

Chapitre 1 : l'évolution humaine

VRAI OU FAUX

- 1. L'humain est un animal**
- 2. L'humain est un primate**
- 3. L'humain est un singe**
- 4. L'espèce humaine est la plus évoluée de toutes les espèces**
- 5. Le chimpanzé est notre plus proche parent actuel**

VRAI OU FAUX

1. L'homme est un animal

VRAI OU FAUX

1. **L'homme est un animal**
2. **L'homme est un primate**

VRAI OU FAUX

1. **L'homme est un animal**
2. **L'homme est un primate**
3. **L'homme est un singe**

VRAI OU FAUX

- 1. L'homme est un animal**
- 2. L'homme est un primate**
- 3. L'homme est un singe**
- 4. L'homme est l'espèce la plus évoluée de toutes les espèces**

VRAI OU FAUX

- 1. L'homme est un animal**
- 2. L'homme est un primate**
- 3. L'homme est un singe**
- 4. L'homme est l'espèce la plus évoluée de toutes les espèces**
- 5. Le chimpanzé est notre plus proche parent actuel**

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'humain, 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

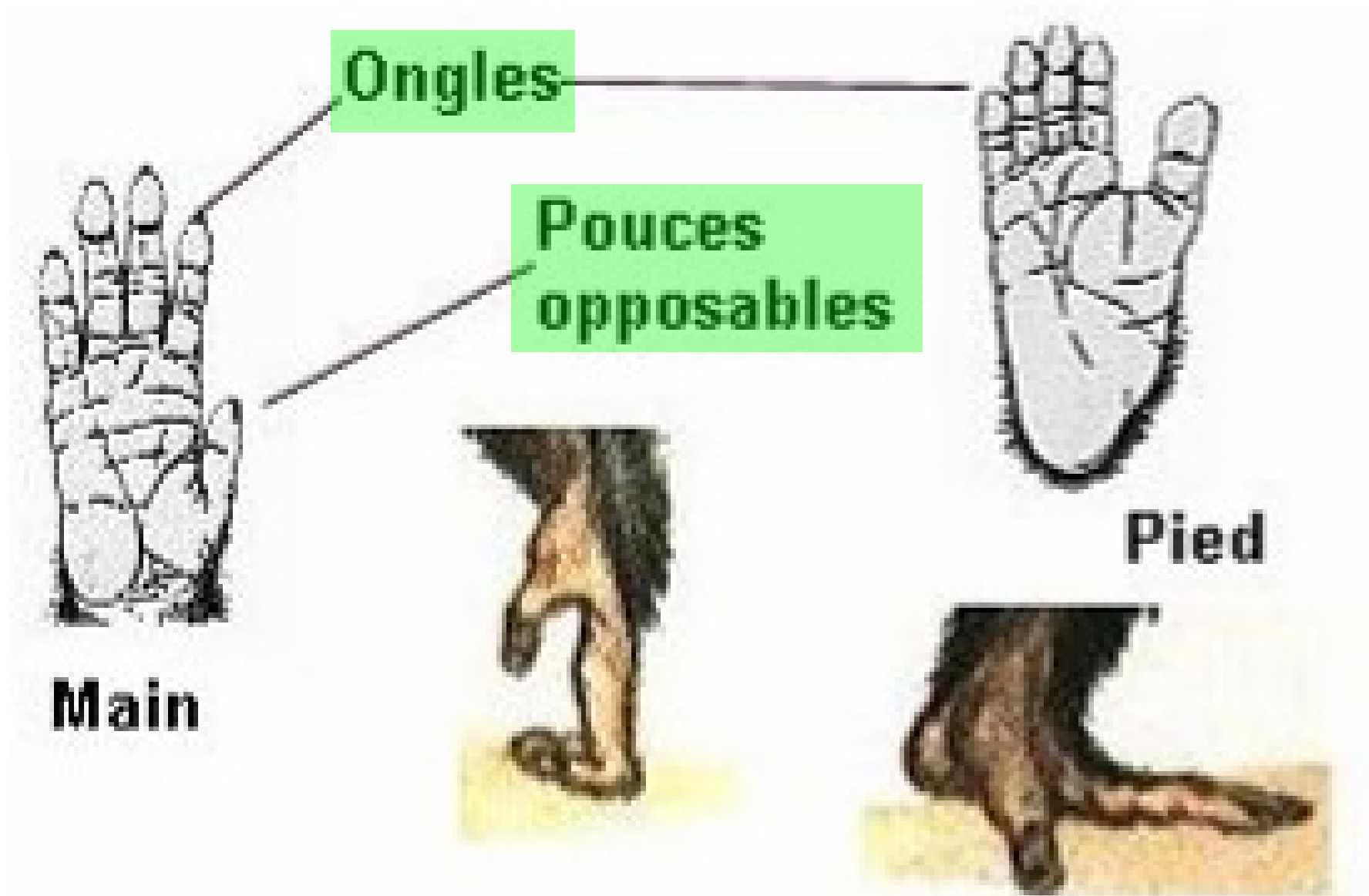
II. La lignée humaine (ou rameau humain)

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

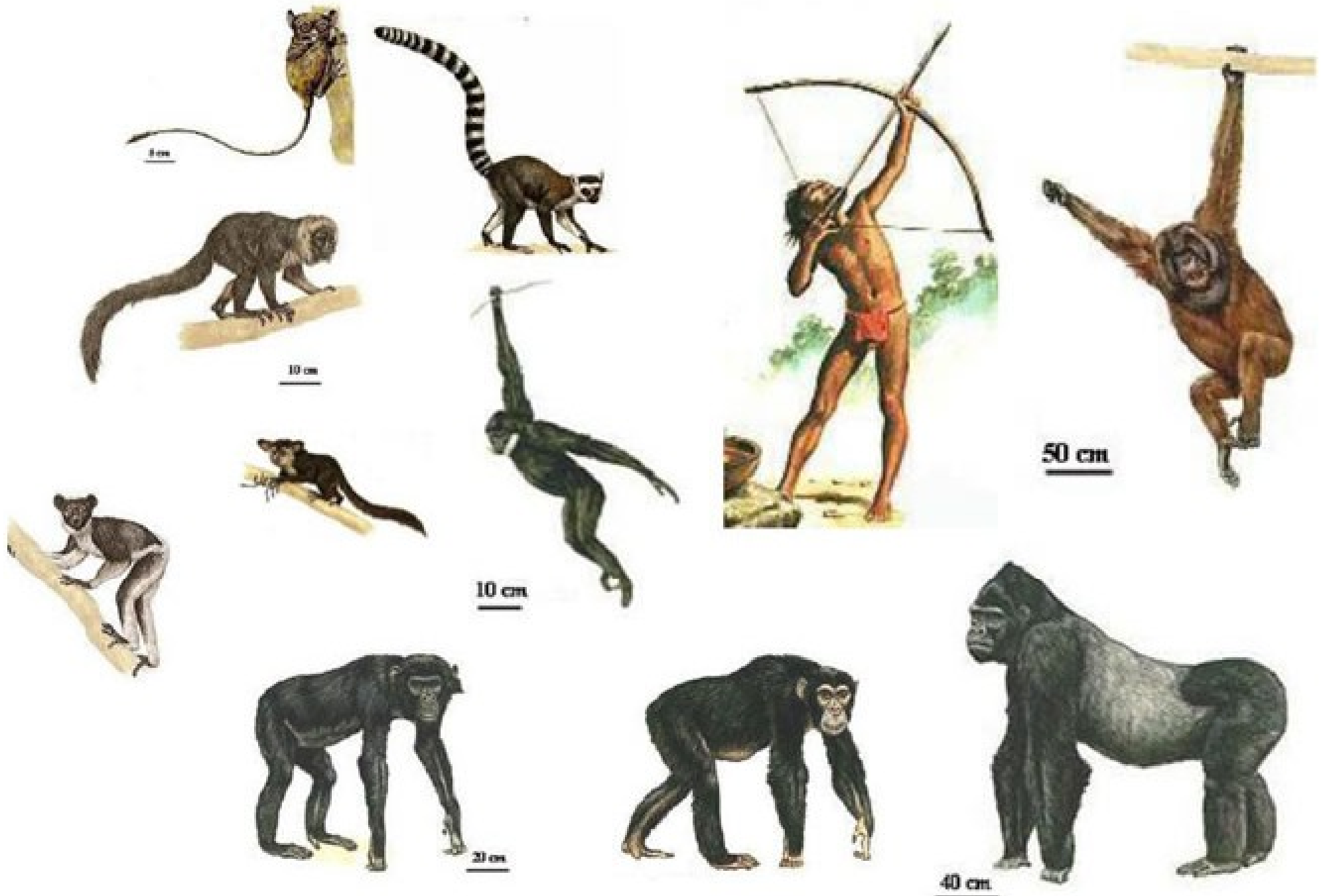
B. Le genre Homo

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 (=de parenté)

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

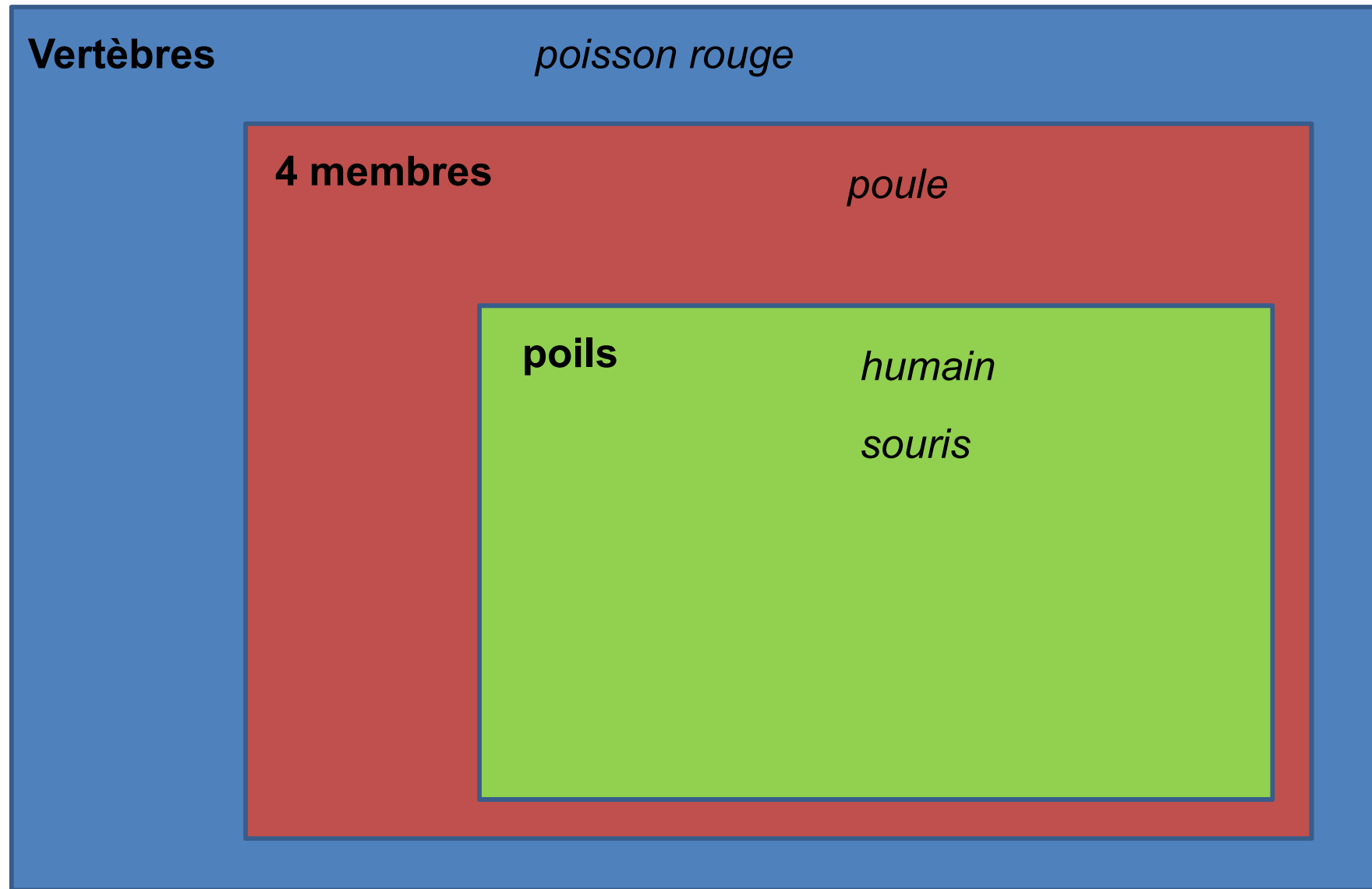
B. Le genre Homo

C. Homo sapiens

Reconstituer une histoire évolutive : rappels



Reconstituer une histoire évolutive : rappels



On rassemble dans un même groupe de parenté des espèces qui ont des caractères en commun.

