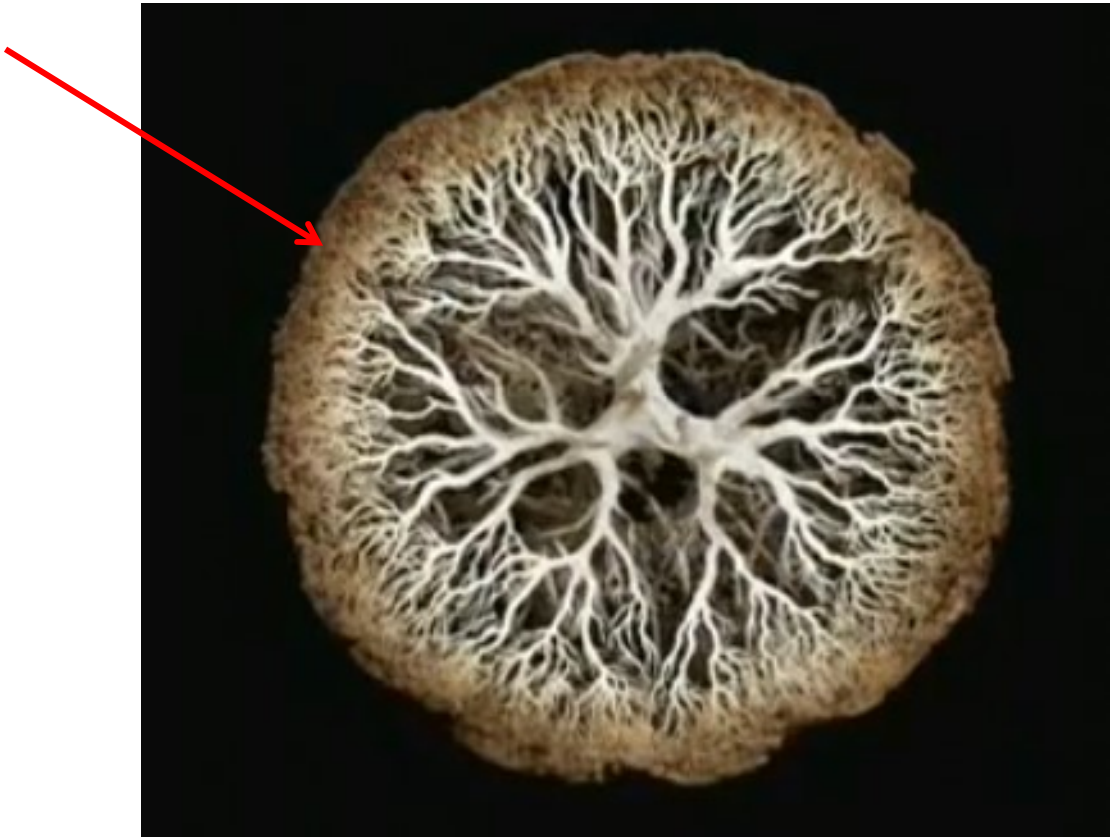
Chapitre 3 : l’évolution humaine



Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates

B. Construire un arbre phylogénétique

1. en utilisant des caractères anatomiques

2. en utilisant des données moléculaires

C. La place de l'homme parmi les primates

II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine

B. Le genre Homo

C. Homo sapiens

Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates

B. Construire un arbre phylogénétique

1. en utilisant des caractères anatomiques

2. en utilisant des données moléculaires

C. La place de l'homme parmi les primates

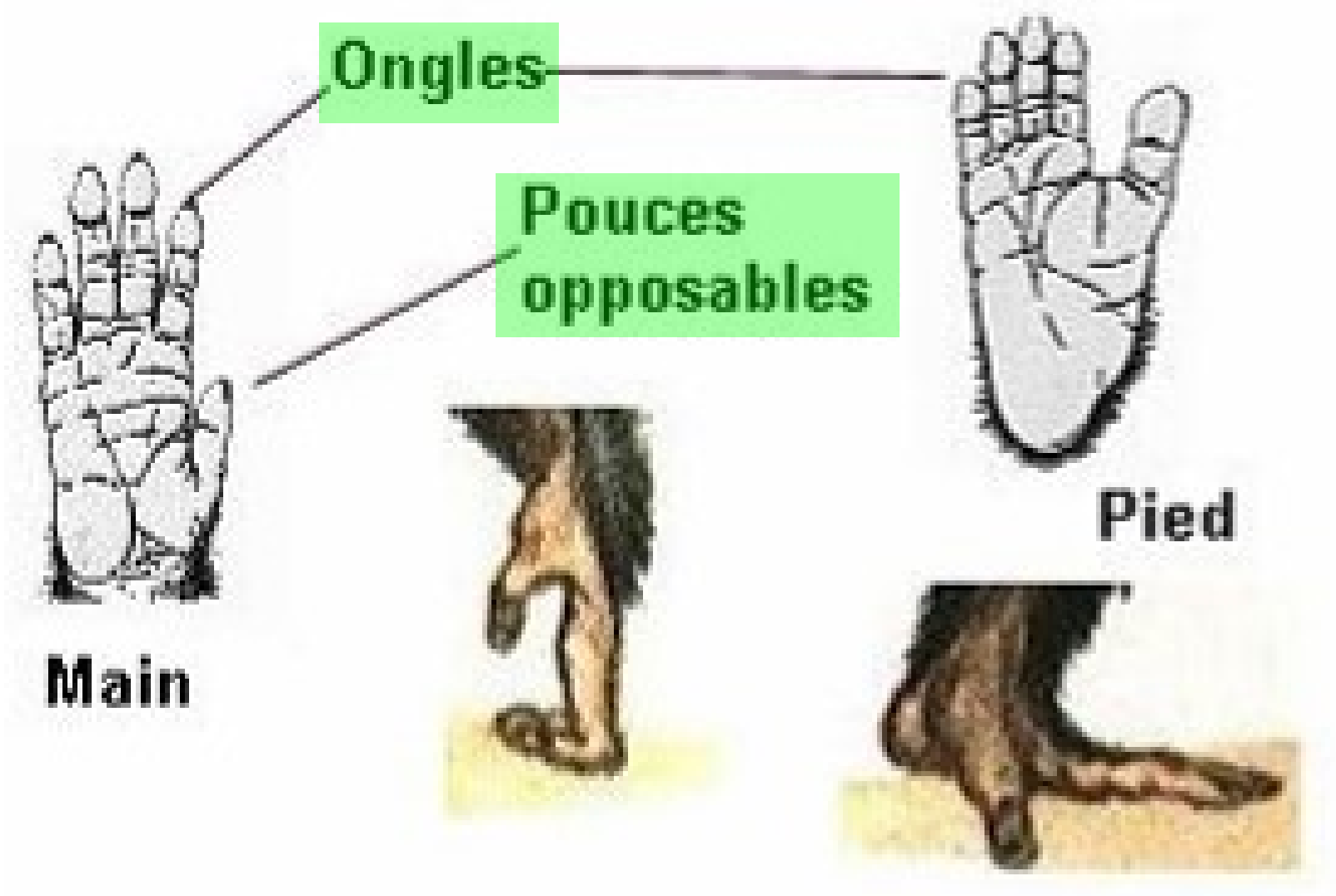
II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine

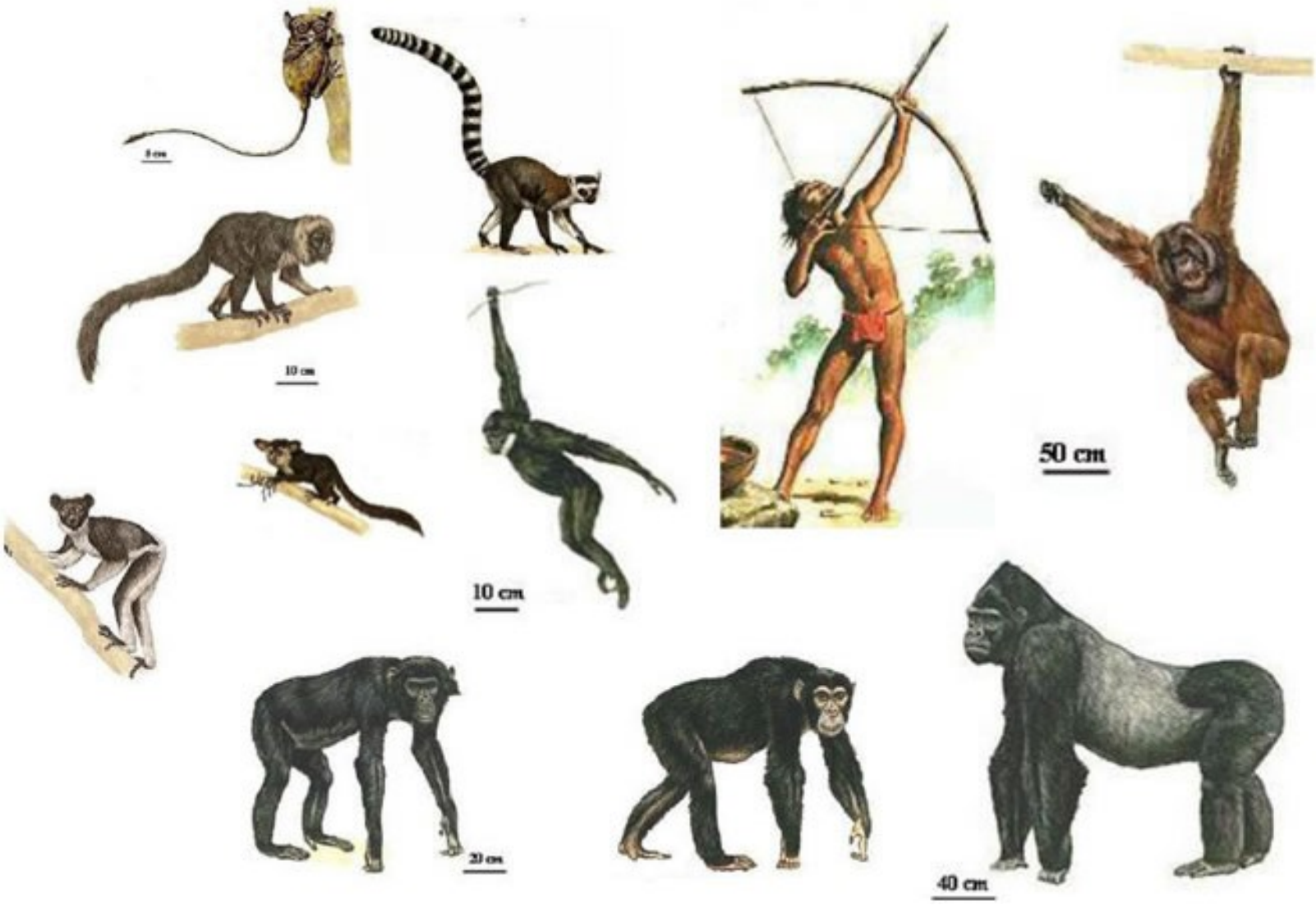
B. Le genre Homo

C. Homo sapiens

Caractéristiques des primates



Les primates



Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates

B. Construire un arbre phylogénétique

1. en utilisant des caractères anatomiques

2. en utilisant des données moléculaires

C. La place de l'homme parmi les primates

II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine

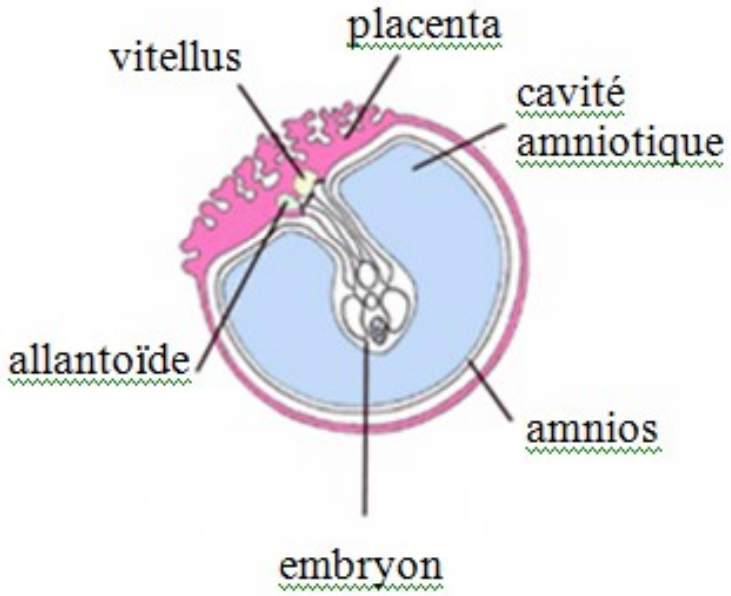
B. Le genre Homo

C. Homo sapiens

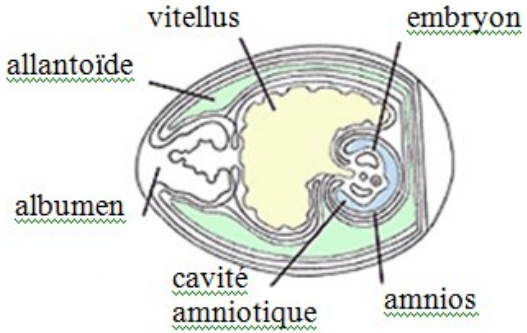
Reconstituer une histoire évolutive

Annexes embryonnaires de quelques vertébrés

CHIEN



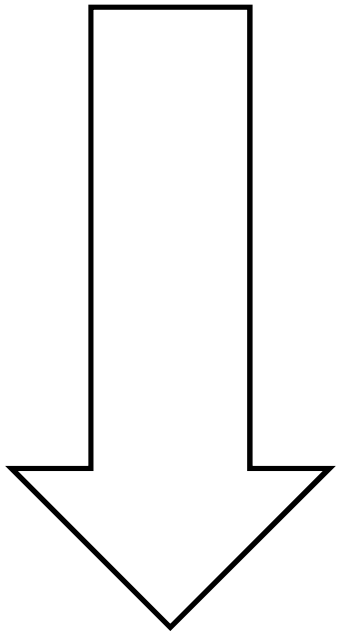
MESANGE



SARDINE

Deux états d'un caractère

État ancestral



Etat dérivé = innovation évolutive

Choix d’un extragroupe

EXTRAGROUPE

Il possède tous les caractères à l’état ancestral

Exemple :

	caractères		
Taxons	**vertèbres**	**amnios**	**placenta**
Chien			
Mésange			
Sardine			
Ver de terre (extragroupe)	**0**	**0**	**0**

