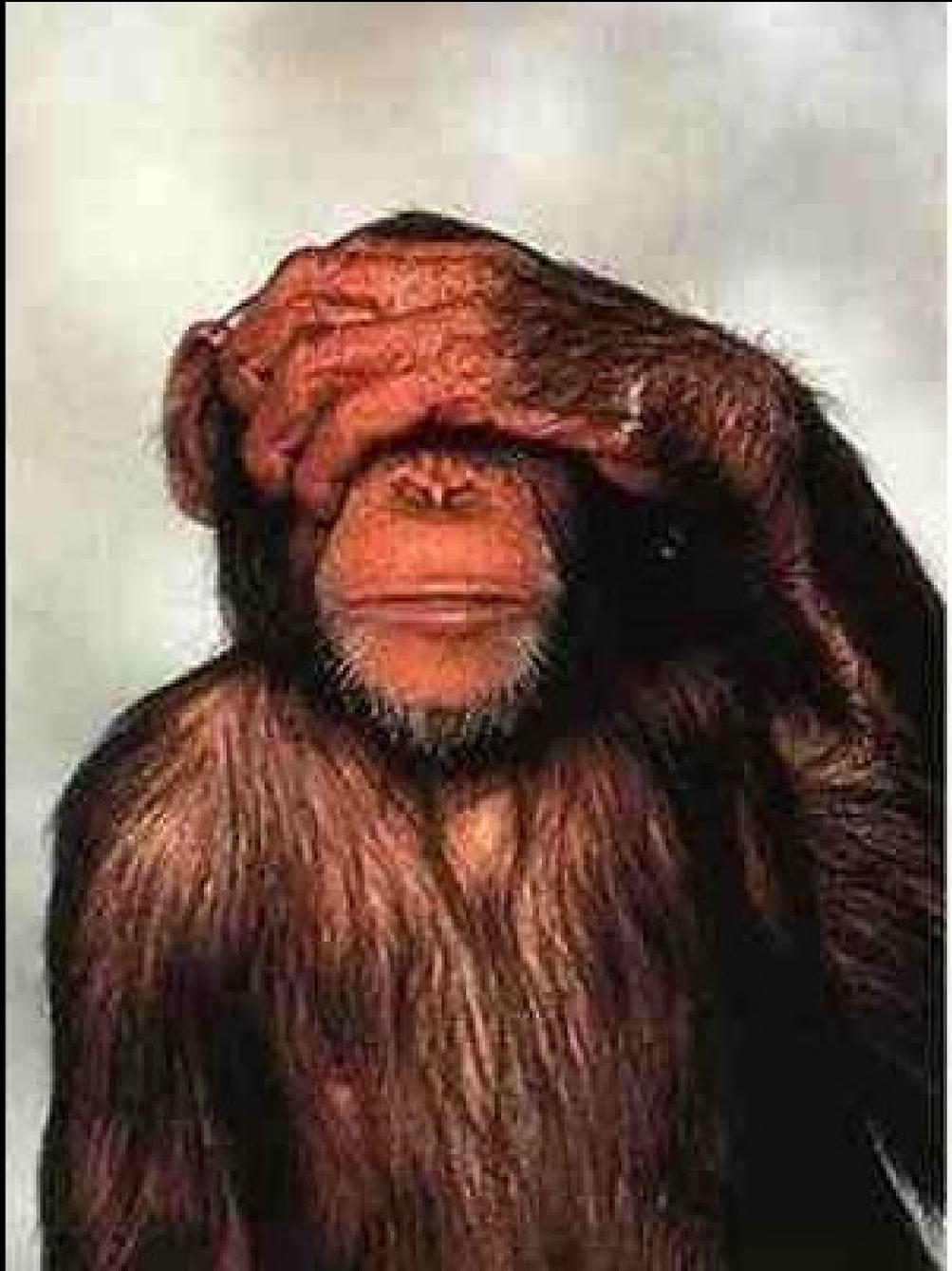
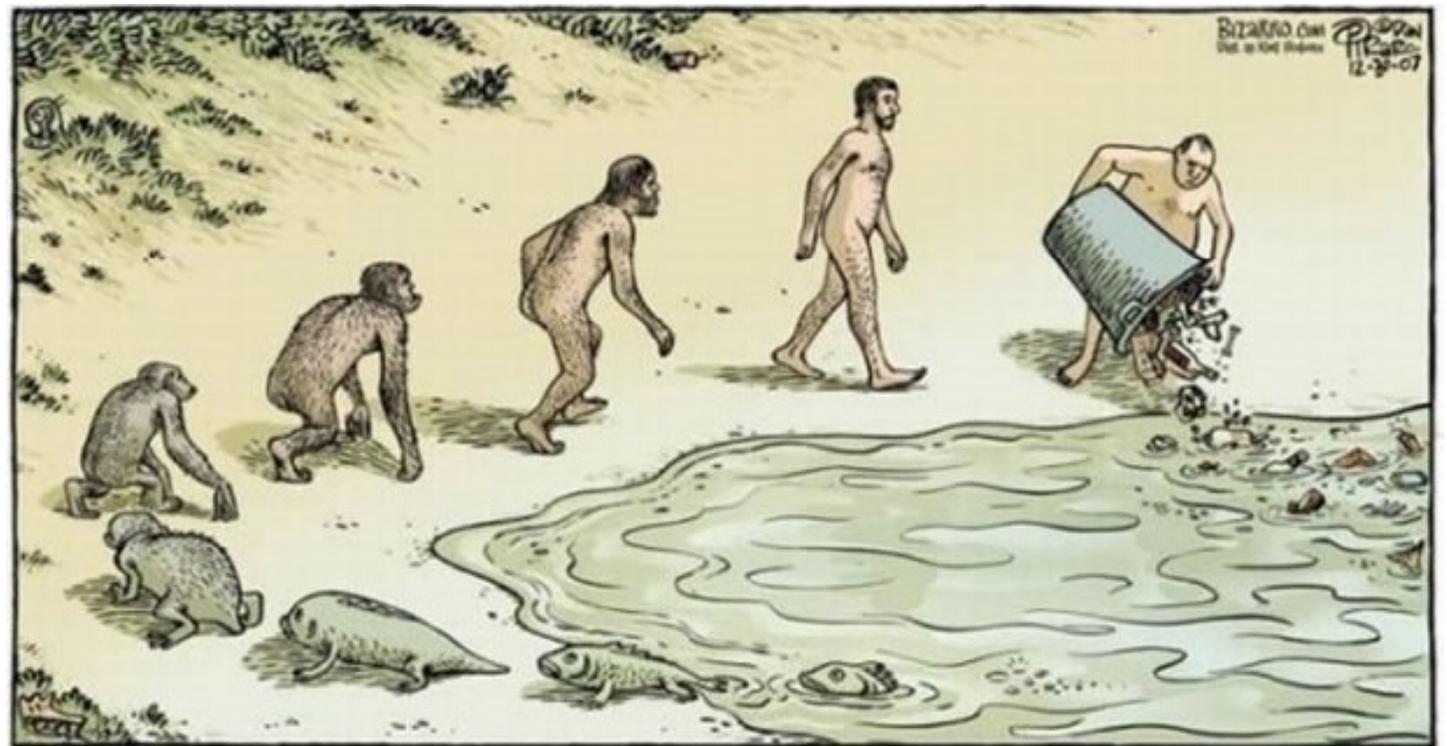


# Chapitre 1 : l'évolution humaine





# Chapitre 1 : 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 (ou rameau humain)

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

### B. Le genre Homo

# Chapitre 1 : 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

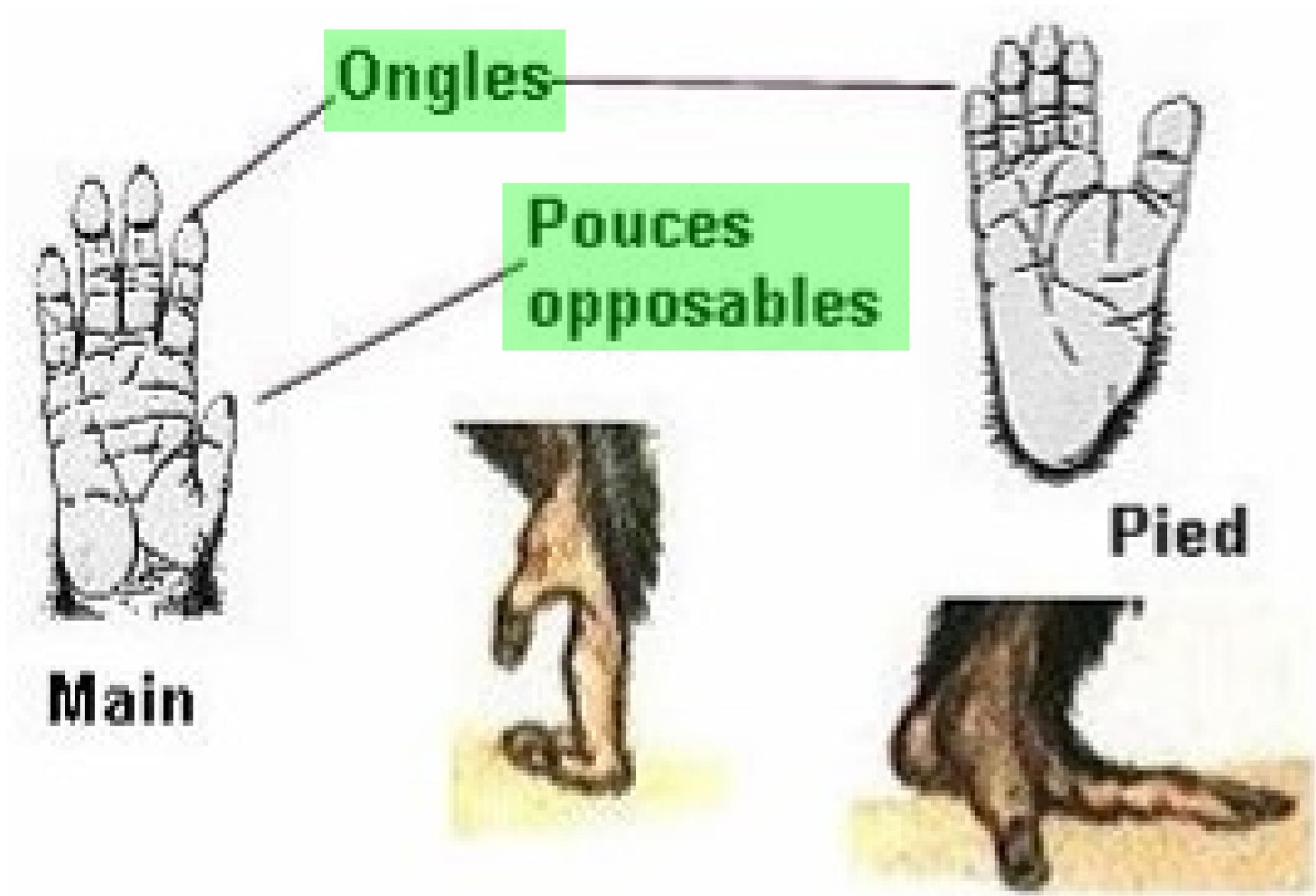
## II. La lignée humaine (ou rameau humain)

