



**HAL**  
open science

## Prédiction par modélisation phylogénétique de morphologies ancestrales du fémur chez les hominines

Hugo Hautavoine, Aurélien Mounier, Gilles Berillon

► **To cite this version:**

Hugo Hautavoine, Aurélien Mounier, Gilles Berillon. Prédiction par modélisation phylogénétique de morphologies ancestrales du fémur chez les hominines. 1848èmes Journées de la Société d'Anthropologie de Paris, Jan 2023, Paris, France. Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris, 35 ((s)), 2023, 10.4000/bmsap.11159 . hal-03978606

**HAL Id: hal-03978606**

**<https://hal.science/hal-03978606>**

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

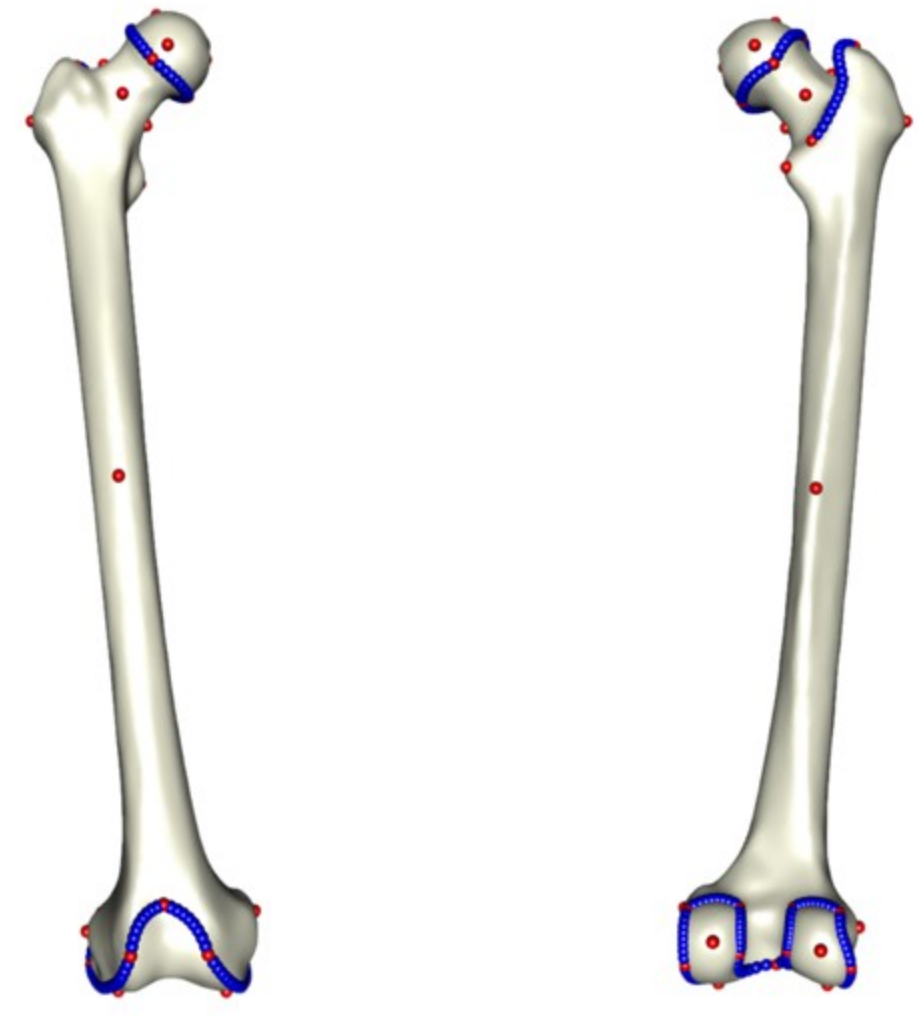
Hugo Hautavoine<sup>1</sup>, Aurélien Mounier<sup>1,2</sup>, Gilles Berillon<sup>1</sup>