Matrice taxons-caractères

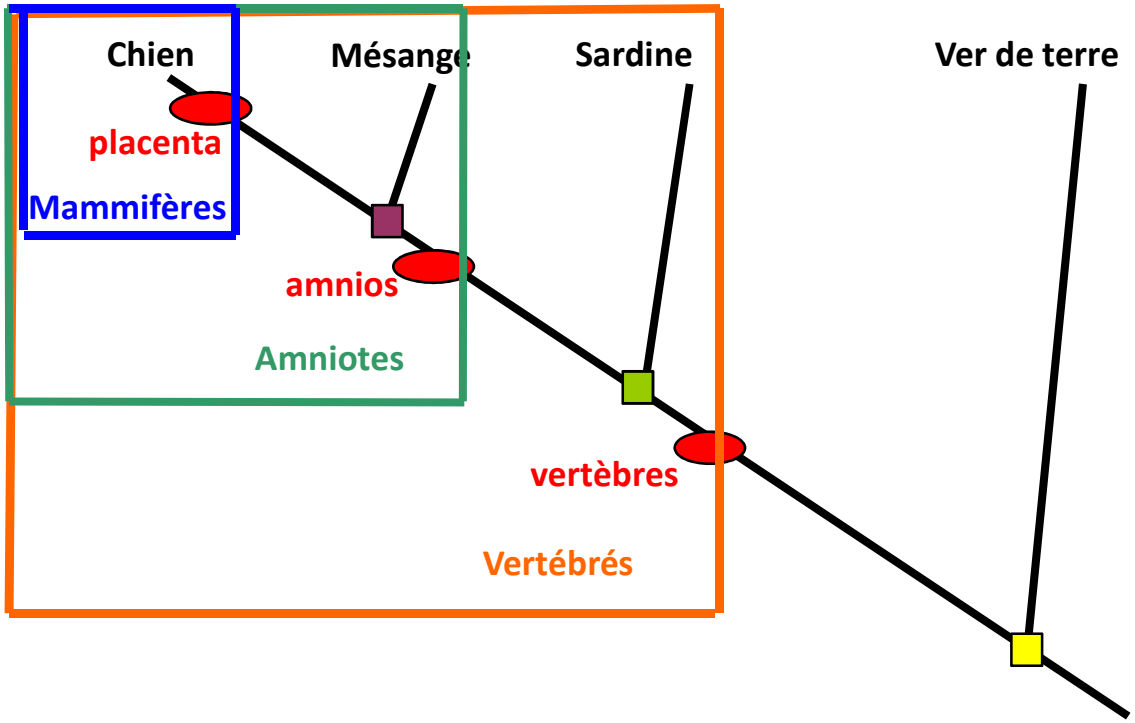
0 : état ancestral

1 : Présence de l'innovation évolutive (= état dérivé)

Reconstituer une histoire évolutive

	caractères		
Taxons--	vertèbres	amnios	placenta
Chien	1	1	1
Mésange	1	1	0
Sardine	1	0	0
ver de terre	0	0	0

1 : état dérivé = innovation
0 : état ancestral



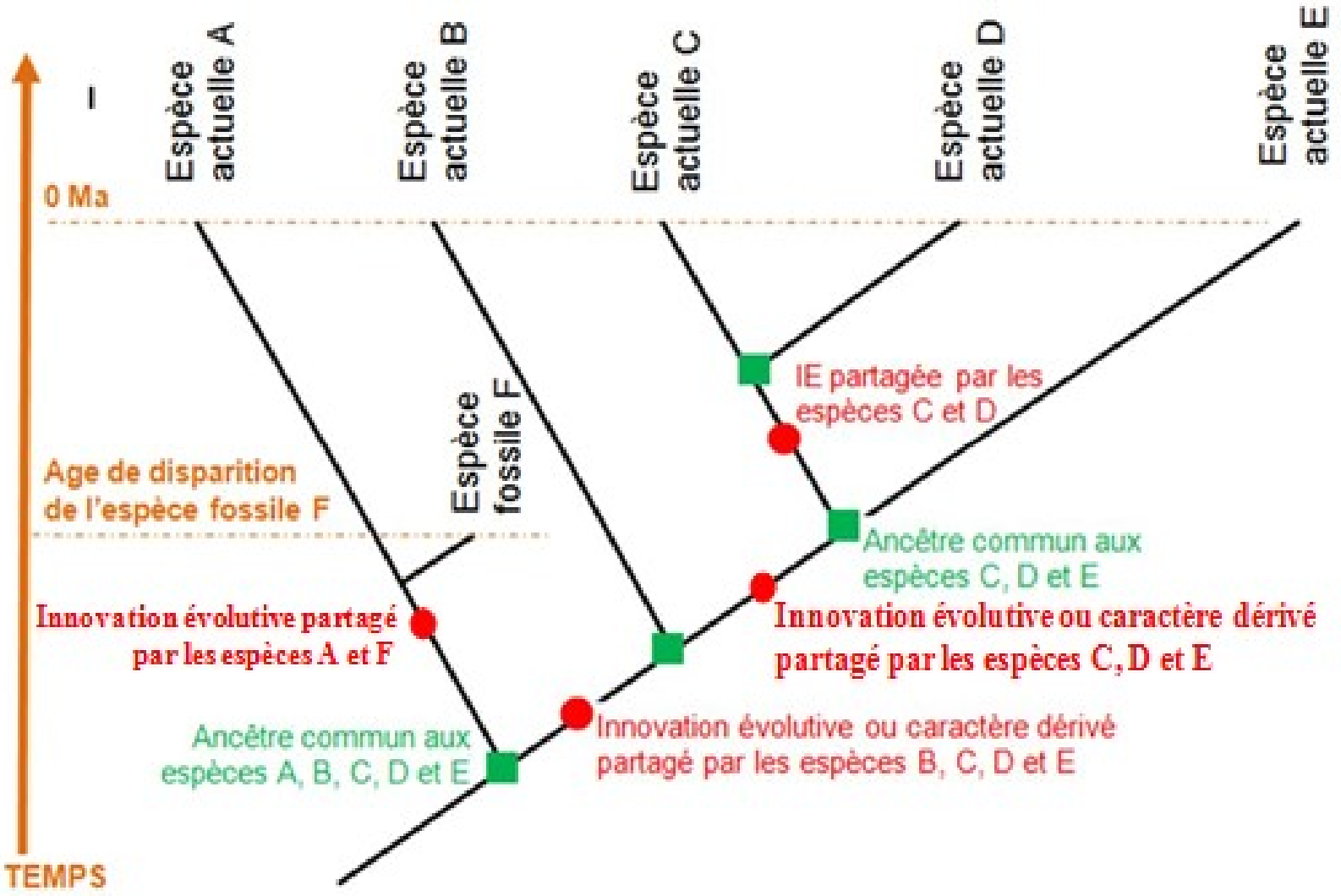
Innovations évolutives

Ancêtre commun au chien et à la mésange

Ancêtre commun au chien, à la mésange et à la sardine

Ancêtre commun au chien, à la mésange et à la sardine et au ver de terre

Arbre phylogénétique



Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

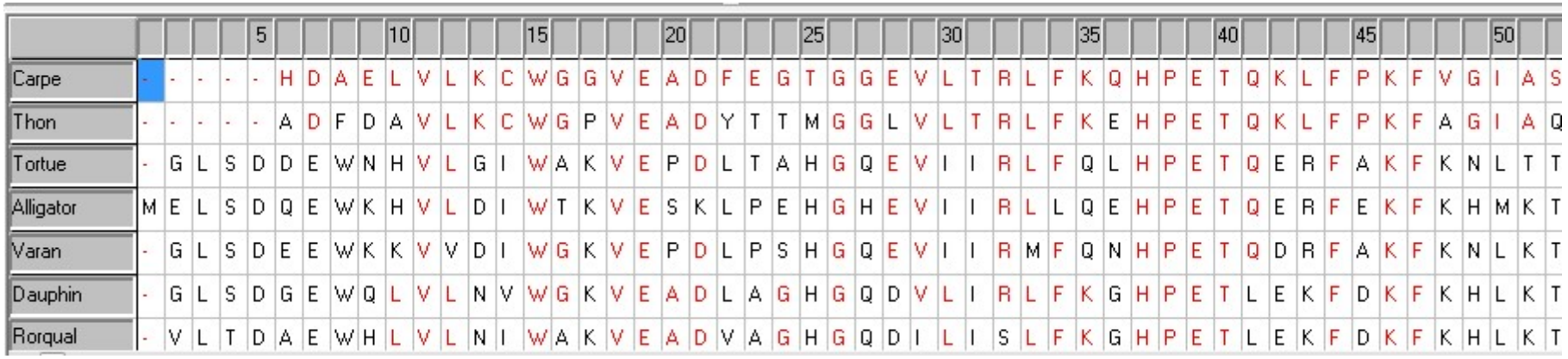
A. Le groupe des primates
B. Construire un arbre phylogénétique
1. en utilisant des caractères anatomiques
2. en utilisant des données moléculaires
C. La place de l'homme parmi les primates

II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine
B. Le genre Homo
C. Homo sapiens

Utilisation de données moléculaires

Séquence d’un gène ou de la protéine correspondante



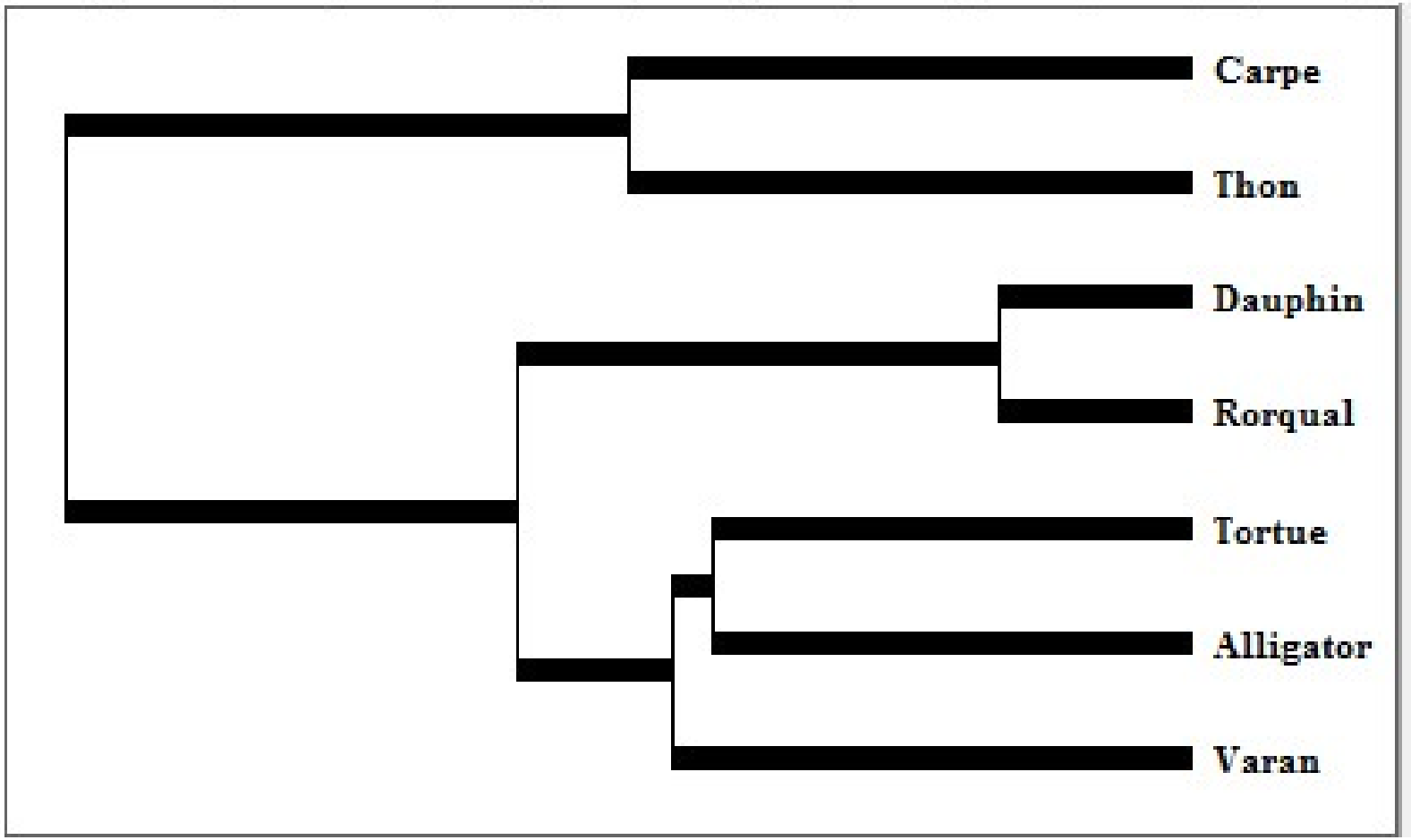
	5				10				15				20				25				30				35				40				45				50	
Carpe	-	-	-	-	H	D	A	E	L	V	L	K	C	W	G	G	V	E	A	D	F	E	G	T	G	G	E	V	L	T	R	L	F	K	Q	H	P	E	T	Q	K	L	F	P	K	F	V	G	I	A	S
Thon	-	-	-	-	A	D	F	D	A	V	L	K	C	W	G	P	V	E	A	D	Y	T	T	M	G	G	L	V	L	T	R	L	F	K	E	H	P	E	T	Q	K	L	F	P	K	F	A	G	I	A	Q
Tortue	-	G	L	S	D	D	E	W	N	H	V	L	G	I	W	A	K	V	E	P	D	L	T	A	H	G	Q	E	V	I	I	R	L	F	Q	L	H	P	E	T	Q	E	R	F	A	K	F	K	N	L	T	T
Alligator	M	E	L	S	D	Q	E	W	K	H	V	L	D	I	W	T	K	V	E	S	K	L	P	E	H	G	H	E	V	I	I	R	L	L	Q	E	H	P	E	T	Q	E	R	F	E	K	F	K	H	M	K	T
Varan	-	G	L	S	D	E	E	W	K	K	V	V	D	I	W	G	K	V	E	P	D	L	P	S	H	G	Q	E	V	I	I	R	M	F	Q	N	H	P	E	T	Q	D	R	F	A	K	F	K	N	L	K	T
Dauphin	-	G	L	S	D	G	E	W	Q	L	V	L	N	V	W	G	K	V	E	A	D	L	A	G	H	G	Q	D	V	L	I	R	L	F	K	G	H	P	E	T	L	E	K	F	D	K	F	K	H	L	K	T
Rorqual	-	V	L	T	D	A	E	W	H	L	V	L	N	I	W	A	K	V	E	A	D	V	A	G	H	G	Q	D	I	L	I	S	L	F	K	G	H	P	E	T	L	E	K	F	D	K	F	K	H	L	K	T

Utilisation de données moléculaires

	Carpe	Thon	Tortue	Alligator	Varan	Dauphin	Rorqual
Carpe	0	41	83	85	81	84	86
Thon		0	82	84	84	76	79
Tortue			0	35	35	49	48
Alligator				0	41	53	52
Varan					0	48	48
Dauphin						0	14
Rorqual							0

Pourcentage de différences entre les séquences de la protéine étudiée

Utilisation de données moléculaires



Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates
B. Construire un arbre phylogénétique
1. en utilisant des caractères anatomiques
2. en utilisant des données moléculaires
C. La place de l'homme parmi les primates

II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine
B. Le genre Homo
C. Homo sapiens

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates

1 Classer en utilisant des caractéristiques anatomiques

Une comparaison des caractéristiques morphologiques et anatomiques de différentes espèces actuelles permet d'établir leurs liens de parenté (a).

