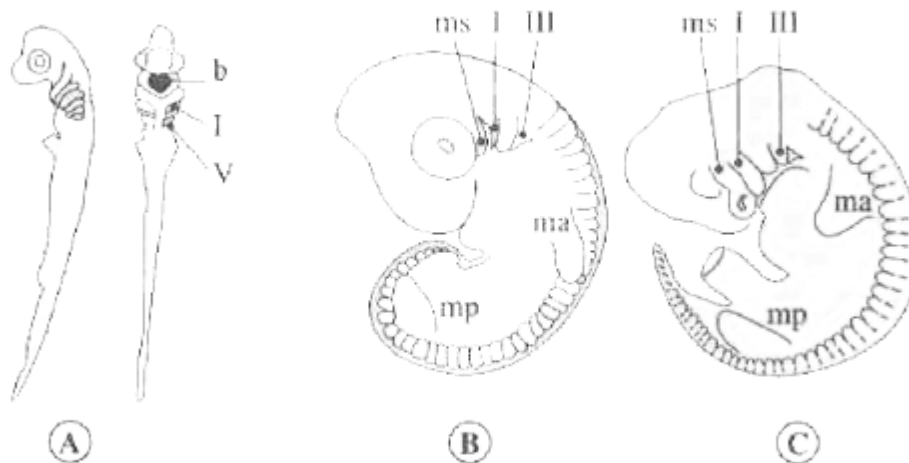
Ces organes sont HOMOLOGUES.

(Homo = « même ») Un caractère est dit homologue chez deux espèces si ce caractère présente

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

L'observation de cette identité suggère que ce caractère est hérité d'un ancêtre commun chez qui ce caractère est apparu.

Morphologie des stades embryonnaires précoces de quelques vertébrés



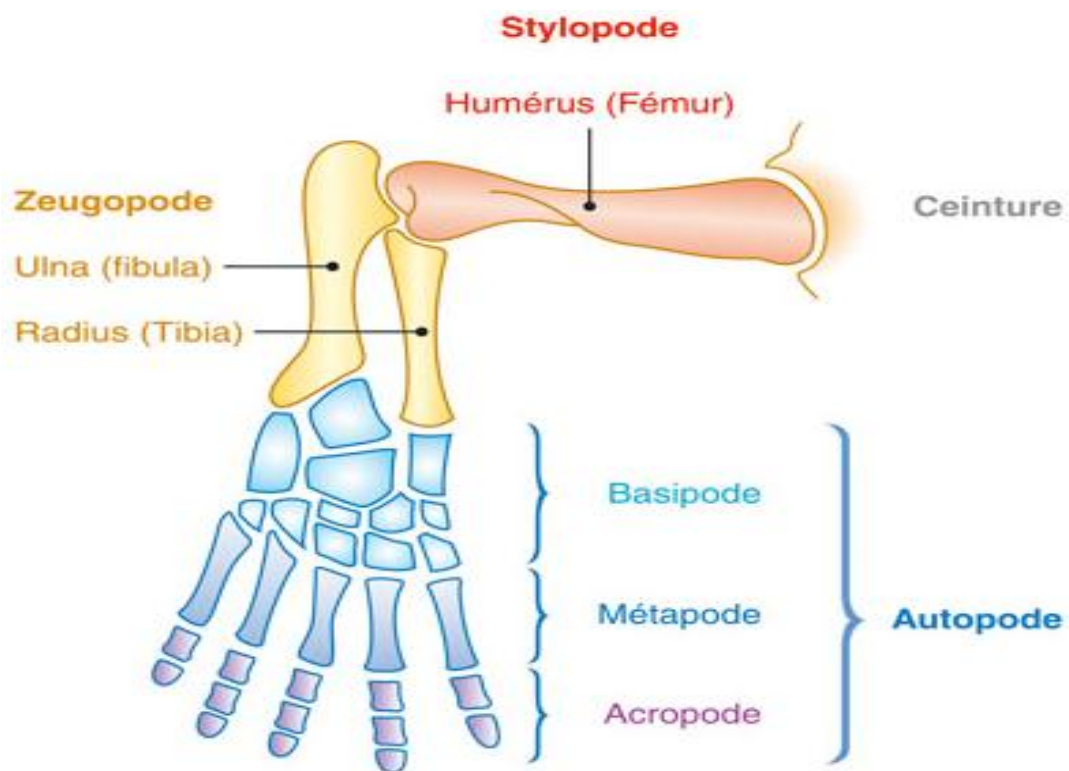
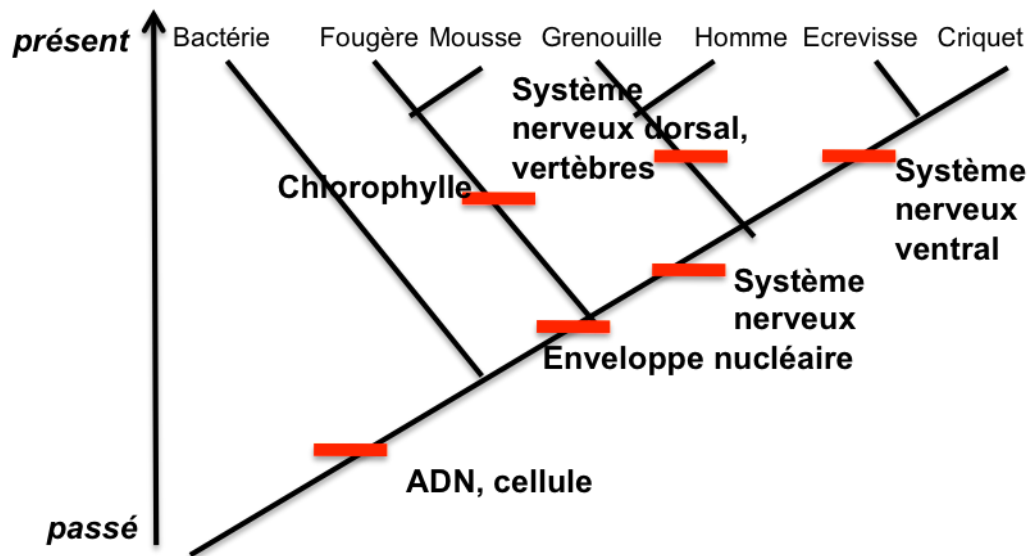
Embryons de : A – requin ; B – Lézard ; C – Porc ; b, bouche ; ma-mp, ébauches des membres antérieur et postérieur ; ms, ébauche de la mâchoire supérieure ; I-V, arcs viscéraux.

Phylogénie : relations de parenté évolutive entre les êtres vivants.

Arbre phylogénétique : représente la parenté entre les êtres vivants.

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

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



Activité 05 : Relation de parentés entre les êtres vivants

Unicité du monde vivant

Tous les êtres vivants qu'il s'agisse de bactéries de végétaux ou d'animaux partagent des caractères communs.

La cellule est un caractère commun structurel et fonctionnel : c'est l'unicité d'organisation du monde vivant siège de métabolisme.

La molécule d'ADN est le support de l'information génétique, dont l'unicité est le gène, sa structure et son code génétique sont universels et communs à tous les êtres vivants.

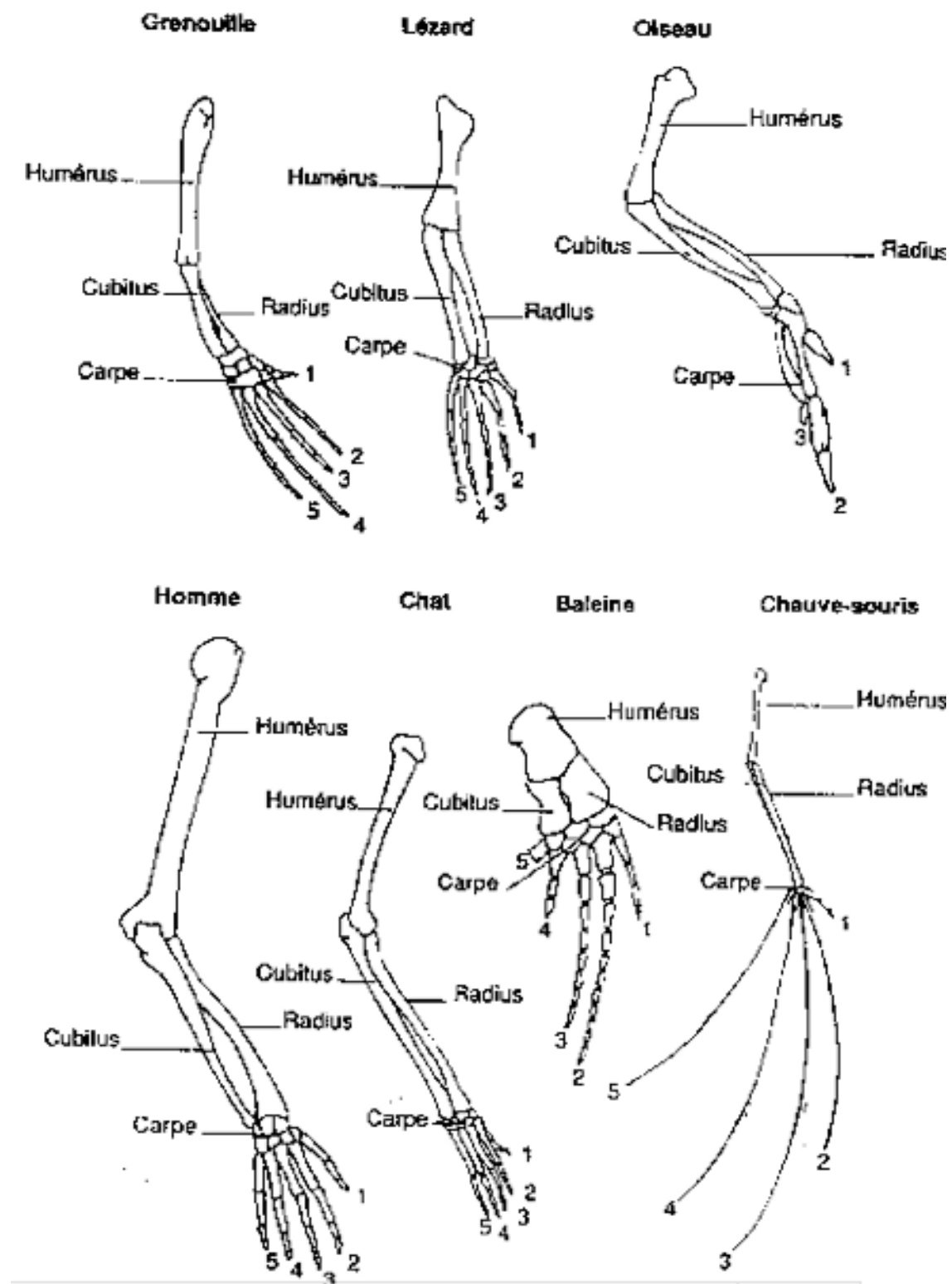
Les expériences de transgénèse interspécifique montre que les mécanismes de lecture de l'information génétique sont les mêmes chez tous les êtres vivants.

Cela implique que leur mode de fonctionnement est similaire

Des êtres vivants possèdent donc des caractères communs du point de vue fonctionnel, structural et génétique. Cela suppose qu'il existe une origine commune à tous les êtres vivants, un ancêtre commun à tous.

Le plan d'organisation des vertébrés :

Les vertébrés sont des groupes monophylétique ils possèdent un ancêtre commun à tous et partagent donc des caractères communs au niveau structural et fonctionnel.



Consigne

1. Quels sont les critères pour établir les relations entre les vertébrés ?
2. Dégage quelques points de ressemblance entre les membres.
3. Relèves les structures homologues.
4. Les squelettes présentent – il les mêmes organisations ?
5. Peut – on classer ces animaux dans la même espèce ? Pourquoi ?

Synthèse Partielle

1. Les critères de comparaison sont :

- Les similitudes morphologiques, anatomiques
- L'embryologie (présence d'un amnios, d'un placenta, stade de développement)
- Les cellules : présence ou absence de noyau.
- Les molécules.

2. Quelques points de ressemblance entre les squelettes.

- 3 segments osseux articulés (bras, avant-bras, main), constitués de la même manière (1 os : humérus, 2 os : radius, cubitus, 5 rayons osseux avec carpe, métacarpe, phalanges).
- Il est rattaché au squelette par la ceinture scapulaire (« épaules »).
- Il se met en place selon les mêmes modalités au cours du développement embryonnaire.

Les différences qui peuvent être notées proviennent d'une adaptation au mode de vie et de locomotion.

3. On dit que deux structures sont homologues lorsqu'elles ont un plan d'organisation similaire, une même position dans le plan d'organisation général de l'organisme, une même origine embryonnaire.

Les structures homologues sont

- Le squelette.
- Le squelette des membres.
- La séquence des acides aminés.