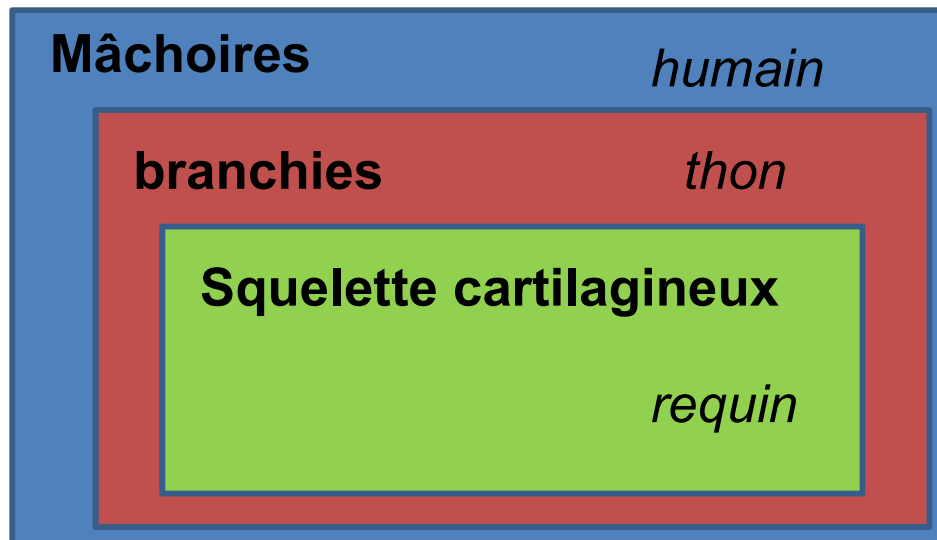
Mais quel caractère ?



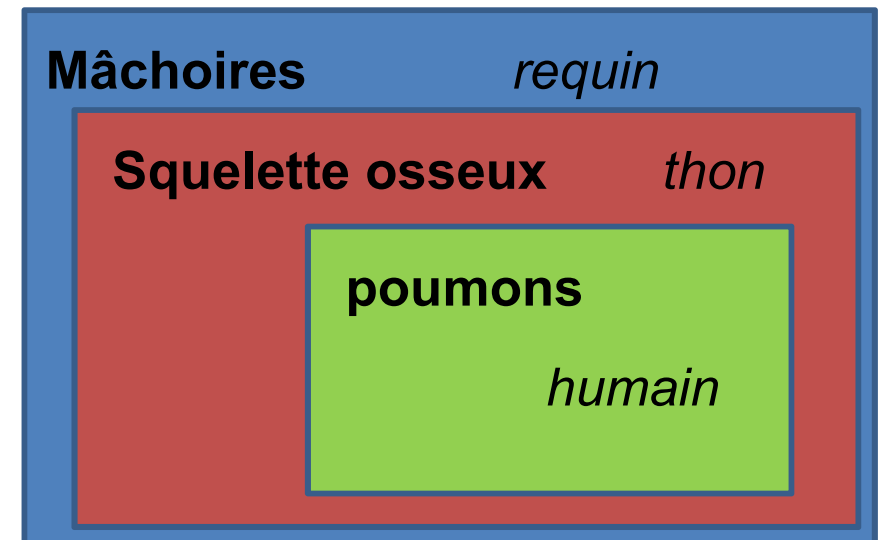
Mais quel caractère ?



Espèces	caractères		
	Mâchoires	Organe respiratoire	squelette
thon	présentes	branchie	osseux
requin	présentes	branchie	cartilagineux
humain	présentes	poumon	osseux



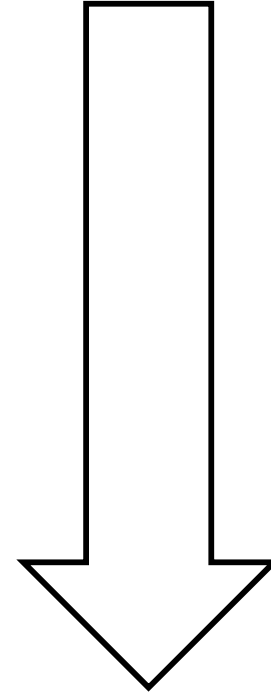
OU



Deux états d'un caractère

État ancestral

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



**Etat dérivé = innovation
évolutive**

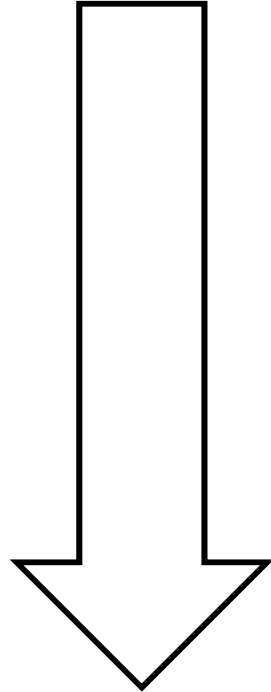
Deux états d'un caractère

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.

Deux états d'un caractère : problème

État ancestral



**Etat dérivé = innovation
évolutive**

branchie



poumon

ou

poumon



branchie

squelette
osseux



squelette
cartilagineux

ou

squelette
cartilagineux



squelette
osseux

Nécessité d'un extragroupe



Mâchoires



Vertébrés

ESPECE EXTRAGROUPE

= extérieure au groupe d'étude
(mais assez proche quand même)

L'extra groupe possède tous les caractères à l'état ancestral.

Il permet de **polariser** les caractères
(savoir quel est l'état ancestral et l'état dérivé)

1. Construction matrice espèces - caractères



Espèces	caractères		
	Mâchoires	Organe respiratoire	squelette
thon	présentes	branchie	osseux
requin	présentes	branchie	cartilagineux
humain	présentes	poumon	Osseux
Lamproie = extragroupe	absentes	branchie	cartilagineux

2. Polarisation des caractères grâce à l'extragroupe



Espèces	caractères		
	Mâchoires	Organe respiratoire	squelette
thon	présentes	branchie	osseux
requin	présentes	branchie	cartilagineux
humain	présentes	poumon	Osseux
Lamproie = extragroupe	absentes	branchie	cartilagineux

 **État ancestral**

2. Polarisation des caractères grâce à l'extragroupe



Espèces	caractères		
	Mâchoires	Organe respiratoire	squelette
thon	présentes	branchie	osseux
requin	présentes	branchie	cartilagineux
humain	présentes	poumon	Osseux
Lamproie = extragroupe	absentes	branchie	cartilagineux



État ancestral

2. Polarisation des caractères grâce à l'extragroupe



Espèces	caractères		
	Mâchoires	Organe respiratoire	squelette
thon	présentes	branchie	osseux
requin	présentes	branchie	cartilagineux
humain	présentes	poumon	Osseux
Lamproie = extragroupe	absentes	branchie	cartilagineux

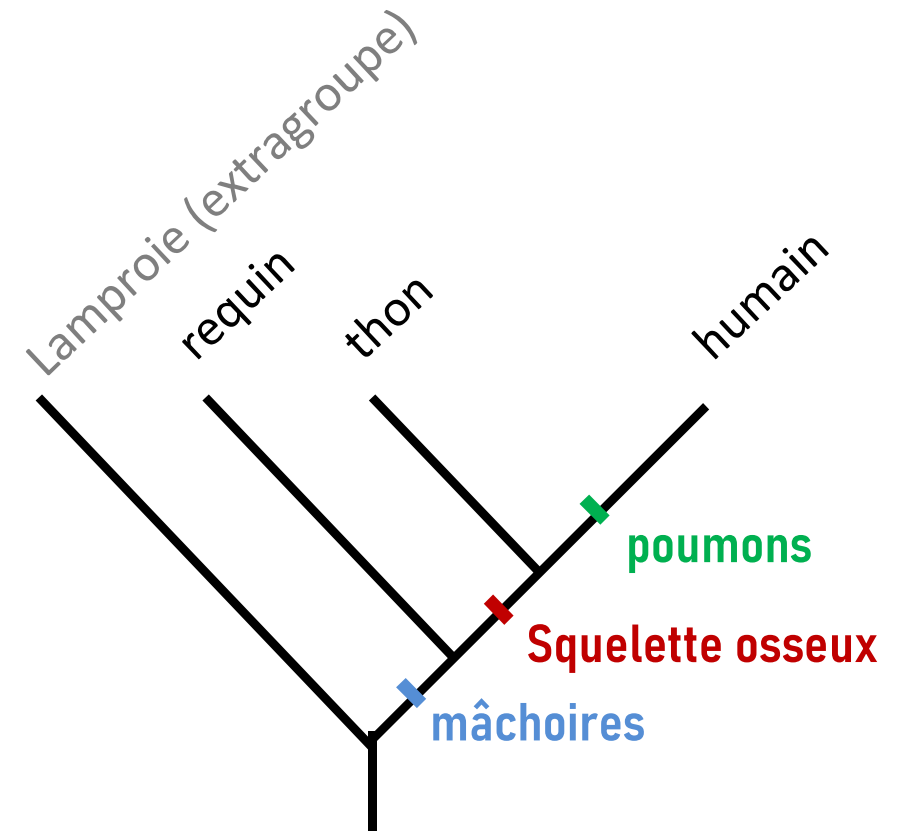
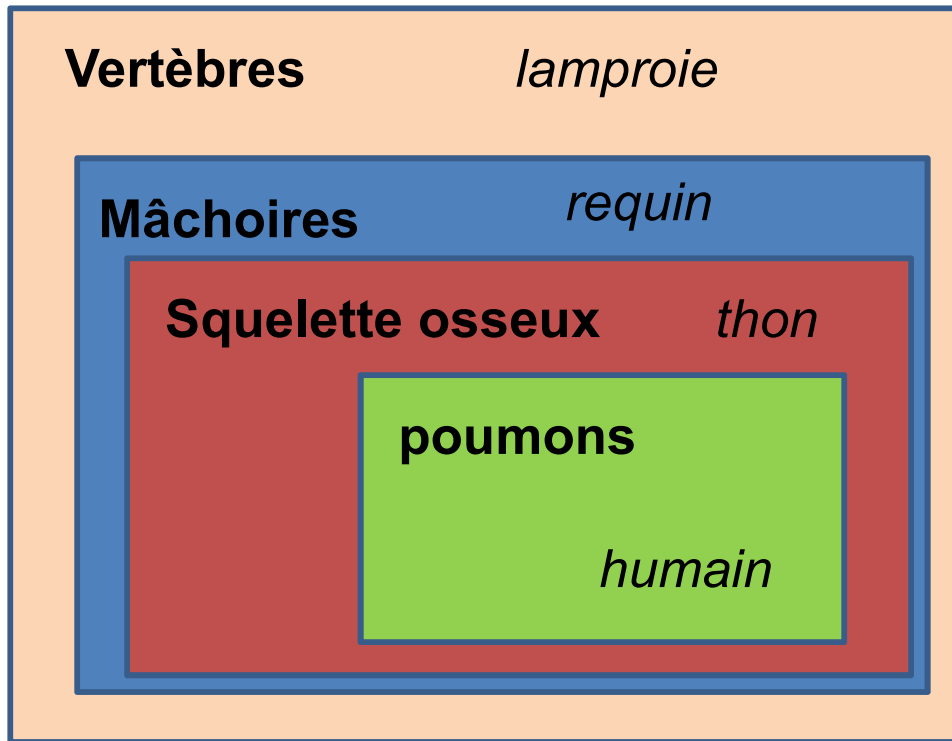


