

PREMIERE PARTIE

**MODALITES DE L'EVOLUTION
CRITERES DE DETERMINATION**

I. MODALITES DE L'EVOLUTION HUMAINE

Les nombreuses découvertes de ces dernières dizaines d'années ont apporté de **nouveaux éclairages** sur les **hypothèses de notre évolution**.

Le schéma linéaire et hiérarchisé allant des grands singes à l'homme est obsolète.

Le nombre d'espèces attribuées aux Hominidés atteint pratiquement la vingtaine et ne fait que complexifier le puzzle de nos origines.

Ainsi, les concepts d'une bipédie de plus en plus perfectionnée, d'un cerveau de plus en plus gros, d'une main de plus en plus habile et d'outils de plus en plus diversifiés, s'avèrent fortement simplistes.

Une évolution en mosaïque, plurielle et buissonnante s'impose, entraînant des caractéristiques qui s'expriment selon diverses modalités selon les espèces et non plus une continuité linéaire de celles-ci.

On parlera de **bipédies différentes**, de **dimensions cérébrales propres aux diverses espèces**. Plusieurs formes d'**Homininés** ont coexisté : des espèces d'**Australopithèques** différentes se sont côtoyées durant plusieurs millénaires ; les Néanderthaliens ont été contemporains d'**Homo sapiens** ; **Homo floresiensis**, âgé de 38 à 18.000 ans, découvert en 2003 sur l'île de Flores, en Indonésie, était également contemporain d'**Homo sapiens**.

II. PHYLOGENIE DES HOMINOÏDES

La **phylogénie systématique** ou **cladistique** (du grec "klodos", "branche") qui est une approche différente de celle anciennement utilisée (**systematique évolutive**), distingue les **caractères primitifs** ou **plésiomorphes** des **caractères évolués** ou **apomorphes**. Ces derniers sont nécessaires pour définir une **lignée** ou **clade**.

Cette approche, mise au point par l'entomologiste allemand **Willi HENNIG** (1913-1976), cherche à établir des **liens de parenté** entre un nombre limité d'organismes, c'est-à-dire, à définir « **Qui est plus proche de qui ?** ».

En d'autres mots, il propose l'idée de regrouper les organismes selon les caractères hérités d'un ancêtre commun qui les transmet à l'ensemble de ses descendants.

Pour mieux appréhender cette méthode de classification, il est nécessaire de se familiariser avec quelques notions primordiales, comme : taxon, clade, homologie, caractères...

A. Notion de taxon

Un taxon est un regroupement d'organismes reconnu en tant qu'unité formelle

Ainsi, **Homo sapiens** est un taxon de **rang spécifique**, tandis qu'**Homo** est un taxon de **rang générique**. Les **Hominidés** forment un taxon de **rang familial**, tandis que le taxon des **Primates** se situe au **rang ordinal**.

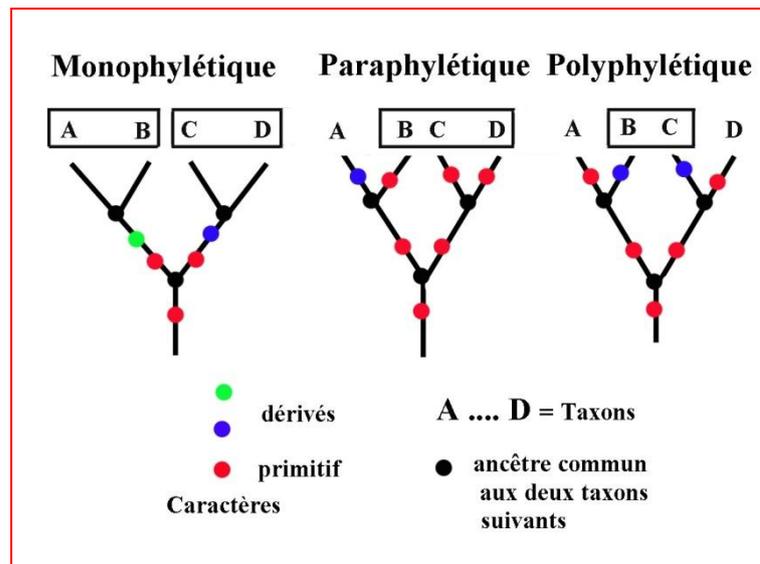


Fig. 1 - Types de taxons

B. Notion de clade

Le **clade** regroupe un ancêtre et l'ensemble de sa descendance. Il représente donc la totalité d'une descendance.

