

Fiche

L'histoire de nos origines est elle aussi une histoire évolutive. On la reconstitue à la fois grâce aux fossiles et grâce aux ADN, tant actuels que fossiles, que l'on sait de mieux en mieux étudier. Par ailleurs, ces éléments permettent de placer notre espèce dans l'arbre du vivant et de montrer sa parenté avec les espèces actuelles ou disparues.

Positionnement de notre espèce dans l'arbre du vivant

Les primates sont un groupe de Mammifères possédant des yeux orientés vers l'avant, un pouce opposable et des ongles. Les primates sont ce que l'on appelle couramment les singes. Parmi les primates, notre espèce *Homo sapiens* appartient au groupe des Hominoïdes (ou grands singes) qui sont, pour faire simple, les singes sans queue. Les gibbons (une vingtaine d'espèces), les gorilles (deux espèces), les orangs-outans (deux espèces) et les chimpanzés (deux espèces) font partie de ce même groupe. En plus de partager des caractères morpho-anatomiques communs, notre espèce partage avec les autres grands singes des similitudes génétiques très importantes. Ces différents éléments permettent de construire un arbre phylogénétique (un arbre de parenté).

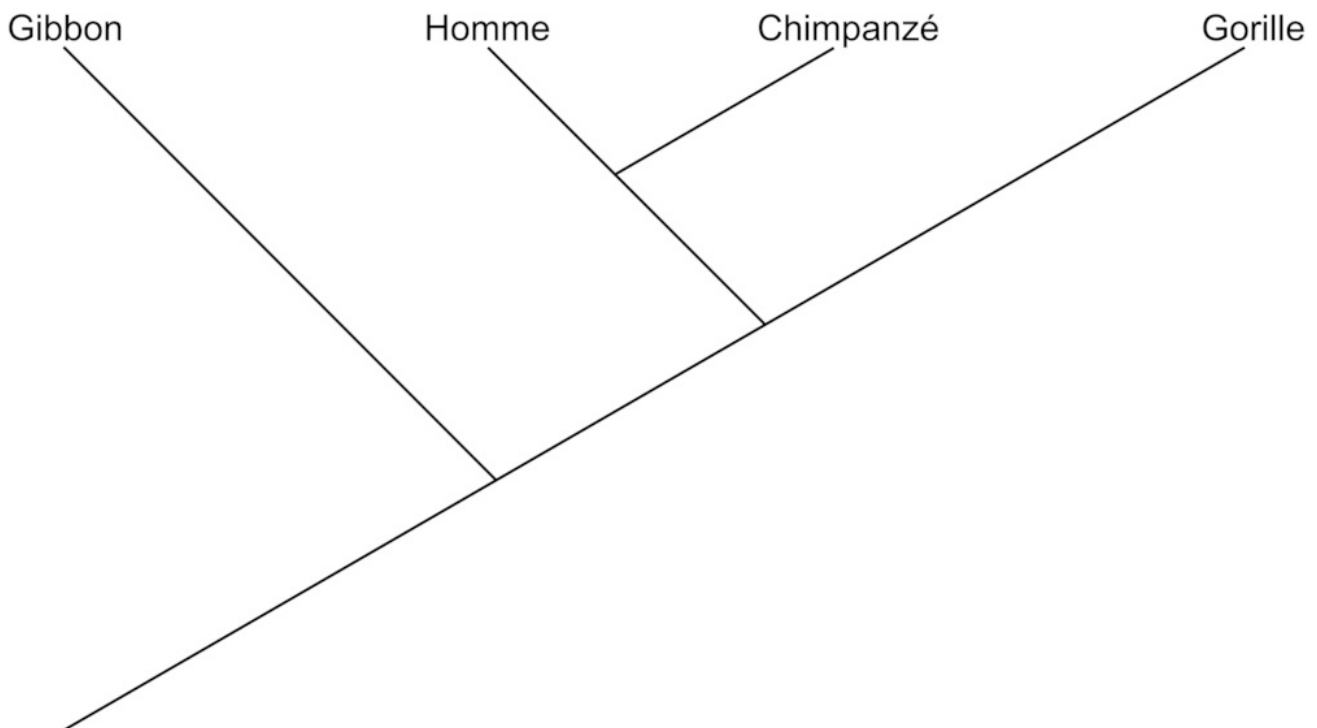


Figure 1. Arbre phylogénétique simplifié des Hominoïdes.

Les chimpanzés, plus proches cousins de l'Homme

Les plus proches cousins de notre espèce parmi les grands singes sont les chimpanzés (deux espèces : le chimpanzé « commun » *Pan troglodytes*, et le bonobo *Pan paniscus*). L'Homme et les chimpanzés sont génétiquement très proches : si on compare leurs séquences codantes (c'est-à-dire les gènes), celles-ci sont identiques à 98,5 %. Si on prend les séquences non codantes, dont les mutations sont les plus conservées au cours de l'évolution parce qu'elles ont moins de chances d'être néfastes à l'individu, la similarité est d'environ 95 %. À titre de comparaison, l'ADN de notre espèce possède 80 % de similarité avec celui de la souris, un autre mammifère, mais avec lequel il partage une parenté beaucoup plus lointaine.

