Chapitre 3: L'évolution humaine

L'Homme, *Homo sapiens*, peut être regardé, sur le plan évolutif, comme toutes les autres espèces. Il est le résultat de l'évolution et est en perpétuelle évolution.

Son histoire évolutive fait partie de celle des primates.

I. L'homme, un primate

A. Le groupe des primates

Le groupe des primates se caractérise par le partage de caractères qu'aucun autre mammifère ne possède,

notamment :

- le **pouce opposable** aux autres doigts qui rend la main préhensile
- des ongles plats (qui remplacent les griffes)...

L'homme, Homo sapiens, est un primate, au même titre que le gorille, le chimpanzé, le macaque...

On cherche à positionner l'homme dans ce groupe des primates. Pour ceci on doit apprendre à construire un arbre phylogénétique (arbre de parenté).

B. Construire un arbre phylogénétique

> 1. en utilisant des caractères anatomiques

Au cours de l'évolution, les caractères se transforment. Pour un caractère, on peut définir un **état ancestral** (ou primitif) et un **état dérivé** (qui résulte d'une **innovation**). L'état dérivé peut correspondre à l'apparition d'un caractère nouveau (placenta, amnios, ...) ou à la transformation d'un caractère préexistant (écaille ou plume pour le caractère phanère).

On considère que si 2 espèces possèdent la même **innovation évolutive** (c'est-à-dire le même état dérivé d'un caractère) c'est qu'elles l'ont hérité d'un ancêtre commun qui possédait déjà cette innovation.

Donc, si on construit une matrice de comparaison de caractères morpho-anatomiques, on peut établir des relations de parenté entre les différentes espèces : deux espèces seront d'autant plus étroitement apparentées qu'elles partageront de caractères à l'état dérivé (= d'innovations).

Exemple:

	caractères					
Taxons	vertèbres	amnios	placenta			
Chien	1	1	1			
Mésange	1	1	0			
Sardine	1	0 0				
Ver de terre (extragroupe)	0	0	0			

0 : état ancestral

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

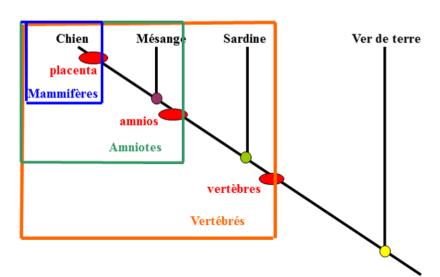
Matrice taxons-caractères

Les caractères dérivés les plus partagés sont apparus « plus tôt » au cours de l'évolution (dans l'exemple ci-dessus, les vertèbres) alors que les caractères dérivés les moins partagés sont apparus « plus tard » au cours de l'évolution (dans cet exemple, le placenta).

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).

- 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 de parenté déduit des données de la matrice précédente

Remarques:

- toutes les espèces actuelles ou fossiles sont situées à l'extrémité des branches de l'arbre
- les ancêtres communs se trouvent à l'intersection des branches, ce ne sont pas des fossiles, ce sont des ancêtres hypothétiques, on peut déduire leurs caractéristiques (car un ancêtre possédait toutes les innovations apparues avant) mais on ne les connait pas.
- toutes les espèces qui descendent d'un même ancêtre commun possèdent tous les caractères dérivés que possédait cet ancêtre

En étudiant cet arbre, on peut dire :

- l'ancêtre commun au chien et à la mésange possédait des vertèbres et un amnios
- la mésange est plus étroitement apparentée au chien qu'à la sardine car elle partage avec le chien plus de caractères à l'état dérivé.

> 2. en utilisant des 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 possèdent donc un ancêtre commun. Plus les similitudes sont importantes, plus l'ancêtre commun est récent et plus les espèces sont apparentées.

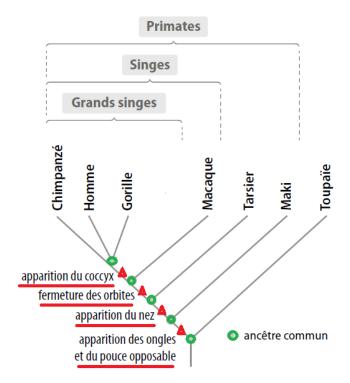
C. <u>La place de l'homme parmi les primates</u>

Activité p 232,233 du livre

1.

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

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

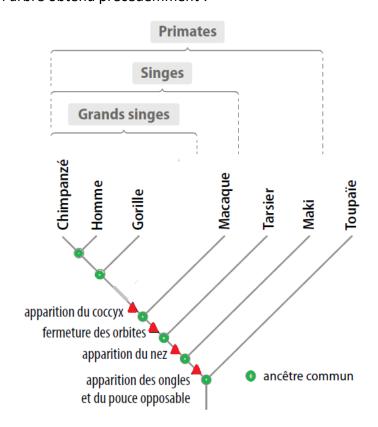


Arbre de parenté correspondant :

2. Ici, la seule étude des caractères morphologiques et anatomiques ne permet pas de préciser les parentés au sein du groupe des « Grands singes » (Homme, chimpanzé, gorille et orang-outan). En effet, on voit que ces 4 espèces partagent toutes un même ancêtre commun, on ne peut donc pas dire si l'Homme est plus apparenté à l'une des 3 autres espèces.

