



HAL
open science

Un ours dans les étoiles, recherche phylogénétique sur un mythe préhistorique.

Julien d'Huy

► **To cite this version:**

Julien d'Huy. Un ours dans les étoiles, recherche phylogénétique sur un mythe préhistorique.. Préhistoire du Sud-Ouest, 2012, 20 (1) (1), pp.91-106. hal-00825883

HAL Id: hal-00825883

<https://hal.science/hal-00825883>

Submitted on 25 Jul 2013

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Julien d'Huy

Institut Marcel Mauss (UMR 8178) - Equipe LIAS

École des Hautes Etudes en Sciences Sociales (France)

dhuy.julien@yahoo.fr

<http://ehess.academia.edu/JulienDHuy>

Un ours dans les étoiles : recherche phylogénétique sur un mythe Préhistorique

Résumé

Cet article montre que les sociétés paléolithiques d'Europe de l'Ouest **assemblaient déjà les étoiles pour former des constellations**. Il présente également une méthode répliquable pour reconstituer scientifiquement la mythologie préhistorique.

En Eurasie et en Amérique du Nord, les étoiles formant le bras de la constellation dite de la Casserole sont souvent interprétées comme des chasseurs, et la casserole elle-même comme un cervidé ou un ours, poursuivi ou tué par ces assaillants. Ce motif est inconnu sur les autres continents, ainsi qu'en Arctique où la constellation est pourtant bien visible.

Le lien entre cette constellation et la chasse cosmique ne doit donc rien au hasard, et ne peut s'expliquer que par d'anciens liens historiques unissant les diverses traditions.

Nous sommes partis du postulat suivant : plus deux mythes divergent, plus leur distance géographique est grande, géographiquement et temporellement parlant. A partir d'une banque de données incluant les différentes versions du mythe unissant Casserole et chasse cosmique, nous avons codé chaque trait caractéristique de la famille de mythes par un 0 ou par un 1 selon sa présence ou son absence dans la version étudiée. Les versions ont été sélectionnées afin d'inclure de nombreux traits caractéristiques, et refléter le plus largement possible les variations mythologiques connues de ce mythe. Au final, la matrice contient 44 traits codés de façon binaire (0/1) pour 18 mythes, amérindiens, asiatiques et européens. Puis nous avons traité les caractéristiques des

versions étudiées comme des traits distribués le long d'unités taxonomiques (mythes). Il existe en effet de nombreuses analogies entre l'évolution des gènes et l'évolution des mythes. Par exemple, il s'agit dans les deux cas de systèmes de répllication basés sur des unités discrètes (gènes / mythèmes), héréditaires, naturellement ou socialement sélectionnées et généralement transmises verticalement ; de plus, ces systèmes évoluent selon un principe de descendance avec modification. Ces rapprochements donnent l'espoir que des méthodes phylogénétiques permettront de traiter efficacement les versions d'un même mythe et de retrouver un signal historique cohérent.

Nous avons ensuite traité les caractères mythologiques codés de façon binaire grâce à un algorithme phylogénétique de distance : Bio Neighbor Joining (arbre 1), implémenté dans SplitsTree4, afin de déterminer l'arbre historique optimal pour rassembler l'ensemble des données mythologiques de notre corpus (Score Delta = 0.3239 ; Q-residual score = 0.06324; 10.000 bootstraps).

Puis, employant Mesquite 2.75, nous avons obtenu un nouvel arbre à partir de la même matrice de données. Celui-ci a été obtenu en minimisant au maximum le nombre de changements dans l'arbre et la matrice. Nous avons alors utilisé la méthode SPR (subtree pruning and regrafting) pour tester la disposition de l'arbre dans l'espace ; cet algorithme heuristique permute des parties de l'arbre, en cherchant à obtenir le meilleur arbre possible. Nous avons ainsi obtenu l'arbre 2 (enraciné chez les Khanty, treelength for character matrix: 74;

CI: 0.59 z; RI: 0.71). Les arbres obtenus avec les logiciels Mesquite et Splitstree montrent des résultats identiques. Le score delta, le CI et le RI calculés à partir des données montrent une faible proportion d'emprunts dans la diffusion des versions du mythe et semblent confirmer une forte transmission horizontale de celles-ci. Les arbres montrent une organisation très claire et une progression géographique cohérente : (Grèce) à Asie centrale à Sibérie à Colombie-Britannique à Amérique du Nord-Est. Par ailleurs, le signal concorde avec ce que nous savons des premières migrations humaines. L'origine du mythe de la Casserole, interprétée comme une chasse cosmique, date sans doute d'il y a plus de 15.000 ans ; elle serait venue d'Asie pour se diffuser ensuite en Amérique du Nord via le détroit de Behring. Le signal phylogénétique est ordonné et cohérent d'un point de vue géographique ; cela montre que des traits mythologiques analysés grâce à des méthodes phylogénétiques peuvent conserver un signal historique cohérent, et corroborer ce que nous savons des premières migrations humaines. Les approches phylogénétiques ont déjà permis d'éclairer l'origine et la diffusion de langues ainsi que de certains objets culturels, mais sur des périodes relativement courtes, de l'ordre de quelques milliers d'années. Dans cet article, l'aire de diffusion du mythe étudié montre que la méthode permet de remonter bien avant, jusqu'au Paléolithique supérieur. Comme les gènes et certains mots, les différentes versions d'une même famille de mythes semblent évoluer suffisamment lentement pour remonter à plus de 15000 ans en arrière, faisant d'elles d'idéales candidates permettant de reconstituer à la fois d'anciennes migrations et le contenu de cultures préhistoriques. Reconstituée à l'aide du logiciel Mesquite, la première version du motif de la chasse cosmique associée à la grande Ourse serait la suivante : « Un unique cervidé est pourchassé par un seul chasseur. L'animal est vivant quand il devient la constellation de la Grande Ourse. » Le mythe de la Chasse cosmique a peut-être été illustré par certaines images de l'art rupestre en Carélie, en Sibérie et dans le Nord de la Mongolie, ainsi que par les auteurs de la fameuse scène du Puits de Lascaux et les mythologies grecque et basque.

Abstract

This paper gives new evidence that Upper Palaeolithic societies of western Europe would have interpreted stars as patterns or constellations. It also shows how we can scientifically reconstruct the prehistoric mythology.

In Eurasia and North America, the stars **in** the handle of the Big Dipper are often interpreted as hunters and the Dipper itself as an elk or a bear, killed or pursued. This motif is not known on other continents, nor in the Arctic where the Big Dipper is seen better than everywhere

else. The link between **the** Big Dipper and **the** Cosmic Hunt could **only be explained** by particular and very ancient historical links between the corresponding traditions.

We postulate that the more two myths diverge, **the more distant is their genetic relationship**, geographically and temporally. We construct a database including the typological variations of the Big Dipper / Cosmic Hunt versions, where the mythological structural features were coded for their presence (1) or absence (0) in each of the target myths. They were selected to provide broad typological coverage, reflecting the known mythological variations of the myth. The whole data matrix contained 44 binary features coded for 18 Amerindian, Asian and European myths.

Then we have treated the feature of the studied stories as character traits distributed among taxonomic units (myths). Indeed, there are many analogies between the ways that genes and myths evolved: e.g. both are system of replicators comprising discrete, heritable and highly conservative units (genes and mythemes); they are naturally or socially selected and generally vertically transmitted ; they evolve by a system of descent with modification ; they split into new versions and sometimes go extinct. These connections give hope that the use of phylogenetic methods will succeed and that historical signal can be found. First, the binary-coded mythological feature were computed thanks to a phylogenetic distances algorithm: Bio Neighbor Joining (tree 1), implemented in SplitsTree4, to find the optimal historical tree for the mythological data (Delta score = 0.3239; Q-residual score = 0.06324; 10.000 bootstrap replications).

Then, using Mesquite 2.75, we calculate a value for the tree using the same character data matrix. We calculate the parsimony treelength of the tree and matrix. Character matrices were supplied from data files and the tree was rearranged by subtree pruning and regrafting. Tree 2 shows what we obtained (root: Khanty; treelength for character matrix: 74 ; CI: 0.59; RI: 0.71). This tree and the BioNJ tree are convergent. Delta score, CI and RI are indicative of low horizontal transmission and indicate vertical signal in the data.

The results show a clear organisation and a progression: (Greece) à Central Asia à Siberia à British Columbia à North-eastern America. This signal is consistent with what we know of the first human migrations. The Big Dipper interpreted as a cosmic hunt must be even older than 15.000 years, coming from Asia, when North America was populated by the migration across the Bering Strait. The orderly and geographically consistent phylogenetic signal shows that phylogenetically analysed mythological pattern can preserve a signal that is consistent with very old human migrations. Phylogenetic approaches have already provided

new insights to the origin and distribution of language and culturally transmitted object but it may be the first time that a geographical distribution pattern allows the phylogenetic reconstitution to reach right back the Palaeolithic. As genes and certain words, some myths seem to evolve slowly enough to have time-depths of at least 15000 years, making them good candidate for both deep reconstruction of ancient migrations and prehistoric meanings.

Phylogenetic reconstructions using parsimony and Maximum Likelihood with model Mk1 allow to reconstruct ancestral states of the mythemes and of the myth itself. The prehistoric tale may be that a man pursues a deer, and that the animal turns alive into the Dipper.

