

**Titre du projet de thèse : Modélisation phylogénétique du genre *Homo* : évolution crânio-faciale des hominines, de la fin du Pléistocène moyen à l'apparition d'*Homo sapiens***

**Mots clés :** Paléanthropologie, modélisation, morphométrie géométrique 3D, origine d'*Homo sapiens*, fin du Pléistocène moyen

**Descriptif**

**Contexte :** Ces dernières années, les découvertes fossiles (*H. naledi*<sup>1</sup>, Irhoud<sup>2</sup>), les avancées en paléogénomique (métissage<sup>3-5</sup>) et en géochronologie (datation du plus ancien *H. sapiens*<sup>6</sup>) ont modifié le cadre théorique de l'évolution des hominines africains à la fin du Pléistocène moyen, contribuant ainsi à l'émergence de nouvelles hypothèses sur l'apparition d'*H. sapiens* (e.g. l'hypothèse panafricaine<sup>7</sup>). Néanmoins, les données paléanthropologiques, issues d'un enregistrement fossile incomplet pour lequel aucune donnée génétique n'est disponible, ne permettent ni de tester ces hypothèses ni de répondre aux questions ouvertes sur l'origine d'*H. sapiens* (localisation(s), modalités d'apparition)<sup>7</sup>. Ce projet propose de contribuer à résoudre ces questions à l'aide d'une approche innovante fondée sur la reconstruction de phénotypes ancestraux combinant morphométrie géométrique 3D et modèles évolutifs<sup>8,9</sup> et qui intégrera en complément des modèles issus de la génomique (métissage entre populations).

**Objectif scientifique :** Cette recherche doctorale aborde la question de l'origine d'*H. sapiens* par une approche originale, offrant une alternative analytique pour contourner les difficultés récurrentes des études sur ce sujet. Il s'agit de poursuivre le développement de la méthode de modélisation phylogénétique<sup>8,9</sup>, permettant d'estimer des phénotypes ancestraux à partir de données morphologiques en trois dimensions, afin de tester différentes hypothèses décrivant l'origine de notre espèce<sup>7</sup> (e.g. In-Africa replacement, Expansion pulse et pan-African connectivity) en répondant aux questions portant sur la ou les localisation(s) temporelle(s) et géographique(s) de l'origine d'*H. sapiens*, mais aussi sur les modalités de cette spéciation (e.g. population(s) source(s), métissages).

**Justification approche scientifique :** Dans un premier temps, le projet utilisera les acquis de la modélisation phylogénétique<sup>8,9</sup> – qui permet l'estimation de phénotypes ancestraux à partir de données morphologiques crâniennes en trois dimensions – pour tester différents scénarii sur l'origine de notre espèce sous la forme de phylogénies hypothétiques représentant l'histoire évolutive du genre *Homo* et utilisant les taxons *Pan* et *Gorilla* comme groupe externe. Les modélisations seront réalisées sous l'environnement R et se feront dans le cadre de différents modèles évolutifs (mouvement brownien, Ornstein-Uhlenbeck et Early Burst<sup>10</sup>). La seconde étape visera à développer plus avant la méthodologie afin de prendre en compte (i) la diversité morphologique des taxons terminaux (variations autour de la moyenne et au cours du temps) et (ii) la complexité de l'histoire évolutive de notre espèce en intégrant dans les modélisations des contraintes représentant les scénarios de métissage et migrations entre populations fossiles.

Les ressources techniques et pratiques nécessaires au projet sont en place. Une salle dédiée accessible à distance permet l'utilisation des logiciels nécessaires et l'accès à la base de données numérique composée de modèles 3D. Celle-ci, parfaitement adaptée au projet, est déjà constituée par les encadrants à près de 90%.

Les résultats attendus contribueront à répondre aux questions portant sur (i) la ou les localisations temporelles et géographiques de l'origine d'*Homo sapiens*, (ii) les mécanismes évolutifs l'ayant façonnée (une ou plusieurs populations sources, métissages entre populations), et (iii) sa définition anatomique. Ce projet permettra aussi de discuter des profils phénotypiques possibles en cas de métissages, dans un contexte où de plus en plus de fossiles sont interprétés comme ayant des ascendances métissées (Oase 2, La Cotte de St-Brélade, Bacho-Kiro<sup>11</sup>), et de reconsidérer la morphologie de fossiles connus et à l'origine de nombreux débats sur les débuts de *H. sapiens* (e.g. Irhoud 1, Omo 1, Herto).