Seule cette entité, également reprise sous la locution **taxon monophylétique** ou **holophylétique**, est reconnu dans la classification phylogénétique du vivant (fig. 1).

Le groupe des Hominidés forme un taxon monophylétique.

Lorsque le groupe comprend un ancêtre et une partie seulement de ses descendants, ce groupe est sans signification phylogénétique (non-fondés sur l'apparentement relatif). On dit qu'il est **paraphylétique** (fig. 1). Dans ce cas, le groupe est fondé sur une similitude (**homologie**) héritée d'un ancêtre commun.

Anciennement, le groupe des dinosaures pouvait former un groupe paraphylétique car il ne reprenait pas les oiseaux qui pourtant sont très proches de *Tyrannosaurus* et de *Velociraptor*.

Un taxon sera dit **polyphylétique** lorsqu'il regroupe des taxons en excluant leur ancêtre commun le plus récent. Dans ce cas, il est souvent défini par une ressemblance qu'il n'a pas héritée d'un ancêtre commun comme B et C dans le schéma de droite de la figure 1. Un exemple serait de classer les chauves-souris et les oiseaux dans un groupe « vertébrés volants ». C'est deux espèces ont la particularité de voler mais n'ont pas d'ancêtre récent commun.

C. Homologie

Restons dans le cadre de notre étude. Nous voyons que toutes les espèces que nous allons analyser sont construites sur un même **plan d'organisation**, c'est-à-dire présentant les mêmes structures, mais pas forcément identiques. Elles sont dites **homologues**. Si nous reprenons la définition que **Richard OWEN** (1804-1892) en a donnée en 1843 et qui est toujours d'actualité,

« sont homologues des structures qui, prises chez des organismes différents, entretiennent avec les structures voisines les mêmes connexions et les mêmes relations topologiques, et ceci quelles que soient leur forme et leur fonction ».

Plus simplement, en biologie, une **homologie** désigne un lien évolutif entre deux traits (généralement anatomique) observés chez deux espèces différentes que toutes deux ont hérité d'un ancêtre commun. Ces traits sont dits **homologues**.

L'exemple retenu est celui du membre antérieur d'un certain nombre de mammifères : l'homme, le lézard, le chat, la baleine, la chauve-souris, la grenouille et un oiseau. Tous présentent les mêmes os selon la même séquence anatomique mais de conformation totalement différente. La fonction de ce membre est également différente selon les espèces : la préhension, la démarche quadrupède, le saut, le vol (fig. 2).

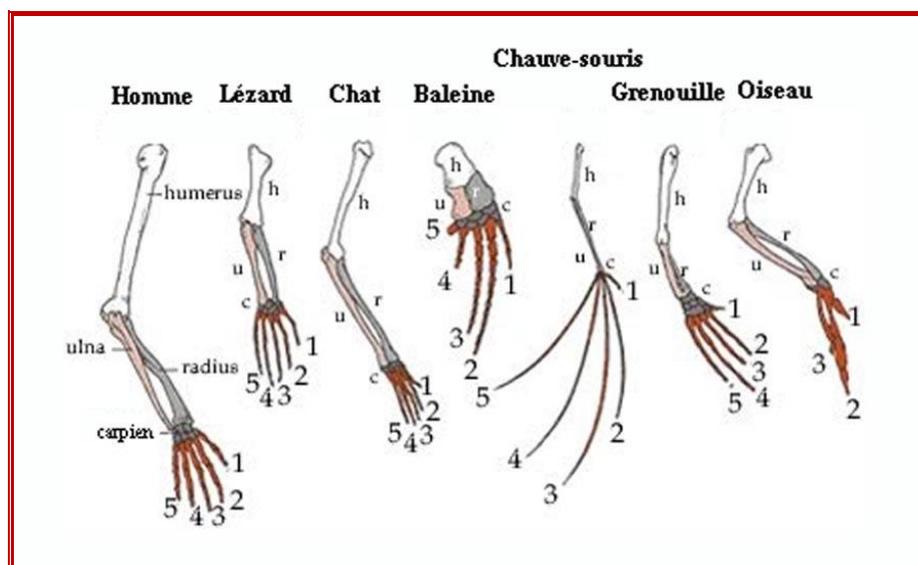


Fig. 2 – Exemples d'homologie

D. Caractères

Un caractère est un attribut observable d'un organisme

Dans des **structures homologues**, on peut distinguer au moins **deux états du même caractère**. Donc on peut définir le caractère comme étant une série d'attributs observables d'organismes sur lesquels on peut poser une hypothèse d'homologie.