The Cosmic Hunt might have been reflected in the rock art of Karelia, Siberia, the Far East and Northern Mongolia, by the authors of the wounded man of Lascaux and in the Greek and Basque mythologies.

Lorsqu'on regarde le ciel un soir d'été, nos regards sont parfois arrêtés par une constellation très facilement reconnaissable à sa forme de casserole : un simple carré formé par quatre étoiles – Dubhe, Megrez, Merak et Phecda – auquel s'ajoute un long manche formé par l'alignement d'Alioth, Mizar (et sa discrète compagne Alcor) et Alkaïd. Cette constellation présente une forme remarquable de part la discontinuité qu'elle présente avec son milieu et la luminosité de ses étoiles. En astronomie, de telles figures sont appelées astérismes.

L'interprétation de cette constellation a varié – et continue de varier - en fonction des cultures. Les Romains l'appelaient les « sept bœufs de labours » (*septem triones*), les Anglais la surnomment « la Charrue » (*the Plough*), les Américains, « la Grande Cuillère » (*the Big Dipper*), les Scandinaves, « le Wagon de Charles » (*Karlavagen*) et les Persans, « les Sept Trônes » (*Haft Awrang*). Parallèlement, les habitants du Bengale y voient un lit cassé, les Muskogéens du Sud-Est de l'Amérique du Nord, un canoë, les Indiens Numiques de Californie, un filet posé par Lapin ; les Athabaskans d'Alaska et de l'Ouest du Canada, un homme avec une seule jambe (Berezkin 2005 : 80-81).

Remarquons que le fait de voir dans cet astérisme un chariot ne peut être ultérieur à l'invention de la roue, située généralement vers 3500 av. J.-C. à Sumer, en Basse Mésopotamie. L'aire de diffusion de cette appellation en laisse supposer l'origine indo-européenne.

Or une interprétation se retrouve un peu partout en Eurasie et en Amérique du Nord. La constellation de la Grande Ourse y est souvent interprétée comme un gibier - ours ou cervidé - pourchassé ou tué par des chasseurs qu'accompagne parfois un chien.

L'invention indépendante semble à écarter. Il serait étrange qu'en plusieurs points du monde, un système aussi polymorphe que la Casserole ait été interprété de manière aussi similaire. Par ailleurs, l'usage de la notion de hasard est presque toujours lié à une difficulté de l'explication causale.

Recourir à un universel de la pensée est aussi peu nécessaire. Les habitants du cercle polaire, qui connaissent pourtant bien cette constellation, ne lui font jouer aucun rôle dans leurs propres récits de chasse cosmique (Berezkin 2005). Par conséquent, l'association entre la Grande Ourse et les histoires de chasse cosmique ne semblent pas relever du hasard, ce qui nous incite à traiter ce motif en termes diffusionnistes.

Un emprunt des Indiens aux premiers colons est ici peu plausible, car le motif, à cause de son expansion panaméricaine, semble relativement ancien sur ce continent. Aussi faut-il admettre une origine préhistorique, lorsque le Détroit de Behring, encore ouvert, permettait à l'Asie et à l'Amérique de communiquer.

L'enjeu est alors le suivant : peut-on démontrer l'existence d'un mythe raconté durant la préhistoire, remonter à la préhistoire de récits dont ne subsiste aucune trace écrite, reconstituer ce que racontaient nos ancêtres, en demeurant dans le registre de la stricte scientificité ?

Peut-on retracer leur itinéraire et leur chronologie ? Si cela s'avérait possible, ces croyances seraient-elles identifiables dans des vestiges archéologiques, ou dans des mythes encore racontés aujourd'hui ?

L'enjeu est de taille : ce que nous proposons aujourd'hui n'est rien moins que de reconstituer une mythologie disparue il y a des milliers d'années, et dont aucun vestige ne semblait, jusqu'à présent, pouvoir nous parvenir.

Méthode

La première question à se poser porte sur le mode de transmission des mythes et récits traditionnels. Il semble aujourd'hui bien admis que la transmission verticale est la seule façon de maintenir une tradition stable dans le temps (Cavalli-Sforza *et al.* 1982). Primitivement, ce terme désignait la seule transmission culturelle de parents à enfants, mais le sens s'est relâché pour finalement désigner n'importe quelle transmission culturelle entre un adulte et un enfant. Néanmoins, le premier sens est toujours d'actualité, et reste le vecteur de transmission le plus puissant du savoir oral à travers les cultures traditionnelles du monde entier (Cavalli-Sforza *et al.* 1982 ; Durham 1992 ; Guglielmino *et al.* 1995 ; Hewlett et Cavalli-Sforza 1986 ; Holden et Shennan 2005 ; Jordan *et al.* 2009 ; Ohmagari et Berkes 1997 ; Shennan et Steele 1999).

A l'instar de nombreux traits culturels et croyances, l'information contenue dans les mythes se conserve et se transmet verticalement de génération en génération, ou de peuple-père en peuples-fils. Mais cette information subit parfois, au cours de ces transmissions, des variations dues à des erreurs ou à des choix de transcription, semblable à la descendance avec modification darwinienne. Claude Lévi-Strauss a bien montré comment ces glissements, basculements, inversions ou décalages de sens pouvaient affecter la structure des mythes. Par exemple, qu'une tribu apprenne d'un voyageur (transmission horizontale, rare) ou de ses ancêtres (transmission verticale, la plus courante) un mythe nouveau, elle l'adaptera à sa situation actuelle, ses croyances et ses connaissances, le modifiera, voire en détournera le sens. Parallèlement, le mythe semble opposer une certaine résistance à ces mêmes changements, permettant son identification, génération après génération¹. Cette résistance est d'autant plus forte que les mythes, produits de la pensée, sont relativement indépendants des contingences historiques et environnementales.

Lors d'une première migration, les versions du mythe connues par tous les migrants sont similaires. Mais chaque groupe laissé le long de la migration, en s'individualisant, tente de se distinguer de ses

voisins. Il faut alors admettre que les traits définitoires – autrement dit les éléments narratifs caractérisant la version d'un mythe – apparaissent le plus souvent une seule fois et ne peuvent généralement que se diffuser parmi les branches filles, sans pouvoir se transmettre à des branches plus lointaines.

En s'appuyant sur les acquis de l'anthropologie, on peut donc faire deux propositions théoriques : 1/ La ressemblance entre deux versions d'un même mythe tend à diminuer lorsque la distance géographique entre les lieux où elles sont racontées augmente ; 2/ La ressemblance entre deux versions d'un même mythe tend à diminuer lorsque la distance temporelle qui les sépare augmente.

La première proposition implique de ne plus simplement se donner comme objets des ensembles d'éléments saisis synchroniquement dans leurs rapports réciproques, mais d'introduire des relations de cause à effet entre ces éléments : « Une opposition logique se projette dans le temps sous la forme d'un rapport de cause à effet » (Lévi-Strauss 1964 : 191).

Si l'on admet la véracité de ces deux propositions, l'étude des ressemblances et des différences entre les diverses versions d'un même récit permet de mesurer l'évolution des mythes appartenant à une même famille, et en particulier d'estimer la distance séparant des versions actuelles distinctes dont on suppose qu'elles ont eu dans le passé un ancêtre commun.

Pour ce faire, nous inspirant de la méthode proposée en linguistique comparée par Michael Dunn *et al.* (2005) et encouragé par quelques succès significatifs (d'Huy 2012a, c), nous avons construit une banque de données sur la base des variations connues de notre récit, qui associe chasse cosmique et Grande Ourse. Nous avons distingué 44 traits définitoires, de manière abstraite, en faisant des phrases les plus courtes possibles. Lorsque le trait existait dans la version cible du mythe, nous lui avons attribué la valeur 1. Lorsque le trait n'existait pas, nous lui avons donné la valeur 0. Quand cela était possible, la hiérarchisation des traits a été **limitée** afin d'éviter des biais statistiques. Au final, l'ensemble de la matrice contient 44 traits binaires, pour 18 récits européens, asiatiques et amérindiens. Les données ont été rassemblées à partir de sources publiées (Cherokee : Stansbury 1906 : 357 ; Evenk : Asanimov 1958 : 68-72, Vasilevich 1963 : 50 ; Fox (Renards) : Jones 1907 : 71-75 ; versions grecques : Hésiode, cit. par Eratosthène, *Catastérismes*, I ; Hygin, *De Astronomia* ; Ovide, *Les Métamorphoses*, II, 401-496 ; Pseudo-Apollodore, *La Bibliothèque*, III, 71 ; voir ces textes dans Wall 1988 ; Khanty : Holmberg 1927 ; Lillooet : Elliott 1931 : 180 ; Micmac : Hagar 1900 : 93-97 ; Mohawk : Rustige

¹ Voir par exemple Claude Lévi-Strauss (1971 : 603-604) : « La pensée mythique est par essence transformatrice. Chaque mythe, à peine né, se modifie en changeant de narrateur, que ce soit à l'intérieur du groupe tribal ou en se propageant de peuple à peuple ; certains éléments tombent, d'autres les remplacent, des séquences s'intervertissent, la structure distordue passe par une série d'états dont les altérations successives préservent néanmoins le caractère de groupe. »

1988 : 32-34 ; Nlaka'pamux : Teit 1917 : 16 ; peuples ob-ougriens : Gondatti 1888 ; Seneca : Curtin et Hewitt 1918 : 276-277 ; Snohomish : Clark 1953 : 149 ; Twana : Elmendorf 1960 : 537 ; Wasco : Clark 1953 : 153-155).