*Adéquation à OPUS* : L'un des encadrants (AM) a développé un partenariat avec l'entreprise Sculpteo spécialisée dans la production d'objets par fabrication additive, communément appelée impression 3D. Afin de valoriser le travail de doctorat, les résultats des modélisations seront imprimés dans le but d'organiser une exposition au Musée de l'Homme. Pour la première fois, le patrimoine biologique des grandes étapes de l'évolution humaine sera présenté à un large public dans sa composante matériel – la morphologie crânienne des espèces bien connues peuplant notre arbre phylogénétique – et dans sa composante immatérielle – la morphologie crânienne hypothétique des ancêtres communs de ces populations, les « nœuds » de notre phylogénie. Cette opération nécessitera un travail d'expérimentation sur les matériaux permettant la restitution la plus adaptée afin d'optimiser à la fois l'expérience du grand public lors d'expositions, mais aussi les recherches pouvant être menées sur ces moulages imprimés.

### **Encadrement**

Le suivi du doctorat sera adapté aux conditions sanitaires. L'utilisation de modèles numériques assure la faisabilité du projet quel que soit le contexte des 3 années à venir. Des rendez-vous réguliers seront mis en place, dont des rencontres en présentiel dès que possible, avec un rythme hebdomadaire pour un suivi optimal de l'avancée à court terme du projet. Des objectifs semestriels seront arrêtés pour définir des étapes fonctionnelles et intermédiaires (cf. échéancier) en complément du suivi du comité de suivi de thèse pour les grandes étapes scientifiques. Ce comité comprendra des spécialistes externes en intelligence artificielle et en paléogénétique pour assurer l'émulation et le suivi pluridisciplinaire nécessaire au projet.

*Rôle et compétences scientifiques des encadrants* : Antoine Balzeau (AB) et Aurélien Mounier (AM) apporteront leurs compétences scientifiques et techniques complémentaires. L'encadrant HDR (AB) co-dirige actuellement un doctorant (bourse China Scholarship Council) et le co-encadrant (AM) n'est pas impliqué dans une autre thèse au MNHN. Les deux encadrants participeront équitablement au suivi du projet en poursuivant la formation du doctorant à l'anatomie et la diversité de la lignée humaine. AB contribuera au suivi de l'étudiant sur les questions d'imagerie 3D, de gestion des données numériques et de reconstruction des parties manquantes. AM apportera son expertise sur les méthodes de modélisation phylogénétique et sur les analyses par morphométrie géométrique et proposera à l'étudiant de compléter sa formation au travers de fouilles archéologiques dans l'Ouest-Turkana (Kenya) dans le cadre du projet international (CNRS-Université de Cambridge-National Museums of Kenya) *Trans-Evol* dirigé par AM.

### *Publications scientifiques en lien avec le projet :*

C. M. Vidal, C. S. Lane, A. Asrat, D. N. Barfod, D. F. Mark, E. L. Tomlinson, A. Z. Tadesse, G. Yirgu, A. Deino, W. Hutchison, **A. Mounier**, C. Oppenheimer, Age of the oldest known *Homo sapiens* from eastern Africa. *Nature*, **601**: 579-583. (2022)

**A. Mounier**, M. Mirazón Lahr, Deciphering African late middle Pleistocene hominin diversity and the origin of our species. *Nature Communications*. **10**, 3406 (2019).

**A. Mounier**, M. Mirazón Lahr, Virtual Ancestor Reconstruction: revealing the ancestor of modern humans and Neandertals. *Journal of Human Evolutions*. **91**, 57–72 (2016).