État ancestral



État dérivé

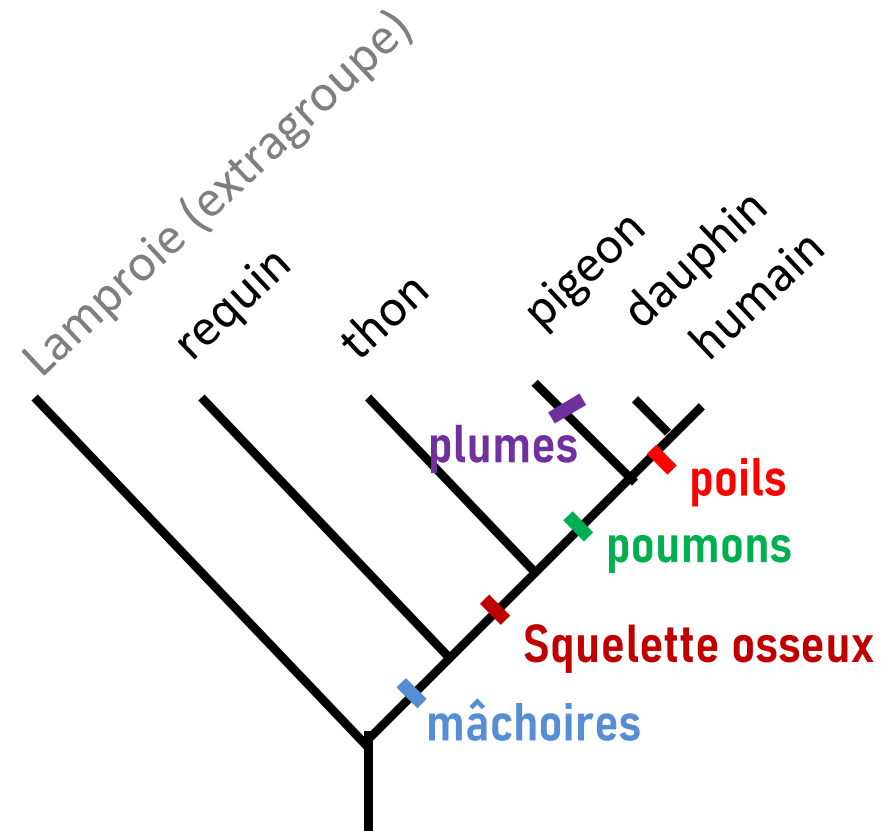
3. Construction de l'arbre de parenté



Reconstituer une histoire évolutive

- **Rajoutez sur votre arbre :**
 - + les espèces : dauphin et pigeon
 - + les innovations : placenta
plumes
- **Avec qui le thon est-elle la plus apparentée ?**

3. Construction de l'arbre de parenté



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 : ADN ou protéine

			40				45				50				55				60				65									
Requin	W	G	A	E	S	L	A	R	M	F	A	T	T	P	S	T	K	T	Y	F	S	K	F	T	.	.	.	.	D	F	S	
Homme	Y	G	A	E	A	L	E	R	M	F	L	S	F	P	T	T	K	T	Y	F	P	H	F	.	.	.	.	.	D	L	S	
Thon	I	G	A	D	A	L	G	R	M	L	A	V	Y	P	Q	T	K	T	Y	F	S	H	W	P	.	.	.	.	D	M	S	
Lamproie	S	G	V	D	I	L	V	K	F	F	T	S	T	P	A	A	Q	E	F	F	P	K	F	K	G	M	T	S	A	D	Q	L

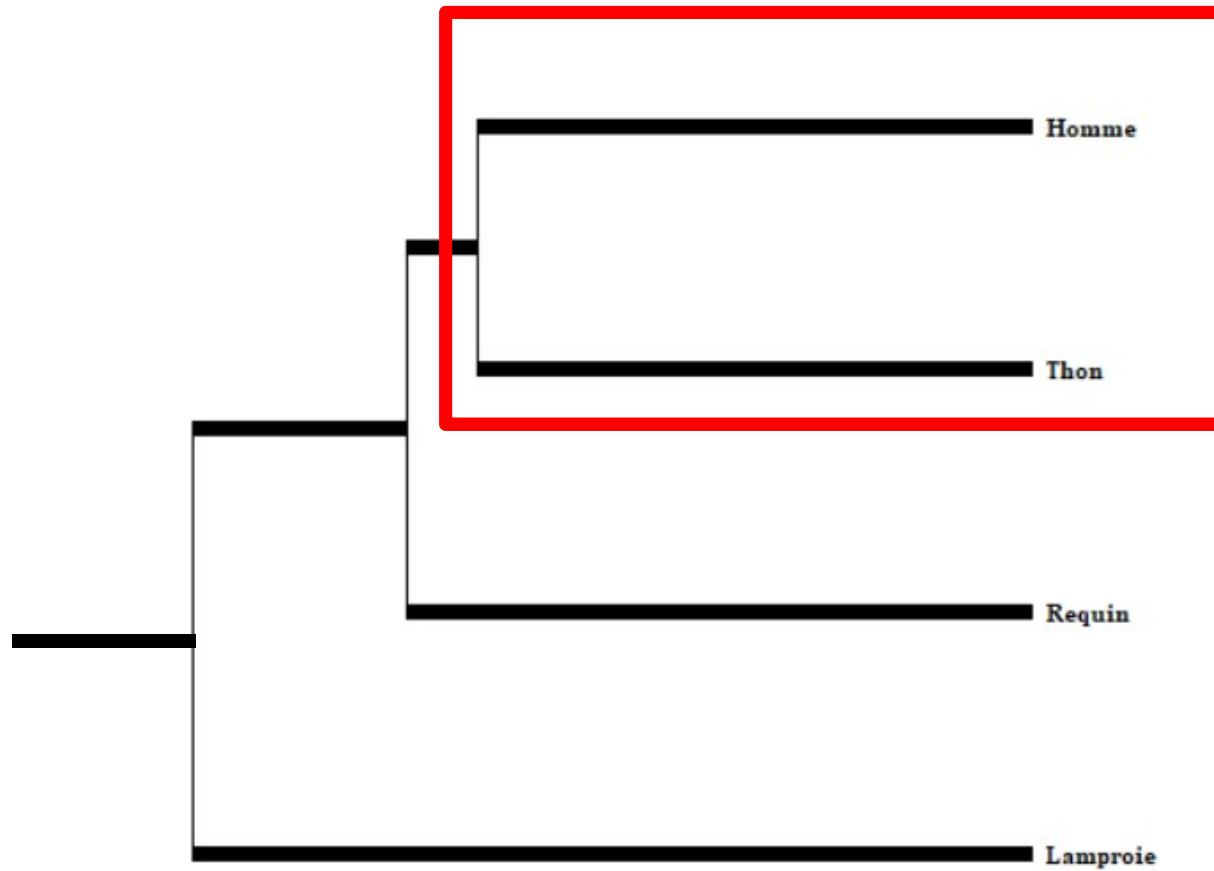
Séquence de la protéine de la chaîne alpha de l'hémoglobine

Utilisation de données moléculaires

	Requin	Homme	Thon	Lamproie
Requin	0	44.4	49.4	73.8
Homme		0	40.6	71.9
Thon			0	78.8
Lamproie				0

Pourcentage de **différences** entre les séquences protéiques 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



Tarsier



Gorille



Maki



Macaque



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

 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

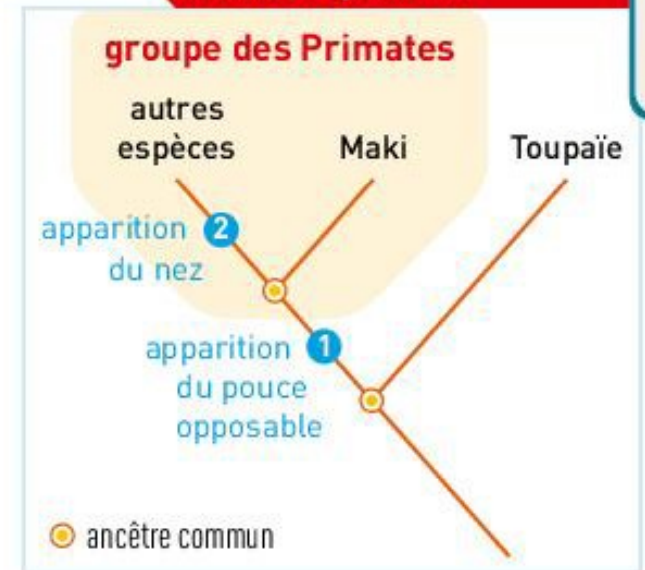
La construction d'un arbre phylogénétique permet de visualiser les liens de parenté entre différentes espèces.

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.