Le codage binaire des différents traits définitoires nous permet de les traiter comme des éléments distribués le long d'unités taxonomiques (les différentes versions du mythe), puis de leur appliquer un algorithme de distance employé en phylogénétique (Bio Neighbor Joining, implémenté dans le logiciel SplitsTree4 version 4.12.3 ; voir Huson et Bryant 2006) afin de déterminer les relations phylogénétiques potentielles existant entre elles. Cette méthode fournit un arbre non polarisé.

Nous avons ensuite bootstrapé l'arbre 10.000 fois afin de calculer le degré de probabilité des branches obtenues. Le bootstrap est la méthode la plus souvent employée pour tester la fiabilité des branches internes d'un arbre phylogénétique. L'idée est que si l'on effectue de petits changements sur les données, on doit être capable de retrouver le même arbre. Chaque réplication produit donc un nouvel alignement « artificiel » où des positions sont tirées au hasard ; des positions peuvent y être présentes plusieurs fois, comme être complètement absentes ; chaque alignement est ensuite utilisé pour construire un arbre « artificiel ». Pour chacune des branches internes de l'arbre primitivement obtenu avec SplitsTree4, on calcule le pourcentage des arbres « artificiels » la possédant aussi. Plus ce pourcentage est élevé, plus la fiabilité de la branche est importante. La probabilité a été rendue visible sur le document 1 : elle dépasse le plus souvent les cinquante pour cent, ce qui, pour un fait culturel, est hautement significatif, mais reste très inférieur à ce que l'on pourrait attendre d'un arbre du vivant créé avec la même méthode.

Puis nous avons établi le score delta (delta score) de l'arbre obtenu avec SplitsTree. En phylogénétique, cette méthode permet d'attribuer à des taxons – c'est-à-dire à des groupes d'organismes vivants possédant en commun certains caractères et descendant d'un même ancêtre - un score compris entre 0 et 1 (Holland *et al.* 2002). Les scores sont définis à partir de plusieurs ensembles de quatre taxons (quartets), eux-mêmes sélectionnés parmi les taxons étudiés. Chaque quartet donne un score, et le score pour un taxon est la moyenne de tous les quartets qui le contiennent. Si les distances entre les quatre taxons d'un quartet permettent de construire un arbre avec exactitude, le score est de 0. Sinon, il varie entre 0 et 1. Ici, aucun score delta n'est supérieur à 0.37 (Cherokee : 0.30855 ; Evenk 1 : 0.30039 ; Evenk 2 : 0.34945 ; Hésiode : 0.27207 ; Khanty : 0.31407 ; Lillooet : 0.31052 ; Micmac : 0.31753 ; Mohawk : 0.34145 ; Nlaka'pamux : 0.35922 ; Ovide : 0.26941 ; Pausanias : 0.32091 ; peuples

ob-ougriens : 0.33556 ; Pseudo-Apollodore : 0.30906 ; Renards : 0.31552 ; Seneca : 0.36781 ; Snohomish : 0.31085 ; Twana : 0.31549 ; Wasco : 0.35839)². Nous avons ensuite calculé la moyenne de l'ensemble des scores delta attribués individuellement aux versions du mythe. Il est de 0.3239. Qu'il soit plus près de 0 que du 1 confirme qu'à l'intérieur de notre corpus, la transmission verticale est largement supérieure aux emprunts horizontaux et permet de minimiser l'influence des données non organisables en arbre, comme les évolutions parallèles, les recombinaisons ou les transferts latéraux de motifs mythiques. Un score plus simple, appelé score Q-residual, est peut-être plus significatif (Gray *et al.* 2010) ; il est ici de 0.06324. Pour calculer le Q-residual, les distances associées par paire sont normalisées en établissant la moyenne de toutes les distances dans la famille, puis en divisant chaque distance par la moyenne.

Enfin, pour contrôler les résultats, nous avons employé le logiciel Mesquite 2.75 afin de créer un nouvel arbre pour lequel le nombre total d'étapes nécessaires pour établir un arbre phylogénétique (tree length : 74) a été calculé en employant la méthode de parcimonie. Selon cette méthode, l'arbre phylogénétique « préféré » est celui qui requiert le plus petit nombre de changements évolutifs. Les matrices de traits ont été fournies par les fichiers de données. Puis nous avons utilisé la méthode SPR (subtree pruning and regrafting) pour tester la disposition de l'arbre dans l'espace ; cet algorithme heuristique permute des parties de l'arbre, en cherchant à obtenir le meilleur arbre possible. Enfin, nous avons enraciné l'arbre en Asie, chez les Khanty, l'enracinement semblant moins sujet à caution qu'un enracinement dans la mythologie grecque, par exemple. Cependant, il est à noter que l'enracinement de l'arbre par un mythe grec préservait le groupement géographique des mythes, et présentait l'ordre de succession suivant : Grèce / Asie / Colombie-Britannique / Amérique du Nord-Est.

La réalisation de cet arbre en employant le logiciel Mesquite nous a permis de calculer le CI (Consistency Index) et le RI (Retention Index) à partir de la matrice. Le CI sert à calculer l'apport homoplasique dans la constitution de l'arbre. L'homoplasie est la similitude d'un état de caractère chez différentes espèces qui, contrairement à l'homologie, ne provient pas d'un ancêtre commun. Si le CI correspond à 1, il n'y a aucune homoplasie. Ici, le score de l'arbre est de 0.59.

Quant au RI, il mesure la proportion de caractères dérivés partagés par un ou plusieurs taxons. Un caractère dérivé est un caractère nouveau qui est le résultat d'une modification d'un caractère ancestral au cours de l'évolution. Une valeur haute du RI, proche de 1, implique une homoplasie minimum

² Dans le cadre d'éventuels élargissements de nos recherches, nous pouvons supposer qu'un score delta particulièrement haut attribué à une version d'un mythe – indiquant une non-intégration de celle-ci à l'ensemble des autres versions du mythe - pourrait signaler soit une histoire très spécifique de la version étudiée, soit une réélaboration poussée de celle-ci, peut-être pour des raisons littéraires ou culturelles. Cette hypothèse reste à tester.

et un cladogramme qui présente un fort signal phylogénétique. Ici, il est de 0.71.

Ces mesures confirment donc l'importance de la transmission verticale pour l'ensemble des versions étudiées. En effet, un CI et un RI élevés (par exemple, supérieurs à 0.60) **indiquent** d'ordinaire une faible transmission horizontale (incluant les emprunts, totaux ou partiels, à des sociétés voisines) et un sens de transmission essentiellement vertical (Nunn *et al.* 2010).

Parallèles entre évolution biologique et évolution mythologique

L'emploi de l'algorithme Bio Neigbor Joining et du logiciel Mesquite suppose une proximité étroite entre transmission de mythes et transmission génétique. Nous sommes conscient qu'il s'agit ici d'un postulat très lourd. A titre d'introduction, nous en étayerons le bien-fondé par les travaux du célèbre anthropologue Claude Lévi-Strauss, notamment par le célèbre « Final » de l'Homme Nu, ultime conclusion à l'œuvre colossale des Mythologiques. Selon Claude Lévi-Strauss, la linguistique structurale, dont il tira les enseignements pour les appliquer à la mythologie, « a reçu un statut naturel et objectif avec la découverte et le déchiffrement du code génétique » ; en effet, nous sommes dans les deux cas face à « un ensemble fini d'unités discrètes, bases chimiques ou phonèmes, elles-mêmes dépourvues de signification mais qui, diversement combinées en unité de rang supérieur – mots du langage ou triplets de nucléotides – spécifient qui un sens, qui une substance chimique déterminée. De la même façon, les mots du langage ou les triplets du code génétique se combinent à leur tour en “phrases” que la vie écrit sous la forme moléculaire de l'ADN » (1971 : 612). Or, comme le remarque ailleurs Claude Lévi-Strauss : « 1° comme tout être linguistique, le mythe est formé d'unités constitutives ; 2° ces unités constitutives impliquent la présence de celles qui interviennent normalement dans la structure de la langue, à savoir les phonèmes, les morphèmes et les sémantèmes (...) Nous appellerons les éléments qui relèvent en propre du mythe (et qui sont les plus complexes de tous) : grosses unités constitutives » (1958 : 233). Ces grosses unités constitutives, que Claude Lévi-Strauss appelle « mythèmes », « ne sont assimilables ni aux phonèmes, ni aux morphèmes, ni aux sémantèmes, mais se situent à un niveau plus élevé : sinon le mythe serait indistinct de n'importe quelle forme de discours. (...) Il faudra donc les chercher au niveau de la phrase. » (Lévi-Strauss 1958 : 232-233)². Les mythèmes prennent la forme de **phrases**, les plus courtes possibles. Pris en eux-mêmes, ils ne signifient rien dans l'ordre du mythe. Ainsi, la phrase « Soleil et Lune sont deux frères », prise en dehors de son contexte,

ne peut pas éclairer la signification du récit dans lequel elle fonctionne. Il n'y aura alors de sens narratif qu'entre les mythèmes : « c'est seulement des rapports de corrélation et d'opposition qu[e le mythème] entretient, au sein du mythe, avec d'autres mythèmes que peut se dégager une signification » (1983 : 199). Le mythe prend donc le langage comme matière de son opération différentielle, c'est-à-dire qu'il applique au langage lui-même les règles de fonctionnement du langage.

