



Analyse phylogénétique des espèces récentes du genre *Homo* : apports à la compréhension de l'évolution humaine en Asie



Pierre GOUSSET

Doctorant

Muséum national d'Histoire Naturelle, Paris



Les relations phylogénétiques entre espèces du genre *Homo* sont âprement débattues, alors que leur résolution est nécessaire à notre compréhension de l'évolution humaine au cours du dernier million d'années. Les « récentes » découvertes d'*Homo floresiensis*, des Denisoviens et d'*Homo luzonensis* sont venues compliquer une histoire déjà mal comprise. Face à ces nouveaux défis, nous proposons deux axes de travail. Le premier renouvelle les méthodes d'étude des fossiles dentaires dans le cadre d'une analyse phylogénétique, dans le but de mieux appréhender la variation intra-taxonomique. Le second axe se focalise sur l'utilisation des caractères postcrâniens dans l'analyse phylogénétique, alors qu'ils en ont traditionnellement été exclus. Les résultats des deux batteries d'analyses apportent des informations complémentaires sur les relations de parenté des espèces récentes du genre *Homo*. Alors que

l'analyse sur les dents permet de regrouper de nombreux fossiles contemporains des Denisoviens dans la même lignée qu'eux, l'analyse sur le postcrânien indique une proche parenté entre cette dernière et la lignée néanderthaliennne. De plus, l'analyse sur le postcrânien suggère qu'*Homo floresiensis* est dérivé par rapport aux *Homo erectus sensu lato* et non pas lié à des taxons plus anciens. Si ces hypothèses de parenté entre taxons ne sont pas nouvelles, nos analyses en proposent une démonstration basée sur la morphologie et le cadre conceptuel de la cladistique. En outre, ces résultats valident deux points essentiels de notre approche car ils indiquent que (1) des méthodes efficaces permettent d'intégrer l'information connue sur la variation intra-taxonomique dans une analyse phylogénétique (2) le postcrâne est porteur d'un signal phylogénétique. L'inclusion de tous les éléments anatomiques dans l'analyse phylogénétique constitue le prochain pas vers une analyse globale des relations de parenté chez les hominines.

