

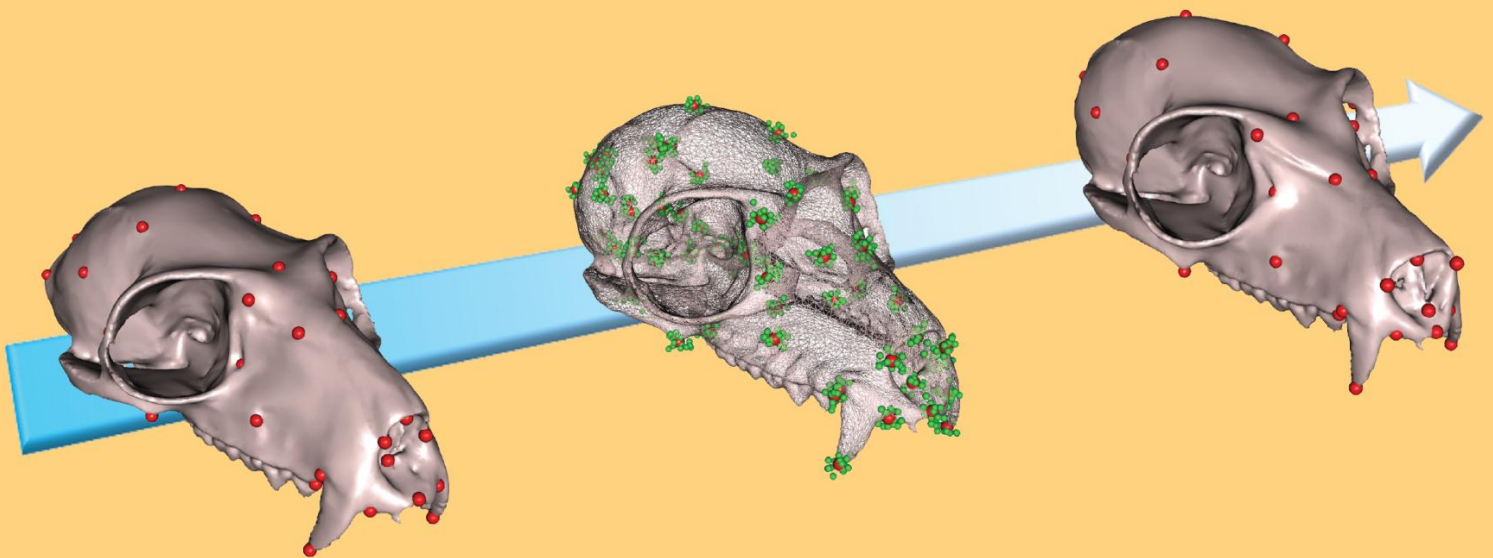
8^{ème}

SYMPOSIUM NATIONAL DE MORPHOMETRIE ET D'EVOLUTION DES FORMES

- Dijon, 2 et 3 juin 2014 -

Université de Bourgogne
(amphithéâtre Pasteur)

Entrée libre dans la limite des places disponibles



**Organisé par les laboratoires : Biogéosciences
ISEM, LBBE, OSEB & Archéozoologie et Archéobotanique**

Pour tout contact :
paul.alibert@u-bourgogne.fr ; remi.laffont@u-bourgogne.fr



**8^{EME} SYMPOSIUM DE
MORPHOMETRIE ET EVOLUTION DES FORMES
- Dijon, 2 et 3 juin 2014 -**

Soutiens financiers :

- UMR 6282 Biogéosciences
- UMR 5554 ISEM
- UMR 7205 ISYEB
- UMR 5558 LBBE
- UMR 5059 CBAE
- CNRS INEE
- Université de Bourgogne
- GIS Agrale

Organisation :

- UMR 6282 Biogéosciences, Dijon
Paul Alibert, Rémi Laffont, Émilie Steimetz, Annie Marchand, Nicolas Navarro, Alexandre Bauer & Igor Girault
- UMR 5554 Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier
Julien Claude
- UMR 5558 Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, Lyon
Sabrina Renaud
- UMR 7205 Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, Paris
Vincent Debat
- UMR 7209 Archéozoologie et Archéobotanique
Thomas Cucchi

Comité scientifique :

