

# Chapitre 11 : L'évolution humaine

<b>Présentation</b>	<b>2</b>
<b>Activités</b>	<b>4</b>
Activité documentaire 1 : Les relations de parenté au sein des primates (p. 206-207)	4
Activité documentaire 2 : À la recherche de l'origine de la lignée humaine (p. 208-209)	8
Activité documentaire 3 : L'histoire évolutive du genre <i>Homo</i> (p. 210-211)	11
Activité documentaire 4 : Les apports récents des données génétiques (p. 212)	15
Activité documentaire 5 : La transmission non génétique des caractères humains (p. 213)	17
<b>Bilan (p. 215)</b>	<b>19</b>
<b>Exercices</b>	<b>20</b>
Zone d'échauffement (p. 216)	20
L'atelier des apprentis (p. 217)	21
Le repaire des initiés (p. 218-219)	24
Le coin des experts (p. 220)	27

## Présentation

Ce chapitre poursuit l'étude de la biodiversité et de l'évolution entamée dans les deux premiers chapitres du thème 3, et les idées essentielles qui ont guidé sa construction sont celles de l'introduction du BO :

« La biodiversité [...] est issue d'une longue histoire dont l'espèce humaine fait partie.

La paléanthropologie construit un récit scientifique de nos origines à partir des archives fossiles.

La phylogénie permet d'étudier les relations de parenté entre les espèces actuelles et fossiles d'Hominidés. »

Ce chapitre est ainsi l'occasion de lutter contre les idées préconçues sur la place des humains au sein du monde vivant, en étudiant leur évolution avec les mêmes méthodes phylogénétiques utilisées pour tous les autres êtres vivants.

Il permet aussi de travailler sur la construction du savoir scientifique et de l'histoire des sciences, à travers l'exemple de la paléanthropologie, auquel s'ajoutent désormais les données issues des analyses moléculaires.

Enfin, la difficile définition des fossiles humains permet de travailler l'esprit critique des élèves.

### Ce qui a été enseigné au collège :

- Origine commune et relations de parenté entre les êtres vivants.
- Fossiles et fossilisation.
- *Homo sapiens* et son évolution.
- Reconstituer quelques étapes de l'histoire évolutive d'un taxon.

### Ce qui a été enseigné en seconde :

- ADN, support de l'information génétique.
- Évolution et biodiversité.
- Spéciations et extinctions.
- Microbiote humain.

### Ce qui a été enseigné en première spécialité SVT :

- L'histoire humaine lue dans le génome.

### Lien(s) avec les chapitres précédents ou suivants du manuel :

Le chapitre précédent (Chapitre 10 : l'évolution, une grille de lecture du monde) permet de d'envisager l'application des principes et mécanismes évolutifs à différentes situations (évolution de l'œil, résistance bactérienne, etc.).

Il a notamment été montré que des structures anatomiques humaines curieuses ne peuvent se comprendre qu'à la lumière de l'évolution. Le chapitre 11 pousse l'étude de l'évolution humaine plus loin avec la paléanthropologie et l'utilisation des arbres phylogénétiques.

### Bibliographie :

- Collectif, « Évolution, la saga de l'humanité », *Dossier PLS*, janvier-mars 2017, n° 94 : ressource de référence pour ce chapitre, dossier très complet avec de nombreux articles sur tous les points abordés, permettant de s'informer des dernières découvertes.

- T. Smith, « L'humanité racontée par ses microbes », *PLS hors série*, Novembre - décembre 2019, n°105 : article intéressant pour la partie sur la transmission du microbiote.
- S. Condepi, A. Degioanni, « *Homo sapiens*, une espèce mosaïque », et J. Cepelewicz, « Des fantômes tapis dans notre ADN », *PLS hors série*, Novembre - décembre 2019, n°105 : 2 articles approfondis concernant les apports récents des données moléculaires sur *Homo sapiens*.
- Y. N. Harari, *Sapiens : une brève histoire de l'humanité*, Albin Michel, 2015 : ce livre propose une vue d'ensemble de l'histoire de l'humanité et de son évolution depuis les premiers humains de l'âge de pierre jusqu'au XXI<sup>e</sup> siècle, avec une approche mettant en valeur la coopération entre humains.

### Sitographie :

- Site avec de très nombreuses ressources (documents, infographies, bibliographies) sur la lignée humaine en général et la préhistoire en particulier :  
<https://www.hominides.com/index.php>
- Site Planet Terre, avec de nombreux articles sur des thématiques précises ou sur les dernières découvertes en paléanthropologie, comme cette page sur *Homo naledi* :  
<https://planet-terre.ens-lyon.fr/article/Homo-naledi.xml>
- Deux pages Wikipédia très complètes et actualisées, permettant de trouver toutes les références des fossiles de la lignée humaine, très pratique :
  - [https://fr.wikipedia.org/wiki/Histoire\\_%C3%A9volutive\\_de\\_la\\_lign%C3%A9e\\_humaine](https://fr.wikipedia.org/wiki/Histoire_%C3%A9volutive_de_la_lign%C3%A9e_humaine)
  - [https://fr.wikipedia.org/wiki/Liste\\_de\\_fossiles\\_d%27hominid%C3%A9s](https://fr.wikipedia.org/wiki/Liste_de_fossiles_d%27hominid%C3%A9s)
- Article sur *Homo luzonensis*, la plus récente espèce humaine identifiée en 2019 :  
<https://lejournald.cnrs.fr/articles/une-nouvelle-espece-humaine-decouverte-aux-philippines>
- Ce site d'Arte « Data science vs Fake » présente des courtes vidéos démontant les idées reçues avec des faits scientifiques chiffrés. Les vidéos sont très bien faites, très graphiques, comme celle sur la fameuse phrase « l'Homme descend du singe » :  
<https://www.arte.tv/fr/videos/089156-007-A/data-science-vs-fake/>
- Courte vidéo résumant en 3 minutes l'essentiel sur la position de la lignée humaine au sein du monde vivant : <https://www.reseau-canope.fr/corpus/video/la-lignee-humaine-85.html>
- Série de 4 vidéos de Pascal Picq sur la lignée humaine de 7 à 8 minutes pouvant servir de ressources complémentaires aux élèves : <https://leblob.fr/series/au-tableau-pascal-picq>

## Activités

Ce chapitre propose cinq activités documentaires avec des objectifs variés : travail sur les méthodes phylogénétiques, réflexion sur l'histoire des sciences à travers la paléanthropologie, travail pratique avec des mesures de craniométrie, et enfin deux tâches complexes sur une page.

Les compétences mobilisées par l'ensemble des questions sont variées, et en adéquation avec l'introduction du B.O. d'Enseignement scientifique de terminale.

### Activité documentaire 1 : Les relations de parenté au sein des primates (p. 206-207)

Avant de reconstituer l'histoire évolutive des humains, il faut en premier lieu préciser leur place au sein du monde vivant actuel : cette activité propose de le faire en utilisant les méthodes de la phylogénie. Elle a aussi pour but de déconstruire l'idée selon laquelle les humains seraient à part dans le monde vivant.

→ Comment préciser les liens de parenté des humains au sein des primates ?

