Sommaire

Travail en commun. Établissement de parentés..... 2

Travail 1. Les caractéristiques des représentants de la lignée humaine et l'histoire évolutive de la lignée humaine. Documents 4 à 17. 3

Bilan classe : histoire évolutive de la lignée humaine. 9

Travail 2. La transmission non génétique de caractères. Documents 20 à 28. 11

Travail en commun. Établissement de parentés.

Document 1. Deux exemples de matrices de caractères anatomiques obtenues chez les primates.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

Selon les caractères étudiés, on obtient les deux matrices suivantes.

Matrice de caractères n°1

Caractère / Espèce	Ongles	Narines rapprochées	Queue réduite à un coccyx	Omoplate dorsale et allongée
Maki				
Macaque				
Gibbon				
Humain				
Orang-outan				
Gorille				
Chimpanzé				

Matrice de caractères n°2

Caractère / Espèce	Ongles	Présence d'un sinus frontal	Queue réduite à un coccyx	Omoplate dorsale et allongée
Maki				
Macaque				
Gibbon				
Humain				
Orang-outan				
Gorille				
Chimpanzé				

Absence de l'innovation évolutive (= présence du caractère à l'état ancestral)
Présence de l'innovation évolutive (= caractère à l'état dérivé)

Document 2. Comparaison de la séquence d'un gène chez quelques grands singes.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

On étudie ici le pourcentage d'identité entre les gènes PAV (impliqués dans la détection des substances amères).

	Homme	Chimpanzé	Gorille	Gibbon	Orang-outan
Homme	100,0 %	89,03 %	86,50 %	75,95 %	75,53 %
Chimpanzé		100,0 %	87,76 %	75,11 %	76,37 %
Gorille			100,0 %	75,11 %	74,68 %
Gibbon				100,0 %	76,37 %
Orang-Outan					100,0 %

Une étude récente du génome complet humain (trois milliards de paires de nucléotides) a permis de mettre en évidence une proximité génétique avec les grands singes.

Document 3. A la recherche des liens complexes de parenté.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

Plusieurs fossiles datés d'une période charnière qui s'étendait entre -10 Ma et -7 Ma présentent des caractères que l'on attribue à l'ancêtre commun théorique au chimpanzé et à l'espèce humaine : *Sahelanthropus tchadensis*, surnommé « Toumaï » (-7 Ma) et *Orrorin tugenensis* (-6 Ma). Ils seraient donc les plus anciens représentants de la lignée humaine. Cependant, les fossiles sont très souvent incomplets et peuvent faire l'objet de controverses : le fémur de Toumaï, découvert en 2002 par Michel Brunet (paléoanthropologue français né en 1940) n'a jamais fait l'objet d'une publication scientifique. Pourtant, l'analyse de cet os permettrait peut-être de savoir si Toumaï était bipède ou non. Certains scientifiques laissent penser que des particularités de ce fémur pourraient remettre en cause la bipédie de Toumaï.

Fémur supposé de *S. tchadensis* en vues antérieure (a), postérieure (b), médiane (c) et latérale (d).

Les barres situées à côté des vues du fémur sont des règles mesurant 20 cm.



Piste d'exploitation.

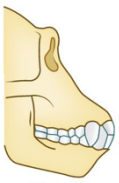
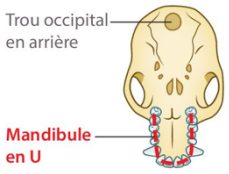
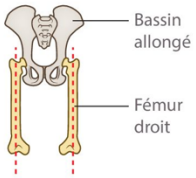
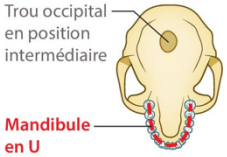
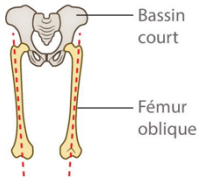
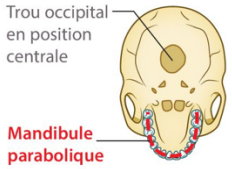
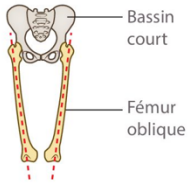
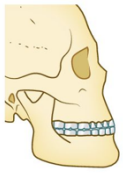
- **Exploiter** les notions de rappel de cours pour établir des arbres de parenté avec les données fournies. **Conclure** sur la parenté de l'humain avec les autres primates.
- **Indiquer** les compléments apportés par le document 3.

Travail 1. Les caractéristiques des représentants de la lignée humaine et l'histoire évolutive de la lignée humaine. Documents 4 à 17.

Document 4. Les caractères de la lignée humaine.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020 modifié 2022

L'étude de caractères anatomiques chez les espèces de grands singes[1] proposées dans ce tableau permet d'établir leur lien de parenté. Un bassin court et large, des fémurs obliques, permettant l'insertion de muscles fessiers puissants, et la position avancée du trou occipital entraînant l'équilibre de la tête au sommet de la colonne vertébrale favorisent la station debout. Ainsi, la bipédie[2] devient le mode de locomotion permanent, exclusif.

	Prognathisme (avancée de la face)	**Crâne et mandibule***	**Bassin et fémur**
Pan troglodytes (chimpanzé)	 Marqué		
Australopithecus afarensis	 Marqué		
Homo erectus	Réduit		
Homo neanderthalensis *Homo sapiens*	 Absent		

[1] *Grands singes :* groupe de primates dans lequel on retrouve les représentants actuels et fossiles de la lignée humaine, le chimpanzé, le bonobo, le gorille, l'orang-outan, le siamang, le gibbon…

[2] *Bipédie : mode de locomotion par lequel un organisme se déplace préférentiellement sur ses membres postérieurs. La bipédie n'est pas un caractère propre à la lignée humaine.*