1. Histoire Naturelle de l'Homme Préhistorique (HNHP, UMR 7194), MNHN/CNRS/UPVD, Musée de l'Homme, 75016 Paris, France  
2. Turkana Basin Institute, Nairobi, Kenya

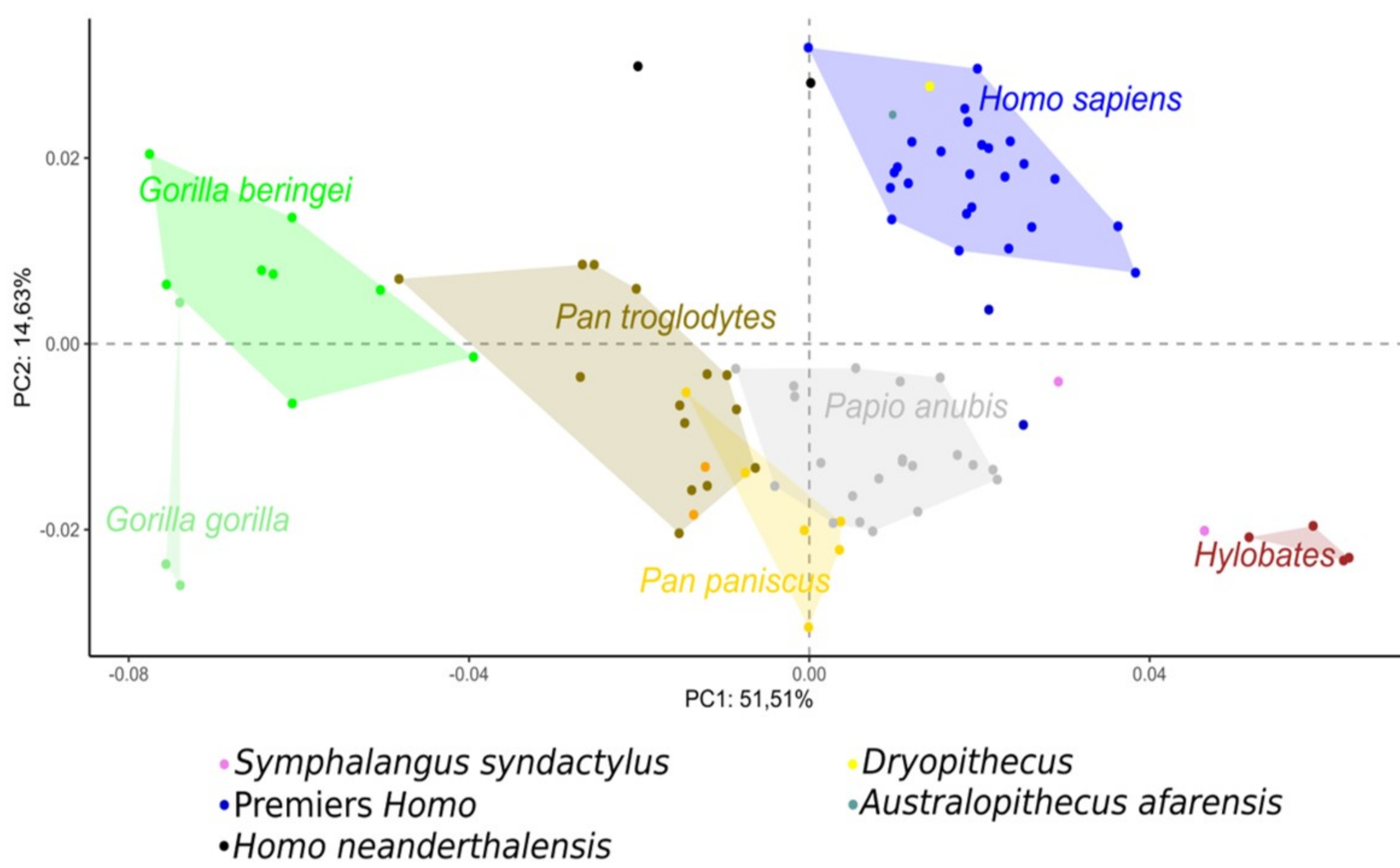
## Contexte et objectifs

Cette étude exploratoire s'inscrit dans le projet ANR "HoBiS: Bipédie des hominines", un projet de recherche multidisciplinaire qui vise à mieux comprendre la bipédie sous ses formes actuelle et passées. La bipédie semble avoir pris une place importante dans le répertoire de nos ancêtres à partir de 7 Ma (Daver et al., 2022) et a pu prendre des formes variées. Néanmoins, l'enregistrement fossile pour le membre inférieur des hominines reste lacunaire pour étayer cette hypothèse. Notre étude vise à combler ces lacunes, ici pour le fémur, en prédisant des fossiles virtuels par une méthode qui combine morphométrie géométrique et modèles évolutifs (Mounier et Mirazón-Lahr, 2016). Cette méthode de modélisation phylogénétique permet d'estimer des phénotypes ancestraux à partir de données 3D et vise in fine à proposer les étapes évolutives principales du fémur.