**Lien avec le programme :** Partie 3.3 L'évolution humaine

#### Objectifs notionnels :

- L'espèce humaine actuelle (*Homo sapiens*) fait partie du groupe des primates et est plus particulièrement apparentée aux grands singes. En effet, elle partage avec eux des caractères morpho-anatomiques et des similitudes génétiques.
- C'est avec le chimpanzé qu'elle partage le plus récent ancêtre commun.

#### Objectifs méthodologiques :

- Analyser des matrices de comparaison de caractères morpho-anatomiques résultant d'innovations évolutives, afin d'établir des liens de parenté et de construire un arbre phylogénétique.
- Mettre en relation la ressemblance génétique entre les espèces de primates et leur degré de parenté.

**Durée estimée :** 50-60 minutes.

## Présentation des documents

### Document 1 : Quelques espèces de primates

Le document 1 présente les photos de quatre primates afin de pouvoir constater visuellement les deux caractères définissant le groupe des primates : la main avec un pouce opposable et les ongles plats. Le but de la question 1 est que les élèves comparent avec leurs propres mains.



Photographie d'un gibbon (hylobates)

### Document 2 : Matrice de caractères morpho-anatomiques de six espèces de primates et du chat

Ce tableau est une matrice de caractères permettant de définir le groupe des primates et de préciser les liens de parenté au sein de ce groupe. Le chat est un ici un extragroupe : il est nécessaire pour pouvoir définir l'état primitif et dérivé des caractères étudiés lors de la construction de l'arbre. La notion de caractère à l'état dérivé n'est pas au programme, mais on peut expliquer que l'on doit avoir une référence pour construire l'arbre, appelée extragroupe en phylogénie : le chat sera la première branche, enracinée le plus bas dans l'arbre.

### Document 3 : Construction et lecture d'un arbre phylogénétique

Ce document présente de manière succincte la méthode de construction de l'arbre phylogénétique et sa signification. Une fiche méthode plus complète est disponible à la fin du manuel ([LLS.fr/ESTP279](https://lls.fr/ESTP279)).



On peut expliquer aux élèves, si besoin, que l'arbre, appelé aussi cladogramme, est construit selon le principe de parcimonie, avec le moins de branches possibles. La longueur des branches n'a pas de signification, mais on aligne tous les êtres vivants actuels à la même hauteur par convention.

On place sur les branches les événements évolutifs donnant les états dérivés de caractères homologues.

#### Document 4 : Arbre de parenté établi selon des données moléculaires

Ce document présente un arbre de parenté basé sur les distances moléculaires : un phénogramme. Ce n'est donc pas un arbre phylogénétique au sens cladogramme, car la longueur des branches a une signification. On peut indiquer aux élèves que l'on obtient des résultats plus ou moins différents selon le gène ou la protéine étudiée, donc les scientifiques se fondent en réalité sur la moyenne obtenue avec de très nombreuses molécules pour affiner les liens de parenté.

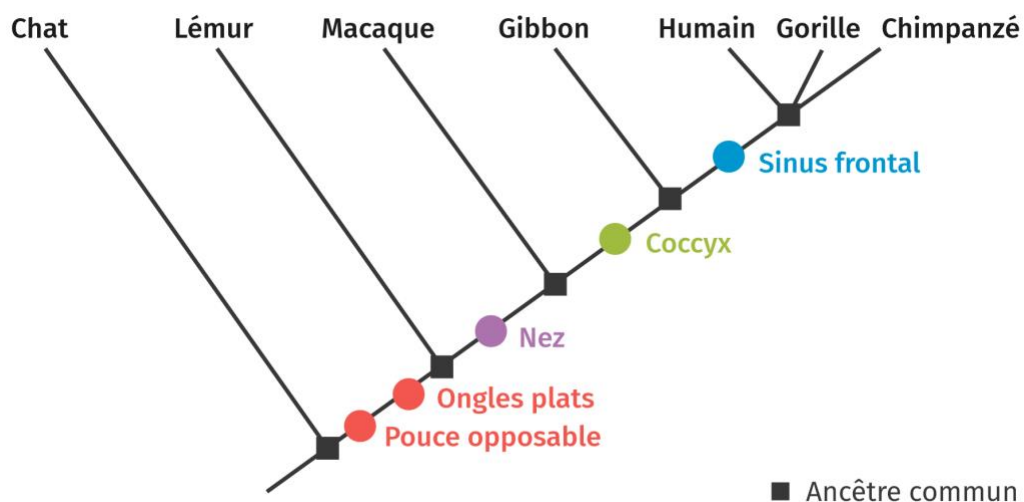
#### Document 5 : Comparaison des génomes de l'humain et du chimpanzé

Ce document classique permet de mettre en évidence l'importante similitude des 2 caryotypes. Au niveau des séquences, la différence entre le 4 % et le 1 % de séquences identiques s'explique facilement à l'aide du caryotype : les séquences d'ADN en rouge représentent environ 3 % de différences sur l'ensemble de l'ADN ; l'ADN restant (bleu et jaune) est considéré comme commun au deux espèces, c'est-à-dire que les séquences sont très proches, avec seulement 1 % de différences au total.

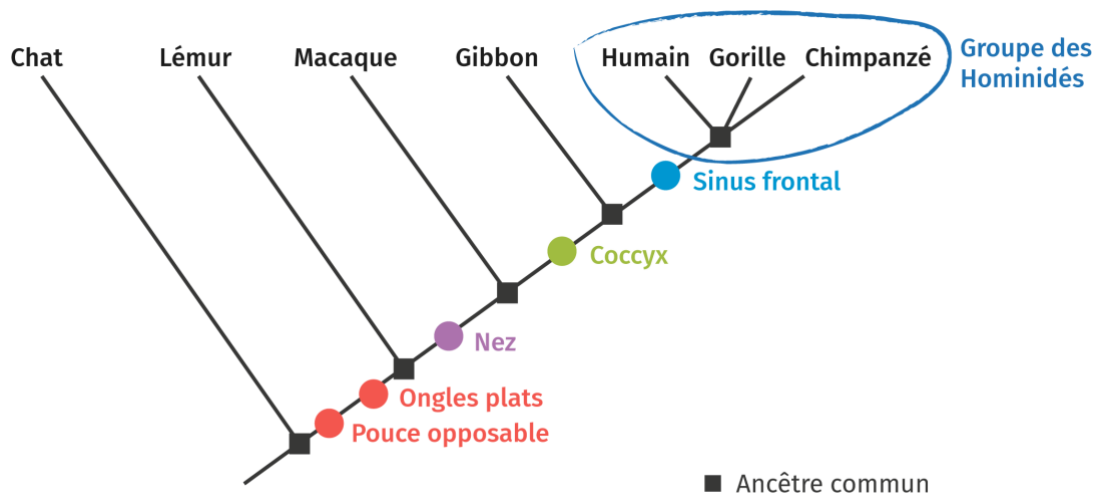
#### Réponses attendues aux questions :

1. En plus des caractères des vertébrés tétrapodes (tous les organes visibles sur les photos, yeux, bouche, membres, etc.) et des mammifères (comme les poils), les humains partagent de manière exclusive avec ces animaux un pouce opposable à chaque main et des ongles plats.

2.



3.