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

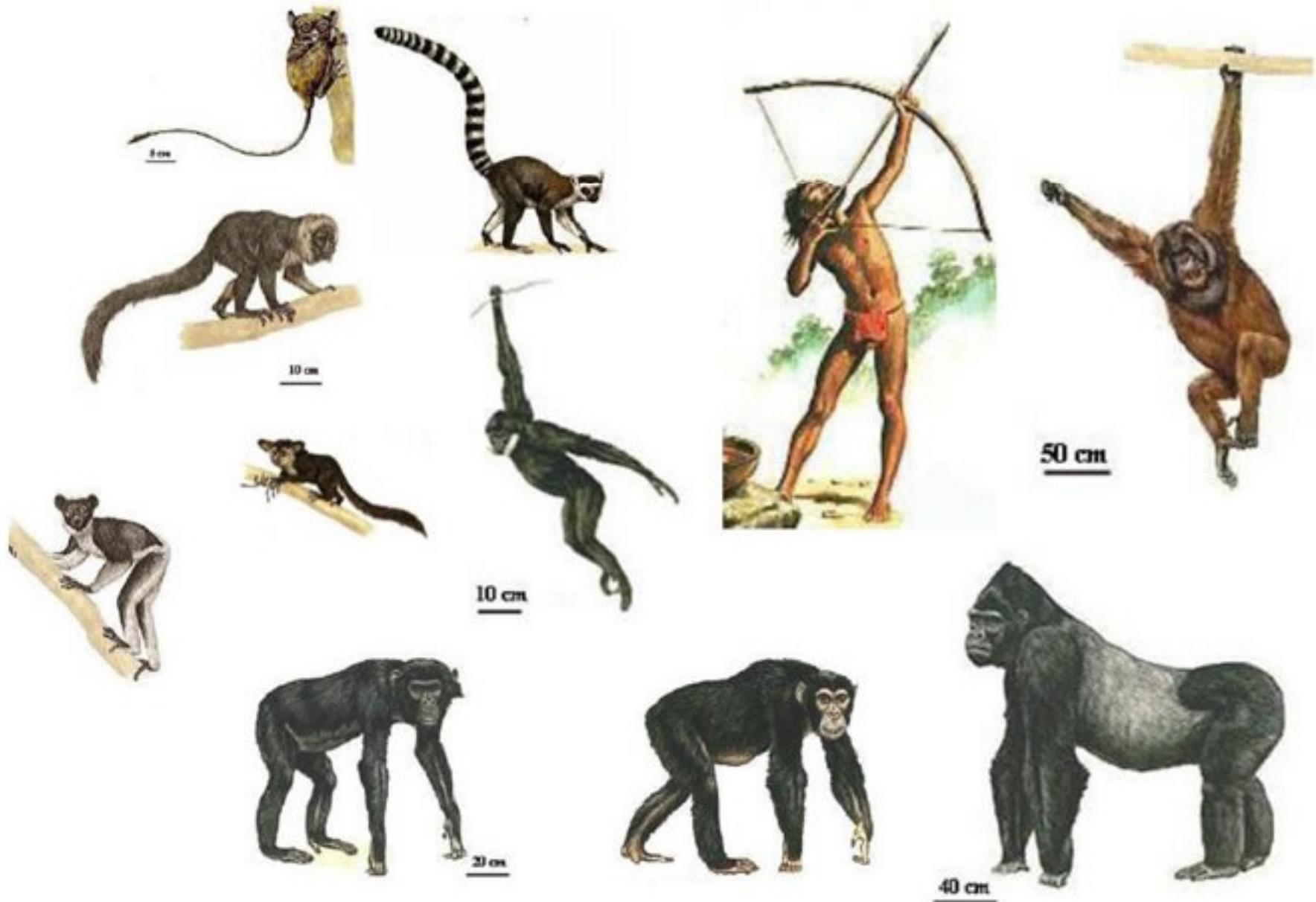
### B. Le genre Homo

### 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. II. La lignée humaine (ou rameau humain)

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

### B. Le genre Homo

### C. Homo sapiens

# Reconstituer une histoire évolutive



# Quelques caractères utilisés en classification



Fig. 1. *Cyanogaster noctivaga*. a, holotype, MZUS  
b, live paratype spe

**Vertèbres**



**Poils**

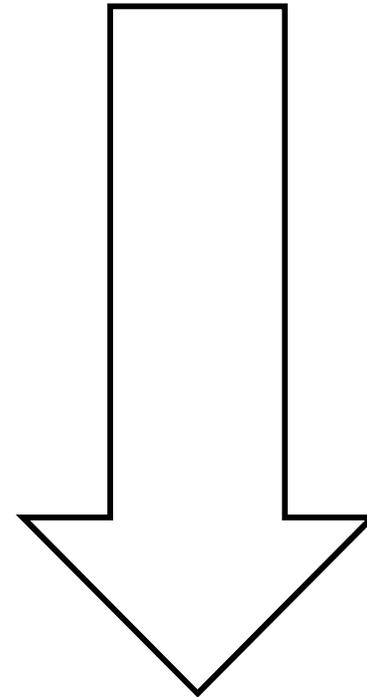


**Doigts**

# Deux états d'un caractère

Au cours de  
l'évolution,  
les caractères  
se  
transforment  
:

État ancestral



Ex : griffes

**Etat dérivé = innovation**

**évolutive** Ex : ongles

## Deux états d'un caractère

Si deux espèces partagent le même caractère dérivé on considère qu'elles l'ont hérité d'un ancêtre commun.

**Ainsi plus des espèces partagent des caractères dérivés, plus elles sont proches l'une de l'autre.**

# Choix d'un extragroupe



**Il possède tous les caractères à l'état ancestral**

**EXTRAGROUPE**

# Reconstituer une histoire évolutive

	caractères		
Taxons--	Vertèbres	Poils	Doigts
<b>Chien</b>	1	1	1
<b>Mésange</b>	1	0	1
<b>Sardine</b>	1	0	0
<b>ver de terre</b>	0	0	0

**1** : état dérivé = innovation

**0** : état ancestral

# Reconstituer une histoire évolutive

Taxons--	caractères		
	Vertèbres	Poils	Doigts
Chien	1	1	1
Mésange	1	0	1
Sardine	1	0	0
ver de terre	0	0	0

1 : état dérivé = innovation

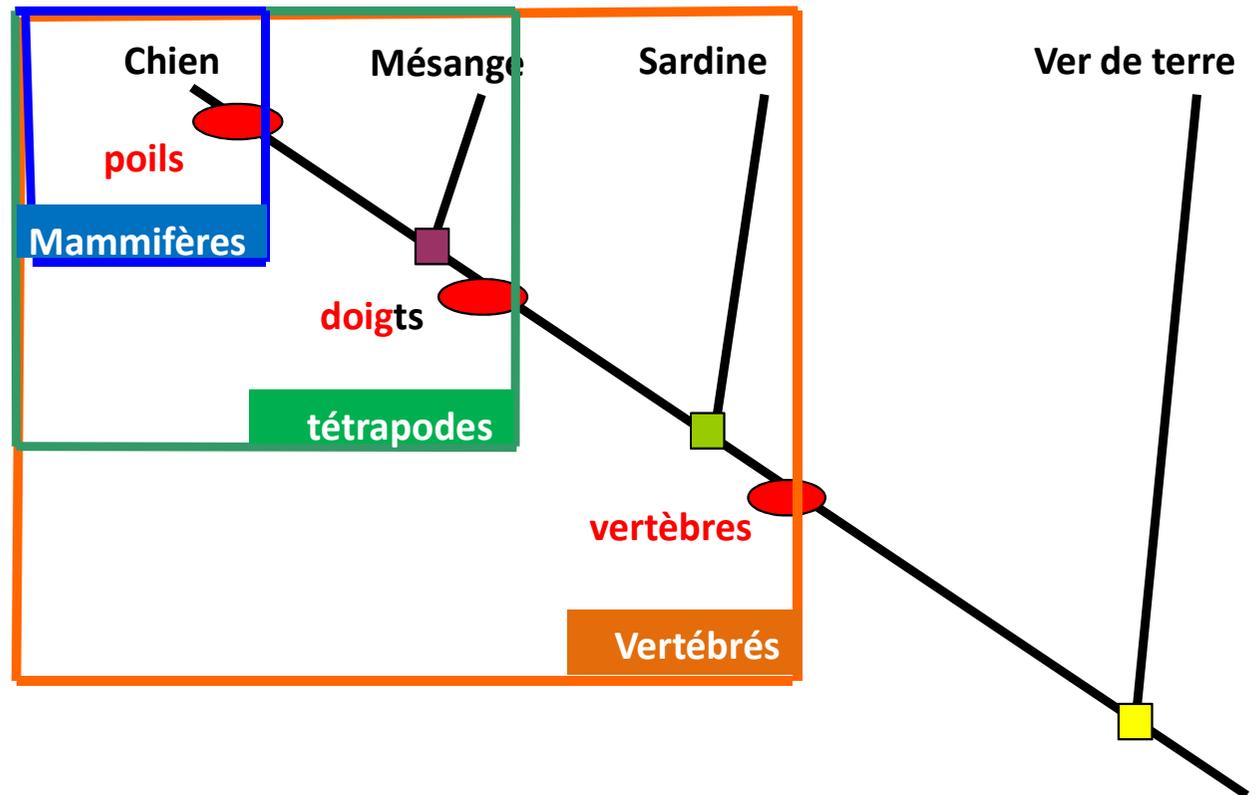
0 : état ancestral

 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



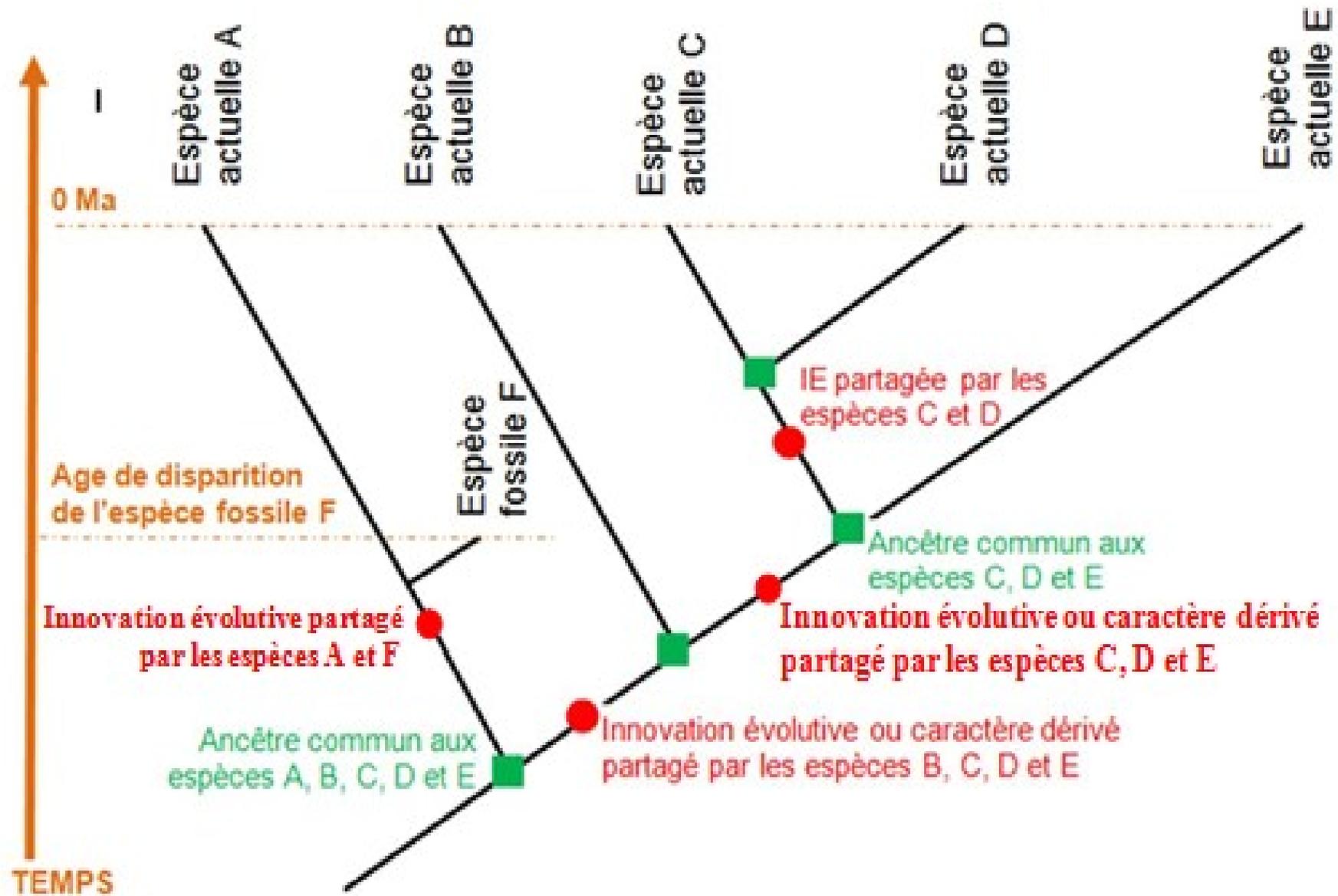
# Reconstituer une histoire évolutive

- **Rajoutez sur votre arbre :** + l'espèce : homme

+ les innovations : poumons  
plumes

- **Avec qui la mésange est-elle le plus apparentée ?**

# Arbre phylogénétique



Les caractères dérivés les plus partagés sont apparus « plus tôt » au cours de l'évolution (ici les vertèbres) alors que les caractères dérivés les moins partagés sont apparus « plus tard » au cours de l'évolution (ici les poils).

**Les relations de parenté ainsi établies peuvent être traduites par un arbre phylogénétique.**

Un arbre phylogénétique est constitué de branches à l'extrémité desquelles on place les **espèces** (actuelles ou fossiles). Sur les branches de l'arbre, on localise les différentes **innovations évolutives** (caractères dérivés qui sont apparus).