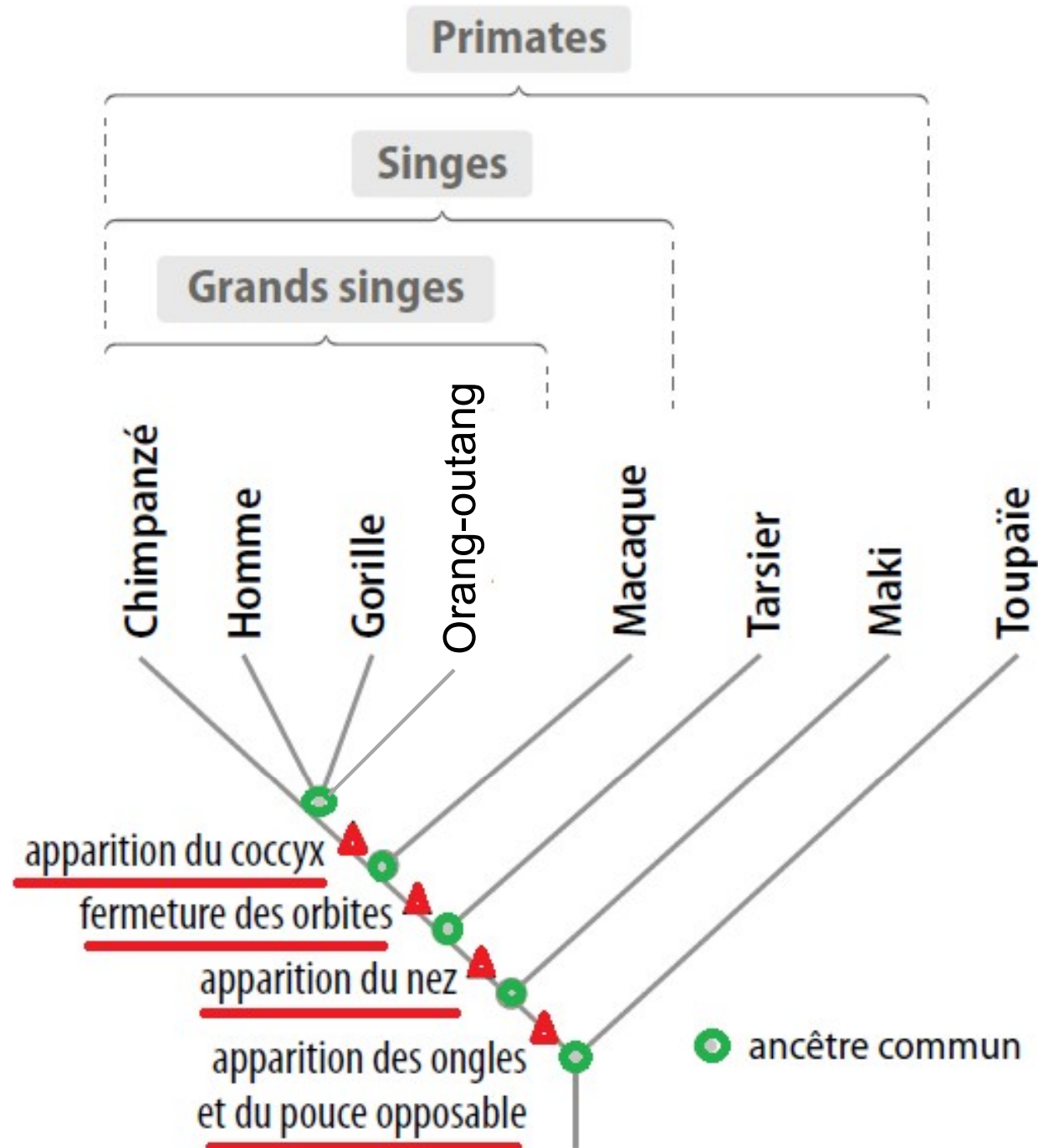
➤ ANIMATION BONUS

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	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 *Phuloaène*).

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

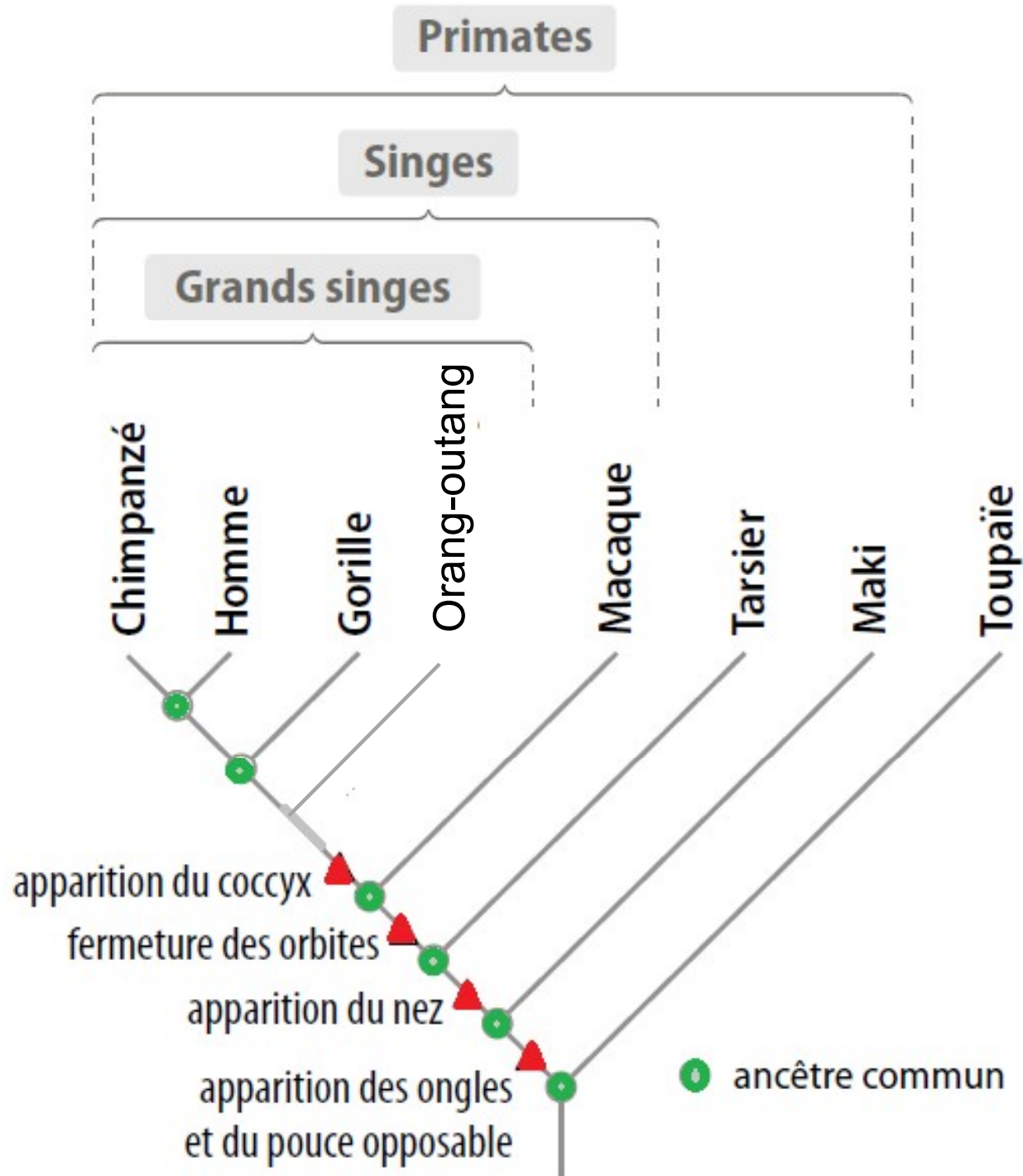
Homme- Gorille – Chimpanzé sont plus apparentés entre eux qu'avec l'orang-outang

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates

	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

➤ **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. ➤

Activité : positionner l'homme dans le groupe des primates



La comparaison de caractères morphologiques, anatomiques et de séquences de molécules montre que l'Homme appartient au groupe des grands singes (Orang-outang, Gorilles, Chimpanzé, Homme). Les données moléculaires permettent de préciser les relations de parenté au sein du groupe des grands singes. L'Homme est plus étroitement apparenté au Chimpanzé qu'il ne l'est aux autres grands primates. Il partage avec le Chimpanzé un ancêtre commun récent (6 à 7 Ma).

Entraînement : QCM, indiquez la ou les bonnes réponses

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

- 7 Ma

ancêtre
commun



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

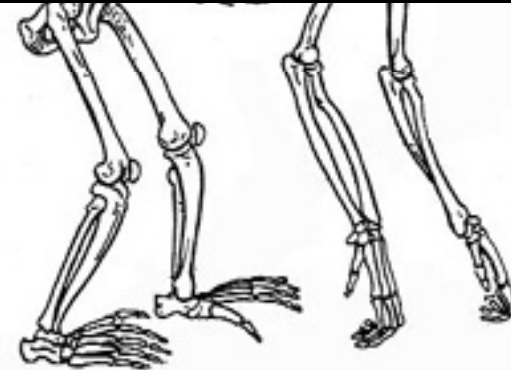
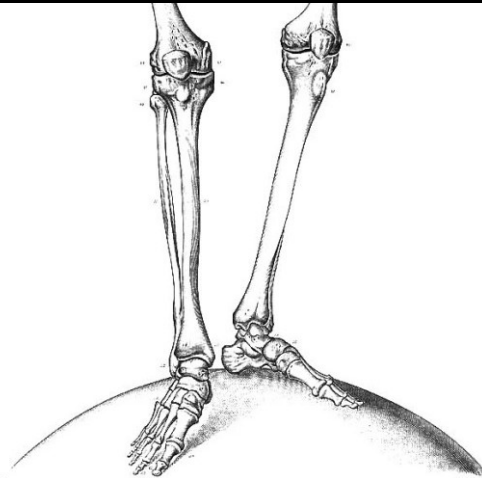
B. Le genre des Australopithèques et le genre Homo

Le rameau humain :



Caractères dérivés propres aux humains

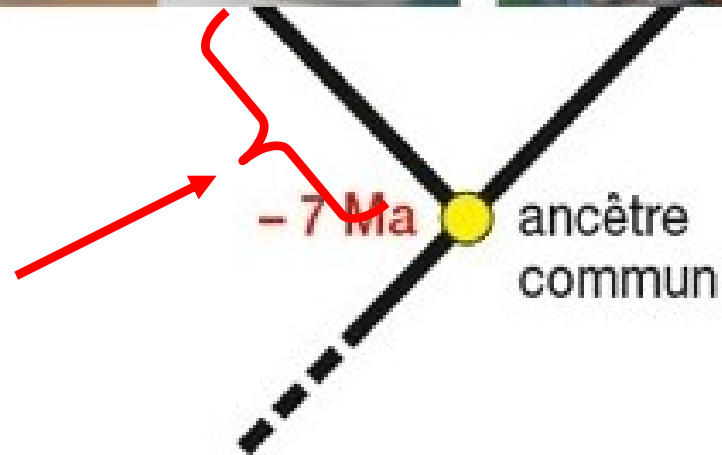
Les caractères dérivés possédés par l'Homme mais pas par le chimpanzé sont forcément apparus sur le « **rameau Humain** » après le dernier ancêtre commun à l'Homme et au Chimpanzé



Le rameau humain :



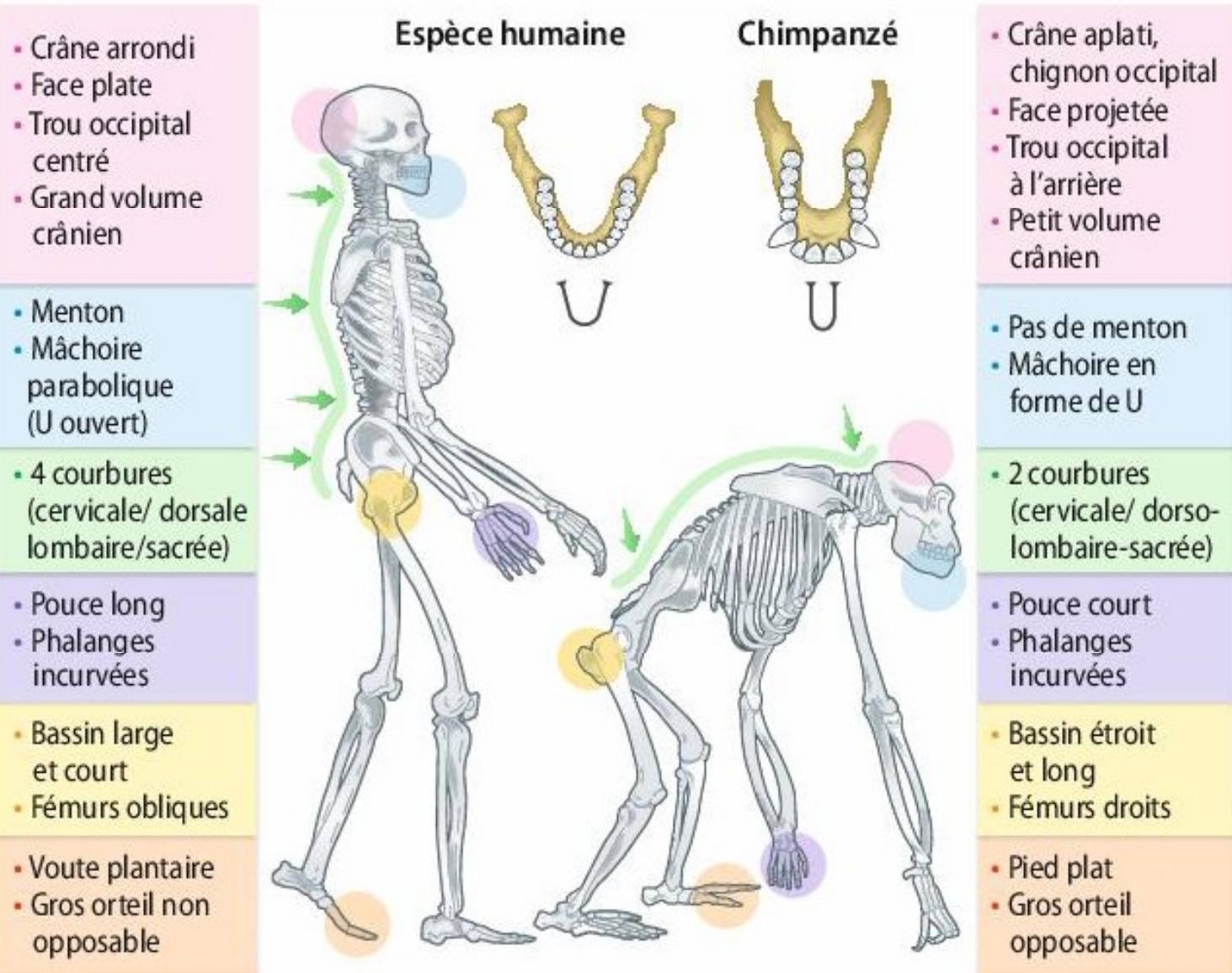
**Fossile présentant au moins
un des caractères dérivés
propres aux humains**