4. Dans l'arbre établi en question 2, les relations entre gorille, homme et chimpanzé sont indéterminées (les trois branches partent du même ancêtre). Or, le document 4 indique qu'il y a moins de différences au niveau moléculaire entre l'homme et le chimpanzé (3 %), qu'avec le gorille (3,5 %). Ainsi, les données moléculaires permettent de rapprocher l'homme du chimpanzé.

Le gorille est donc plus proche de l'homme et du chimpanzé que du gibbon, mais le chimpanzé est plus proche de l'homme que du gorille.

5. La comparaison des caryotypes montre de très nombreuses similitudes. La majorité des chromosomes sont très similaires (chromosomes 3, 4, 5, etc.). D'autres présentent des portions en plus (chromosome 1) ou en moins (chromosome 18). Il y a aussi fusion des deux chromosomes 2 du chimpanzé.

Les caryotypes sont globalement très semblables, montrant la forte proximité génétique des chimpanzés et des humains.

De plus, le document nous informe qu'ils ont moins de 1 % de différences au niveau de leurs séquences nucléotidiques.

#### Ressource numérique :

- Construisez un arbre phylogénétique détaillé des primates avec le logiciel Phylogène ([LLS.fr/ESTPhylogene](http://LLS.fr/ESTPhylogene))
- Une activité simple, conçue à l'origine pour des 3<sup>e</sup>, mais adaptable pour les élèves du tronc commun, afin de traiter la phylogénie des primates avec le logiciel Phylogène, incluant un travail sur matrice de caractère et la construction d'un arbre phylogénétique : <http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/evolution/relations-de-parente/enseigner/college/enseigner-en-troisieme/demarche-pour-la-place-de-lhomme-parmi-les-primates>
- Site rassemblant des ressources scientifiques pour approfondir ou mettre à jour ses connaissances sur la phylogénie des primates : [http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/evolution/accompagnement-pedagogique/accompagnement-au-lycee/terminale-2012/un-regard-sur-levolution-de-lhomme/evolution-au-sein-des-primates/index\\_html](http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/evolution/accompagnement-pedagogique/accompagnement-au-lycee/terminale-2012/un-regard-sur-levolution-de-lhomme/evolution-au-sein-des-primates/index_html)

## Activité documentaire 2 : À la recherche de l'origine de la lignée humaine (p. 208-209)

La paléontologie humaine est une discipline qui s'appuie sur l'étude des fossiles et leur datation afin de tenter de reconstituer l'histoire de la lignée humaine. Cette activité documentaire cherche à montrer la complexité de la reconstitution de cette histoire, du fait de la difficulté de découvrir des fossiles et de les analyser. D'autre part, elle évoque aussi quelques idées sur l'origine de notre lignée, en prenant exemple sur la théorie de l'*east side story*.

→ Comment l'étude des fossiles permet-elle de reconstituer l'histoire de nos origines ?

**Lien avec le programme :** Partie 3.3 L'évolution humaine

### Objectifs notionnels :

- Des arguments scientifiques issus de l'analyse comparée de fossiles permettent de reconstituer l'histoire de nos origines.
- La paléanthropologie construit un récit scientifique de nos origines à partir des archives fossiles.
- L'étude de fossiles datés de 3 à 7 millions d'années montre des innovations caractéristiques de la lignée humaine (bipédie prolongée).

### Objectifs méthodologiques :

- Comprendre la nature du savoir scientifique et ses méthodes d'élaboration.

**Durée estimée :** 50 minutes, en prenant le temps de rédiger les réponses aux questions.

## Présentation des documents

### Document 1 : La difficile identification des fossiles humains

Ce document est composé d'un texte détaillant le principe d'identification des fossiles, afin de pouvoir les inclure ou non au sein de la lignée humaine. Puis, il présente un exemple concret d'un fossile dont l'identification est très controversée, car sa datation ferait de lui le plus ancien fossile du genre *Homo*, repoussant l'apparition du genre de 300 000 ans. La photographie permet aussi de montrer aux élèves à quel point les fossiles découverts sont partiels. Voir aussi l'article dans les ressources supplémentaires.

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

Cette carte montre de manière non exhaustive les sites de découverte des fossiles les plus anciens.

Cela permet de faire plusieurs constats :

- tous les fossiles jusqu'à 1,8 Ma, sont situés en Afrique, ce qui démontre l'origine africaine de la lignée humaine ;



- les fossiles sont très nombreux en Afrique de l'Est, mais le plus ancien a été découvert au Tchad, ce qui remet en question l'origine est-africaine de la lignée, si l'on admet l'appartenance de *S. tchadensis* à la lignée humaine (voir document 5 et question 3) ;
- on dénombre 6 différents genres identifiés et de nombreuses espèces, cela illustre la grande diversité à l'origine de la lignée humaine. De nombreux genres coexistent aux mêmes périodes : par exemple, vers 2,5 Ma, il a des Australopithèques, des Paranthropes et le genre *Homo* qui émerge.

### Document 3 : Frise chronologique des découvertes de quelques fossiles

Cette frise est volontairement très simplifiée, afin de permettre aux élèves de repérer les périodes et certains événements marquants de l'histoire de la paléanthropologie, des premières découvertes européennes au XIX<sup>e</sup> siècle, jusqu'à celles du début des années 2000. Les 4 fossiles dont la date de découverte apparaît sous la frise sont ceux mentionnés dans les documents 4 et 5.

### Document 4 : La découverte de Lucy (*Australopithecus afarensis*), l'australopithèque la plus célèbre

Ce document résume l'histoire de la découverte de Lucy, en donnant des détails permettant aux élèves de se figurer comment ce type de découverte très médiatisée se déroule concrètement. Ce document est l'occasion de citer Maurice Taieb et Yves Coppens, qui ont codirigé la mission à l'origine de la découverte de Lucy.

### Document 5 : Les découvertes d'Abel et de Toumaï remettent en question la théorie est-africaine (*east side story*)

Ce document termine l'activité avec de l'histoire des sciences en essayant de permettre une réflexion sur l'évolution des théories scientifiques face à l'épreuve des faits. Cela est particulièrement vrai concernant l'histoire de la lignée humaine, car chaque nouvelle découverte remet en cause tout le récit construit précédemment.

En 2020, la théorie selon laquelle les changements climatiques en Afrique ont contribué à l'émergence de la lignée humaine au sein des primates africains est toujours d'actualité, avec de nouveaux arguments faisant appel à la paléoclimatologie. En revanche, c'est l'origine géographique est-africaine qui est largement remise en cause.

### Réponses attendues aux questions :

1. Les recherches doivent se faire dans des zones où on trouve des fossiles, des couches sédimentaires particulières. Une fois un fossile trouvé, souvent un os de petite taille ou des dents, on recherche dans les alentours d'autres fossiles pouvant l'accompagner. L'analyse précise et la comparaison de ces fossiles avec des caractères connus et d'autres fossiles répertoriés appartenant à la lignée humaine permet une identification.

### 2. Éléments admis :

- les plus anciens fossiles sont africains : origine africaine de la lignée humaine ;
- plusieurs genres ont coexisté (Australopithèques, Paranthropes, *Homo*, etc.) ;
- les fossiles caractérisés par un bipédie appartiennent à la lignée humaine ;
- l'ancêtre de la lignée humaine était arboricole.

Éléments débattus :

- l'origine est-africaine est remise en cause ;
- l'origine géographique précise est toujours débattue ;
- le passage à la bipédie s'est-il fait dans la savane ?

