

ÉVALUATION physik.fr

CLASSE : Terminale

VOIE : ☒ Générale

DURÉE DE L'ÉPREUVE : 1 h

E3C : ☐ E3C1 ☒ E3C2 ☐ E3C3

ENSEIGNEMENT : Enseignement scientifique

CALCULATRICE AUTORISÉE : ☒ Oui ☐ Non

Thème « Une histoire du vivant »

L'évolution humaine : de la reconstitution du passé jusqu'aux prévisions pour le futur de l'espèce

Sur 10 points

Dater l'origine d'*Homo sapiens* et son lieu de naissance (la région où il est observé pour la première fois) n'est pas facile. Si nous disposons de données directes concernant les liens de parenté entre *Homo sapiens* et les espèces actuelles, les chercheurs n'ont à leur disposition que des ossements fossiles souvent partiels et dont la datation n'est pas toujours précise pour étudier les autres espèces du genre *Homo*. Le plus ancien représentant ayant livré des ossements est l'*Homo habilis* dont les plus anciennes traces remontent à environ 2,8 millions d'années, mais des outils vieux de 3.3 millions d'années ont été découverts au Kenya dont on ne connaît pas l'auteur.

Source : d'après le site du Museum national d'Histoire Naturelle

L'objectif de cet exercice est de comprendre les fondements de la construction des scénarios évolutifs passés de l'espèce humaine et de discuter de leur validité.

Partie 1 – Modélisation des liens de parenté entre *Homo sapiens* et les autres espèces actuelles

Document 1 – Pourcentage des ressemblances dans la séquence du gène de la NADH déshydrogénase chez trois espèces

	Homme	Chimpanzé	Gorille
Homme	100	89	86,5
Chimpanzé		100	87,8
Gorille			100

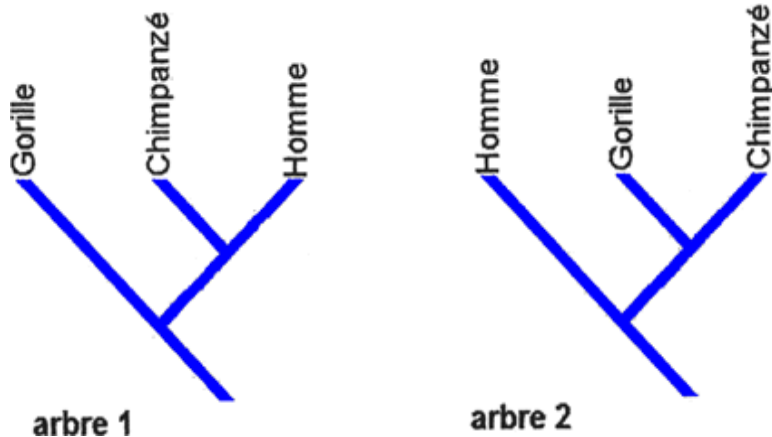
Source : d'après le logiciel Anagène

Anagène est un logiciel pédagogique d'analyse de séquences nucléiques et protéiques proposé par le CNDP (Centre National de Documentation Pédagogique, devenu aujourd'hui Canopé). Il s'appuie sur des traitements présents dans les logiciels :

- Seqaid II (D.D. Rhoads et D.J. Rouffa, université du Kansas) ;
- Clustalw (D. Higgins, European Molecular Biology Laboratory [EMBL]) ;
- Antheprot (G. Deléage, Institut de biologie et de chimie des protéines à Lyon).

Source : documentation d'Anagène, ENS Lyon

- 1- Indiquer sur votre copie la lettre correspondant à **la** proposition exacte : un pourcentage élevé de similitudes génétiques entre deux espèces est un argument pour dire que :
 - A. l'ancêtre commun aux deux espèces est ancien ;
 - B. l'ancêtre commun aux deux espèces est récent ;
 - C. l'une des deux espèces est l'ancêtre de l'autre ;
 - D. les deux espèces n'ont pas d'ancêtre commun.
- 2- À partir des informations du document 1, expliquer pourquoi l'on ne peut pas valider de manière certaine l'un ou l'autre des arbres de parenté (arbre 1, arbre 2) ci-dessous.



- 3- En considérant la source du document 1, discuter de la fiabilité des données scientifiques proposées.

- 4- D'après vos connaissances, expliquer quelle démarche doit être mise en œuvre par les scientifiques pour valider l'un des deux arbres de parenté proposés sur la figure précédente (arbre 1, arbre 2).

Partie 2 – Étude des liens de parenté entre *Homo sapiens* et les autres espèces du genre *Homo*

Document 2 – L'Homme de Neandertal, notre « cousin » disparu

L'Homme de Neandertal (*Homo néanderthalensis*) a vécu en Europe aux côtés des Hommes modernes (*Homo sapiens*) durant plus de 10 000 ans.

L'étude des gènes des néanderthaliens suggère que, tout en étant très proches des Hommes modernes (*Homo sapiens*), ils sont suffisamment distants pour que l'on puisse considérer qu'il s'agit bien d'une espèce différente. D'après les études des fossiles et la comparaison de l'ADN des deux espèces, leur dernier ancêtre commun aurait vécu il y a environ 400 000 ans.