Lors de l'élaboration d'un arbre phylogénique, on choisit un échantillon d'organismes dont on veut établir les liens de parenté. On établit une liste des caractères qui peuvent se présenter sous deux états différents.

• Caractères plésiomorphes

Un caractère **plésiomorphe**, ou **primitif** ou **ancestral**, chez une espèce, au sein d'un taxon est un caractère qui n'a pas subi de modification au cours de l'évolution.

C'est un caractère conservé depuis le premier ancêtre du taxon considéré. S'il est commun à plus d'un taxon on parle de **symplesiomorphie**.

• Caractères apomorphes

Un caractère **apomorphe**, ou **dérivé**, chez une espèce au sein d'un taxon, est un caractère acquis au cours de l'évolution par modification d'un caractère ancestral.

S'il est spécifique à un seul taxon, il s'agit d'une **autoapomorphie**. S'il est commun à plus d'un taxon, il constitue une **synapomorphie** qui détermine un clade **monophylétique**, ou **holophylétique**.

Toutefois, on ne peut pas parler d'espèce primitive ou d'espèce évoluée, ni même de caractère primitif ou dérivé de manière absolue. L'état de ces caractères est fonction du taxon dans lequel on le considère. Ils peuvent être primitifs pour un groupe d'espèces et dérivés pour un autre groupe.

Cependant la distinction entre caractères dérivés et ancestraux permet de dater de manière relative l'apparition des divergences au sein des lignées évolutives et ainsi d'établir des arbres phylogénétiques (fig. 3).

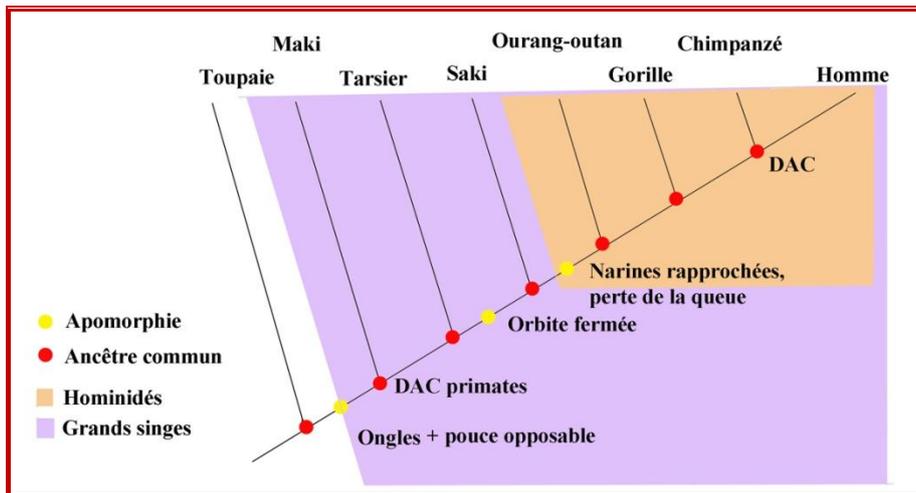


Fig. 3 – Arbre phylogénique des Hominiés basé sur des caractères apomorphes.

E. Principe de parcimonie

En sciences et en philosophie, le **principe de parcimonie** consiste à n'utiliser qu'un minimum de causes élémentaires pour expliquer un phénomène.

Ainsi, en génétique, ce principe privilégie la séquence présentant le plus petit nombre de changements évolutifs pour établir des relations phylogéniques.

Lors de l'établissement d'une **classification évolutive de plusieurs taxons** en fonction de **plusieurs caractères**, on appliquera le **principe de parcimonie** en cas de difficulté à déterminer quelles sont les espèces les plus proches. Donc, le cladogramme retenu sera celui qui favorise le nombre d'hypothèse d'homologie (due à une ascendance commune) et minimise le nombre d'hypothèse d'homoplasie (due à une adaptation convergente).