**3.** Une des idées admises dans la cadre de la théorie *east side story* était une origine est-africaine des humains, en relation avec la formation du rift est-africain. Cette hypothèse provient des nombreuses découvertes de fossiles à l'est de l'Afrique. Or, Abel et Toumaï sont des fossiles trouvés 2 000 km plus à l'ouest de l'Afrique, et ils sont très anciens : cela remet donc en cause la théorie est-africaine.

**Ressources complémentaires :**

- Retraced la découverte d'une nouvelle espèce humaine, *Homo luzonensis*, sur [LLS.fr/ESTP208](https://lls.fr/ESTP208)
- Article de presse très complet sur la découverte du fossile de Ledi Geraru : [https://www.lemonde.fr/sciences/article/2015/03/04/paleontologie-une-mandibule-africaine-vieillit-le-genre-humain-de-400-000-ans\\_4587481\\_16506](https://www.lemonde.fr/sciences/article/2015/03/04/paleontologie-une-mandibule-africaine-vieillit-le-genre-humain-de-400-000-ans_4587481_16506)
- Ce site raconte en détail l'histoire des découvertes des fossiles très anciens au Tchad (Toumaï et Abel). Il est écrit par l'un des découvreurs, Alain Beauvilain : <https://tchadberceauhumanite.monsite-orange.fr/index.html84.html>
- Interview d'Y. Coppens sur l'histoire de la lignée humaine : « Évolution, la saga de l'humanité », *Dossier PLS*, Janvier -mars 2017, n° 94.

## Activité documentaire 3 : L'histoire évolutive du genre *Homo* (p. 210-211)

Cette activité a été conçue comme une activité pratique, faisable même en classe entière, avec uniquement une règle et un rapporteur, en plus du manuel. Elle permet de comprendre les méthodes d'analyse des paléanthropologues en réalisant des mesures de craniométrie simples.

Le but est de mettre en évidence les tendances évolutives de la lignée humaine au niveau des caractères crâniens (augmentation du volume crânien, diminution du prognathisme, disposition parabolique des dents sur la mandibule), tout en montrant la complexité de cette évolution, à l'aide d'un

un arbre phylogénétique. La réalisation de cet arbre est très compliquée du fait de la grande variabilité des caractères, et d'ailleurs les scientifiques considèrent que l'établissement précis de liens de parenté entre les espèces fossiles est toujours assez incertain.

Enfin, l'étude de plusieurs espèces fossiles permet de mettre en évidence que certaines ont cohabité sur Terre, réfutant ainsi l'idée préconçue de linéarité au sein de la lignée.

→ Comment ont évolué les caractères du genre *Homo* ?

**Lien avec le programme :** Partie 3.3 L'évolution humaine

### Objectifs notionnels :

- L'étude de fossiles datés de 3 à 7 millions d'années montre des innovations caractéristiques de la lignée humaine (bipédie prolongée, forme de la mandibule).
- Le genre *Homo* regroupe l'espèce humaine actuelle et des espèces fossiles qui se caractérisent notamment par le développement de la capacité crânienne. Plusieurs espèces humaines ont cohabité sur Terre.

### Objectifs méthodologiques :

- Identifier et mettre en œuvre des pratiques scientifiques.
- Positionner quelques espèces fossiles dans un arbre phylogénétique, à partir de l'étude de caractères ou de leurs productions.
- Analyser des arguments scientifiques qui ont permis de préciser la parenté de *Homo sapiens* avec les autres *Homo*.

**Durée estimée :** 50-60 minutes en faisant les mesures de craniométrie.

## Présentation des documents

### Document 1 : La craniométrie, une des méthodes utilisées en paléanthropologie

Ce document ressource permet de réaliser les mesures sur les crânes du document 3.

Il propose deux mesures : l'angle facial et le rapport hauteur/longueur. Ce dernier est beaucoup plus compliqué à interpréter, donc si l'on souhaite raccourcir la durée de l'activité, on peut ne faire que la mesure de l'angle facial.

**Document 2 : Analyse des mandibules**

Ce document permet de comparer de manière simple la disposition des molaires sur les mandibules, avec une disposition parallèle chez le chimpanzé, et de plus en plus parabolique au sein des humains présentés.

On peut aussi observer la réduction des canines au sein des fossiles de la lignée humaine.

**Document 3 : Quelques fossiles de crânes de la lignée humaine**

Ce document présente six crânes vu du profil gauche, comme l'exige la convention en craniométrie. Nous avons choisi de mettre les points de mesure sur les crânes, afin de permettre aux élèves de réaliser seuls les mesures entre les points, et ainsi de faire la question 1 en autonomie. Un australopithèque a été ajouté, afin de pouvoir mettre en évidence les particularités du genre *Homo* par rapport aux genres plus anciens.

**À noter :** Les crânes ne sont pas du tout à la même échelle (*H. neanderthalensis* est en réalité 2 fois plus grand que *A. africanus* par exemple), mais comme on mesure un angle en degrés et un rapport de longueurs sans unité, les résultats seront comparables.

**Réponses attendues aux questions :**

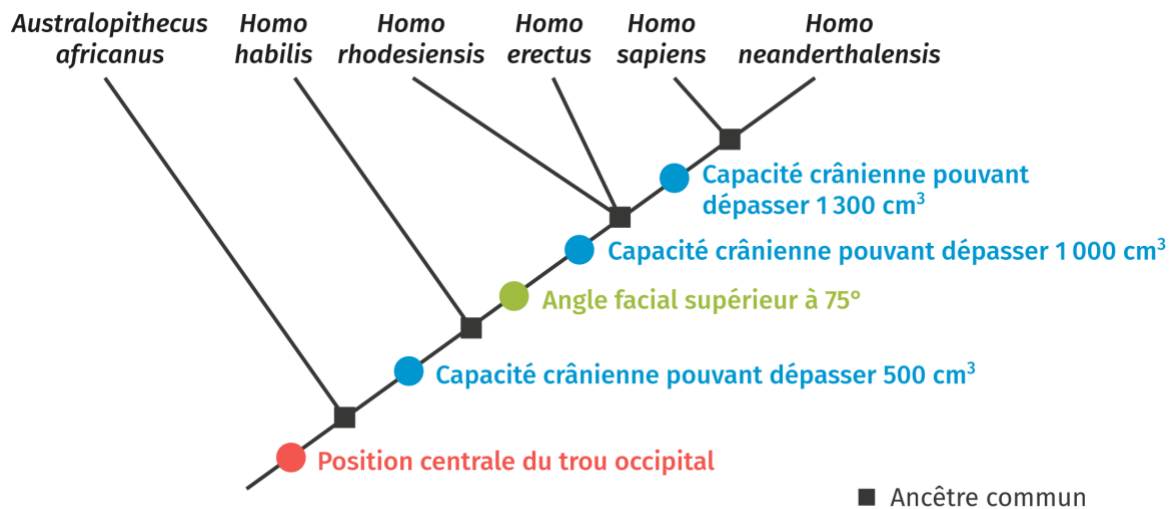
1.

