

Thème 3 Une histoire du vivant

Chapitre III

L'évolution humaine

I- L'Homme, un primate parmi les primates

1) **Etablir** avec le logiciel Phylogène la matrice espèce / caractère et l'arbre de parenté correspondant à l'Homme.

- **Ouvrir** le logiciel Phylogène (menu « démarrer »).

- **Choisir** la collection « Archontes » (Primates), cliquer sur OK.

- **Choisir** la fonctionnalité « construire » dans le menu « activités ».

- Pour générer la matrice, **sélectionner** en bas de l'écran les espèces souhaitées en cliquant sur chacune d'elles.

- **Espèces à sélectionner** : Chimpanzé, Gibbon, Bonobo, Orang-outan, Gorille, Homme, Babouin, Tupaïe et Macaque

Toutes ces espèces, sauf le Tupaïe font partie des primates.

- **Choisir** les caractères dans le menu au-dessus des espèces à sélectionner.

Caractères à comparer : pouce, queue, terminaison des doigts

- **Compléter** la matrice en cliquant dans chaque case et en choisissant le bon caractère.

- **Cliquer** sur vérifier pour passer à l'étape suivante.

- **Organiser** le tableau en rangeant les colonnes du caractère le plus partagé au caractère le moins partagé (cliquer, maintient et déplacer).

- **Faire** de même pour les lignes, déplacer les lignes pour que les espèces qui partagent le plus de caractères en commun soit en haut, puis de moins en moins vers le bas du tableau.

- Dans le menu « Activités », **choisir** « établir des parentés » pour construire l'arbre de parenté de ces espèces.

- **Choisir** les espèces, pour cela cliquer sur chaque espèce dans le tableau (en bas de l'écran) pour les faire apparaître à l'écran.

- **Cliquer** sur le premier caractère du tableau, les espèces qui le possèdent apparaissent en jaune sur l'arbre en construction, relier les branches ensemble. Pour cela, **utiliser** les commandes (la petite main sur l'arbre) pour relier ensemble les espèces qui partagent les mêmes caractères dérivés (= caractères nouveaux).

Rq : Le jaune correspond au caractère dérivé donc nouveau, le bleu correspond au caractère ancestral.

- **Faire** de même pour le second et le troisième caractère (faire des essais en cliquant sur les caractères dans le tableau).

Doc 1 : Procédure détaillée pour comparer les caractères morpho-anatomiques avec phylogène

- **Recopier** l'arbre obtenu.

- **Placer** sur votre arbre les derniers ancêtres communs (en les numérotant : DAC1 etc).

Phylogène - Collection sélectionnée : Archontes (Primates)

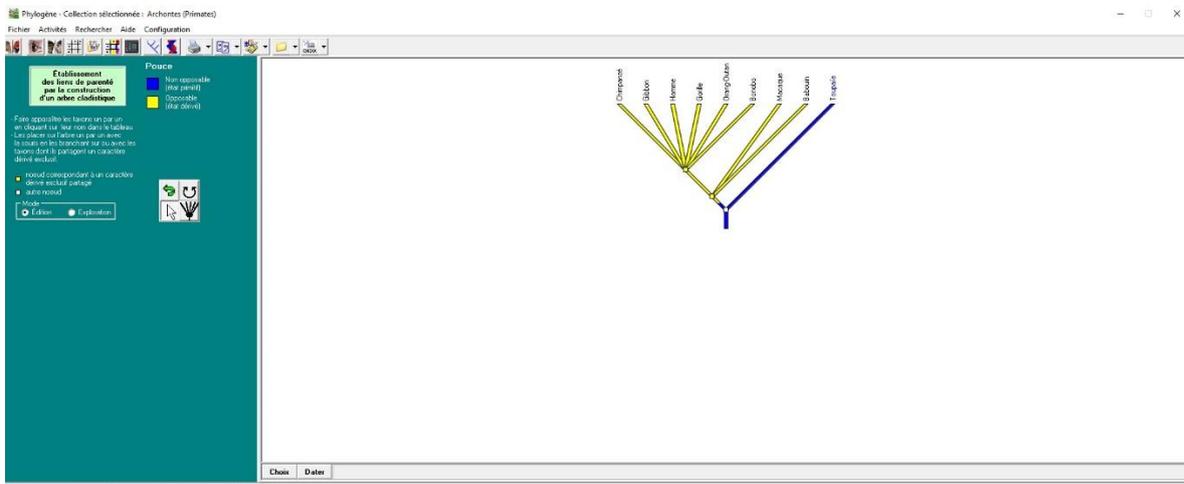
Fichier Activités Recherche Aide Configuration