- **Paul Alibert, Sébastien Couette, Rémi Laffont, Sophie Montuire & Nicolas Navarro** (Université de Bourgogne – CNRS)
- **Thomas Cucchi, Vincent Debat** (Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris – CNRS)
- **Sabrina Renaud** (Université Lyon 1 – CNRS)
- **Julien Claude & Jean-Frédéric Terral** (Université Montpellier 2 – CNRS)

Programme du SMEF 8 - 2 et 3 juin 2014

Lundi 2 juin 2014

09h30 – 10h00 : Accueil

10h00 – 10h10 : Ouverture (P. Alibert)

10h15 – 11h00 : Conférence plénière

- 10h15: Hallgrímsson B. : **Morphometrics and the evolution and development of complex morphological traits.**

11h00 – 11h15 : PAUSE

11h15 – 12h45 : Thème 1 : De la forme aux processus. (Modérateur : Vincent Debat)

- 11h15: Benitez H.A., Klingenberg C.P. : **Evolutionary integration versus evolution of integration: a phylogenetic approach to understand the evolutionary history of morphological structures.**

- 11h30 : Borday-Birraux V., Chiori R., Debiais-Thibaud M. : **Genetic regulation of tooth morphogenesis in cartilaginous fish.**

- 11h45 : Labonne G., Navarro N., Laffont R., Montuire S. : **Inferring development and chewing motion from adult morphology: the case of the highly derived vole dentition.**

- 12h00 : Londe S., Monnin T., Cornette R., Debat V., Molet M. : **Anomalous mosaic phenotypes at the origin of novel caste evolution in ants.**

- 12h15 : Gidaszewski N., David J., Debat V. : **Evolution morphologique dans le sous-groupe *melanogaster*.**

- 12h30 : Siahsarvie R., Auffray J.-C., Claude J. : **Évolution morphologique de la mandibule de la souris domestique, *Mus musculus* : sélection ou dérive génétique ?**

12h45 – 14h15 : DEJEUNER (RU MONTMUZARD)

14h15 – 16h45 : Thème 2 : Des formes et des fonctions. (Modérateur : Sébastien Couette)

- 14h15: Claverie T., Wainwright P. : **Diversité de forme du corps de 3000 espèces de poissons: évolution répétée d'élongation.**

- 14h30 : Herrel A., Fabre, A.-C., Cornette R. : **Do functional constraints drive vertebrate skull shape evolution? A comparison between mammals and lizards.**

- 14h45 : Hardy C., Beltran-Bech S., Giraud I., Laffont R., Ernenwein L., Cordaux R., Gilbert C. : **Evolutionary history of terrestrial isopods: phylogenetic, morphometric and ecological approaches.**

- 15h15: Girard C., Gauchey S., Adnet S., Renaud S. : **De la morphométrie des dents à la dynamique éco-évolutive en temps anciens.**

- 15h15 : Cucchi T., Puymeraill L., Adriaensen H., Baly I., Blanc B., Callou C., Cornette R., Herrel A., Lecompte F., Locatelli Y., Macchiarelli R., Ortiz K., Pellé E., Rabier R., Renaud S., Roux P., Simon R., Tresset A., Vigne J.D. : **DOMEXP : DOMestication EXPérimentale du sanglier (*Sus scrofa*) : approche morpho-fonctionnelle de la plasticité du squelette en contexte de captivité.**

- 15h30 : Goubel H., Auguste P., Crônier C. : **Contribution of dental outline analysis on diet of current and fossil ursids.**

15h45 – 16h15 : PAUSE

- 16h15 : Thiébaud M., Lamberti-Raverot B., Piola F., Guillard L., Vallier F., Puijalon S. : **Caractérisation des variations de forme des fruits de *Reynoutria x bohemica* Chrtek & Chrtkova (Polygonaceae) grâce aux descripteurs elliptiques de Fourier : liens avec les performances de dispersion de ce taxon invasif terrestre par les cours d'eau.**

- 16h30 : Venditti C., Bravi R., Nardi E., Cremisini C., Scalici M., Bologna M.A., Angeletti D., Macali A., Nascetti G., Vignoli L. : **Heavy metal exposition and fluctuating asymmetry in the green frogs (*Pelophylax synklepton esculentus*): new insights through a multidisciplinary approach.**