Source : d'après *Le Monde* du 8 mai 2010

Document 3 – Un nouveau venu dans la famille humaine : l'Homme de Denisova

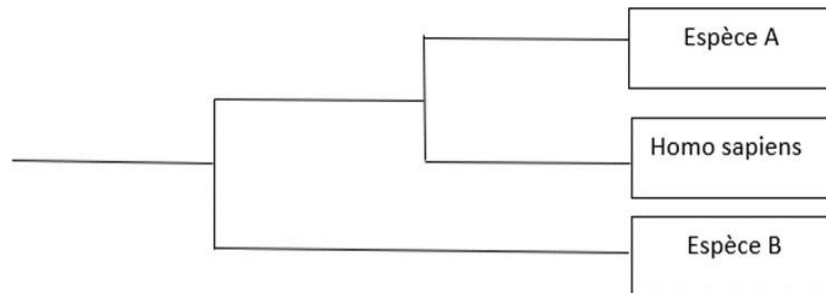
Pour la première fois, en 2010, une nouvelle espèce humaine a été décrite non pas grâce à des données anatomiques, mais d'après des analyses génétiques.

L'ADN d'un os trouvé dans une grotte de Sibérie, daté d'un peu moins de 40 000 ans, appartient à un individu du genre *Homo* mais ce n'est ni un *sapiens*, ni un néanderthalien. Ceci signifie qu'à une époque où les deux espèces du genre *Homo* (*sapiens* et *néanderthalensis*) cohabitaient, un proche « cousin » subsistait lui aussi en Eurasie : l'Homme de Denisova (*Homo denisovensis*).

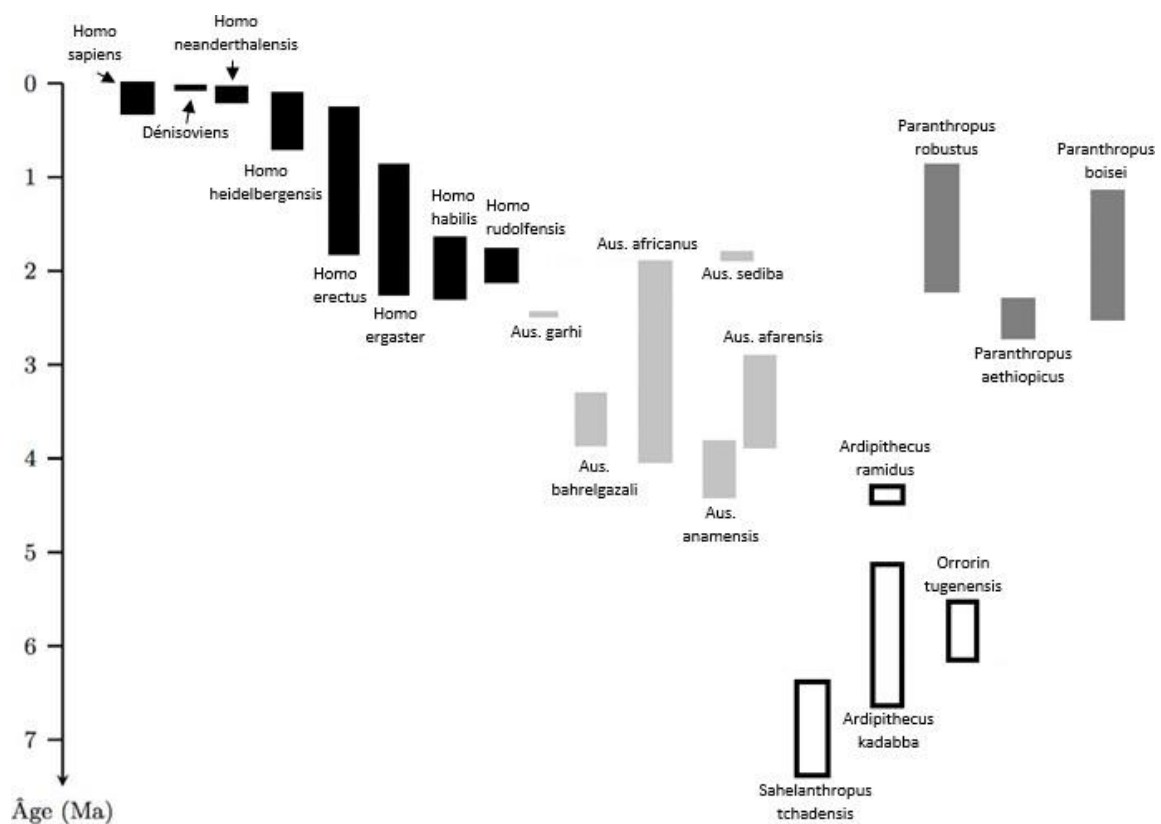
En comparant son ADN à celui des Hommes modernes (*H. sapiens*) et des néanderthaliens, les chercheurs ont constaté que les différences étaient deux fois plus nombreuses entre le nouvel homininé et nous que celles qui nous séparent de Neandertal. Ceci signifie qu'il faut remonter à plus d'un million d'années pour retrouver l'ancêtre commun à l'Homme de Denisova, à Neandertal et à l'Homme moderne (*H. sapiens*).

Source : d'après *Pour La Science* n°386

- 5- À l'aide des informations extraites des documents 2 et 3, identifier les espèces A et B du schéma suivant en justifiant le choix :



Document 4 – Répartition temporelle des espèces d'homininés



Source : d'après <https://planet-terre.ens-lyon.fr>

- 6- Expliquer en quoi les données du document 4 sont cohérentes avec les informations des documents 2 et 3.
- 7- On dit que l'évolution humaine est « buissonnante ». Justifier cette affirmation en exploitant le document 4.