En accord avec Claude Lévi-Strauss, nous pouvons donc associer langage et code génétique – et en élargissant : mythologie – comme trois systèmes de réplication basés sur des unités discrètes hérissables : les quatre nucléotides dans le cas des gènes, les phonèmes pour le langage, les mythèmes dans le cas des récits mythiques. Si cette propriété n'existait pas, aucun système ne saurait se répliquer fidèlement, des parents aux descendants (gène) ou d'une génération à l'autre (langage/mythe), ce qui causerait leur rapide disparition dans les limbes de l'histoire et interdirait l'emploi de méthodes phylogénétiques pour reconstruire la préhistoire des mythes. Par conséquent, Claude Lévi-Strauss semble aller ici dans le sens de notre démonstration.

Par ailleurs, Claude Lévi-Strauss explique qu'en génétique comme en linguistique, « le caractère pratiquement illimité des énonciations verbales, c'est-à-dire des combinaisons possibles, tient d'abord au nombre fantastique d'éléments et de règles qui peuvent jouer » (1971 : 613) ; aussi « en la reconnaissant théoriquement finie, les chances [sont] en fait nulles pour que, dans les limites observables, deux énonciations identiques suffisamment longues se répètent » (1971 : 614) ; par conséquent, pourrions-nous conclure, comme le hasard ne saurait expliquer la ressemblance, plus deux mythes sont similaires, plus ils ont de chances d'être apparentés (voir par exemple Lévi-Strauss 1968 : 210).

Ajoutons que la différence entre deux mythes se creuse par degrés mesurables. Comme les langues et les gènes, les mythes ne peuvent être affectés que de changement discrets : « sous peine de détruire l'armature logique, et donc de les anéantir au lieu de les transformer, [l'esprit] ne peut leur apporter que des changements discrets, au sens mathématique qui est à l'opposé du sens moral du terme : le propre d'un changement discret étant de se manifester sans discrétion » (Lévi-Strauss 1971 : 604). Par conséquent, établir une liste de changements discrets entre plusieurs versions d'un même mythe, pourvu que cette liste soit suffisamment longue, permet de mesurer le degré de différences séparant les-dites versions.

Notre usage de la phénétique, méthode qui établit des relations de parenté en se basant sur le nombre de

³ Remarquons que Claude Lévi-Strauss souligne ailleurs que si l'on voulait mettre en parallèle la linguistique structurale et l'analyse structurale des mythes, la correspondance s'établirait non entre mythème et mot, mais entre mythème et phonème, « unités dépourvues de signification propre, mais permettant de produire des significations dans un système où elles s'opposent entre elles, et du fait même de cette opposition. » (1983 : 199).

caractères communs partagés par des organismes ou des molécules, semble donc conforté par les écrits de Claude Lévi-Strauss.

Enfin, le célèbre anthropologue note que langues et codes génétiques – et donc mythes – peuvent également subir des mutations, croisements, enjambements ou emprunts, les modifiant en profondeur (1971 : 614).

Les constations qui précèdent expliquent peut-être pourquoi Claude Lévi-Strauss, rendant compte de la Classification phylogénétique du vivant écrite par Guillaume Lecointe et Hervé Le Guyader, *invitait déjà l'ethnologue* à « chercher des enseignements peut-être, des stimulations certainement, auprès de disciplines qui travaillent sur les mêmes problèmes à une échelle incomparablement plus grande et avec des méthodes plus rigoureuses » (2002 : 311). Notre travail répond par ailleurs à une autre invitation lévi-straussienne : « la voie s'ouvre à une collaboration positive entre généticiens et ethnologues, pour rechercher ensemble comment et de quelle façon les cartes de distributions des phénomènes biologiques et des phénomènes culturels s'éclairent mutuellement, et nous instruisent sur un passé qui (...) peut, à travers le présent, se relier à l'avenir et permettre d'en discerner les linéaments. » (1983 : 42).

Au-delà des rapprochements proposés par Claude Lévi-Strauss – qui paraissent corroborer nos vues –, de nombreuses analogies permettent également de rapprocher mythes, langues et génétique (voir le tableau, d'après d'Huy 2012b : 26).

Par exemple, les diverses versions d'un mythe subissent une sélection sociale, ne laissant survivre que certaines d'entre elles. Si une version n'est pas similaire à celle que connaît la majorité des personnes qui diffusent le mythe, elle sera généralement oubliée ; à l'inverse, une version proche des canons bien connus aura tendance à être davantage diffusée. De plus, des facteurs neurologiques faciliteraient la mémorisation de certains types de mythes, leur donnant un avantage crucial sur des récits concurrents (d'Huy 2013). Enfin, comme pour les mots d'une langue (Pagel *et al.* 2007), la fréquence à laquelle un mythe est raconté dans une population donnée affecterait sa vitesse d'évolution : les mythes souvent racontés évolueraient ainsi bien plus lentement (d'Huy, en préparation).

De façon similaire à l'évolution biologique, les versions d'une même famille de mythes évoluent grâce à un système de descendance avec modification : elles sont transmises de génération en génération (voir supra) et peuvent se modifier avec le temps.

Une version-**mère** peut également se subdiviser en deux versions-filles, de la même manière qu'une population biologique peut former des populations-filles (phénomène de spéciation). L'isolement de certaines populations humaines conduirait ainsi certaines versions d'un mythe à fortement diverger des autres.

Pour parachever un rapprochement qui n'est certes ici qu'esquissé, remarquons que les emprunts

et la corruption sémantique, éventuelle gêne pour une reconstruction phylogénétique des mythes, s'avèrent en réalité très limités, comme le prouvent le CI, le RI et le score delta obtenus pour la famille de mythes que nous venons d'étudier. Guidon et Bucu (2006 : 128 et fig. 5) ont par ailleurs montré que certains mythes remonteraient à plus de 12.000 ans. Cette surprenante fidélité à la lettre semble capable de résister aux événements historiques extérieurs sur des périodes extrêmement longues (d'Huy 2012a).

Les bases de notre rapprochement paraissent donc solides. De plus, le fait que les résultats obtenus séparément grâce aux programmes SplitsTree et Mesquite soient similaires conforte la possibilité de traiter des mythes appartenant à une même famille comme des espèces.

Résultats

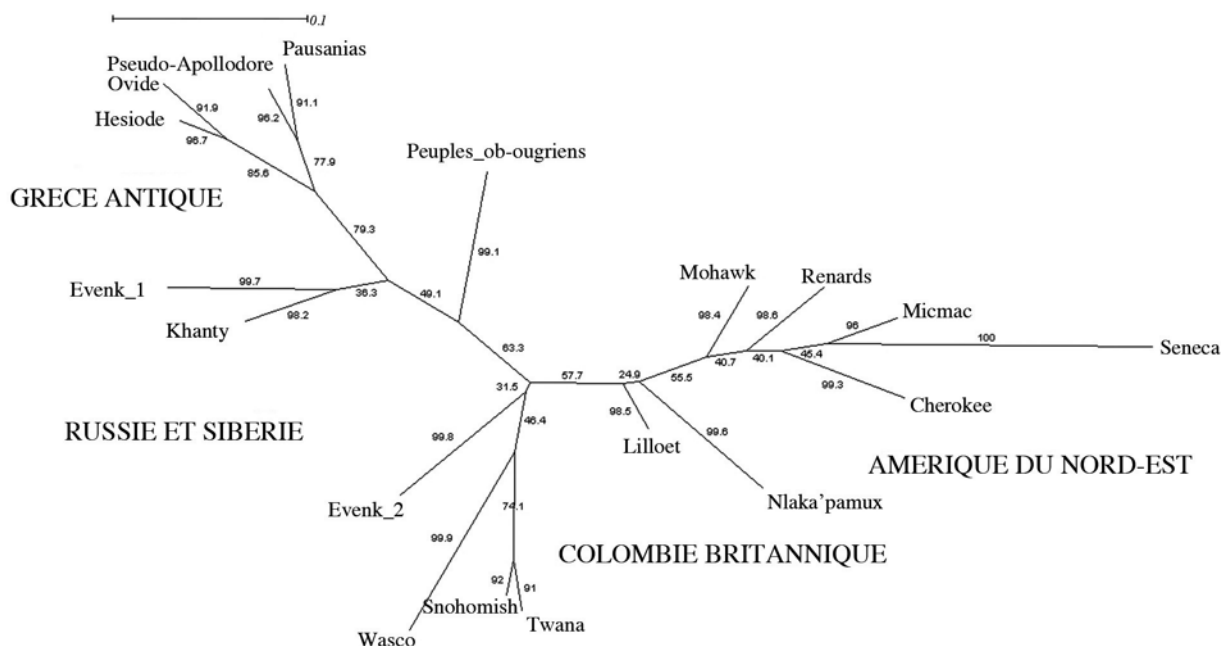
Les résultats montrent une remarquable proximité entre des mythes appartenant à un même secteur géographique, ce qui confirme l'un de nos postulats de base : le degré de différenciation entre deux mythes est en partie fonction de la distance géographique qui les sépare.