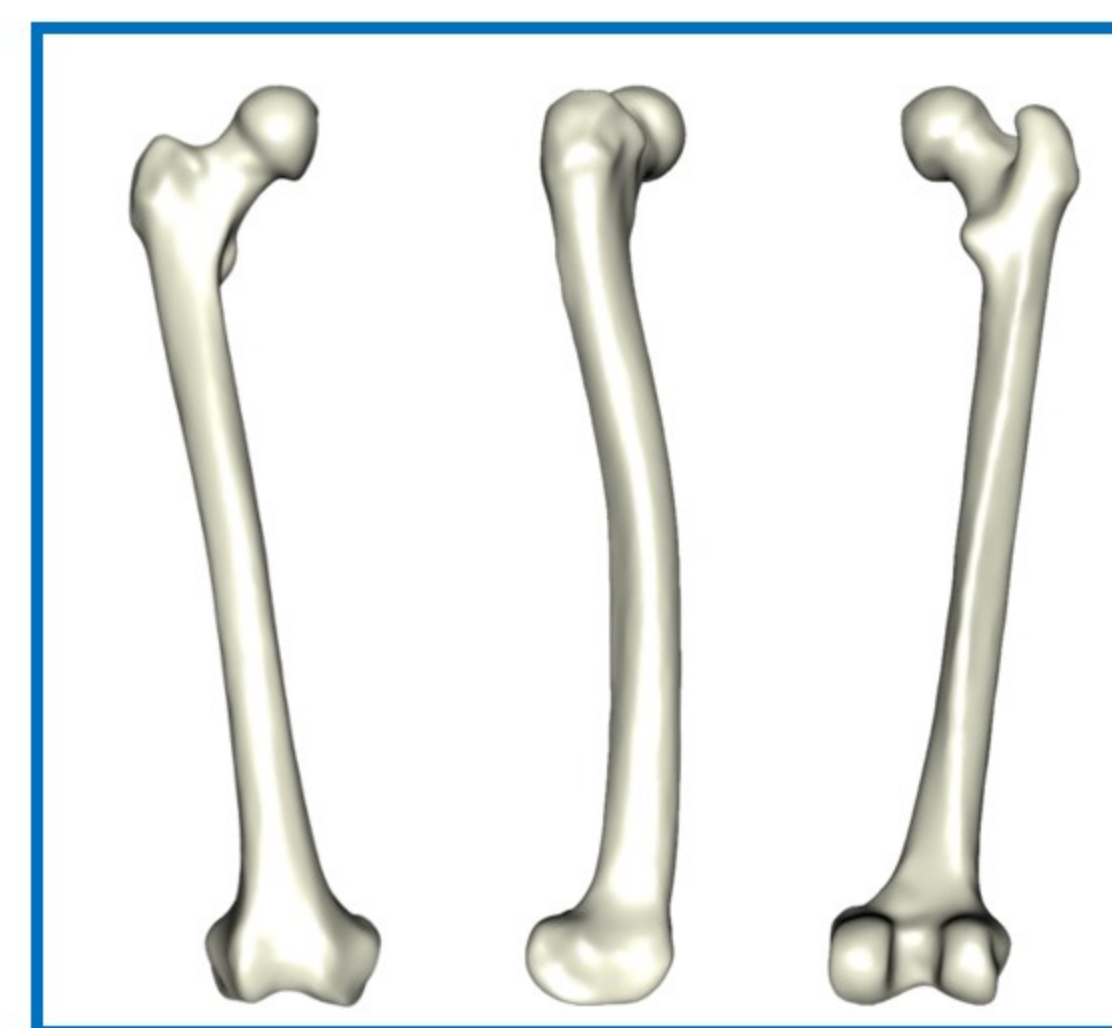
