



HAL
open science

6.1 La faune in "Rapport de fouille programmée Waziers "Le Bas Terroir": Première année de la triennale 2017-2019"

Patrick Auguste, Noémie Sévêque

► To cite this version:

Patrick Auguste, Noémie Sévêque. 6.1 La faune in "Rapport de fouille programmée Waziers "Le Bas Terroir": Première année de la triennale 2017-2019". [Rapport de recherche] Service régional de l'archéologie Hauts-de-France. 2018. hal-02341715

HAL Id: hal-02341715

<https://hal.science/hal-02341715>

Submitted on 6 Nov 2019

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.

6. Vestiges de la fouille programmée 2017 et avancées des analyses archéologiques

6.1 La faune

Patrick AUGUSTE, avec la collaboration de **Noémie SEVEQUE**.

Unité EEP, UMR 8198 CNRS – Université de Lille Sciences et Technologies, Bâtiment SN5, 59655 Villeneuve d'Ascq Cedex

6.1.1. Résultat des fouilles 2017

L'opération de terrain menée à Waziers en 2017 a de nouveau permis la découverte de vestiges d'ossements et de dents de vertébrés au sein de quelques unités stratigraphiques. Ce sont en tout 62 pièces qui ont été déterminées et attribuées anatomiquement et spécifiquement (Tableau 3).

Taxon\US	200	100	12	10	10B	8/7	7	6	3B	Total
Aurochs			1							1
Chevreuil							1	4		5
Cheval		1							2	3
Éléphant						1				1
Grand herbivore	1			1	1					3
Petit herbivore								3		3
Tortue							1	4		5
Canard							18 (2 ind)	14 (2 ind)		32
Petit oiseau								3		3
Arvicolidé							1	2		3
Indéterminé								3		3
Total	1	1	1	1	1	1	21	33	2	62

Tableau 3 : Waziers 2017 - Inventaire et dénombrement du matériel faunique vertébré.

C'est l'US 6 ou « tourbe beige » qui a livré le plus de vestiges, suivie de l'US 7. Ces deux US sont dominées par le canard, avec au moins deux individus à chaque fois. Le chevreuil (et probablement les éléments rapportés à un petit herbivore) est le premier mammifère présent dans l'US 6, avec un jeune individu âgé d'environ 4 mois à sa mort, soit un décès vers la fin de l'été (Figure 74). La tortue et un petit oiseau sont également présents dans cette US.

L'aurochs n'a été identifié que sur une pièce, un fragment de diaphyse d'humérus provenant de l'US 12 et présentant une fracturation hélicoïdale témoignant d'une percussion dynamique sur os frais, pouvant probablement être rapportée à une activité de boucherie (fracturation de l'os pour extraction de la moelle) (Figure 75).

Un cheval est présent dans les US 100 et 3B. Dans les deux cas, il s'agit d'un animal robuste.



Figure 74 : Waziers 2017 – Éléments crâniens d’un même chevreuil âgé d’environ 4 mois à sa mort. A gauche, maxillaire gauche (avec D2 à M1 supérieures) et hémi-mandibule gauche (avec D2 à M1 inférieures) en vue vestibulaire (US 6, n° 503 et 617) ; à droite, hémi-mandibule droite (avec D2 à M1 inférieures, M2 en bourgeon non sortie) en vue vestibulaire (US 6, n° 500) (photos et planche : Noémie Sévêque).



Figure 75 : Waziers 2017 – Fragment de diaphyse d’humérus d’aurochs présentant une fracturation hélicoïdale probablement d’origine anthropique (US 12, n° 615). Deux vues corticales à gauche, deux médullaires à droite (photos et planche : Noémie Sévêque).

Un fragment de molaire inférieure de proboscidiien a été découvert dans la coupe à la jonction entre les US 8 et 7. La pièce correspond à la partie distal d’une molaire et n’est pas trop diagnostique, mais la morphologie des lames avec en particulier à la partie basale une ébauche de sinus loxodonte peut permettre de rapporter cette dent à l’éléphant de forêt plutôt qu’un à mammoth (fig. 4).