Au cours de l'évolution, des caractères apparaissent ou changent. Ces innovations permettent la transformation d'un caractère ancestral en un caractère dérivé. Elles sont transmises d'un ancêtre qui les possède à sa descendance. Ainsi, plus le nombre de caractères dérivés partagés par deux espèces est important et plus ces espèces sont apparentées ; autrement dit, plus leur ancêtre commun est récent.

Une matrice de comparaison permet de déterminer facilement le nombre de caractères dérivés partagés par deux espèces (b). Cette matrice sert ainsi à la construction d'un arbre de parenté ou **arbre phylogénétique** (DOC. 2).

a Caractères morphologiques observables à l'œil nu de différentes espèces.

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates

	Terminaison des doigts (griffes ou ongles)	Pouce	Appendice nasal	Orbites	Vertèbres caudales* (queue ou coccyx*)
Homme	ongles	opposable	nez	fermées	coccyx
Chimpanzé	ongles	opposable	nez	fermées	coccyx
Gorille	ongles	opposable	nez	fermées	coccyx
Macaque	ongles	opposable	nez	fermées	queue
Tarsier	ongles	opposable	nez	ouvertes	queue
Maki	ongles	opposable	truffe	ouvertes	queue
Toupaïe	griffes	non opposable	truffe	ouvertes	queue

b Matrice de comparaison de quelques caractères de différentes espèces (caractères ancestraux, caractères dérivés).

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates

DOC 2

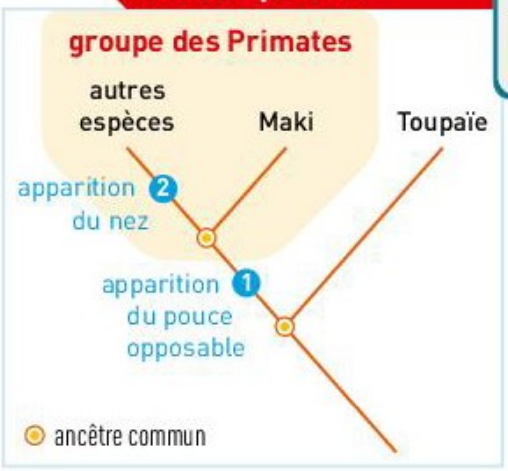
Construire un arbre phylogénétique

La construction d'un arbre phylogénétique permet de visualiser les liens de parenté entre différentes espèces.

Par exemple, le Maki est plus proche des autres espèces que le Toupaïe car il partage avec elles un pouce opposable (1). Mais, ne possédant pas de nez (2), il apparaît comme le plus éloigné des autres espèces du groupe des Primates.

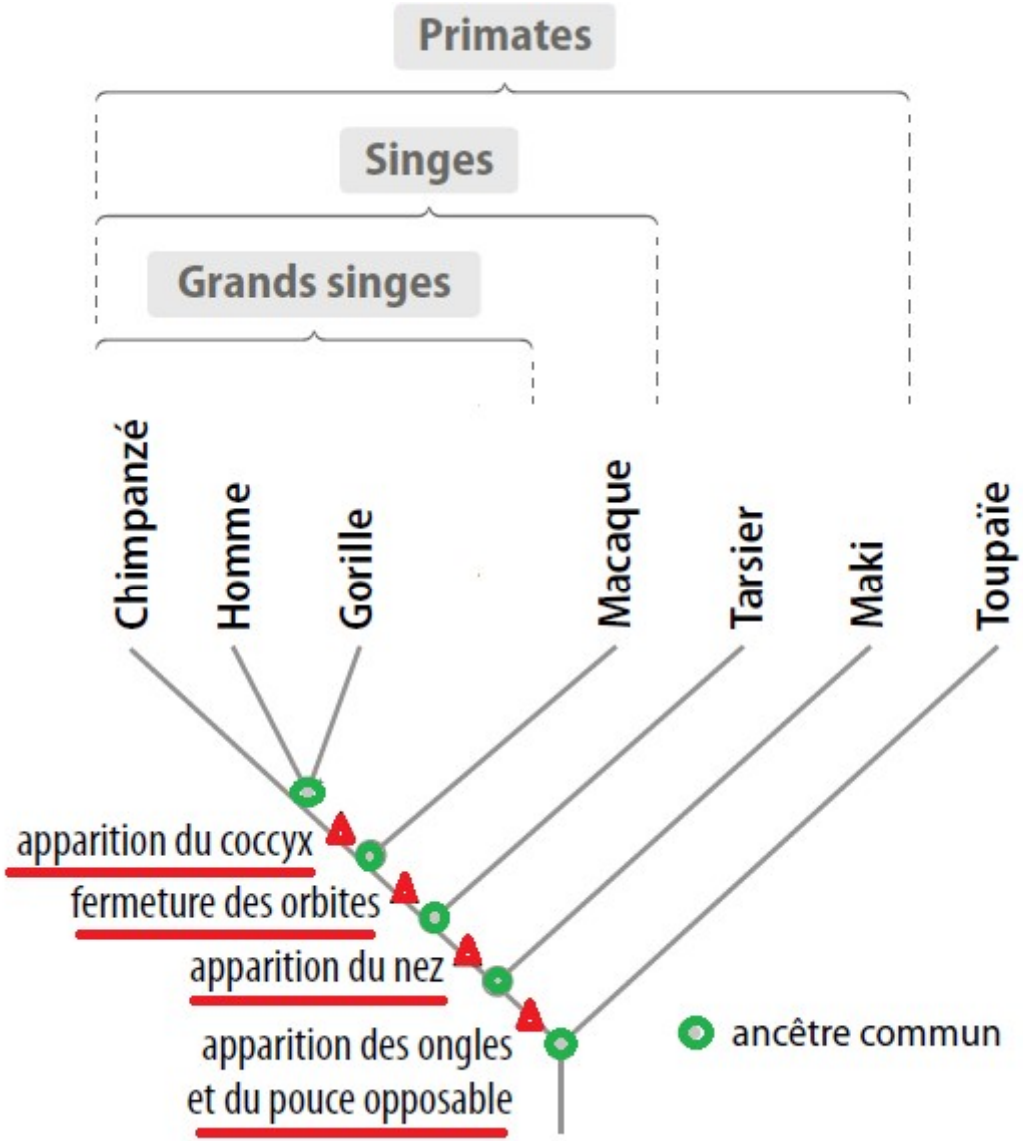
L'apparition d'un ou de plusieurs caractères dérivés permet de définir un groupe où toutes les espèces sont issues d'un même ancêtre commun. Par exemple, le pouce opposable est l'un des caractères dérivés spécifiques du groupe des **Primates**. Les Singes sont des Primates dotés d'une orbite fermée. Parmi eux, les **Grands singes** (encore appelés Hominoïdes) se caractérisent par l'absence de queue remplacée par un coccyx.

ANIMATION BONUS
Arbre de parenté



Arbre phylogénétique établi à partir des caractères pouce et appendice nasal.

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates



Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates

Afin d'obtenir un arbre phylogénétique plus précis, il est possible de comparer les séquences* nucléotidiques d'un même gène présent chez différentes espèces (a). En effet, au cours du temps, l'ADN accumule des modifications liées aux mutations*. Pour un gène donné, et en supposant constante la fréquence des mutations, plus les différences seront importantes et plus l'ancêtre commun entre deux espèces sera ancien. La matrice des distances (b) présente le pourcentage de différences entre les séquences d'un même gène comparées deux à deux. Ces résultats sont représentatifs de ceux obtenus par une comparaison de l'ensemble des génomes* de ces espèces.

	1150					1155					1160					1165					1170					1175					1180					1185					1190					1195					1200				
HOMME	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	T	C	G	G	A	A	G	A	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	A	C	G	T	G	G	C	G	G	G	A	C	C	T	G	C	C	C
CHIMPANZE	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	T	C	G	G	A	A	G	G	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	A	C	G	T	G	G	C	G	G	G	A	C	C	T	G	C	C	C
GORILLE	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	T	C	A	G	A	A	G	G	C	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	A	C	G	T	G	G	C	A	G	G	A	C	C	T	G	C	C	C
ORANGUTAN	C	C	G	A	G	G	C	T	G	C	A	G	C	T	G	T	G	C	A	G	G	T	C	A	G	A	A	G	G	C	A	G	C	C	T	G	C	A	G	C	A	C	G	T	G	G	C	A	G	G	A	C	C	T	G	C	G	C
SAIMIRI	C	C	A	A	G	G	C	T	G	C	A	A	C	T	G	T	G	C	A	A	G	T	C	A	C	A	A	G	G	C	A	G	C	C	T	G	C	A	G	C	G	C	A	T	G	G	C	C	A	G	A	T	C	T	C	A	G	C

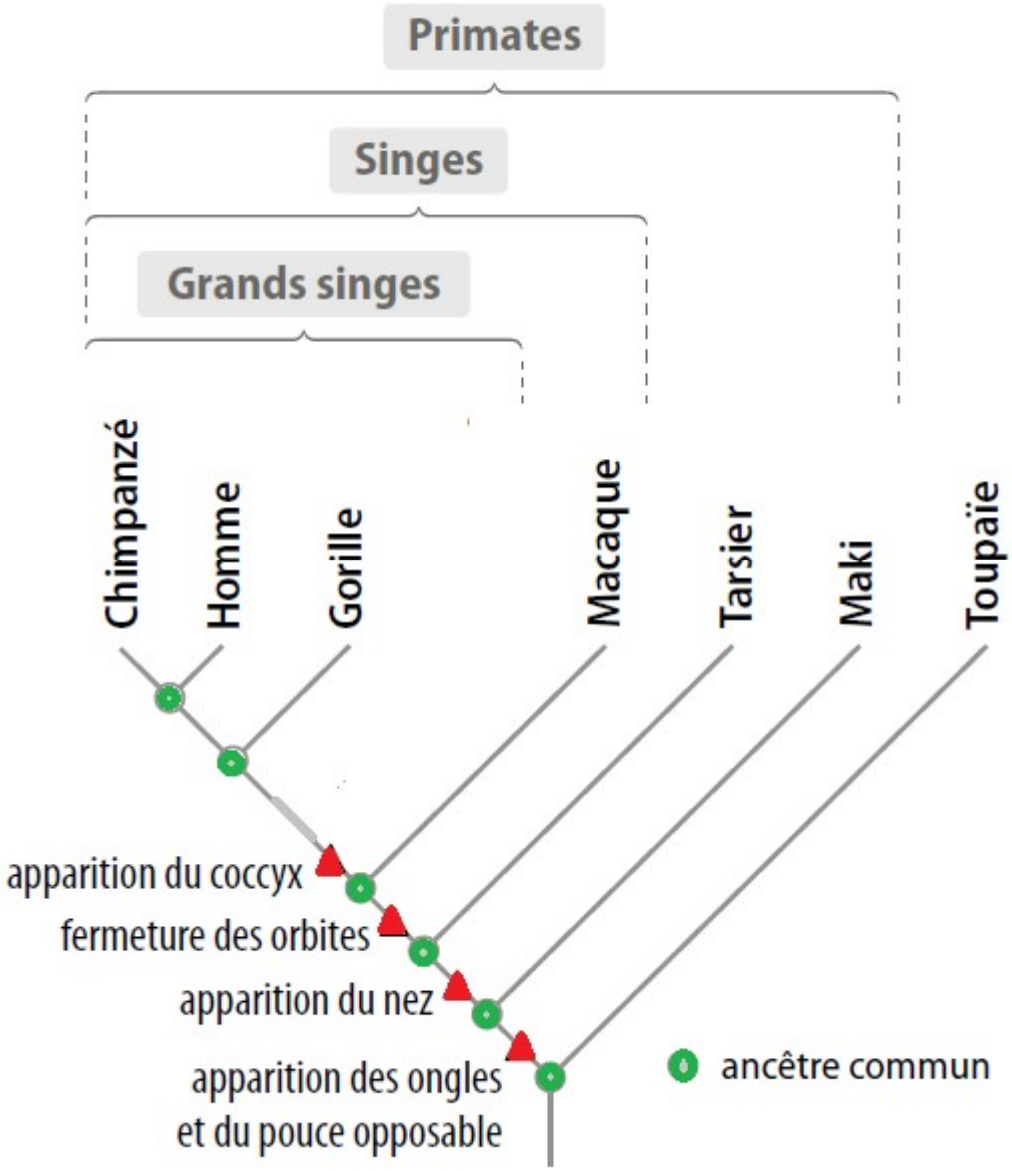
a Comparaison partielle du gène de la microcéphaline chez différents Primates (réalisée avec le logiciel *Phylogène*).

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates

b Matrice des distances issue de la comparaison de la séquence entière du gène de la microcéphaline (2 529 nucléotides) chez quelques Primates. Les valeurs indiquent le pourcentage de différence.

	HOMME	CHIMPANZE	GORILLE	ORANGUTAN	SAIMIRI
HOMME	0	1.03	1.54	2.85	10
CHIMPANZE		0	1.23	2.57	9.77
GORILLE			0	2.77	9.92
ORANGUTAN				0	9.09
SAIMIRI					0

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates



Entraînement :

1 QCM

Pour chaque proposition, identifiez la (ou les) bonne(s) réponse(s).

1. Plus 2 espèces partagent de caractères résultant d'innovations évolutives :

a. plus elles sont proches parentes.

b. plus leur degré de parenté est grand.

c. tout dépend des caractères.

2. D'après le DOC. 1, l'être humain est plus proche parent :

	Bonobo	Chimpanzé commun	Homme	Gorille	Macaque
Bonobo	0	0,881	2,64	3,08	11,9
Chimpanzé commun		0	2,64	3,08	11,9
Homme			0	3,08	11,9
Gorille				0	12,3
Macaque					0

DOC 1 Pourcentage de différence dans la séquence de la protéine COX2 chez cinq grands singes.

Le gène *cox2* est impliqué dans l'immunité chez les vertébrés. Les séquences de ce gène sont comparées afin d'estimer les ressemblances génétiques entre les espèces et d'en déduire leur degré de parenté.

a. du chimpanzé commun que du bonobo.

b. du gorille que du macaque.

c. du bonobo que du gorile.

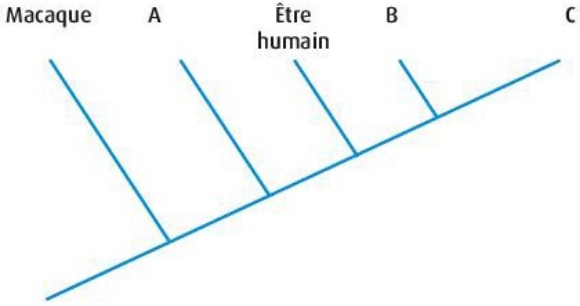
3. D'après le DOC. 1, les deux espèces les plus proches parentes sont :

a. le chimpanzé commun et l'être humain.

b. l'être humain et le gorille.

c. le bonobo et le chimpanzé commun.