Les différences correspondent à des mutations, généralement limitées à une ou quelques paires de nucléotides pour chaque gène (et donc à un ou deux acides aminés sur les protéines correspondantes), et à des remaniements chromosomiques. Ainsi, notre espèce possède 23 paires de chromosomes, alors que le chimpanzé commun en possède 24 paires. On peut voir que notre chromosome 2, un grand chromosome, correspond à deux de ceux du chimpanzé qui ont fusionné.

Les différences morphologiques entre notre espèce et les chimpanzés viennent du fait que même si les gènes sont semblables, leur chronologie d'expression varie. Par exemple, la phase de multiplication des neurones du cortex pendant le développement embryonnaire dure beaucoup plus longtemps chez l'être humain (8 semaines) que chez les chimpanzés (2 semaines) : le cerveau humain est beaucoup plus volumineux à la naissance que celui des chimpanzés.

L'Homme et les chimpanzés partagent un ancêtre commun récent (datant de 7 à 10 millions d'années). Ce chiffre est attesté par les données génétiques : on peut estimer la vitesse à laquelle les mutations s'accumulent dans le génome, notamment grâce à ce que l'on appelle l'horloge moléculaire. Il est confirmé par l'étude des fossiles.

Lire dans les fossiles l'histoire de nos origines

Les fossiles nous montrent que si l'être humain est la seule espèce du genre *Homo* actuellement présente sur Terre, il a existé autrefois d'autres espèces d'humains. Ainsi, on appelle lignée humaine le regroupement de notre espèce et de toutes les espèces fossiles plus proches de la nôtre que de celles de la lignée des chimpanzés.

Les plus anciens fossiles de la lignée humaine datent d'environ 7 millions d'années et ont été découverts en Afrique. De nombreuses espèces de la lignée sont apparues et ont disparu sur ce continent. L'espèce *Homo sapiens* est la seule du genre *Homo* existant encore actuellement. Cependant, plusieurs espèces d'*Homo* ont pu coexister par le passé. Par exemple, *Homo neanderthalensis* a vécu en Europe de -250 000 ans à -30 000 ans et a donc coexisté avec notre espèce, apparue en Afrique il y a environ 200 000 ans et arrivée en Europe il y a 70 000 ans au moins.

Une caractéristique qui distingue les fossiles de la lignée humaine de ceux d'autres grands singes est la bipédie prolongée, c'est-à-dire la capacité à se déplacer sur ses deux jambes durant de longues périodes. Cette capacité à la bipédie est montrée par la présence d'un certain nombre de caractères du squelette. On peut citer, entre autres : un bassin court et large ; des fémurs longs et, globalement, des membres inférieurs plus longs que les supérieurs ; un gros orteil du pied non opposable ; enfin, un trou occipital, qui est le lieu par lequel la colonne vertébrale est reliée au crâne, laissant passer la moelle épinière, situé sous le crâne. Chez un quadrupède ou un bipède occasionnel, ces caractères ne sont pas présents. Le genre *Homo* possède en outre une mâchoire parabolique, c'est-à-dire aussi large que longue, ainsi qu'une forte capacité crânienne et donc un gros cerveau, ce qui le distingue assez nettement des autres espèces de la lignée humaine.

Une autre caractéristique du genre *Homo* est la fabrication d'outils complexes et la création de pratiques culturelles variées (parfois documentées dans les archives fossiles). Ces pratiques sont transmises par apprentissage et non génétiquement. On notera cependant que d'autres groupes d'animaux, comme les chimpanzés ou même certains groupes d'oiseaux comme les corvidés, sont capables d'utiliser, voire de fabriquer, des outils simples et qu'ils possèdent des traits culturels, quoique plus réduits que chez l'Homme.

Notions-clés

Acide désoxyribonucléique (ADN) : Molécule support de l'information génétique chez tous les êtres vivants, ce qui permet de comparer les séquences génétiques d'êtres aussi différents qu'une bactérie, une moule ou un pigeon.

Nomenclature binomiale : Il s'agit de la manière dont on désigne scientifiquement les espèces. Elle comprend un nom de genre, avec une majuscule, qui regroupe des espèces très apparentées, et un nom d'espèce, en minuscules, qui est propre à chaque espèce. Par convention, un nom d'espèce est mis en italique.

Caryotype : Ensemble des chromosomes d'une cellule, classés par paires de chromosomes de même type, dits « homologues », et, généralement, par ordre de taille décroissant. Les deux chromosomes 1 sont les plus grands, les deux chromosomes 2 les seconds plus grands, et ainsi de suite.

Zoom sur...

La phylogénie et la construction d'arbres phylogénétiques

La phylogénie est une manière de classer les espèces d'êtres vivants en *phylums* : un groupe comprenant un ancêtre commun et tous ses descendants. On peut représenter cette parenté sous forme d'un arbre phylogénétique.