	Pouce	Queue	Terminaisons des doigts
Chimpanzé	Opposable	Absente	Ongles
Gibbon	Opposable	Absente	Ongles
Bonobo	Opposable	Absente	Ongles
Orang-Outan	Opposable	Absente	Ongles
Gorille	Opposable	Absente	Ongles
Homme	Opposable	Absente	Ongles
Babouin	Opposable	Présente	Ongles
Toupaïe	Non opposable	Présente	Griffes
Macaque	Opposable	Présente	Ongles

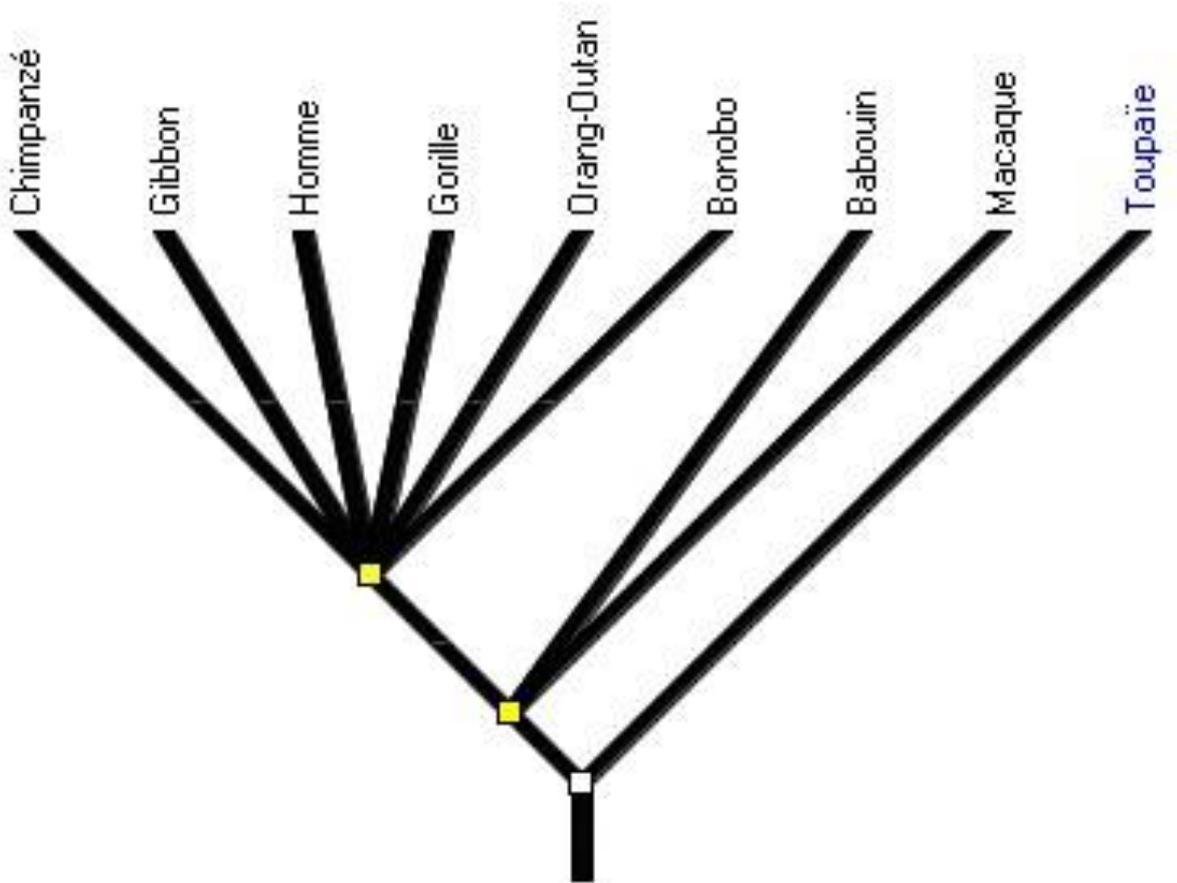
Appendice nasal
knuckle walking
Narines
Orbites
Pouce
Queue
Terminaisons des doigts