Chose remarquable : la distribution des récits suit ce que nous savons du peuplement probable de l'Eurasie et de l'Amérique du Nord. Le motif semble avoir été diffusé par une migration humaine d'Asie en Sibérie, puis, par le détroit de Behring, de Sibérie en Colombie Britannique, et enfin en Amérique du Nord-Est. Or le passage du mythe en Amérique n'a pu avoir lieu que par le détroit de Behring, entre 20.000 et 15.000 ans avant notre ère, lorsque le retrait des eaux permettait le passage à pied entre les deux continents (Dillehay 2009). Il y a donc de fortes chances que ce mythe remonte à la préhistoire, et ait été majoritairement diffusé par suite de migrations humaines.

Les résultats montrent donc que différentes versions d'une même famille de mythes, analysées à l'aide d'outils phylogénétiques, peuvent conserver un signal historique. L'hypothèse selon laquelle il n'y aurait aucune relation entre ces différentes versions est impossible à soutenir car, dans pareil cas, le signal phylogénétique ne serait pas aussi logique d'un point de vue géographique.

Comme les généticiens parviennent à reconstituer d'anciennes migrations humaines en étudiant la distribution et les changements de fréquence des versions d'un gène dans une vaste population, l'utilisation d'algorithmes phylogénétiques semble permettre de reconstituer la diffusion de mythes préhistoriques. L'analogie entre diffusion génétique et diffusion mythique est d'ailleurs, comme nous l'avons vu plus haut, loin d'être superficielle. Cette analogie nous donne les outils pour comprendre comment certains mythes, évoluant au même rythme

Evolution biologique	Evolution linguistique	Evolution mythologique
Unités discrètes transmissibles – par exemple, les nucléotides, les codons, les gènes et les phénotypes individuels.	Unités discrètes transmissibles – par exemple, les mots, les phonèmes, la grammaire et la syntaxe.	Unités discrètes transmissibles – par exemple, les « mythèmes » de Claude Lévi-Strauss, les « atomes narratifs » de Vladimir Propp ou les motifs d'Arne et Thompson.
Transcription et reproduction des unités discrètes.	Enseignement, apprentissage et imitation.	Enseignement, apprentissage et imitation.
Transmission passant essentiellement des parents à l'enfant, clonage occasionnel.	Transmission passant essentiellement d'une génération à l'autre.	Transmission passant essentiellement d'une génération à l'autre, transcription écrite récente et limitée.
Vitesse évolutive de l'ordre de la génération.	Vitesse évolutive de l'ordre de la génération.	Le plus souvent, vitesse évolutive de l'ordre de la génération.
Mutation - variation de la séquence des bases azotées de l'ADN.	Innovation – par exemple, formation de variantes, erreurs, changements phonétiques, introduction de nouveaux sons et de nouveaux mots.	Innovation – par exemple, invention de nouveaux motifs mythiques, oubli de certains autres.
Dérive – modification de la fréquence d'un allèle, ou d'un génotype au sein d'une population, causée par des phénomènes aléatoires et imprévisibles.	Dérive – évolution d'une langue causée par des phénomènes aléatoires.	Dérive - évolution d'un mythe causée par des phénomènes aléatoires.
Sélection naturelle – les traits qui favorisent la survie et la reproduction voient leur fréquence s'accroître d'une génération à l'autre car les porteurs de ces traits ont plus de descendants.	Sélection sociale.	Sélection sociale – seules quelques variantes d'un mythe (les plus conformes à la tradition) sont retenues par la société, tandis que les autres disparaissent.
Cladogenèse – par exemple sélections allopatrique (géographique) et sympatrique (non liée à une isolation géographique).	Lignées divergentes – par exemple, séparation géographique et/ou sociale.	Lignées divergentes – par exemple, entre différents niveaux sociaux ou entre peuples affiliés.
Flux de gènes – les migrations sont l'occasion de transmission d'allèles d'une population à l'autre, entraînant une modification de la fréquence des allèles dans les populations concernées.	Flux de langues.	Migrations de mythes – les migrations sont l'occasion de transmission de mythes d'une population à l'autre (sans en être la seule cause), entraînant une recomposition de la mythologie locale.
Transfert horizontal des gènes, processus par lequel un organisme peut intégrer du matériel génétique provenant d'un autre organisme sans en être le descendant.	Emprunts.	Emprunts.
Hybridation entre espèces.	Créoles.	Hybridation entre différents types de mythes.
Cline géographique (divergence évolutive morphologique ou physiologique progressive au sein d'une même population).	Dialectes et chaînes dialectales.	Chaîne transformationnelle (au sens lévi-straussien).
Fossiles.	Textes anciens.	Textes anciens.
Extinction.	Langues disparues.	Mythes disparus.



que les populations qui les connaissent, peuvent nous renseigner sur d'anciennes migrations.

On nous opposera que l'arbre ne pourrait refléter que des contacts étroits entre cultures voisines, ce qui les conduirait, par une recherche de juste milieu, à former mécaniquement un continuum dont chaque point emprunterait un peu aux voisins jusqu'à obtenir une position d'équilibre. Néanmoins, cela est rendu peu plausible par ce que nous savons de l'histoire du peuplement nord-américain. Celui-ci a eu lieu pour une grande part par le détroit de Behring, qui n'est plus empruntable à partir de 15.000 ans. Un tel ajustement mécanique se saurait avoir lieu sans qu'un écart très net, due à des évolutions diachroniques divergentes, n'apparaisse entre les mythes sibériens et ceux de la Colombie britannique. Or non seulement cet écart n'a pas eu lieu, mais les scores delta attribués aux différentes versions du mythe ne montrent aucune différence notable selon leur continent d'origine (voir supra).

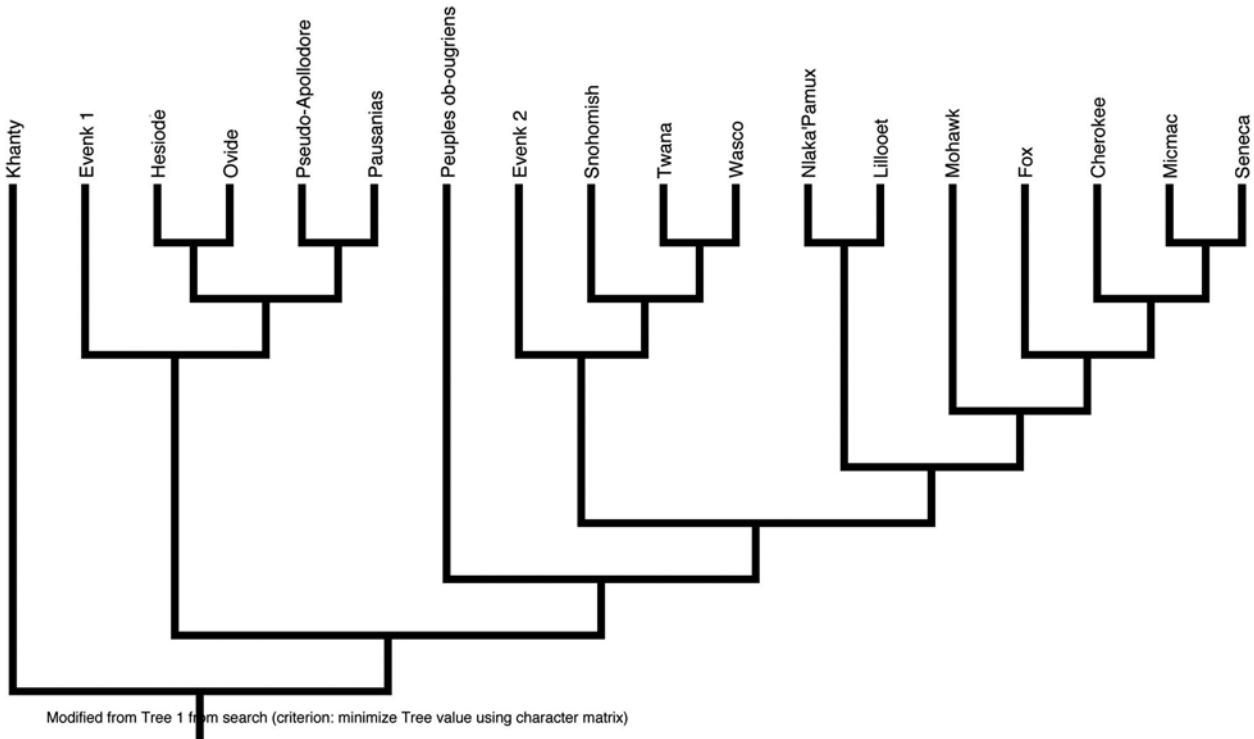
Plusieurs éléments corroborent la grande ancienneté de l'association entre la constellation de la Grande Ourse et le motif de la Chasse Cosmique. Comme le fait remarquer Yuri Berezkin, le fait que le motif soit connu des Iroquois du Nord et du Sud, alors que ceux-ci n'ont entretenu aucun contact entre

eux durant les temps historiques, permet de remonter loin dans le passé, au temps de l'unité linguistique iroquoienne (Berezkin 2005 : 82). Cette unité s'est au moins conservée jusqu'en l'an 1000, ce qui nous permet d'écarter une influence européenne.