3. On observe que le l'Homme et le chimpanzé présentent le % de différence le plus faible pour le gène de la microcéphaline (1,03 %) dont on nous dit qu'il est représentatif d'une comparaison à l'échelle du génome. Le chimpanzé est donc l'espèce la plus proche de l'Homme.

On peut donc préciser l'arbre obtenu précédemment :



La comparaison de caractères morphologiques, anatomiques et de séquences de molécules montre que l'Homme appartient au groupe des grands primates (Gibbon, Orang-outang, Gorilles, Chimpanzé, Homme). Les données moléculaires permettent de préciser les relations de parenté au sein du groupe des grands primates. 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).



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

- 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 :

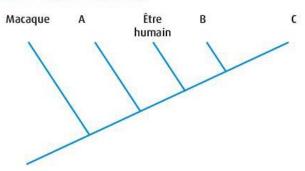
	Bonobo	Chimpanzé commun	Homme	Gorille	Macaque
Bonobo	0	0,881	2,64	3,08	11,9
Chimpanzé commun		0	2,64	3,08	11,9
Homme			0	3,08	11,9
Gorille				0	12,3
Macaque					0

DOC1 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.

II. La lignée humaine (ou rameau humain)

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

(voir squelette humain)

L'analyse de fossiles (paléoanthroplogie) permet de reconstituer l'histoire de la lignée humaine. Un fossile sera considéré comme appartenant à la lignée humaine s'il possède au moins un caractère dérivé que possède l'homme mais pas le chimpanzé : on en déduira que ce fossile est plus proche de nous que ne l'est le chimpanzé.

Ces caractères sont :

- Tous les caractères en lien avec la **bipédie** : un bassin large et évasé, des fémurs longs et inclinés, un trou occipital avancé (insertion de la colonne vertébrale dans le crâne)....
- Tous les caractères en lien avec **l'augmentation du volume crânien**, le redressement de la face, la modification de la **mandibule qui devient parabolique**...

Mais l'attribution d'un fossile au rameau humain est complexe et souvent sujette à débat. Les derniers ancêtres communs à l'homme et au chimpanzé sont datés de 7Ma. Tous les fossiles appartenant au rameau humain et datés de plus de 3 Ma ont été retrouvés en Afrique, ce qui confirme l'émergence africaine du rameau humain.

B. Le genre Homo

Les nombreuses espèces du rameau humain ont été regroupées en genres ; par exemple :

- Le genre des **australopithèques** qui regroupe de nombreuses espèces (toutes Africaines) qui ont vécu entre -4,5 MA et -1 MA. Ce genre est caractérisé par une bipédie imparfaite et une capacité crânienne réduite (400 cm³).
- Le genre Homo, caractérisé par une bipédie plus élaborée et une capacité crânienne plus importante (> 600 cm³). Les premiers représentants fossiles du genre Homo sont datés de 2,5Ma. Nous (Homo Sapiens) en sont les seuls représentants actuels. Cependant ce genre a été plus diversifié dans le passé et notre espèce a cohabité avec d'autres espèces de ce même genre, aujourd'hui disparues comme l'homme de Neandertal (Homo Neanderthalensis) ou les Dénisoviens (Homo Denisovensis). Notre génome porte encore les traces de gènes issus de ces deux espèces, ce qui laisse penser que des hybridations ont eu lieu.

C. Homo sapiens

Aujourd'hui, il n'existe plus qu'une seule espèce du genre *Homo* et même de la lignée humaine : la nôtre. Malgré la diversité des êtres humains, tous appartiennent à la même espèce (nous sommes tous extrêmement proches génétiquement). Les différences qui existent entre les populations humaines proviennent de différences génétiques, minimes, mais aussi de différences culturelles. Nos habitudes alimentaires (et donc notre microbiote, qui en dépend !), nos langues, nos outils sont des traits culturels qui se transmettent de génération en génération par apprentissage (donc par voie non génétique). La diversité culturelle des populations de l'*Homo Sapiens* est immense !

<u>Rappel de seconde</u>: Le **microbiote** est constitué des milliards de micro-organismes que nous hébergeons sur la peau, dans notre tube digestif, dans nos poumons, dans notre appareil génital. Le microbiote est **transmis de la mère à l'enfant**, surtout au moment de l'accouchement, puis évolue ensuite tout au long de la vie d'un individu sous l'influence de plusieurs facteurs notamment l'**alimentation.**