Vérifier effacer

Montrer les états



	Primate	Terminaison des doigts	Queue
Chimpanzé	Opposable	ongles	absente
Gibbon	Opposable	ongles	absente
Homme	Opposable	ongles	absente
Gorille	Opposable	ongles	absente
Orang-Outan	Opposable	ongles	absente
Bonobo	Opposable	ongles	absente
Babouin	Opposable	ongles	présente
Macaque	Opposable	ongles	présente
Toupaie	Non opposable	Galles	présente



Sur le doc ci-dessus :

- Entourer le dernier ancêtre commun de tous les primates.
- Placer sur votre arbre les innovations évolutives de chaque ancêtre commun (= caractères dérivés).
- Citer les caractères propres aux primates.

	Chimpanzé	Gorille	Gibbon	Orang-outan
NAD	89	86,5	75,9	75,5
CYTOXYDASE	97,4	96,1	94,3	93,8
GLOBINE G	100	98	97,3	98,6

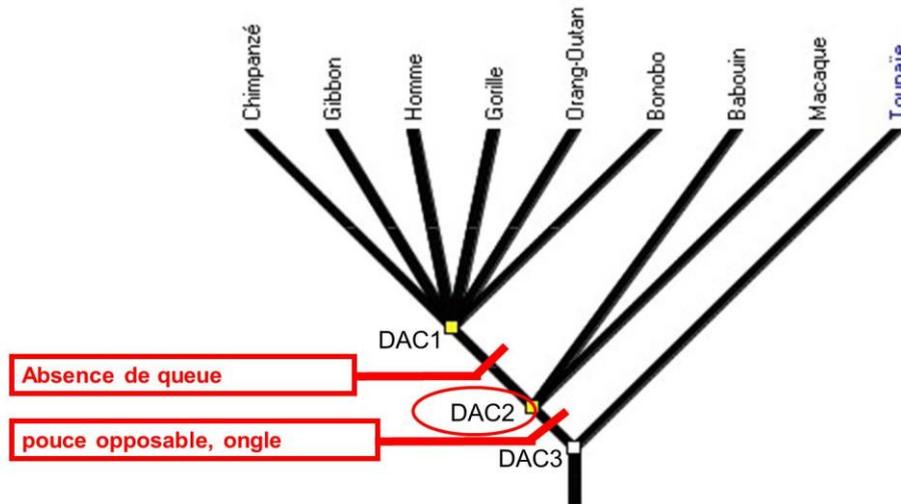
Matrice des distances pour trois types de séquences entre l'Homme pris pour référence et les quatre autres grands primates (en % d'identité)

Doc 2 : Matrice des ressemblances construite avec le logiciel GeniGen

2) Exploiter les données génétiques pour préciser les relations de parenté entre Homo sapiens et les autres grands singes.

Réponses :

- 1) **Etablir** avec le logiciel Phylogène la matrice espèce / caractère et l'arbre de parenté correspondant à l'Homme.
 - **Recopier** l'arbre obtenu.
 - **Placer** sur votre arbre les derniers ancêtres communs (en les numérotant : DAC1 etc).
 - **Entourer** le dernier ancêtre commun de tous les primates.
 - **Placer** sur votre arbre les innovations évolutives de chaque ancêtre commun (= caractères dérivés).