4. À partir des données du DOC. 1, les liens de parenté entre les espèces ont été représentés sous forme d'un arbre de parenté (DOC. 2).



DOC 2 Arbre de parenté de cinq primates.

Les espèces correspondant aux lettres sont :

a. A = gorille, B = chimpanzé commun ou bonobo, C = chimpanzé commun ou bonobo.

b. A = gorille, B = chimpanzé commun forcément, C = bonobo forcément.

c. A = chimpanzé commun ou bonobo, B = chimpanzé commun ou bonobo, C = gorille.

5. Plus 2 espèces sont proches parentes :

a. plus leurs derniers ancêtres communs sont lointains dans le passé.

b. plus leurs derniers ancêtres communs sont récents.

c. moins elles ont d'ancêtres en commun.

6. D'après les données du DOC. 1, le chimpanzé commun partage l'ancêtre commun le plus récent avec :

a. l'être humain.

b. le gorille.

c. le bonobo.

► CORRECTION p. 322

Chapitre 3 : l'évolution humaine

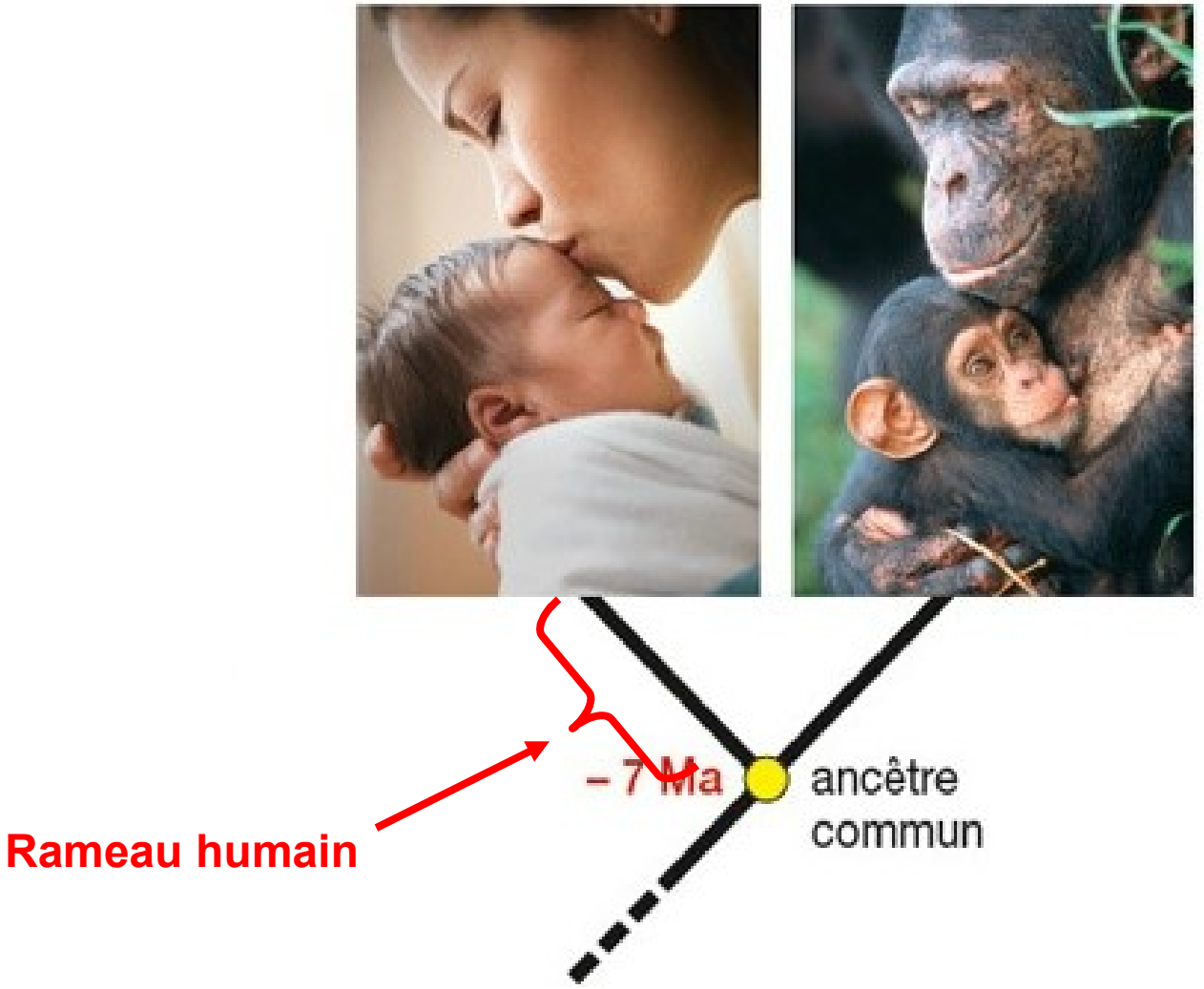
I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates
B. Construire un arbre phylogénétique
1. en utilisant des caractères anatomiques
2. en utilisant des données moléculaires
C. La place de l'homme parmi les primates

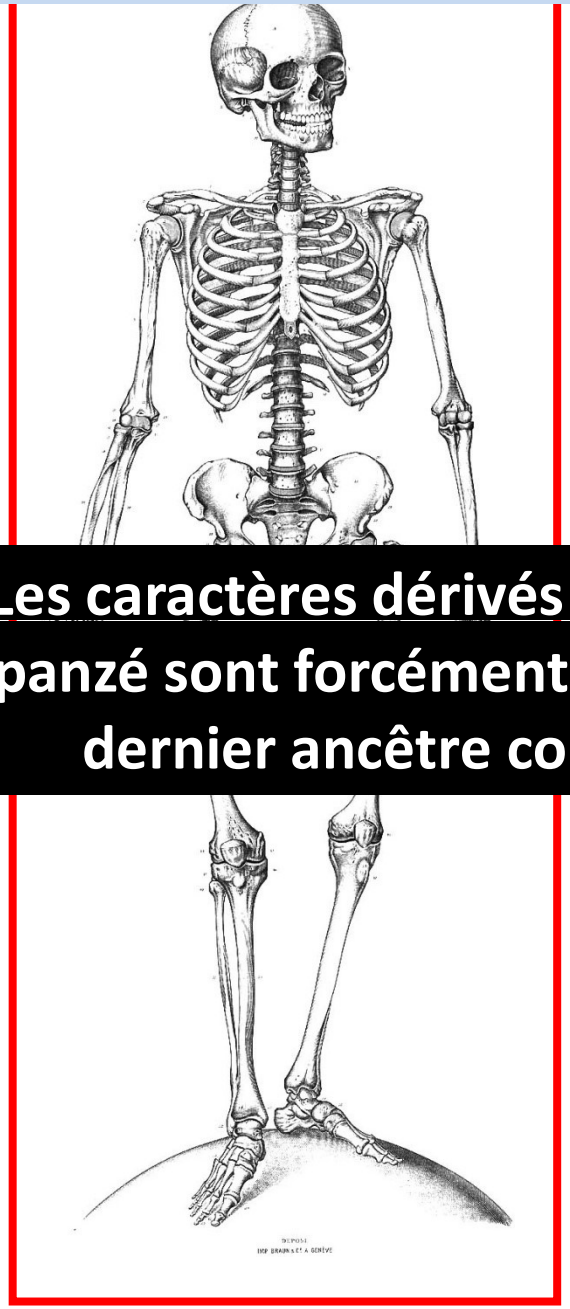
II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine
B. Le genre Homo
C. Homo sapiens

Le rameau humain :

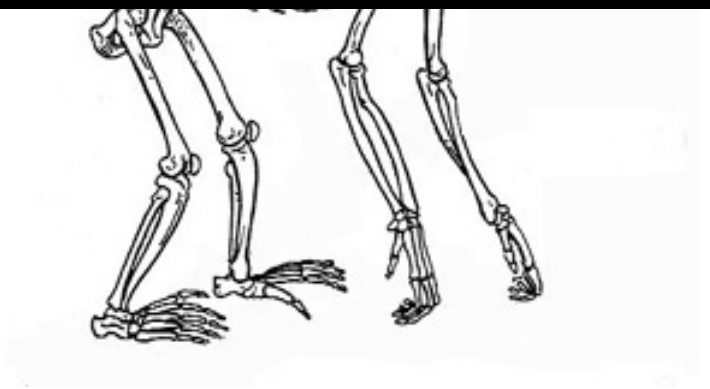


Le rameau humain :

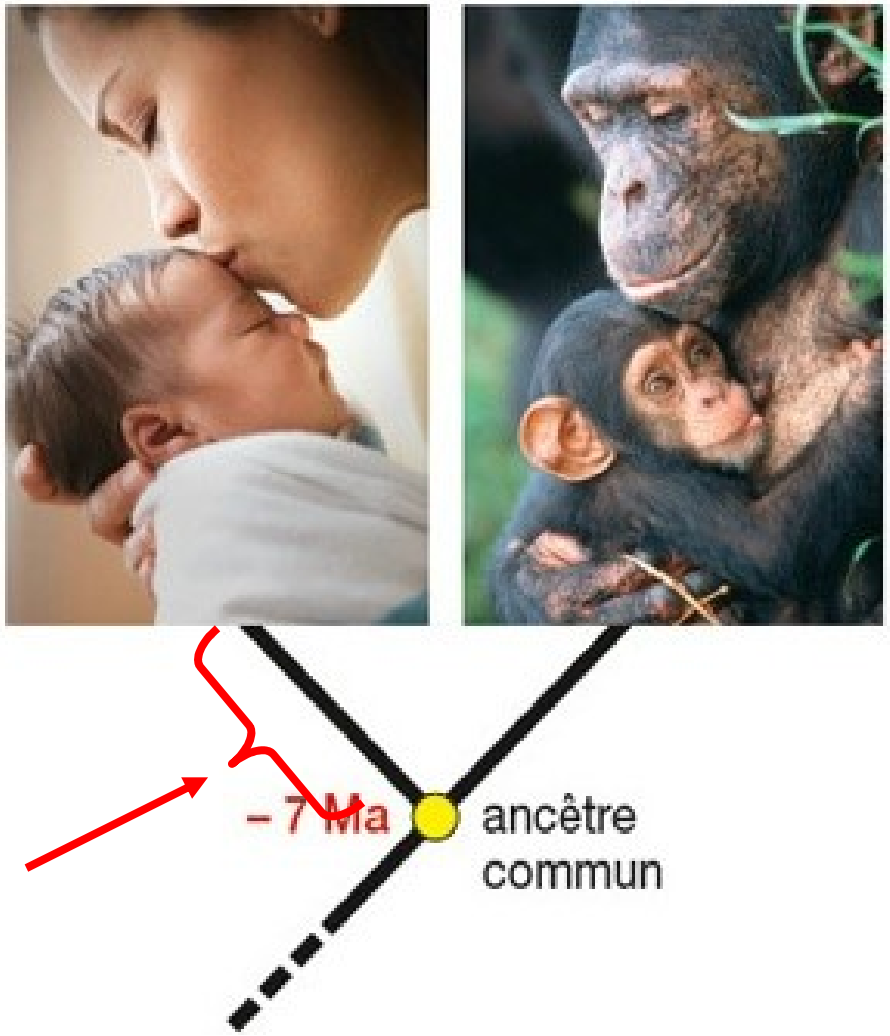


Caractères dérivés propres aux humains

Les caractères dérivés possédés par l'Homme mais pas par le chimpanzé sont forcément apparus sur le « rameau Humain » après le dernier ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé



Le rameau humain :

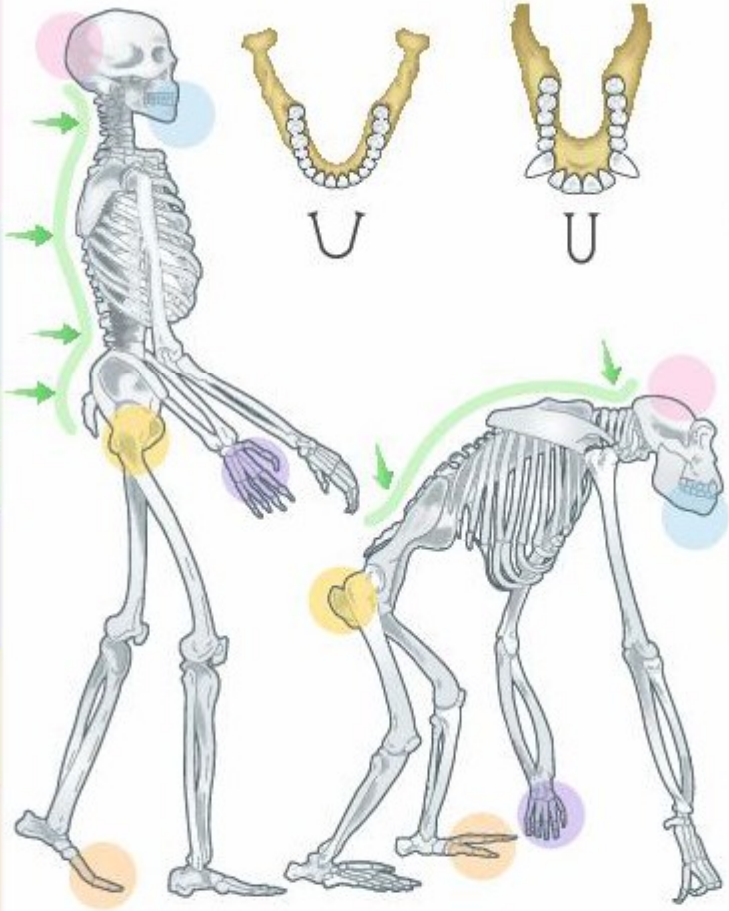


Fossile présentant au moins un des caractères dérivés propres aux humains

Le rameau humain :

1 Comparaison des squelettes de l'Humain bipède permanent et du Chimpanzé quadrupède

Espèce humaine	Chimpanzé
• Crâne arrondi • Face plate • Trou occipital centré • Grand volume crânien	• Crâne aplati, chignon occipital • Face projetée • Trou occipital à l'arrière • Petit volume crânien
• Menton • Mâchoire parabolique (U ouvert)	• Pas de menton • Mâchoire en forme de U
• 4 courbures (cervicale/ dorsale lombaire/sacrée)	• 2 courbures (cervicale/ dorso-lombaire-sacrée)
• Pouce long • Phalanges incurvées	• Pouce court • Phalanges incurvées
• Bassin large et court • Fémurs obliques	• Bassin étroit et long • Fémurs droits
• Voute plantaire • Gros orteil non opposable	• Pied plat • Gros orteil opposable

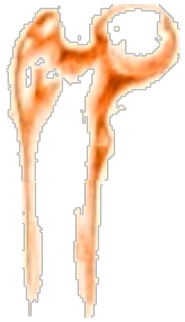


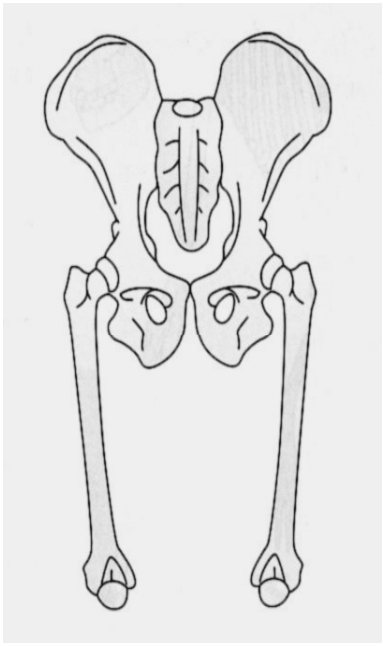
La séparation entre la lignée du Chimpanzé et la lignée humaine est estimée à environ 7 millions d'années.