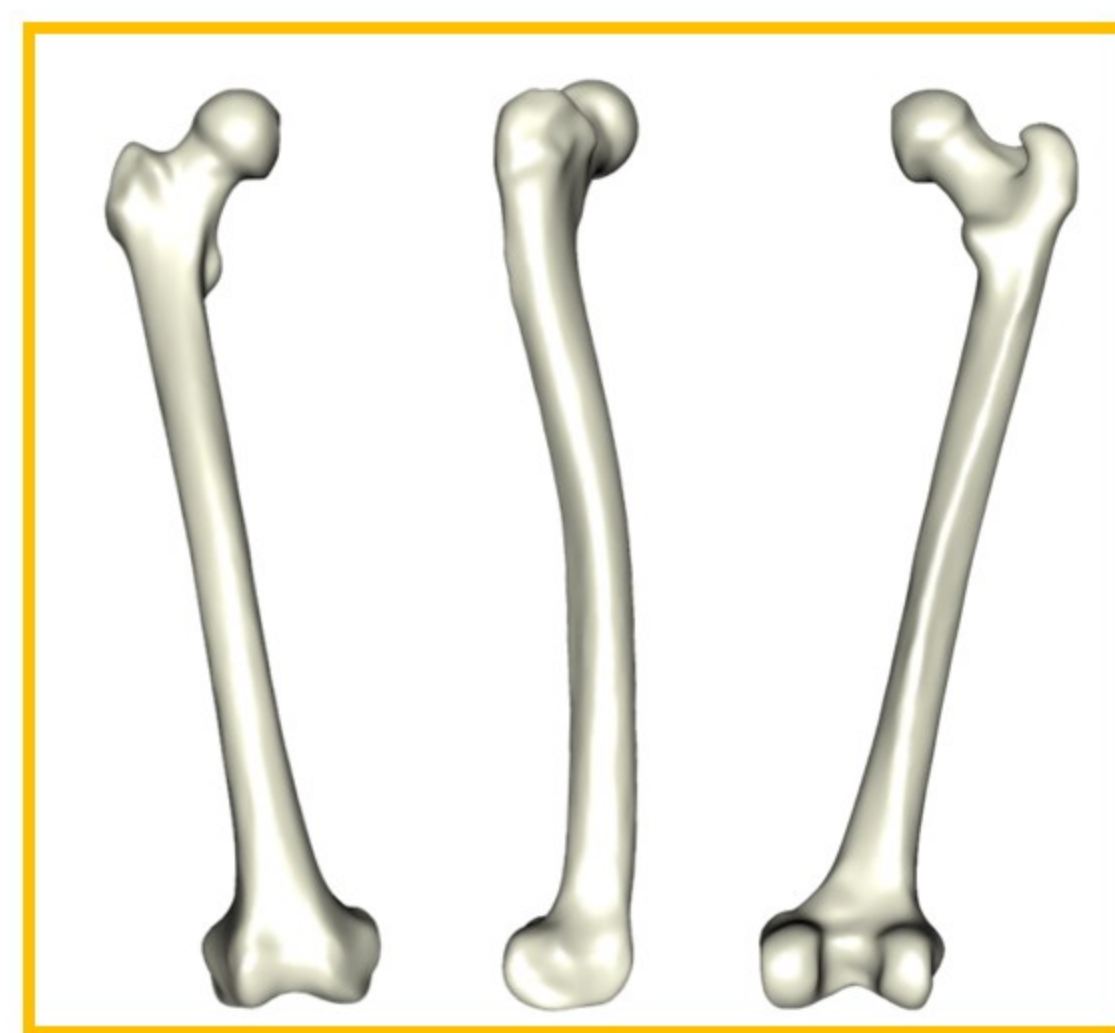