	<b>A. africanus</b>	<b>H.habilis</b>	<b>H. rhodesiensis</b>	<b>H. erectus</b>	<b>H. neanderthalensis</b>	<b>H. sapiens</b>
<b>Angle facial</b>	64°	72°mesuré (68° maxi normale- ment)	86°	82°	76°	86°
<b>Rapport Hauteur/ longueur</b>	0,59	0,48	0,56	0,52	0,56	0,59
<b>Capacité crânienne (cm<sup>3</sup>)</b>	480	600	1 150	1 100	1500	1350
<b>Position du trou occipital</b>	Centrée	Centrée	Centrée	Centrée	Centrée	Centrée

2. La mandibule du chimpanzé est caractérisée par des dents de tailles et de formes différentes. On remarque que l'arc dentaire est en forme de U.

Entre les fossiles les plus anciens et *Homo sapiens*, on remarque que les dents ont une taille de plus en plus homogène et que l'arc dentaire est parabolique (plutôt en forme de V).

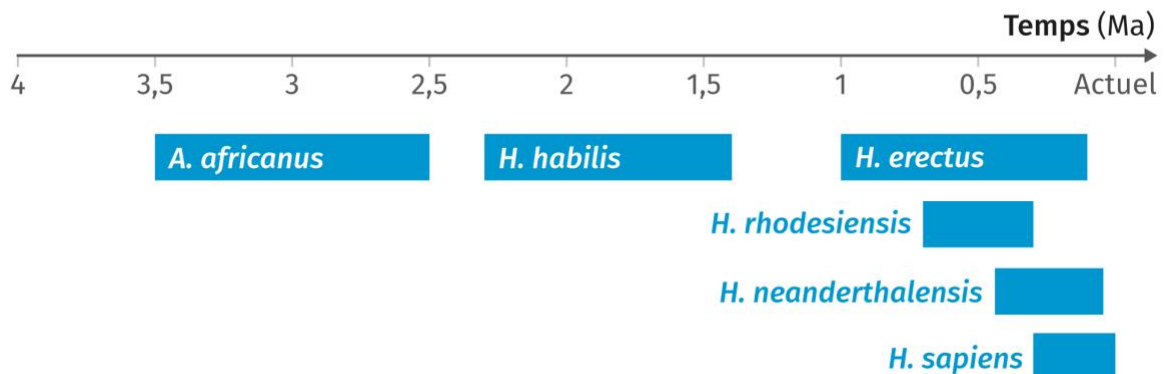
3.



Difficultés rencontrées : impossible de faire un arbre avec toutes les valeurs mesurées, on doit donc regrouper les valeurs de manière arbitraire (capacité crânienne, angle facial).

4.

#### Périodes d'existence des espèces humaines étudiées



5. On constate grâce aux réponses précédentes que la lignée humaine a comporté de nombreuses espèces avec des caractères très variés, et que de nombreuses espèces du genre *Homo* ont vécu aux mêmes périodes, en particulier à partir de -1 Ma.

6. On peut résumer ainsi les principales modifications des caractéristiques crâniennes de la lignée humaine :

- trou occipital centré en lien avec la bipédie ;
- augmentation de l'angle facial = diminution du prognathisme ;
- augmentation de la capacité crânienne ;
- denture de plus en plus homogène et arc dentaire de forme parabolique.

## Protocoles et résultats expérimentaux

### Faire de la craniométrie avec les logiciels Mesurim ou Lignée Humaine

#### Protocoles :

- Fiche détaillée sur le logiciel Homininés v3.0 :  
<http://tice.svt.free.fr/spip.php?article1374>
- Fiche détaillée sur le logiciel La lignée humaine :  
<http://tice.svt.free.fr/spip.php?article1398>
- Les fiches techniques permettant une mesure avec Mesurim peuvent être trouvées ici : <https://disciplines.ac-toulouse.fr/svt/fiches-techniques>



## Activité documentaire 4 : Les apports récents des données génétiques (p. 212)

Les progrès des biotechnologies, notamment en séquençage génétique, ont permis de faire de nouvelles découvertes sur l'histoire récente de la lignée humaine. Cette activité comporte une seule question bilan nécessitant de faire la synthèse des différents documents, et permet donc de s'entraîner pour l'étude de documents de type E3C.

→ Comment les données génétiques précisent-elles les relations de parenté entre les espèces humaines les plus récentes ?

**Lien avec le programme :** Partie 3.3 L'évolution humaine

### Objectifs notionnels :

- Le genre *Homo* regroupe l'espèce humaine actuelle et des espèces fossiles. Plusieurs espèces humaines ont cohabité sur Terre.

### Objectifs méthodologiques :

- Analyser des arguments scientifiques qui ont permis de préciser la parenté de *Homo sapiens* avec les autres *Homo*, et notamment la parenté éventuelle avec les Néandertaliens ou les Dénisoviens.
- Réaliser une synthèse à partir de plusieurs documents.

**Durée estimée :** 30 minutes.

## Présentation des documents

### Document 1 : Étude comparative des génomes humains

Ce document présente les proportions de séquence d'ADN néandertaliens au sein des populations humaines actuelles. Attention, avec ce document, le danger est d'argumenter que les populations africaines sont « à part », car ne possédant pas d'ADN néandertaliens.

Or une nouvelle étude de février 2020, basée sur de nouvelles méthodes de comparaison des génomes, a révélé que le génome des populations africaines possédait aussi une part de séquences attribuées à néandertal. Cf l'article original (en anglais) : [https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674\(20\)30059-3](https://www.cell.com/cell/fulltext/S0092-8674(20)30059-3) ou l'article en français plus accessible : [https://www.lemonde.fr/sciences/article/2020/02/04/neandertal-est-en-chacun-de-nous\\_6028308\\_1650684.html](https://www.lemonde.fr/sciences/article/2020/02/04/neandertal-est-en-chacun-de-nous_6028308_1650684.html).

Cela peut être l'occasion de réfléchir avec les élèves sur la rapide évolution des idées en paléanthropologie.

### Document 2 : Détermination génétique des dénisoviens

Ce document retrace l'histoire de l'identification possible d'une nouvelle espèce humaine à partir du séquençage de son ADN fossile.

**Document 3 : Relations connues entre les trois dernières espèces humaines**

Ce schéma résume les nouvelles relations entre les dernières espèces mises en évidence par les analyses moléculaires des ADN fossiles. Un des points intéressants est que l'analyse de ces génomes a mis à jour par déduction la probable existence d'une autre espèce humaine récente, mais dont aucun fossile n'a été découvert jusqu'à présent.

**Réponses attendues aux questions :**

L'utilisation des données moléculaires met en évidence que certaines populations humaines possèdent des séquences communes avec les néandertaliens ou avec les denisoviens. Ces séquences peuvent aller jusqu'à 5 % du génome des populations. (**doc. 1**)

Le séquençage permet de préciser et d'affiner les relations de parenté entre différentes espèces et de mettre en évidence de possibles hybridations (**doc. 3**), ou bien de découvrir une nouvelle espèce comme les denisoviens (**doc. 2**).

Le document 3 montre aussi qu'on a pu déterminer, grâce aux données génétiques, l'existence d'une autre espèce de la lignée humaine mais dont on a trouvé aucun fossile à ce jour.