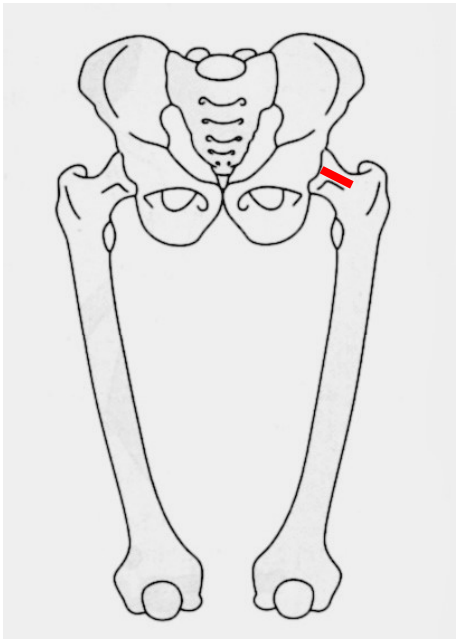
Bassin et fémur

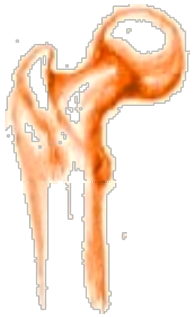
chimpanzé

homme



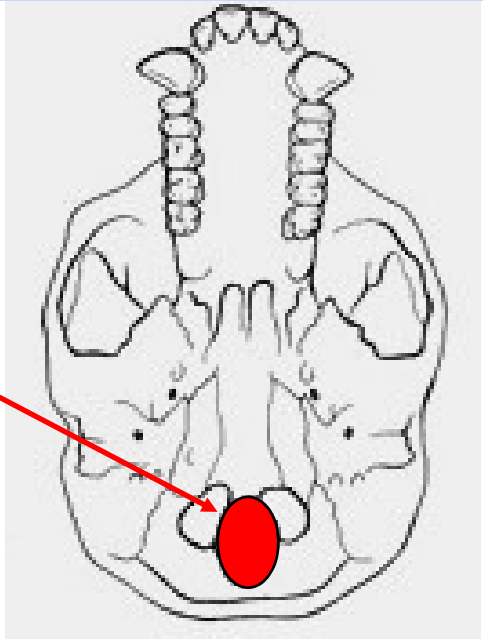




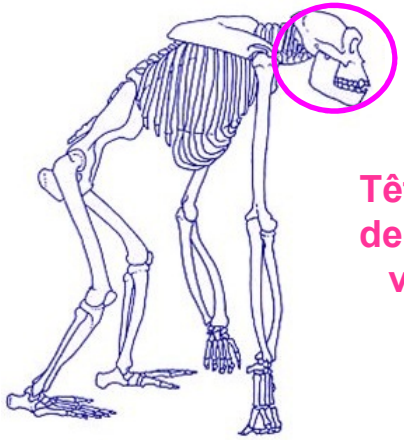


Position du trou occipital

Trou occipital en position reculée

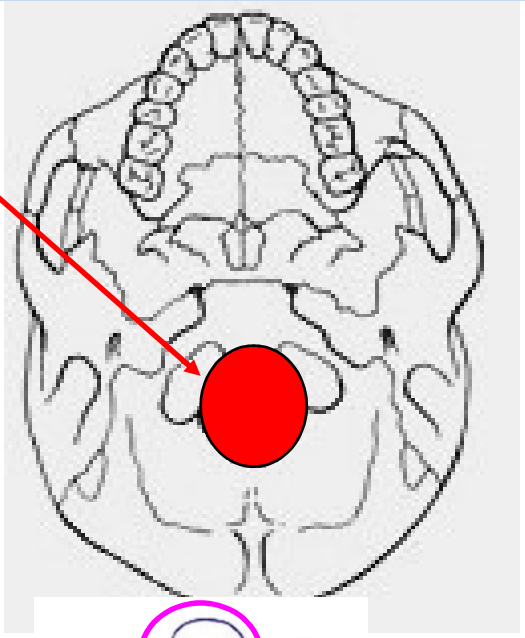


chimpanzé

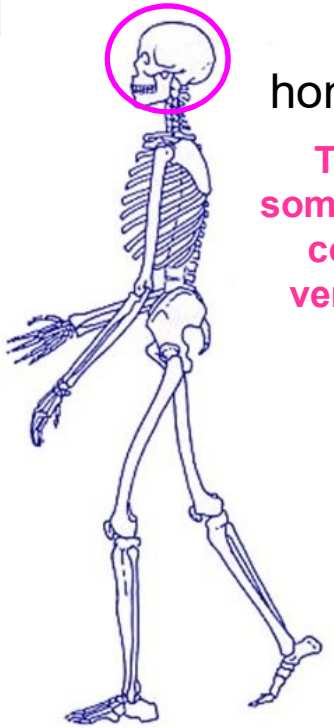


Tête en avant de la colonne vertébrale

Trou occipital en position avancée



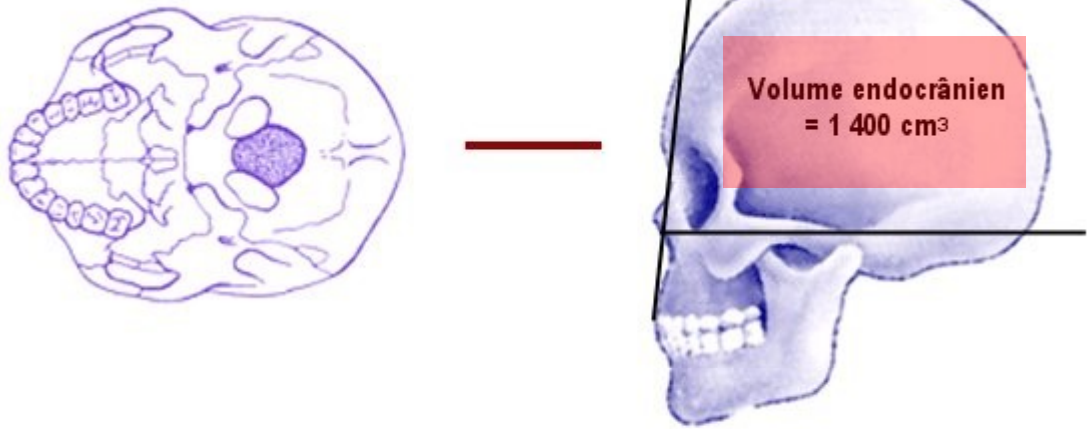
homme

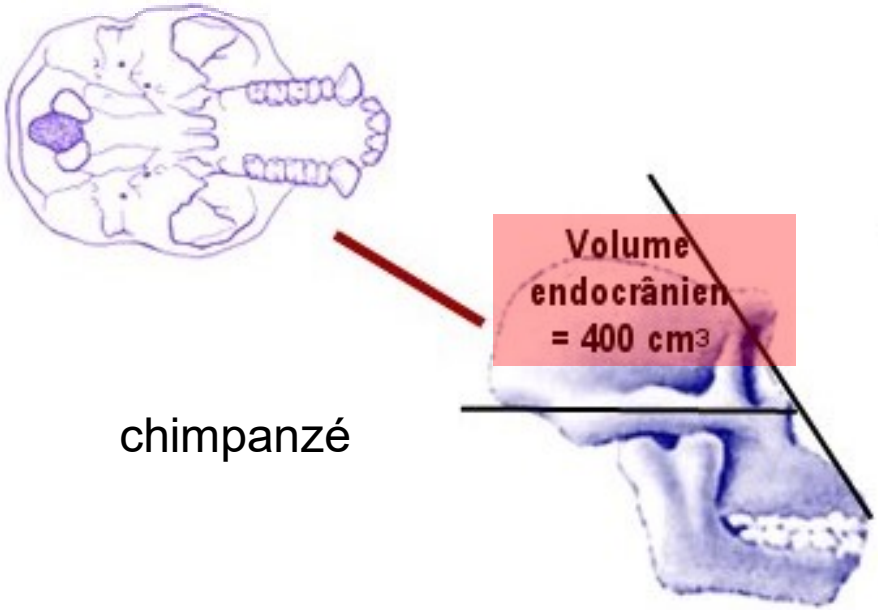


Tête au sommet de la colonne vertébrale

Volume du crâne

homme

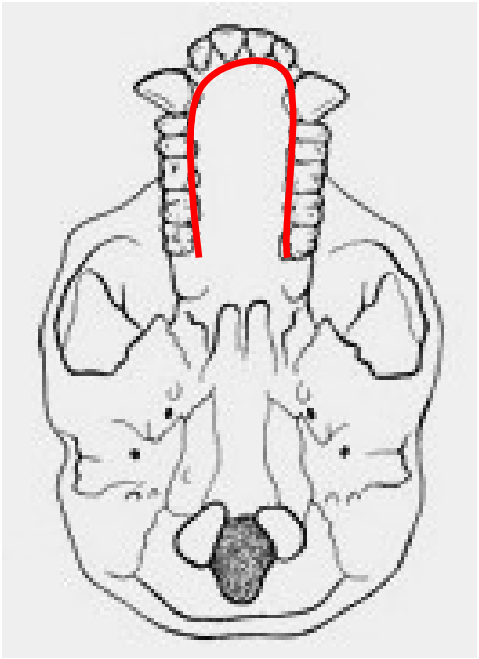


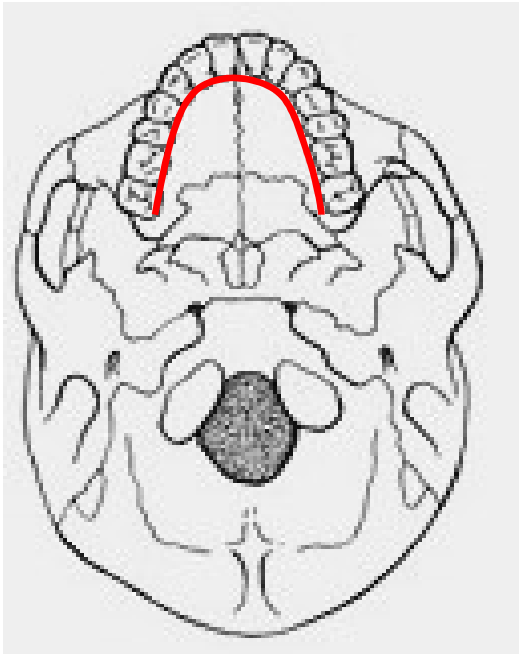


chimpanzé

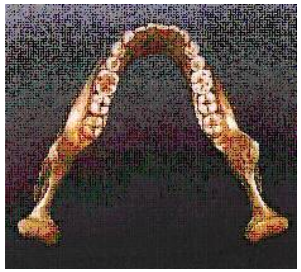
Forme de la mandibule

Arcade dentaire parabolique (en V)



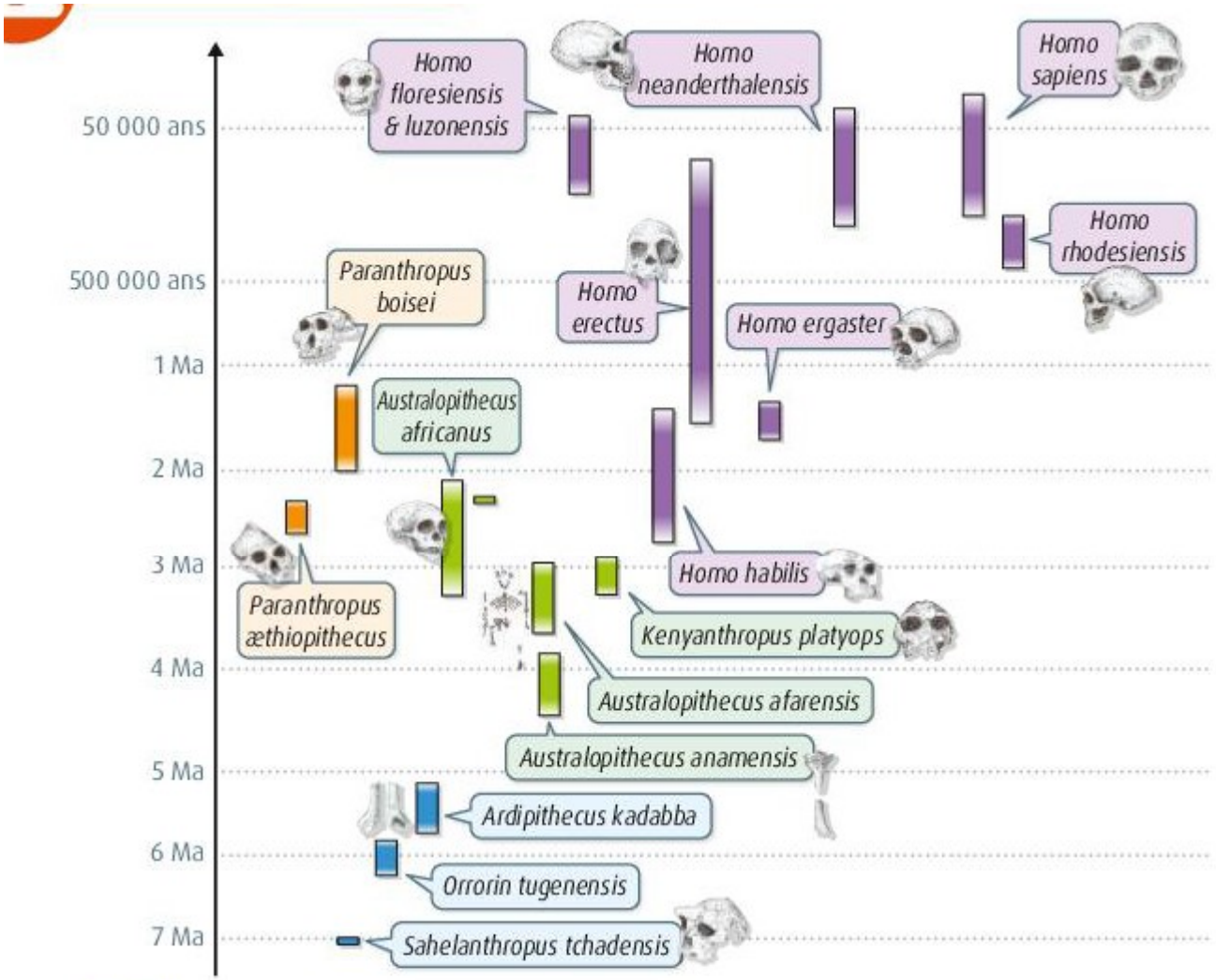


chimpanzé



homme

La lignée humaine



DOC 2 Répartition temporelle de quelques hominines.