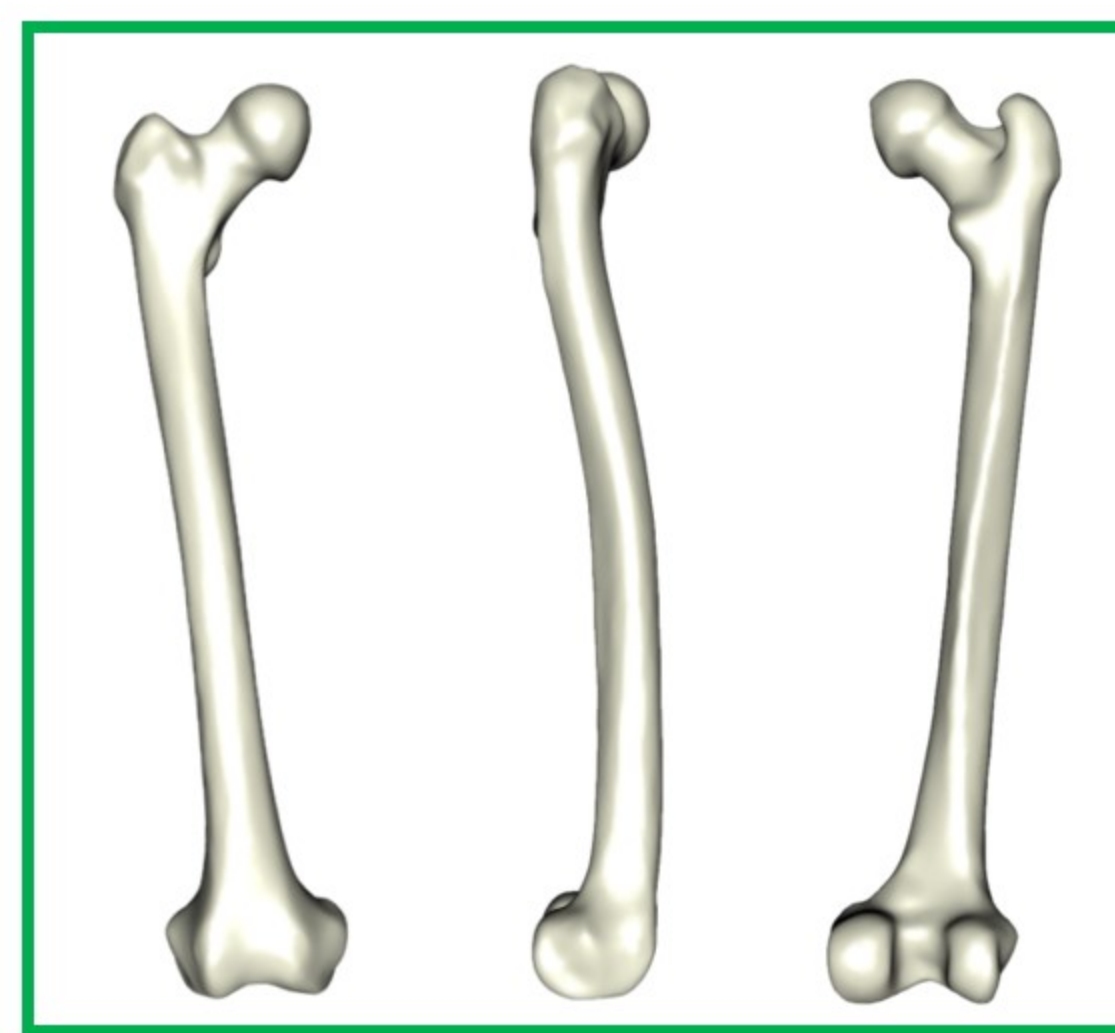
## Matériel et méthode