Arbre phylogénétique des espèces considérées

- **Citer** les caractères propres aux primates.
Les caractères propres aux primates sont les pouces opposables, les ongles.

- 2) **Exploiter** les données génétiques pour préciser les relations de parenté entre Homo sapiens et les autres grands singes.
D'après le tableau présenté, on peut dire que l'Homme et le Chimpanzé présente de forte similitude génétique.

Conclusion :

Pour identifier les espèces avec lesquelles l'espèce humaine actuelle est la plus étroitement apparentée, les scientifiques s'appuient sur deux sortes de méthodes :

- la comparaison de caractères morpho-anatomiques, permettant de repérer des innovations évolutives communes témoignant d'une parenté ;
- la comparaison des génomés, qu'il s'agisse du nombre de gènes en commun ou du degré de similitudes entre les séquences nucléotidiques des gènes.
- En s'appuyant sur ces méthodes, on détermine que l'espèce humaine actuelle (Homo sapiens) est apparentée au groupe des primates auquel elle appartient (présence du pouce est opposable aux autres doigts et qui possèdent des ongles).
- Parmi les primates, l'humain est plus particulièrement apparenté au groupe des grands singes dont il fait partie (absence de queue).
- Enfin, à l'intérieur du groupe des grands singes, notre espèce partage avec le chimpanzé un ancêtre commun plus récent que celui qu'elle partage avec les autres espèces (les génomes des deux espèces sont identiques à près de 99%).

II- L'histoire de la lignée humaine

Problème : Que peut nous apprendre l'étude des fossiles sur notre histoire évolutive ?

TES T3 CIII II

L'histoire de la lignée humaine

La lignée humaine comprend toutes les espèces descendantes du dernier ancêtre commun de l'Homme et de son plus proche parent actuel, le Chimpanzé. Cet ancêtre, qui n'est ni un Homme, ni un Chimpanzé, serait âgé d'environ 7 millions d'années. Découverte en 1974, dans la région du rift est-africain, Lucy est une *Australopithecus afarensis* datée de 3,2 millions d'années. Son squelette est le premier à être trouvé presque complet. Il montre une bipédie certaine, critère d'appartenance à la lignée humaine, mais aussi une mâchoire en U développée vers l'avant, proche de celle du Chimpanzé.

Doc 1 : Lucy, une découverte historique pour la lignée humaine

Lorsqu'un fossile de Primate est découvert, on vérifie s'il est possible de le rattacher à la lignée humaine en recherchant notamment les structures anatomiques qui permettent la bipédie.

Parmi les six espèces proposées ci-contre, seul le Chimpanzé n'appartient pas à la lignée humaine.

■ Matrice de comparaison de quelques caractères de Primates actuels et fossiles. ➤

En **bleu** : caractères ancestraux.

En **jaune** et **orange** : caractères dérivés.

MI : longueur des membres inférieurs.

MS : longueur des membres supérieurs.

	Os iliaque	Trou occipital	Forme mandibule	Capacité crânienne	Prognathisme	Rapport MI/MS
Chimpanzé	Allongé	En arrière	En U	Faible	Marqué	Inférieur à 1
<i>A. afarensis</i>	Court	Intermédiaire	En U	Faible	Marqué	Inférieur à 1
<i>H. habilis</i>	Court	Intermédiaire	Parabolique	Moyenne	Réduit	Inférieur à 1
<i>H. erectus</i>	Court	Avancé	Parabolique	Forte	Réduit	Supérieur à 1
<i>H. neanderthalensis</i>	Court	Avancé	Parabolique	Forte	Absent	Supérieur à 1
<i>H. sapiens</i>	Court	Avancé	Parabolique	Forte	Absent	Supérieur à 1

Doc 2 : Construire un arbre phylogénétique de la lignée humaine

Régulièrement, de nouveaux fossiles de Primates bipèdes sont mis à jour. C'est le cas, par exemple, des fossiles d'*Australopithecus sediba* (a) et d'*Homo naledi* (b), découverts en 2008 et 2013 en Afrique du sud par Lee Berger. Ces découvertes et leurs interprétations amènent les paléontologues à modifier régulièrement l'arbre phylogénétique de la lignée humaine.



caractères typiques du groupe des *Homo*

caractères typiques du groupe des *Australopithecus*

a *Australopithecus sediba* (1,9 Ma) montre certains caractères primitifs, mais aussi d'autres plus évolués que chez Lucy.