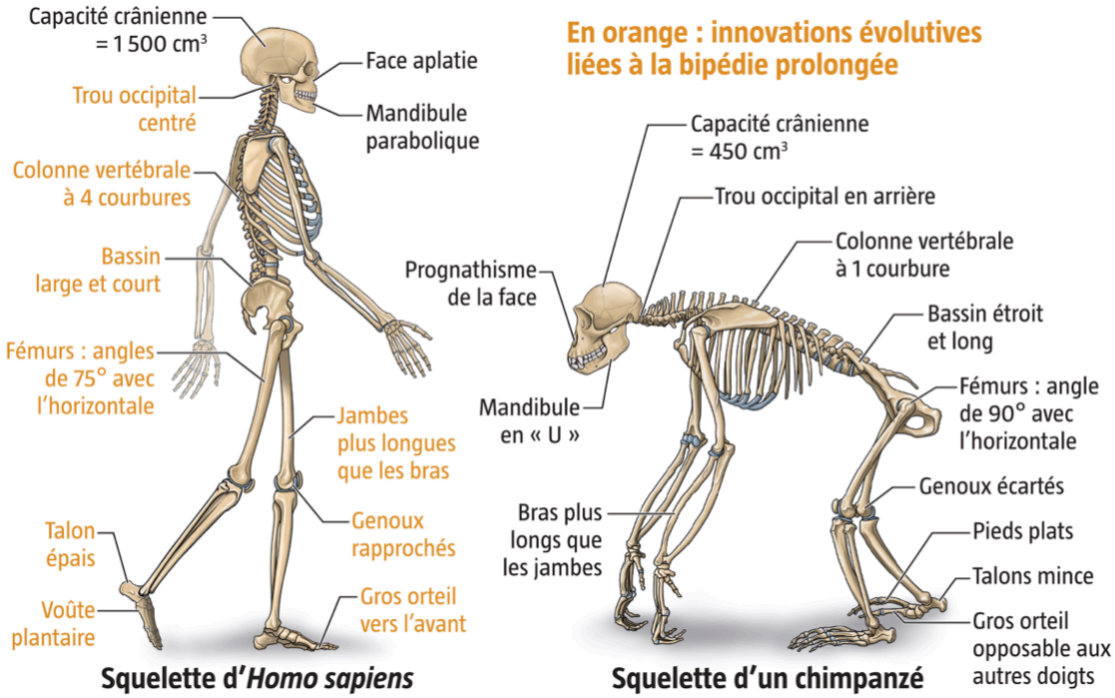
[3] *Mandibule : mâchoire inférieure.*

Document 5. Comparaison des caractéristiques des squelettes de l'humain et du chimpanzé.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Magnard 2020

Humains et chimpanzés partagent de nombreux caractères : pouces opposables, ongles, nez, orbites fermées, narines rapprochées, coccyx.

Certains caractères correspondent à des innovations évolutives exclusivement humaines.



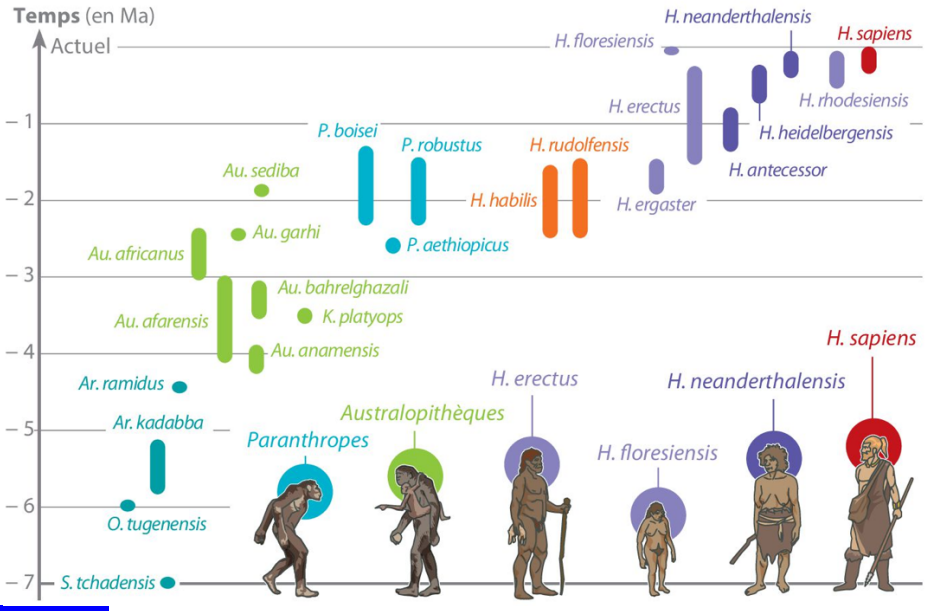
Piste d'exploitation.

- **Dégager** des documents 4 et 5 les caractères dérivés (ou innovations) de la lignée humaine en comparant au chimpanzé, espèce qui ne possède pas ces caractères

Document 6. Une multitude de rameaux.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

Dans l'histoire évolutive de la lignée humaine à l'état des connaissances actuelles, le genre *Homo* est apparu il y a presque 3 Ma. Il comprend l'espèce *Homo sapiens* et toutes les espèces apparentées disparues : *Homo habilis*, *Homo erectus*, etc. Il se caractérise notamment par le développement de la capacité crânienne : de 600 cm³ pour *H. habilis* à 1 350 cm³ pour *H. sapiens* et 1 500 cm³ pour *Homo neanderthalensis*. Il y a eu plusieurs rameaux, ou ramifications des branches, ce qui évoque la coexistence de certaines espèces dans le temps et dans l'espace : cette évolution est dite buissonnante.



Piste d'exploitation.

- **Montrer** que l'évolution humaine est buissonnante.

Document 7. Discussion sur la lignée humaine.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020 modifié 2022. https://www.hominides.com consulté le24/06/22

Des restes fossiles d'un singe appelé *Graecopithecus freybergi* ont été retrouvés en Europe : une mâchoire usée (1944) et une dent (2012). Ils sont datés de -7,18 à -7,25 Ma et présentent des caractéristiques particulières (petites canines, fusion inhabituelle des racines des deux prémolaires, peu fréquentes chez les chimpanzés actuels) qui suggèrent que ce singe pourrait être un représentant de la lignée humaine. Il est à ce jour proposé par une partie de la communauté scientifique comme le fossile le plus ancien appartenant à la lignée humaine (hypothèse controversée).

Dent retrouvée en Bulgarie (2012).

