



HAL
open science

Analyse phylogénétique d’Homo luzonensis : taxon, caractères, phylogénie et évolution insulaire

Pierre Gousset, Isabelle Rouget, Armand Salvador Mijares, Florent Détroit

► To cite this version:

Pierre Gousset, Isabelle Rouget, Armand Salvador Mijares, Florent Détroit. Analyse phylogénétique d’Homo luzonensis : taxon, caractères, phylogénie et évolution insulaire. 1847èmes journées de la Société d’Anthropologie de Paris, Jan 2022, En ligne, France. , Bulletins et Mémoires de la Société d’Anthropologie de Paris, 34 ((S)), 2021, 10.4000/bmsap.8860 . hal-03978572

HAL Id: hal-03978572

<https://hal.science/hal-03978572v1>

Submitted on 8 Feb 2023

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.

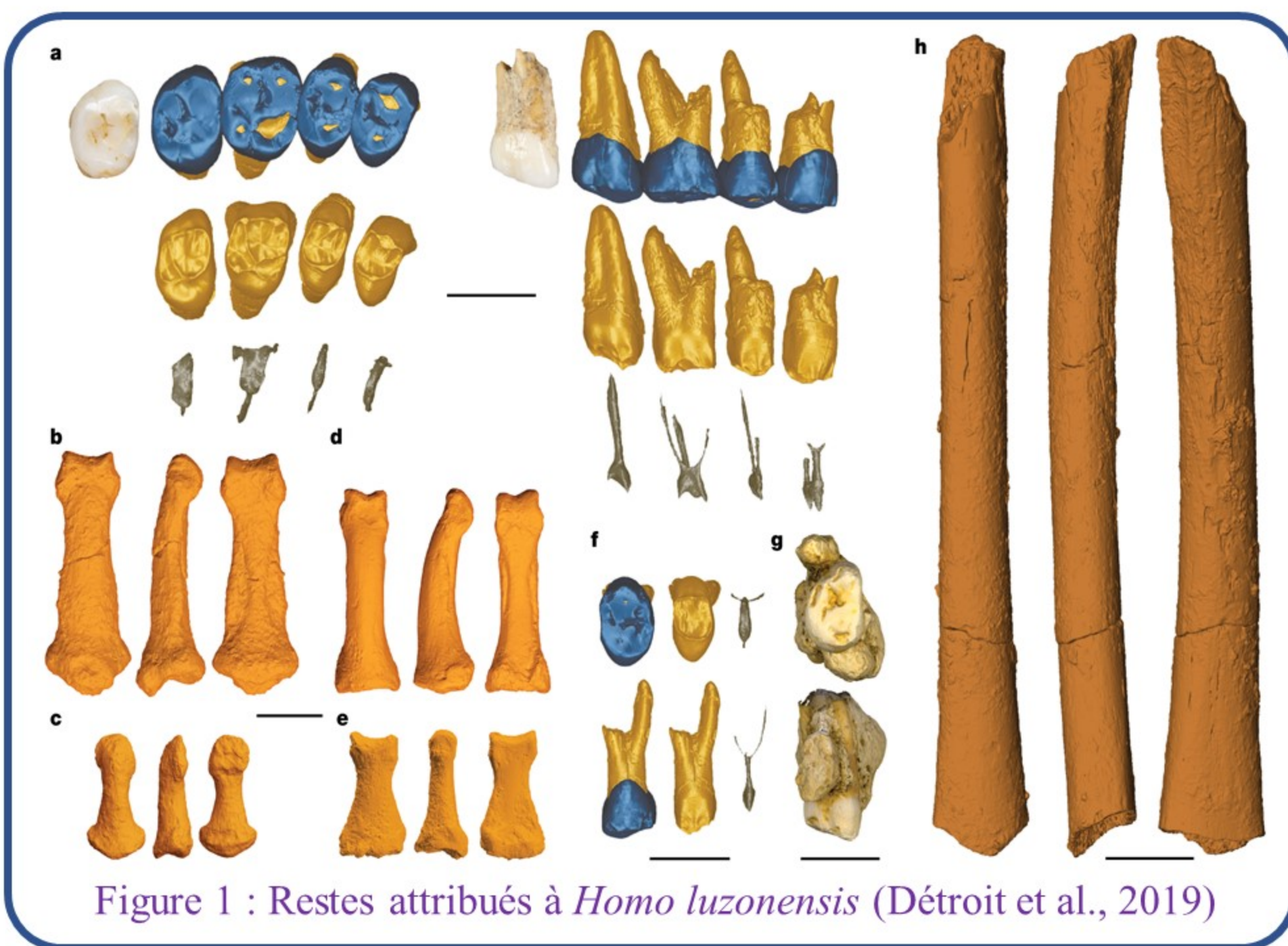


Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

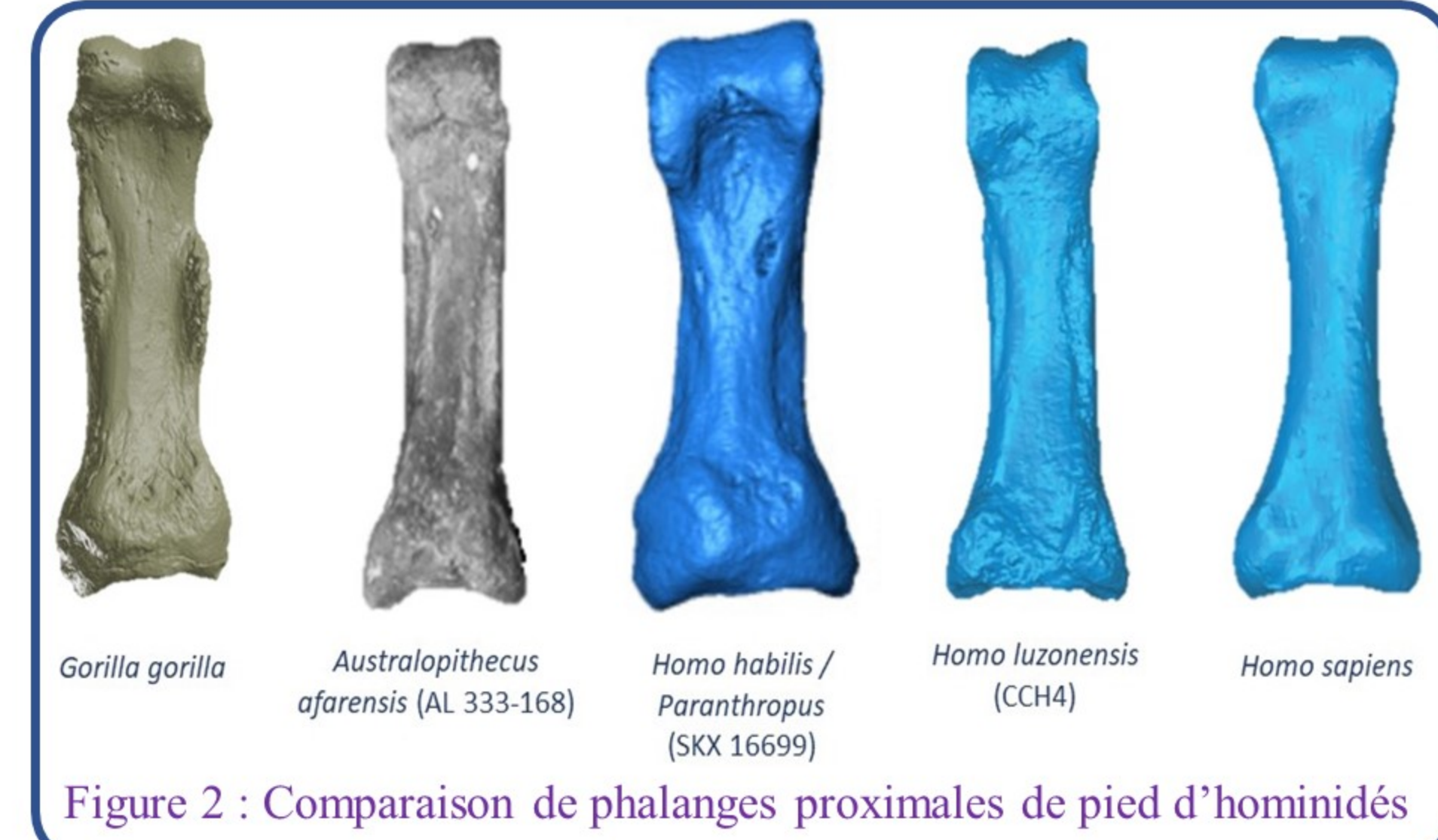
Analyse phylogénétique d'*Homo luzonensis* : taxon, caractères, phylogénie et évolution insulaire