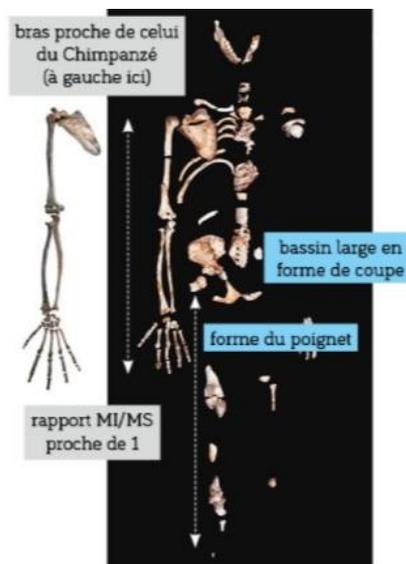
Une description d'*Homo naledi* (236 000 à 335 000 ans)

« Le volume de son cerveau était compris entre 450 et 550 cm³, ce qui le rend comparable à celui de Lucy (...) Pour autant, la forme générale du crâne évoque plutôt le crâne d'*Homo erectus*, assez proche de celui de l'humain moderne. Les dents ressemblent en revanche à celles d'*Homo habilis*, (...) car leurs tailles augmentent depuis l'avant de la mâchoire vers l'arrière.

Elles sont toutefois petites dans l'ensemble et les molaires évoquent plutôt des formes humaines postérieures à *Homo habilis*. (...) Le bras combine une épaule et des doigts adaptés pour grimper aux arbres avec un poignet et une paume adaptés à la manipulation d'outils, activité que l'on associe habituellement aux Hominines* non arboricoles à gros cerveaux inventifs. Quant aux jambes, elles combinent une articulation de la hanche semblable à celle de Lucy et à un pied qu'il est pratiquement impossible de distinguer de celui de l'Homme moderne. »

Kate Wong, rédactrice à *Scientific American*, dossier PLS n° 94, janvier 2017

b Plus de 1 500 ossements fossiles d'*Homo naledi* ont été découverts sur le même site provenant d'au moins 15 individus.



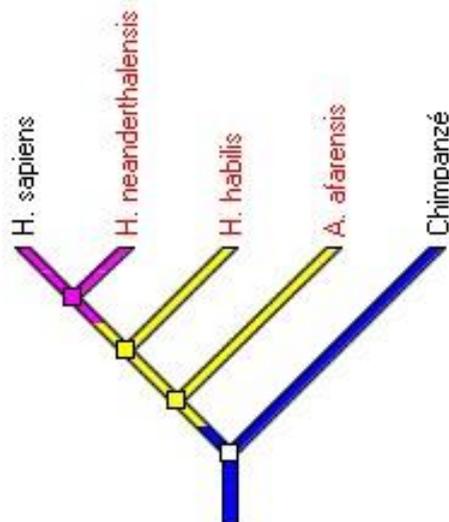
Doc 3 : Un arbre phylogénétique en constante évolution

Questions :

1) Donner les critères d'appartenance à la lignée humaine.

2) Compléter l'arbre phylogénétique ci-dessous de la lignée humaine en y reportant l'âge de l'ancêtre commun et les caractéristiques dérivés entre chaque ancêtre.

Pour cela, reproduire la matrice du doc 2 dans le logiciel Phylogène (collection Homininés) et utiliser les fonctionnalités du logiciel pour construire l'arbre phylogénétique de la lignée humaine.