**Ressources complémentaires :**

- Deux articles intéressants sur les apports des données moléculaires et les méthodes d'étude :
  - <https://theconversation.com/svante-paabo-neandertal-denisova-et-la-saga-de-ladn-ancien-99190>
  - <https://theconversation.com/comment-les-horloges-moleculaires-donnent-lheure-de-lespece-humaine-89573>
- Site très complet sur l'approche moléculaire : <http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/evolution/accompagnement-pedagogique/accompagnement-au-lycee/terminale-2012/un-regard-sur-levolution-de-lhomme/Vue-densemble/genetique-et-evolution-humaine>

**Protocoles et résultats expérimentaux**

**Comparer des séquences d'ADN d'*H. sapiens* et d'*H. neanderthalensis* et l'homme de denisova avec le logiciel Anagène sur [LLS.fr/ESTanagene](https://lls.fr/ESTanagene)**

**Protocole :**

- Activité complète proposée par l'académie de Versailles : <https://svt.ac-versailles.fr/spip.php?article1022>

**Résultats attendus :**

Voir le document de l'exercice 14 page 218.

## Activité documentaire 5 : La transmission non génétique des caractères humains (p. 213)

Cette activité documentaire vise à aborder avec les élèves le point du programme concernant la transmission non génétique de caractères (voir objectifs notionnels).

Pour des raisons de place, tous les caractères proposés ne sont pas traités dans cette activité, mais seulement l'utilisation d'outils et le microbiote. Le langage et les pratiques culturelles sont proposées en ressources numériques complémentaires.

→ Comment certains caractères se transmettent-ils de manière non génétique ?

**Lien avec le programme :** Partie 3.3 L'évolution humaine

### Objectifs notionnels :

- Certains caractères sont transmis de manière non génétique : microbiote, comportements appris dont la langue, les habitudes alimentaires, l'utilisation d'outils, etc.

### Objectifs méthodologiques :

- Analyser des documents.

**Durée estimée :** 30 minutes + 10 minutes avec les ressources numériques.

### Présentation des documents

#### Document 1 : Évolution de l'industrie lithique en Europe au cours du dernier million d'années

Ce document illustre l'évolution de l'industrie lithique, c'est-à-dire la production d'outils en pierre. On constate ainsi les progrès effectués, que l'élève peut facilement associer à la transmission de techniques par apprentissage, et l'amélioration au cours des générations. Entre -300 000 ans et moins 30 000 ans, la longueur de tranchant obtenue, donc l'efficacité de la taille de la pierre, a été multipliée par 10 environ.

#### Document 2 : Transmission du microbiote humain

Ce document fait appel à des connaissances de seconde sur le microbiote. On constate de manière visuelle que le microbiote des bébés nés par voie basse est très proche du microbiote de l'appareil génital de la mère, tandis que les bébés nés par césarienne ont un microbiote plus proche de celui de la peau de la mère. Il y a donc une transmission au moment de l'accouchement.

**Réponses attendues aux questions :**

**1. Doc. 1 :** Amélioration de la technique : on passe d'éléments aménagés à taillés, puis à poli. La longueur du tranchant est de plus en plus importante au fil des générations : les techniques sont transmises par apprentissage et on constate une amélioration des techniques au fil des générations.

**Doc. 2 :** Transmission du microbiote par contact mère-enfant, en particulier lors de l'accouchement.

D'autres caractères transmis non génétiques : le langage, la culture.

**Ressources complémentaires :**

- Visualiser l'arbre de parenté des langues indo-européennes : ce document peut facilement être projeté et commenté avec les élèves pour illustrer la notion de transmission, et le rapprochement peut être fait avec des arbres phylogénétiques étudiés en début de chapitre.
- Visiter virtuellement la grotte de Lascaux pour découvrir l'art pariétal ([LLS.fr/ESTP213](https://www.lls.fr/ESTP213))
- Documents complets sur le microbiote dans le manuel de SVT seconde p. 273 (<https://www.lelivrescolaire.fr/page/6095142>) ou p. 282 (<https://www.lelivrescolaire.fr/page/6095176>).



# Exercices

## Zone d'échauffement (p. 216)

**1. Les humains actuels :**

- a. sont des primates.

**2. Les primates sont caractérisés par :**

- b. un pouce opposable aux autres doigts.

**3. Les chimpanzés :**

- b. sont les plus proches parents des humains actuels.

**4. Les plus vieux fossiles de la lignée humaine ont été trouvés en :**

- b. Afrique.

**5. La lignée humaine se sépare de celle des chimpanzés :**

- c. il y a plus de 7 Ma.

**6. Les fossiles attribués à la lignée humaine sont toujours caractérisés par :**

- a. une bipédie.

**7. Le genre *Homo* :**

- c. est actuellement constitué d'une seule espèce.

**8. L'évolution du genre *Homo* est marquée par :**

- b. une augmentation du volume cérébral.

**9. La reconstitution de l'histoire évolutive précise de la lignée humaine :**

- c. est toujours débattue.

**10. Quels caractères se transmettent de façon génétique ?**

- b. La forme de la mandibule.

**11. Justifier cette phrase du professeur d'Histoire Yuval Noah Harari :** « Un sophisme\* commun est d'imaginer une ascendance linéaire, avec l'ergaster qui engendre erectus, qui engendre néandertal, qui lui-même mène à nous. »

L'évolution de la lignée humaine est buissonnante. Plusieurs espèces comme *H. ergaster* et *H. erectus*, ou encore *H. erectus* et *H. néandertal*, et enfin *H. neandertal* et *H. sapiens* cohabitent et donc ne peuvent s'engendrer l'un l'autre linéairement. La logique de cette phrase est donc bien invalide (sophisme).



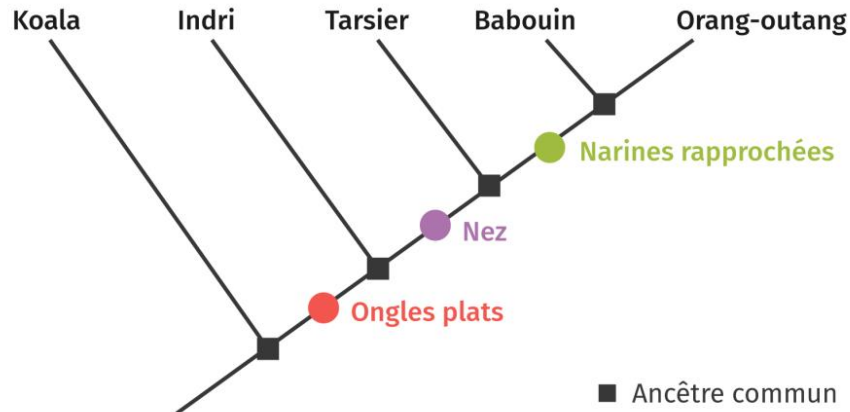
## L'atelier des apprentis (p. 217)

### 12. Les liens de parenté des primates

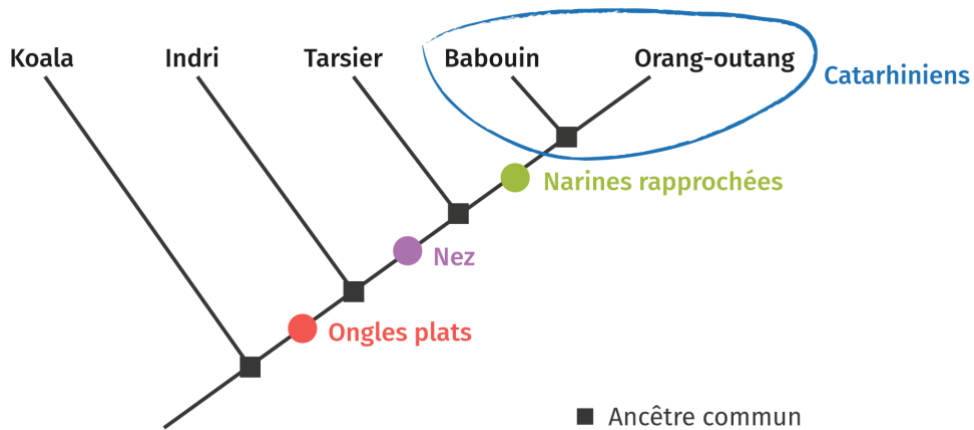
**Compétence principalement travaillée :** Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

**Correction :**

1.



