

Simuler le passé à partir du présent : reconstruction de morphotypes anciens de primates par une technique combinant bootstrap et phylogénie

Modelling the past from the present: reconstructing ancient primate morphotypes by a method integrating bootstrap and phylogeny

François Druelle, Gilles Berillon, Mélanie Berthet, Tasuku Kimura, Benoit Quintard

François Druelle : Labo UMR 7194 HNHP, CNRS-MNHN-UPVD, Paris, France

Gilles Berillon : Labo UMR 7194 HNHP, CNRS-MNHN-UPVD, Paris, France

Mélanie Berthet : Parc Zoologique du Muséum de Besançon, Besançon, France

Tasuku Kimura : The University Museum, The University of Tokyo, Tokyo, Japon

Benoit Quintard : Parc Zoologique et Botanique de Mulhouse, Mulhouse, France

Les morphotypes (distribution des masses et des longueurs) des primates actuels sont variés et semblent refléter, en partie, les adaptations locomotrices de ces espèces, homme et hominines inclus. Les morphotypes des primates éteints sont très partiellement reconstruits sur la base du matériel fossile, celui-ci étant souvent trop fragmentaire pour le permettre. Par ailleurs, il n'existe pas de méthode quantitative qui permettrait d'édifier l'ensemble des propriétés segmentaires sur la base du squelette seulement. Dans ce contexte, nous avons développé un processus méthodologique qui propose d'estimer des morphotypes ancestraux et leur diversité à des périodes clés de l'évolution des primates sur la base des morphotypes variés que représentent les primates actuels. Nous collectons des données morphométriques par mesures externes réalisées sur primates anesthésiés (46 mesures/individu) dans différentes structures depuis 5 ans (e.g. Station de primatologie de Rousset, Parc zoologique de Besançon, Parc zoologique et botanique de Mulhouse). Nous utilisons un modèle géométrique éprouvé (Crompton et al. 1996) pour reconstruire le morphotype des individus mesurés (n=132). L'ensemble des données collectées représente bien le « morphospace » des primates actuels, c'est-à-dire qu'il intègre des espèces extrêmes (membre supérieur relativement long chez les gibbons et membre inférieur relativement long chez les humains) et intermédiaires (bonobos, babouins, colobes) et couvre ainsi une diversité morphologique et locomotrice importante. En intégrant les relations phylogénétiques (modèle brownien et λ de Pagel) et en appliquant une méthode de bootstrap, nous proposons 1000 reconstructions par espèce ancestrale (situées aux nœuds de l'arbre phylogénétique) représentant une distribution de morphotypes possibles. La comparaison des données de longueur reconstruites aux longueurs disponibles pour les taxons fossiles (e.g. *Ardipithecus ramidus*, *Orrorin tugenensis*, *Sahelanthropus tchadensis*) permet de tester ces reconstructions. Dans cette présentation,

nous exposerons les premiers résultats fournis par cette méthodologie et discuterons de son utilisation pour inférer les adaptations locomotrices de taxons éteints.