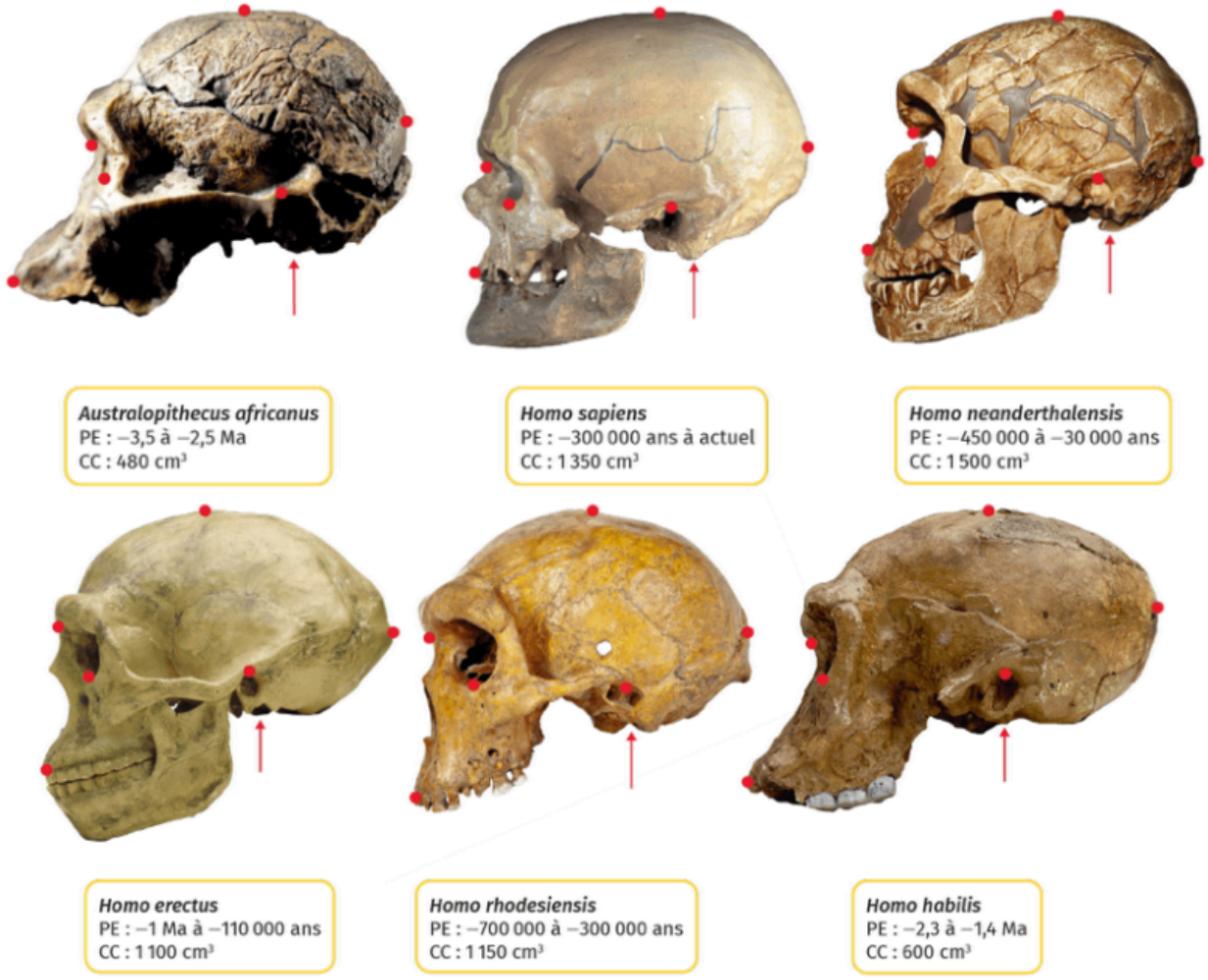


Piste d'exploitation.

- **Montrer** l'apport de cette découverte (et **comparer** au document 3).

Document 8. Quelques fossiles de crânes du genre Homo.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020



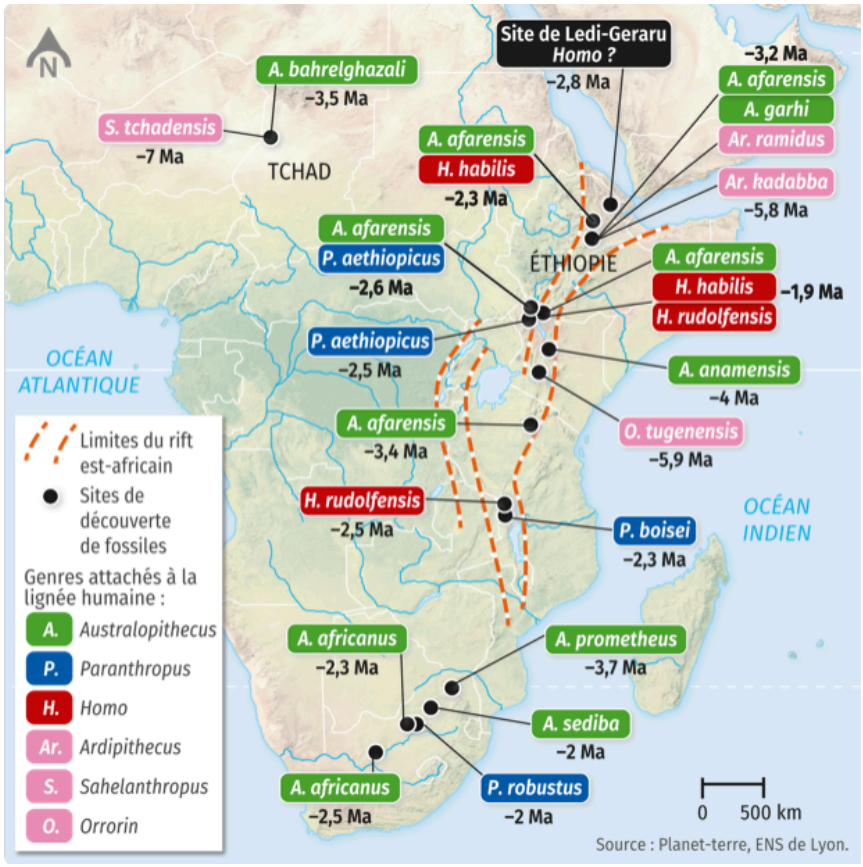
PE : période d'existence
CC : capacité crânienne (valeur approchée déterminée à partir de plusieurs fossiles
→ les flèches rouges indiquent la position du trou occipital
Échelles variables selon les crânes.