4. Les squelettes présentent les mêmes plans d'organisation.

N.B : Par contre une même fonction n'est pas toujours synonyme d'homologie.

On parle **d'analogie** lorsque les caractères assurent des fonctions similaires mais ne sont pas hérités d'un ancêtre commun : l'aile de la libellule permet le

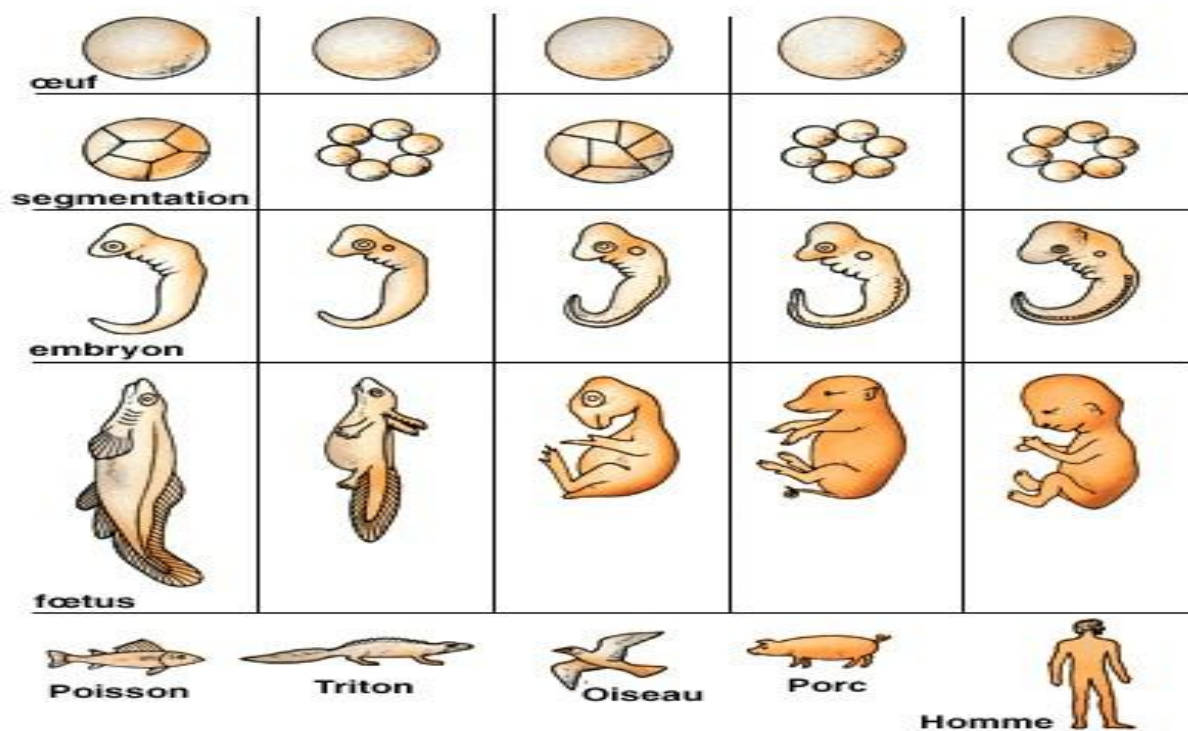
vol mais sa constitution, sa position dans l'organisme et son origine embryologique ne correspond pas du tout à celle des vertébrés.

Activité 06 : L'amnios est une membrane qui entoure la cavité amniotique qui est remplie de liquide. Chez l'homme, la cavité amniotique est appelée poche des eaux. Si on s'intéresse à sa présence ou à son absence chez les vertébrés on peut faire des observations suivantes :

-Il est absent chez les poissons et les batraciens, qui apparaît comme le groupe des anamniotes.

-Il est présent chez les reptiles, les oiseaux et les mammifères qui sont amniotes.

Or, l'apparition de l'amnios est une modification capitale dans le processus de développement embryonnaire chez les vertébrés. En effet, chez les poissons et les batraciens la reproduction doit se faire obligatoirement dans l'eau. En revanche l'amnios permet à l'embryon de se développer hors du milieu liquide à l'intérieur d'un œuf à coquille comme c'est le cas chez les reptiles et les oiseaux. L'amnios est donc bien une innovation évolutive majeure l'amnios constitue un clade. Un clade est ensemble d'êtres vivants apparentés qui possèdent en commun une innovation évolutive.



Consigne :

1. Quel est le rôle du liquide amniotique ?
2. Que signifie amniote ?
3. Peut-on dire que les vertèbres ont une parenté très étroite ?

Synthèse Partielle

1. Amnios : égale enveloppe embryonnaire délimitant une cavité égale la cavité amniotique, contenant un liquide, le liquide amniotique, nécessaire au développement de l'embryon.

2. Amniotes : vertébrés possédant un amnios, l'embryon se développe alors de façon indépendante du milieu aquatique, en milieu terrestre, grâce à « l'invention » de la cavité amniotique, véritable petit « aquarium » transportable tout d'abord dans un œuf à coquille (Reptiles, Oiseaux), puis dans l'organisme lui-même (Mammifères).

3. L'établissement des parentés se base sur des caractères dérivés hérités d'un ancêtre commun et permet donc de classer les animaux selon leur proximité évolutive. L'Homme se caractérise donc par sa bipédie mais surtout par la taille de son cerveau et ce qui en découle (culture et technique). L'Homme est issu du monde animal et est biologiquement semblable à d'autres animaux mais possède un cerveau développé qui lui a permis d'acquérir des particularités uniques dans le monde vivant (Conscience, pensée, capacité d'adaptation, civilisation, technique, lui permettant de s'affranchir des lois de la nature et de dominer le monde, l'homme est un eucaryote (cellule avec noyau, organites), un vertébré (squelette interne), un tétrapode (4 membres), un amniote (présence d'un amnios qui enveloppe l'embryon), un mammifère (poils, mamelles, placenta...), un primate (Vision binoculaire, ongle, pouces opposables), un hominoïde (singe anthropomorphe et sans queue), un hominidé (caractères chromosomiques et moléculaires), un hominidé (bipède et tendance à l'accroissement de l'encéphale). Un homme : bipédie parfaite, important volume crânien, activité culturelle (outils, art, sépultures...), maîtrise de la technique, civilisation, langage complexe. La lignée humaine est actuellement représentée par une seule espèce.

Activité 07 : arbre phylogénique

Le concept de dernier ancêtre commun à deux lignées d'êtres vivants correspond à l'espèce la plus récente, toujours hypothétique car non identifiable, que ces lignées partagent comme ancêtre commun.

Le DAC et tous les descendants forment un groupe monophylétique ou clade (rameau en grec) qui permet de retracer l'évolution des descendants de ce DAC, et de DAC en DAC, il est possible de remonter le temps dans l'arbre du vivant jusqu'au dernier ancêtre commun universel (DACU).

L'arbre phylogénétique présente les relations de parenté entre les organismes vivants. Il montre qui proche de qui ? Et non pas qui déscend de qui ? Il montre quel caractères sont vraiment les mêmes chez plusieurs espèces (hérité d'un ancêtre commun) et quels sont ceux (initialement vu comme les mêmes) ne le sont pas en fait.

Un caractère est un élément de la description du phénotype ou de génotype pour lequel il y a homologie. Quand on polarise un caractère, on le définit en tant que ancestral ou primitif ou dérivé en fonction du groupe d'être vivant que l'on veut classer. Les caractères ancestraux seront ceux partagés par tout, les caractères dérivés vont isoler tels ou tels individus par rapport aux autres.

De la matrice de caractères à la construction d'un arbre.

On élabore une matrice de caractères avec un échantillon d'espèces données et un certain nombre de caractères choisis. Par convention on note < 0 > pour un caractère ancestral et < 1 > pour le caractère dérivé.

	Cavité Amniotique	Présence de fenêtres temporales	Moins de 5 doigts à la main	Présence d'une fenêtre mandibulaire	Os du poignée en demi-lune
Serpent	1	1	1	0	0
Lézard	1	1	0	0	0
Tortue	1	0	0	0	0
Crocodile	1	1	0	1	0
Dinosaure	1	1	1	1	1

Ensuite avec le tableau on élabore tous les arbres possibles. On en élit un en appliquant le principe de parcimonie, c'est-à-dire que l'arbre doit nécessiter le moins d'hypothèses de transformation possibles.

L'arbre issu de notre matrice ci-dessus est :

Le document suivant montre un arbre construis a partir de matrice de caractères :

Consigne

1. Quel est l'intérêt d'un arbre phylogénétique ?
2. Dans quel état se trouve le caractère cavité amniotique chez le serpent ?
3. Quelle différence fais-tu entre caractère homologue et caractère analogue ?
4. Combien d'innovation sont nécessaires pour la réalisation de l'arbre (a).
5. Place les innovations (1 à 6) sur les autres arbres b et c.
6. Lequel des trois arbres est plus parcimonieux ? Pourquoi ?

Synthèse Partielle

1. Importance de l'arbre phylogénétique : Le but de la phylogénie est de **comprendre les relations de parenté**, de **retracer l'historique évolutif** d'un gène, d'une famille de gènes ou d'une espèce.

Les arbres phylogénétiques sont une très bonne manière de schématiser et d'appréhender ces relations rapidement. Leur interprétation est également assez aisée du moment que l'on connaît leur nomenclature.

Avant de vous expliquer celle-ci, je me pencherai donc d'abord sur comment les réaliser. Les arbres sont utilisés pour visualiser les relations de parenté, les arbres sont un très bon moyen de faire ressortir l'évolution d'une ou plusieurs espèces.

Phylogénie permet de tracer un arbre à partir d'un fichier contenant des séquences nucléiques ou protéiques. Ces séquences peuvent être alignées ou non.

2.

3. Un caractère est dit homologue chez deux espèces si ce caractère présente :
-un plan d'organisation similaire,
-une même position dans le plan d'organisation général de l'organisme,
-une même origine embryologique.

Exemple : la plume d'un perroquet et la plume d'un aigle sont homologues parce qu'héritées d'un ancêtre commun aux deux.

Un caractère est dit analogue lorsque les caractères assurent des fonctions similaires mais ne sont pas hérités d'un ancêtre commun.

Exemple : L'aile de la libellule permet le vol mais sa composition, sa position dans l'organisme et son origine ne correspondent pas du tout à celle des vertébrés.

4. L'arbre le plus parcimonieux est l'arbre qui porte moins d'innovation.

Une innovation est un caractère apparu chez une espèce et qui est transmis à toute sa descendance.

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

Les Vertébrés sont un groupe monophylétique. Les reptiles dans la classification classique des Vertébrés ne sont pas monophylétiques. Les oiseaux feraient partie des reptiles.

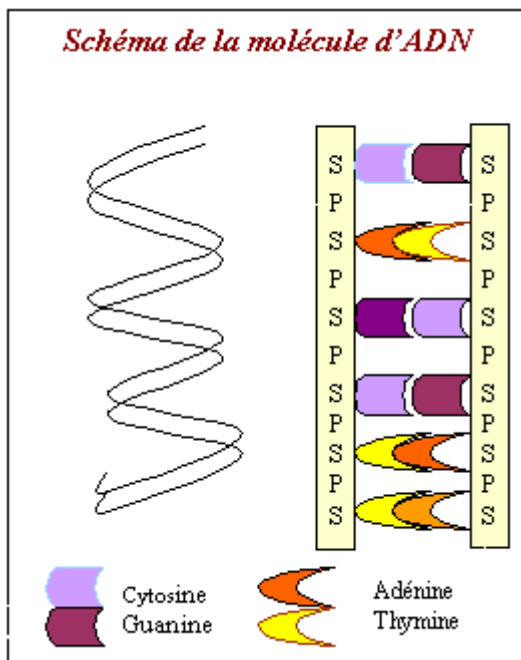
La notion de caractère dérivé est relative : la patte à 5 doigts est considérée comme primitive par rapport aux ailes, mais dérivé par rapport à la nageoire.

LE GÉNÔME : RAPPELS ESSENTIELS DE PREMIÈRE S

1.1 La nature de l'information génétique

Toutes les cellules d'un organisme possèdent la même information génétique. Elle est codée sous la forme de l'ADN, acide désoxyribonucléique. Cet ADN se présente sous la forme de plusieurs unités chacune désignée sous le nom de chromosome et localisés au sein du noyau de la cellule.

L'ADN est une molécule en forme de double hélice ; c'est une association d'acide phosphorique, de sucre ribose et de base azotées.