Le rameau humain :

1

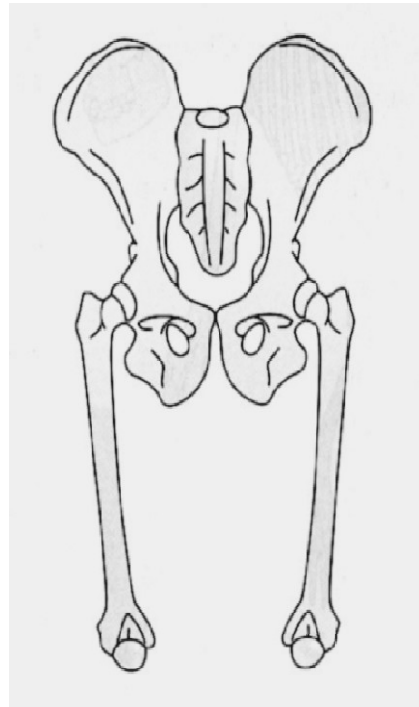
Comparaison des squelettes de l'Humain bipède permanent et du Chimpanzé quadrupède



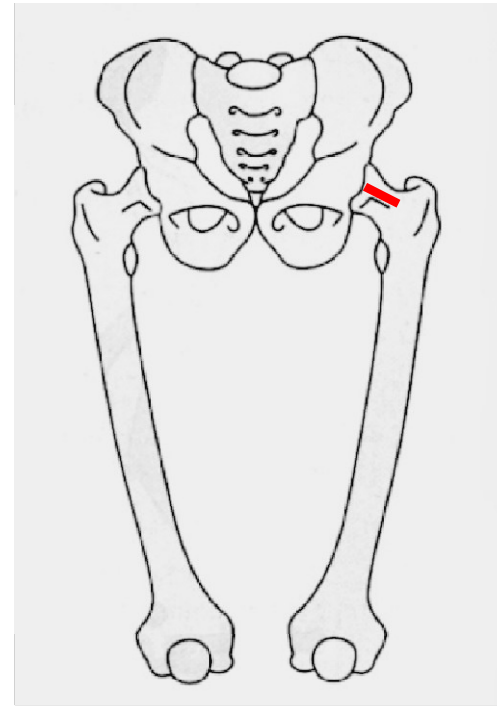
La séparation entre la lignée du Chimpanzé et la lignée humaine est estimée à environ 7 millions d'années.

Bassin et fémur

chimpanzé

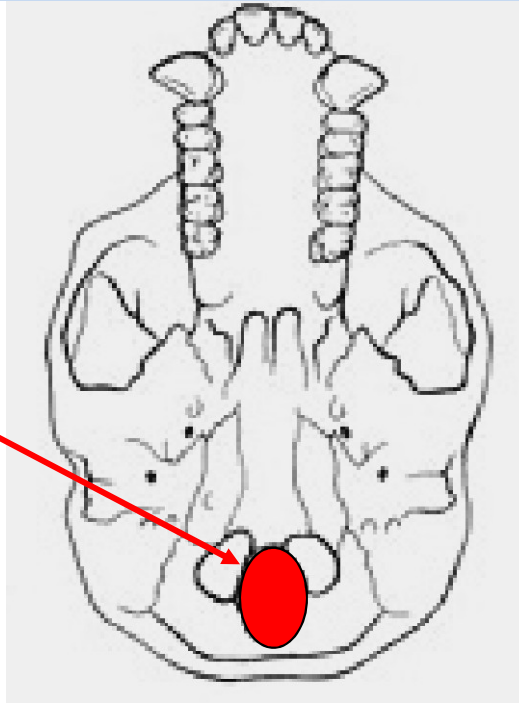


homme

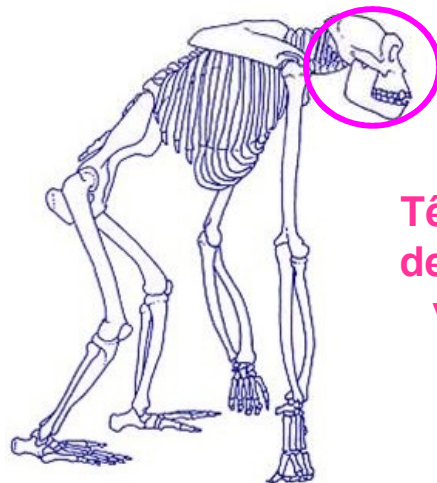


Position du trou occipital

Trou occipital en position reculée

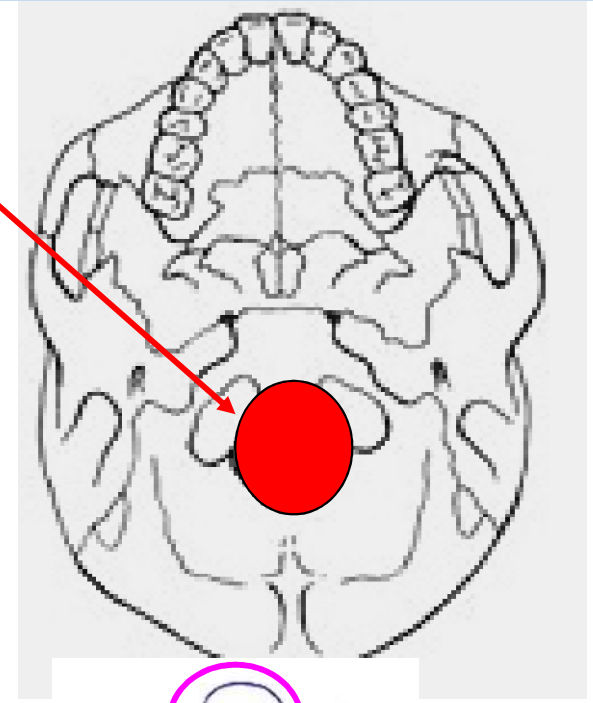


chimpanzé



Tête en avant de la colonne vertébrale

Trou occipital en position avancée

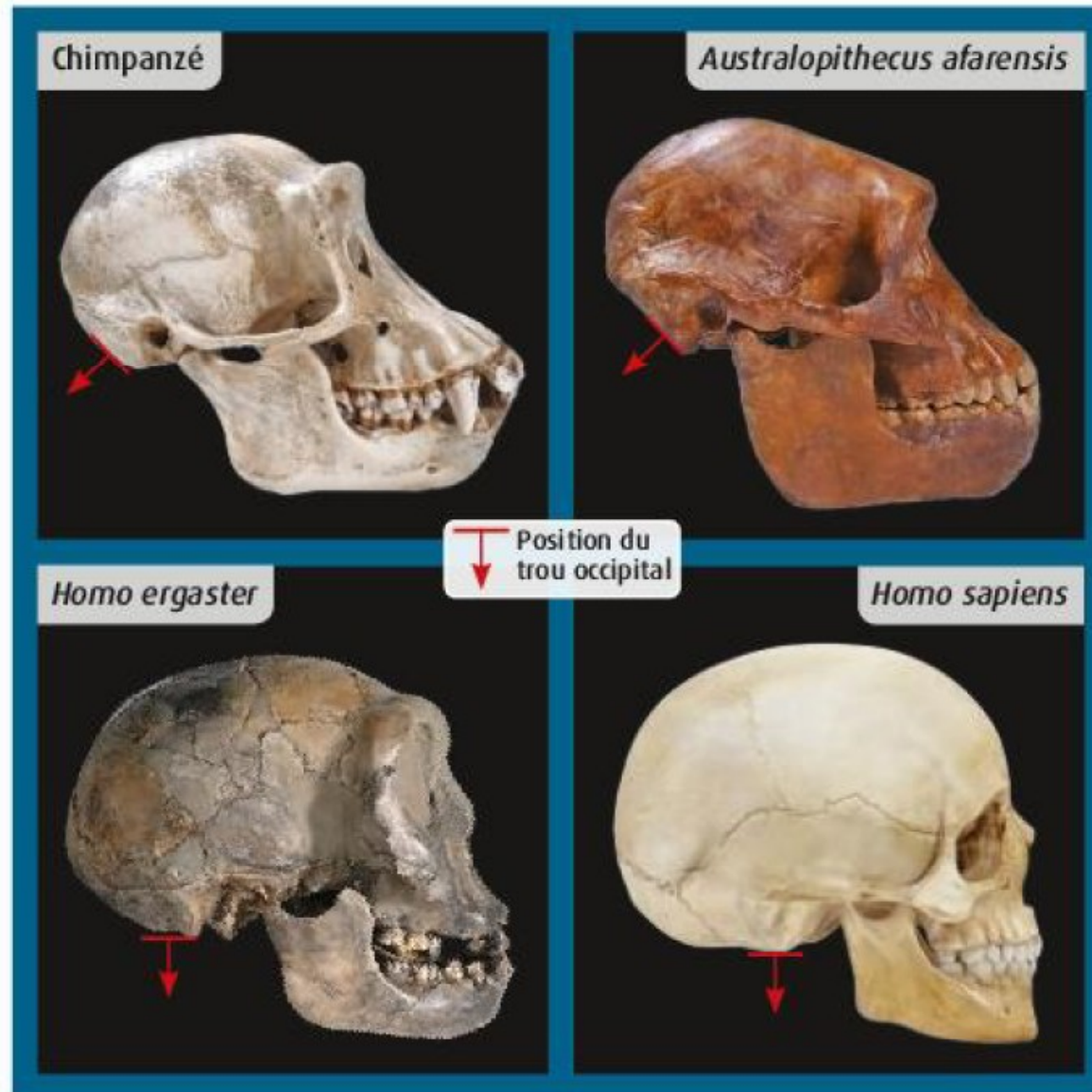


homme



Tête au sommet de la colonne vertébrale

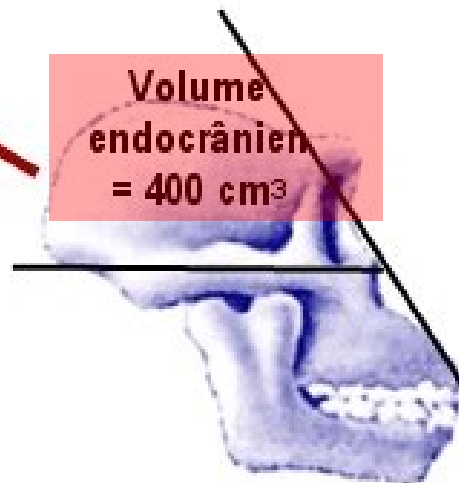
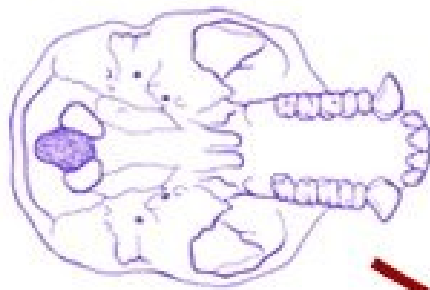
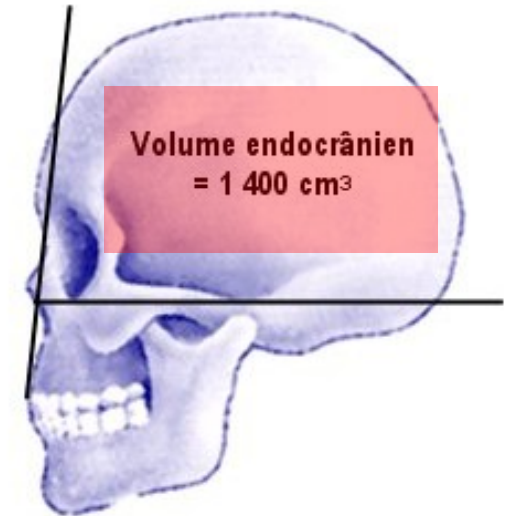
Position du trou occipital