# 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 (ou rameau humain)

### 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

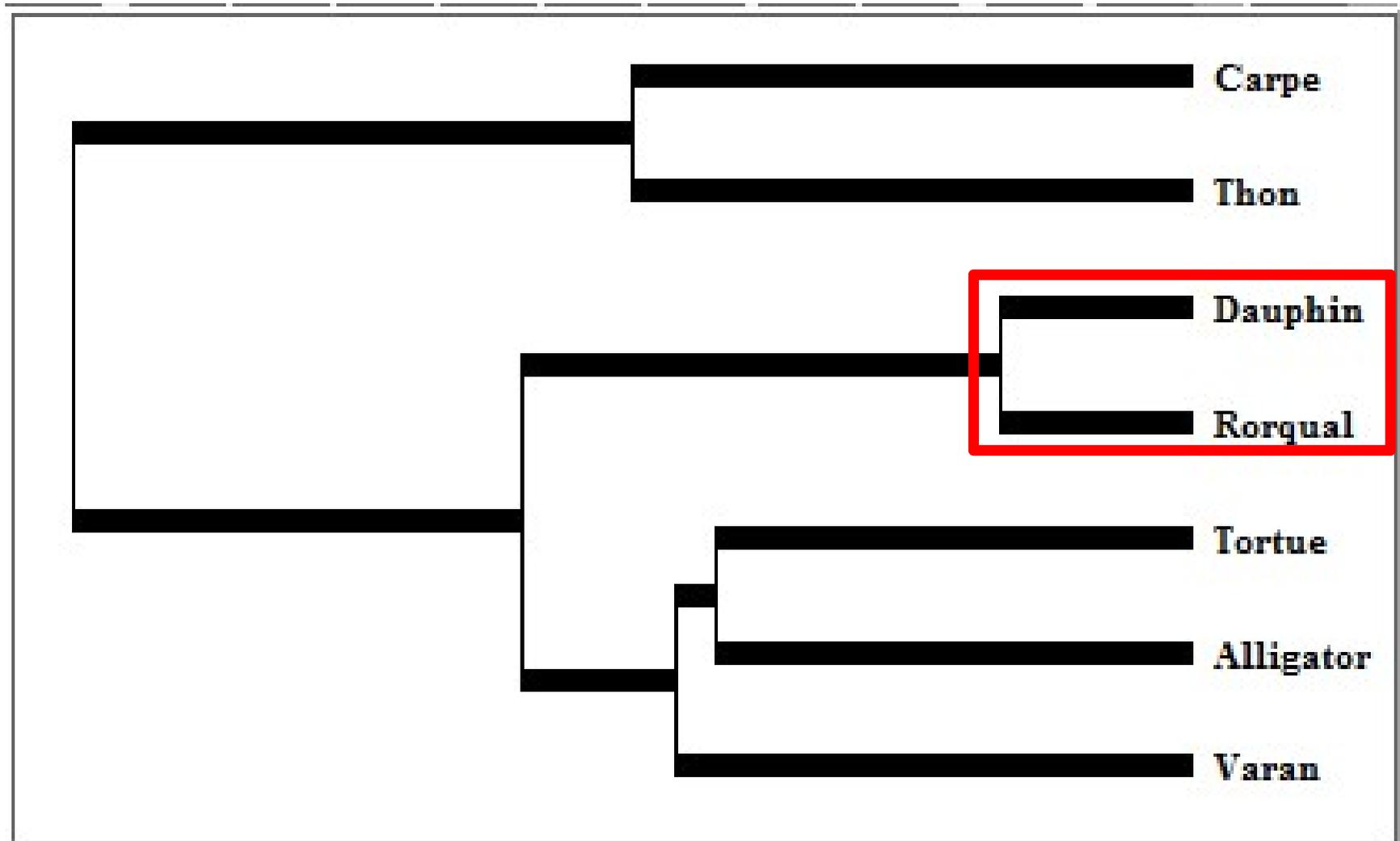
					5					10					15					20					25					30					35					40					45					50		
Carpe	-	-	-	-	H	D	A	E	L	V	L	K	C	W	G	G	V	E	A	D	F	E	G	T	G	G	E	V	L	T	R	L	F	K	Q	H	P	E	T	Q	K	L	F	P	K	F	V	G	I	A	S	
Thon	-	-	-	-	A	D	F	D	A	V	L	K	C	W	G	P	V	E	A	D	Y	T	T	M	G	G	L	V	L	T	R	L	F	K	E	H	P	E	T	Q	K	L	F	P	K	F	A	G	I	A	Q	
Tortue	-	G	L	S	D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



**Il est également possible de comparer des séquences de nucléotides de gènes ou des séquences d'acides aminés de protéines.** On considère que si 2 protéines ont plus de 20% de leur séquence en commun, elles dérivent d'une molécule ancestrale et donc les espèces qui possèdent ces molécules ont un ancêtre commun.

**Plus les similitudes moléculaires sont importantes, plus l'ancêtre commun est récent et plus les espèces sont apparentées.**

# 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 (ou rameau humain)

### 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

Toupaïe



Maki



Tarsier



Macaque



Gorille



Chimpanzé



Orang-outan



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
Ourang-outan	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

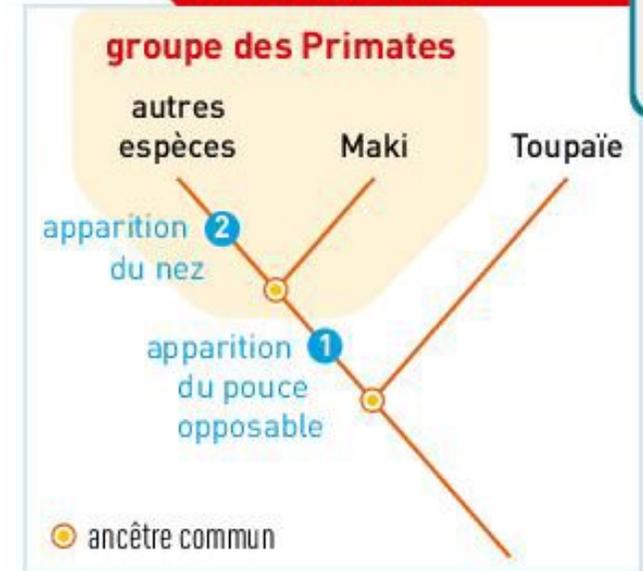
La construction d'un arbre phylogénétique permet de visualiser les liens de parenté entre différentes espèces.

Par exemple, le Maki est plus proche des autres espèces que le Tupaïe 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.

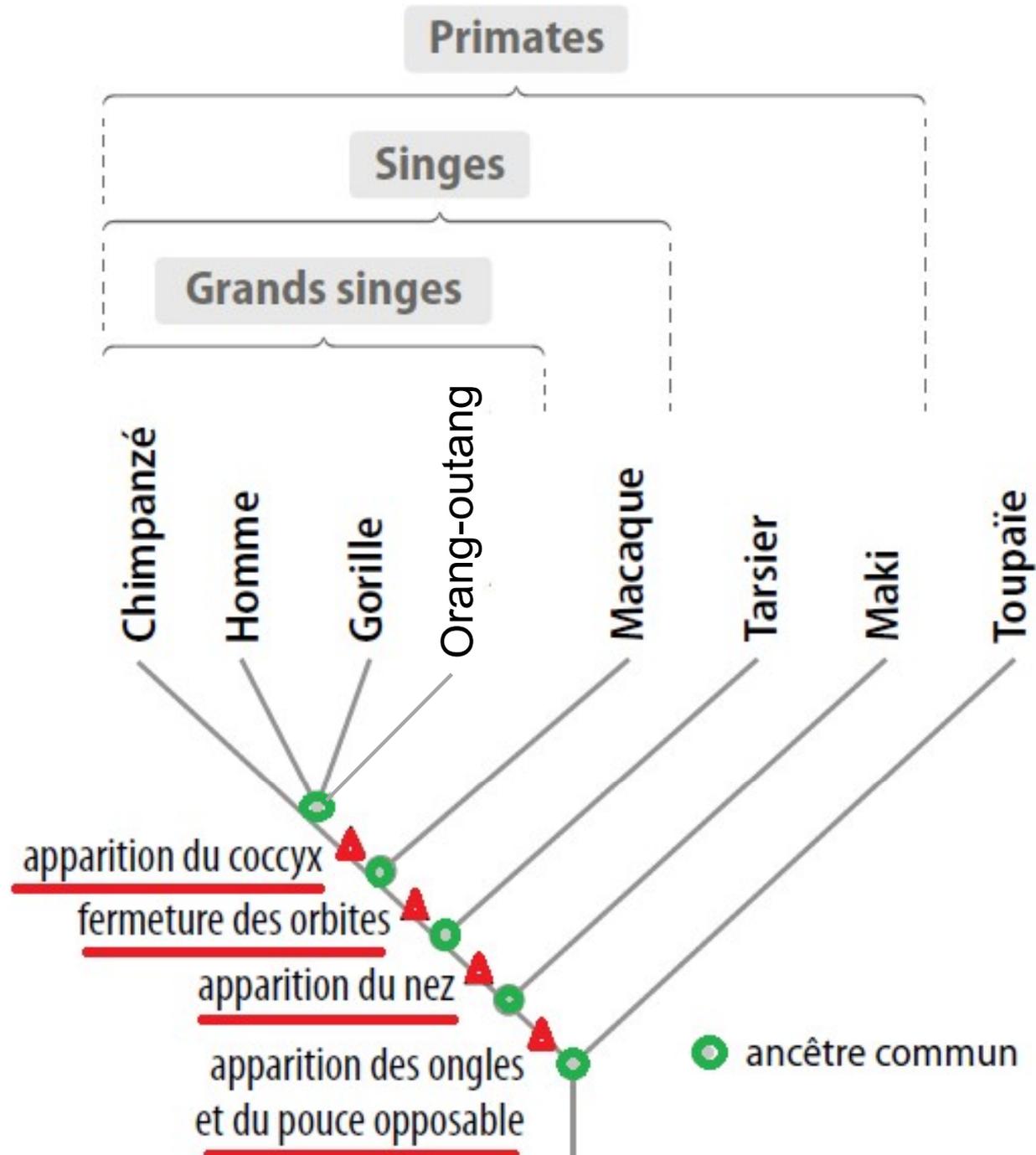
ANIMATION BONUS

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	1																																														
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	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	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 *Phuloaène*).

La séquence de l'Homme est plus proche de celle du chimpanzé que celle du gorille ou de l'orang-outang

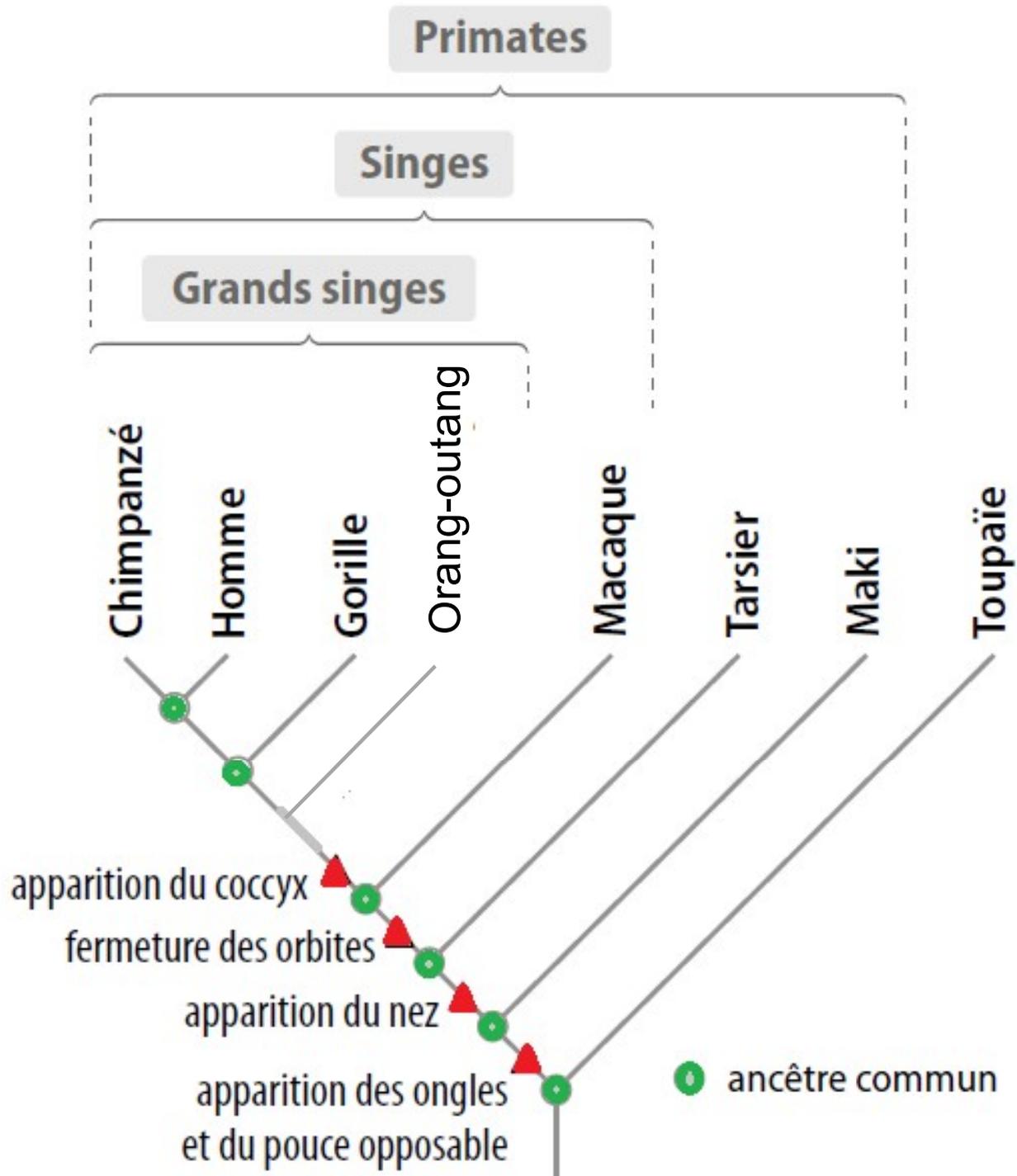
Homme- Gorille – Chimpanzé sont plus apparentés entre eux qu'avec l'orang-outang

# 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 : QCM, indiquez **la ou les** bonnes réponses

**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.

# Entraînement : QCM, indiquez la ou les bonnes réponses

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 gorille.