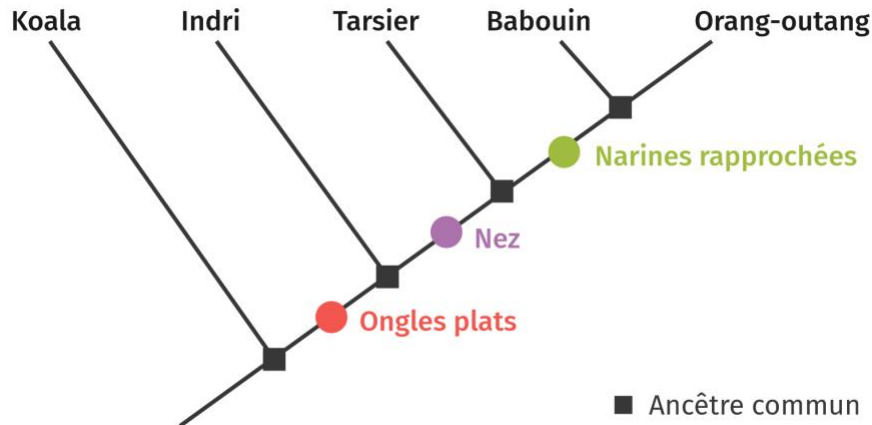
2.



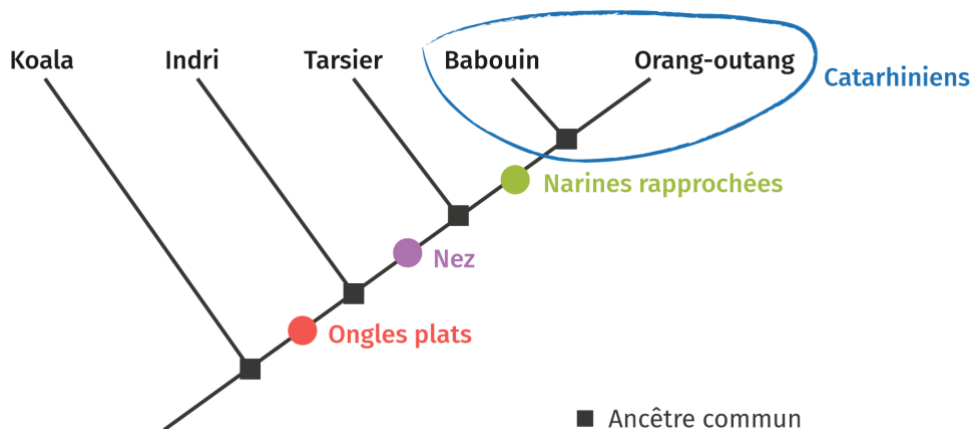
Correction de l'exercice décliné en version initié :

**Compétence principalement travaillée :** Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

**1. Construire l'arbre phylogénétique des espèces présentées en n'oubliant aucune indication.**



**2. Entourer sur cet arbre le groupe des catarhiniens (primates à narines rapprochées).**



**3. À partir de l'analyse de cet arbre, déterminer quel le plus proche parent du babouin, en le justifiant.**

Le plus proche parent du babouin est l'orang-outang, car ces deux espèces sont les seules étudiées ici à posséder des narines rapprochées. Elles partagent donc un caractère exclusif et ont un ancêtre commun exclusif.

**13. *Homo naledi*, espèce humaine ?**

**Compétence principalement travaillée :** Analyser des arguments scientifiques afin de préciser la parenté d'espèces avec le genre *Homo*

**Correction :**

La lignée humaine est caractérisée par la bipédie, point commun à tous ses représentants. Cependant, le genre *Homo* est caractérisé en particulier par une augmentation de la capacité crânienne. Or, la capacité crânienne de *H. naledi* (550 cm<sup>3</sup>) se rapproche du genre *Australopithecus*. De plus, on remarque un fort prognathisme de *H.naledi* tout comme *Australopithecus*. D'un point de vue purement crânien, *H. naledi* semble être plus proche du genre *Australopithecus*.

## Le repaire des initiés (p. 218-219)

### 14. *Homo sapiens* et *Homo neanderthalensis*, une seule ou deux espèces ?

**Compétence principalement travaillée :** Mettre en relation la ressemblance génétique entre les espèces de primates et leur degré de parenté

**Correction :**

1. *Homo sapiens* comme *H. neanderthalensis* possèdent tous deux un ancêtre commun qui leur est exclusif. De plus, les représentants de ces lignées appartiennent clairement à deux lignées à part entière (pas d'interconnection).

2. De la même manière que précédemment, l'homme de Denisova apparaît clairement dans une lignée à part et ne fait partie d'aucune de ces deux espèces. Voir document 3 activité 4, en lien avec cet exercice.

### 15. Les humains, descendants des singes ?

**Compétence principalement travaillée :** Exercer un esprit critique

**Correction :**

L'homme est un primate (et donc un singe). Il a un ancêtre commun avec tous les singes/primates actuels et donc un ancêtre primate qui n'est ni un homme, ni un chimpanzé, ni tout autre primate actuel.

Le dessin véhicule la notion d'évolution linéaire : ici, le chimpanzé donne un australopithèque qui donne un homme préhistorique qui donne l'homme moderne. Or, l'évolution humaine (à l'instar de bien d'autres espèces) est buissonnante et pas du tout linéaire.

De plus, le chimpanzé serait l'ancêtre de l'homme. Comment peut-il être son ancêtre et vivre encore de nos jours ?

### 16. Les pratiques alimentaires des premiers humains

**Compétence principalement travaillée :** Pratiquer une démarche scientifique

**Correction :**

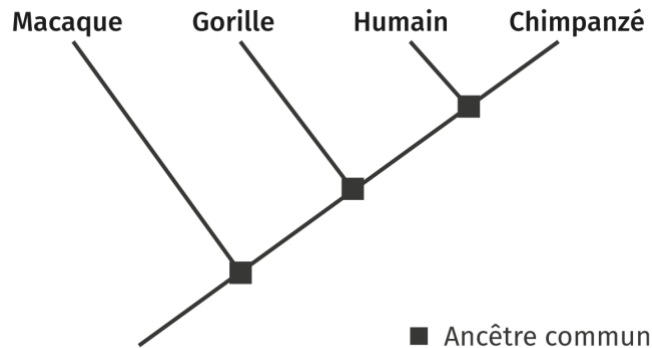
Les traces de boucherie visibles sur des os démontrent que les premiers humains consommaient de la viande en la découpant, donc en la préparant. D'autres indices, comme l'analyse des traces sur les dents fossiles, ont permis de montrer que le régime alimentaire des premiers humains était omnivore, avec une consommation de viande très limitée et des aliments majoritairement d'origine végétale.