Différentes espèces de la lignée humaine ont évolué conjointement.
Notre espèce, *Homo sapiens*, est aujourd'hui la seule représentante vivante.

D'après Dominique Grimaud-Hervé, 2019

Une origine Africaine

Doc. 2 **Sites de découverte des fossiles les plus anciens appartenant à la lignée humaine en Afrique**

Source : Planet-terre, ENS de Lyon.

Le plus ancien fossile humain découvert hors d'Afrique est à ce jour *Homo georgicus*, trouvé en 1999 à Dmanisi en Géorgie et daté de 1,8 million d'années.

Crâne d'*Homo erectus ergaster georgicus* (Homme de Dmanisi).

Numérique

Retracez la découverte d'une nouvelle espèce humaine, *Homo luzonensis*, sur LLS.fr/ESTP208

Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

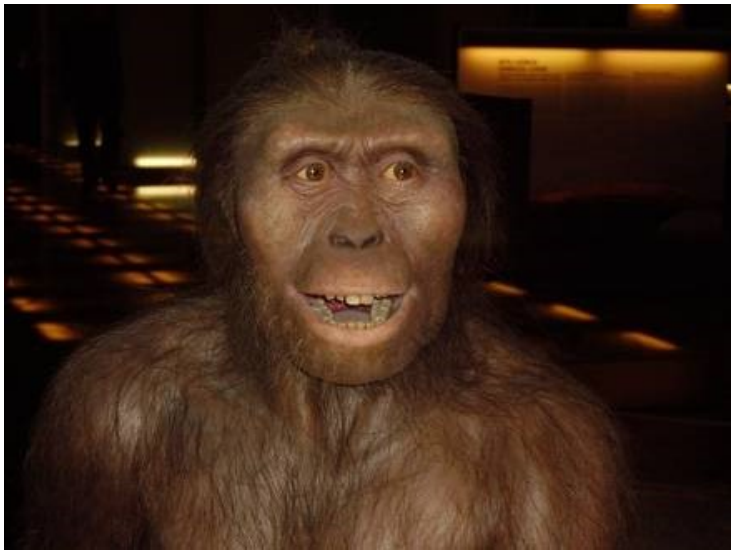
A. Le groupe des primates
B. Construire un arbre phylogénétique
1. en utilisant des caractères anatomiques
2. en utilisant des données moléculaires
C. La place de l'homme parmi les primates

II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine
B. Le genre Homo
C. Homo sapiens

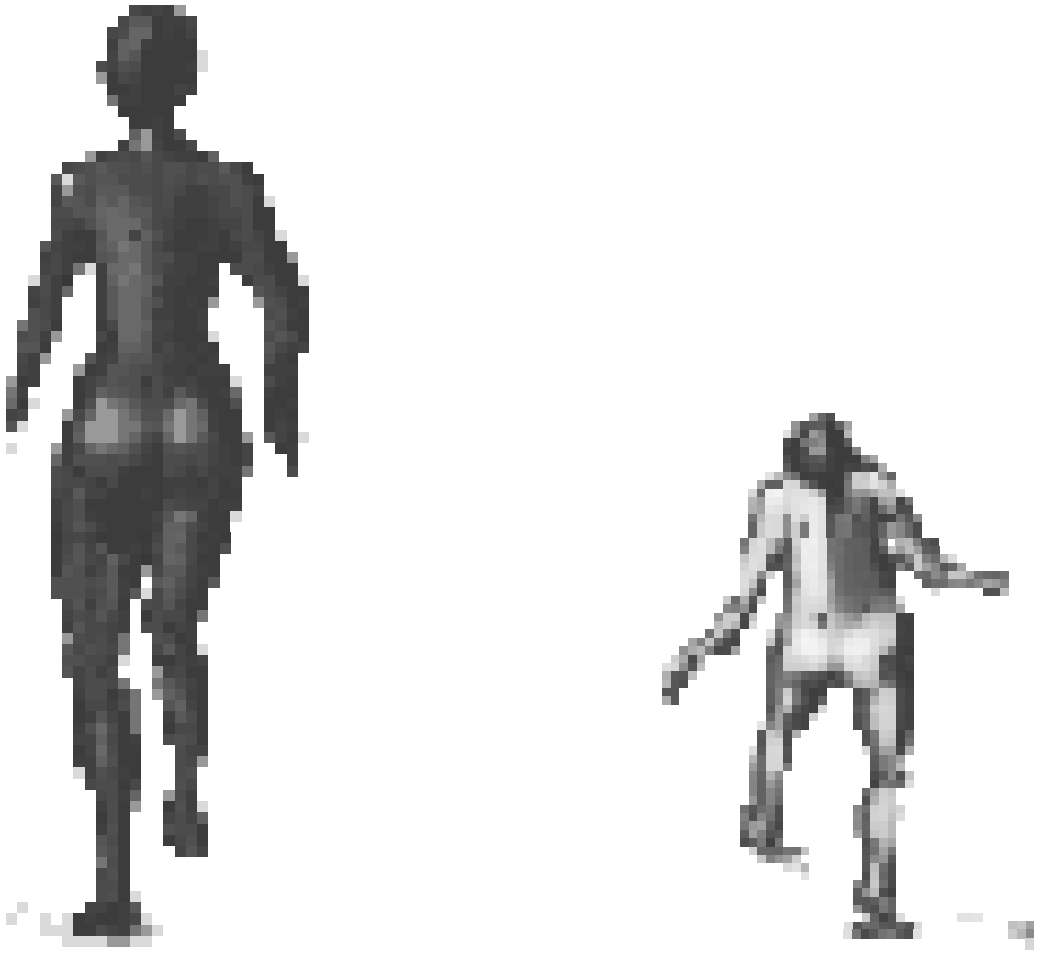
Les Australopithèques

4,5 MA ⟶ 1 MA



A. Afarensis (Lucy)

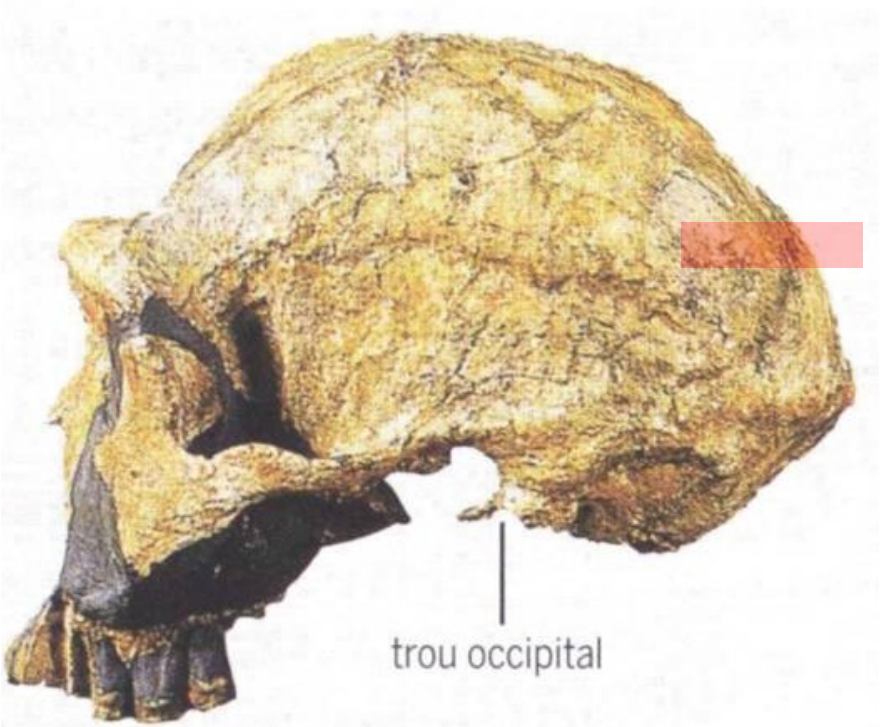
Les Australopithèques



Bipédie permanente mais imparfaite

Caractéristiques du genre Homo

-2.5 Ma → actuel

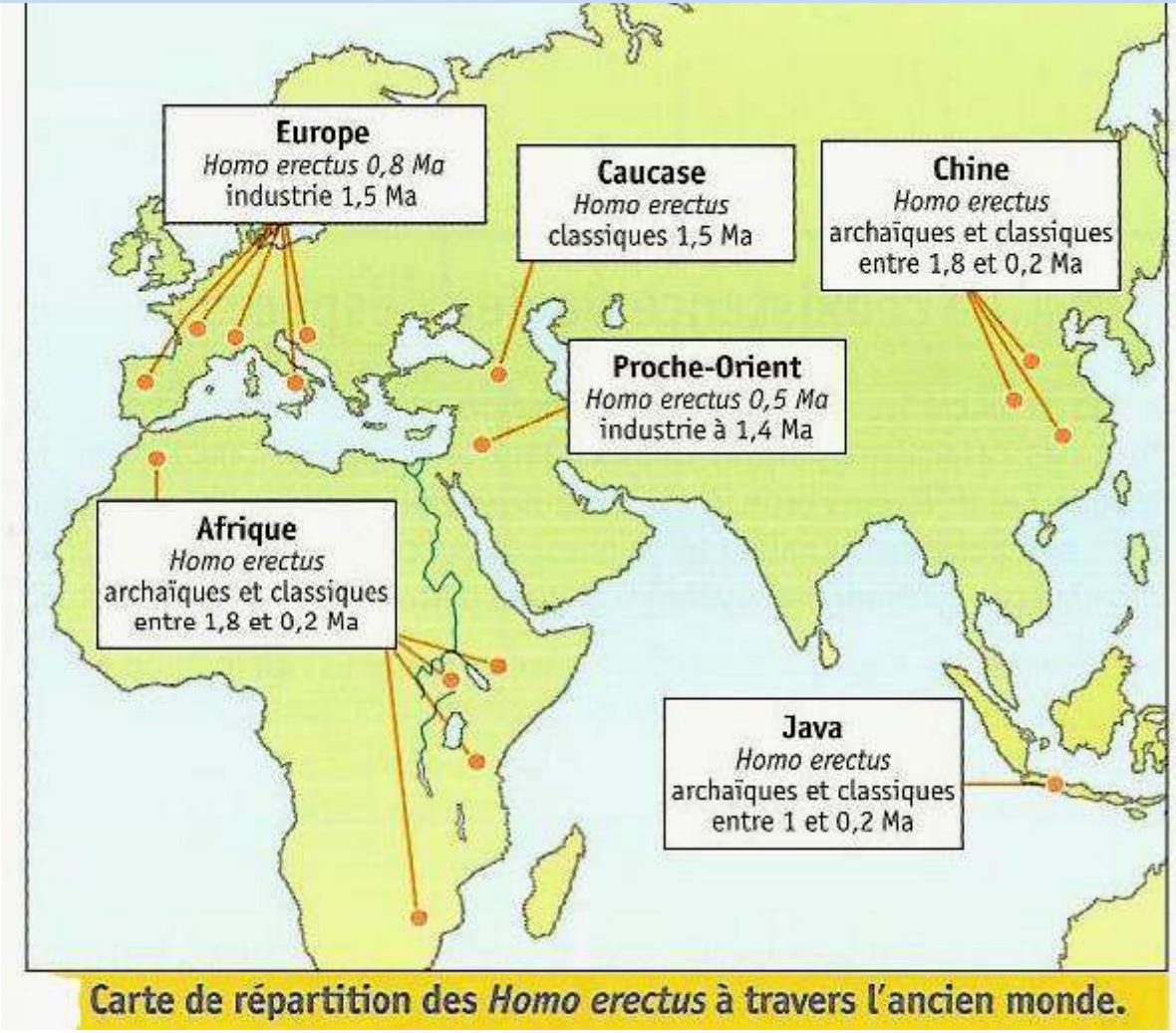


Crâne d'*Homo erectus*

Bipédie plus élaborée

Capacité crânienne importante

Caractéristiques du genre Homo



Carte de répartition des *Homo erectus* à travers l'ancien monde.

Homo erectus = grand migrateur qui a colonisé l'Afrique du nord, du sud, le proche orient, l'Asie et l'Europe.

Homme de Neandertal

Ont peuplé l'Europe de 110 000 à 30 000 ans.

Corps trapu (membres courts), robuste 1,70 m pour 70 à 90 Kg, très musclé.

Capacité crânienne environ 15% plus grande que celle de l'*Homo sapiens* : 1500 à 1750 cm^3.

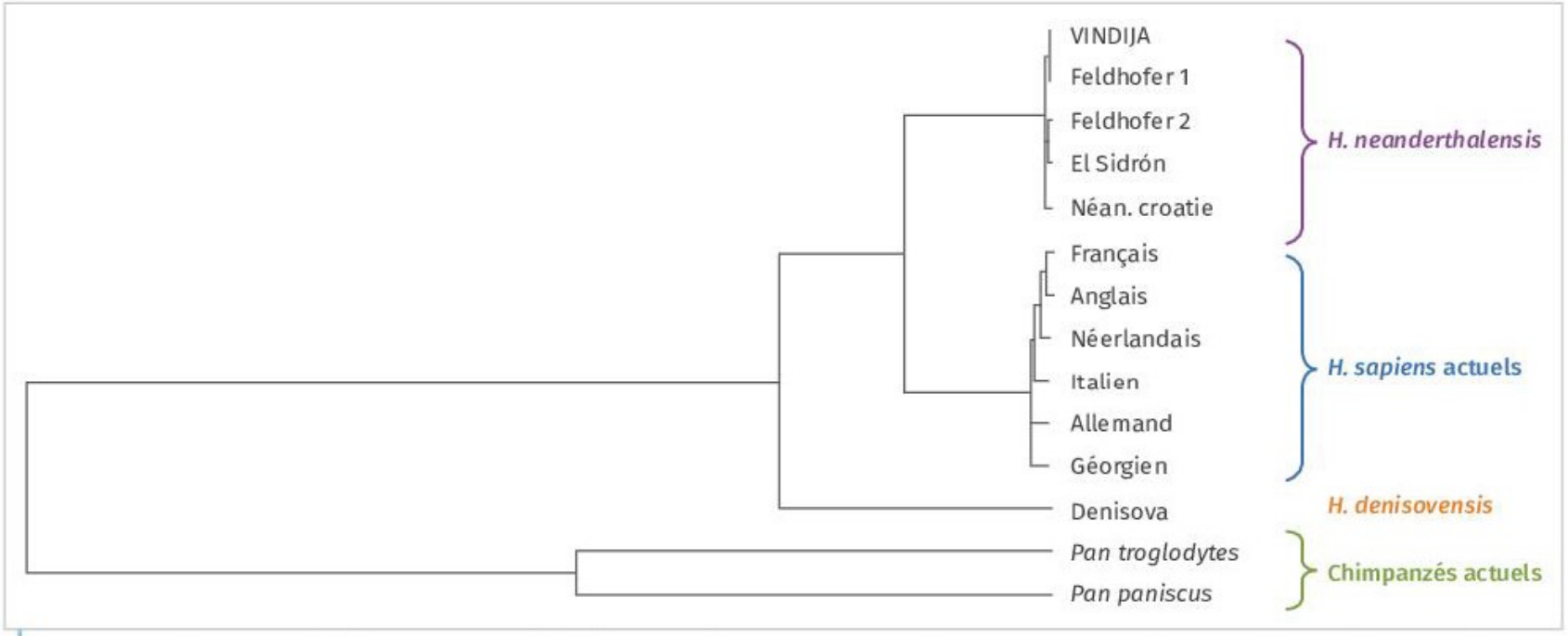
Adaptés aux conditions glaciaires de l'Europe de cette époque (glaciations successives).