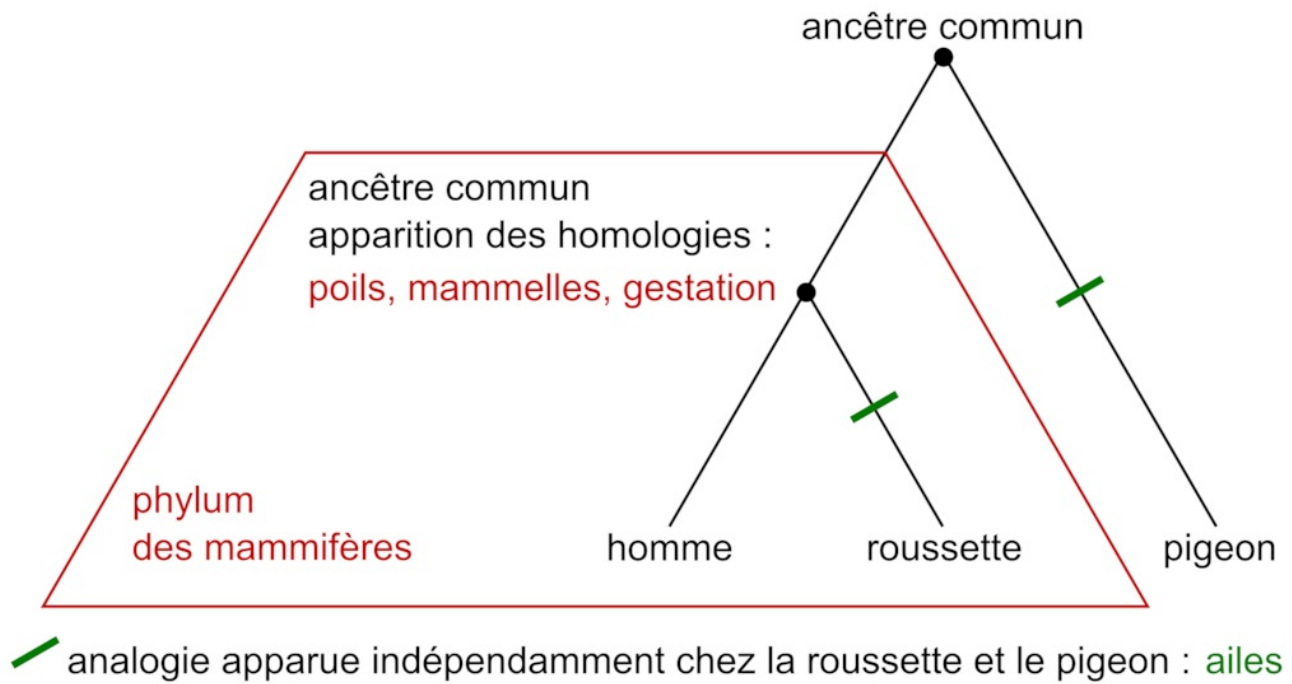


Figure 2. Le *phylum 1* regroupe les espèces parentes A et B ainsi que leur ancêtre commun. Le *phylum 2*, plus grand, regroupe les trois espèces et leur ancêtre commun. On peut ainsi emboîter les groupes comme des poupées russes.

Pour établir un arbre phylogénétique, il faut examiner les caractères que les espèces ont en commun. Cependant, une ressemblance qui traduit non une parenté évolutive mais un mode de vie semblable ou un hasard évolutif est une analogie et ne doit pas être prise en compte. Les caractères communs à retenir sont ceux qui sont hérités d'un même ancêtre commun et qui montrent une parenté : ce sont des *homologies*. Voyez, ci-contre, un arbre phylogénétique simple établi pour trois espèces de vertébrés : notre espèce, la roussette (une chauve-souris) et le pigeon. [Doc 5b]

Seules les homologies sont prises en compte. Cependant, ces dernières ne doivent pas toutes être prises en compte. On ne doit pas considérer, en effet, celles présentes chez un ancêtre commun à toutes les espèces étudiées (ce qu'on appelle les caractères ancestraux), car elles n'apportent rien à la classification. Celles à considérer sont celles présentes uniquement chez certaines espèces et leur ancêtre commun (on les appelle des caractères dérivés).

Les caractères avec lesquels on peut établir un arbre phylogénétique sont les suivants :

1. **Caractères morphologiques et anatomiques.** Ce sont les critères les plus évidents : nombre, nature et caractéristiques des organes.
2. **Critères embryologiques.** Ces critères sont visibles pendant les premiers stades de développement des êtres vivants et sont souvent de bons témoins de parenté.
3. **Critères moléculaires.** On compare les millions, voire les milliards de nucléotides de l'ADN. Ils permettent de faire des phylogénies entre des êtres vivants extrêmement différents mais qui possèdent tous un ADN.