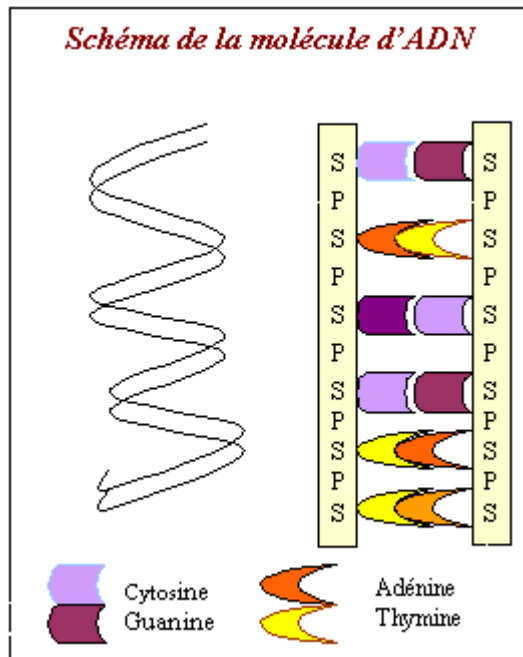
Les bases azotées forment les maillons de la double hélice. Il en existe de quatre sortes : l'adénine (A), la thymine (T), la cytosine (C) et la guanine (G). Ces bases azotées s'associent par paire : la cytosine avec la guanine (C-G) et la thymine avec l'adénine (A-T). L'information portée par l'ADN est exprimée sous forme de séquence des bases azotées (c'est à dire la nature et l'ordre des bases azotés) sur le brin transcrit.

1.2 Le passage de l'ADN à la protéine : transcription et traduction

Au cours de l'interphase, des parties spécifiques de l'ADN sont transcrites, c'est à dire lues et copiées pour donner naissance à de l'ARN messager (acide ribonucléique). L'ARNm est une molécule simple brin constituée d'acide phosphorique, de désoxyribose et de quatre bases azotées (Adénine (A), Uracile (U), Cytosine (C) et Guanine (G)). L'ARNm conserve fidèlement l'information portée par l'ADN grâce à la complémentarité des bases. Cet ARNm rejoint le cytoplasme où il est traduit en protéines. Cette étape requiert l'intervention des ribosomes et de l'ARN de transfert (cf cours de première S).

La traduction a donc lieu dans le cytoplasme. 3 ribonucléotides de l'ARNm (ou codon) désignent un acide aminé de la protéine. Le code génétique fournit les correspondances entre la séquence en codons de l'ARNm et la séquence en acides aminés de la protéine. Il est universel (même correspondance pour tous

les organismes du monde vivant), non ambigu (un codon désigne un et un seul acide aminé). Cependant un acide aminé peut être désigné par plusieurs codons différents, on dit que le code génétique est redondant. Et enfin certains codons, appelés "codon stop", ne désignent pas d'acide aminé. Ils terminent le processus de traduction et marquent la fin de la protéine.



2 LES MUTATIONS

2.1 Le gène est l'unité d'information génétique

Chaque organisme peut être caractérisé par son phénotype, c'est à dire un ensemble de caractères. Les caractères peuvent être biochimiques (présence d'une enzyme clef du métabolisme), physiques (couleur des yeux) ou comportementaux (comportement lors de la reproduction sexuée). Le gène est une portion de la molécule d'ADN suffisante pour l'apparition d'un caractère. Il est situé à un certain locus d'un chromosome. On peut simplifier cette définition en établissant la correspondance : un gène est la portion d'ADN codant pour une protéine (un gène = une protéine). Le génome d'un individu est l'ensemble de ses gènes. Le génome spécifie donc l'ensemble des caractères d'un individu (visibles et non visibles).

2.2 Les mutations sont de plusieurs types

Une mutation est modification de la séquence de l'ADN. Elles sont de deux échelles : les mutations chromosomiques et les mutations génomiques.

a) Les mutations génomiques apparaissent par :

.Substitution (un nucléotide est remplacé par un autre de nature différente, par exemple une guanine en cytosine) : Cela entraîne diverses conséquences au niveau de la protéine.

.Elles sont qualifiées de " muettes " si la substitution d'un nucléotide par un autre n'entraîne pas de modification de la protéine. Ce cas survient grâce à la redondance du code génétique : le codon est remplacé par un codon désignant le même acide aminé.

.Elles sont qualifiées de " faux-sens " si elles entraînent la modification de la séquence polypeptidique de la protéine. Si l'acide aminé modifié joue un rôle essentiel à la fonctionnalité de la protéine, cette dernière sera affectée. Il est cependant possible que la protéine conserve sa fonction.

.Elles sont qualifiées de " non sens " si un codon sens (codant pour un acide aminé) se transforme en un codon stop. La chaîne polypeptidique s'en trouvera raccourcie et cela aboutit, dans la plupart des cas, à une perte de sa fonctionnalité.

.Addition (un nucléotide est ajouté à la séquence nucléotidique) : Tous les codons suivants sont alors modifiés par décalage. La protéine résultante sera alors très différente de celle codée initialement et souvent inactive.

.Délétion (un nucléotide disparaît de la séquence d'ADN). De même tous les codons s'en trouvent modifiés et la protéine perd, dans la plupart des cas, sa fonctionnalité.

b) Les mutations chromosomiques apparaissent par :

.Addition d'une partie d'un chromosome sur un autre.

.Délétion d'une partie d'un chromosome sur un autre.

Ces modifications ont souvent des conséquences graves puisqu'elles affectent de nombreux gènes.

2.3 Tableau récapitulatif des mutations

	Conséquence au niveau de la séquence d'ADN	Conséquence au niveau de la séquence de la protéine	
Substitution	Remplacement d'un nucléotide par un autre	Muette : la protéine n'est pas modifiée. Faux sens : un acide aminé est remplacé par un autre. Non sens : la protéine est raccourcie.	Pas de modification, légère modification ou perte de fonctionnalité
Addition	Ajout d'un nucléotide	Protéine intégralement modifiée à la suite de la mutation	Perte de fonctionnalité
Délétion	Retrait d'un nucléotide	Protéine intégralement modifiée à la suite de la mutation	Perte de fonctionnalité

2.4 L'occurrence des mutations

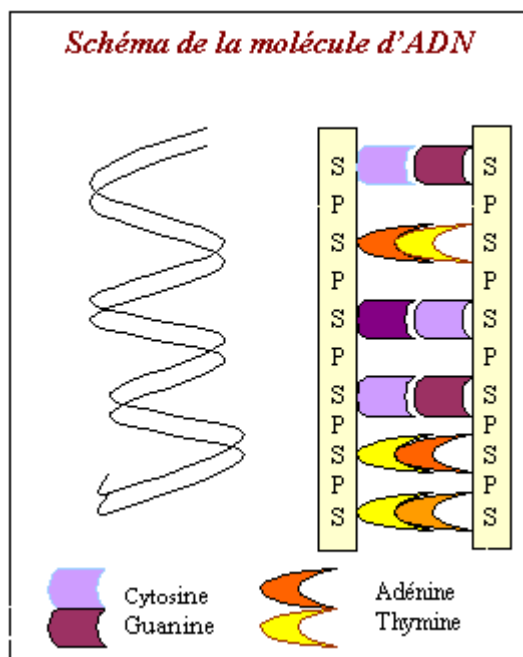
Transmission à la descendance: Les mutations surviennent de façon aléatoire et brutale. Le taux de mutation pour un gène donné est toujours faible, de 10^{-5} à 10^{-11} . Elles peuvent survenir à n'importe quel moment dans n'importe quelle cellule de l'organisme. Elles ne seront transmissibles que si elles se produisent au niveau de la lignée germinale. La descendance héritera alors de la mutation. Si elles apparaissent dans une cellule somatique, elles ne seront pas transmissibles à la descendance.

3 LE POLYMORPHISME GÉNÉTIQUE

Les mutations créent de nouveaux allèles, c'est à dire de nouvelles formes d'un gène donné. Un gène est dit polymorphe lorsqu'il existe, dans une population, sous plusieurs formes chez au moins 1% des individus. Le génotype d'un individu donne la composition en allèles de l'individu. A chaque phénotype correspond en général plusieurs génotypes. Les mutations peuvent être bénéfiques, si elles résultent en une amélioration de la fonctionnalité de la protéine, bien qu'elles soient le plus souvent négatives.

Chez les organismes, comme l'homme, possédant des paires de chromosomes, deux allèles sont présents pour un gène donné. On distingue alors les allèles dominants (s'exprimant dès qu'ils sont présents), des allèles récessifs (muets lorsqu'ils sont associés à l'allèle dominant cas des cellules hétérozygotes). Il existe parfois des allèles codominants : les deux allèles en présence s'expriment. Les allèles récessifs ne s'expriment que lorsque la cellule est homozygote pour ce gène (elle possède deux allèles identiques).

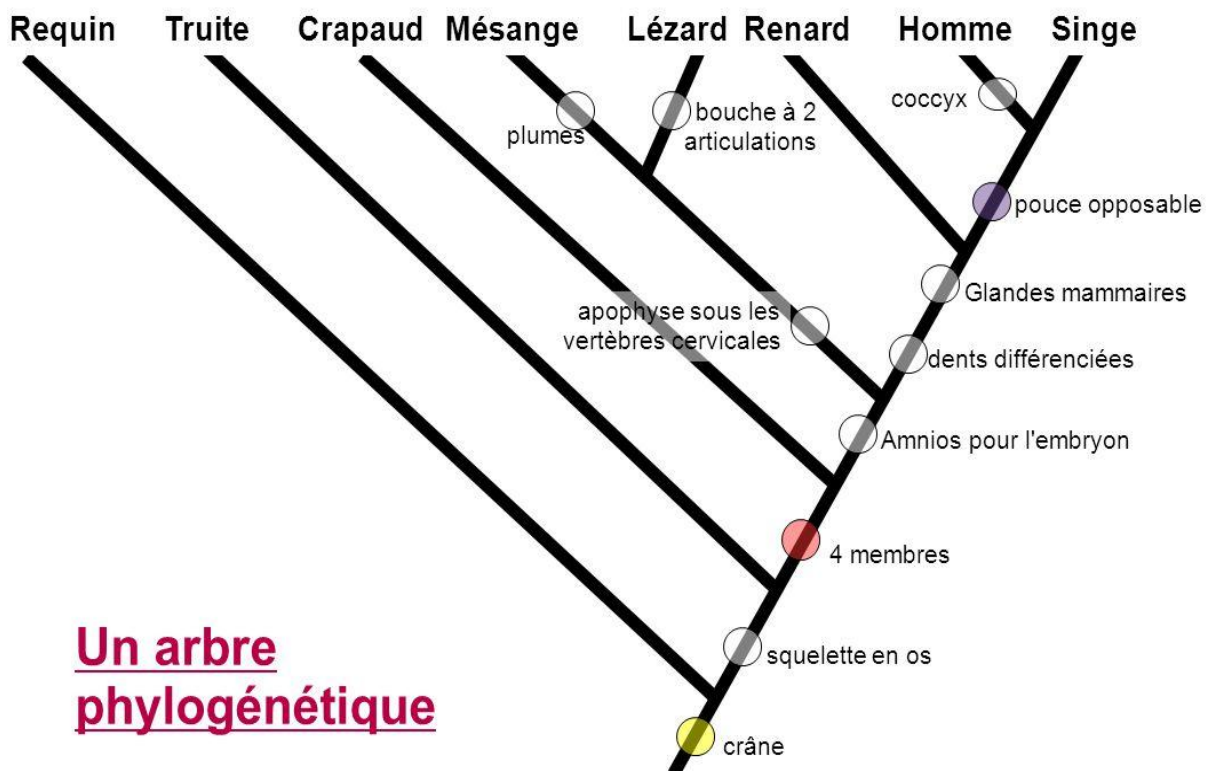
Récapitulatif de l'expression des mutations : distinction entre phénotype et génotype