Diverses œuvres rupestres situées en Carélie, en Sibérie, dans le Nord et l'Est de la Mongolie, ont été rapprochées du thème de la chasse cosmique (Ernits 2010). Certaines de ces images de chasse (Ernits 2010, fig. 3, 7, 8) présentent par ailleurs des similitudes troublantes avec la célèbre scène du Puits de Lascaux, datée entre 18.000 et 17.000 ans⁴.

Selon certains auteurs, le motif grec de Callisto serait relativement récent (Haddad 2011 : 21). Néanmoins, Homère, dans le chant XVIII de l'Iliade (écrite entre 850 et 750 avant J.-C.), désigne la Grande Ourse à la fois par son nom ursin et par le terme « chariot », plus indo-européen (voir aussi Odyssée chant V), et remarque qu'elle est tournée vers Orion. Or, on apprend également dans l'Iliade (chant X) que la constellation d'Orion est un chasseur accompagné de son chien. Par ailleurs, dans l'Odyssée (écrite vers la fin du VIII^e après J.-C.), Ulysse voit Orion dans le monde souterrain en train de chasser avec une massue (chant XI). Le lien entre Grande Ourse et chasse cosmique semble donc

⁴ Comprendre la scène du Puits comme une illustration d'un motif de Chasse cosmique permettrait d'expliquer l'intrigant « point noir isolé vers le garrot » du bison (Glory et Vialou 1979 : 291), qui serait une étoile ; la position figée de l'animal (Vialou 1987 : 42) qui ne chargerait pas réellement – quoi de plus normal s'il représentait un astérisme plutôt qu'une action ; la posture redressée de l'homme et celle, ascendante, du bovin (selon certains spécialistes : Duhard 1996 : 99) ; les tâches noires maculant le sol sous la scène (Glory et Vialou 1979 : 291) à rapprocher de la croyance amérindienne selon laquelle le sang de l'animal céleste, gouttant au sol, aurait imprégné de rouge le feuillage des arbres en automne (mais il est à noter que les tâches, sous la scène du Puits, sont noires). Cette hypothèse interprétative, quoique encore fragile, rejoint une proposition de Norbert Aujoulat (2004 : 264-265), pour qui les caractéristiques morphologiques de la grotte rappelleraient l'architecture de la voûte céleste. Les images pariétales représenteraient alors des événements célestes expliquant des événements saisonniers terrestres, comme les prémisses de l'accouplement chez les chevaux (printemps), les aurochs (été) et les cerfs élaphe (automne). C'est le rythme, voire la régénération du temps, qui serait de ce fait symbolisé, liant le temps biologique au temps cosmique, comme le fait le motif de la chasse cosmique, par exemple en expliquant le retour cyclique de l'automne.



bien antérieur à l'élaboration, tardive, du motif de Callisto, et remonter à un état préhistorique.

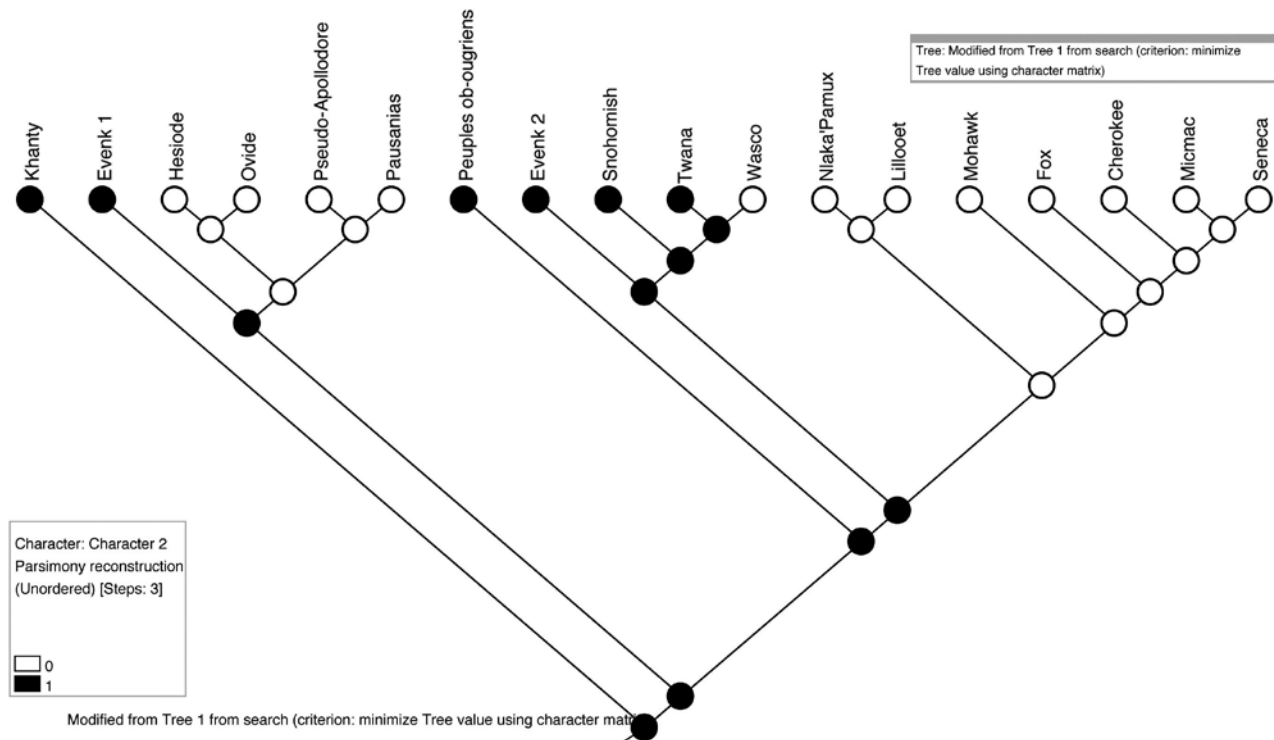
La grande ancienneté du mythe sur le continent européen peut être étayée par un récit basque. En effet, les populations **basques** du sud-est de la France ont été épargnées par les migrations indo-européennes (Allières 1977 : 18) et leur stabilité génétique à travers le temps, depuis le Paléolithique (Behar et al. 2012, autres références dans d'Huy et Le Quellec 2012), leur a permis de conserver de très anciens récits, remontant peut-être eux-mêmes à cette période. Nous avons récemment étudié l'exemple des Ihizi (d'Huy et Le Quellec 2012). Dans le légendaire basque, les Ihizi sont des bêtes sauvages fréquentant les grottes et s'attaquant parfois aux passants. Ce sont le plus souvent des chevaux ou des bovins. Or le terme « ihizi » désigne aussi le gibier ou la chasse, renvoyant peut-être au temps où ces animaux n'étaient pas domestiqués, mais chassés. Il est aussi intéressant d'observer que les espèces représentées dans l'art rupestre paléolithique pyrénéen sont le plus souvent des taureaux/vaches et des chevaux/juments, et que ce sont ces animaux qui, proportionnellement à l'ensemble de leurs occurrences, sont les plus fléchés dans cet art rupestre, comme si les artistes avaient voulu les empêcher de s'animer. Les Ihizi pourraient donc constituer une survivance d'un ancien mythe paléolithique, ce que semblent corroborer de récentes analyses de l'art **rupestre** français (d'Huy et Le Quellec 2010, d'Huy 2011).

Les Basques voient dans la Grande Ourse, de droite à gauche, deux bœufs dérobés par deux voleurs, les

quatre poursuivis par le fils de la maison, puis par la sœur accompagné d'un petit chien (Alcor), et enfin par le père lui-même (Vinson 1983 : 381 ; pour une autre version, voir Sébillot 2002 : 29). Ce type de récits où 1/ des hommes poursuivent deux animaux – de grands mammifères cornus et herbivores (comme le sont d'ordinaire les cervidés chassés dans le motif mythique étudié) et 2/ où Alcor est un chien, semble la transformation d'un récit primitif de Chasse cosmique. Le détail du chien transformé en Alcor est particulièrement significatif, car il se retrouve dans de nombreuses versions du récit de la Chasse cosmique et semble difficilement réductible à un fait de hasard.

En nous inspirant de la théorie de l'aire ancestrale de Sapir, selon laquelle la région de la plus grande divergence indique le territoire d'origine d'une langue, nous pouvons conclure que les hommes du Paléolithique européens connaissaient probablement le motif de la Chasse cosmique. Celui-ci se serait seulement conservé dans **le Pays Basque**, grâce à des conditions exceptionnelles, et aurait eu plusieurs milliers d'années pour évoluer. Nous obtenons ainsi une confirmation indirecte de la fécondité de la méthode phylogénétique pour traiter les mythes et remonter à leur préhistoire.

Ajoutons enfin la possibilité de reconstruire, grâce au logiciel Mesquite, l'arbre phylogénétique de chaque mytheme jusqu'à son origine, en employant pour cela le principe de parcimonie. On peut ainsi reconstituer le proto-mythe de la Chasse cosmique tel qu'il a dû exister à son origine, ainsi que l'évolution de chacun



des mythèmes le composant³. La figure 3 montre par exemple l'évolution du deuxième mythème : « Un cervidé est pourchassé. » Appliqué à l'ensemble des mythèmes du récit, l'algorithme permet de reconstruire le proto-mythe suivant, qui est sans doute la première version racontée par nos ancêtres⁴ :

Un unique cervidé est pourchassé par un seul chasseur. L'animal est vivant quand il se transforme en constellation. Le cervidé forme alors l'ensemble de la Grande Ourse.

