

TD2: LES RELATIONS DE PARENTES DU GENRE HOMO

Proche de notre espèce, de nombreux fossiles appartenant à la lignée humaine sont regroupés dans le genre Homo.

Comment peut-on reconstituer les liens de parenté au sein du genre homo?

Consignes
Doc 1 et 2: Indiquer les arguments scientifiques permettant d'affirmer la coexistence de notre espèce avec d'autres espèces d'humains.
Rappel l'hybridation= croisement entre deux variétés, deux races d'une même espèce ou entre deux espèces différentes.
Doc 3: Montrer que l'étude de la capacité crânienne permet de justifier un regroupement de certaines espèces de la lignée humaine dans le genre <i>Homo</i> .

Document 1: Complexité de l'histoire des sapiens : l'hybridation avec les néandertaliens

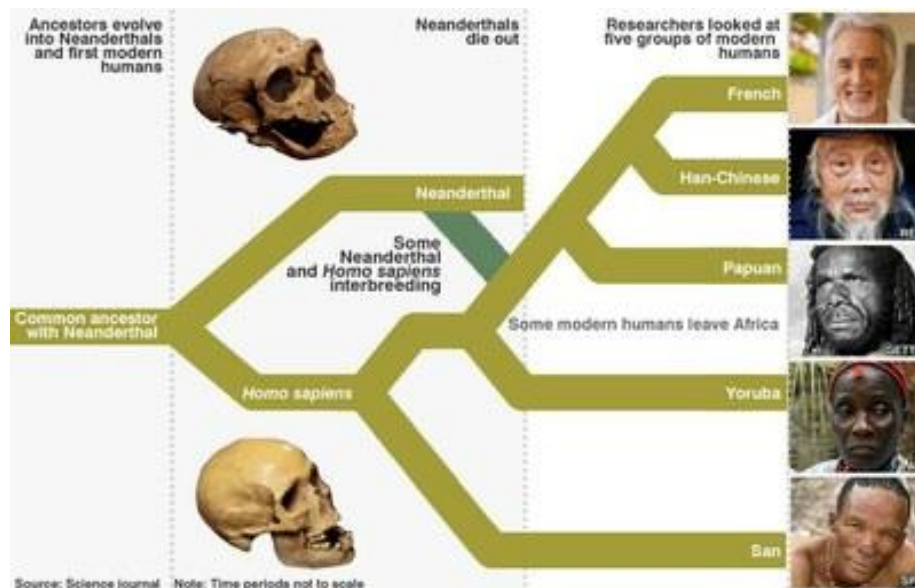
La séquence complète de l'ADN nucléaire (du noyau) des Hommes modernes a été décryptée en 2003. Les progrès dans les techniques d'extraction et de séquençage de l'ADN fossile ont permis à l'équipe du Neandertal Genome project dirigée par Svante Pääbo, de déterminer en 2010 la séquence brute (2 milliards sur les 3 milliards de nucléotides) de l'ADN nucléaire de néandertaliens de la grotte de Vindija en Croatie, puis en 2014, la séquence complète d'une néandertalienne de la grotte de Denisova en Sibérie (*The complete genome sequence of a Neandertal from the Altai Mountains*; Nature, January 2014).

Ils ont comparé cette séquence néandertalienne à celle de 5 Hommes actuels : un Français, un Chinois Han, un Papou asien de Nouvelle Guinée et deux Africains (un San d'Afrique du sud et un Yoruba d'Afrique de l'ouest). L'objectif de cette comparaison est de détecter s'il y a dans le génome des sapiens des indices d'une contribution néandertalienne, en particulier chez l'europpéen, puisque les néandertaliens ont vécu en Europe, en Asie de l'ouest, au Moyen orient mais non en Afrique.

Ils ont abouti aux conclusions suivantes :

- L'ADN de Neandertal est plus proche de celui des non africains que de celui des africains ;
- La similitude entre l'ADN de Neandertal et celui des trois sapiens non africains (le Français, le Chinois et le Papou asien) est du même ordre ;
- Si on considère l'origine africaine de toutes les populations humaines, l'interprétation la plus simple de ces données est d'admettre que **les populations sorties d'Afrique ont incorporé dans leur génome des éléments du génome néandertalien**, donc qu'il y a eu une hybridation entre des Homo sapiens et des néandertaliens.