16h45 – 17h30 : Thème 3 : Hybridation, flux de gènes et systématique.
(Modérateur : Paul Alibert)

- 16h45 : Claude J., Naksri W. : **Les pratiques bouddhistes ont elles modifié la zone de contact entre *Malayemys macrocephala* et *Malayemys subtrijuga* en Thaïlande ?**

- 17h00 : Chenuil A. : **Why and how should we study cryptic species? Can we predict their abundance according to biological or geographical traits?**

- 17h15 : Travers W., Alibert P., Berrebi P., Laffont R., Pouzadoux J., Tougard C. : **Caractérisation génétique et morphométrique de deux espèces cryptiques de gobies du genre *Pomatoschistus* dans le Golfe du Lion.**

17h30 – 17h45 : Session poster.

- 17h30 – 17h32 : Belhaoues F. : **Un nouvel élément de distinction ostéologique du chien et du loup : analyse de la conformation des scapulas par les coordonnées des points-repères 2D.**

- 17h32 – 17h34 : Bernardi M., Couette S. : **De l'oreille interne au mode de vie : paléobiologie d'un primate fossile de l'Eocène.**

- 17h34 – 17h36 : Bochaton C., Bailon S., Grouard S., Ineich I., Tresset A., Cornette R. : **Apport de la morphométrie-géométrique à l'identification spécifique des ossements fossiles des lézards du genre *Anolis* sur l'île de Marie-Galante (Guadeloupe).**

- 17h36 – 17h38 : Enault S., Claude J. : **Morphological variability and convergence in the skull of *Varanus*: a geometric morphometric assessment.**

- 17h38 – 17h40 : Limier B., Ivorra S., Bouby L., Figueiral I., Chabal L., Brémond L., Terral J.-F. : **Documenter l'histoire de la viticulture à travers des approches bio-archéologiques : l'apport de l'éco-anatomie quantitative.**

- 17h40 – 17h42 : Navarro N. : **ShapeQTL: mapping multiple loci for multi-dimensional trait in R.**

- 17h42 – 17h44 : Roggero A., Giachino P.M., Allegro G., Palestini C. : **Morphological shape differences among four species of the genus *Platynus* Bonelli, 1810 (Coleoptera, Carabidae).**

17h45 – 19h00 : APERO-POSTERS

09h00 – 09h45 : Thème 3 (suite) : Hybridation, flux de gènes et systématique.
(Modérateur : Paul Alibert)

- 09h00 : Allibert A., Renaud S., Ruelle S., Nussberger B., Léger F., Henry L., Devillard S. : **Hybridation entre le chat domestique errant (*Felis silvestris catus*) et le chat sauvage Européen (*F. s. silvestris*) : apport de la morphométrie géométrique appliquée au crâne.**

- 09h15 : Peluffo A., Nuez I., Savisaar R., Debat V., Stern D., Orgogozo V. : **Bases génétiques d'une divergence morphologique créant un isolement reproducteur dans le sous-groupe *melanogaster*.**

- 09h30 : Mérot C., Merrill R., Tholance A., Jiggins C., Joron M. : **How do selection and hybridization shape the wings of mimetic butterflies?**

9h45 – 13:00 : Thème 4 : Arrêts sur les méthodes. (Modérateur : Julien Claude)

- 09h45 : Klingenberg C.P. : **Allométrie et espaces de forme : un retour au passé ?**

- 10h15 : Bonhomme V., Picq S., Claude J. : **Momocs: morphometrics using R.**

- 10h30 : Dufour A.B., Ledevin R., Renaud S. : **Il était une fois les analyses multivariées : déclinaisons autour d'une même histoire évolutive.**

10h45 – 11h15 : PAUSE

- 11h15 : Gerber S. : **Visualisation des contraintes et anisotropie de l'espace phénotypique.**

- 11h30 : Mille T., Mahé K., Villanueva C., De Pontual H., Ernande B. : **Otolith shape: a method to identify some acting factor on them.**

- 11h45 : Püschel T., O'Higgins P. : **Biomechanical modelling of human femora: a comparison between agriculturalists and hunter-gatherers using FEA, GMM and beam theory.**

- 12h00 : Vignon M. : **Démêler et quantifier les sources de variation morphologique à multiples échelles. Nouvelle méthode de partition de la disparité morphologique à l'aide d'arbres de classification et de regression.**