Piste d'exploitation.

- **Exploiter** les crânes pour **dégager** une tendance générale au sein de la lignée humaine : position du trou occipital, capacité crânienne, prognathisme[1].

Document 9. Sites de découverte des fossiles les plus anciens appartenant à la lignée humaine en Afrique.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020



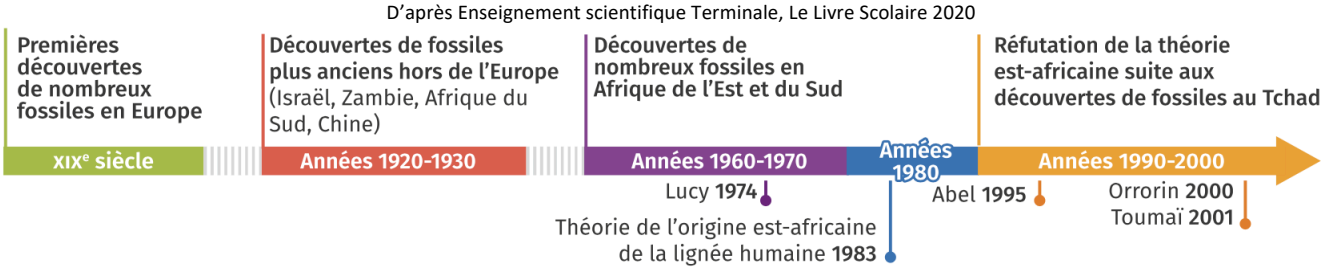
Le plus ancien fossile humain découvert hors d'Afrique est à ce jour *Homo georgicus*, trouvé en 1999 à Dmanisi en Géorgie et daté de 1,8 million d'années.

A droite, crâne d'Homo *georgicus* (Homme de Dmanisi)



Document 10. Frise chronologique des découvertes de quelques fossiles.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020

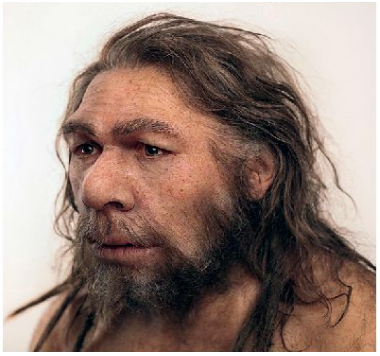


Piste d'exploitation.

- **Exploiter** les documents pour localiser les lieux principaux de découverte des plus anciens fossiles de la lignée humaine et **conclure** quant à cette localisation.

Document 11. *Homo sapiens* et *Homo neanderthalensis*, une ou deux espèces ?

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020



L'homme de Néanderthal est une espèce du genre *Homo*, disparue il y a 30 000 ans et qui a cohabité avec *Homo sapiens*. Il fut uniquement localisé en Eurasie, isolement sans doute dû aux dernières grandes glaciations (il y a environ 22 000 ans). Plusieurs hypothèses sont émises sur les causes de sa disparition : compétition avec *Homo sapiens*, taux de fécondité moindre, extermination, modifications climatiques.

Plus robuste qu'Homo sapiens, avec un cerveau un peu plus volumineux, il utilisait des outils tels que des bifaces et avait des rites funéraires tout comme *Homo sapiens*. Le séquençage partiel de son génome en 2010, montre des ressemblances d'environ 4 % avec celui des *Homo sapiens* sortis d'Afrique. Des croisements auraient donc eu lieu entre ces deux espèces a priori différentes.

Document 12. La cohabitation de plusieurs espèces d'Homo.

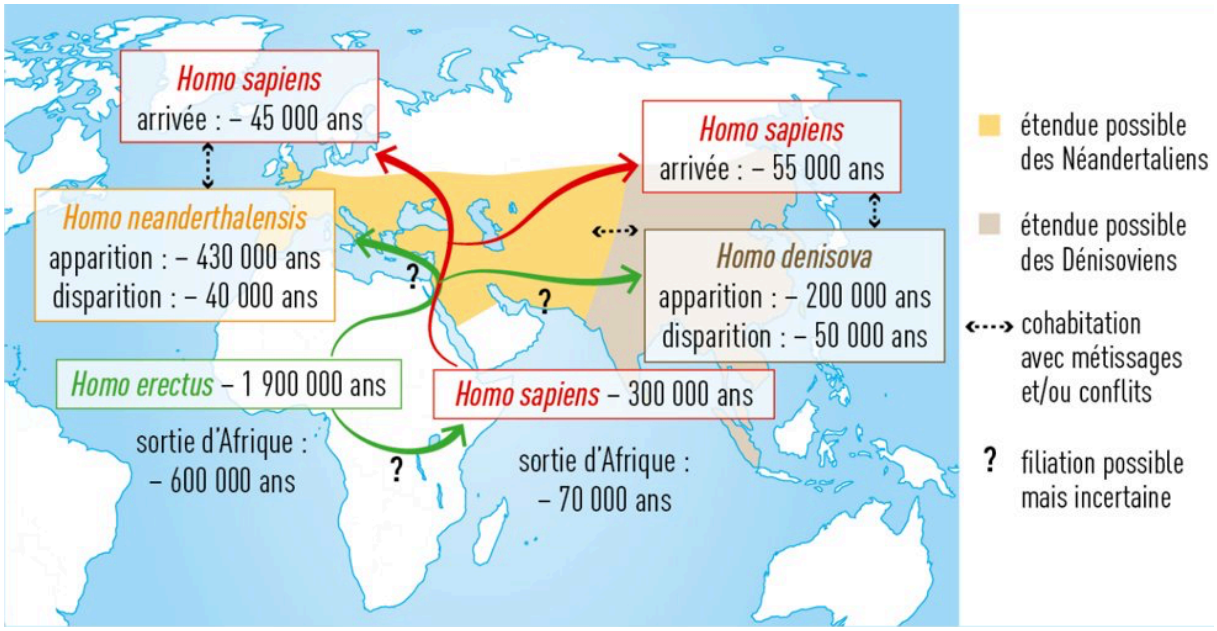
D'après Enseignement scientifique Terminale, Bordas 2020

Selon certains chercheurs, les Néanderthaliens (Moyen-Orient et Europe) et les Dénisoviens (Asie) proviendraient de l'évolution de populations d'*Homo erectus* d'origine africaine.