# Entraînement : QCM, indiquez la ou les bonnes réponses

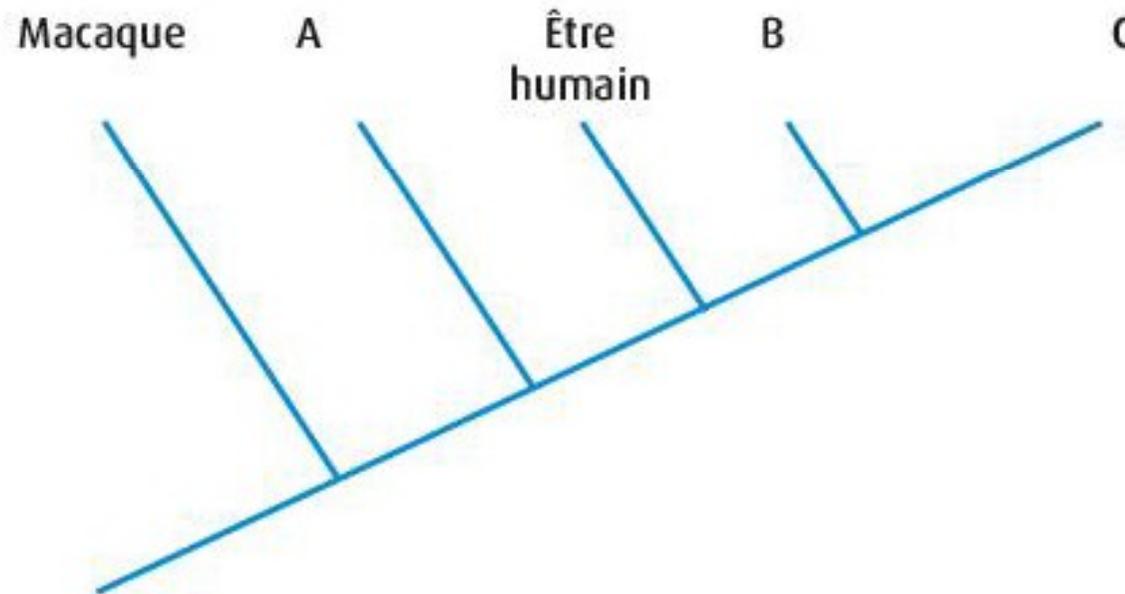
	Bonobo	Chimpanzé commun	Homme	Gorille	Macaque
Bonobo	0	0,881	2,64	3,08	11,9
Chimpanzé commun		0	2,64	3,08	11,9
Homme			0	3,08	11,9
Gorille				0	12,3
Macaque					0

**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.**

# Entraînement : QCM, indiquez **la ou les** bonnes réponses

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.

## Entraînement : QCM, indiquez **la ou les** bonnes réponses

**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.**

# 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. Le rameau humain

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

### B. Le genre des Australopithèques et le genre Homo

# Le rameau humain :



Rameau humain



# 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. Le rameau humain

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

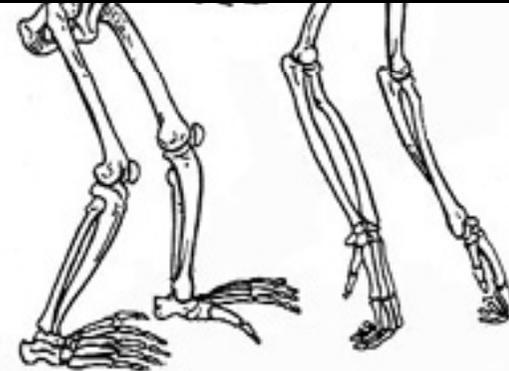
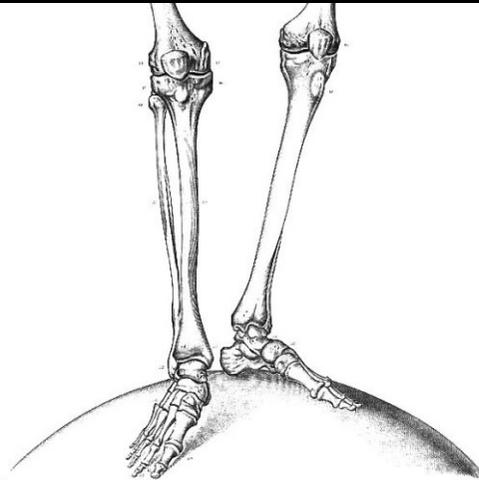
### B. Le genre des Australopithèques et le genre Homo

# Le rameau humain :



**Caractères dérivés  
propres aux  
humains**

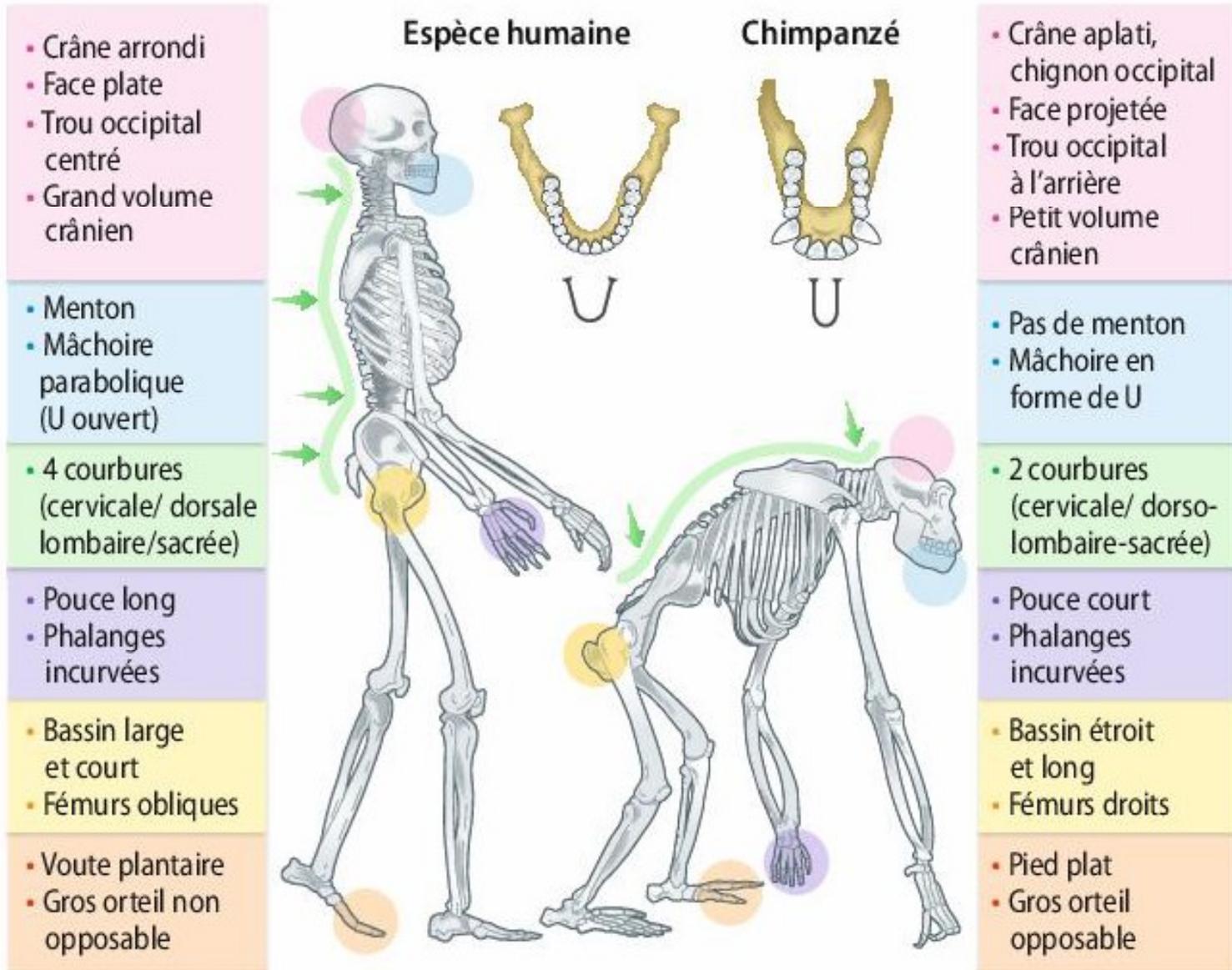
**Les caractères dérivés possédés par l'Homme mais pas par le chimpanzé sont forcément apparus sur le « **rameau Humain** » après le dernier ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé**





# Le rameau humain :

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

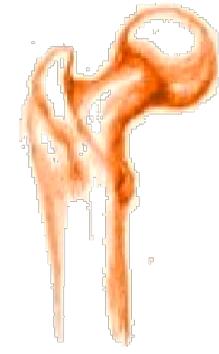
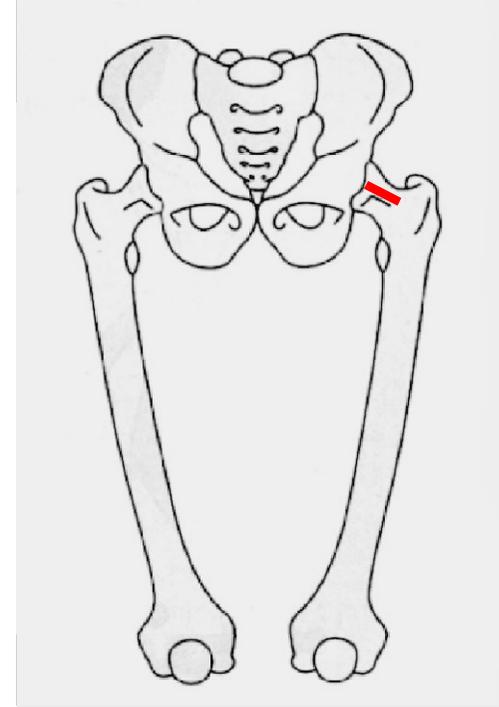
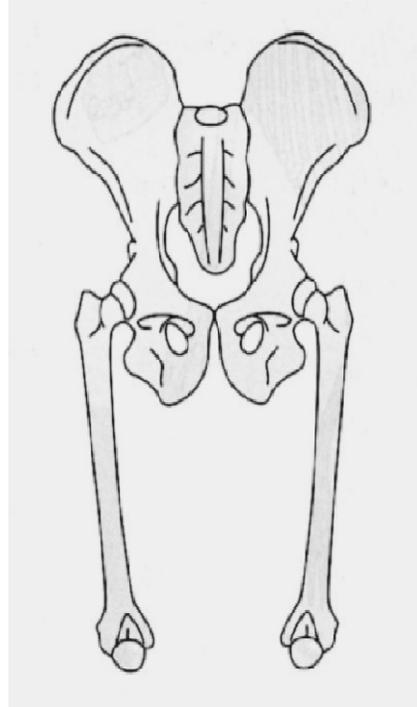
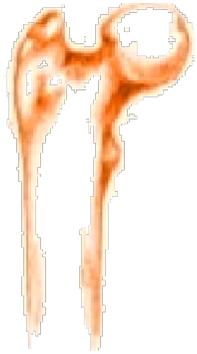


La séparation entre la lignée du Chimpanzé et la lignée humaine est estimée à environ 7 millions d'années.

# Bassin et fémur

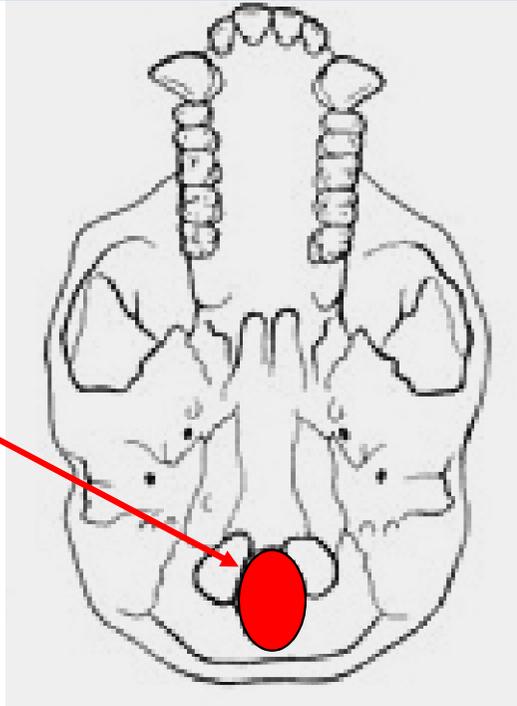
chimpanzé

homme

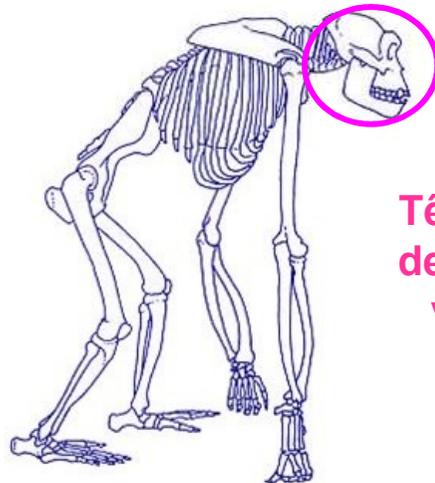


# Position du trou occipital

Trou occipital en position reculée

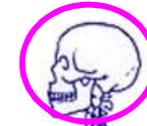
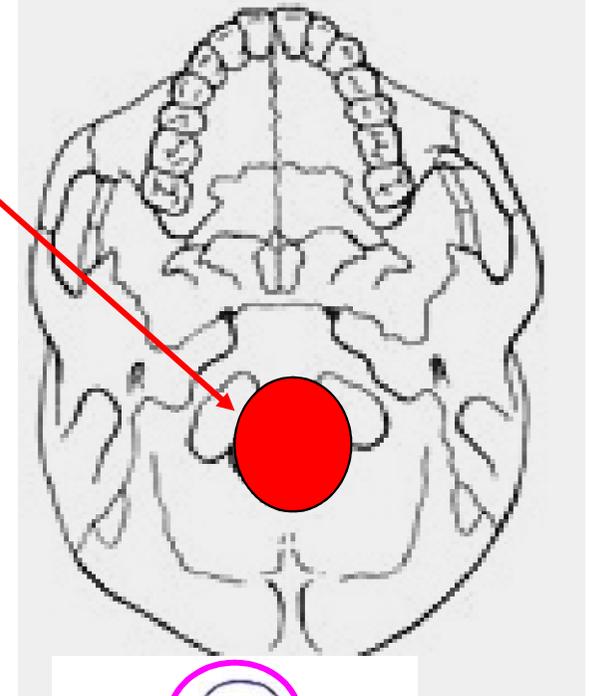