- 12h15 : Gadreaud J., Martin-Garin B., Viseur S., Gourio G., Thiéry A. : **Using Hough transforms for the characterization of the *Aurelia aurita* jellyfish shape.**

- 12h30 : Wilczek J., Monna F., Gabillot M., Navarro N., Rusch L., Chateau C. : **Unsupervised models for typological classification of archaeological artefacts.**

12h45 – 14h15 : DEJEUNER (RU MONTMUZARD)

14h15 – 16h00 : Thème 5 : Phylogéographie, insularité et systématique.
(Modératrice : Sabrina Renaud)

- 14h15 : Corny J., Déroit F. : **Conformations et migrations : application à l'histoire de l'homme moderne en Asie du Sud-Est.**

- 14h30 : Picq S., Bouby L., Ivorra S., Pastor T., Bonhomme V., Bacilieri R., Terral J.-F. : **Morphométrie et syndrome de domestication chez la vigne *Vitis vinifera* L. : relation entre la forme du pépin et les traits de la baie.**

- 14h45 : Denys C., Gidaszewski N., Boué C., Cornette R. : **Syndrome insulaire et contraintes évolutives de rongeurs tropicaux : le cas de *Praomys* et *Hylomyscus* à Bioko (Guinée équatoriale).**

- 15h00 : Ledevin R., Britton-Davidian J., Hardouin E., Chevret P., Auffray J.-C., Renaud S. : **Des souris et des îles : évolution de la dent et méthodes 3D.**

- 15h15 : Dollion A.Y., Cornette R., Tolley K.A., Boistel R., Euriat A., Herrel A. : **Morphometric analysis of chameleon fossils fragments from the Late Miocene from South Africa: a new piece of the chameleonid history.**

- 15h30 : Stoetzel E., Cucchi T., Cornette R., Nespolet R., Denys C. : **Evolution morphologique des molaires de *Meriones* (Rodentia: Gerbillinae) actuelles et fossiles du Maroc.**

- 15h45 : Vidal-Garcia M., Keogh S. : **Unraveling body shape evolution in Australo-Papuan myobatrachid frogs.**

16h00 - 16h05 : CLOTURE

16h05 – 16h30 : PAUSE - DEPART

16h30 – 17h00 : REUNION DU COMITE SCIENTIFIQUE

Résumés des communications orales (par ordre de passage)

Conférence plénière :	p. 7
Thème 1 : De la forme aux processus :	p. 7
Thème 2 : Des formes et des fonctions :	p. 10
Thème 3 : Hybridation, flux de gènes et systématique :	p. 15
Thème 4 : Arrêts sur les méthodes :	p. 18
Thème 5 : Phylogéographie, insularité et systématique :	p. 23

Résumés des Posters

p. 28

Liste des participants

p. 32

Accès au SMEF

p. 37

Conférence plénière

Morphometrics and the evolution and development of complex morphological traits.

Hallgrímsson B.¹

1-Dept. of Cell Biology & Anatomy, Alberta Children's Hospital Institute for Child and Maternal Health, University of Calgary, Canada; (bhallqri@ucalgary.ca)

Unraveling the complex relationship between genetic variation and phenotypic outcomes is one of the greatest challenges in modern biology, one on which the potential of genomics for personalized and predictive medicine depends. Genotype-phenotype relationships are complex because developmental processes act within the context of environmental influences to generate, structure and modulate the expression of phenotypic variation. These complexities of the genotype-phenotype map have profound implications for the genetics and evolvability of complex morphological traits. In this talk, I will review our work on the developmental genetics of variation in the shape of the vertebrate skull. I will highlight and explore the pivotal role that morphometric methods have played in this work. Most importantly, I will discuss the future potential of integrating the use of advanced methods for the quantification of form at multiple levels of biological organization with developmental biology for advancing our understanding of the complex relationships between genotype and phenotype for complex morphology.

Thème 1 : De la forme aux processus.

Evolutionary integration versus evolution of integration: a phylogenetic approach to understand the evolutionary history of morphological structures.