Gousset P.¹, Rouget I.², Mijares A.S.^{3,4}, Déroit F.¹

- UMR 7194 HNHP, CNRS, UPVD, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France
- UMR 7207 CR2P, CNRS, Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France
- Archaeological Studies Program, University of the Philippines, Quezon City, Philippines
- National Museum of the Philippines, Manila, Philippines



Homo luzonensis est une espèce d'hominines identifiée sur le site de Callao, au Nord de l'île de Luçon (Philippines) dont les restes sont datés à au moins 50 ka BP. L'île de Luçon se trouve à l'Est de la ligne de Wallace, dans une zone jamais accessible à pieds secs au cours du Pléistocène. *H. luzonensis* présente une mosaïque inédite de caractères dérivés et ancestraux (Fig. 1 et 2), certains d'entre eux ayant disparu de la lignée humaine depuis les australopithèques [1]. 2 hypothèses permettent d'expliquer cette présence de caractères archaïques :



- *H. luzonensis* descend d'un australopithèque, impliquant une sortie d'Afrique avant 2 Ma ayant laissée peu ou pas de traces.
- *H. luzonensis* descend d'un *Homo erectus* asiatique, ce qui implique que les caractères ancestraux (Fig. 2) sont des réversions, potentiellement induites par des pressions environnementales et l'isolement insulaire.

Matériel & Méthodes

Pour tenter de trancher entre ces deux hypothèses, nous avons mené une **étude cladistique**. Notre **matrice taxons-caractères** est composée de :

- 23 espèces (dont 4 extra-groupes)
- 66 caractères (discrets et continus)

- 39 caractères dentaires (les molaires et prémolaires – Fig. 1)
- 26 caractères postcrâniens (3^{ème} métatarsien et phalanges de pied et de main – Fig. 1 et 2) inédits dans une analyse cladistique.

Parmi les caractères dentaires, **caractères ASUDAS**, renseignés sous forme de fréquence correspondant au pourcentage d'individus au-dessus d'un état de caractère seuil, selon la méthode d'Irish et al., (2018) [3].

Traitement des caractères

12 matrices ont été constituées selon les paramètres suivant :

- Différents traitements des caractères ASUDAS, parfois avec discrétisation (Fig. 3).
- *H. erectus sensu stricto* (taxon asiatique) ou *sensu lato* (taxon eurasiatique et africain)
 - Ajout de caractères supplémentaires pour tester la stabilité de la matrice

- Utilisation du logiciel TNT, avec l'option permettant de traiter les caractères continus comme tels [2].