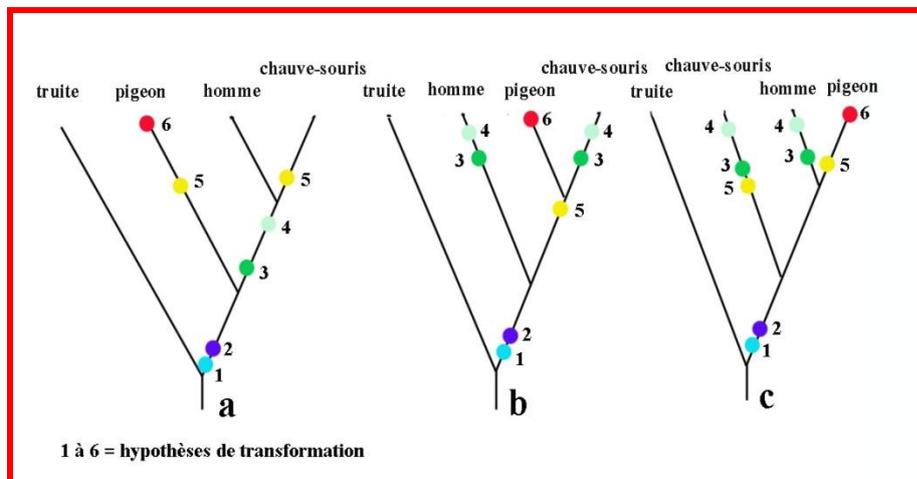


Fig. 4 – Principe de parcimonie

Dans la figure 4, le cladogramme a est le plus parcimonieux car il n'utilise que 7 hypothèses de transformation tandis que b et c en utilisent 8 et 9 et sont donc à rejeter.

F. Relations phylogénétiques des hominoïdes actuel

L'**approche moléculaire** a permis de répartir les grands singes et les hommes en **deux lignées**, l'une **africaine**, l'autre **asiatique**. Les **hominidés** sont **africains** et comportent les hommes, les chimpanzés et les gorilles. Les **pongidés** sont **asiatiques** et n'englobent que les orangs-outans (fig. 5).

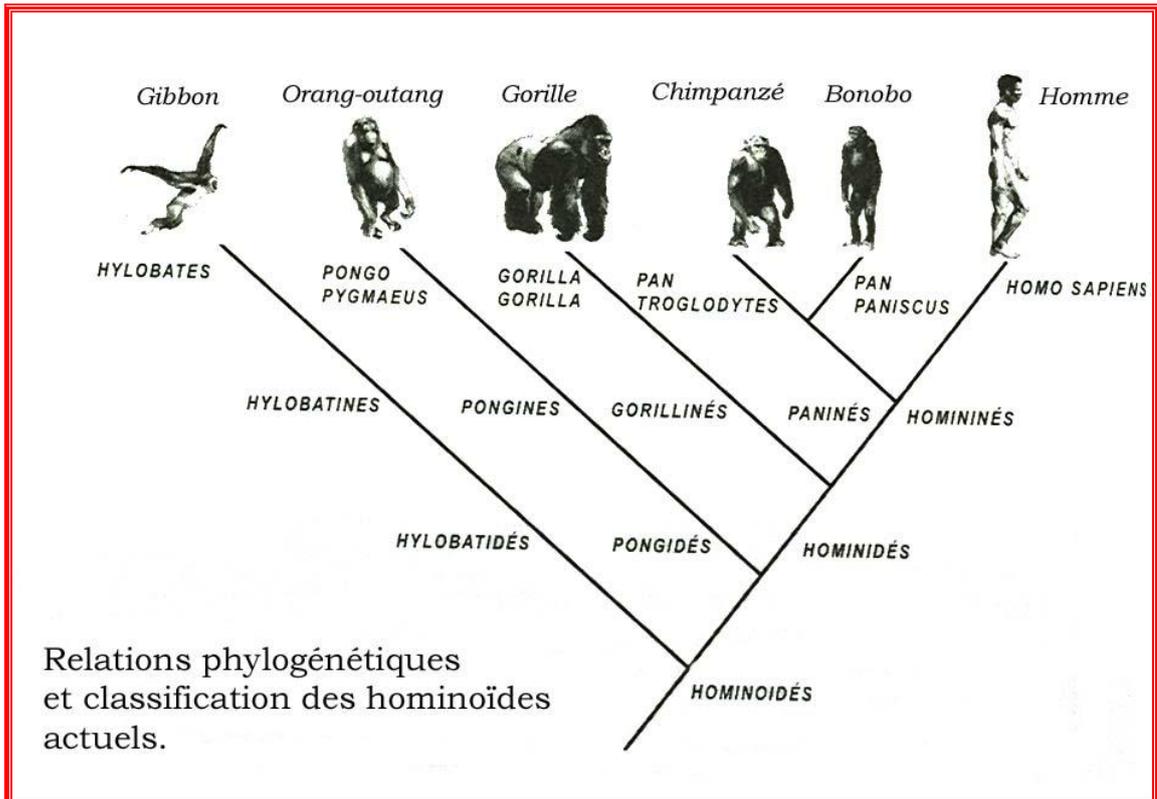


Fig. 5 – Relations phylogénétiques et classification des hominoïdes actuels, basée sur les données de l'anthropologie moléculaire (d'après P. PICQ).