

Mise en situation et recherche à mener

Les premiers fossiles d'*Homo heidelbergensis* ont été identifiés en 1907, dans une sablière près de Heidelberg, en Allemagne. Depuis, plusieurs autres fossiles ont été mis à jour et datés entre -800 000 ans et -200 000 ans. Il aurait une origine africaine mais serait surtout européen.

Pour certains scientifiques, ce serait un Homme de Neandertal très ancien (ce qui expliquerait son volume cérébral plus faible que Neandertal). Mais, pour d'autres, *Homo heidelbergensis* pourrait aussi être une espèce à part (ancêtre de l'Homme de Neandertal ou d'*Homo sapiens* ?), voire un *Homo erectus* tardif.

Enfin, en 2013, l'ADN mitochondrial d'*Homo heidelbergensis* a été comparée à celle de *Homo neanderthalensis*.

On cherche à déterminer quelle hypothèse serait confortée par l'étude des caractéristiques crâniennes et génétiques d'*Homo heidelbergensis*

Ressources

Document 1 : Paramètres crâniens de 3 représentants du genre Homo

espèces paramètres	Homo erectus	Homo sapiens	Homo neanderthalensis
angle facial	75° à 80°	82° à 88°	71 à 89°
Volume cérébral	1000	1400	1650
Ages	1,7 à 0.5 Ma	200 000 ans à actuel	250 000 et 28 000 ans

Angle facial : angle entre la base du crâne et la face

Document 2 :

Caractéristiques et crâne d'*Homo heidelbergensis*



<http://www.hominides.com>

Age : - 800 000 à - 200 000 ans

Taille : 1,60 m

Poids : 65 - 80 kg

Vol. cérébral : 1200 cm³

Feu maîtrisé

Fabrication d'outil inconnue

Réparation géographique : Grèce, Ethiopie, Gambie, Grande-Bretagne, Espagne).

Matériel :

- photographie et/ou moulage de crânes
- logiciel mesurim et phylogène ou anagène

Etape 1 : Concevoir une stratégie pour résoudre une situation-problème (durée maximale : 10 minutes)

Proposer une démarche d'investigation permettant de **conforter**, avec le matériel fourni, l'une des 3 hypothèses.

Appeler l'examineur pour obtenir la suite du sujet.

Votre proposition sera faite à l'écrit (utiliser les feuilles réponse candidat jointe).

Etape 2 : Mettre en œuvre un protocole de résolution pour obtenir des résultats exploitables

Mettre en œuvre les 2 protocoles fournis afin de déterminer si *Homo heidelbergensis* correspond à un *Homo erectus*, à *homo neanderthalensis* ou à une espèce à part.

Appeler l'examineur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.

Etape 3 : Présenter des résultats pour les communiquer

Présenter les résultats afin de présenter les caractéristiques de ce fossile.
(capture d'écran, tableau de comparaison, schémas ...)

Répondre sur la fiche-réponse, appeler l'examineur pour vérification de votre production.

Etape 4 : Exploiter les résultats obtenus pour répondre au problème

Exploiter les résultats pour déterminer laquelle des 3 hypothèses est confortée.
Penser à exploiter les documents 1 et 2 de l'étape 1

Répondre sur la fiche-réponse.

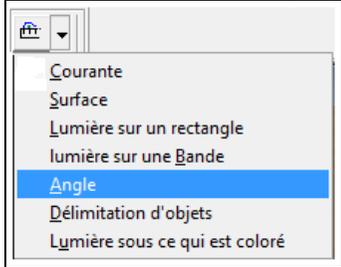
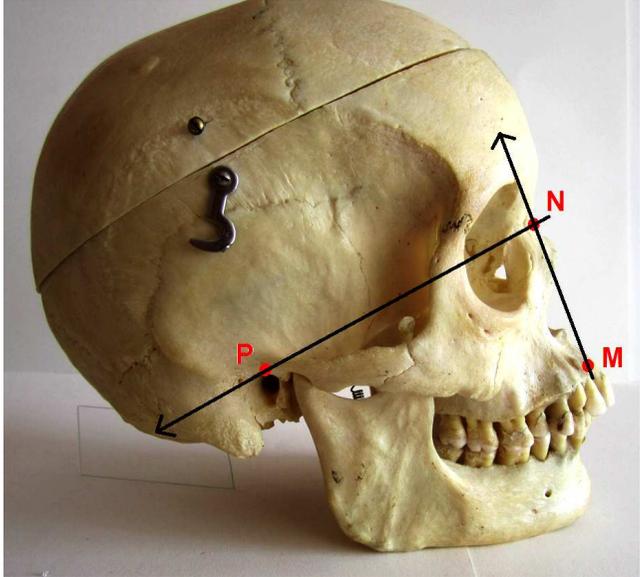
1. Mesure de l'angle facial avec le logiciel Mesurim

=> Les photographies de crânes de *Homo heidelbergensis* sont sur le serveur

L'inclinaison de la face peut être évaluée en mesurant l'angle (PNM) entre :

- la droite MN (M = mandibule et N = nez)
- la droite NP (P = base os pariétal)
- Le point P si situe juste au-dessus du trou auditif

Attention : C'est un mesure d'angle orientée entre deux vecteurs ; le sens des vecteurs a une influence sur le résultat. La mesure se fait dans le sens trigonométrique.

<ol style="list-style-type: none"> 1. Ouvrir dans mesurim l'image du crâne à étudier. 2. Dans « type de mesures », choisir « angle ».  <ol style="list-style-type: none"> 3. Choisir une épaisseur et couleur de trait puis tracer le vecteur MN puis le vecteur NP (voir ci-contre) 4. L'angle qu'ils forment sera indiqué au bas à droite de la fenêtre. 	<p style="text-align: center;">Localisation des points de référence</p> 
---	---

=> faire au moins 3 mesures pour obtenir une moyenne

Appeler l'examineur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.

2. Utiliser le logiciel Phylogène pour établir une parenté

- Dans le logiciel **Phylogène**, ouvrir le fichier **h_heidelbergensis.aln**, fichier de molécules établit à partir de l'ADN mitochondrial de différents représentant du genre Homo.
- Utiliser les fonctionnalités du logiciel afin d'obtenir un arbre phylogénique et la matrice ayant permis de l'obtenir.

Appeler l'examineur pour vérifier les résultats et éventuellement obtenir une aide.