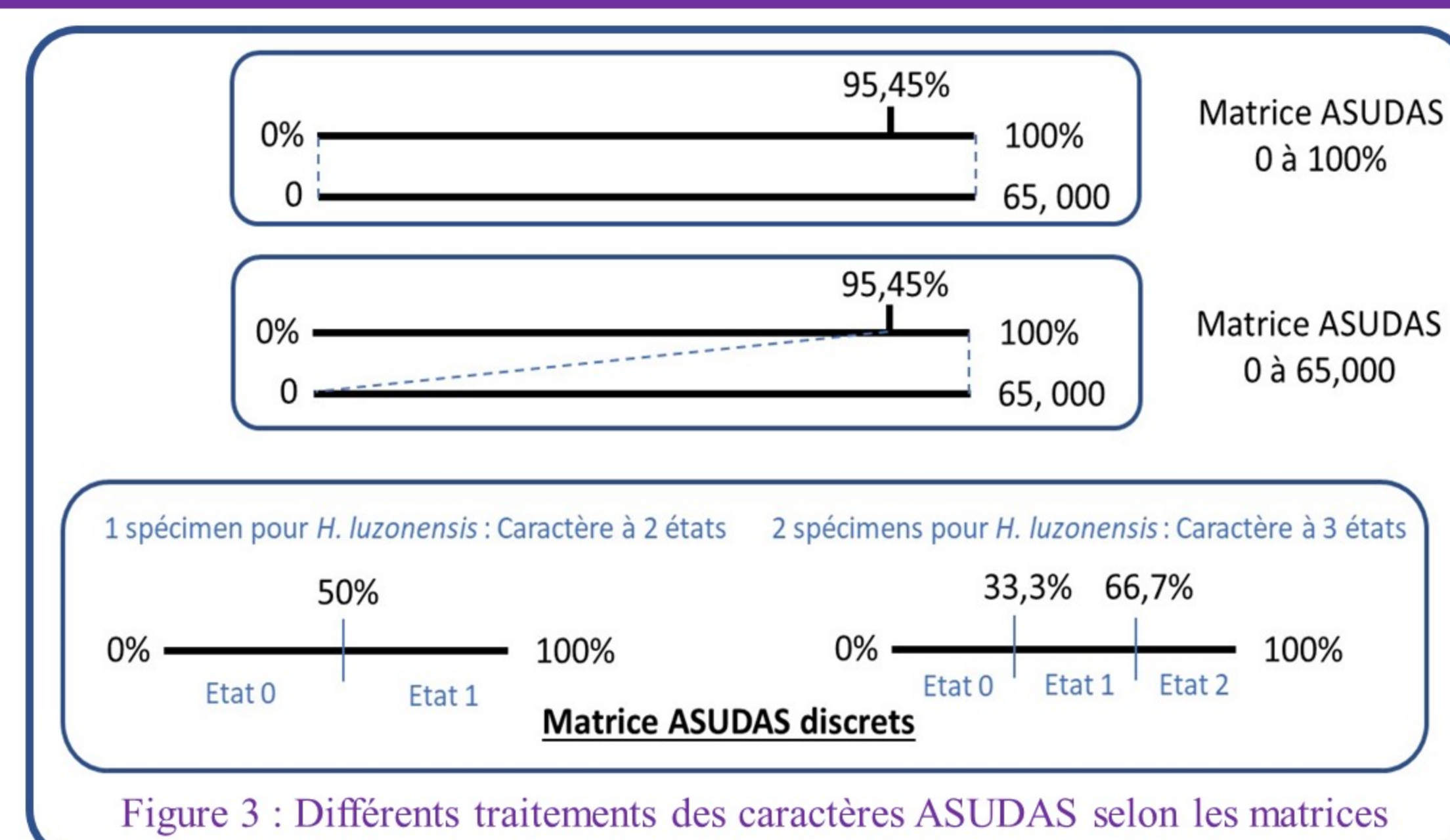


Figure 3 : Différents traitements des caractères ASUDAS selon les matrices

Evaluation des arbres obtenus :

- Indice de rétention (IR – [6])
- Moyenne des différences de fréquence après rééchantillonnage symétrique (AGS – [6]).

Résultats

matrices fournissant les phylogénies les plus robustes :

- Avec *H. erectus sensu lato* (taxon africain et eurasiatique)
- Avec les 40 caractères supplémentaires de Dembo et al., (2015) [4]
- Avec les caractères ASUDAS discrétisés

2 types principaux d'arbres correspondant aux 2 hypothèses formulées :

- *H. luzonensis* en position basale à tout le genre *Homo* (Fig. 3) et parfois groupe frère d'un australopithèque
- *H. luzonensis* dérivé par rapport à *H. erectus* (Fig. 4)

La pondération implicite fournit la majorité des arbres où *H. luzonensis* est en position basale à tout le genre *Homo*. Or, ces arbres présentent des valeurs plus faibles d'IR et d'AGS, et ont tendance à donner une position intermédiaire à *H. luzonensis*, en excluant la possibilité d'avoir des réversions.