Benitez H.A.¹, Klingenberg C.P.¹

1-Faculty of Life Sciences, University of Manchester, Michael Smith Building, Oxford Road, Manchester M13 9PT, UK; (hugo.benitez@postgrad.manchester.ac.uk, cpk@manchester.ac.uk)

Studying integration is essential to understand the evolution of shape, because the coherence of recognizable parts of most organisms is dependent on their developmental origin and structure. *Drosophila* wing morphology has been used extensively as an important model trait in evolutionary biology, since its genetics and development are well known. The present study tries to address questions about morphological integration of wing shape in an evolutionary context: 1) Is there developmental integration in the *Drosophila* wing? 2) Does morphological integration evolve across the genus? 3) Is there any evolutionary integration in the *Drosophila* wing? Morphological changes were studied with geometric morphometrics to quantify shape variation and compare it between 59 species of *Drosophila*. Additionally, ordination analysis of Principal coordinates (PCoA) and comparative methods were applied to map shape data onto phylogeny. We carried out analyses of fluctuating asymmetry of wing shape to assess the developmental component of integration. The results showed small values of developmental integration shared among the species. Additionally, the comparative analyses mapping the variation of covariance matrices onto the phylogeny showed a phylogenetic signal, which means that the pattern of integration evolves across the genus. There was also a clear evolutionary integration of wing shape. Thus, it was established that wing shape has strong internal covariation, and also that the integration process has evolved in the genus.

Genetic regulation of tooth morphogenesis in cartilaginous fish.

Borday-Birraux V.¹, Chiori R.¹, Debiais-Thibaud M.²

1-LEGS, Avenue de la terrasse, Gif-sur-Yvette, France ; (borday@legs.cnrs-gif.fr)

2-ISE-M, Place Eugène Bataillon, Montpellier, France ; (mdebais@univ-montp2.fr)

Most developmental studies interested in tooth morphogenesis have focused on mammalian tooth development. A recent interest has arisen in non-mammalian tooth development in order to understand the evolutionary bases of tooth morphology and evolution within vertebrates. Cartilaginous fish have proven to be a powerful model to study tooth shape development including genetic cascades at work in tooth morphogenesis because of their constant tooth renewal and relatively constant tooth shape along the jaw.

Here we present some gene expression data during tooth development in the small spotted catshark (*Scyliorhinus canicula*) with focus on the early stages of tooth development when tooth shape is built. We chose to describe gene expression patterns for molecular actors known to be involved in tooth morphogenesis in mouse, both in the epithelial and mesenchymal compartments. These data are compared with known data in mouse, in particular to the typical enamel knot structure which regulates the level of cell proliferation and differentiation necessary to the growth of cusps in molars. This analysis allows speculation on common genetic mechanisms involved in tooth shape regulation in extant jawed vertebrates.

Inferring development and chewing motion from adult morphology: the case of the highly derived vole dentition.

Labonne G.^{1,2}, Navarro N.^{1,2}, Laffont R.², Montuire S.^{1,2}

1-Laboratoire PALEVO, EPHE, 6 bd Gabriel, 21000 DIJON, France ; (gaelle.labonne@u-bourgogne.fr)

2-Laboratoire Biogéosciences UMR CNRS 6282, 6 bd Gabriel, 21000 DIJON, France.

The evolution of mammalian dentition is constrained by functional necessity and by the non-independence of morphological structures.

Efficient chewing implies coherent tooth coordination from development to motion involving covariation patterns within dental parts. These covariation patterns can be detected using geometric morphometrics and morphological traits sharing strong covariation (integration) can thus be defined as module. Integration patterns between and within the upper and lower molar rows are analysed to identify potential modules and their origins (functional and developmental). To explore patterns and processes at both developmental and functional levels, dental innovation in arvicoline rodents is a case of interest. They exhibit a highly derived molar phenotype with a complex and flat occlusal surface composed of alternate cusps. The number of cusps varies both for the teeth on a row and between the upper and lower molar rows producing a particular form of occlusion between opposing molars. Results support an integrated adult dentition pattern for both developmental and functional aspects. The integration pattern between opposing molar pairs suggest a transient role for the second upper and lower molars during the chewing motion. One of the main conclusions is that the relative integration of molar pairs observed in adults is in contradiction with existing developmental models. Integration produced by late developmental mechanisms may hide the early integration. Emphasis only on the first three cusps to grow leads to a covariation pattern congruent with developmental models. Careful attention to interesting features brought to light by developmental studies makes adult morphology relevant for the interpretation of modularity and integration patterns at both functional and developmental levels.