Homo sapiens, apparu en Afrique il y a 300 000 ans, a colonisé le monde à son tour et rencontré les Néanderthaliens et Dénisoviens (*Homo denisovensis*) avec qui il a cohabité au moins jusque vers -40 000 ans, avant qu'ils ne disparaissent.

La cause de ces disparition est d'ailleurs encore inconnue.

La présence de séquences ADN néanderthaliennes et dénisoviennes au sein de génomes des populations humaines actuelles suggère la possibilité de métissages entre ces différents groupes d'*Homo*.

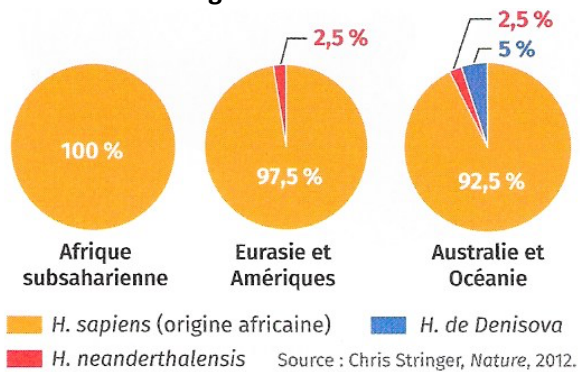


Doc13. Étude comparative des génomes humains.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020

Grâce aux progrès continus dans les techniques de séquençage d'ADN, le génome des humains actuels a pu être séquencé entièrement en 2004, puis celui des néanderthaliens à partir d'échantillons issus d'une dizaine de fossiles. L'étude comparative de ces génomes très proches a permis de découvrir que les humains modernes partagent une part variable de leur génome avec les néanderthaliens selon leur origine géographique.

Origines du génome des humains actuels selon la région du monde.



Doc14. Détermination génétique des dénisoviens.

D'après Ens. scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020

En 2010, le séquençage de l'ADN extrait d'un fossile de phalange humaine découvert en 2008 dans une grotte de l'Altaï, en Russie, et daté de 41 000 ans, révèle que ces individus sont génétiquement distincts des *H. sapiens* et des *H. neanderthalensis*. Si leur statut d'espèce se confirme, on parlera d'homme de Denisova. Les analyses ont également montré que l'ancêtre commun des dénisoviens et des néanderthaliens est plus récent que l'ancêtre commun des dénisoviens et des humains modernes.

Une étude génétique récente.

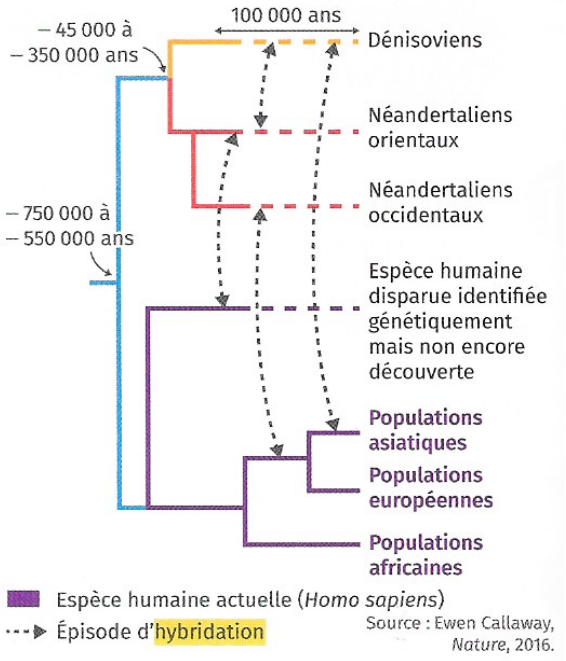
https://www.hominides.com consulté le24/06/22

L'étude du génome des Dénisoviens a montré que, en commun avec les tibétains, les Dénisoviens avaient une mutation du gène EPAS1. Cette mutation permet de mieux résister au manque de dioxygène, avantage certain sur les hauts plateaux tibétains. Les dénisoviens ont probablement légué cette variante aux tibétains lors d'une hybridation fertile entre les espèces.

Document 15. Relations connues entre les trois dernières espèces humaines.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020

Cet arbre résume quelques apports des données moléculaires sur les relations entre les trois dernières espèces humaines (représentées chacune par une couleur) ayant existé sur Terre jusqu'à il y a 30 000 ans.



Piste d'exploitation.

- **Exploiter** les documents 11 à 15 pour **nuancer** la notion d'espèce à travers les exemples *d'Homo sapiens*, *H. neanderthalensis* et *H. denisovensis*.

Doc16. Fragment de mandibules fossilisée du plus vieux représentant du genre Homo.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Belin 2020

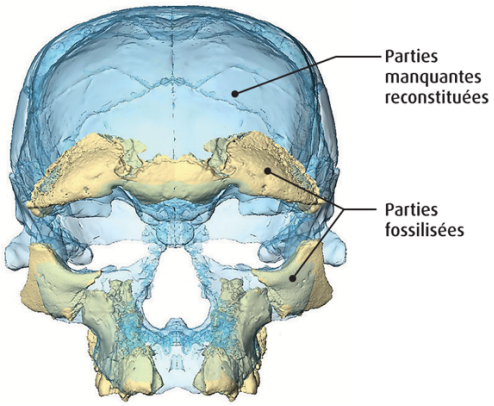
Ce fragment découvert en 2013 en Ethiopie (site de Ledi-Geraru) et daté de 2,8 Ma a été attribué au genre *Homo* (identification encore controversée).
Il a ainsi fait reculer de 400 000 ans l'âge du plus vieux représentant connu de ce genre. Des restes fossiles de plusieurs individus assignés au genre *Homo* ont été découverts en Afrique, en Europe et en Asie. Ces individus appartenant à des espèces aujourd'hui disparues ont vécu entre -2,5 Ma et -28 000 ans.