Affinant leur analyse, les chercheurs ont évalué que 2 % environ de l'ADN total des génomes des sapiens non africains seraient d'origine néandertalienne.



Les données précédentes permettent aussi de proposer le lieu de l'hybridation. Puisque les fragments d'ADN néandertalien se retrouvent dans le génome des asiatiques de l'est et du papouasien alors que les néandertaliens n'ont jamais occupé ces régions, on est conduit à penser que ce métissage a eu lieu au début de la dispersion des sapiens hors d'Afrique avant qu'ils colonisent l'Eurasie, l'Indonésie, l'Australie,

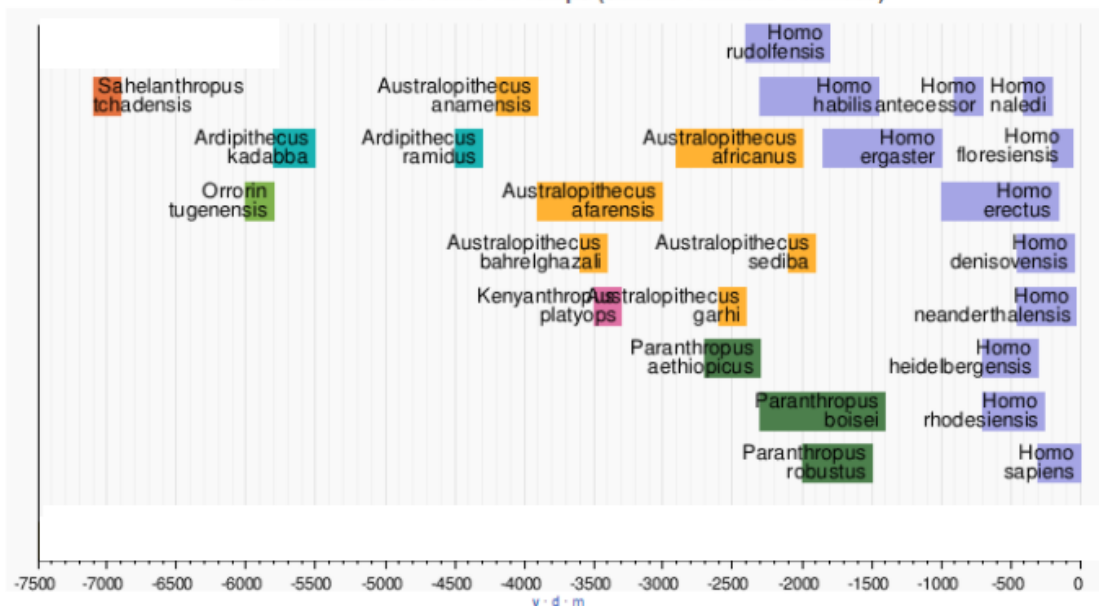
les Amériques. Comme les néandertaliens sont présents au Moyen orient jusqu'à 50.000 ans, on pense que cette région a été le lieu de l'hybridation..



le peuplement de la terre par les homo sapiens

Document 2

Les Hominines au cours du temps (échelle : milliers d'années)



Document 3: une phylogénie basée sur les capacités crâniennes

	A	B	C
1	Représentants de la lignée humaine	Âge en millions d'années	Capacité crânienne en cm³
2	<i>Sahelanthropus tchadensis</i>	7	360 – 370
3	<i>Australopithecus anamensis</i>	de 4,2 à 3,9	370
4	<i>Paranthropus aethiopicus</i>	de 2,7 à 2,3	420
5	<i>Homo habilis</i>	de 2,4 à 1,6	550 – 680
6	<i>Homo ergaster</i>	de 2 à 1	850
7	<i>Homo heidelbergensis</i>	de 0,8 à 0,3	1 000 – 1 300
8	<i>Homo neanderthalensis</i>	de 0,4 à 0,03	1 500 – 1 750
9	<i>Homo sapiens</i>	de 0,3 à aujourd'hui	1 400 – 1 600