

Corrigé et barème – L'évolution humaine

Place d'Homo sapiens parmi les primates, ancêtres communs, lignée humaine (fossiles, bipédie, cerveau), Néandertal et Denisova, apports de la paléogénomique (programme d'enseignement scientifique de Terminale)

Durée : 120 min – Sans document – Sur 20 points · Terminale

Exercice 1 – Homo sapiens, un primate

(4 pts)

- a) Par exemple : pouce opposable aux autres doigts ; ongles plats ; orbites orientées vers l'avant (vision binoculaire). Deux suffisent. (1)
- b) L'absence de queue. Autres hominoïdes : gibbon, orang-outan, gorille, chimpanzé, bonobo (deux au choix). (1)
- c) Le chimpanzé et le bonobo : leurs génomes ne diffèrent du nôtre que d'environ 1,2 % sur les séquences comparables, moins que tout autre primate. (1)
- d) Homme et chimpanzé sont deux espèces actuelles issues d'un ancêtre commun (≈ 7 Ma) ; le chimpanzé a évolué pendant la même durée que nous : il n'est ni notre ancêtre ni « resté primitif ». (1)

Erreur fréquente — Une espèce actuelle n'est jamais l'ancêtre d'une autre espèce actuelle : on parle d'ancêtre commun.

Exercice 2 – Une matrice de distances

(4 pts)

- a) Chimpanzé et bonobo : 2 différences, la plus petite distance de la matrice (0,4 %) ; ils partagent l'ancêtre commun le plus récent. (1)
- b) Groupe (Chimpanzé, Bonobo) ; distance à l'Homme $(5 + 5) \div 2 = 5$, au gorille $(9 + 9) \div 2 = 9$; Homme–gorille = 8 ; la plus petite est 5 : l'Homme rejoint le groupe ; le gorille se branche en dernier. Arbre : (Gorille, (Homme, (Chimpanzé, Bonobo))). (1)
- c) Homme–chimpanzé = Homme–bonobo = 5. Chimpanzé et bonobo ont le même ancêtre commun avec l'Homme : depuis, la même durée s'est écoulée sur chaque lignée, donc autant de différences se sont accumulées. (1)
- d) Le gorille est une espèce actuelle, placée en bout de branche : il est le groupe le plus éloigné, pas un ancêtre. L'ancêtre commun des quatre espèces est une population disparue, située au nœud de l'arbre. (1)

Le point clé — On regroupe toujours la paire de plus petite distance de toute la matrice, puis on recalcule les distances moyennes.

Exercice 3 – Reconnaître un bipède

(4 pts)

- a) Le trou occipital, par où passe la moelle épinière, est centré sous le crâne : la tête repose en équilibre au sommet d'une colonne verticale, comme chez l'Homme. (1)
- b) Il soutient les viscères en position debout et offre de larges surfaces d'attache aux muscles fessiers qui stabilisent le corps à chaque pas. (1)
- c) Trou occipital centré, bassin court et large, fémur oblique (12° , comme l'Homme et non comme le gorille) : trois indices convergents, G était bipède. La colonne n'étant pas conservée, elle n'apporte pas d'argument. (1)
- d) La bipédie existe dans la lignée humaine dès ≈ 7 Ma, bien avant le genre Homo ($\approx 2,8$ Ma) : elle rattache G à la lignée humaine. Pour le genre Homo, il faudrait des arguments crâniens (volume cérébral, face réduite, mâchoire parabolique). (1)

Attention — Un caractère non conservé ne s'utilise pas : on conclut avec les indices disponibles, et au moins deux doivent converger.

Exercice 4 – Horloge moléculaire et fossiles

(4 pts)

- a) $v = 3,0 \div 13 \approx 0,23$ % de différences par million d'années (entre les deux lignées). (1)
- b) $t = 13 \times 1,4 \div 3,0 \approx 6,07$, soit environ 6,1 Ma. (1)
- c) Si Toumaï appartient à la lignée humaine, la divergence doit être antérieure à 7 Ma ; or l'horloge donne 6,1 Ma, date plus récente. Il y a contradiction : soit la date moléculaire est sous-estimée, soit Toumaï n'appartient pas à la lignée humaine (sa position est d'ailleurs discutée). (1)
- d) Par exemple : la vitesse a pu être plus faible dans les lignées de l'Homme et du chimpanzé (durée de génération plus longue) que ne le suppose l'étalonnage, ou plusieurs mutations successives au même site masquent des différences sur la longue durée (13 Ma). (1)

Repère — Une date moléculaire se confronte toujours aux fossiles : un fossile de la lignée humaine plus ancien que la divergence estimée signale un problème.

Exercice 5 – Un Homo sapiens au génome métissé

(4 pts)

- a) Parts : 50 % (1 génération), 25 % (2), 12,5 % (3), 6,25 % (4). La valeur 7 % est proche de 6,25 % : l'ancêtre néandertalien remonte probablement à environ 4 générations (un arrière-arrière-grand-parent). (1)
- b) À chaque génération, la recombinaison lors de la formation des gamètes découpe les segments hérités : des segments longs signifient que peu de générations se sont écoulées depuis le croisement. (1)
- c) Les descendants des hybrides se sont ensuite reproduits surtout avec des sapiens, ce qui a dilué l'ADN néandertalien à chaque génération ; de plus, certains allèles néandertaliens défavorables ont été éliminés par la sélection naturelle. (1)
- d) On séquence l'ADN d'un reste, même minuscule (phalange, dent) ; s'il diffère nettement de celui de Néandertal et de celui de sapiens, il révèle une lignée distincte. C'est ainsi que Denisova a été identifiée en 2010. (1)

À retenir — La part d'ADN archaïque est divisée par deux à chaque génération sans nouveau croisement, et les segments raccourcissent.