Doc17. Crâne du plus vieux représentant d'*Homo sapiens*.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Belin 2020

Les restes fragmentaires d'au moins cinq individus ont été découverts depuis 1960 dans une grotte à Jebel Irhoud (Maroc). Ils sont associés à des outillages de pierre taillée et des restes d'animaux chassés. En 2017, des chercheurs ont daté l'un de ces ossements à -315 000 ans ± 34 000 ans. Ils vieillissent de plus de 100 000 ans l'âge attribué à l'espèce *Homo sapiens*. Depuis 28 000 ans, cette espèce est l'unique représentante du genre *Homo*.



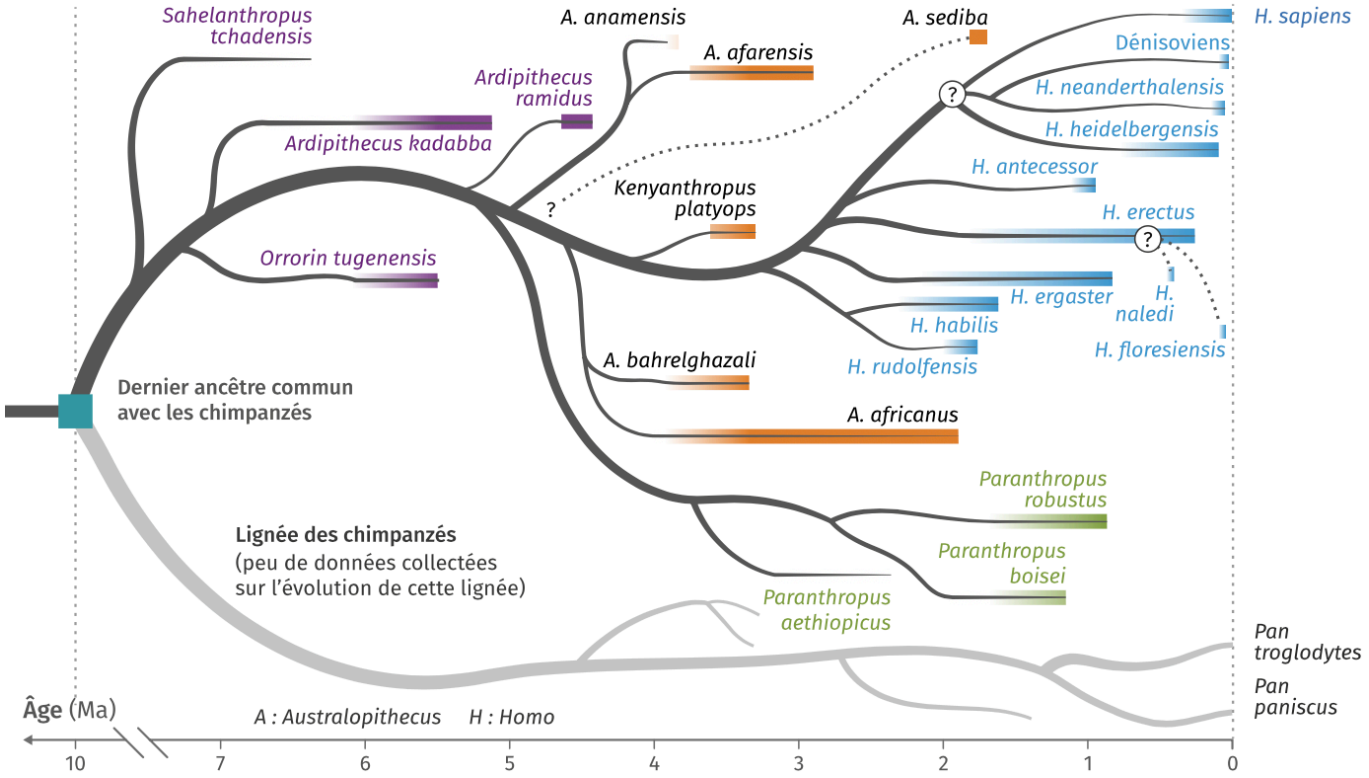
Piste d'exploitation.

- **Utiliser** les documents 16 et 17 pour **dater** l'émergence du genre *Homo* d'une part et d'*Homo sapiens* d'autre part. **Expliquer** pourquoi ces âges peuvent évoluer.

Bilan classe : histoire évolutive de la lignée humaine.

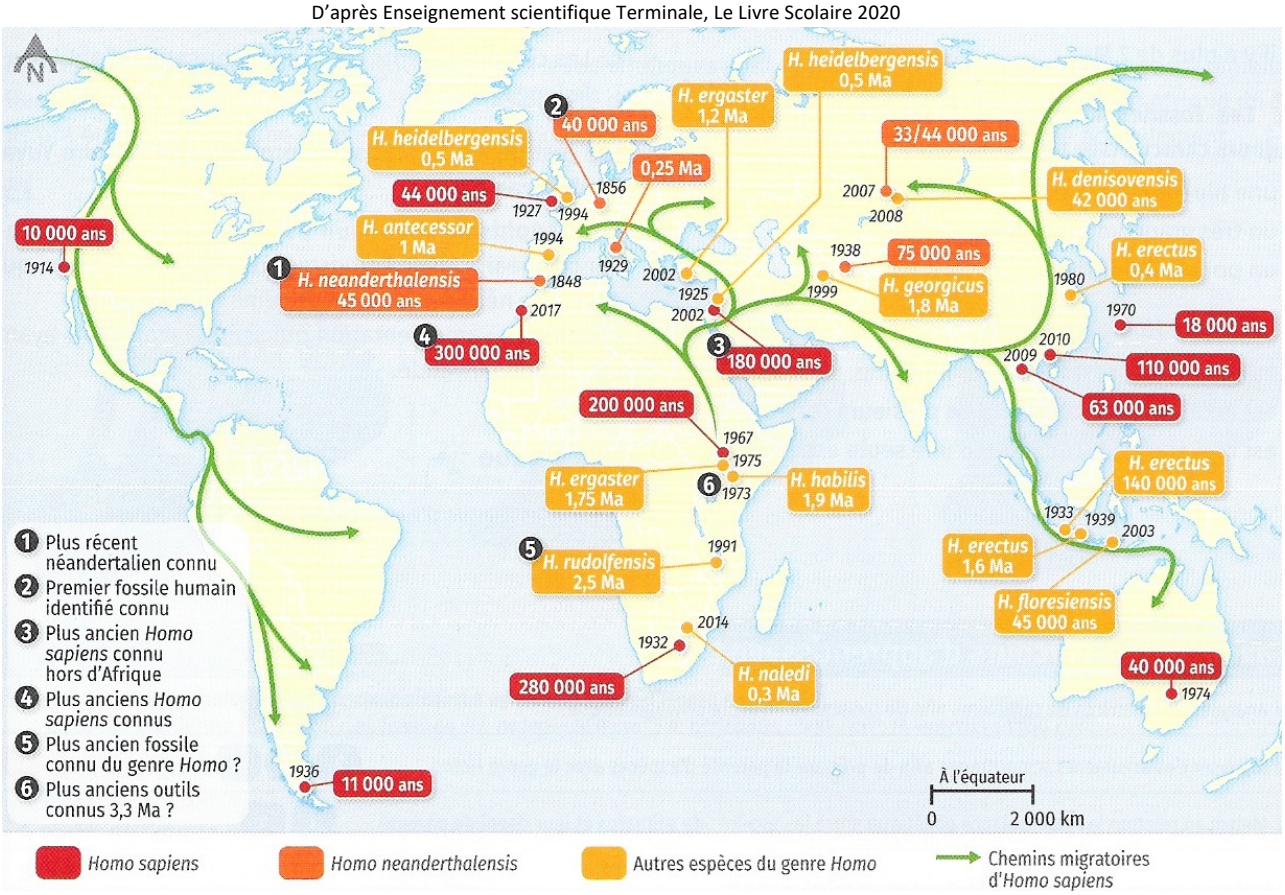
Document 18. Une possible histoire évolutive de la lignée humaine.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020