Disposition des 37 landmarks (en rouge) et 200 semi-landmarks (en bleu) utilisés pour l'étude, sur un fémur d'*Homo sapiens*. Les courbes de semi-landmarks délimitent les zones articulaires (Botton-Divet et al., 2016).

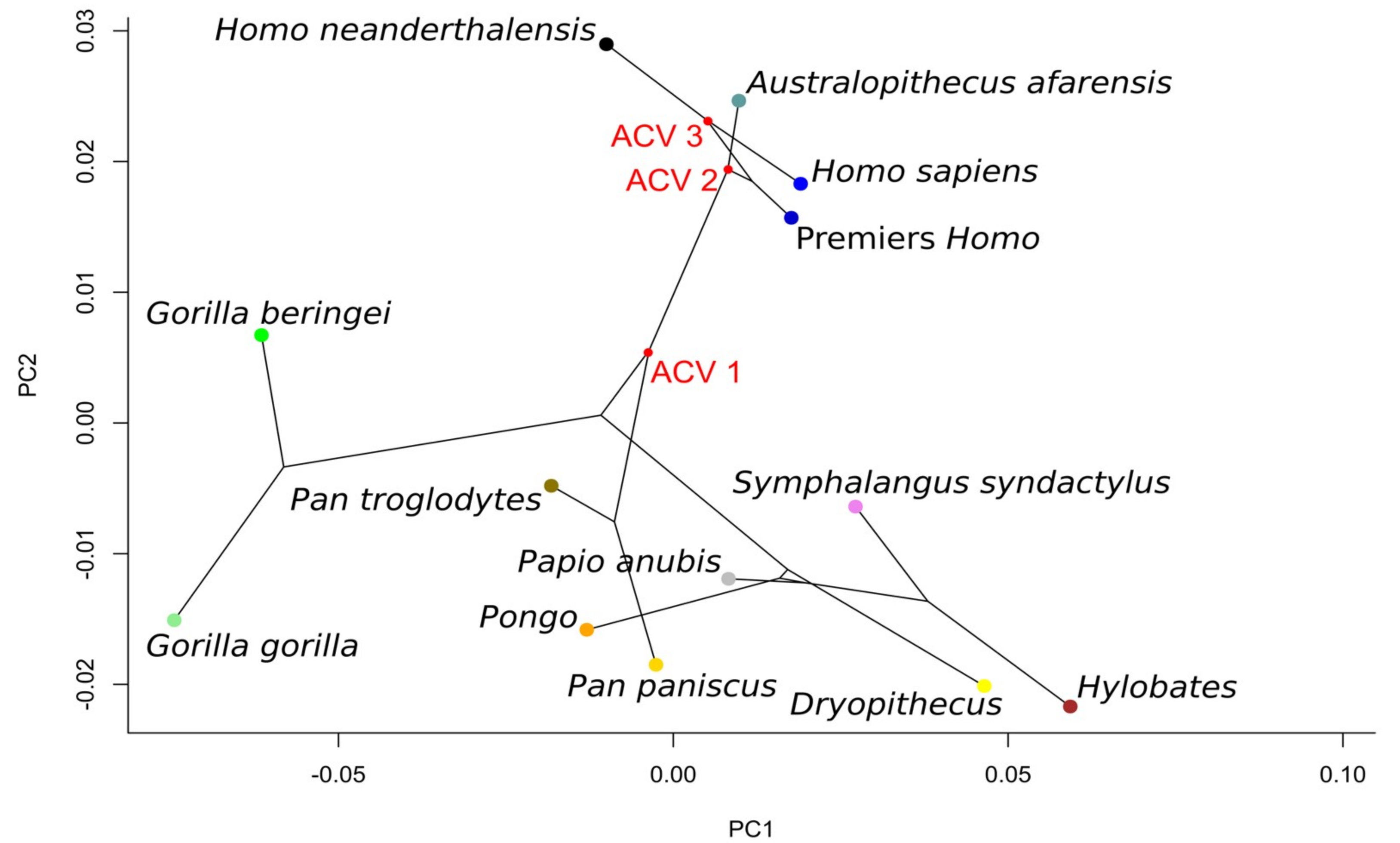


Une analyse procruste généralisée (Schlager, 2017) suivie d'une analyse en composantes principales sur un échantillon de 91 spécimens d'espèces actuelles et fossiles permettent le calcul de composantes principales. Celles-ci sont ensuite utilisées comme variables de conformations indépendantes pour calculer les phénotypes des