chimpanzé



Tête en avant de la colonne vertébrale

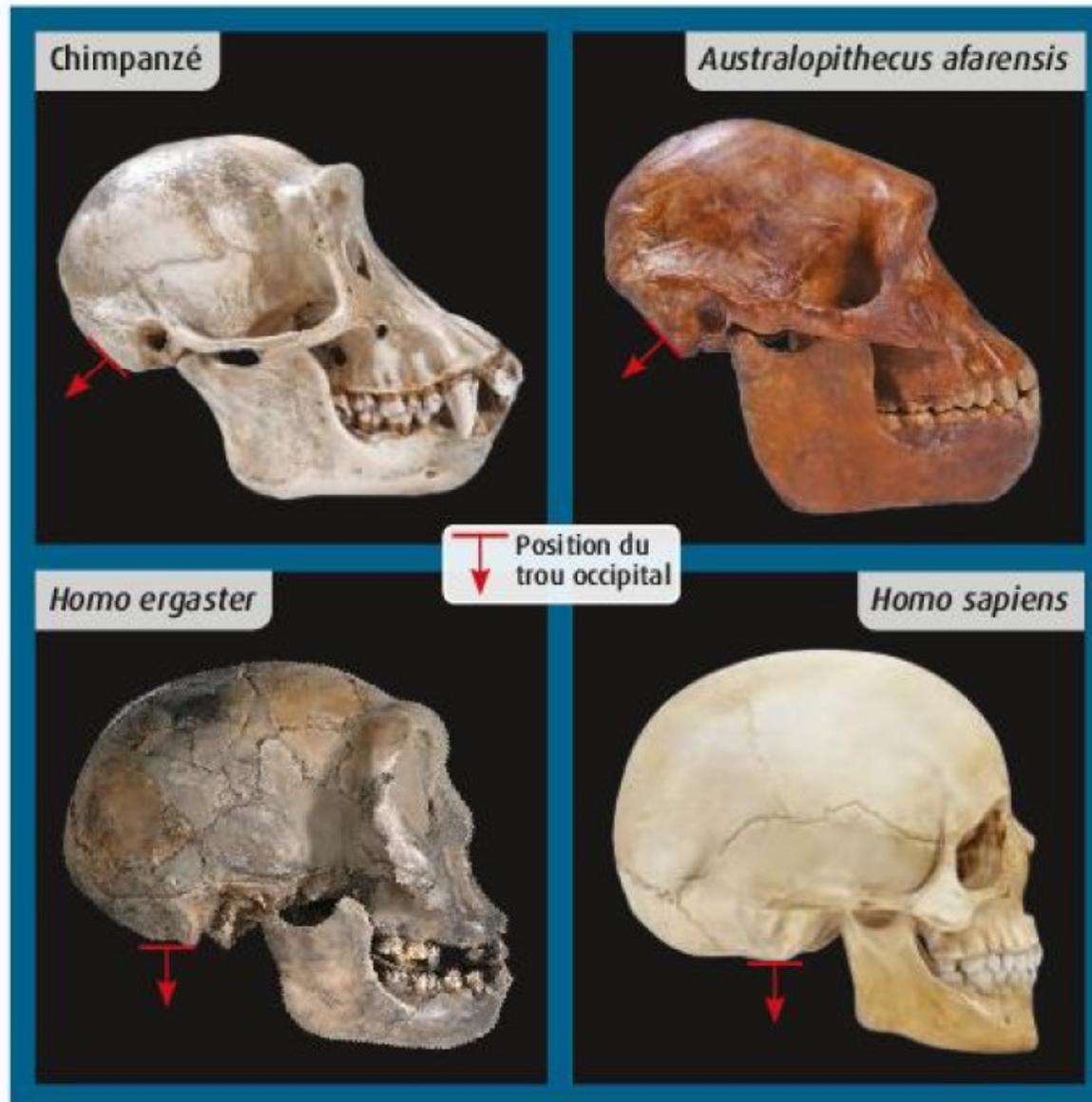
Trou occipital en position avancée



homme

Tête au sommet de la colonne vertébrale

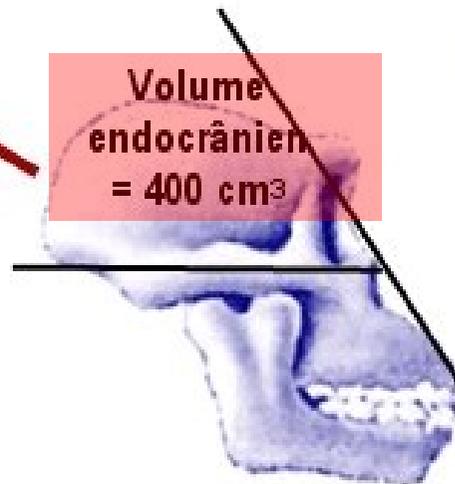
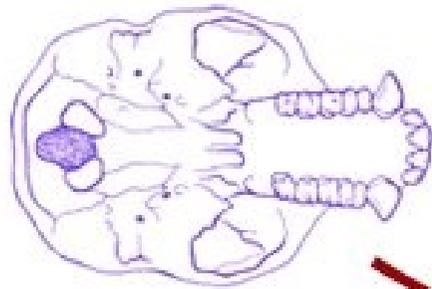
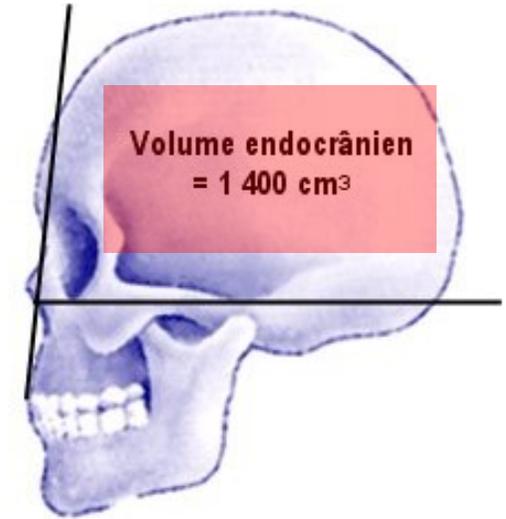
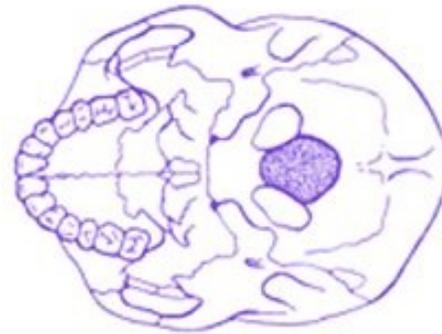
# Position du trou occipital



**DOC 5** Position du trou occipital chez un chimpanzé et trois hominines. La colonne vertébrale s'insère dans le crâne par un orifice nommé trou occipital. La position de cet orifice et le mode de locomotion de l'animal sont liés.

# Volume du crâne

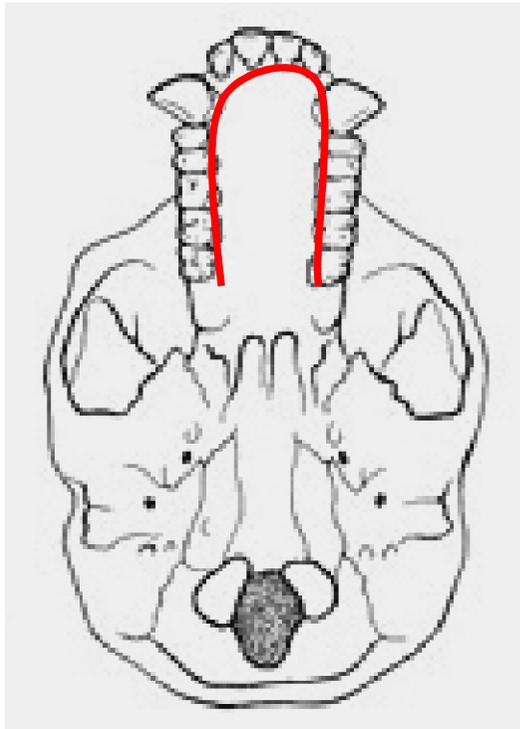
homme



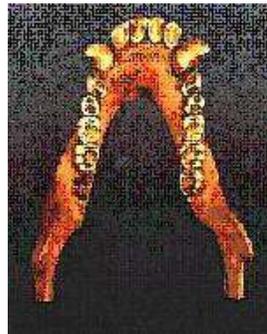
chimpanzé

# Forme de la mandibule

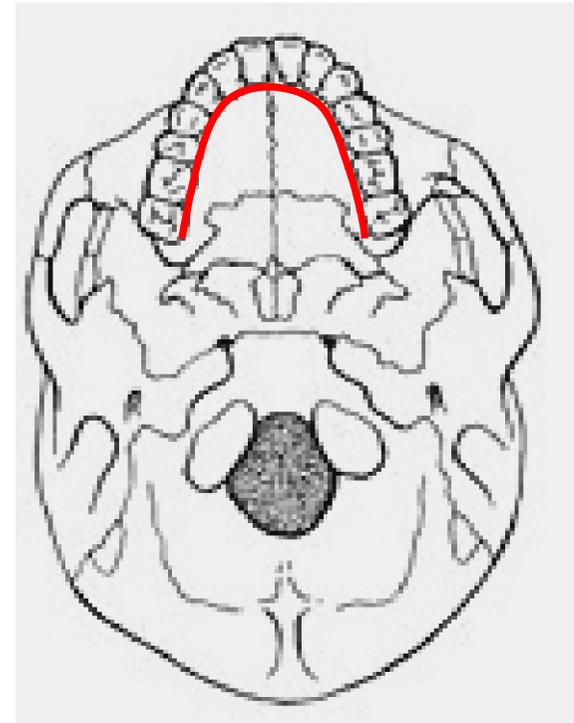
**Arcade dentaire en U**



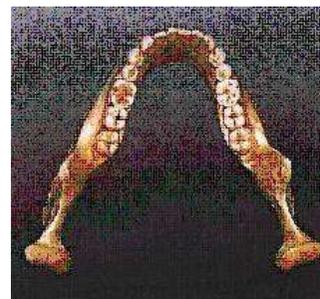
**chimpanzé**



**Arcade dentaire parabolique (en V)**



**homme**



# Forme de la mandibule

## *Australopithecus afarensis*

Angle facial : 56° à 75°  
Volume crânien : 385 à 500 cm<sup>3</sup>  
Mandibule en U



## *Homo floresiensis*

Angle facial : 71° à 89°  
Volume crânien : 1 250 à 1 750 cm<sup>3</sup>  
Mandibule parabolique



## *Homo sapiens*

Angle facial : 82° à 88°  
Volume crânien : 1 350 cm<sup>3</sup> en moyenne  
Mandibule parabolique