Document 19. Évolution et répartition du genre *Homo*.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Le Livre Scolaire 2020



Travail 2. La transmission non génétique de caractères. Documents 20 à 28.

Document 20. L'acquisition du microbiote.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

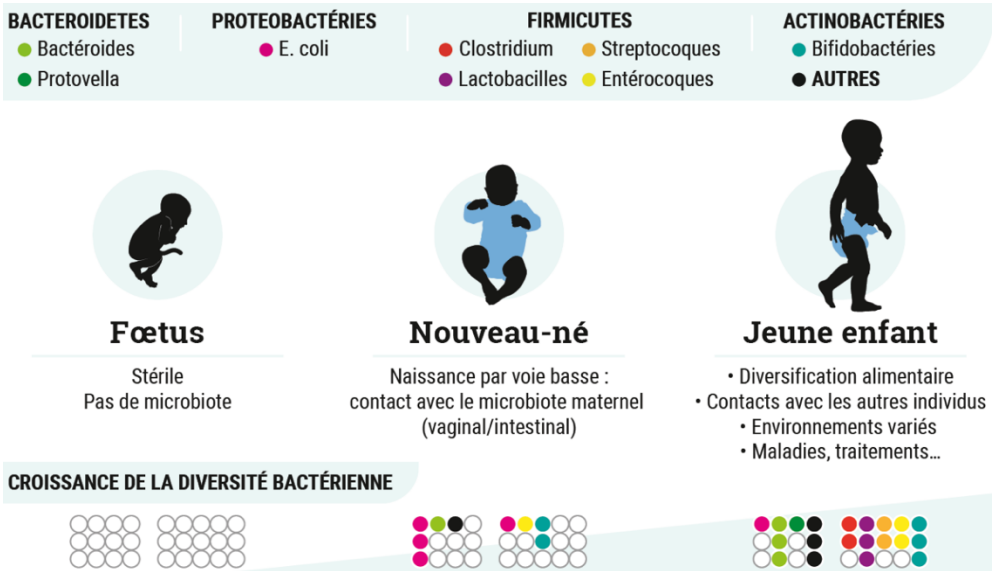
Le microbiote s'acquiert dès la naissance, on parle de colonisation microbienne. Cette dernière dépend du mode d'accouchement (voie naturelle ou césarienne). L'allaitement peut également aider à la colonisation par les microorganismes présents sur le sein maternel. Par la suite, le microbiote évolue en fonction des habitudes alimentaires (richesse en fibres par exemple) et de l'hygiène de vie (prise d'antibiotiques, tabagisme, etc.).



Document 21. Acquisition et modulation du microbiote au cours de la vie.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Nathan 2020

La composition du microbiote est corrélée à certaines caractéristiques de l'individu. Par exemple, le ratio Firmicutes/ Bacteroidetes est plus élevé chez les personnes obèses que chez les individus qui ne sont pas en surpoids.



Document 22. Le microbiote fossile des Néandertaliens.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Bordas 2020

En 2017, le séquençage de l'ADN de la plaque dentaire[1] de Néandertaliens a permis de déterminer une partie de la « flore » bactérienne qui y était hébergée. Des traces du génome de l'archéobactérie[2] *Methanobrevibacter oralis*, que l'on retrouve aussi dans la bouche de l'Homme moderne, y ont été détectées. Des comparaisons de ces génomes suggèrent que l'archéobactérie a été transmise entre Neandertal et Sapiens.

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

Citation de Laura S. Weyrich, professeure d'anthropologie.

[1] *Plaque dentaire : substance blanchâtre se déposant à la surface des dents constituée principalement de protéines salivaires, d'aliments et de bactéries.*

[2] *Archeobactérie : organisme unicellulaire procaryote distinct des bactéries.*

Document 23. Culture alimentaire et microbiote.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

Tous les peuples n'ont pas la même culture alimentaire. Chez les chasseurs-cueilleurs des Hadza, en Afrique, le régime alimentaire est très éloigné de celui du monde occidental et ressemble à celui de nos ancêtres avant qu'ils ne maîtrisent l'agriculture. Une étude a révélé que la diversité de leur microbiote est bien plus importante que celle des italiens (microbiote de référence lors de l'étude). En revanche, aucun individu de ce peuple ne possède de bactérie du genre *Bifidobacterium*, très courante dans le monde occidental. Pourtant, cela n'a rien de surprenant : cette bactérie est associée aux produits laitiers, qui ne font pas partie du régime alimentaire des Hadza.