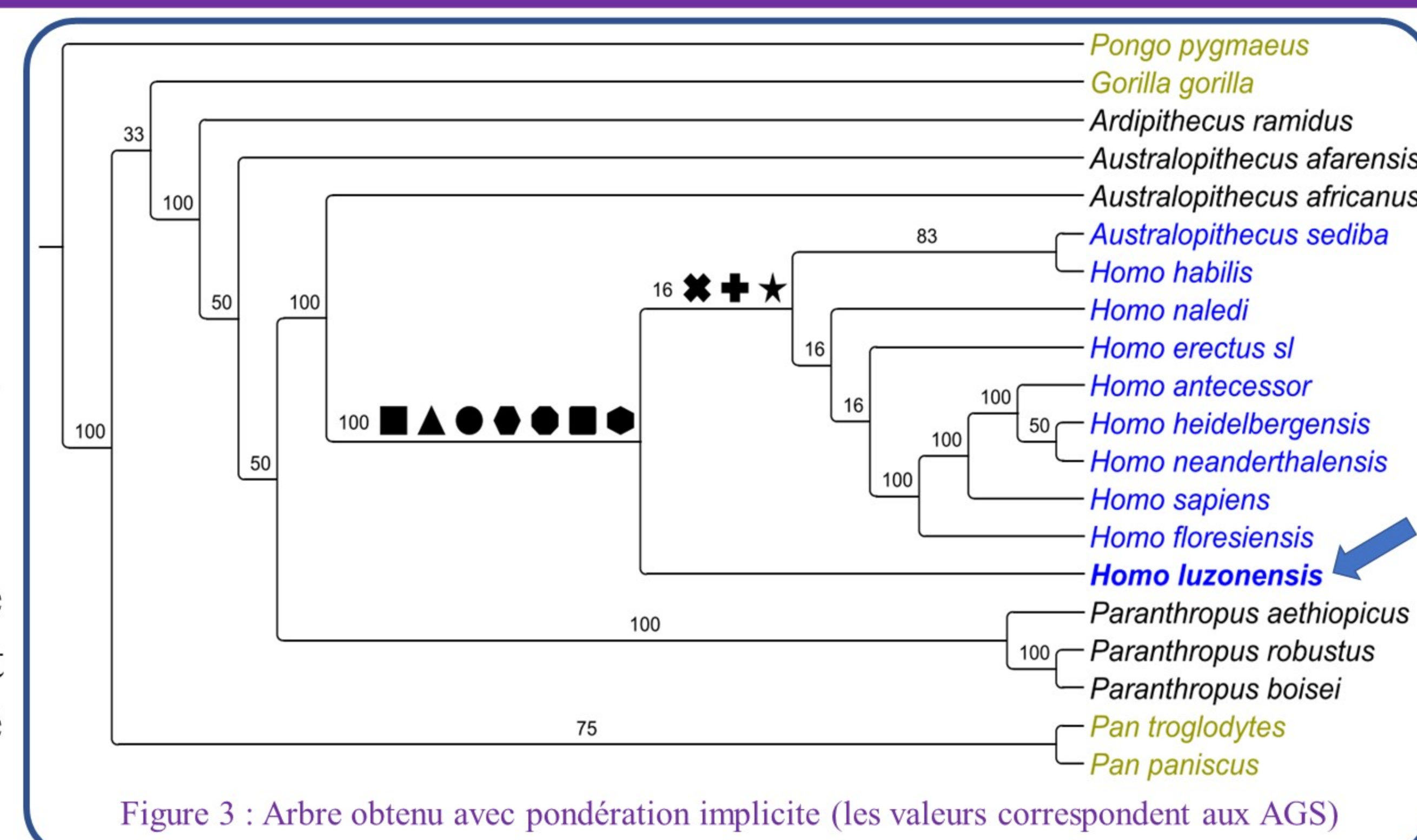


Figure 3 : Arbre obtenu avec pondération implicite (les valeurs correspondent aux AGS)

Discussion & Conclusion

Notre analyse cladistique indique qu'*H. luzonensis* descend probablement d'un *H. erectus* asiatique. Cette hypothèse est soutenue par l'importante fréquence de réversions dues à un isolement insulaire [7][8] qu'a potentiellement connu la lignée d'*H. luzonensis* [9].

En outre, les caractères archaïques d'*H. luzonensis* pourraient représenter une adaptation à un milieu de forêt tropical [10], avec de potentielles modifications du système locomoteur. Ces résultats sont par ailleurs corroborés par une analyse des contours et des structures internes des dents, qui montrent une forte affinité entre *H. luzonensis* et les *H. erectus* asiatiques [11]. ***H. luzonensis* est donc un probable exemple d'endémisme insulaire.** Notre étude montre en outre l'importance d'intégrer les caractères postcrâniens aux études cladistiques et décrit des caractères inédits pour les restes des pieds et des mains.