**A. Mounier**, **A. Balzeau**, M. Caparros, D. Grimaud-Hervé, Brain, calvarium, cladistics: A new approach to an old question, who are modern humans and Neandertals? *Journal of Human Evolution*. **92**, 22–36 (2016)

### **Calendrier**

Semestre 1 (S1) : Constitution du corpus de fossiles et de spécimens actuels à intégrer au modèle

S1 et 2 : Développement du protocole de modélisation sur des données déjà disponibles

S2 et 3 : Acquisition des données (Photogrammétrie et/ou CT-scan ; pose de point-repères)

S3 et 4 : Test et finalisation du modèle sur l'ensemble des données

## S4 et 5 : Analyse des résultats des modélisations

Trois articles sont prévus sur la durée du projet. Le premier, soumis à la fin de la première année, sera une revue de la littérature sur les populations de la fin du Pléistocène moyen (e.g. morphologie, paléogénomique, démographie et climats ; journal cible : BMSAP, CR Palevol). Le second portera sur les méthodologies et outils développés, soumission envisagée en fin de 2ème année (journal cible : American Journal of Biological Anthropology, elife). Enfin, les principaux résultats de la thèse formeront le corps d'un article à soumettre dans les mois qui suivent la soutenance (journal cible : Science Advances). Nous encouragerons le doctorant à envisager des revues en Open Access Diamant ou portées par des sociétés scientifiques dans le cadre d'une démarche engagée sur la question de l'éthique des publications scientifiques. Le doctorant présentera ses résultats à des congrès nationaux (Journées de la Société d'Anthropologie de Paris) et internationaux (congrès de l'ESHE) à au moins deux reprises durant la thèse.

Les modules d'ED seront suivis en année 1 et 2.

Enfin, afin de valoriser le travail de doctorat, une exposition au Musée de l'Homme sera organisée pour présenter au grand public les résultats principaux du doctorat. Pour la première fois, les étapes bien connues de l'évolution humaine seront présentées en association avec les zones d'ombres de notre phylogénie puisque les résultats des modélisations – la morphologie crânienne hypothétique aux « nœuds » de notre phylogénie – offrira au grand public une rencontre unique avec les ancêtres communs de notre lignée.

### Profil du candidat recherché

Le ou la candidat(e) devra avoir effectué une formation en anthropologie biologique et en paléoanthropologie au cours de son Master. Il ou elle devra présenter une bonne connaissance de l'anatomie cranio-faciale des hominines. Il ou elle devra savoir utiliser les outils de l'anthropologie virtuelle nécessaires à la prise de données (i.e. imagerie, landmarking), ainsi qu'à l'analyse de ces données au travers de l'utilisation de logiciel R. Enfin, le ou la candidate devra être capable de programmer des scripts dans l'environnement R afin de développer les modélisations nécessaires à la réalisation du projet.

### Références

1. L. R. Berger, et al. *Homo naledi*, a new species of the genus *Homo* from the Dinaledi Chamber, South Africa. *eLife*. **4** (2015), doi:10.7554/eLife.09560.
2. J.-J. Hublin, et al. New fossils from Jebel Irhoud, Morocco and the pan-African origin of *Homo sapiens*. *Nature*. **546**, 289–292 (2017).
3. C. Posth, et al. Deeply divergent archaic mitochondrial genome provides lower time boundary for African gene flow into Neanderthals. *Nature Communications*. **8**, 16046 (2017).
4. C. M. Schlebusch, et al. Southern African ancient genomes estimate modern human divergence to 350,000 to 260,000 years ago. *Science*. **358**, 652–655 (2017).
5. M. Petr, et al. The evolutionary history of Neanderthal and Denisovan Y chromosomes. *Science*. **369**, 1653–1656 (2020)
6. C. M. Vidal, et al. Age of the oldest known *Homo sapiens* from eastern Africa. *Nature*, **601**, 579–583 (2022)
7. A. Bergström, et al. Origins of modern human ancestry. *Nature*. **590**, 229–237 (2021)
8. A. Mounier & M. Mirazón Lahr, Virtual Ancestor Reconstruction: revealing the ancestor of modern humans and Neandertals. *Journal of Human Evolution*. **91**, 57–72 (2016)
9. A. Mounier & M. Mirazón Lahr, Deciphering African late middle Pleistocene hominin diversity and the origin of our species. *Nature Communications*. **10**, 3406 (2019)
10. G. Rocatti & S. I. Perez, The Evolutionary Radiation of Hominids: a Phylogenetic Comparative Study. *Scientific Reports*. **9**, 15267 (2019)
11. M. Hajdinjak, et al. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. *Nature*. **592**, 253–257 (2021).