Anomalous mosaic phenotypes at the origin of novel caste evolution in ants.

Londe S.¹, Monnin T.¹, Cornette R.^{2,3}, Debat V.², Molet M.¹

1-Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, UMR CNRS 7618 Institute of Ecology and Environmental Sciences of Paris, Paris, France ; (sylvain.londe@live.fr)

2-Muséum National d'Histoire Naturelle; UMR CNRS 7205 OSEB, Département Systématique et Évolution, Paris, France.

3-Muséum National d'Histoire Naturelle, UMS CNRS 2700 Outils et Méthodes de la Systématique Intégrative, Plateforme de morphométrie, Paris, France.

Many ants having independently evolved novel castes, they are a good model to study evolution of morphology. Ant colonies

occasionally produce developmental anomalies called intercastes that are morphologically highly variable but always intermediate between queens and workers. Based on qualitative characters such as number of ocelli and presence of wing stubs, intercastes seem to be mosaics of queen and worker traits. Because of their rarity, intercastes have been barely studied. However, they may be involved in the evolution of novel morphological castes such as wingless queens and soldiers. Indeed, wingless queens recombine queen reproductive apparatus with worker thorax, whereas soldiers recombine queen head with worker thorax.

In this work we used geometric morphometrics to test whether intercastes are mosaics. We computed an index of mosaicism for head, pronotum, mesonotum, propodeum, gaster and legs in 28 queens, 123 workers and 37 intercastes of *Myrmica ruginodis*. As predicted, we found that intercastes are more mosaic than workers and queens. Surprisingly, there was no discontinuity between workers and intercastes. Accordingly, intercastes and the most queen-like workers had similar levels of mosaicism. In addition, intercastes were not random mixtures of queen and worker traits, suggesting that the possible combinations are strongly restricted. They always are more queens-like for some traits (legs, head and abdomen) than for others (thorax parts). This mosaicism pattern is in line with morphology of wingless queens which have evolved in congeneric species. Our results (supported by complementary behavioral data not shown here) therefore suggest that intercastes are mosaics that may be at the origin of the evolution of novel castes. Thus, polyphenism (the ability of a genotype to produce alternative phenotypes in response to environmental factors) may facilitate morphological innovation by allowing combinatorial evolution at phenotypic scale.

Evolution morphologique dans le sous-groupe *melanogaster*.

*Gidaszewski N.*¹, *David J.*¹, *Debat V.*¹

1-Muséum National d'Histoire Naturelle, Systématique et Evolution, UMR7205 OSEB, 45 rue Buffon, 75005 Paris, France ; (gidaszewski@mnhn.fr)

L'origine de la diversité morphologique reste une question majeure en évolution, encore partiellement comprise du fait de la complexité des facteurs en jeu. Les traits morphologiques

sont en effet soumis aux processus de sélection, mais ce dans un contexte développemental (contraintes dues aux dépendances génétiques et développementales entre les traits) et historique (contraintes phylogénétiques). Expliquer le rôle de ces facteurs dans l'évolution de la morphologie nécessite donc une approche multivariée intégrative, considérant les changements phénotypiques de multiples traits dans un contexte phylogénétique.

Les drosophiles sont un groupe extrêmement diversifié, dont l'histoire est connue, ayant colonisé presque tous les milieux, et caractérisé par de nombreuses adaptations morphologiques. Ces caractéristiques en font un modèle idéal pour explorer l'évolution de la forme de façon exhaustive. Pourtant, à ce jour, seuls deux groupes ont fait l'objet de cette approche (*saltans* et *obscura*).

En complément de ces travaux, notre étude explore l'évolution morphologique des 9 espèces du sous-groupe *melanogaster*, le sous-groupe de la plus étudiée des drosophiles: *D. melanogaster*. Différents traits ont été mesurés chez les mâles et femelles de chaque espèce: traits morphologiques (aile, thorax), traits pigmentaires (pigmentation dorsale abdominale) et les patrons de nombre de soies (soies thoraciques, sterno-pleurales). L'analyse multivariée de ces traits et l'estimation de leur variation intra et inter-spécifique ont fourni des premières conclusions quant à l'évolvabilité des traits et les contraintes développementales existant entre eux. La comparaison de ces patrons évolutifs avec ceux observés dans les groupes *saltans* et *obscura* nous renseignent sur la nature des processus impliqués dans l'évolution de la morphologie chez la drosophile.