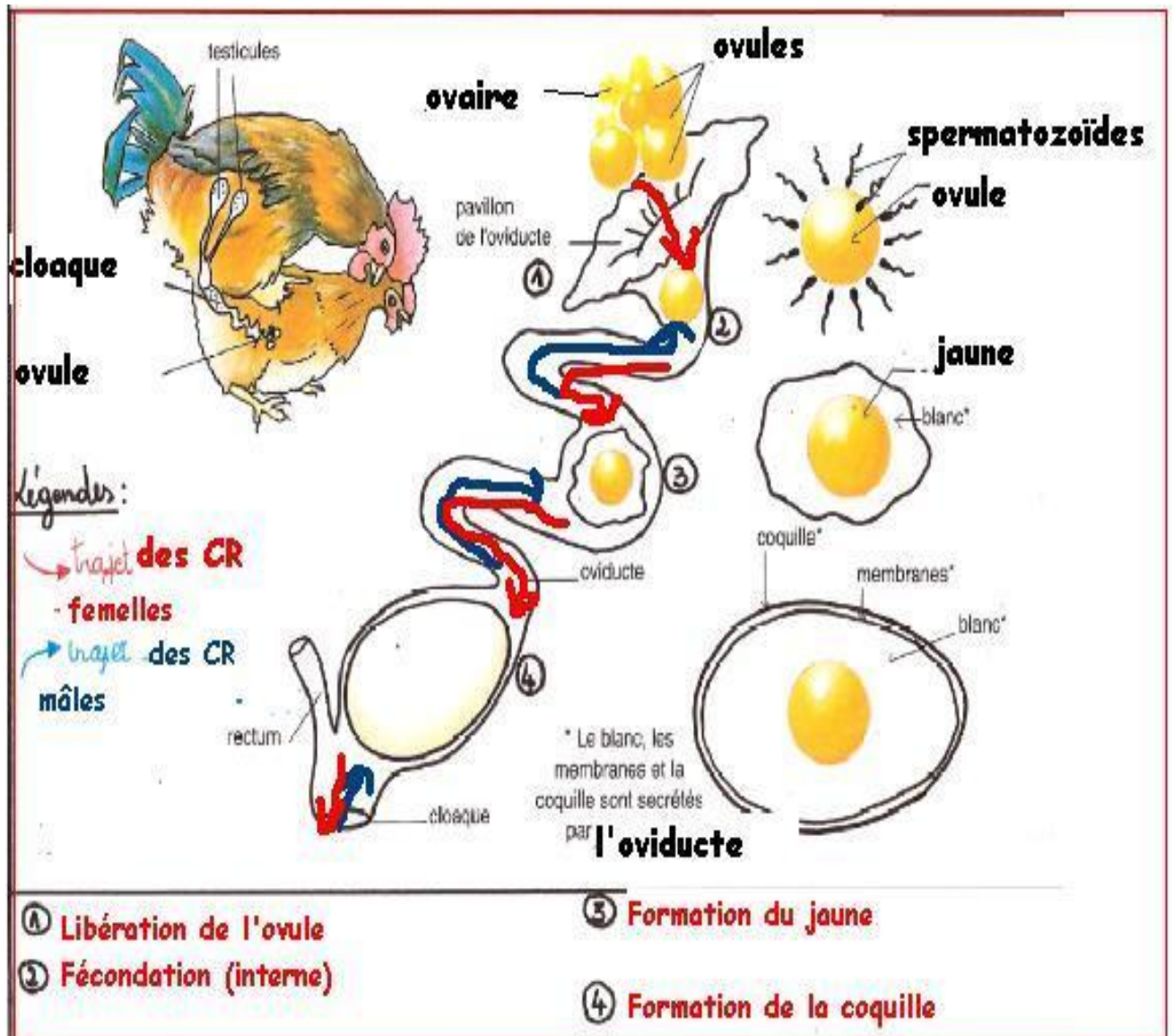


Les mots clés

- **ADN :**
 - Nucléotides, ribonucléotides, bases azotées

- Brin transcrit, transcription, ARNm
- Traduction, ribosome, ARNt
- **Génome :**
 - Gène, allèle, locus, dominance, récessivité
 - Génotype, phénotype
 - Homozygote, hétérozygote
- **Mutation :**
 - Mutations chromosomiques et génomiques
 - Substitution, addition, délétion, faux sens, non sens, muette
 - Transmissible, lignée germinale, cellules somatiques





Espèce : ensemble d'individus partageant des caractères communs, interféconds et engendrant des individus eux-mêmes féconds.

Il peut exister des **hybridations**, entre espèces (proches) différentes (âne-cheval, lion-tigre...) Mais les individus issus de ces reproductions sont stériles.

Par défaut, l'arbre est tracé avec la **méthode UPGMA** [Méthode UPGMA \(Lien externe\)](#).

D'après cette méthode, le racinage de l'arbre est situé à égale distance entre les branches. Il n'est donc pas possible de le réenraciner. En revanche, on peut permuer les branches ou afficher les distance avec les outils appropriés.

La méthode NJ (Neighbor Joining) : Le racinage de l'arbre est choisi arbitrairement. On peut donc inclure dans l'échantillonnage un groupe extérieur et réenraciner par rapport à ce groupe.

"L'arbre Clade" permet de traiter les données moléculaires comme les données anatomiques et morphologiques, c'est à dire en appliquant une approche cladistique. Cependant, comme il est impossible de savoir pour chaque acide aminé ou pour chaque base quels sont les états primitif et évolué, cette méthode est difficilement utilisable au lycée avec les données moléculaires.

Comment générer un arbre phylogénique ?

Avant de générer un arbre phylogénique, il faut savoir ce que l'on cherche à voir/à montrer et se poser les bonnes questions. La première de ces questions est de savoir si la visualisation en arbre est la meilleure pour nos données. En effet, cela ne sert à rien de vouloir construire un arbre si les séquences que l'on a en main sont trop éloignées en terme d'évolution. Mais si la réponse est oui, il faut alors considérer le degré de précision désiré : cherche-t-on à obtenir une phylogénie rigoureuse ou simplement à 'se faire une idée' sur nos données ? En effet, en fonction des besoins, plusieurs méthodes de génération d'arbres employant différents algorithmes existent et peuvent être utilisées.

L'établissement des parentés se base sur des caractères dérivés hérités d'un ancêtre commun et permet donc de classer les animaux selon leur proximité évolutive. L'Homme se caractérise donc par sa bipédie mais surtout par la taille de son cerveau et ce qui en découle (culture et technique). L'Homme est issu du monde animal et est biologiquement semblable à d'autres animaux mais

possède un cerveau développé qui lui a permis d'acquérir des particularités uniques dans le monde vivant(Conscience, pensée, capacité d'adaptation, civilisation, technique ...) lui permettant de s'affranchir des lois de la nature et de dominer le monde. L'homme est un eucaryote(cellule avec noyau, organites), un vertébré(squelette interne), un tétrapode(4 membres), un amniote(présence d'un amnios qui enveloppe l'embryon), un mammifère(poils, mamelles, placenta...), un primate(Vision binoculaire, ongle, pouces opposables), un hominoïde(singe anthropomorphe et sans queue), un hominidé(caractères chromosomiques et moléculaires) , un hominien (bipède et tendance à l'accroissement de l'encéphale), Un homme :bipédie parfaite, important volume crânien, activité culturelle (outils, art, sépultures...),maîtrise de la technique, civilisation, langage complexe... La lignée humaine est actuellement représentée par une seule espèce.

Un **homologue**, en biologie, indique ce qui a été hérité d'un ancêtre commun (issu de l'homologie). Sont dits homologues les caractères (structurels et comportementaux) dont l'analogie s'explique par la descendance d'une forme ancestrale commune.

On parle de membre ou d'organe homologue ainsi: attribut ou caractéristique d'une espèce qui est similaire à celle d'une autre espèce pour la position anatomique et la composition structurelle. Les différences entre les caractéristiques peuvent être reliées par les attributs de forme intermédiaire d'autres espèces ou de niveau de développement.

Autrement exprimé, les homologues qualifient des organes d'espèces voisines (les organes homologues qui sont des structures homologues) n'ayant pas nécessairement la même structure ni la même fonction mais provenant des mêmes ébauches embryonnaires. S'oppose à analogue et complète la paralogie et l'orthologie.

On trouve souvent deux définitions de l'homologie dans les cours ou dans les livres, sans que celles-ci soient articulées entre elles. On dit que sont homologues deux structures prises chez deux organismes lorsque celles-ci sont

héritées d'un ancêtre commun à ceux-ci. C'est l'homologie de filiation. Par exemple, la plume d'un perroquet et la plume d'un aigle sont homologues parce qu'elles sont héritées d'un ancêtre commun aux deux. Enoncée comme cela, cette notion n'est pas intéressante opérationnellement, puisque (1) elle ne dit pas comment on fait pour savoir qu'elle est héritée d'un ancêtre commun, et (2) elle ne spécifie pas le cadre taxonomique dans lequel ces structures sont observées. En effet, l'homologie de filiation ne prend tout son sens que dans un cadre taxonomique donné. Sans un cadre taxonomique de référence, dans la mesure où l'arbre de la vie est unique, tout serait finalement homologué à tout. Par exemple, l'aile du perroquet est homologue à l'aile de l'aigle en tant qu'aile (homologie au niveau taxonomique des oiseaux) et aussi en tant que membre antérieur (niveau taxonomique des tétrapodes). Tandis que l'aile du perroquet et l'aile de la chauve-souris, s'ils restent bien homologues au niveau du taxon tétrapodes en tant que membres pairs antérieurs, ils ne sont plus homologues en tant qu'ailes (niveau des Amniotes).

La seconde définition est l'homologie structurale qui correspond au principe des connections de Geoffroy Saint Hilaire reformulé par Owen en 1843. Sont homologues deux structures qui, prises chez deux organismes différents, entretiennent avec les structures voisines les mêmes relations topologiques, les mêmes connections, et ceci quelles que soient leurs formes et leurs fonctions. Par exemple, le radius d'un homme, d'un dauphin et celui d'une chauve souris ont tous à leur côté un autre os (l'ulna), en position distale les os du carpe et en position proximale l'humérus. Ceci est constant quelle que soit la forme de l'os (court et plat chez le dauphin, allongé et fin chez la chauve souris) et sa fonction (nage et vol respectivement). Pour reconnaître ainsi des structures comme homologues malgré d'importantes variations de forme, un plan d'organisation est utilisé (consciemment ou non), sorte de grille de lecture abstraite des rapports entre les structures.

En fait, d'un point de vue opérationnel, ces deux définitions s'articulent dans le temps. On commence par énoncer une hypothèse d'homologie sur la base d'une observation de connexions. Le cinquième métatarsien d'une tortue, d'un homme, d'un sphénodon et d'un lézard sont tous homologues, de par leur position dans le pied qui est toujours la même au regard des autres os. Pour

que cette structure soit intéressante sur le plan de la phylogénie, il faut que ces structures soient reconnaissables comme homologues mais qu'elles diffèrent légèrement au sein de l'échantillon des organismes que l'on se propose d'étudier, justement afin de reconstituer leur phylogénie (qui est plus proche de qui ?). Autrement dit, si le plan d'organisation permet de définir un caractère, les petites différences sont les états du caractère. On constate que le cinquième métatarsien du sphénodon et du lézard est coudé et forme un angle prononcé. Dans la matrice qui enregistre les observations codées de tous les caractères pour ces quatre taxons, on codera "zéro" pour un cinquième métatarsien droit et "un" pour un cinquième métatarsien coudé. A partir de tous les caractères, on recherche parmi tous les arbres possibles l'arbre **le plus parcimonieux, c'est-à-dire celui dont l'agencement des branches demande le plus petit nombre de pas évolutifs, ou de transformations d'états de caractères en d'autres**. Admettons que l'arbre ainsi obtenu nous apprenne que le sphénodon est plus proche du lézard que de la tortue. Alors au noeud de l'arbre commun au sphénodon et au lézard, une hypothèse apparaîtra : le passage d'un cinquième métatarsien droit en cinquième métatarsien coudé chez un ancêtre hypothétique commun au sphénodon et au lézard. On pourra dire que le cinquième métatarsien coudé du sphénodon est homologue au cinquième métatarsien coudé du lézard car hérité d'un ancêtre commun hypothétique, ancêtre non partagé par l'homme ou la tortue. C'est l'arbre le plus parcimonieux qui révèle l'homologie de filiation (la première définition). Si, en raison des autres caractères, l'arbre le plus parcimonieux avait été différent, il aurait fallu supposer deux apparitions indépendantes de la courbure du cinquième métatarsien (cas de convergence). L'homologie de filiation aurait été réfutée. Il se serait alors agi d'une homoplasie.

Dans l'ordre de la procédure, l'homologie structurale est dite homologie primaire ; c'est la première que l'on détecte et elle constitue une sorte de pari initial qui sera sanctionné par l'arbre le plus parcimonieux. L'homologie de filiation est dite homologie secondaire car elle constitue le résultat de l'analyse. Toutes les homologies primaires réfutées sont des homoplasie, c'est-à-dire des ressemblances non héritées d'un ancêtre commun (convergences, réversions).

I- Le polymorphisme des gènes.

Lorsqu'on observe les séquences de nucléotides d'un même gène chez des individus appartenant à la même espèce on observe des différences de séquence.

Ces différentes séquences qui codent différentes protéines sont des allèles.

On dit qu'un gène est polymorphe si au moins deux de ses allèles sont présents dans une espèce à une fréquence supérieure ou égale à 1%

Ce polymorphisme entraîne une très grande proportion d'individus qui vont être qualifiés d'hétérozygotes, car ils possèdent deux allèles différents pour un même gène. (Soit un des deux allèles sera dominant et l'autre récessif, soit ils seront co-dominants)

II - Les mutations génétiques

Le poly allélisme des gènes est dû à l'accumulation des mutations: changement dans la séquence de nucléotide.

Ces mutations sont très rares et aléatoires, cependant leur fréquence peut être augmentée par des agents mutagènes (cigarette, radioactivité...)

Il existe plusieurs mutations aux conséquences variables.

