



HAL
open science

Application de la Cladistique aux données de morphométrie géométrique. Application aux genres Pongo, Gorilla, Pan et Homo

Margaux Simon-Maciejewski, Aurélien Mounier, Giorgio Manzi, Valéry Zeitoun

► To cite this version:

Margaux Simon-Maciejewski, Aurélien Mounier, Giorgio Manzi, Valéry Zeitoun. Application de la Cladistique aux données de morphométrie géométrique. Application aux genres Pongo, Gorilla, Pan et Homo. 1848èmes Journées de la Société d'Anthropologie de Paris, Jan 2023, Paris, France. 10.4000/bmsap.11429 . hal-04306201

HAL Id: hal-04306201

<https://hal.science/hal-04306201v1>

Submitted on 24 Nov 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 - NonCommercial - NoDerivatives 4.0 International License

Application de la Cladistique aux données de morphométrie géométrique. Application aux genres *Pongo*, *Gorilla*, *Pan* et *Homo*

Applying cladistics to geometric morphometrics data. Application on genus Pongo, Gorilla, Pan and Homo

Margaux Simon-Maciejewski, Aurélien Mounier, Giorgio Manzi et Valéry Zeitoun



Édition électronique

URL : <https://journals.openedition.org/bmsap/11429>

DOI : [10.4000/bmsap.11429](https://doi.org/10.4000/bmsap.11429)

ISSN : 1777-5469

Éditeur

Société d'Anthropologie de Paris

Référence électronique

Margaux Simon-Maciejewski, Aurélien Mounier, Giorgio Manzi et Valéry Zeitoun, « Application de la Cladistique aux données de morphométrie géométrique. Application aux genres *Pongo*, *Gorilla*, *Pan* et *Homo* », *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* [En ligne], 35(S) | 2023, mis en ligne le 15 janvier 2023, consulté le 19 janvier 2023. URL : <http://journals.openedition.org/bmsap/11429> ; DOI : <https://doi.org/10.4000/bmsap.11429>

Ce document a été généré automatiquement le 19 janvier 2023.



Creative Commons - Attribution - Pas d'Utilisation Commerciale - Pas de Modification 4.0 International
- CC BY-NC-ND 4.0

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

Application de la Cladistique aux données de morphométrie géométrique. Application aux genres *Pongo*, *Gorilla*, *Pan* et *Homo*

Applying cladistics to geometric morphometrics data. Application on genus Pongo, Gorilla, Pan and Homo

Margaux Simon-Maciejewski, Aurélien Mounier, Giorgio Manzi et Valéry Zeitoun

- 1 Au cours des 30 dernières années, plusieurs protocoles d'intégration de données 3D de morphométrie géométrique en cladistique ont été proposés. Fortement critiqués, ces protocoles ne sont qu'occasionnellement utilisés en paléontologie, malgré leur évident potentiel. Dans l'étude proposée ici, nous avons testé deux protocoles différents pour analyser 23 unités taxonomiques opérationnelles (UTO) représentant les genres *Pongo*, *Gorilla*, *Pan*, *Australopithecus* et *Homo*, afin de tester les limites de traitement des informations phylogénétiques issues de la morphométrie géométrique. Les coordonnées alignées (analyse procrustes généralisée) des conformations moyennes de deux configurations de points-repères (148 et 636 points-repères) décrivant la morphologie du calvarium de 78 spécimens ont été utilisées pour définir 23 OTUs. Après alignement (analyses procrustes généralisées) des conformations, une première approche a consisté à utiliser des coordonnées des composantes principales, obtenues par Analyse en Composantes Principales, comme variables décrivant les OTUs. La seconde approche utilise les coordonnées des points repère, directement après l'Analyse Générale de Procrustes. Ces deux jeux de données ont ensuite été analysés avec l'algorithme heuristique implémenté dans le logiciel TNT. Les résultats préliminaires obtenus sont encourageants d'un point de vue méthodologique bien que certaines limites aient été rencontrées, notamment en terme de puissance de calcul. Les analyses ont chacune produit un arbre cladistique unique cohérent avec les données habituellement admises. Ainsi, les spécimens *Homo sapiens* forment un groupe

monophylétique et l'agencement des taxons plus anciens suit une topologie habituelle. En revanche, les spécimens néandertaliens constituent un groupe paraphylétique.

AUTEURS

MARGAUX SIMON-MACIEJEWSKI

Dipartimento di Biologia Ambientale, Sapienza Università di Roma, Rome, Italy
margaux.simon-maciejewski[at]etu.sorbonne-universite.fr

AURÉLIEN MOUNIER

UMR 7194 HNHP, MNHN, CNRS, UPVD, Département Homme et Environnement, Musée de l'Homme, Paris, France ; Turkana Basin Institute, Nairobi, Kenya

GIORGIO MANZI

Dipartimento di Biologia Ambientale, Sapienza Università di Roma, Rome, Italy

VALÉRY ZEITOUN

UMR 7207 CR2P, CNRS, MNHN, Sorbonne Université, Paris, France