Évolution morphologique de la mandibule de la souris domestique, *Mus musculus* : sélection ou dérive génétique ?

*Siahsarvie R.*¹, *Auffray J.-C.*¹, *Claude J.*¹

1-Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, Cc 064, Université de Montpellier2, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France ; (rsiahsar@univ-montp2.fr)

Les forces évolutives, telles que la sélection naturelle et la dérive génétique, trient la variation phénotypique au sein des populations

qui pourraient ensuite donner lieu à la diversification des taxons. Comprendre quels mécanismes évolutifs contrôlent la variabilité phénotypique et comment la variation génétique influence la divergence interspécifique est un défi à relever pour comprendre la diversité des morphologies observées. La mandibule de la souris domestique, *Mus musculus*, est devenue un objet favorable pour ces études à cause de sa structure morphologique complexe et son développement relativement bien connu. La souris domestique est une espèce cosmopolite divisée en au moins trois sous-espèces qui existent en parapatricie en Asie du Sud, région considérée comme le berceau de l'espèce d'où les différentes sous espèces ont colonisé le reste du monde. A l'aide de données issues de pedigree et d'un échantillonnage de plusieurs populations et sous espèces, cette étude cherche à comprendre si l'hypothèse d'évolution de la mandibule de la souris domestique sous l'effet de la dérive génétique peut expliquer la diversification morphologique entre ces populations. Les résultats rejettent cette hypothèse et plaident en faveur d'autres forces évolutives: la sélection ou encore la plasticité phénotypique peuvent être invoquées pour expliquer les patrons observés.

Thème 2 : Des formes et des fonctions.

Diversité de forme du corps de 3000 espèces de poissons: évolution répétée d'élongation.

Claverie T.^{1,2}, *Wainwright P.*³

1-Laboratoire ECOSYM, UMR 5119, Place Eugène Bataillon cc93, 34095 Montpellier, France ; (thomas.claverie@univ-mayotte.fr)

2-CUFR de Mayotte, Route nationale 3, 97660 Dembeni, France.

3-Department of Evolution and Ecology, University of California, Davis, Etats-Unis.

Nous avons exploré la diversification de la forme chez le groupe extrêmement diversifié des poissons osseux. Des outils de morphométrie géométrique, basés sur des coordonnées de structures fonctionnelles mesurées sur photographies latérales, ont été utilisés pour caractériser la forme de presque 3000 espèces de poissons osseux appartenant à plus de 40 familles. Une analyse en composante principale (ACP) sur l'ensemble des espèces mesurées a révélé qu'il existait un axe majeur de diversification associé à une élongation du corps. Des ACP réalisées indépendamment sur chacune des familles ont confirmé cette tendance. Plus de 60 % des familles ont un axe de diversification majeur (PC1) associé à l'élongation du corps. Finalement, une comparaison de cet axe PC1 entre familles, réalisée à l'aide d'une analyse de coordonnées principales (ACoP), a montré que l'élongation du corps pouvait se faire via une élongation de la tête, de l'abdomen, de la région caudale ou d'une combinaison de ces trois régions. Ces résultats suggèrent l'existence de trois unités développementales chez les poissons. L'évolution répétée de cette tendance à l'élongation permet donc de nous interroger sur la nature des processus génétiques et développementaux contrôlant cette variation morphologique, répétée indépendamment entre familles. Finalement, nous restons interpellés sur les bénéfices écologiques conséquents à l'élongation ainsi que l'impact fonctionnel d'une telle modification anatomique.

Do functional constraints drive vertebrate skull shape evolution? A comparison between mammals and lizards.