A) Les différent types de mutation

-Addition, ajout à la séquence d'un ou plusieurs nucléotides

-Délétion, suppression d'un ou plusieurs nucléotides

-Substitution, remplacement d'un ou plusieurs nucléotides

Ces mutations n'ont pas les mêmes conséquences:

1.Certaines mutations n'entraînent aucune modification dans le phénotype car le code est redondant, l'individu sera sain. On nomme ces mutations **silencieuses**

2.D'autres mutations entraînent des changements plus ou moins importants dans la succession:

.Changement de tous les acides aminés: Mutation **décalantes**

.Ajout d'un codon stop: Mutation **non-sens**

.Changement d'un seul acide: Mutation **faux-sens**

Elles peuvent entraîner une modification importante de la protéine

B) La transmission des mutations génétiques

Une mutation ne sera transmise que si elle affecte les cellules sexuelles (aussi appelées gamètes, cellules germinales ou encore cellules reproductives.)

Par contre, lorsqu'une mutation s'effectue sur les cellules somatiques (tout sauf les cellules germinales), la mutation n'est pas transmise

III - Le couple mutation-duplication à l'origine de nouveaux gènes

A) La notion de famille multi génique

Lorsque l'on compare les séquences nucléotidiques de certains gènes, on constate qu'ils peuvent présenter de très grandes similitudes et on dit qu'ils sont homologues et qu'ils descendent du même gène ancestral.

On parle alors de famille multi génique.

B) Mécanisme à l'origine des familles multi géniques

Les familles de gènes sont issues d'une ou plusieurs duplications de gène ancestral. Les copies créées peuvent soit resté sur le même chromosome soit migrer vers un autre chromosome: on parle alors de transposition.

Ces copies peuvent avoir plusieurs avenir:

- Ne subir aucune mutation au cours du temps, dans ce cas là l'innovation génétique est quantitative
- Subir des mutations, l'innovation est à la fois quantitative et qualitative
 - Si le nombre de mutations accumulées est relativement faible, les différents gènes obtenus coderont pour des protéines différents mais avec les mêmes fonction

- Si le nombre de mutations accumulé est important, les gènes coderont pour des protéines différentes mais avec des fonctions également différentes.

Par exemple, les hémoglobines et la mioglobines sont deux protéines issues du même gène ancestral, la séparation se serait faite plus tôt, actuellement elles n'ont plus la même fonction.

Les familles multi géniques proviendraient donc d'un gène ancestral commun qui aurait subi des duplications, transpositions et mutations au cours du temps. C'est l'ensemble de ces trois mécanismes qui aurait entraîné une complexification des génomes.

Un génome bactérien contient 1000 Gènes et le génome humain en comporte 40,000 gènes.

Un arbre phylogénétique est établi selon une méthode cladistique, à partir de données précises; il doit donc être accompagné de la matrice taxons/caractères (avec indication des états dérivés de chaque caractère) qui a été exploitée pour le construire, et/ou de légendes sur l'arbre situant les innovations évolutives justifiant chaque entre nœud.

Arbres phylogénétiques

Les arbres sont des graphes connexes acycliques

Nœuds = unités taxonomiques (UT)

Opérationnelles (UTO) = A, B, C, D, E = **feuilles de l'arbre**

Hypothétiques (UTH) = F, G, H, I = **nœuds internes**

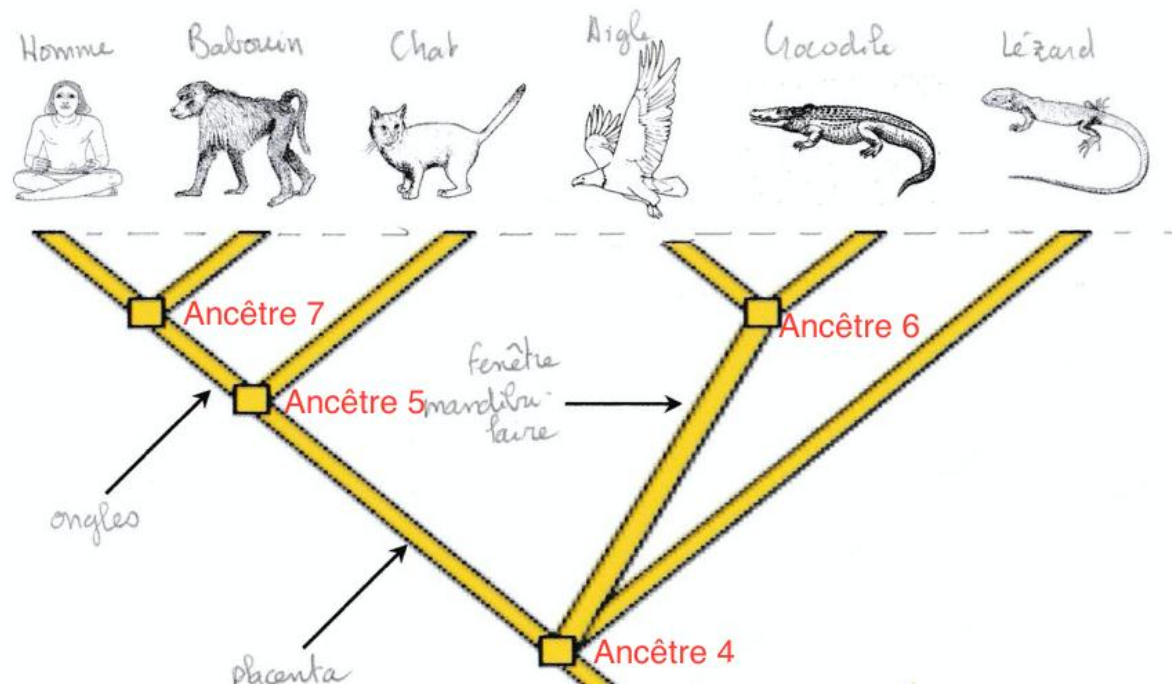
Branches

Internes = succession d'organismes reliant deux UTH

Externes = succession d'organismes reliant entre UTH et UTO

Topologie (forme) de l'arbre = Ensemble des branchements de l'arbre (nœuds + branches)

Racine = ancêtre commun le plus récent à tous les UTO



Exemple : l'Aigle et le Crocodile sont les seuls à posséder la fenêtr mandibulaire; elle est apparue dans la lignée de leur ancêtre commun (ancêtre6) qui leur a transmis ce caractère. Mais elle n'est pas présente chez l'ancêtre 4, puisque plusieurs des descendants de cet ancêtre ne possèdent pas ce caractère. On place donc l'apparition de la fenêtr mandibulaire sur le segment de branche situé entre l'ancêtre 4 et l'ancêtre 6.

L'arbre phylogénétique : un document qui raconte une histoire évolutive

On représente aujourd'hui les liens de parenté entre les espèces sous la forme d'arbres phylogénétiques. Le mot phylogénétique vient de la phylogénie (du grec *phullon* : rameau, feuille) : l'histoire des différentes lignées d'êtres vivants actuels et fossiles.

L'arbre retrace une histoire évolutive. Le tronc représente la période la plus ancienne. Les rameaux représentent des lignées dont les extrémités seulement sont les taxons actuels (le taxon est l'unité classée ; dans de nombreux arbres les taxons sont des espèces, mais dans certains arbres on classe des groupes d'espèces comme « lézards » « oiseaux » etc.). Les taxons actuels sont donc placés sur une même ligne, à la cime de l'arbre (la ligne du présent). Les taxons fossiles sont tous en dessous de cette ligne. Plus le degré de parenté

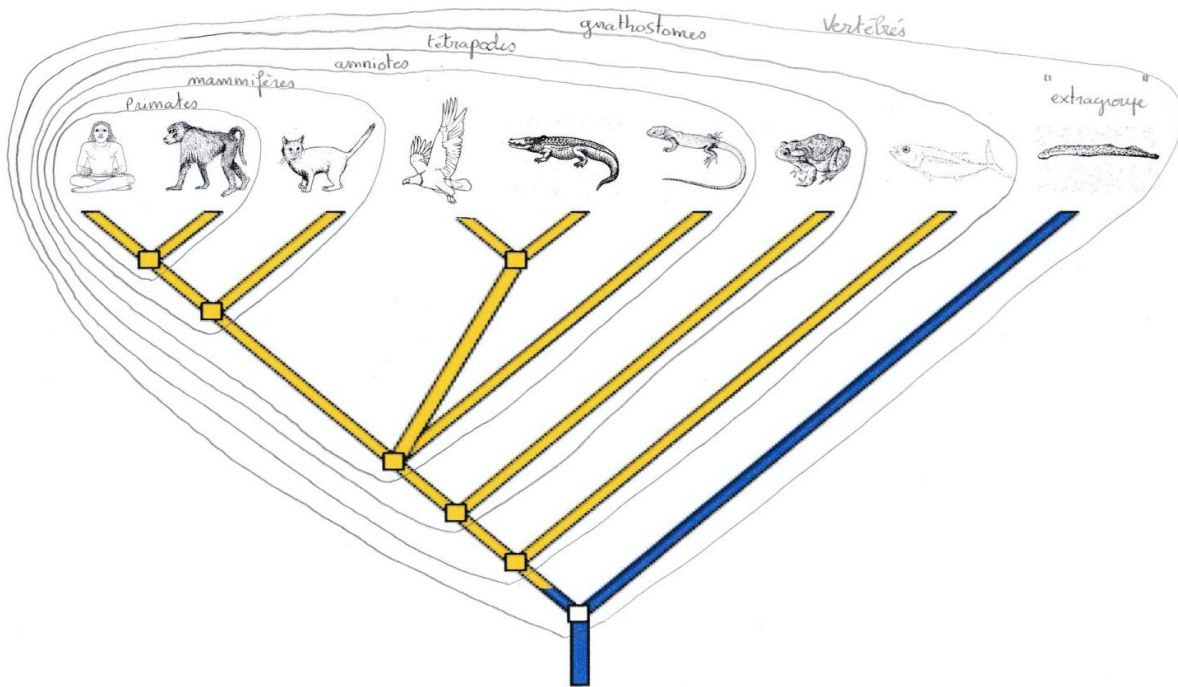
entre deux taxons est élevé, plus la séparation entre leurs lignées est tardive. Ils ont donc accumulé de nombreux caractères évolués (dérivés) communs et leur dernier ancêtre commun est récent.

- o L'arbre phylogénétique permet de reconstituer les étapes qui conduisent à l'apparition des taxons actuels. Au fur et à mesure que l'on parcourt le trajet évolutif qui conduit de la base du tronc jusqu'au taxon étudié, on franchit différentes étapes de spéciation et on accumule des caractères dérivés (ou caractères évolués) successifs.

- o Chaque bifurcation de l'arbre correspond à un ancêtre, à partir duquel deux lignées se sont séparées. Les ancêtres sont toujours hypothétiques, c'est-à-dire qu'on ne peut identifier avec certitude une espèce fossile comme étant cet ancêtre, dont l'existence même n'est qu'une supposition raisonnée. Les lignées issues de cet ancêtre ont hérité de lui un ensemble de caractères dérivés que l'ancêtre est le premier à avoir possédé. Ainsi, cet ancêtre et tous ses descendants forment un clade, ou groupe monophylétique, qui est défini par cet ensemble de caractères dérivés, par exemple, le clade des mammifères regroupe toutes les espèces actuelles ou fossiles ayant à la fois les caractères généraux des vertébrés avec en plus des poils et des mamelles.

- o Les clades d'un arbre sont emboîtés les uns dans les autres : ils sont hiérarchisés.

Par exemple, le clade des vertébrés contient le clade des mammifères qui contient lui-même le clade des primates, c'est à dire des mammifères ayant une vision binoculaire, des ongles, et des pouces opposables aux autres doigts.



Remarque : Les groupes de l'ancienne classification ne sont pas tous monophylétiques. Par exemple, le groupe des Reptiles est défini à partir d'états dérivés de caractères (hypapophyse : quille ventrale sous les vertèbres cervicales ; iris comprenant des muscles striés ; production d'acide ornithurique). Or ces caractères sont aussi présents chez les Oiseaux, alors que ceux-ci sont exclus des reptiles. Un tel groupe est appelé paraphylétique. Il est peu utile, voire trompeur lorsqu'il s'agit de retracer les liens de parenté entre les taxons actuels.

2. Construire un arbre avec phylogène

Pour construire un arbre phylogénétique à partir d'un ensemble de taxons (ou collection), on commence par construire une matrice taxons-caractères qui permet de comparer ces taxons. Les caractères utilisés comme critères de parenté doivent dépendre du programme génétique des êtres vivants. Pour cette raison, ce sont :

- .Les ressemblances morphologiques et anatomiques (établies sur de larges populations plutôt que sur des individus isolés qui peuvent être malformés ou atypiques).
- .Les ressemblances morphologiques et anatomiques embryonnaires.
- .Les ressemblances moléculaires portant sur la séquence des gènes ou protéines présents chez les espèces étudiées.