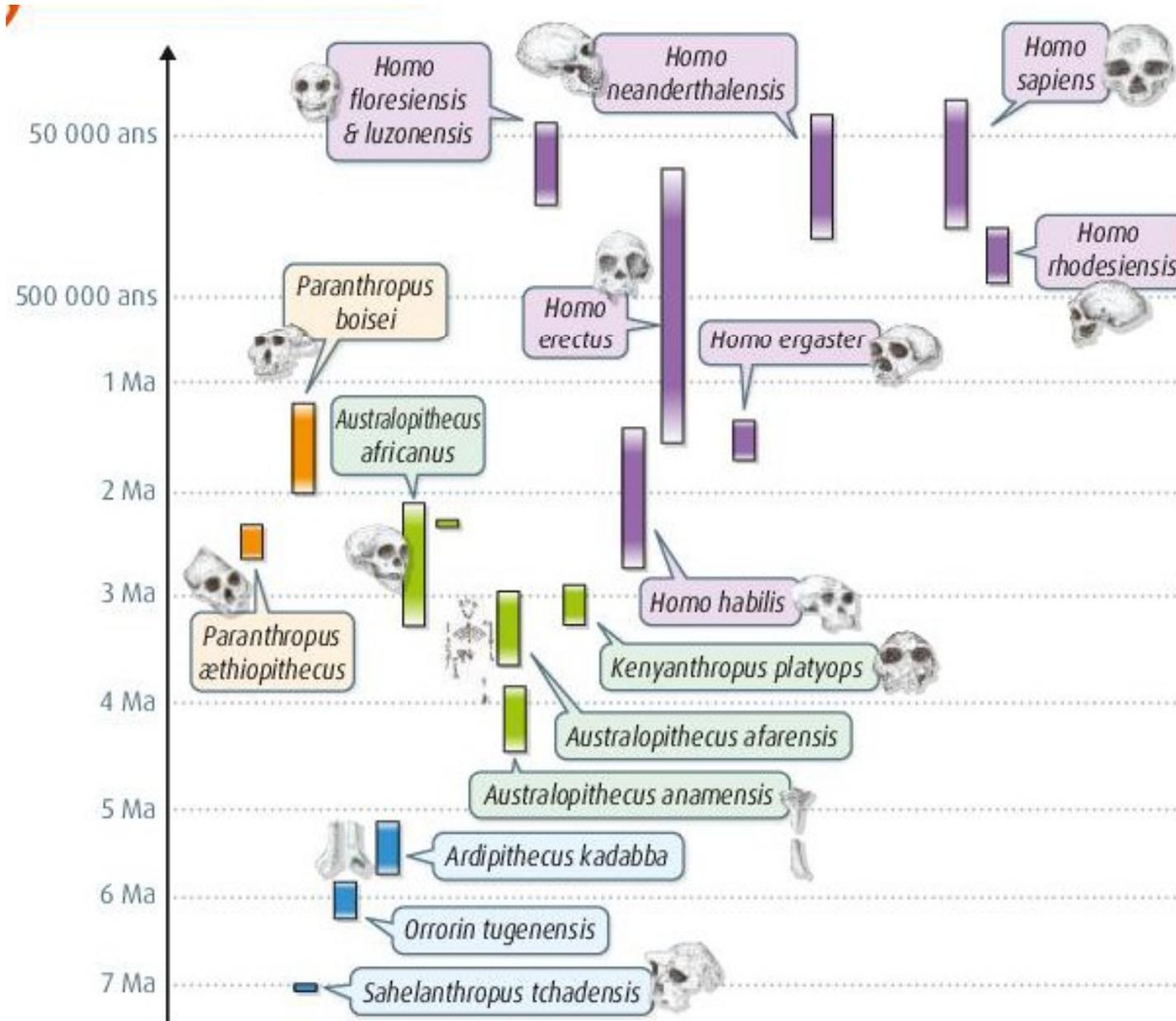


## *Homo floresiensis*



**DOC 5 Photo de crâne vu de profil et de mandibule de trois hominines.** La forme de la mandibule est un caractère propre à tous les représentants du genre *Homo*. Le prognathisme est la projection plus ou moins avancée des deux mâchoires par rapport à la verticale allant du front au nez. En paléoanthropologie, on évalue le prognathisme de la mâchoire supérieure, grâce à la mesure de l'angle facial. Celui-ci correspond à l'angle aigu formé par les droites (OP) et (MN). Plus l'angle est faible, plus le prognathisme est prononcé.

# La lignée humaine / Rameau humain



## 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 incontestable

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



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).

# 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

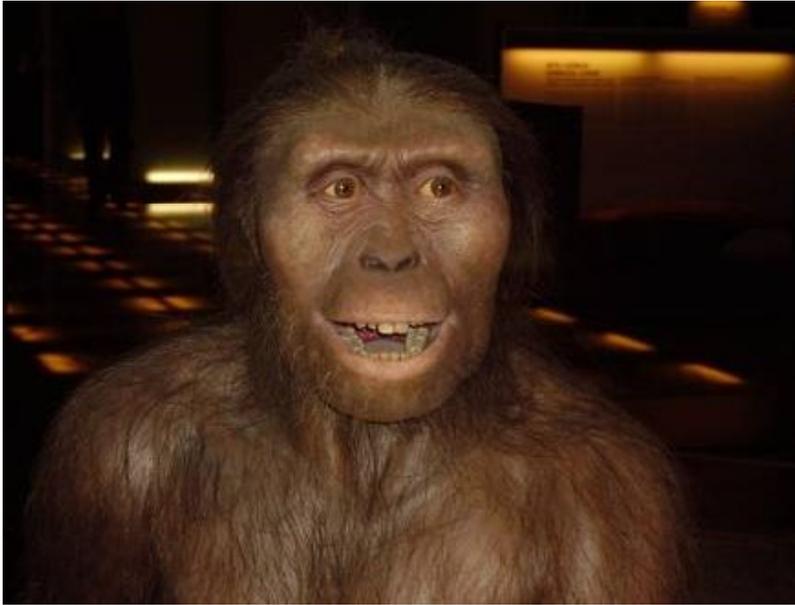
## II. La lignée humaine (ou rameau humain)