3) Ajouter *Australopithecus sediba* sur cet arbre.

4) Expliquer la difficulté de classer certains fossiles comme *Homo naledi* et en quoi leur découverte remet régulièrement en cause l'histoire de l'Homme.

Correction :

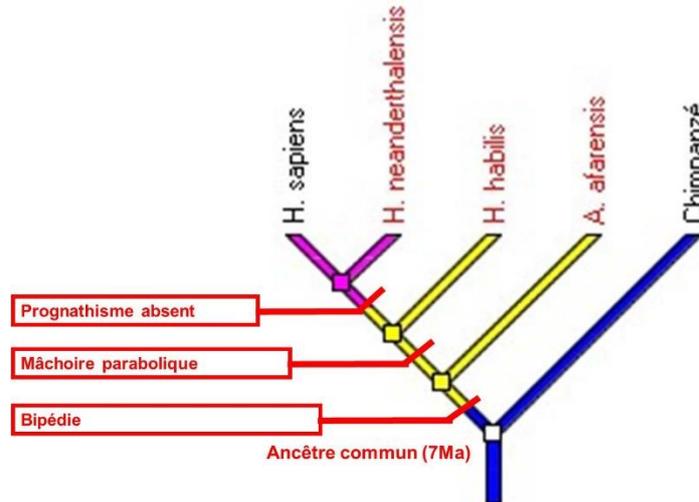
1) **Donner** les critères d'appartenance à la lignée humaine.

Les critères d'appartenance à la lignée humaine sont :

- Os iliaque courts
- Trou occipital intermédiaire ou avancé

2) **Représenter** l'arbre phylogénétique de la lignée humaine en y reportant l'âge de l'ancêtre commun et les caractéristiques dérivées entre chaque ancêtre.

Pour cela, reproduire la matrice du doc 2 dans le logiciel Phylogène (collection Homininés) et utiliser les fonctionnalités du logiciel pour construire l'arbre phylogénétique de la lignée humaine.



3) **Ajouter** *Australopithecus sediba* sur cet arbre.

Sediba serait entre A ; afarensis et H ; Habilis.

4) **Expliquer** la difficulté de classer certains fossiles comme *Homo naledi* et en quoi leur découverte remet régulièrement en cause l'histoire de l'Homme.

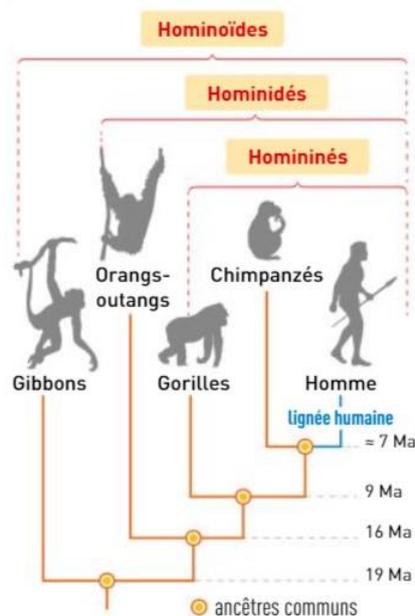
H. naledi présente des caractéristiques très variées et très intermédiaire ce qui explique les difficultés à placer cet ancêtre.

Conclusion :

Des **arguments scientifiques**, issus de l'analyse comparée de **fossiles d'Hominines datés de 3 à 7 millions d'années**, permettent de reconstituer l'histoire de la lignée humaine.

Ces études montrent des **innovations évolutives** caractéristiques qui permettent de définir des critères d'appartenance à la **lignée humaine** : **bipédie exclusive**, **forme de la mandibule en V** et **augmentation du volume de la boîte crânienne** pour les représentants du genre Homo.

La **paléanthropologie** est la science qui, à travers l'étude des fossiles, a permis de reconstruire l'histoire de la lignée humaine. Cette étude est toutefois régulièrement remise en question lorsque de nouveaux fossiles sont découverts.