La caractérisation et la compréhension des variations génétiques constituent un véritable challenge en génétique humaine tant pour les individus indemnes de toute pathologie que les personnes malades. Les progrès n'ont été possibles qu'à partir du séquençage de l'ensemble du génome et des avancées technologiques nécessaires à ces travaux. La variabilité génétique se présente sous différentes formes en sachant que les consensus concernant sa nomenclature évoluent. Le niveau le plus simple est représenté par des variations d'une seule base nucléotidique (A, T, G, C) correspondant aux substitutions nucléotidiques ou en langage anglo-saxon "single nucleotide polymorphisme" ou SNP. Les variations de structure se caractérisent par toute variation entre les individus qui ne sont pas des SNPs. On distingue les séquences répétées (mini ou microsatellites ou VNTR pour "variable number of tandem repeats") et les insertions/délétions (InDel) correspondant à la présence/absence d'une ou plusieurs bases alors qu'elles ne sont pas présentes dans un autre génome et dont la taille est inférieure à 1 kilo base (kb). Les altérations de structure correspondent aux délétions, duplications, insertions, inversions et translocations. Les variations de structures peuvent ainsi modifier la quantité d'ADN comme les CNV (copy number variant), qui intéressent des fragments d'ADN de plus de 1 kb (Figure N°1).

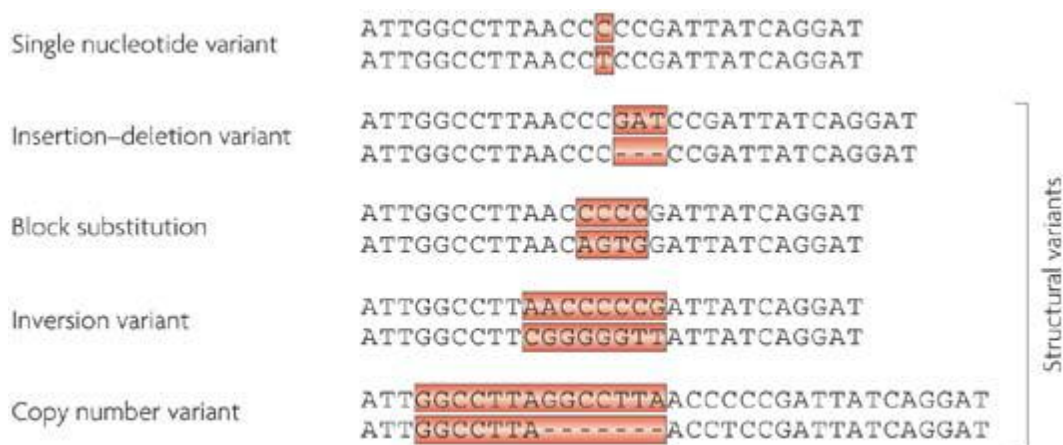


Figure 1 : Différentes classes de variantes génétiques. D'après Frazer et al.12

Concernant les SNPs, ils peuvent être estimés à environ 11 millions répartis au sein du génome et surviennent toutes les 100 à 300 paires de bases. Pour ces SNPs, on peut définir des variantes rares qui correspondent à moins de 1% de la population. On peut estimer à 7 millions de SNPs, le nombre de SNPs dont

l'allèle mineur a une fréquence supérieure à 5%. Il est important de noter que les différences entre individus se porteront sur des variations reconnues comme fréquentes plutôt que rares. Ainsi pour un individu donné, la majorité des 12 variations seront situées à la même position que pour la majorité de la population. Cela est probablement en rapport avec le fait que des altérations du génome compatible avec la vie seront présentées par une majorité d'individus. L'analyse des SNPs sur des génomes entièrement séquencés (2 européens, 1 asiatique) montre que sur environ 3 à 4 millions de SNPs, 67% sont communs aux 3 génomes, 52% communs à au moins 2 génomes et 30% propres à chaque individu. Plusieurs SNPs localisés à une distance proche peuvent être corrélés entre eux, présentant un déséquilibre de liaison (LD, du terme anglo-saxon, linkage of disequilibrium). Les projets internationaux comme HapMap visent à établir des groupes de SNPs hautement corrélés qui sont donc transmis ensemble. L'intérêt est donc de définir ces LD qui pourraient permettre de ne rechercher que quelques SNPs "taggés" et connaître ainsi la majorité des SNPs. Cela pourrait permettre de réduire le nombre de SNPs ayant une fréquence allélique supérieure à 5% à 550.000 SNPs en LD. Les SNPs pourront être définis comme synonymes lorsqu'ils ne modifient pas l'acide aminé défini par le codon ou non synonymes lorsqu'il y a substitution de l'acide aminé. Des études peuvent ainsi ne se concentrer que sur l'étude des SNPs non synonymes supposés fonctionnels en altérant la séquence des acides aminés. Des bases de données se constituent pour prédire les effets de ces SNPs dits "fonctionnels" (Predicted Impact of Coding SNPs [PICS] database, Polymorphism Phenotyping [PolyPhen], sifting intolerant from tolerant [SIFT]). Les CNVs correspondent à des variations du nombre de copies de segment de chromosomes et par conséquent à des Variations du nombre de gènes situés au niveau de ces segments de chromosome. Les variations de structure correspondraient à au moins 20% de la variabilité du génome et seraient à l'origine de 70% des variations des bases nucléotidiques. Les CNV représenteraient 9 à 25 Mb soit 0.5 à 1% du génome et seraient soit acquis ou transmis somatiquement. En effet, de vrais jumeaux peuvent présenter des CNVs différents et pour un même individu les CNVs varient d'un tissu à l'autre. Par rapport à une seule copie de gène, la présence de CNVs va permettre une expression variable des gènes et des modifications

de fonction puisqu'au cours des recombinaisons du génome, de nouvelles combinaisons d'exons peuvent être créées.

Il existe des exemples de lien direct entre le nombre de CNVs, l'expression d'une protéine et un phénotype particulier comme les variations du gène de la chimiokine *CCL3L1* et la susceptibilité à l'infection par le VIH.¹³ Cependant les "avantages évolutifs" de ce type de variation restent à être mieux étudiés puisque la majorité des CNVs sont, sur les données actuelles, retrouvés que sur une faible proportion de la population. Ce type de variations nécessite des modifications de structures des chromosomes par recombinaison homologue et non homologue et l'implication des enzymes de réparation de l'ADN. Cela peut être à l'origine de modifications génétiques délétères et de processus néoplasique.¹⁴ Compte tenu du fait que les CNVs représentent une proportion importante de la variabilité du génome, il semble nécessaire comme pour les SNPs de développer des outils qui permettent de mieux les caractériser d'autant que les déséquilibres de liaison avec les SNPs, qui pourraient simplifier leur étude, n'est pas formelle.

L'un des enjeux majeurs de l'étude des variants génétiques est de démontrer leur implication dans l'influence de l'expression des gènes et par conséquent de les mettre en relation avec l'expression d'un phénotype précis. En effet la plupart des variations peut être neutres et l'enjeu est de mettre en évidence celles qui ont un caractère fonctionnel. Ainsi il a été montré expérimentalement dans un contexte cellulaire identique permettant d'éviter toute influence extra-génétique, que l'expression des gènes a une variabilité interindividuelle.¹⁵ Comme nous le verrons dans de nombreuses expériences sur l'influence de l'expression des cytokines, les SNPs peuvent influencer l'expression de gène cible situé à proximité ("en cis") soit en affectant la machinerie de réplication, soit en modifiant la fixation de facteurs de transcription. L'influence peut également se faire très à distance du gène cible voir sur un autre chromosome ("en trans") (Figure N°2). Leur détermination est éminemment plus complexe mais leur présence a été suspectée par les études de liaison montrant que l'expression d'un gène varie en fonction de variant génétique à distance.

Figure

Mécanismes de l'évolution

Les individus d'une espèce sont édifiés à partir du matériel génétique, constitué essentiellement de chromosomes qui sont transmis d'une génération à l'autre et contenant l'ADN support de l'information génétique. Le génome contribue à la réalisation de la diversité des phénotypes des organismes lorsqu'ils interagissent avec les facteurs de l'environnement.

Activité 01. Polymorphisme génétique et diversité des individus.

Tous les individus d'une même espèce partagent le même génome : celui-ci est caractérisé par le nombre de chromosomes, leur structure, l'emplacement de l'ensemble des gènes nécessaires à l'édification et au fonctionnement de l'organisme.

Cependant la séquence d'ADN correspondant à un gène peut être différente d'un individu à un autre. Pour un même gène, il existe au sein de l'espèce plusieurs versions : ce sont des allèles.

La présence de plusieurs allèles d'un gène constitue le poly allélisme. Les différents allèles d'un même gène occupent toujours le même emplacement, appelé locus, sur un chromosome.

Les gènes du système HLA.

Pourquoi dit-on que les gènes du système HLA sont très polymorphes ?

Par convention, on dit que, dans une population, un gène est polymorphe lorsqu'il existe au moins deux allèles avec une fréquence supérieure ou égale à 1%.

Les gènes du système HLA sont qualifiés de très polymorphes car il existe de nombreux allèles pour chacun de ces gènes et beaucoup de ces allèles sont largement répandus dans les populations humaines.

Le gène de la b-globine.

L'étude de gène montre l'existence de nombreux allèles d'un même gène. En plus, on constate que les différents allèles sont différents entre eux par un ou plusieurs nucléotides. Ces différences sont dues aux mutations ponctuelles.

Activité 02. Les mutations géniques créent de nouveaux allèles.

1. En quoi les allèles différents-ils ?

Les différents allèles d'un même gène présentent de grandes similitudes, souvent, quelques nucléotides diffèrent. Cette observation est à mettre en relation avec la relative instabilité de la molécule d'ADN : c'est par mutation d'un allèle préexistant que se crée un nouvel allèle.

Une mutation est une modification de la séquence de nucléotides de l'ADN. On appelle mutation ponctuelle une mutation qui ne concerne qu'une paire de nucléotides.

La mutation est un phénomène rare, spontané et aléatoire.

2. L'origine des mutations :

L'ADN est une molécule qui a la propriété de se répliquer à l'identique.

Pourtant, elle n'est pas immuable et possède une relative instabilité. Les causes de cette variabilité sont multiples.

2.1. Des erreurs de réplication.

La séparation des deux brins de la molécule initiale d'ADN ainsi que l'accrochage des nucléotides les uns aux autres dépendent d'un complexe enzymatique, l'ADN polymérase. Cette enzyme est douée d'une fonction de correction des erreurs : elle contrôle systématiquement la complémentarité du dernier nucléotide mis en place.

Cependant, l'ADN polymérase n'est pas fiable à 100%. On estime que, lors de la réplication, l'ADN polymérase « se trompe » en moyenne une fois pour 100000 nucléotides. Mais l'ADN polymérase vérifie le bon appariement des nouveaux nucléotides ajoutés et remplace ceux qui ne correspondent pas. La fiabilité finale est estimée à une erreur pour 10 millions de nucléotides répliqués.

(On peut citer l'acridine comme produit chimique entraînant des erreurs de réplication.

L'acridine est une matière première pour la production des colorants et quelques médicaments).

2.2. Les effets des rayonnements.

Les rayons X (radiologie) et les rayons gamma (radioactivité) ont une action directe sur l'ADN. Ces rayons peuvent entraîner trois événements :

- rupture de l'un des brins ;

- perte d'un nucléotide ;
- déformation de la molécule.

Ces rayons entraînent également la production de radicaux libres. Les radicaux libres sont des molécules instables qui, lorsqu'elles ne sont pas neutralisées par des antioxydants (vitamines, enzymes, minéraux), endommagent de manière irréversible les principaux constituants des cellules de l'organisme (membranes lipidiques, protéines et ADN) et sont à l'origine de maladies et cancers.

Les rayons ultraviolets ou UV émis par le soleil ou les lampes à bronzer sont préférentiellement absorbés par les nucléotides de l'ADN. Les UV provoquent, comme les rayons X, la formation de radicaux libres.

Exemple : les UV-B ont pour effet de stimuler la formation de liaisons covalentes entre nucléotides adjacents (formation de dimères T=T ou T=C par exemple). Ces dimères entraînent une modification importante de la structure de l'ADN.

Remarque : Les agents mutagènes augmentent la fréquence des mutations mais n'orientent pas leur nature. Autrement dit, un facteur environnemental n'a pas pour effet de mettre en place une mutation orientée qui adapterait l'organisme à son environnement.

3. Les principaux types de mutations ponctuelles et leurs conséquences phénotypiques

3 classes de mutations ponctuelles sont fréquentes :

3.1. Les substitutions : les substitutions de nucléotides où la mutation entraîne le remplacement, à un site précis du gène d'une paire de nucléotides par une autre.