### 17. Une phylogénie des primates précisée à l'aide de données moléculaires

**Compétence principalement travaillée :** Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique

**Correction :**

1.



2. Le chimpanzé est l'espèce la plus apparentée aux humains car c'est elle qui possède le plus de similitudes au niveau des séquences étudiées.

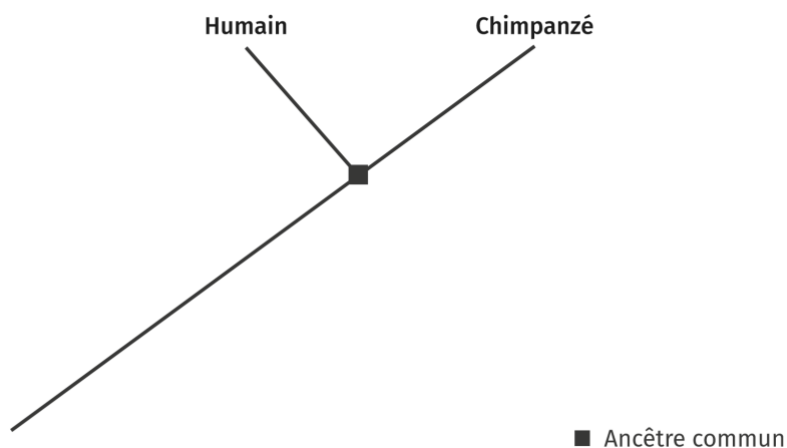
**Correction de l'exercice décliné en version apprenti :**

**Compétence principalement travaillée :** Analyser des matrices de caractères afin de construire un arbre phylogénétique.

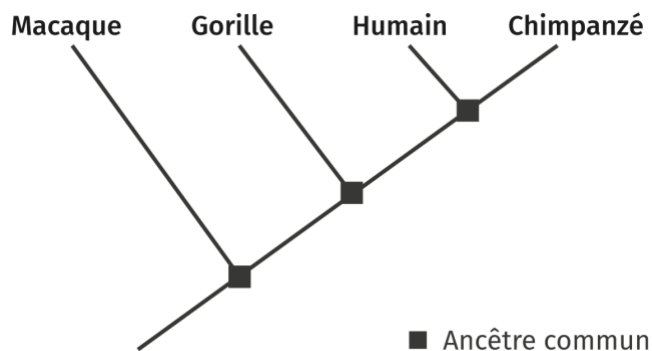
1. Indiquer quelle est l'espèce dont la séquence des opsines se rapproche le plus de celle de l'humain. Faire de même pour la séquence des gènes MYH16 et ASPM.

La séquence protéique qui se rapproche le plus de celle des humains pour l'opsine bleue est celle du chimpanzé, avec 100 % d'identité. Il en est de même pour les séquences des gènes MYH16 et ASPM.

2. Commencer à construire un arbre phylogénétique basé sur ces données moléculaires, à partir de votre réponse à la question 1 et sachant que la proximité génétique doit se traduire par une plus forte parenté sur le plan phylogénétique.



3. À partir des données de comparaison des autres espèces au tableau, compléter votre arbre phylogénétique en appliquant le même raisonnement qu'aux questions 1 et 2.





## Le coin des experts (p. 220)

### 18. Le débat sur l'origine d'*Homo floresiensis*

**Compétence principalement travaillée :** Analyser des arguments scientifiques afin de préciser la parenté d'espèces avec le genre *Homo*

**Correction :**

Les liens de parenté d'*Homo floresiensis* font débat. Autrefois soupçonné d'être un *H. sapiens* atteint de pathologies (de type nanisme), on le place désormais proche de *H. erectus*, mais cela est encore discutable.

Dans un premier temps, les fossiles de *H. floresiensis* ont été découverts dans des zones géographiques très proches de celles où ont été découverts les fossiles de *H. erectus*, et leur datation assez récente est beaucoup plus proche de celle des fossiles de *H. erectus* en Asie. Par contre, un arbre phylogénétique établi récemment (2017), présenté dans le document 2, place *H. floresiensis* très proche de *H. habilis* d'après l'étude de 113 données anatomiques, et donc avec une parenté moindre qu'avec *H. erectus*.

Le document 4 présente la comparaison des crânes des trois espèces d'*Homo* considérées. Cette comparaison montre que certains caractères de *H. floresiensis* sont proches de *H. habilis* (volume cérébral faible), d'autres proches de *H. erectus* (crâne relativement épais, os occipital anguleux) alors que d'autres encore sont propre à *H. floresiensis* (dents de petites tailles).

Enfin, le document 3 montre que les os du pied sont proches de ceux d'un *H. habilis*, et éloignés d'humains plus récents comme *H. erectus*.

Nous avons donc plusieurs critères, comme la localisation et la datation des fossiles et certains caractères anatomiques, qui rapprocheraient *H. floresiensis* de *H. erectus*. Mais l'étude de nombreuses données anatomiques, dont la structure du pied, montre une plus étroite parenté avec *H. habilis*. C'est pour cela que la classification de *H. floresiensis* fait encore débat au sein de la communauté scientifique.

**Correction de l'exercice décliné en version initié :**

**Compétence principalement travaillée :** Analyser des arguments scientifiques afin de préciser la parenté d'espèces avec le genre *Homo*.

**1. À partir de l'ensemble des documents, relever dans un tableau les arguments en faveur d'une forte parenté d'*Homo floresiensis* avec *H. erectus*, d'une part, ou avec *H. habilis* d'autre part.**

<b>Arguments en faveur d'une forte parenté d'<i>Homo floresiensis</i> (Hf) avec :</b>	
<b><i>H. erectus</i></b>	<b><i>H. habilis</i></b>
<b>Doc. 1 :</b> Datation et localisation en Indonésie des fossiles de Hf très proches de ceux d' <i>H. erectus</i> et très éloignés d' <i>H. habilis</i> (en Afrique).	<b>Doc. 2 :</b> proximité phylogénétique plus forte entre Hf et <i>H. habilis</i> basée sur 133 données anatomiques.
	<b>Doc. 3 :</b> structure du pied de Hf plus proche de celle d' <i>H. habilis</i> que des humains plus récents comme <i>H. erectus</i> .
<b>Doc. 4 :</b> - crâne de Hf relativement épais ; - os occipital anguleux.	<b>Doc. 4 :</b> volume cérébral de Hf faible comme <i>H. erectus</i> .

**2. À l'aide de la réponse précédente, expliquer pourquoi les liens de parenté de *H. floresiensis* font l'objet d'un débat au sein de la communauté scientifique.**

Le tableau montre qu'il y a plusieurs arguments en faveur de chaque hypothèse de parenté, il est donc difficile de trancher en faveur d'une parenté plus forte avec *H. erectus* qu'avec *H. habilis*, car cela dépend du critère que l'on étudie. Le débat est donc toujours vif au sein des scientifiques.