Les approches phylogénétiques ont apporté de nouveaux éclairages sur l'origine et la diffusion des langues (pour une synthèse provisoire, voir Pagel 2009) mais aussi de divers objets culturels, comme des pointes de projectile (Buchanan et Collard 2007), des paniers (Jordan et Shennan 2003), des textiles (Tehrani et Collard 2002) et des manuscrits (Howe et Windram 2011). Cependant, il semble que, pour la première fois, cette approche appliquée à des faits culturels permette de retourner jusqu'au Paléolithique supérieur. Les mythes, de part leur stabilité diachronique et leur mode de transmission, se présentent donc comme de nouveaux et précieux outils afin de remonter le temps jusqu'aux

premières migrations de l'humanité, et ce au même titre que la génétique des populations ou l'étude comparée des langues.

L'auteur remercie Michel Barbaza, Michael Dunn, Jean-Loïc Le Quellec, John Robb et Yves Vadé pour leurs conseils et leur aide.

Bibliographie

- ALLIÈRES J. (1977) - *Les Basques*. Paris, Presses Universitaires de France, 127 p.
- ANISIMOV A.F. (1958) - *Religiya evenkov v istoriko-geneticheskom izuchenii i problemy proiskhozhdeniya pervobytnykh verovaniy*, Moscow-Leningrad, Akademiya nauk.
- AUJOULAT N. (2004) – *Lascaux : le Geste, l'Espace et le Temps*. Paris, Seuil, 273 p.
- BEHAR D., HARMANT C., MANRY J. VAN OVEN M., HAAK W., MARTINEZ-CRUZ B., SALABERRIA J., OYHARÇABAL B., BANDUER F., COMAS D. QUITANA-MURCI L. et THE GENOGRAPHIC CONSORTIUM (2012) - The Basque Paradigm: genetic

³ Nous conservons l'enracinement Khanty. En effet, comme le montre le récit basque, la scène du Puits et les diverses œuvres rupestres situées en Carélie, en Sibérie et en Mongolie, le zoème primitif était probablement un cervidé. Inversement, le motif grec de Callisto serait relativement récent (Haddad 2011 : 21). Ajoutons qu'en faisant varier l'enracinement en Asie, la reconstruction reste presque identique. Seul l'enracinement de l'arbre avec la deuxième version Evenk provoque des changements significatifs : ce ne sont plus un, mais trois individus, qui poursuivent l'animal. Les poursuivants vont au ciel ; l'animal se transforme en quatre des étoiles de la Grande Ours (et ne devient donc pas l'ensemble de la constellation), tandis les chasseurs forment le bras de la constellation. Cette reconstruction n'est statistiquement pas significative (un cas sur quatre) et ne correspond pas aux images rupestres que pourraient expliquer les autres versions. Néanmoins, on ne peut la négliger.

⁴ La reconstitution a également été corroborée par la méthode comparative du Maximum de Vraisemblance (Maximum Likelihood) qui emploie l'algorithme Mk1.

- evidence of a maternal continuity in the Franco-Cantabrian region since Pre-Neolithic times. *The American Journal of Human Genetics* 90 (3), p. 486-493.
- BEREZKIN Y. (2005) - The cosmic hunt: variants of a Siberian – North-American myth. *Folklore* 31, p. 79-100.
- BUCHANAN B. et COLLARD M. (2007) - Investigating the peopling of North America through cladistic analyses of Early Paleoindian projectile points. *Journal of Anthropological Archaeology*, 26, p. 366-393.
- CAVALLI-SFORZA L.L., FELDMAN M.W., CHEN K. et DOMBUSCH S.M. (1982) - Theory and observation in cultural transmission. *Science* 218 (1), p.19-27.
- CURTIN J. et HEWITT J.N.B. (1918) - Seneca fiction, legends, and myths. Part 1. *32th Annual Report of the Bureau of Ethnology to the Secretary of the Smithsonian Institution* (1910-1911), p. 37-819.
- CLARK E.E. (1953) - *Indian Legends of the Pacific Northwest*. Berkeley et Los Angeles: University of California Press, 225 p.
- DILLEHAY T.D. (2009) - Probing deeper into first American studies. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106 (4), p. 971-978.
- DUHARD J.-P. (1996) - *Réalisme de l'image masculine paléolithique*. Grenoble : Jérôme Million, 245 p.
- DUNN M., TERRILL A., REESINK G., GER F., ROBERT A., LEVINSO S. et STEPHEN C. (2005) - Structural phylogenetics and the reconstruction of ancient language history. *Science*, 309 (5743), p. 2072-2075.
- DURHAM W.H. (1992) - Applications of evolutionary culture theory. *Annual Review of Anthropology*, 21, p. 331-353.
- ELMENDORF W. W. (1960) - *The Structure of Twana culture, with comparative notes on the structure of Yurok culture*. trad. A. L. Kroeber, Washington: Washington State University (Pullman. Research Studies. A Quarterly Publication of Washington State University. vol. 23, n° 3. Monograph Supplement n. 2) 576 p.
- ELLIOTT W.C. (1931) - Lake Lillooet tales. *Journal of American Folklore* 44 (171), p. 166-181.
- ERNITS E. (2010) - On the Cosmic Hunt in North Eurasian Rock Art. *Folklore* 44, p. 61-76.
- GLORY A. et VIALOU D. (1979) - Le passage et l'abside. in : Ar. Leroi-Gourhan et J. Allain, J. [dir.], *Lascaux inconnu*. XII Supplément à Gallia Préhistoire, Paris : Centre National de la Recherche Scientifique, p. 191-301.
- GONDATTI N. (1888) - *Sledy yazychestva u inorodtsev Severo-Zapadnoj Sibiri*. Moscow : Potapov Publishing house.
- GRAY R. D., BRYANT D. ET GREENHILL S. J. (2010) - On the shape and fabric of human history. *Philosophical Transactions of the Royal Society* 365, p. 3923-3933.
- GUGLIELMINO C.R., VIGANOT R., HEWLETT B. et CAVALLI-SFORZA L.L. (1995) - Cultural variation in Africa: Role of mechanisms of transmission and adaptation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 92 (16), p. 7585-7589.
- GUIDON N. et BUCO C. (2006) - Zone 3 : Brésil — Nordeste - États du Piauí, Pernambuco, Rio Grande do Norte et Paraíba, in : *Rock Art of Latin America et the Caribbean*, Paris, ICOMOS, p. 122-137.
- HADDAD L. (2011) - Des étoiles à la Grande Ourse. Les Constellations : de la préhistoire à nos jours, *Ciel et Espace*, hors-série, 16, p. 14-21.
- HAGAR F. (1900) - The celestial bear. *Journal of American Folklore* 13 (49), p. 92-103.
- HEWLETT B. et CAVALLI-SFORZA L.L. (1986) - Cultural transmission among Aka pygmies. *American Anthropologist* 88, p. 922-934.
- HOLMBERG U. (1927) - *The Mythology of all races: Volumes IV: Finno-ugric, Siberian*. Boston: Marshall Jones Company, 587 p.
- HOLLAND B. R., HUBER K. T., DRESS A. et MOULTON V. (2002) - δ plots: a tool for analyzing phylogenetic distance data. *Molecular Biology and Evolution* 19, p. 2051-2059.
- HOLDEN C.J., SHENNAN S. (2005) - Introduction to part I: how tree-like is cultural evolution? in: R. MACE, C.J. HOLDEN, S. SHENNAN [eds], *The evolution of cultural diversity: a phylogenetic approach*, London: UCL Press: 13-29.
- HOWE C.J. et WINDRAM H.F. (2011) – Phylometrics: evolutionary analysis beyond the gene. *Plos Biology* 9 (5).
- HUSON D. H. et BRYANT D. (2006) - Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution* 23 (2), p. 254-267.
- D'HUY J. (2011) – La distribution des animaux à Lascaux refléterait leur distribution naturelle. *Bulletin de la Société historique et archéologique du Périgord CXXXVIII*, p. 493-502.
- D'HUY J. (2012a) - Le motif de Pygmalion : origine afrasienne et diffusion en Afrique. *Sahara* 23, p. 49-58.
- D'HUY J. (2012b) - Mythes, langues et génétique. *Mythologie française*, 247, p. 25-26.
- D'HUY J. (2012c) - Le conte-type de Polyphème : essai de reconstitution phylogénétique. *Mythologie française*, 248, en attente de publication.
- D'HUY J. (2013) – Neural correlates of myths in which an image becomes alive. *Leonardo*, à paraître.
- D'HUY J. et LE QUELLEC J.-L. (2010) - Les animaux «fléchés» à Lascaux : nouvelle proposition d'interprétation. *Préhistoire du Sud-Ouest* 18 (2), p. 161-170.
- D'HUY J. et LE QUELLEC J.-L. (2012) - Les Ihizi - et si un mythe basque remontait à la préhistoire ? *Mythologie Française* 246, p. 64-67.
- JONES W. (1907) - Fox Texts. Leyden : *Publications of the American Ethnological Society*, vol. 1, 383 p.
- JORDAN P. et SHENNAN S.J. (2003) - Cultural transmission, language and basketry traditions amongst the California Indians. *Journal of Anthropological Archaeology* 22, p. 42-74.
- JORDAN F. M., GRAY R. D., GREENHILL S. J., MACE R. (2009) - Matrilineal residence is ancestral in Austronesian societies. *Proceedings of the Royal Society Biological Sciences* 276 (1665) : 1957-1964.
- LÉVI-STRAUSS C. (1958) - *Anthropologie structurale*. Paris: Plon, 452 p.
- LÉVI-STRAUSS C. (1964) - *Mythologie I*. Le Cru et le Cuit. Paris : Plon, 402 p.