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

### B. Le genre des Australopithèques et le genre Homo

# Les Australopithèques

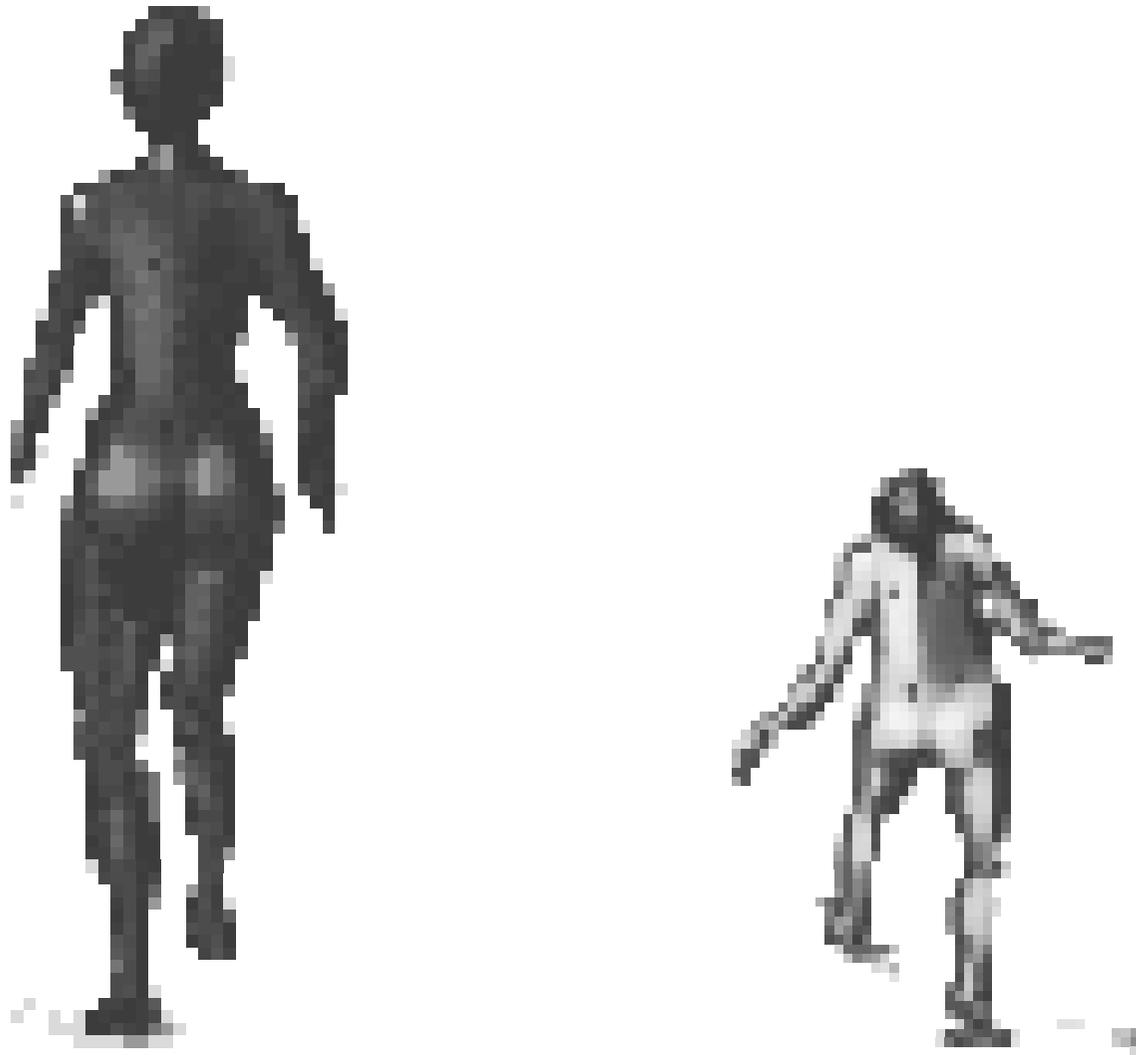
4,5 MA → 1 MA



*A. Afarensis (Lucy)*



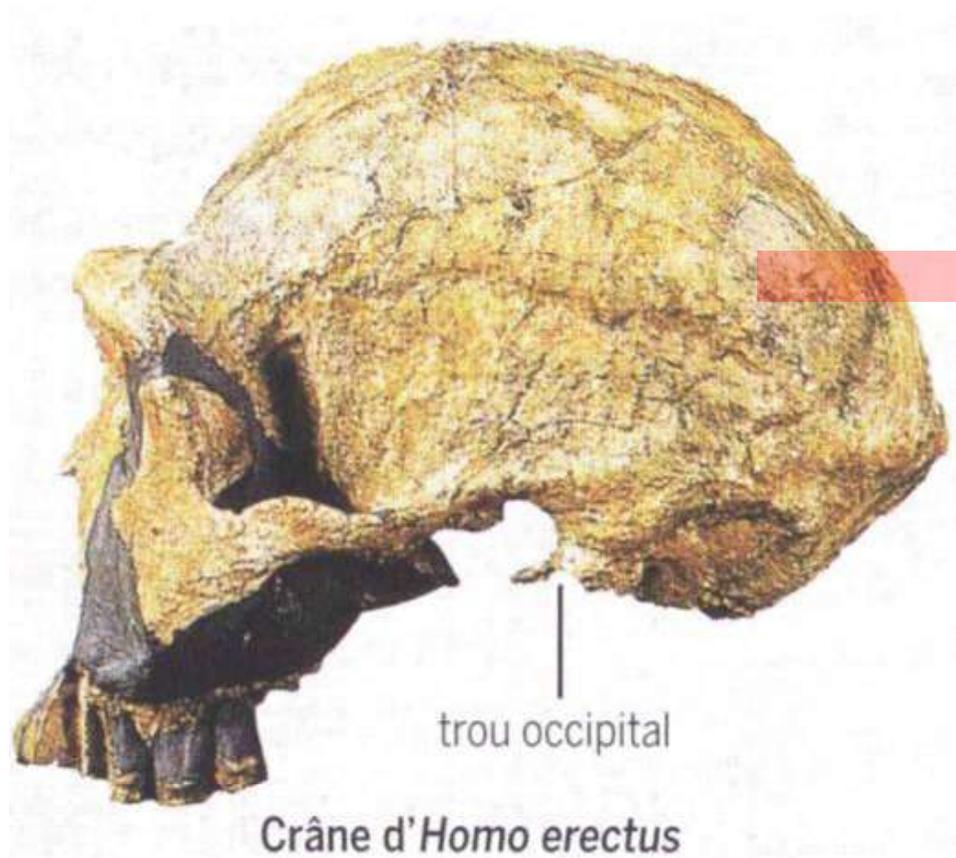
# Les Australopithèques



**Bipédie permanente mais imparfaite**

# Caractéristiques du genre Homo

-2.5 Ma → actuel

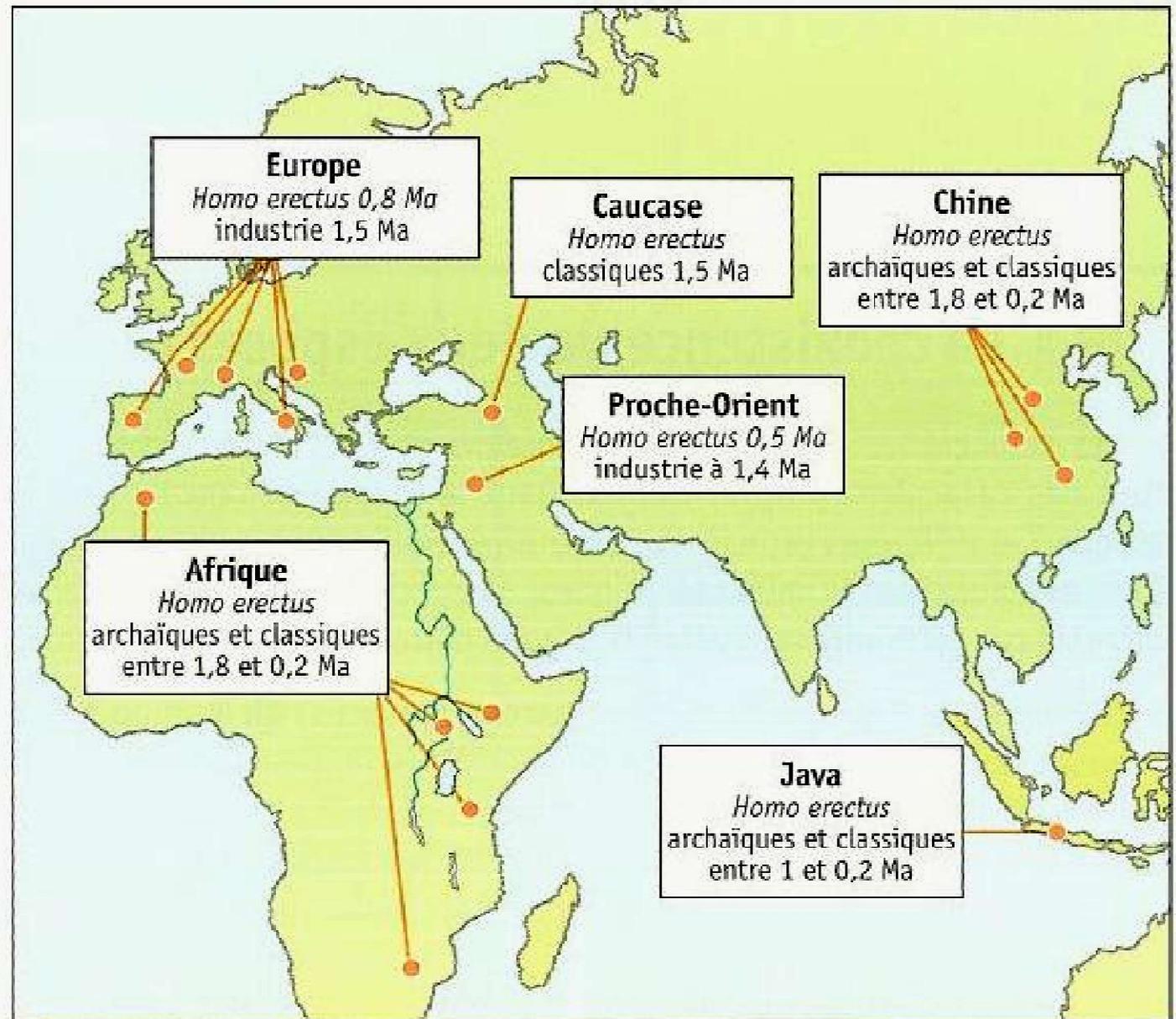


**Bipédie plus élaborée**  
**Capacité crânienne importante**



# Caractéristiques du genre *Homo*

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



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

# Homme de Neandertal

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

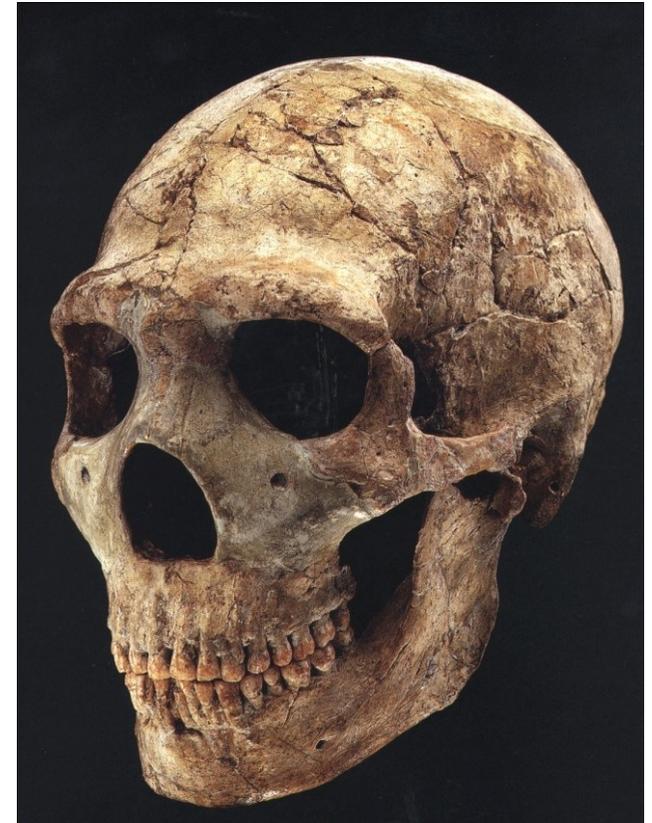
Corps trapu (membres courts), robuste 1,70 m pour 70 à 90 Kg, très musclé.

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

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

Outillage varié

Pratique des rites funéraires



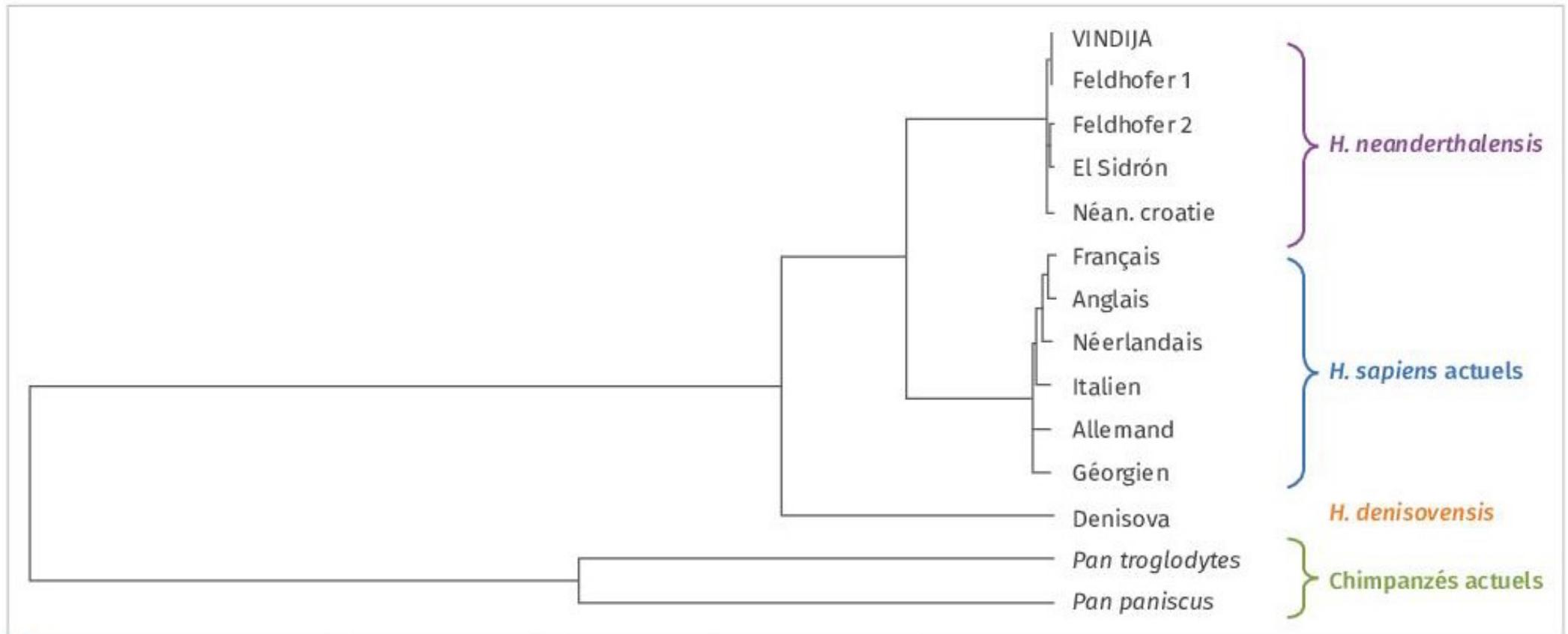
# Les Denisoviens



Métisse entre une femme néandertalienne et un homme dénisovien **-90 000 ans (Sibérie)**