ancêtres communs virtuels (ACV). Ce calcul s'appuie sur une phylogénie issue de données génétiques et paléontologiques et sur le mouvement brownien appliqué à l'évolution (Pagel et al., 2002).



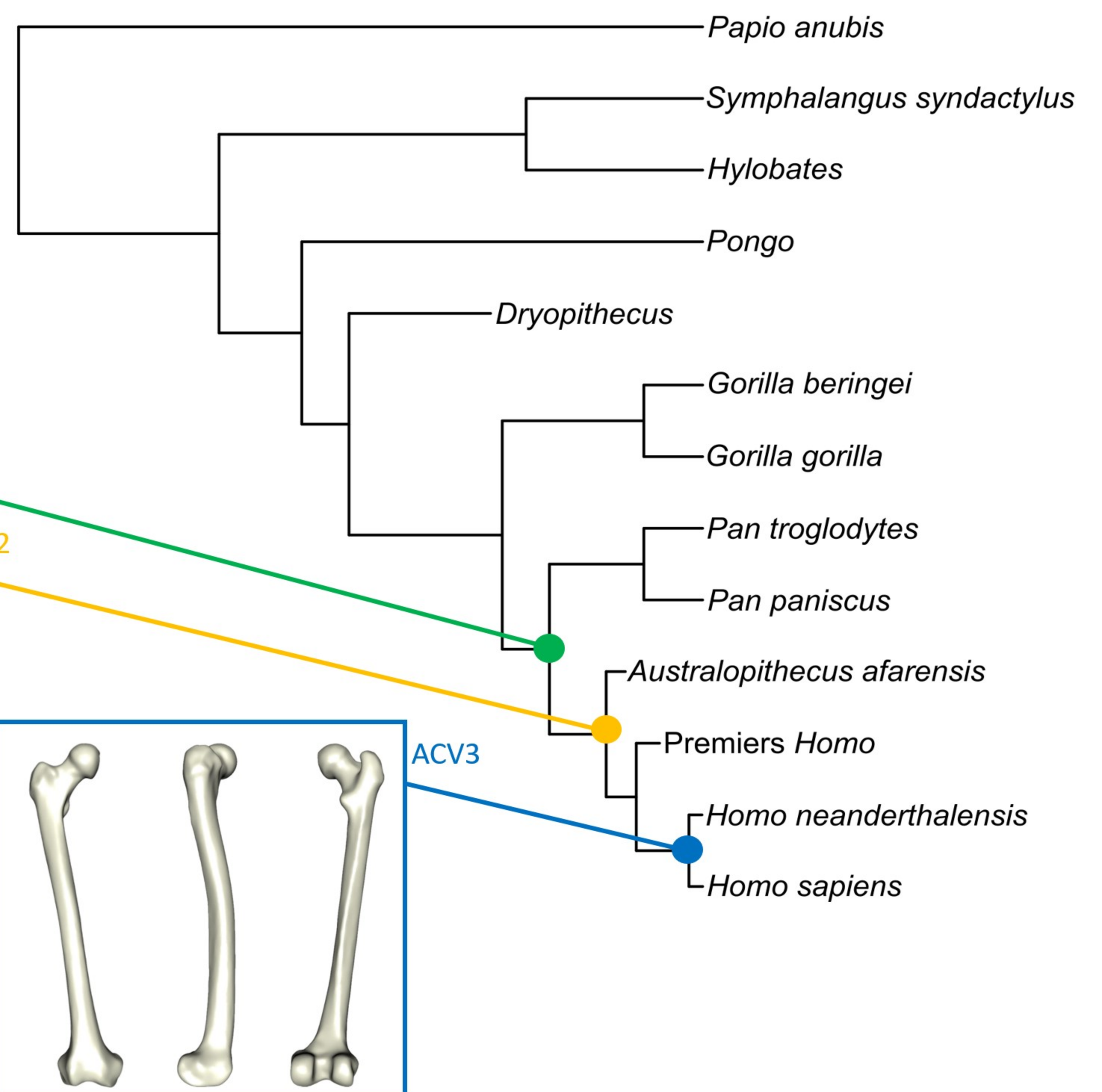
Cette étude exploratoire a montré que la méthode de modélisation phylogénétique peut être appliquée au membre inférieur. De nouvelles analyses incluront le tibia et le talus, et un protocole de pose de landmarks sur l'ensemble de la diaphyse sera mis en place de manière à capturer de façon la plus fine possible la morphologie globale des os étudiés.