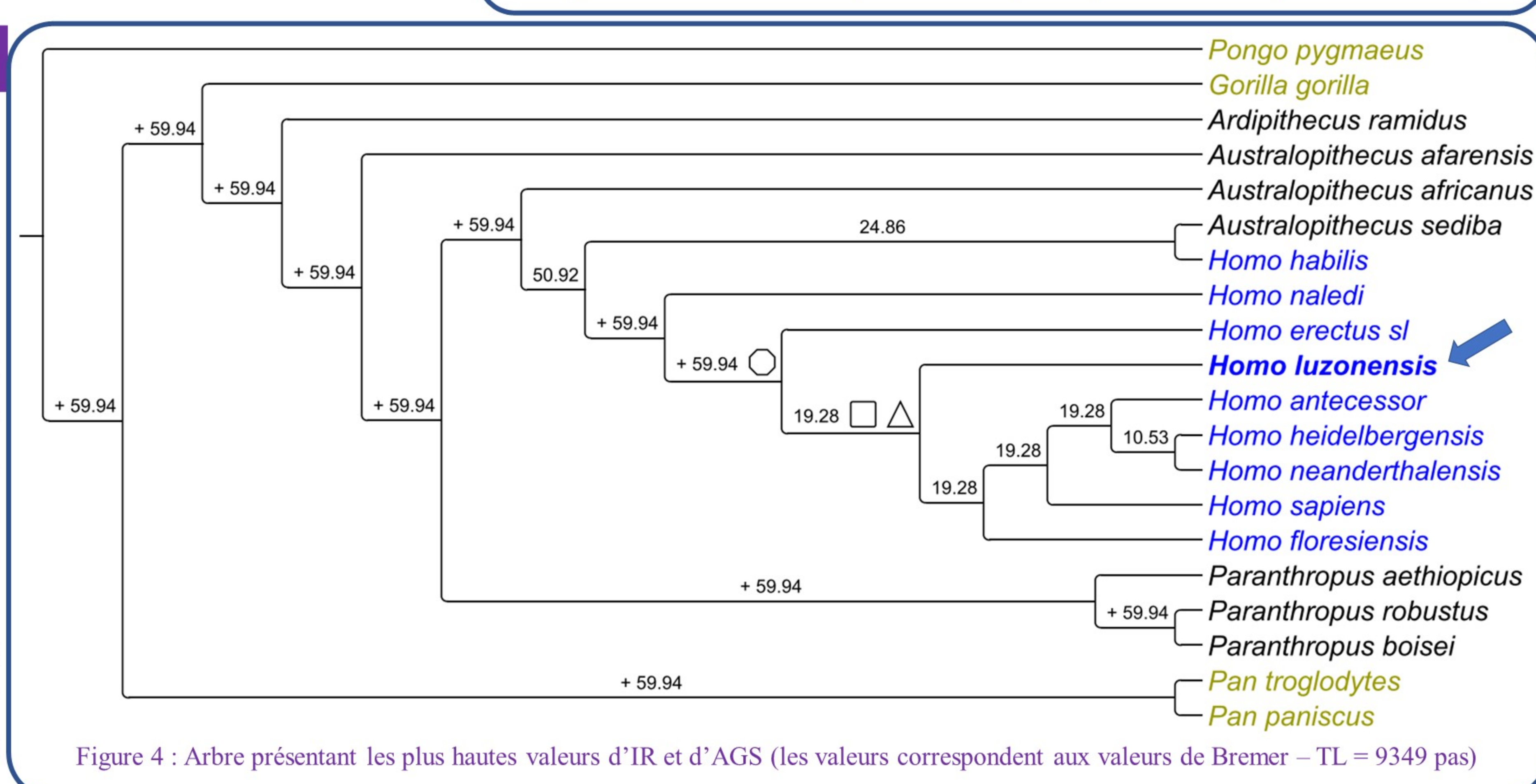


Figure 4 : Arbre présentant les plus hautes valeurs d'IR et d'AGS (les valeurs correspondent aux valeurs de Bremer – TL = 9349 pas)

Références bibliographiques

- [1] Déroit, F., et al., 2019. *Nature* 568, 181-86.
 [2] Goloboff, P. A., et Catalano, S. A., 2016. *Cladistics* 32, 221-38.
 [3] Irish, J. D., et al., 2018. *Journal of Human Evolution* 122, 108-23.
 [4] Dembo, M., 2015. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 282, 20150943.
 [5] Goloboff, P. A., 1993. *Cladistics* 9, 83-91.
 [6] Darlu, P., et al., 2019. Editions Matériologiques.
 [7] Sondaar, P. Y., 1994. *Historical Biology* 8, 1-13.
 [8] Ostende, L. W. van den Hoek., 2018. *Cladistics* 34, 708-13.
 [9] Ingicco, T., et al., 2018. *Nature* 557, 233-37.
 [10] Boivin, N., 2013. *Quaternary International* 300, 32-47.
 [11] Zanolli, C., et al., 2022. *Journal of Human Evolution* 163, 103124.
 Prises de vue Figure 2 :
 Ward, C.V., et al., 2012. *Journal of Human Evolution* 63, 1-51.
 Trinkaus, E., and Patel, B.A., 2016. *Comptes Rendus Palevol* 15, 978-987.

Remerciements

Nous remercions l'UMR 7194 HNHP du Muséum national d'Histoire naturelle pour le financement de ce projet. Aurélie Verguin et Jacques Cuisin pour l'accès aux collections, et Guillaume Daver, Jérémie Bardin, Amélie Vialet, Sandrine Prat et Miguel Caparros pour les données, les méthodes et la discussion.