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

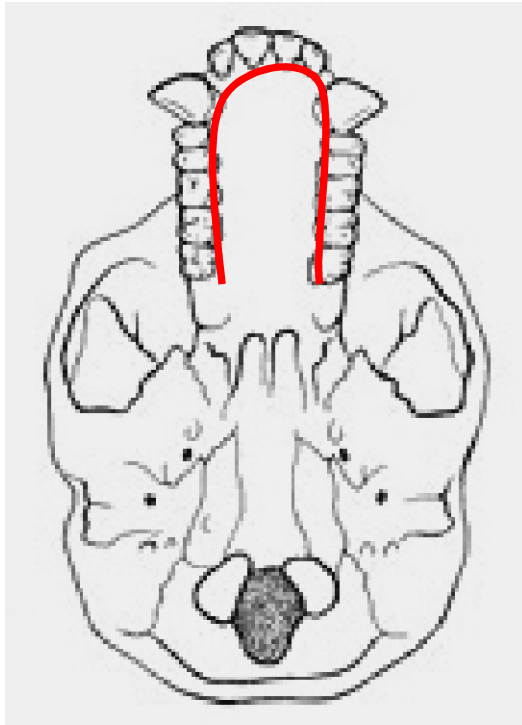
homme



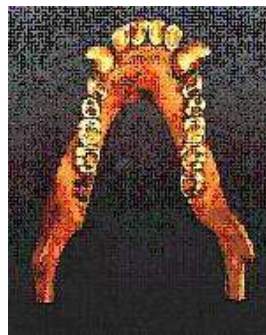
chimpanzé

Forme de la mandibule

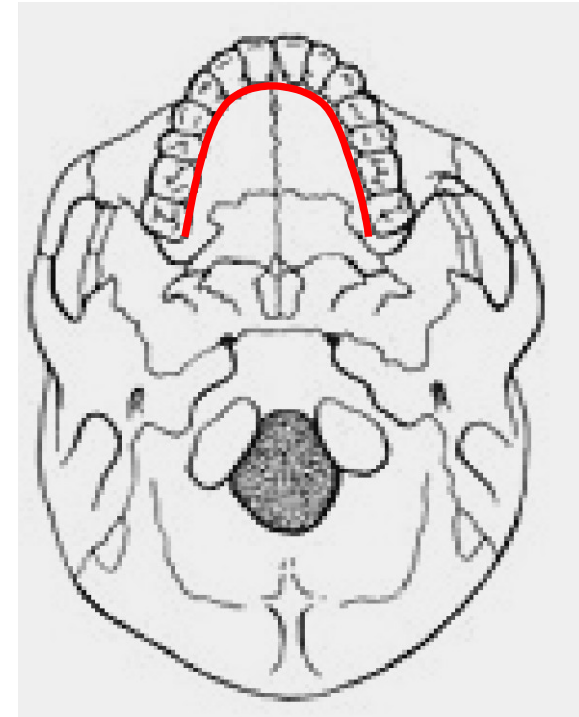
Arcade dentaire en U



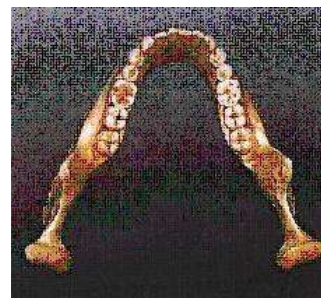
chimpanzé



**Arcade dentaire
parabolique (en V)**



homme



Forme de la mandibule

Australopithecus afarensis

Angle facial : 56° à 75°
Volume crânien : 385 à 500 cm^3
Mandibule en U



Homo floresiensis

Angle facial : 71° à 89°
Volume crânien : 1 250 à 1750 cm^3
Mandibule parabolique



Homo sapiens

Angle facial : 82° à 88°
Volume crânien : 1350 cm^3 en moyenne
Mandibule parabolique

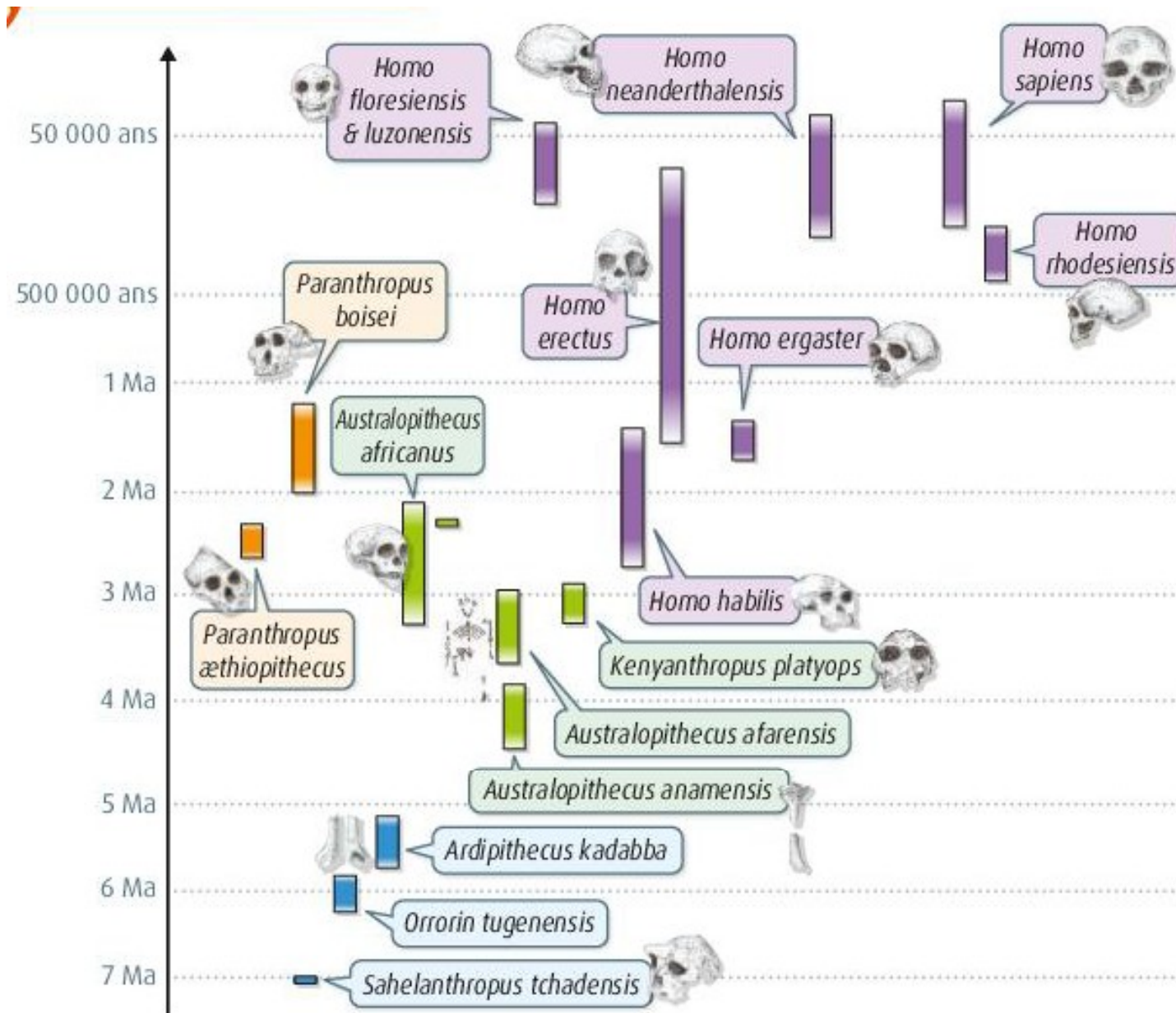


Homo floresiensis



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

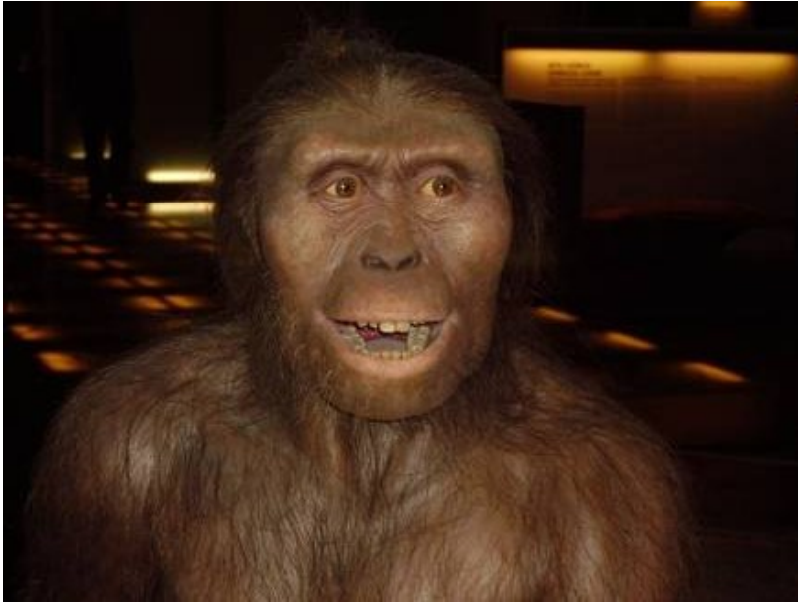
II. La lignée humaine (ou rameau humain)