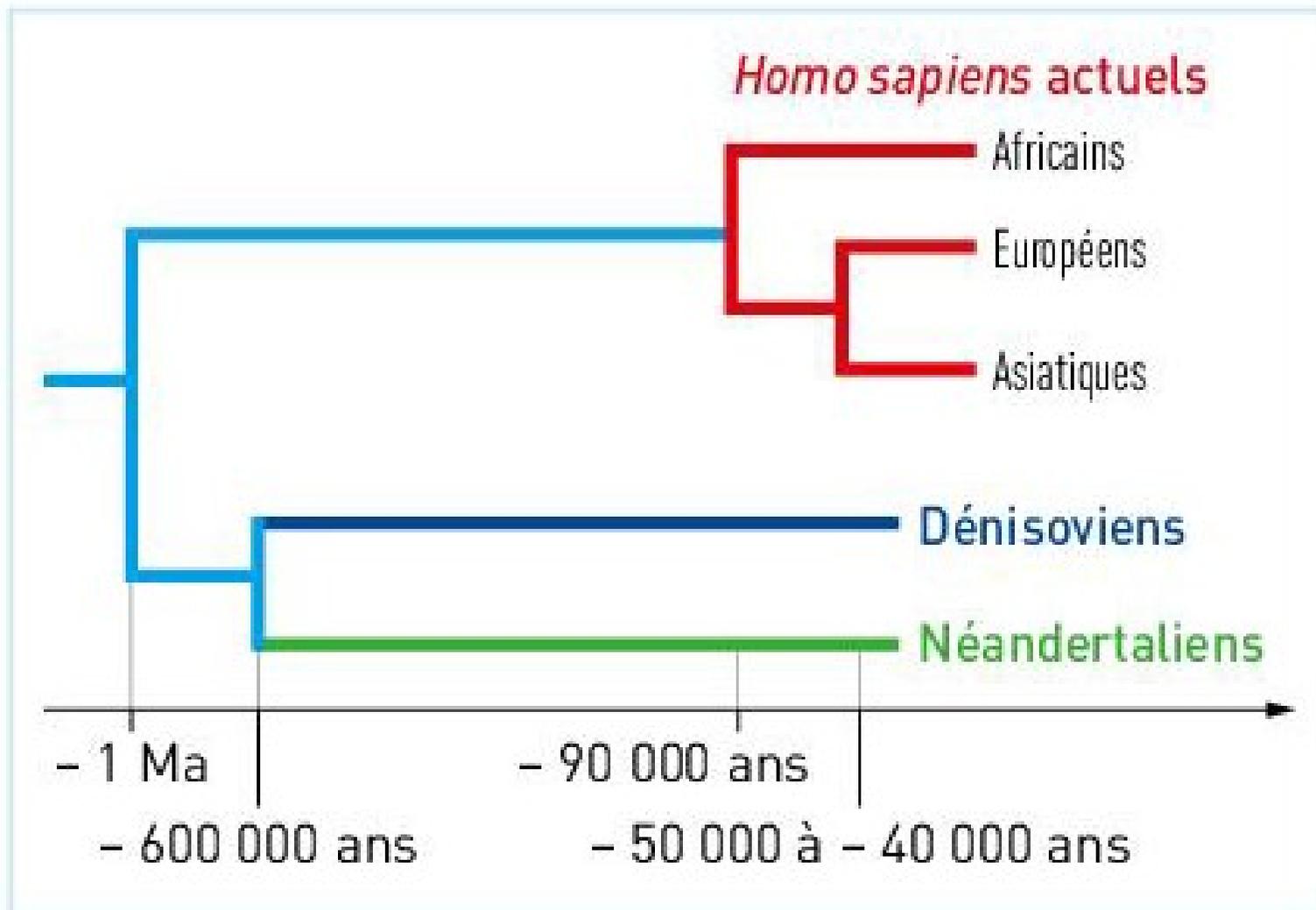


# Relations de parenté avec néanderthaliens et dénisoviens



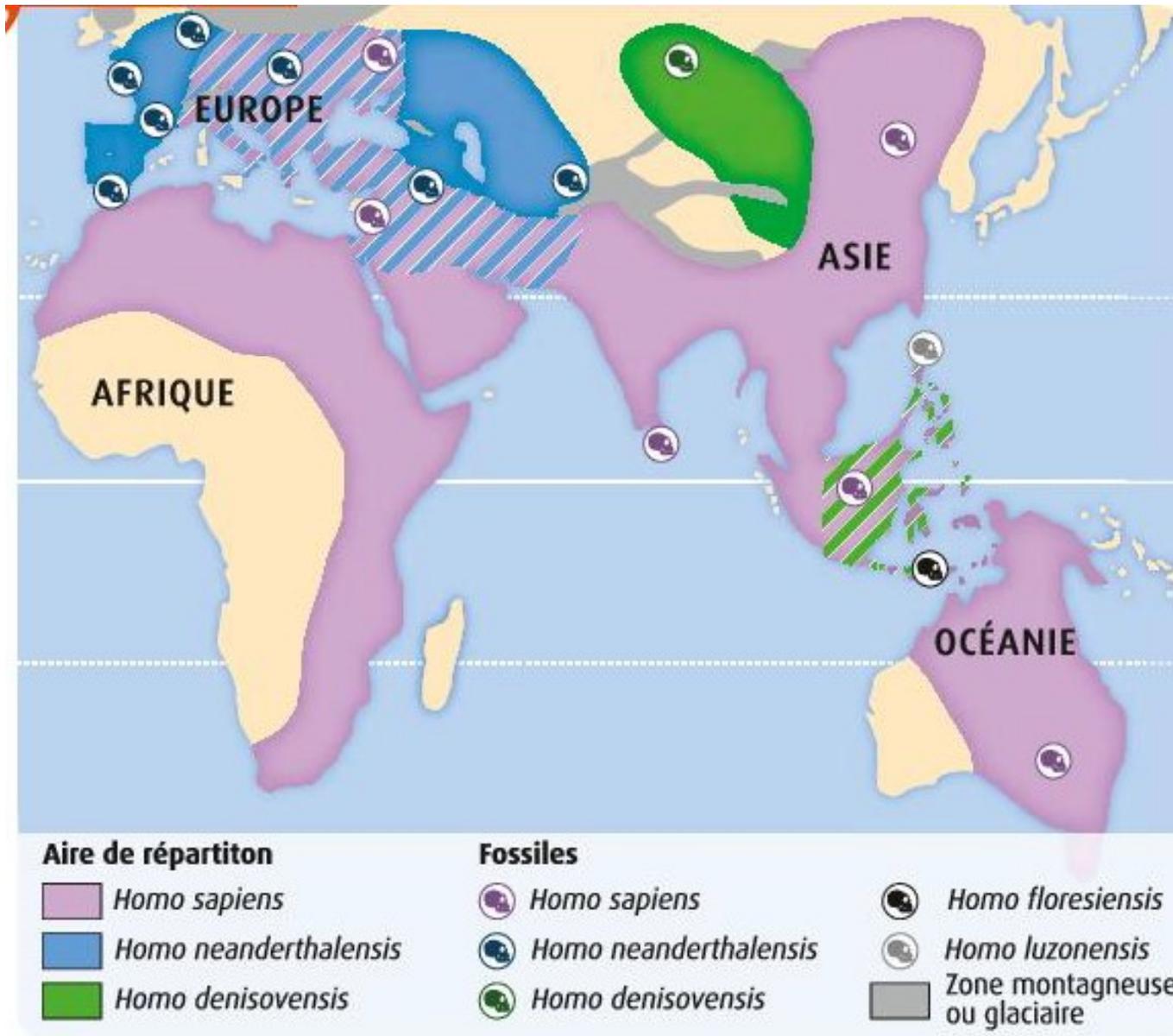
● **Arbre des distances génétiques entre des individus humains actuels ou fossiles et les deux espèces de chimpanzés actuels** (d'après le logiciel Phylogène). La longueur de chaque branche indique la distance génétique, établie à partir de l'étude comparative des séquences d'ADN mitochondrial des individus.

# 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

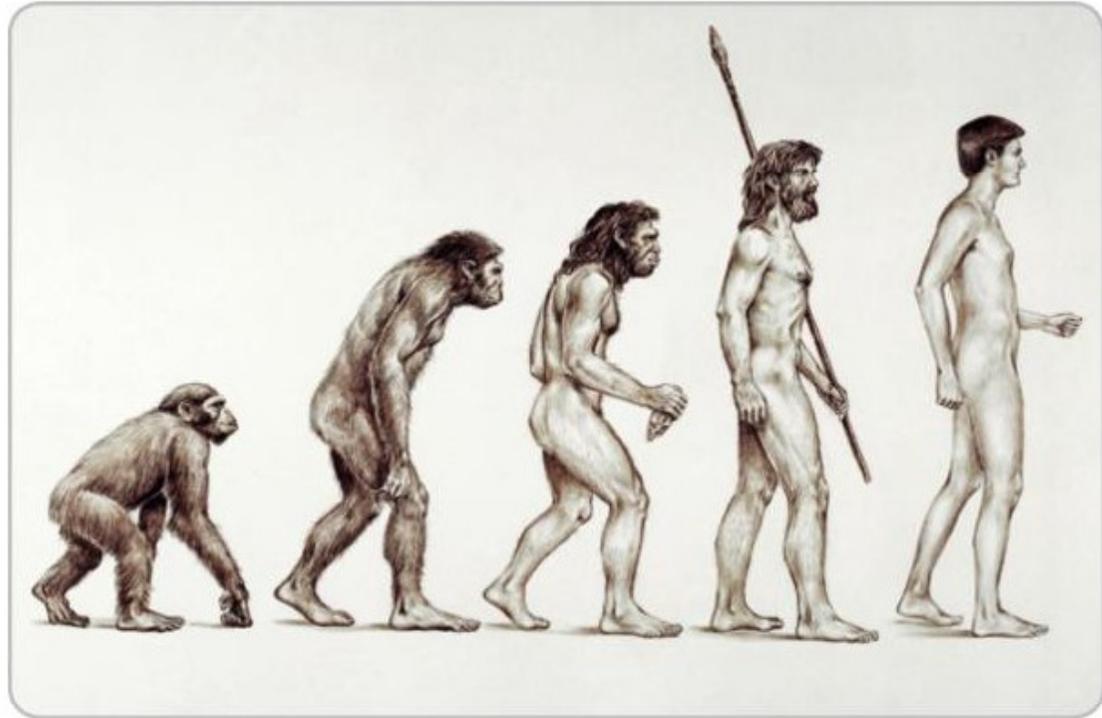
Les migrations des différentes populations humaines au cours du temps ont été établies grâce à la localisation et la datation des ossements, productions et outils découverts. Par ailleurs, par détermination de la séquence en nucléotides de génomes entiers préservés dans certains ossements, les généticiens 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 Denisoviens (voir aussi définition d'une espèce en paléanthropologie p. 240 et **DOC. 4** p. 251).

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

1 Matrice de caractères de cinq mammifères.

### 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 catarrhiniens sur l'arbre phylogénétique, sachant que ce groupe est constitué de primates ayant des narines rapprochées.



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

- ✓ 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 japonais

## 8 Quelques attributs de trois représentants de la lignée humaine<sup>(1)</sup>

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
<i>Australopithecus afarensis</i> (-2,5 à -3,5 MA)	En U	Développées	Incurvée	<u>Épais</u>
<i>Paranthropus robustus</i> (-2,2 à -1 MA)	En U	<u>Réduites</u>	<u>Droite</u>	<u>Épais</u>
<i>Homo ergaster</i> (-2,2 à -1 MA)	<u>Parabolique</u>	<u>Réduites</u>	<u>Droite</u>	<u>Épais</u>

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

## 13 Exploiter des documents, rédiger une argumentation scientifique

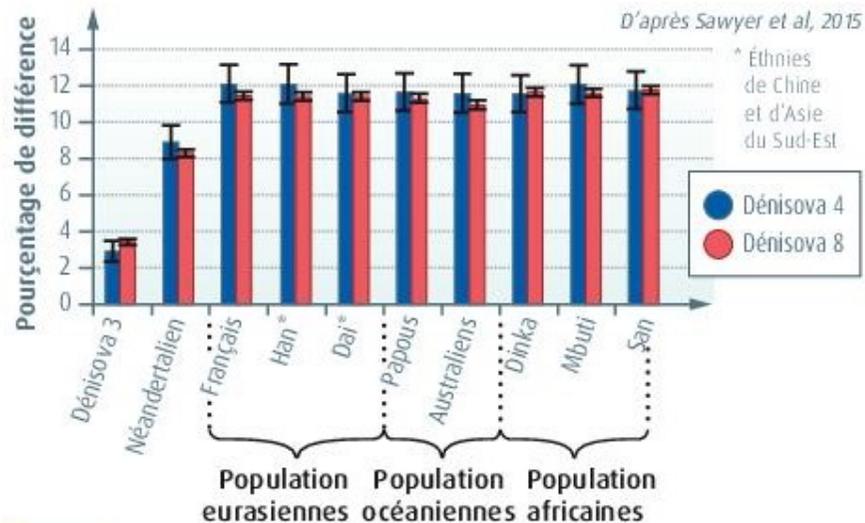
### Les Dénisoviens

En 2008, au cours de fouilles dans la grotte de Denisova 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 Denisova 3, 4 et 8.



**DOC 1** Comparaison de l'ADN de Denisova 4 et 8 avec celui de Denisova 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

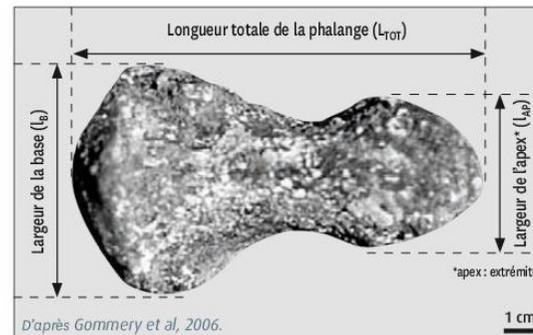
- Les résultats des comparaisons pour Denisova 4 et 8 sont-ils différents ?
- De quel individu les ADNs de Denisova 4 et 8 sont-ils le plus proche ?

### 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.

**Chimpanzé commun**

Col du fémur court

***Orrorin tugenensis***

**Être humain**

Col du fémur long

5 cm

**Coupe transversale à travers le col du fémur**

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.

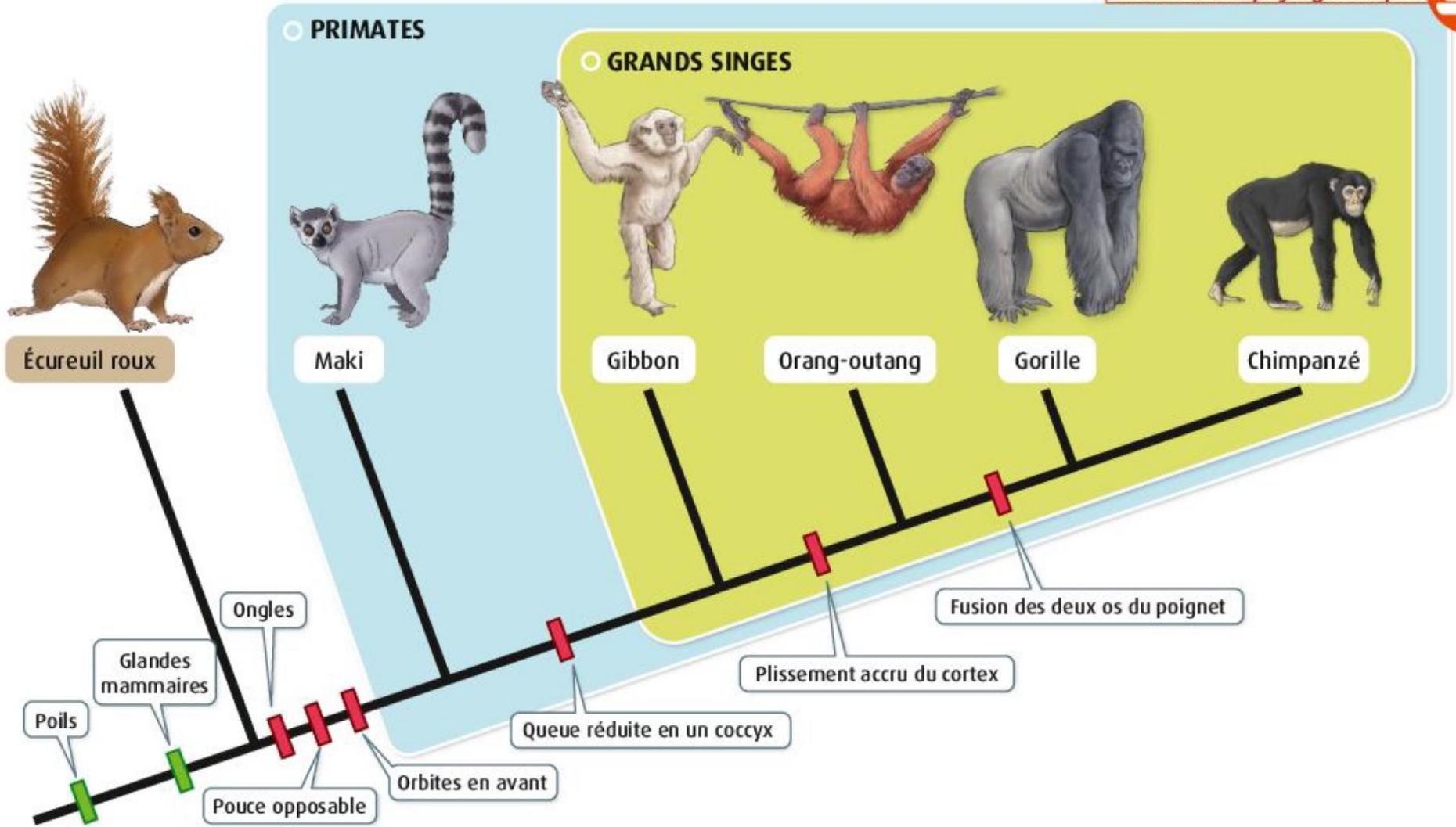
#### QUESTION

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

	Chimpanzé commun	Gorille de l'Ouest	Orang-outan de Bornéo
Être humain	98,76 % ± 0,07 %	98,38 % ± 0,08 %	96,92 % ± 0,11 %

**DOC 5 Ressemblance génétique moyenne entre l'être humain et trois autres grands singes.**

Les ressemblances entre les espèces sont aussi étudiées à partir du séquençage et de la comparaison de leur génome. Dans cette étude, 53 fragments d'ADN présents chez les orangs-outans de Bornéo, les gorilles de l'Ouest, les chimpanzés communs et les êtres humains ont été comparés. Plus deux espèces se ressemblent d'un point de vue génétique, plus leur divergence depuis leurs derniers ancêtres communs est récente.



**DOC 3** Arbre phylogénétique construit à partir de six des huit espèces du **DOC 2**.