## Résultats et perspectives



Les phénotypes ancestraux hypothétiques correspondant à plusieurs nœuds de la phylogénie des hominidés sont estimés (Revell, 2012): l'ancêtre commun virtuel des hominines et de *Pan* (ACV1), celui d'*Australopithecus afarensis* et *Homo* (ACV2), ainsi que celui d'*H. sapiens* et d'*H. neanderthalensis* (ACV3).

30 25 20 15 10 5 0 Ma



## Références

- Botton-Divet, L., Cornette, R., Fabre, A.-C., Herrel, A., Houssaye, A., 2016. Morphological Analysis of Long Bones in Semi-aquatic Mustelids and their Terrestrial Relatives. *Integrative and Comparative Biology* 56, 1298–1309. <https://doi.org/10.1093/icb/icw124>
- Daver, G., Guy, F., Mackaye, H.T., Likius, A., Boissier, J.-R., Moussa, A., Pallas, L., Vignaud, P., Clarisse, N.D., 2022. Postcranial evidence of late Miocene hominin bipedalism in Chad. *Nature* 609, 94–100. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04901-z>
- Mounier, A., Mirazón Lahr, M., 2016. Virtual ancestor reconstruction: Revealing the ancestor of modern humans and Neandertals. *J Hum Evol* 91, 57–72. <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2015.11.002>
- Revell, L.J., 2012. phytools: an R package for phylogenetic comparative biology (and other things). *Methods in Ecology and Evolution* 3, 217–223. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2011.00169.x>
- Schlager, S., 2017. Chapter 9 - Morpho and Rvcg – Shape Analysis in R: R-Packages for Geometric Morphometrics, Shape Analysis and Surface Manipulations, in: Zheng, G., Li, S., Székely, G. (Eds.), *Statistical Shape and Deformation Analysis*. Academic Press, pp. 217–256. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-810493-4.00011-0>
- Pagel, M., 2002. Modelling the evolution of continuously varying characters on phylogenetic trees. pp. 269–286. <https://doi.org/10.1201/9780203165171.ch13>