Suivant leurs effets, on peut reconnaître :

3.2. Une mutation faux-sens :

Substitution d'un AA par un autre dans la chaîne polypeptidique. Certaines de ces mutations sont conservatrices dans la mesure où elles ne modifient pas les propriétés du polypeptide.

D'autres au contraire sont non conservatrices et entraînent un changement plus ou moins important de la fonction et des propriétés du polypeptide (changement qualitatif de fonction, augmentation du taux de synthèse, ...).

3.3. Une mutation silencieuse : aucun effet car le nouveau codon correspond au même AA que l'ancien. Ceci est dû à la redondance du code génétique.

3.4. Une mutation non-sens :

Le nouveau codon formé à la suite de la substitution est un codon non-sens = codon STOP (ici UAG) qui introduit une ponctuation. Au cours de la traduction, il y a arrêt anticipé et le polypeptide coupé, instable est généralement non fonctionnel.

3.5. Les délétions et insertions (additions) : La délétion est la perte d'un petit nombre de paires de nucléotides. L'insertion ou l'addition est l'acquisition de nucléotides supplémentaires.

Les délétions et insertions entraînent le plus souvent un décalage du cadre de lecture de l'allèle à partir du lieu de mutation. On parle de mutations décalantes. Le polypeptide synthétisé devient alors structuralement très différent du polypeptide normal ou n'est plus synthétisé si le décalage fait apparaître un codon STOP.

Ces différents cas sont illustrés par différentes mutations ponctuelles du gène de la globine: une substitution d'un nucléotide qui a pour effet le remplacement de l'AA7, l'acideglumatique par la lysine se traduit par une maladie peu grave, l'hémoglobines C ;une autre substitution localisée au même triplet mais qui a pour conséquence le remplacement de l'acide glutamique par la valine modifie la fonction de la protéine, ce qui se traduit par une maladie grave, la drépanocytose ; une délétion, ou une addition, d'un seul nucléotide se traduit par la production de chaînes courtes de b-globine, à l'origine d'anémie sévères, les thalassémies.

Remarque :

- **De nombreuses mutations** : sont néfastes pour l'individu car les protéines obtenues sont non fonctionnelles. Certaines, en faisant apparaître des protéines aux propriétés nouvelles, sont bénéfiques et jouent un rôle important dans l'évolution des espèces.
- **les gènes de développement** : très souvent, la protéine codée par un gène du développement possède une région (dénommé « homéo domaine ») qui a la propriété de pouvoir se lier de manière précise à l'ADN. Un gène de développement peut ainsi contrôler « en cascade » la transcription de nombreux autres gènes. De ce fait, un seul gène peut déclencher ou empêcher la formation d'un organe entier ou même être à l'origine d'une modification du plan d'organisation d'un être vivant (membre des Tétrapodes, caractères liés à

la bipédie). Une mutation ponctuelle sur un gène de développement peut avoir pour conséquence phénotypiques une modification profonde du plan d'organisation.

- Les mutations ponctuelles ne sont pas les seules modifications spontanées des séquences d'ADN. Il peut en effet se produire des mutations étendues. Existe-t-il des mécanismes de réparation de l'ADN ?

4. Les mécanismes de réparation de l'ADN.

A la fin de l'interphase, on constate que le nombre d'erreurs présentes dans une molécule d'ADN est beaucoup plus faible (une pour un milliard de nucléotides environ) que le nombre d'erreurs effectuées au cours de la réplication. On explique cela par le fait que les cellules possèdent plusieurs systèmes enzymatiques capables de vérifier l'ADN et de réparer les erreurs. Ces enzymes exercent leur action pendant la réplication ou après celle-ci.

Le mécanisme simplifié est le suivant :

- l'erreur est repérée et signalée par une enzyme qui parcourt l'ADN ;
- une autre enzyme coupe un court fragment du brin d'ADN comportant l'erreur ;
- l'ADN polymérase remplace les nucléotides manquants par complémentarité avec le second.

Quel est le devenir des mutations ?

5. Le devenir des mutations.

Dans les conditions générales, une cellule mutée meurt à plus ou moins brève échéance. Par contre si la cellule reste vivante, elle sera, par divisions successives, à l'origine d'un clone cellulaire et pourra engendrer un cancer. La principale distinction à faire concernant le devenir d'une mutation est de savoir si elle affecte un tissu somatique ou un tissu germinale.

Lorsqu'une mutation affecte un gène d'une cellule d'un organe non reproducteur, elle est dite somatique. Cette mutation peut avoir des effets sur le phénotype des cellules affectées et sur le phénotype de l'organisme mais elles ne sont pas transmissibles à la descendance.

Par contre, les mutations qui touchent les cellules à l'origine des gamètes, appelées mutations germinales, peuvent se transmettre si les gamètes qui les portent participent à la genèse des descendants. Les mutations germinales sont à l'origine de nouveaux allèles.

Remarque : Chez les Végétaux, une cellule somatique peut être à l'origine d'une plante entière. Les cellules somatiques qui subissent des mutations peuvent donc les transmettre.

Une découverte récente révèle qu'au sein d'un même génome, des gènes peuvent être regroupés en « familles ».

Qu'est-ce qu'une famille multi génique ?

Quels mécanismes sont à l'origine de gènes nouveaux ?

Activité 03. D'autres innovations génétiques : les familles de gènes.

1. La notion de famille multi génique et quelques exemples.

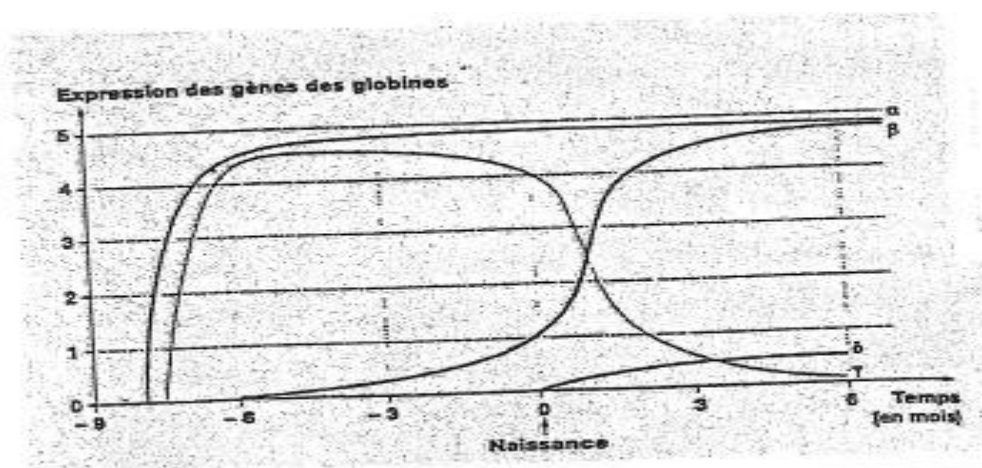
L'analyse moderne des génomes, par des techniques de séquençage systématique, révèle que les mutations géniques ne sont pas suffisantes pour expliquer l'augmentation de la diversité génétique au sein d'une espèce. Des loci non allèles montrent une parenté moléculaire significative, témoignant d'une origine commune.

De tels gènes appartiennent à une même famille multi génique.

On appelle famille multi génique un ensemble de gènes dont on pense qu'il provient d'un gène ancestral qui se serait dupliqué et dont chaque copie aurait plus ou moins divergé sous l'action des mutations.

On connaît ainsi plusieurs exemples de familles de gènes : les gènes codant les hormones hypophysaires, les gènes codant les globines ou encore les gènes de la famille des immunoglobulines.

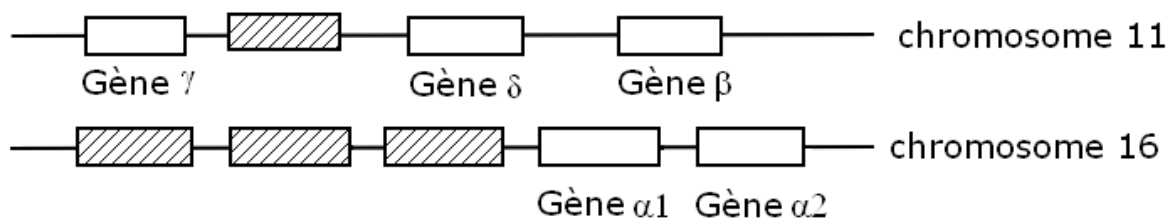
2. Exemple des gènes de la famille de globines.



Toutes les molécules d'hémoglobine sont constituées de 4 chaînes polypeptidiques identiques deux à deux. Avant la naissance, les hématies du

foetus contiennent de l'hémoglobine foétale (F) constituée de 2 chaînes α et de 2 chaînes γ . Après la naissance, les hématies de l'individu contiennent de l'hémoglobine A, très largement majoritaire (97%), de l'hémoglobine D (2%) et de l'hémoglobine F qui continue à être synthétisée en très faible quantité (1%). L'hémoglobine A est constitué de 2 chaînes α et de 2 chaînes β . L'hémoglobine D est constituée de 2 chaînes α et de 2 chaînes δ . Les hémoglobines F, A et D ont toutes les 3 la propriété de fixer le dioxygène et de la transporter de la surface d'échanges respiratoires (placenta pour le foetus, alvéoles pulmonaires après la naissance) jusqu'aux cellules.

Les gènes de la famille des globines sont localisés sur le chromosome 16 et le chromosome 11.



[Le pseudo gènes, représentés au niveau des rectangles grisés, correspondent à des fragments d'ADN de séquence homologue aux gènes actifs mais qui, altérés par les mutations, ne sont pas fonctionnels]

On peut relever les différences de séquences entre les différentes globines dans une demi-matrice, afin de connaître les gènes de globines qui dérivent d'un gène ancestral récent et ainsi montrer comment sont apparus les différents gènes par duplication successives.

	α	β	δ	γ	myoglobine
α	0				
β	84	0			
δ	85	10	0		
γ	89	39	41	0	
myoglobine	115	118	117	118	0

Myoglobine : protéine musculaire de stockage temporaire du dioxygène.

Le gène codant pour la myoglobine est situé sur le chromosome 22.

La plus forte homologie de séquence se trouve entre les globines δ et β (10 différences), elles dérivent donc d'un gène ancestral commun qui s'est récemment dupliqué.

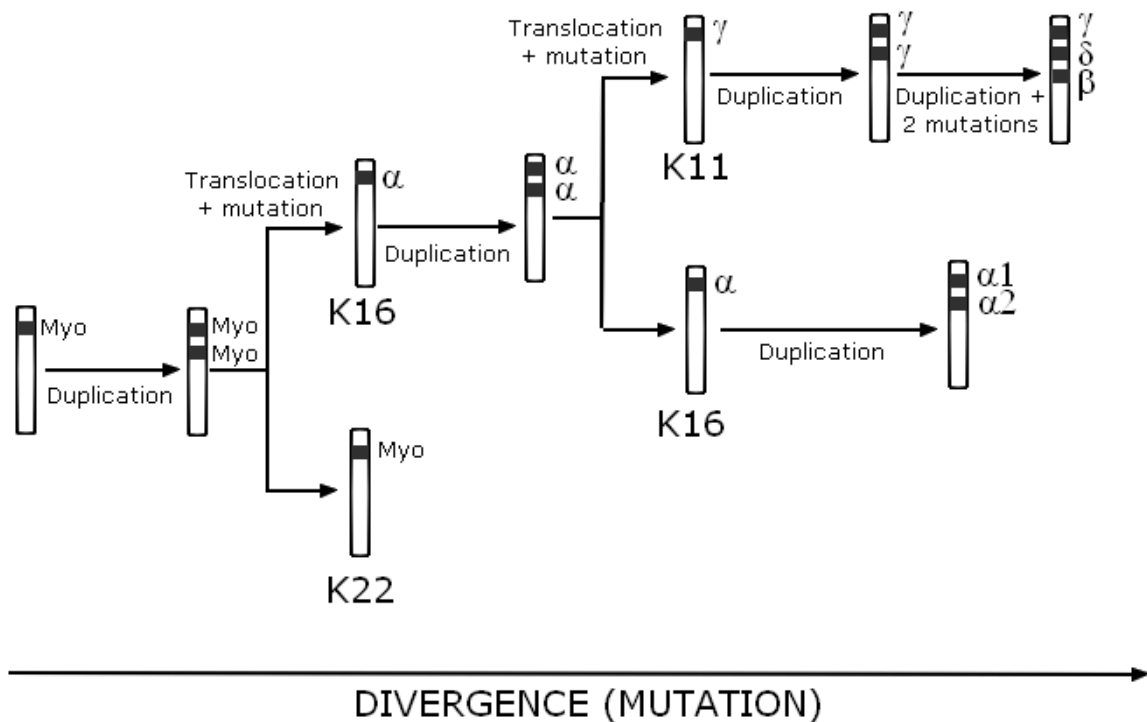
(Retenons que : plus le nombre de différences est faible, plus la duplication est récente).