Le peuple Hadza en Tanzanie, aux habitudes alimentaires de chasseurs-cueilleurs.

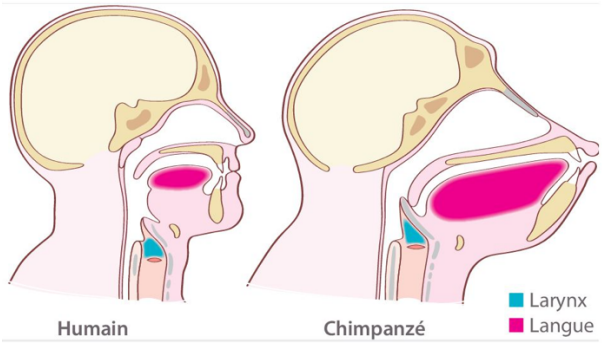


Document 24. L'apparition du caractère « langage articulé » dans la lignée humaine.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

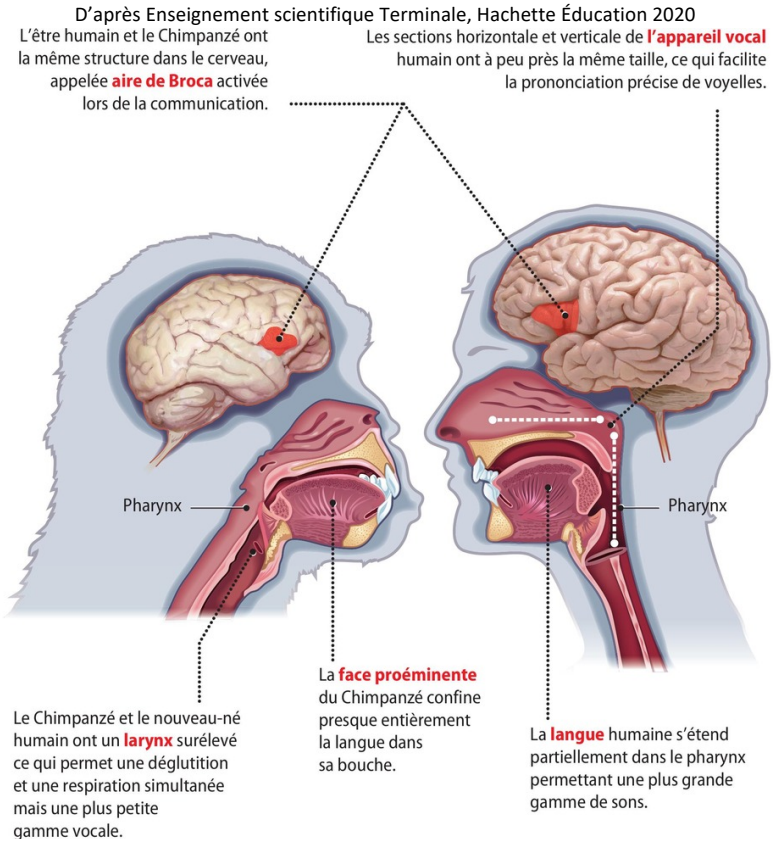
Le langage articulé correspond à un mode de communication formé de sons différents, identifiables et signifiants. Il nécessite certaines aptitudes anatomiques comme un larynx en position basse et la présence d'aires cérébrales spécifiques (aires de Broca et Wernicke) observées chez l'humain comme chez le chimpanzé.

Le langage semble être apparu il y a environ 2 Ma sous la forme d'un langage primitif qui se serait enrichi au fil du temps. Le langage articulé est donc caractéristique du genre Homo. De nos jours, il existe environ 504 langues à travers le monde.



Document 25. Comparaison des appareils vocaux de l'espèce humaine et du chimpanzé.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hachette Éducation 2020



Document 26. Le langage articulé : des hypothèses encore discutées.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hachette Éducation 2020

Le caractère indispensable de la position basse du larynx pour le langage est mis à mal par de nouvelles études, publiées en décembre 2019. Basée sur la capacité des singes à produire des voyelles et à moduler des sons en utilisant leurs lèvres, langue et mâchoires, cette nouvelle approche déclare possible un langage articulé depuis 20 Ma chez les primates ! Néanderthal avait donc une anatomie compatible avec la parole… mais rien ne prouve qu'il parlait…

Source : L.-J. Boë et al., Science Avdances, 2019

Document 27. Surdité et acquisition du langage oral.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

La surdité est l'incapacité plus ou moins totale d'entendre des sons. L'impact sur l'apprentissage du langage oral est plus ou moins important selon la sévérité de la surdité. En effet, on observe chez l'enfant sourd une absence ou des retards de langage oral, dus aux difficultés à s'imprégner et à imiter le langage des personnes qui l'entourent. Des appareillages peuvent parfois être proposés pour certains types de surdité. Les enfants en bénéficiant assez tôt peuvent s'approprier le langage oral même si les mots sont mal articulés ou déformés.



Document 28. Des outils variés et de plus en plus spécialisés.

D'après Enseignement scientifique Terminale, Hatier 2020

L'outil au sens strict n'est pas le propre de l'espèce humaine. Cependant, de nos jours, seuls les représentants du genre Homo sont capables de façonner des outils à l'aide d'autre outils. Les premiers outils attribués à *Homo habilis* et *Homo ergaster* sont des *choppers* : galets possédant un bord tranchant obtenu à partir de la percussion avec une autre pierre.

La diversification et la spécialisation des outils nécessitent un façonnage de plus en plus complexe et un apprentissage, par héritage culturel, de techniques particulières :

- le biface symétrique en forme d'amande aux tranchants est obtenu par enlèvements successifs d'éclats d'un bloc de pierre (*H. erectus* et *H. heidelbergensis*) ;
- les pointes, les racloirs, les grattoirs qui sont l'œuvre d'*Homo sapiens* et d'*Homo neanderthalensis*, sont faits à partir d'éclats savamment obtenus.

Silex « biface », environ -300 000 ans, découvert à Saint-Acheul près d'Amiens. Musée des Antiquités, Saint-Germain-en-Laye.



Piste d'exploitation.

- **Présenter** les caractères évoqués et **montrer** que leur transmission à la descendance ne fait pas intervenir de mécanisme génétique.