- LÉVI-STRAUSS C. (1968) - *Mythologiques 3. L'Origine des Manières de Table*. Paris, Plon, 478 p.
- LÉVI-STRAUSS C. (1971) - *Mythologique 4. L'Homme Nu*. Paris : Plon, 688p.
- LÉVI-STRAUSS C. (1983) - *Le Regard Éloigné*. Paris : Plon, 398 p.
- LÉVI-STRAUSS C. (2002) - CR : Guillaume Lecoite & Hervé Le Guyader, *Classification phylogénétique du vivant. L'Homme 162*, p. 309-312.
- NUNN C.L., ARNOLD C., MATTHEWS L., BORGERHOFF M.M. (2010) - Simulating trait evolution for cross-cultural comparison. *Philosophical Transactions of the Royal Society 365* (1559), p. 3807-3819.
- OHMAGARI K. et BERKES F. (1997) - Transmission of indigenous knowledge and bush skills among the western James Bay Cree women of subarctic Canada. *Human Ecology 25*(2), p. 197-222.
- PAGEL M. (2009) – Human language as a culturally transmitted replicator. *Nature Reviews Genetics*, 10, p. 405-415.
- PAGEL M., ATKINSON Q.D. et MEADE A. (2007) – Frequency of word-use predicts rates of lexical evolution throughout Indo-European history. *Nature 449*, p. 717-720.
- RUSTIGE R. (1988) - *Tyendinaga Tales*. Kingston & Montreal: McGill-Queen's University Press, 78 p.
- SÉBILLOT P. (2002) - *Croyances, Mythes et Légendes des Pays de France*. Paris, Omnibus, 1559 p.
- SHENNAN S. et STEELE J. (1999) - Cultural learning in hominids: a behavioural ecological approach, in : H.O. BOX ET K.R. GIBSON [éds], *Mammalian social learning: comparative and ecological perspectives*. Cambridge : Cambridge University Press, p. 367-388.
- STANSBURY H. (1906) - Cherokee star-lore, in: *Boas anniversary volume. Anthropological papers written in honor of Franz Boas*. New York: G.E. Stechert & Co., p. 354-366.
- TEIT J. A. (1917) - Thompson tales, in : J. TEIT, F. BOAS ET L. FARRAND [éds], *Folk-tales of the Salishan and Sahaptin Tribes*. Lancaster ; New York: G.E. Stechert & Co. (Memoires of the American Folk-Lore Society 11), p. 1-63.
- TEHRANI J. et COLLARD M. (2002) – Investigating cultural evolution through biological phylogenetic analyses of Turkmen textiles. *Journal of Anthropological Archaeology*, 21, p. 443-463.
- VASILEVICH G.M. (1963) - Early concepts about the universe among the Evenks (materials). In : H.N. MICHAEL [éd], *Studies in Siberian shamanism*, Toronto : University of Toronto Press, p. 46-83.
- VIALOU D. (1987) - *L'Art des Cavernes. Les sanctuaires de la préhistoire*. Monaco, Paris : Le Rocher, 117 p.
- VINSON J. (1883) - *Le Folk-lore du Pays Basque*. Paris, Maisonneuve, 396 p.

Les traits qui sont certains :

Le logiciel Mesquite permet de reconstruire le proto-mythe de la Chasse cosmique tel qu'il a dû exister à l'origine, ainsi que son évolution. La figure 3 montre ainsi l'évolution du deuxième mytheme : « Un cervidé est pourchassé. » Appliqué à l'ensemble des mythemes, le proto-mythe suivant peut être reconstruit, tel qu'il a sans doute été raconté aux temps paléolithiques :

Un unique cervidé est pourchassé par un seul chasseur. L'animal est vivant quand il se transforme en constellation. Le cervidé forme l'ensemble de la Grande Ourse.

50% : l'animal chassé à six pattes ;

	Cherokee	Nlaka'panux	Twana	Snohomish	Renards	Micmac	Mohawk	Khanty	Evenk 1	Evenk 2	Peuples ob-ougriens	Hésiode	Pseudo-Apollodore	Ovide	Pausanias	Lilloet	Wasco	Seneca
Une femme est violée par un dieu et porte son enfant.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
Un cervidé est pourchassé.	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0
Un ours est pourchassé.	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
L'animal pourchassé a six pattes.	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Il y a un animal pourchassé.	1	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1
Il y a deux animaux pourchassés.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
Il y a quatre animaux pourchassés.	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Un animal est puni pour sa vanité.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Un seul individu poursuit l'animal.	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0
Trois individus, ou au final trois individus, poursuivent l'animal.	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Cinq individus poursuivent l'animal.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Sept individus poursuivent l'animal.	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Les poursuivants appartiennent à la même famille.	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Les poursuivants vont au ciel.	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1
Un homme transforme ses frères en étoiles.	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Un dieu transforme une nymphe en ours.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
Zeus	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Héra/Junon	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
Artémis	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Un dieu ou un magicien transforme un animal en constellation.	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0
Un dieu ou un magicien empêche un chasseur d'atteindre sa proie.	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0
L'animal est vivant quand il est transformé en constellation.	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	0
L'animal est mort quand il est transformé en constellation.	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1
Un homme est sur le point de tuer sa mère transformée en animal.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
La chasse se prolonge jusqu'à l'automne.	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
La graisse et le sang coulant du corps de l'animal sur la terre se transforment en autre chose.	1	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Le sang coulant du corps de l'animal teinte le feuillage des arbres en automne.	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
La graisse se transforme en mielat.	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
La graisse se transforme en neige.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
L'animal devient une seule étoile de la constellation.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
L'animal devient quatre étoiles de la Grande Ourse.	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0
L'animal forme l'ensemble de la constellation.	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0

Plusieurs animaux se transforment en plusieurs étoiles de la constellation.	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Des membres de la même famille se transforment en Ursus Major et Ursus Minor.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
Les membres coupés de l'animal sont les étoiles vues en hiver.	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Trois étoiles forment l'ombre de l'animal.	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Les chasseurs forment le bras de la constellation.	1	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
Les chasseurs forment cinq étoiles de la constellation.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Les chasseurs forment sept étoiles de la constellation.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Alcor est un chien.	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
Alcor est un pot de nourriture.	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Alcor est une flèche.	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Alcor est un couteau.	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
La Grande Ourse est un dessin.	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

CODAGE POUR LE LOGICIEL SPLITSTREE 4

#nexus

```

BEGIN Taxa;
DIMENSIONS ntax=18;
TAXLABELS
[1] 'Mohawk'
[2] 'Renards'
[3] 'Micmac'
[4] 'Cherokee'
[5] 'Nlaka'pamux'
[6] 'Twana'
[7] 'Lilloet'
[8] 'Snohomish'
[9] 'Khanty'
[10] 'Evenk_1'
[11] 'Evenk_2'
[12] 'Peuples_ob-ougriens'
[13] 'Hesiode'
[14] 'Pseudo-Apollodore'
[15] 'Ovide'
[16] 'Pausanias'
[17] 'Wasco'
[18] 'Seneca'
;
END; [Taxa]

```

```

BEGIN Unaligned;
DIMENSIONS ntax=18;
FORMAT
  datatype=STANDARD
  missing=?
  symbols="0 1"
  labels=left
;

```

```
MATRIX
'Mohawk'      00101000010011000000010011100010000010010000,
'Renards'     00101000010001000000001001100010001010010000,
'Micmac'      00101000010100000000001011100010000010000000,
'Cherokee'    00101000010001000000001011010010000010001000,
'Nlaka'pamux' 00101000010011100001110000000010000010010000,
'Twana'       01000010000001000000010000000000100000010000,
'Lillooet'    00101000010000000000010000000010000010010000,
'Snohomish'   01000010010001000000010000000000100010010000,
'Khanty'      01011000100000000000010000000001000000000001,
'Evenk_1'     01001000100000000001110000000001000100000100,
'Evenk_2'     0100010001000100000001000000001001001000000,
'Peuples_ob-ougriens' 0101100110000100000001000000001000000000000,
'Hesiode'     10101000100000010011110100000001000000000000,
'Pseudo-Apollodore' 1010100010000001100100100000000100000000000,
'Ovide'       1010100010000001010111010000000101000000000,
'Pausanias'   1010000010000001010100100000000100000000000,
'Wasco'       00100100001001000000010000100000100001010000,
'Seneca'      00101000000111000000001011101100000000100010;
END; [Unaligned]
```

```
BEGIN st_Assumptions;
  unaligntransform=Noalign;
  chartransform=Uncorrected_P;
  disttransform=BioNJ;
  treestransform=TreeSelector;
  splitstransform=EqualAngle;
  SplitsPostProcess filter=dimension value=4;
  autolayoutnodelabels;
END; [st_Assumptions]
```