Par contre, le gène ancestral commun aux globines δ, β, γ et à la globine α est plus ancien car les divergences de séquences peuvent aller jusqu'à 89 AA.

La duplication entre ce gène ancestral et celui codant pour la myoglobine est encore plus ancienne.

On peut ainsi dire que les gènes de la famille des globines constituent une famille multi génique.

On peut réaliser un schéma qui rend compte de cette évolution.



La duplication est source d'innovation génétique. A la suite d'une duplication, les deux copies d'un gène accumulent indépendamment des mutations.

Plusieurs évolutions sont possibles.

- les multiples copies du gène ancestral demeurent identiques entre elles,
- une mutation délétère (généralisant par exemple un codon STOP) apparaît dans l'une des copies du gène. Celle-ci devient alors un pseudo gène non fonctionnel.

- les mutations qui s'accumulent font diverger les copies, mais sans affecter la fonction des polypeptides codés (cas des chaînes α et β des globines).

L'innovation génétique se concrétise par l'acquisition, au niveau de l'espèce, de protéines différentes réalisant la même fonction

- les mutations qui s'accumulent font diverger les copies, au point de modifier la fonction de l'une des copies (cas de la myoglobine stockant le dioxygène et des autres globines le transportant). L'innovation génétique se traduit par l'acquisition au sein de l'espèce de fonctions originales.

D'autre part un autre phénomène peut intervenir : c'est la transposition (= translocation) = déplacement d'une séquence d'ADN (transposon = gène sauteur) à une autre position au sein de la même molécule d'ADN ou d'une autre.

Remarque : La duplication est la formation de deux copies identiques d'un même gène. Par contre, la réplication touche toute la molécule d'ADN.

Les scientifiques s'accordent pour considérer qu'une similitude entre 2 protéines supérieure à 20% ne peut être due au hasard mais indique une parenté c'est-à-dire une origine commune.

Ces similitudes sont donc interprétées comme le résultat d'une ou de plusieurs duplications et transpositions d'un gène ancestral suivi de mutations ponctuelles indépendantes.

Plus l'exploration des génomes avance et plus le nombre de familles multi géniques reconnues augmente. Le processus de duplication s'avère donc être un mécanisme essentiel de la complexification des génomes.

On peut dater plus précisément les duplications et établir une phylogénie d'une même famille en relevant les gènes d'une même famille présents chez différents groupes d'animaux et en datant grâce aux fossiles l'ancêtre commun des différents groupes.

Conclusion :

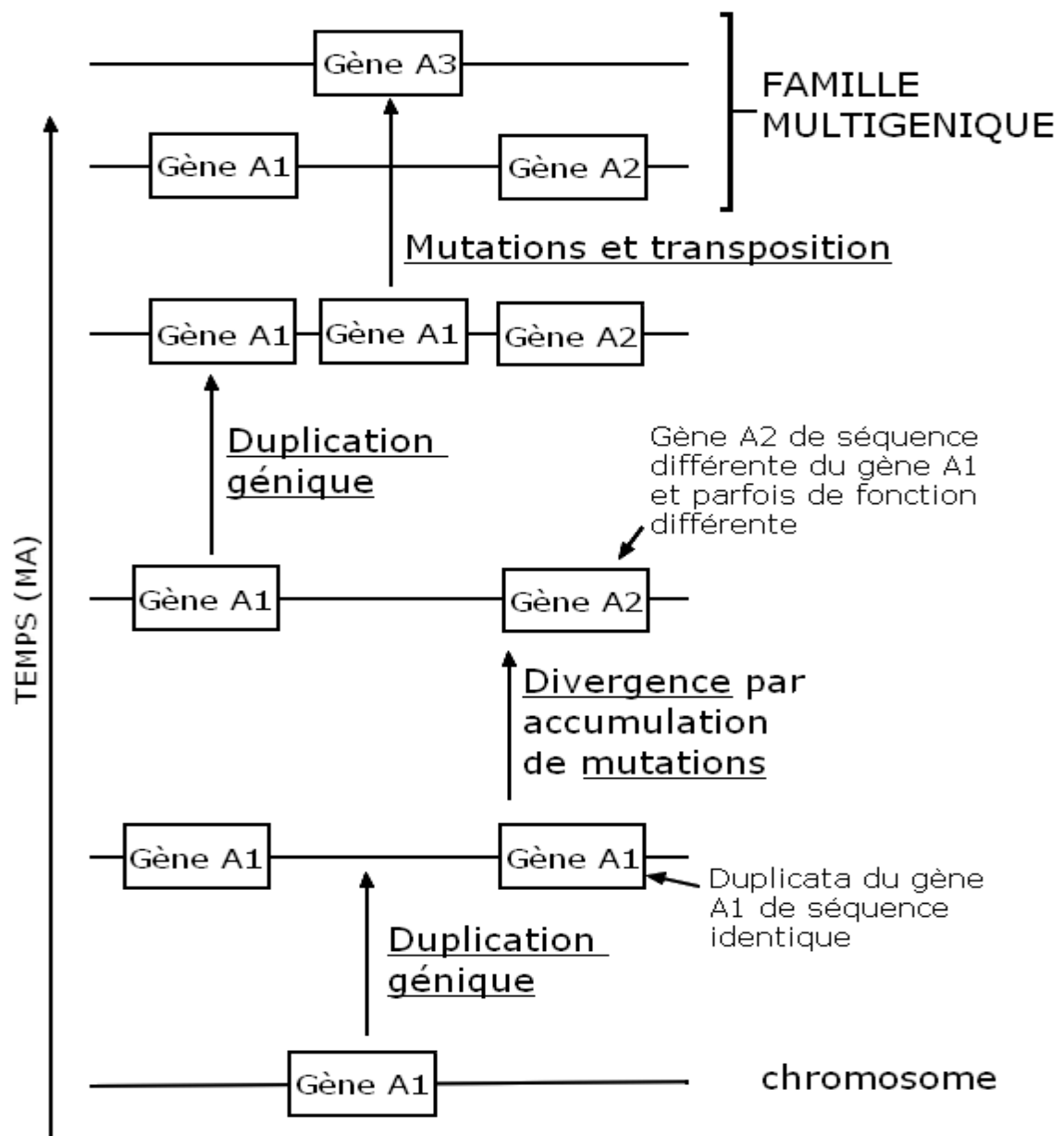
Le polymorphisme génique actuel est le résultat de mutations survenues dans le passé. Il existe de nombreux allèles pour un gène. Afin que ces nouveaux allèles jouent rôle d'un point de vue évolutif, il faut qu'ils soient transmis de générations en générations.

La majorité des mutations sont silencieuses : sans conséquences

- La mutation n'entraîne pas de modifications de la séquence du peptide codé par le gène ou n'affecte pas l'activité de la protéine codée.
- La mutation touche l'ADN non codant.

NB : Les empreintes génétiques sont basées sur la variabilité des séquences non codantes qui sont de remarquables marqueurs individuels.

Cependant ces mutations peuvent s'accumuler dans le génome au fil des générations et entraîner une dérive des fréquences dans les populations. Les mutations non silencieuses pourront être néfastes ou bénéfique pour l'individu.



La lignée humaine

Activité 01 : Origine de l'homme

La « lignée humaine » représente toute l'histoire évolutive des Homininés à partir du plus récent ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé.

Quels critères permettent de placer une espèce dans la lignée humaine et quand sont-ils apparus au cours de l'évolution ?

Après avoir récapitulé la systématique et déterminé les critères d'appartenance à la lignée humaine, nous établirons un bref récapitulatif de l'histoire des Hommes.

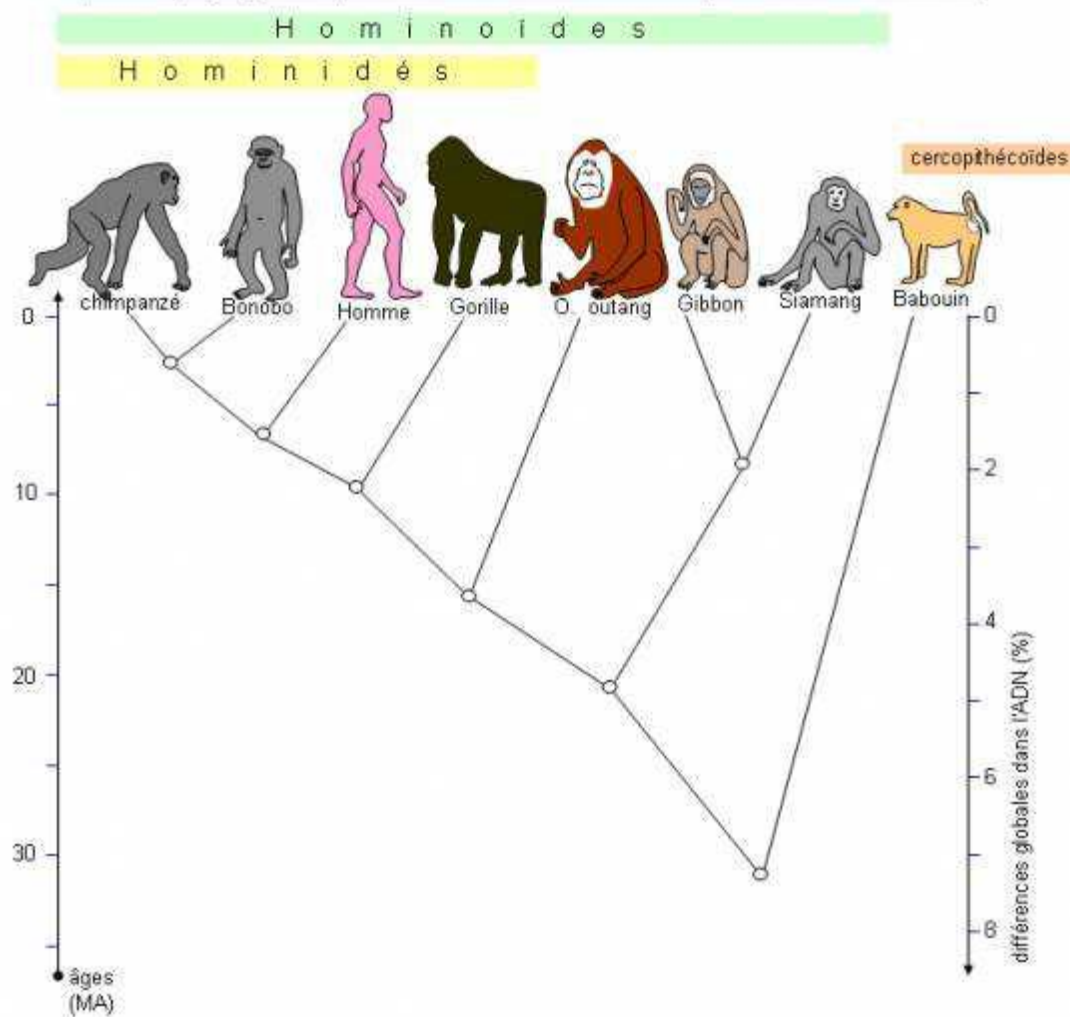
I Place de l'Homme parmi les êtres vivants

A. les catégories de la systématique

L'Homme est

- Un Eucaryote : ses cellules possèdent des organites cellulaires, 2700 MA
- Un Vertébré : squelette interne ; les plus anciens Vertébrés connus ont près de 400 MA, ces animaux marins constituent un groupe déjà différencié et ne sauraient constituer l'ancêtre commun à tous les Vertébrés (500 MA)
- Un Tétrapode : 2 paires de membres locomoteurs munis de doigts, 390 MA
- Un Amniote : l'embryon se développe dans une poche remplie de liquide et délimitée par l'amnios, 340 MA
- Un Mammifère : la femelle allaite ses petits, le corps est couvert de poils ; connus depuis la fin du Trias (la première des trois périodes de l'ère secondaire, 220 MA)
- Un Primate : doigts terminés par des ongles plats et un pouce opposable aux autres doigts, 65 MA
- Un Hominoïde : 23 MA, groupe monophylétique ou superfamille comprenant les grands singes africains et asiatiques sans queue (Gibbons, Siamangs, Orang-outang, Gorille et Chimpanzés)
- Un Hominidé : 10 MA, groupe monophylétique (basé sur des données moléculaires) que nous partageons avec les deux grands singes africains, Gorille et Chimpanzé (Bonobo)
- Un Hominidé : 4 MA, Pan et la lignée humaine (2 genres Australopithèque et Homo). Certains scientifiques incluent les Chimpanzés et les Bonobos.

arbre phylogénétique des Hominoïdes – comparaison des ADN-



L'ontogenèse décrit le développement progressif d'un organisme depuis sa conception jusqu'à sa forme mure, voir jusqu'à sa mort.

Phylogenèse histoire d'évolution d'une espèce ou d'un groupe d'espèces.

Filiation des espèces au cours de l'évolution.

B critères d'appartenance à la lignée humaine