Arbre phylogénétique des Hominoïdes basé sur des comparaisons moléculaires

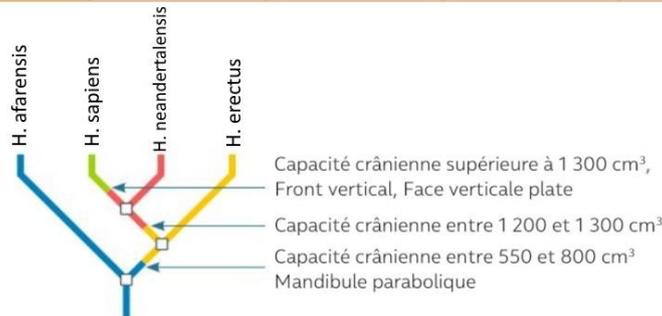
III- L'histoire récente du genre *Homo*

Problème : Quels sont les arguments scientifiques permettant de reconstituer notre histoire évolutive ?

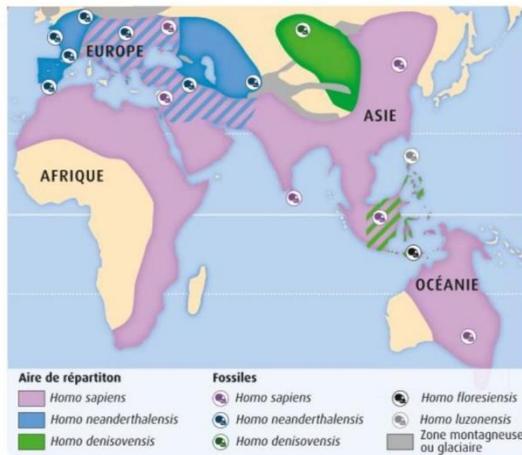
TES T3 CIII III

L'histoire récente du genre *Homo*

	<i>Australopithecus africanus</i>	<i>Homo erectus</i>	<i>Homo neanderthalensis</i>	<i>Homo sapiens</i>
				
Volumes crâniens moyens (cm ³)	450	1 100	1 500	1 350
Prognathisme	très important	léger	léger	quasi absent
Bipédie	probablement permanente mais pas de course	permanente et pratique de la course	permanente et pratique de la course	permanente et pratique de la course



Doc 1 : Arbre phylogénétique de différentes espèces du genre *Homo*



Les migrations des différentes populations humaines au cours du temps ont été établies grâce à la localisation et la datation des ossements, productions et outils découverts. Par ailleurs, par détermination de la séquence en nucléotides de génomes entiers préservés dans certains ossements, les généticiens ont mis en évidence un métissage d'*Homo sapiens* avec *Homo neanderthalensis* en Europe et *Homo denisovensis* en Asie. Cela signifie que des individus considérés comme appartenant à des espèces distinctes se sont reproduits et ont eu une descendance fertile... Par conséquent, faut-il encore les considérer comme des espèces distinctes? Le débat est ouvert. Ce métissage est visible dans le génome des humains actuels. On estime que 2% du génome des Eurasiatiques proviennent des Néandertaliens et que 5% du génome des Papous de Nouvelle-Guinée est originaire des Denisoviens

Des mélanges au sein du genre *Homo*.

Aire de répartition supposée des espèces du genre *Homo* il y a 40 000 ans: *Homo sapiens*, *H. neanderthalensis*, *H. floresiensis*, *H. denisovensis*, *H. luzonensis*. Cette carte a été établie grâce à la découverte et la datation de restes humains (ossements, productions, outils).

Doc 2 : Carte des migrations et mélanges au cours du temps

Les Australopithèques utilisaient des outils en os pour déterrer des tubercules et éventrer les termitières mais les outils qui se sont le mieux conservés au cours de l'histoire humaine sont en pierre. Les plus anciens (2,2 millions d'années) sont de simples galets taillés à une extrémité ce qui la rend tranchante. On leur donne le nom de galets aménagés ou choppers. Ils sont attribués à *Homo habilis*.