Outillage varié

Pratique des rites funéraires

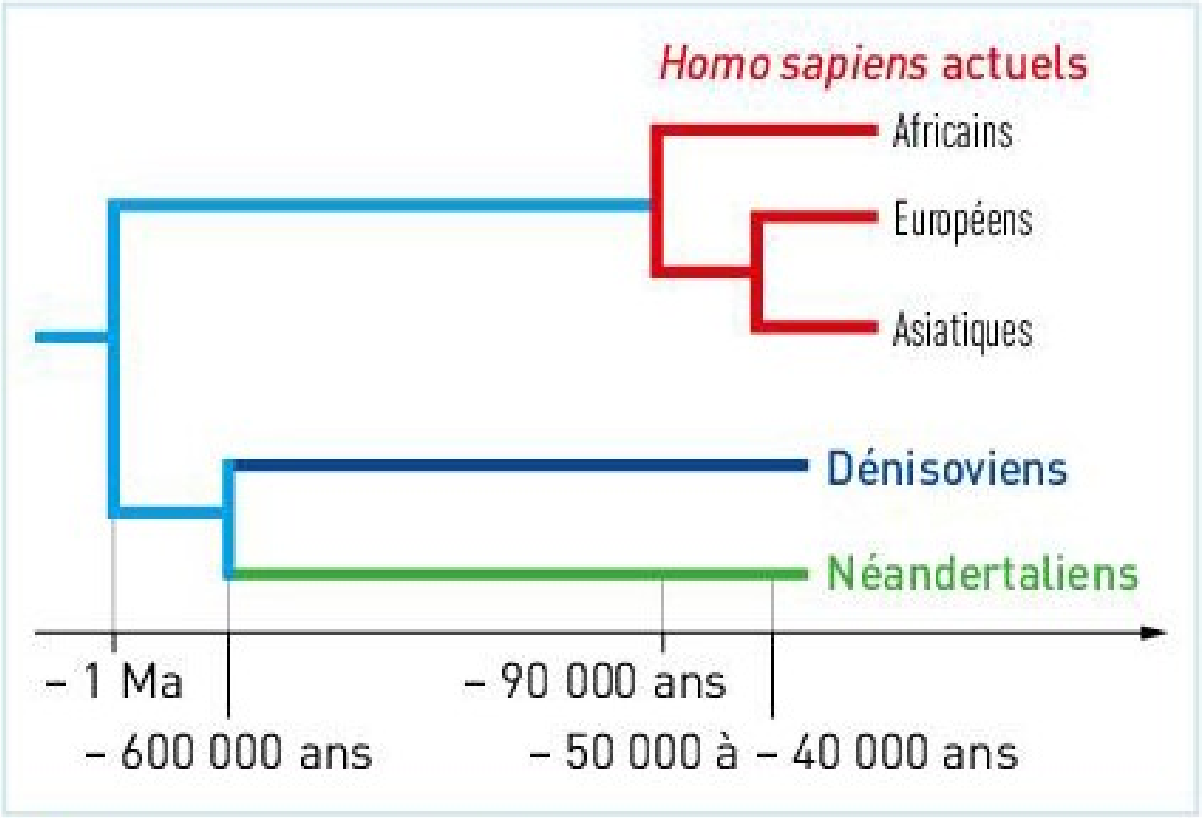
Dénisoviens

Relations de parenté avec néanderthaliens et dénisoviens



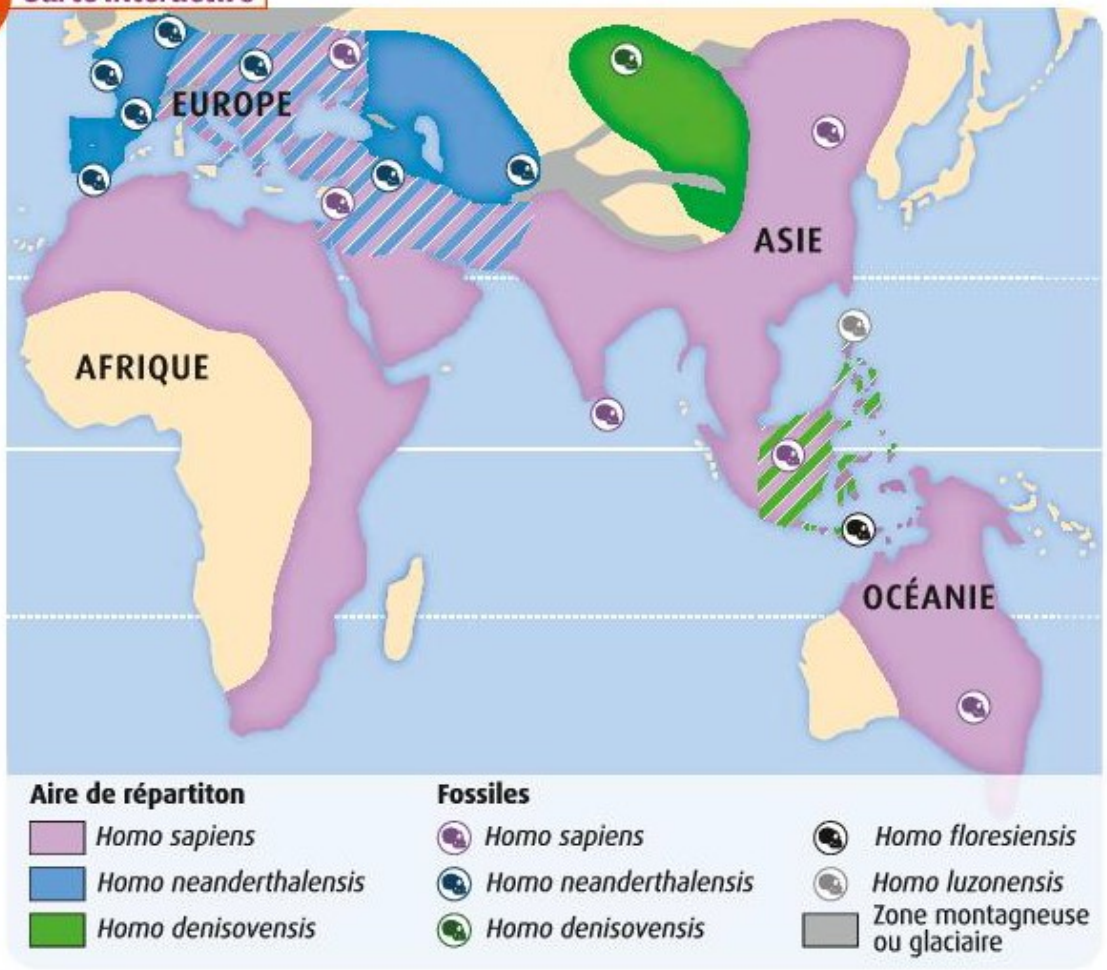
Arbre des distances génétiques entre des individus humains actuels ou fossiles et les deux espèces de chimpanzés actuels (d'après le logiciel Phylogène). La longueur de chaque branche indique la distance génétique, établie à partir de l'étude comparative des séquences d'ADN mitochondrial des individus.

Relations de parenté avec néanderthaliens et dénisoviens



a **Arbre phylogénétique** des représentants les plus récents du genre *Homo*, construit à partir de la comparaison de leur génome*.

Aires de répartition de quelques espèces du genre homo



DOC 3 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).

Hybridations au sein 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 Dénisoviens (voir aussi définition d'une espèce en paléoanthropologie p. 240 et DOC. 4 p. 251).

DOC 4 Des métissages au sein du genre *Homo*.

Chapitre 3 : l'évolution humaine

I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates
B. Construire un arbre phylogénétique
1. en utilisant des caractères anatomiques
2. en utilisant des données moléculaires
C. La place de l'homme parmi les primates

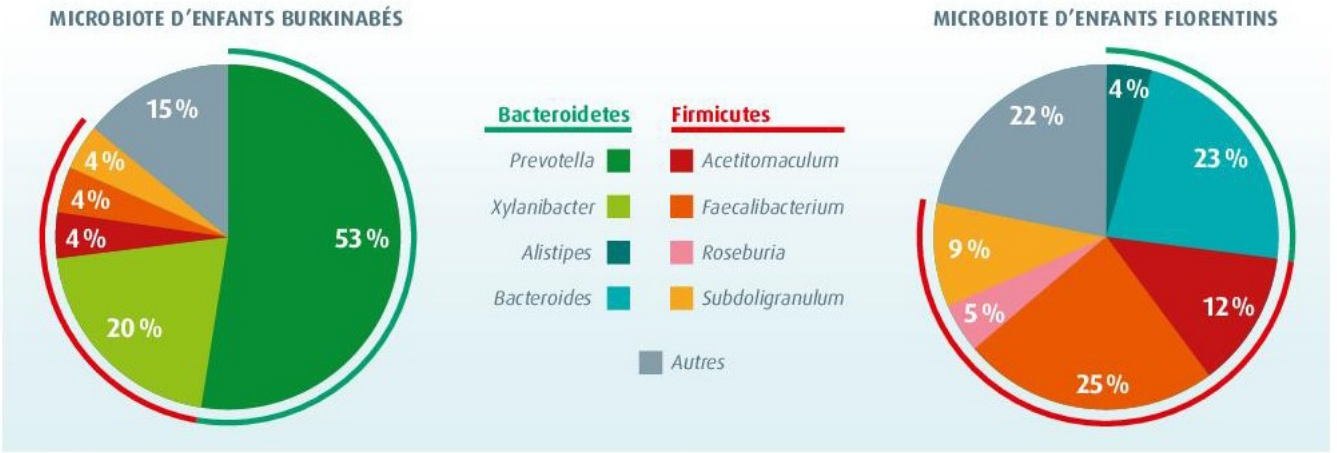
II. La lignée humaine

A. L'attribution d'un fossile à la lignée humaine
B. Le genre Homo
C. Homo sapiens

Alimentation et microbiote

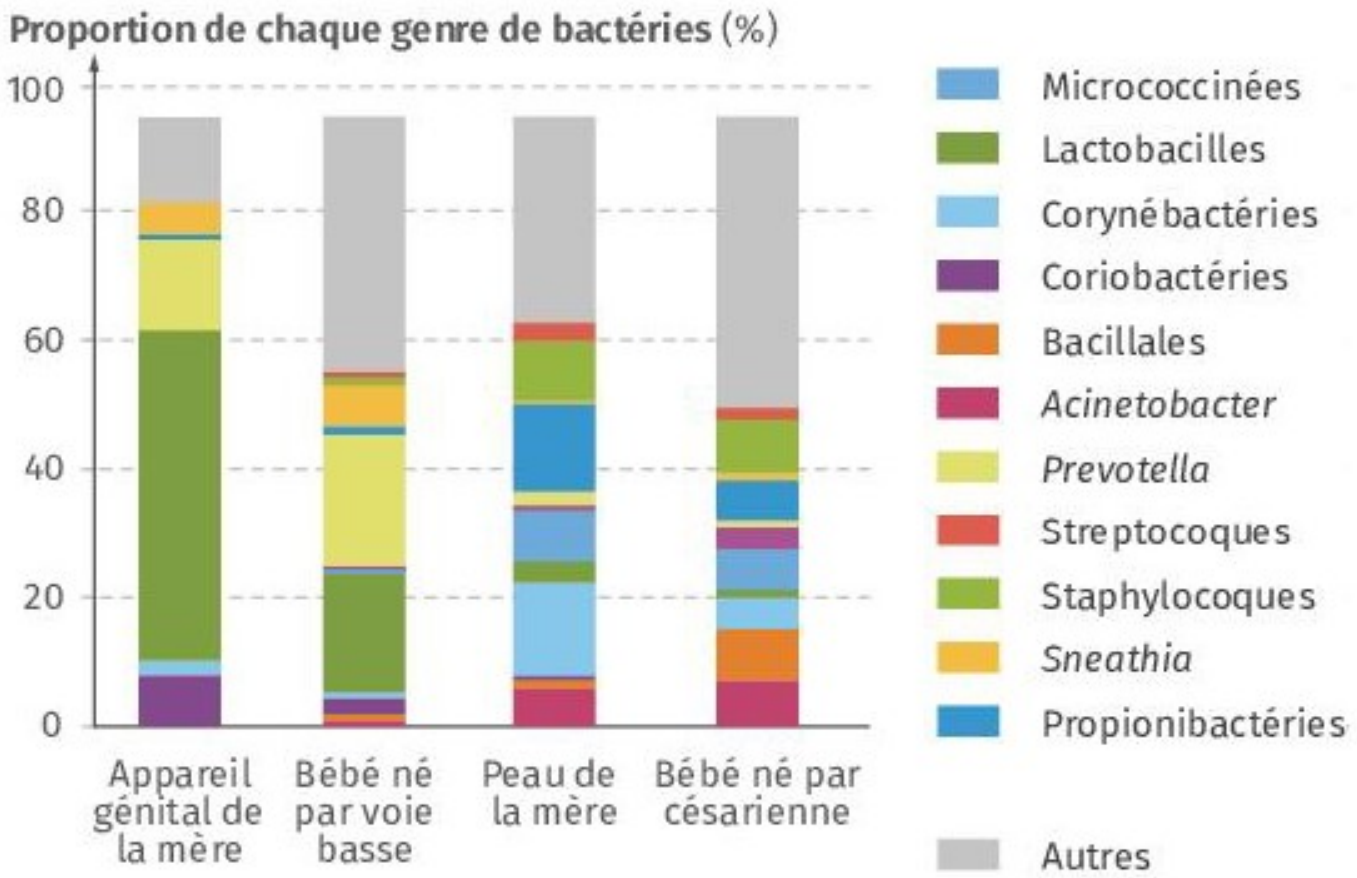
Régime alimentaire : principalement végétarien, à base de céréales et de légumineuses.