Les vestiges des vertébrés découverts lors des fouilles 2017 de Waziers sont donc quasiment analogues de ceux des années précédentes, à l’exception de l’éléphant encore inédit dans le gisement. L’état de conservation du matériel provenant des niveaux tourbeux (US 6 et 7) est identique à celui des unités stratigraphiques de ces années antérieures et la formation de ces unités peut être considérée comme sub-contemporain entre les deux secteurs. Tous les taxons présents témoignent de conditions tempérées avec présence d’une végétation arborée, le statut du cheval étant à définir. L’impact anthropique sur ces éléments demeure toujours fugace, probablement lié à la position du dépôt en contexte aquatique, et assurément secondaire par rapport à la probable occupation humaine sur la berge.

Figure 76 : Waziers 2017 – Fragment de molaire inférieure d'éléphant (US 8/7, n° 621). En haut, vue occlusale, au milieu vue caudale à gauche et crâniale à droite, en bas vue basale (photos et planche : Noémie Sévêque).



5 cm

6.1.2 Un nouvel aurochs pour la fouille 2014

Il faut ajouter une pièce qui provient des prélèvements en bloc des bois végétaux réalisés lors de la fouille 2014. Il s'agit d'un fragment de frontal d'aurochs portant des stries de découpe (fig. 1). Ces stries témoignent d'une activité de dépouillage visant à séparer la peau du crâne. Cette pièce conforte l'aspect anthropique de l'origine d'une partie du matériel découvert en 2014 et de manière générale le rôle de l'Homme dans sa formation.