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

B. Le genre des Australopithèques et le genre Homo

Les Australopithèques

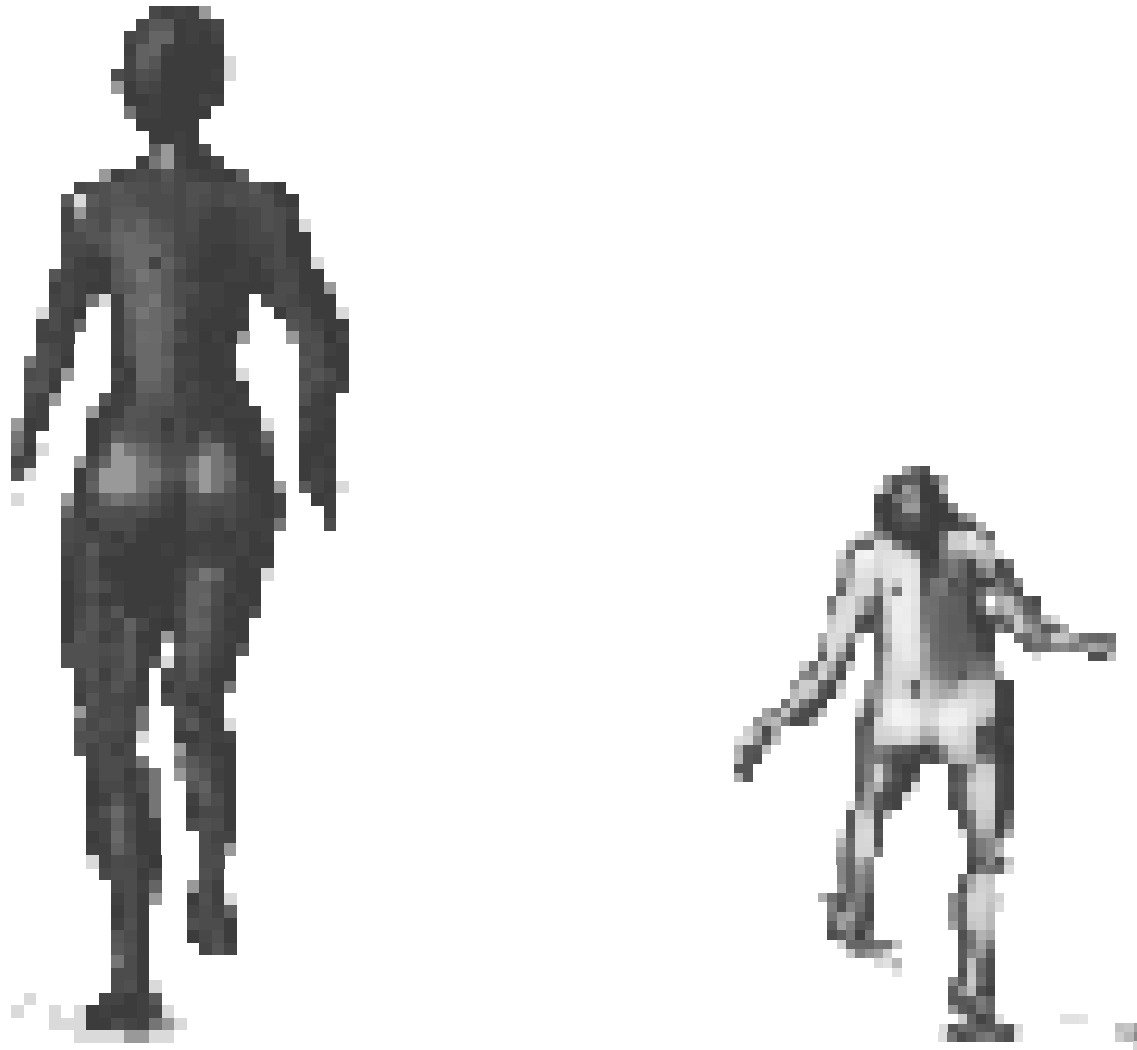
4,5 MA → 1 MA



A. Afarensis (Lucy)



Les Australopithèques



Bipédie permanente mais imparfaite

Homme de Neandertal

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

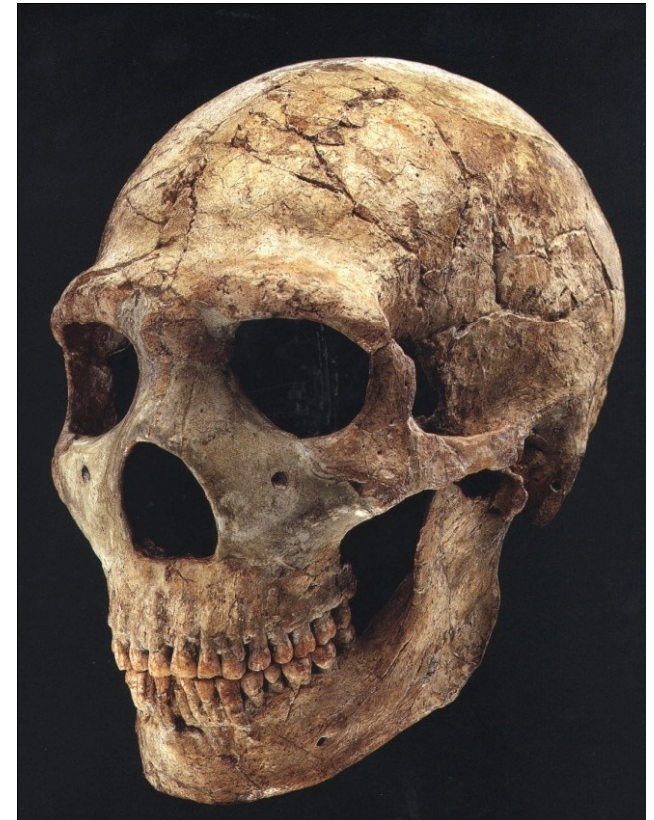
Corps trapu (membres courts), robuste 1,70 m pour 70 à 90 Kg, très musclé.

Capacité crânienne environ **15% plus grande** que celle de l'*Homo sapiens* : **1500 à 1750 cm³**.