Dans le million d'années qui va suivre l'espèce humaine taille la pierre sur toute sa surface pour fabriquer un outil caractéristique : le biface. Les éclats qui sautent lors de la taille du biface sont eux aussi utilisés pour fabriquer des outils plus petits.



D'après www.evolution-biologique.org.

Doc 3 : Des outils découverts avec les ossements des différents représentants de la lignée humaine

le microbiote représente l'ensemble des bactéries intestinales, des muqueuses et de la peau de notre corps. Il constitue un véritable écosystème indispensable au bon fonctionnement immunitaire et digestif de notre organisme. Du fait de son mode de vie et de son alimentation, chaque population possède un microbiote qui lui est spécifique.

En 2017, le séquençage de l'ADN de la plaque dentaire de Néandertaliens a permis de déterminer une partie de la « flore » bactérienne qui y était hébergée. Des traces du génome de l'archéobactérie *Methanobrevibacter oralis*, que l'on retrouve aussi dans la bouche de l'Homme moderne, y ont été détectées. Des comparaisons de ces génomes suggèrent que l'archéobactérie a été transmise entre Néandertal et Sapiens (texte ci-contre).

« S'il y a eu échange de micro-organismes de la bouche entre espèces, c'est qu'il y a pu avoir échanges de baisers, de nourriture et d'eau, ce qui suggèrerait que ces interactions étaient bien plus amicales et intimes que quiconque ne l'avait jamais envisagé. »

Citation de Laura S. Weyrich, professeure d'anthropologie

Doc 4 : Le microbiote

Questions :

- 1) **Indiquer** pourquoi *A. afarensis* n'appartient pas au genre *Homo*.
- 2) **Discuter** du degré de parenté entre *Homo sapiens*, *H neanderthalensis* et *H. denisovensis*.
- 3) Dans un tableau, **trier** les caractères transmis au sein de la lignée humaine de façon génétique ou non génétique.

Correction :

- 1) **Indiquer** pourquoi *A. afarensis* n'appartient pas au genre *Homo*.
A. afarensis n'appartient pas au genre *Homo* car il a un volume crânien trop faible, un prognathisme très important et sa bipédie n'est pas adaptée à la course. (En plus : moi : une mandibule en U).
- 2) **Discuter** du degré de parenté entre *Homo sapiens*, *H neanderthalensis* et *H. denisovensis*.
Ces trois groupes étaient considérés comme des espèces du genre *Homo* différentes, mais le métissage et les données génétiques semblent montrer que ces trois espèces n'en sont en fait qu'une seule selon la définition commune.
- 3) Dans un tableau, **trier** les caractères transmis au sein de la lignée humaine de façon génétique ou non génétique.

Caractères	
Génétique	Non génétique
Volume crânien important Bipédie totale + course Prognathisme faible Mandibule en U Métissage	Microbiote Outils ...

Conclusion :

Le genre *Homo* regroupe l'espèce humaine actuelle et des espèces humaines fossiles. Les espèces du genre *Homo* ont adopté une bipédie permanente, qui se traduit notamment par un raccourcissement des bras par rapport aux jambes. Au niveau du crâne, le volume cérébral est supérieur à 550 cm³, la face est plate et la mandibule est parabolique. Tous ces caractères sont transmis génétiquement.

Plusieurs espèces humaines ont coexisté au même moment sur Terre. Si les interactions entre les espèces humaines sont souvent mal connues, des données génétiques révèlent qu'*Homo sapiens* s'est hybridé avec des Néandertaliens et des Denisoviens. Ce métissage est visible dans le génome des humains actuels.

Les populations humaines actuelles sont extrêmement proches d'un point de vue génétique, mais présentent une très grande diversité de cultures. La langue, l'utilisation d'outils et les habitudes alimentaires sont des traits culturels, des caractères, acquis par l'apprentissage et non par la génétique. Les habitudes alimentaires diversifient même les êtres humains jusqu'à leur microbiote, qui dépend notamment de l'alimentation.