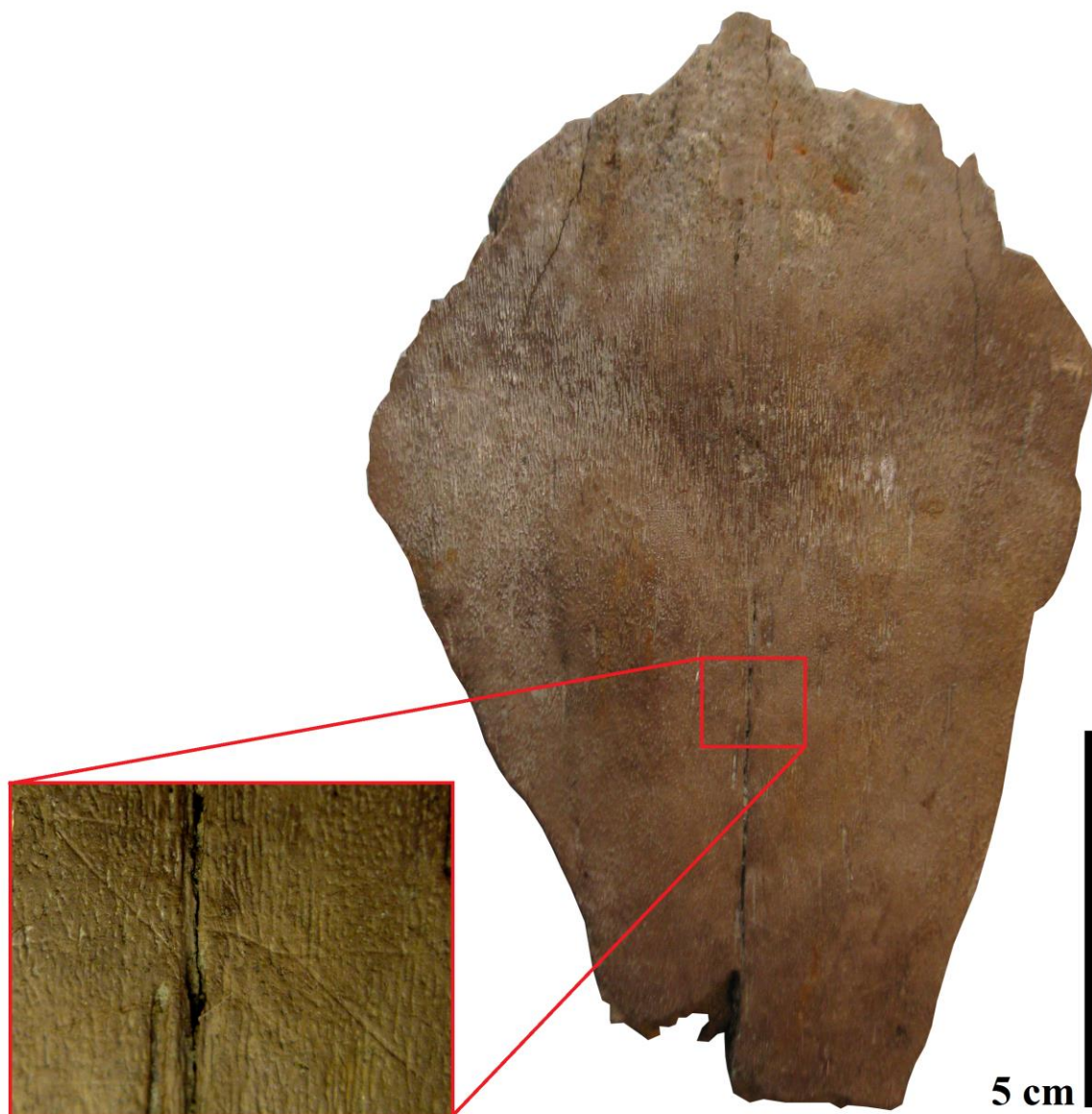


Figure 77 : Waziers 2014 – Fragment de frontal d'aurochs (US 26, n°40) portant des stries de dépouillage (zoom). Vue dorsale (photos et planche : Noémie Sévêque).

6.1.3 Programme d'analyse en protéomique appliqué sur les ossements de Waziers

Dans le cadre d'un programme financé par la Mission pour l'Interdisciplinarité du CNRS (*X-Life 2017*), nous avons effectué une sélection de quelques pièces provenant des fouilles des années précédentes de Waziers. Six échantillons ont ainsi été ajoutés à ceux d'autres gisements dans le cadre de ce programme.

Intitulé « *Application des techniques protéomiques à l'identification des ossements de mammifères quaternaires provenant de sites préhistoriques* » (*ProtéoMamQuat*), ce programme a pour objectif d'utiliser les techniques novatrices de la protéomique (étude des molécules protéiniques) en paléontologie et archéologie, applications encore très peu développées dans ces domaines. Le premier but est de réaliser le recensement du corpus biologique présent dans des ossements de mammifères fossiles, mais également de permettre la détermination spécifique d'os et l'étude phylétique d'animaux disparus. Collaboration pluridisciplinaire, ce programme inclut 2 UMR et 1 USR relevant de 3 instituts du CNRS, INEE, INSHS et INC :

- UMR 8198 EEP (P. Auguste) pour les sciences de la Terre et de la vie, pour les analyses paléontologiques et paléoécologiques ainsi que la gestion du projet.
- UMR 8164 HALMA (T. Oueslati, A. Lamotte et N. Sévêque), pour les sciences humaines, pour les interactions avec les différentes populations humaines préhistoriques et les comparatifs historiques.
- USR 3290 MSAP (C. Tokarski, C. Rolando, F. Bray, S. Devassine), pour le développement des analyses protéomiques.

L'étude des protéines conservées dans les os d'espèces disparues présentent de nombreux challenges : la quantité de matière disponible est très faible, les protéines peuvent être partiellement dégradées, les séquences génomiques sont inconnues ce qui implique un séquençage de novo. Une étude préliminaire sur des échantillons de mammoths de Sibérie datés d'environ 24 000 ans BC fournis par l'UMR 8198 Evo-Eco-Paleo a permis d'identifier différentes séquences de collagènes mais également 50 protéines supplémentaires. L'analyse de la similarité des protéines avec les espèces séquencées est en parfait accord avec l'arbre phylogénique (Figure 78 : échantillon de mammoths de Sibérie sur lequel ont été prélevé 500 µg d'échantillon, Figure 79 : extrait de l'arbre phylogénique obtenu par traitement des informations des séquences protéiques par les outils bioinformatiques).



Figure 78 : Echantillon de mammoths de Sibérie sur lequel a été prélevé l'échantillon pour l'analyse protéomique.

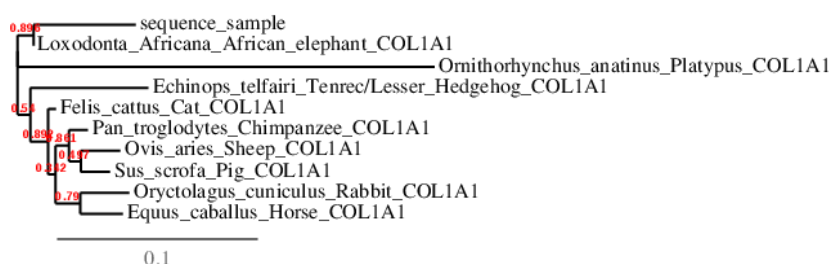


Figure 79 : Extrait de l'arbre phylogénique obtenu par traitement des informations des séquences protéiques par les outils bioinformatiques).