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

Outillage varié

Pratique des rites funéraires



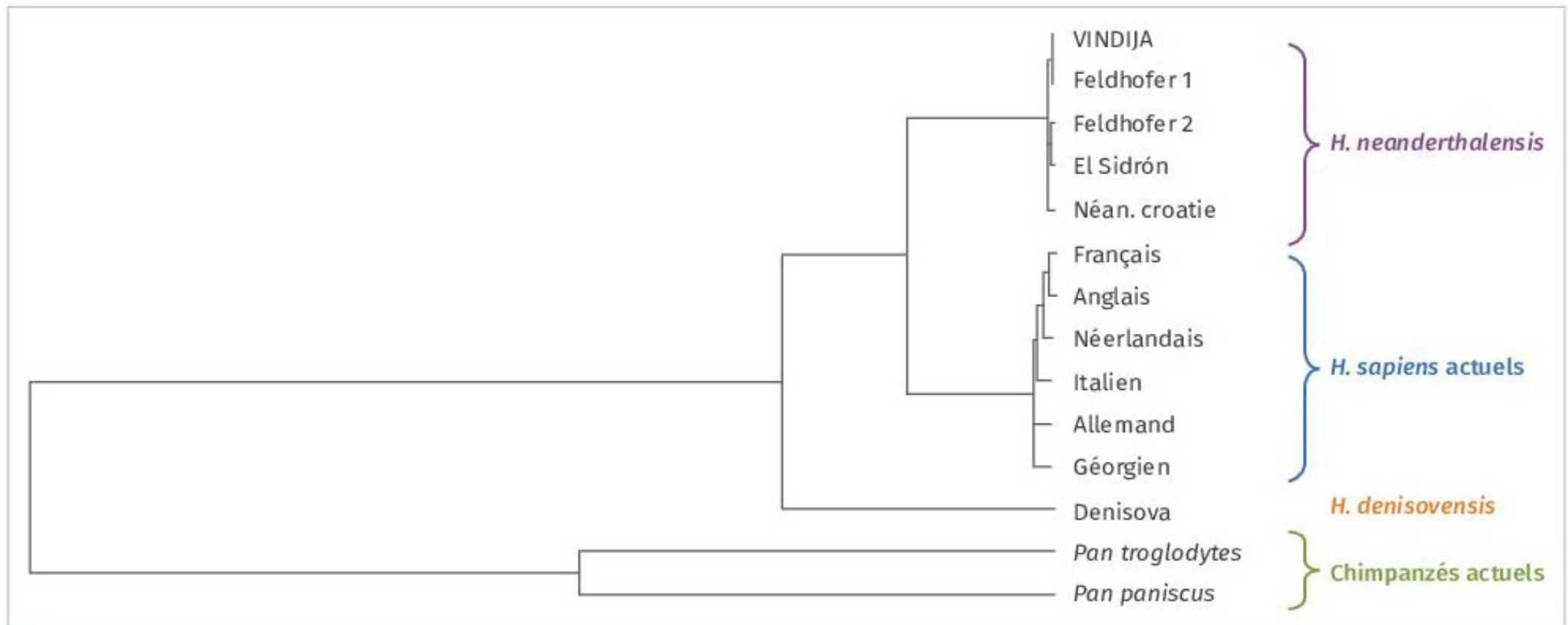
Les Denisoviens



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

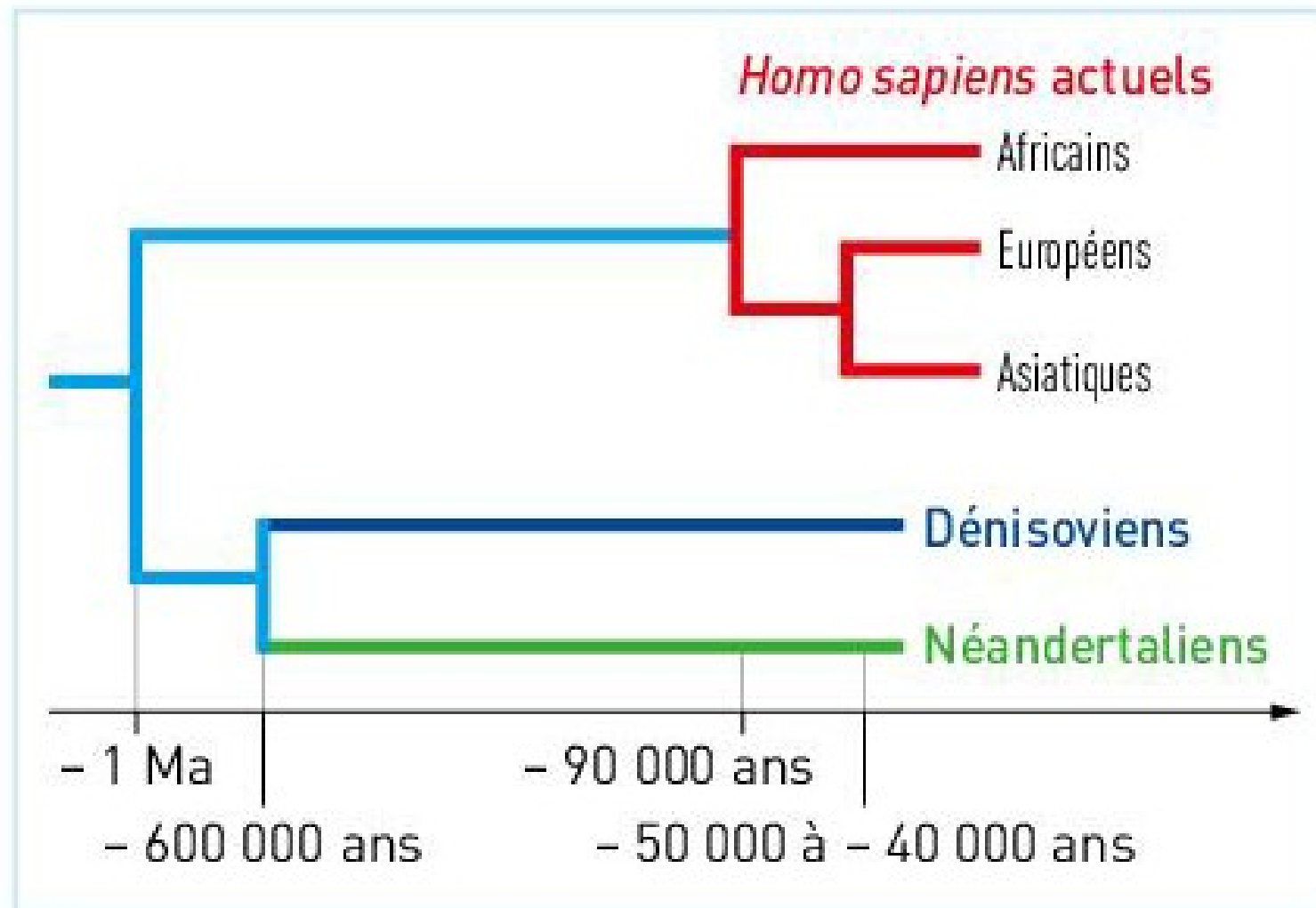


Relations de parenté avec néanderthaliens et dénisoviens



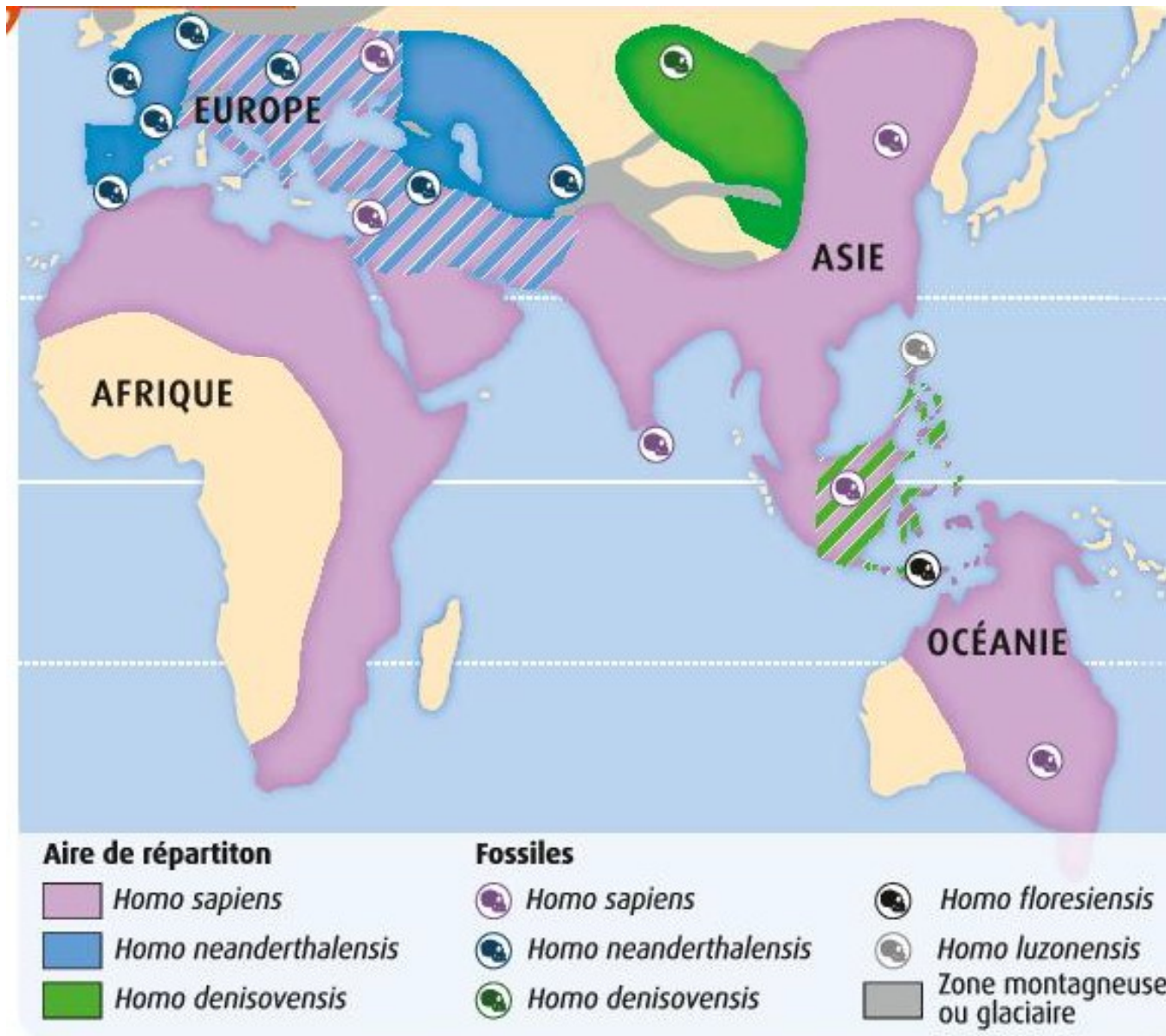
Arbre des distances génétiques entre des individus humains actuels ou fossiles et les deux espèces de chimpanzés actuels (d'après le logiciel Phylogène). La longueur de chaque branche indique la distance génétique, établie à partir de l'étude comparative des séquences d'ADN mitochondrial des individus.

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. denisovens*, *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

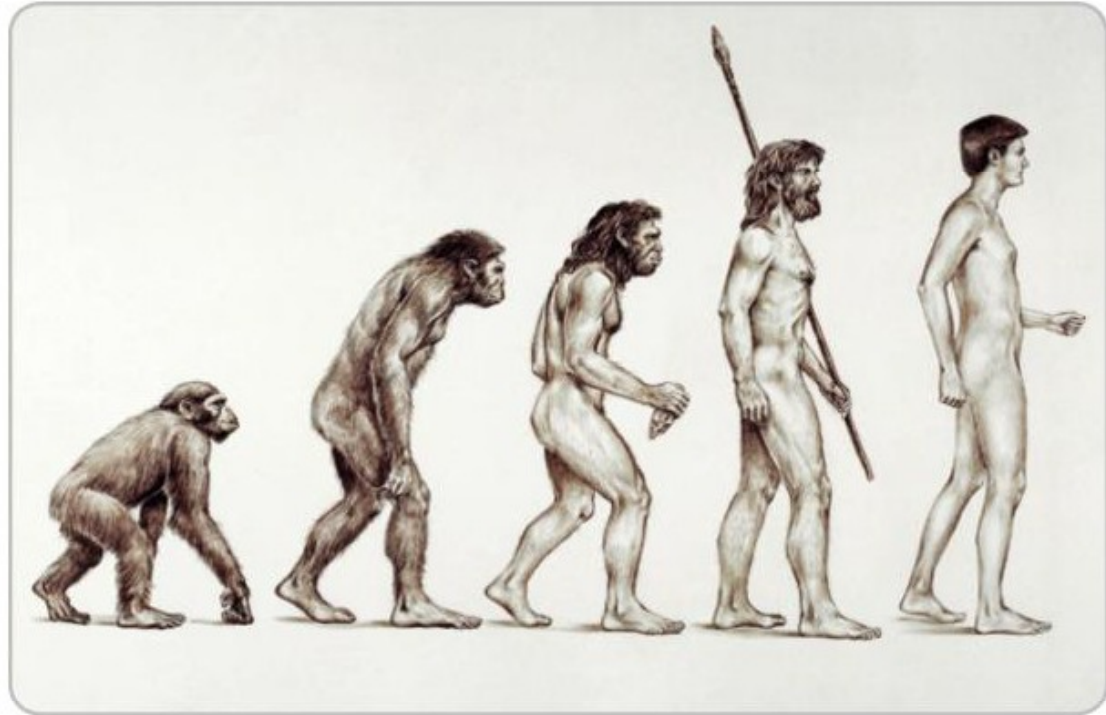
Les migrations des différentes populations humaines au cours du temps ont été établies grâce à la localisation et la datation des ossements, productions et outils découverts. Par ailleurs, par détermination de la séquence en nucléotides de génomes entiers préservés dans certains ossements, les généticiens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

Pour conclure....

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

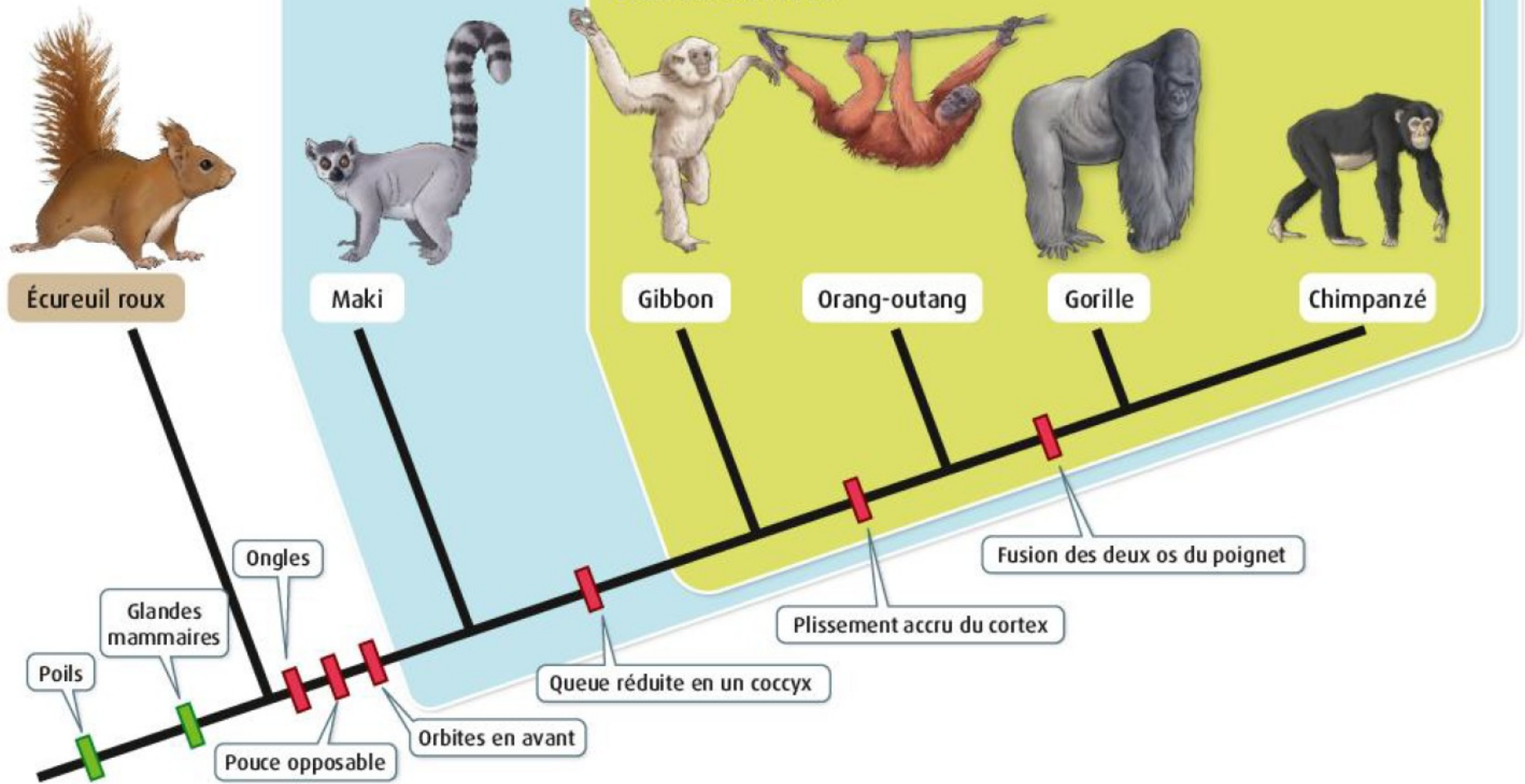
Dans la presse, Internet, ou à la télévision on trouve souvent cette représentation de l'évolution de l'être humain.

- 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>



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