Régime alimentaire : plus carné et à base de blé. Par rapport au régime burkinabé, plus riche en glucides (+98%), lipides (+118%) et en protéines (+83%), moins riche en fibres (30%).



DOC 1 **Alimentation et microbiote à Boulpon, village du Burkina Faso (2019) et à Florence (Italie).**

Transmission du microbiote



Comparaison des microbiote maternels et de l'enfant pour deux types de naissance.

Transmission des langues

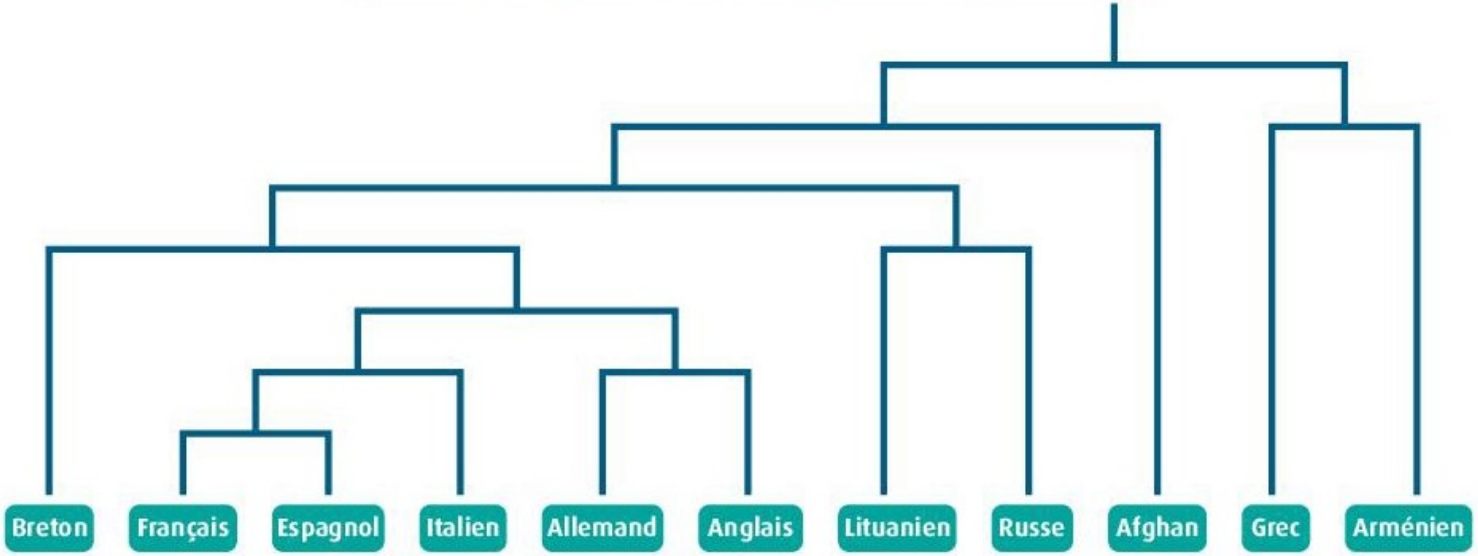
Podcast

Interview de Gilles Siouffi, linguiste et professeur à Sorbonne Université

Il existe différentes méthodes pour établir des parentés entre les langues. L'une d'elles consiste à identifier les mots que les langues ont hérités d'un ancêtre commun. Cette approche, qui retrace l'évolution d'un mot, est une approche linguistique évolutionniste. C'est comme cela que l'on conclut que le français fait partie des langues romanes, c'est-à-dire héritées du latin. Les langues apparentées possèdent un nombre significatif de points communs : sur l'étymologie des mots, la grammaire ou encore la phonétique par exemple. Les langues peuvent alors, comme les êtres vivants, être positionnées sur des arbres phylogénétiques.

Cette approche possède cependant des limites. L'arbre phylogénétique ne permet pas de prendre en compte les métissages entre les différentes langues. L'anglais est par exemple une langue très métissée, issue approximativement à 50 % d'une langue germanique et à 50 % du latin (parfois par le biais du français). Il faut aussi compter avec certains changements brutaux comme la disparition d'une langue. L'abandon du gaulois vers le Ve siècle ne peut ainsi s'expliquer qu'en prenant en compte le contexte historique de la conquête de la Gaule par l'empire romain.

Une phylogénie de quelques langues indo-européennes

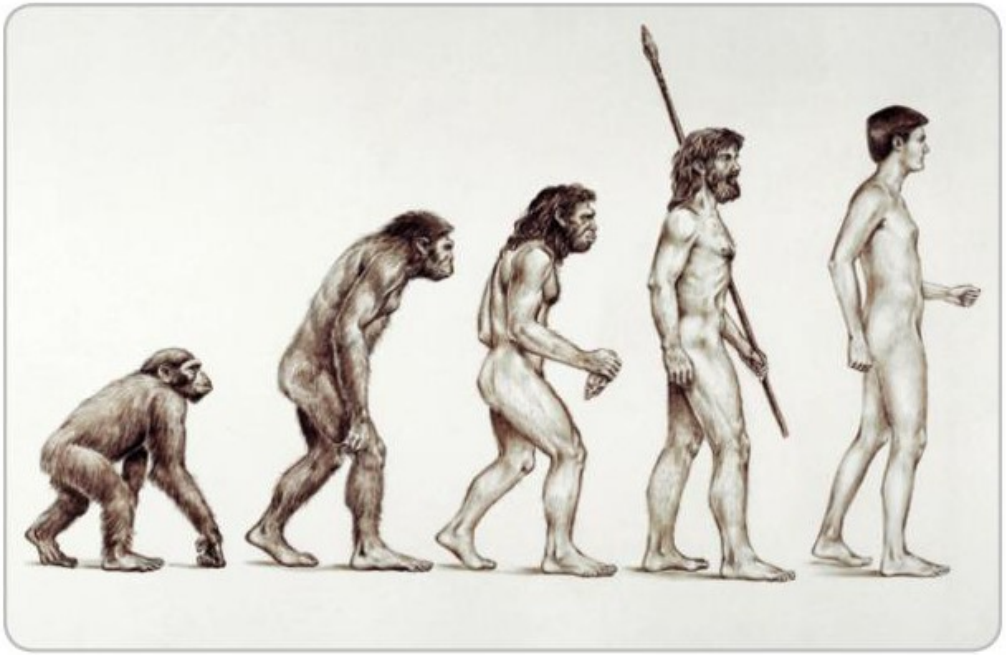


Pour conclure….

12 Une représentation erronée de l'évolution de l'être humain

Dans la presse, Internet, ou à la télévision on trouve souvent cette représentation de l'évolution de l'être humain.

▶ **Exploiter les informations du chapitre pour argumenter en quoi cette représentation n'est pas réaliste.**



Fatboy Slim : right here, right now
https://www.youtube.com/watch?v=ub747pprmJ8

12 Les liens de parenté des primates

✔ Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

Le groupe des primates présente une grande diversité avec plus de cent quatre-vingts espèces répertoriées. Au sein du groupe, la phylogénie permet de préciser les liens de parenté par l'étude des caractères qu'ils possèdent.

Caractères étudiés / Espèces	Griffes ou ongles plats	Narines	Appendice nasal	Queue
Koala (extra-groupe)	Griffes	Écartées	Truffe	Présence
Indri	Ongles	Écartées	Truffe	Présence
Tarsier	Ongles	Écartées	Nez	Présence
Babouin	Ongles	Rapprochées	Nez	Présence
Orang-outang	Ongles	Rapprochées	Nez	Absence

1 **Matrice de caractères de cinq mammifères.**

2 **Le tarsier des Philippines.** C'est l'un des plus petits primates existants. Il mesure environ 10 cm.

Questions

1. Construire l'arbre phylogénétique des espèces présentées, en ne retenant comme caractères que les innovations évolutives et en précisant bien les caractères partagés.
2. Entourer le groupe des catarhiniens sur l'arbre phylogénétique, sachant que ce groupe est constitué de primates ayant des narines rapprochées.

17 Une phylogénie des primates précisée à l'aide de données moléculaires

✔ Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

L'être humain se situe phylogénétiquement au sein des hominidés et, plus largement, au sein des primates. Une phylogénie établie à partir de critères morpho-anatomiques peut être précisée avec des données moléculaires.

Séquence étudiée	Chimpanzé	Macaque	Gorille
Opsines bleues (protéines)	100 %	96 %	99,7 %
Gène MYH16	97,7 %	96,6 %	97,7 %
Gène ASPM	99,5 %	97,3 %	99,1 %

1 Résultats de comparaison de quelques séquences peptidiques et nucléotidiques entre l'être humain et d'autres primates.

Questions

1. Proposer un arbre phylogénétique basé sur les données du tableau
2. Au sein des primates, quelle est l'espèce la plus apparentée à l'être humain ? Justifiez votre réponse.

2 Macaque japonnais

8 Quelques attributs de trois représentants de la lignée humaine[1]

Construire l'arbre de parenté correspondant en positionnant chaque espèce et les innovations évolutives.

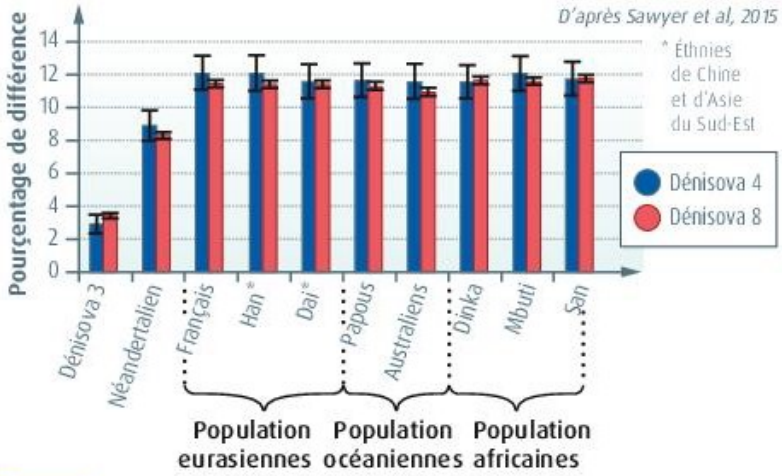
	Forme de la mâchoire	Canines	Première phalange	Épaisseur de l'émail des dents
Australopithecus afarensis (–2,5 à –3,5 MA)	En U	Développées	Incurvée	Épais
Paranthropus robustus (–2,2 à –1 MA)	En U	Réduites	Droite	Épais
Homo ergaster (–2,2 à –1 MA)	Parabolique	Réduites	Droite	Épais

(1) Les caractères à l'état dérivé sont soulignés.

13 Exploiter des documents, rédiger une argumentation scientifique

Les Dénisoviens

En 2008, au cours de fouilles dans la grotte de Dénisova au Sud de la Sibérie, des chercheurs découvrent une phalange. Ils l'attribuent à un Néandertalien, notamment en raison de la découverte d'os néandertaliens à 150 km de la grotte. D'autres fragments d'os et de dents sont découverts quelques années plus tard. En effectuant des comparaisons génétiques, les chercheurs décident d'attribuer trois de ces fossiles à une nouvelle espèce, celle de Dénisoviens. Les fossiles sont nommés Dénisova 3, 4 et 8.



DOC 1 Comparaison de l'ADN de Dénisova 4 et 8 avec celui de Dénisova 3, Néandertal et des humains actuels. L'ADN de Néandertal est issu de la phalange trouvée quelques années plus tôt dans la grotte.

QUESTION

À l'aide du DOC. 1, exposez les arguments scientifiques qui justifient la décision des chercheurs.

AIDE

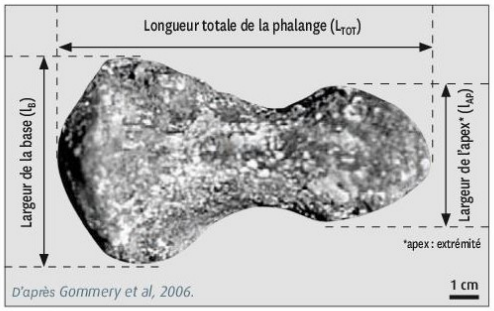
- Les résultats des comparaisons pour Dénisova 4 et 8 sont-ils différents ?
- De quel individu les ADNs de Dénisova 4 et 8 sont-ils le plus proche ?

16 Effectuer des calculs, rédiger une argumentation scientifique

La découverte d'*Orrorin tugenensis*

En 2000, treize ossements correspondant au moins à cinq individus distincts, sont mis au jour dans les collines Tugen du rift* kényan. Leur analyse révèle qu'il s'agit d'une nouvelle espèce, que les chercheurs nomment *Orrorin tugenensis*. *Orrorin* signifie « l'homme des origines », en langue locale. Ces ossements ont été datés à environ –6 Ma.

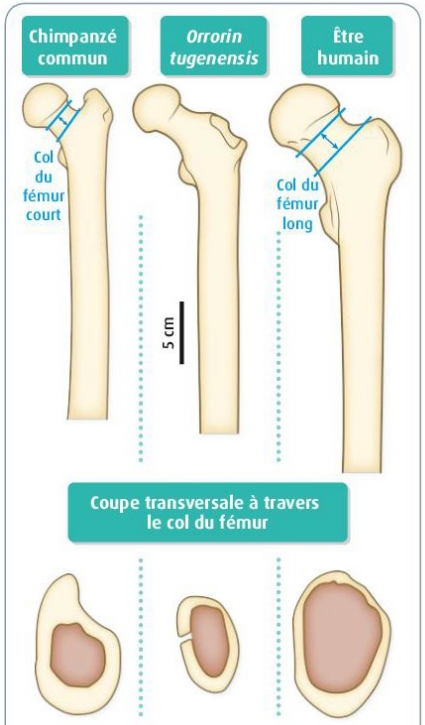
*rift : fossé d'effondrement dû à l'action de forces tectoniques divergentes.



DOC 1 **Phalange de pouce de *Orrorin tugenensis*.**

	Être humain	Chimpanzé commun	Orang-Outan de Bornéo
$\frac{l_{AP}}{l_B} \times 100$	69	62	53
$\frac{l_{AP}}{L_{TOT}} \times 100$	42	22,6	35,6

DOC 2 **Rapports de données mesurées sur la phalange de pouce de trois primates actuels.**



Le rapport entre l'épaisseur de la paroi osseuse supérieure du col du fémur et l'épaisseur de la paroi osseuse inférieure donne une indication sur le mode de locomotion de l'animal. En effet, un appui répété sur les membres inférieurs, causé par une bipédie prolongée, est associée à une paroi osseuse supérieure plus fine que la paroi inférieure.

DOC 3 **Cols du fémur chez trois primates.**

QUESTION

À l'aide des documents, justifiez l'assignation de ces ossements à la lignée humaine (hominines).