Ainsi, le projet intègre l'étude d'espèces sans équivalent actuel et l'étude de certaines espèces rares, protocole qui est unique et devrait permettre pour la première fois d'obtenir des informations précises concernant les arbres phylogénétiques, mais surtout de bien identifier spécifiquement les ossements. Ces études nécessiteront l'optimisation des méthodologies à partir d'un référentiel d'ossements animaux modernes, archéologiques et de musées. Différents outils bioinformatiques permettant d'établir des relations de phylogénie seront également évalués (ex : seaview 4.5.4 pour l'alignement de séquences multiples et phylogénie moléculaire, Mesquite 3.04 pour organiser et analyser des données comparatives sur les organismes, MrBayes 3.2.2 est un programme d'inférence bayésienne, FigTree 1.4.0 pour visualiser les arbres phylogénétiques).

Le projet intègre également le développement d'une nouvelle méthodologie protéomique pour l'analyse des protéines de surface des ossements sans déminéralisation préalable. Des premiers essais ont permis, à partir d'un échantillon de dent, l'identification de 84 protéines de structure et de sang, avec par exemple des couvertures de séquences du collagène d'environ 50%. Cette nouvelle méthodologie n'a jamais été proposée et permet de travailler sur un échantillon sans échantillonnage préalable (Figure 80).

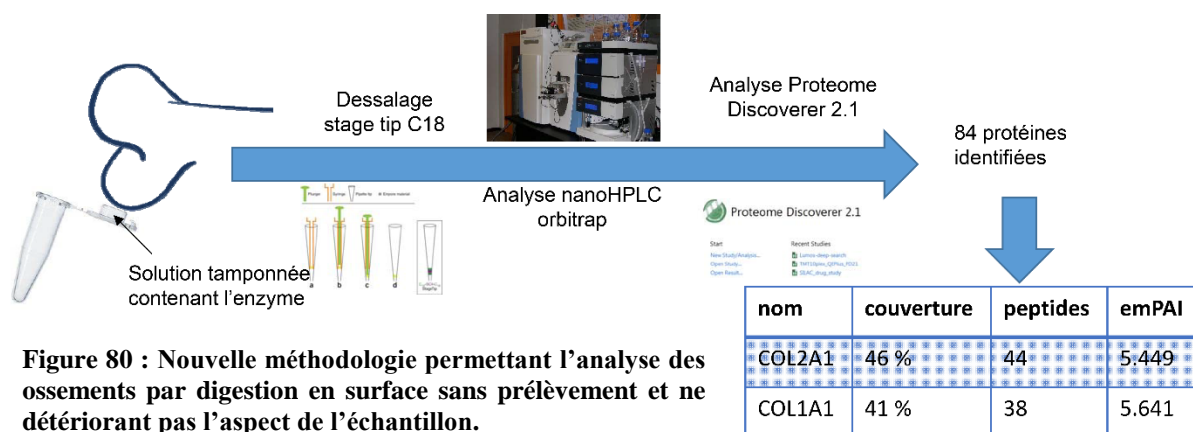


Figure 80 : Nouvelle méthodologie permettant l'analyse des ossements par digestion en surface sans prélèvement et ne détériorant pas l'aspect de l'échantillon.

Six échantillons ont été retenus pour le gisement de Waziers (Tableau 4).

Nom de l'échantillon	US	N° inventaire	Désignation
Waziers 1		7 et 17	maxillaire de rhinocéros
Waziers 2	J	6	tibia de rhinocéros
Waziers 3	68	154	coxaï castor
Waziers 4	68	173	os cygne
Waziers 5	Lit granules, F		humérus d'aurochs
Waziers 6	56	79	os fracturé

Tableau 4 : Echantillons sélectionnés du gisement de Waziers en cours d'analyse protéomique.

La méthodologie d'analyse, très peu destructive (quelques milligrammes de matière osseuse), a ainsi été testée sur ces échantillons, et les résultats vont très prochainement être disponibles. Comme on pouvait s'y attendre, le signal protéomique est particulièrement fort, indiquant une excellente conservation des molécules (collagènes et peptides) et une discrimination très probablement particulièrement pertinente des taxons.