Herrel A.¹, Fabre, A-C.², Cornette R.³

1-UMR 7179, 55 rue Buffon, Paris, France ;
(anthony.herrel@mnhn.fr)

2-Evolutionary Anthropology, Duke University, Durham, NC, U.S.A.; (fabreac@gmail.com)

3-UMR 7205, 45 rue Buffon, Paris, France ;
(cornette@mnhn.fr)

The origins of and potential constraints on the evolution of phenotypic diversity remain one of the central questions in evolutionary biology. The vertebrate skeleton is governed by historical, developmental, architectural, and functional constraints that all play a role in establishing its final form. Whereas the factors underlying shape variation in single bones are fairly well understood, this is less so the case for complex assemblages of bones as observed in the cranium or mandible. It is often suggested that the final phenotype must reflect functional constraints imposed by the loading of the skeleton as bones remodel to withstand loading. Yet, in complex structures like the skull the final phenotype is likely constrained by demands other than loading including the protection of sensory systems and the brain. Moreover, architectural design constraints may further limit the final form of complex units like the vertebrate cranium. Here we use geometric morphometric approaches to quantify the shape of the cranium and mandible in a lizard and a mammal and test whether the observed shape co-varies with both the muscles attaching to these structures as well as functional traits such as bite force. Our results show that covariation between the cranium and mandible is significant and likely driven by the muscles that link the two systems. Moreover, covariation between muscles and cranial or mandibular shape is strong in both lizards and mammals. Yet, in mammals the degree of variation in cranial form explained by variation in functional traits is lower than that observed in lizards which may be due to the enlargement of the brain in mammals. As such the cranium is more constrained by its role in protection of the brain resulting in lower degrees of covariation. However, this results in a trade-off where larger brain size is associated with lower bite forces in mammals compared to lizards.

Evolutionary history of terrestrial isopods: phylogenetic, morphometric and ecological approaches.

Hardy C.¹, Beltran-Bech S.¹, Giraud I.¹, Laffont R.², Ermenwein L.¹, Cordaux R.¹, Gilbert C.¹

1-Université de Poitiers, UMR CNRS 7267, Laboratoire EBI Ecologie & Biologie des Interactions, Equipe Ecologie Evolution Symbiose, Poitiers, France ; ()

2-Université de Bourgogne, UMR CNRS 6282, Biogéosciences Dijon, France.

Oniscidea (commonly called woodlice) are the only group of Crustacea almost entirely composed of species completely independent from the aquatic environment for life and reproduction. They are a key taxon to study the transition from aquatic life to terrestrial life because of their gradual terrestriality adaptation. However how do ecological characteristics of this group evolve remains unknown. The anatomy and the body plan are conserved among Oniscidea species with a typical division in three parts (cephalon, pereion and pleon) composed by a fixed number of metameres. This conserved anatomy is opposed to a certain diversity of body shape by both an antero-posterior elongation and a dorso-ventral flattening. As the morphological variations among species are very gradual; geometric morphometrics represent an interesting approach to measure it. Here we propose an original study relied on a new phylogenetic hypothesis based on molecular data of 23 Oniscidea species to measure the degree of phylogenetic signal in the evolution of Oniscidae morphology. Moreover, the morphological variations must be linked to ecological preferences of species. We also investigate the relation between morphologic and ecologic features by taking into account the phylogenetic relationships between species and, consequently, their non-independence due to their evolutionary history. We investigate the differences among species morphologies using 30 2D landmark data measured on Oniscidea exoskeletons by means of a generalized Procrustes analysis. First we estimate the degree of phylogenetic signal by estimating the sum of changes in shape along all branches of the phylogeny. In the second part we examine, by phylogenetically independent contrasts, the association between shape variation and ecological traits (the originally habitat and the defense strategies against predator). Such a study may help to identify the covariation between morphological and ecological features

and permit to evaluate the results of the complex impact of past natural selection and adaptive evolution.

De la morphométrie des dents à la dynamique éco-évolutive en temps anciens.

Girard C.¹, Gauchey S.¹, Adnet S.¹, Renaud S.²

1-UMR 5554 CNRS, Université Montpellier 2, Place Eugène Bataillon, Montpellier, France ; (Catherine.Girard@univ-montp2.fr, samuel.gauchey@gmail.com, Sylvain.Adnet@univ-montp2.fr)

2-UMR 5558 CNRS, Université Lyon 1, Campus de la Doua, Villeurbanne, France ; (Sabrina.Renaud@univ-lyon1.fr)

La forme des structures impliquées dans des fonctions biologiques clés, telles que les dents dans la nutrition, peuvent fournir des indications sur les processus écologiques même pour des périodes très anciennes, en interprétant l'occupation dans un espace morphologique (disparité) comme l'occupation dans un espace écologique (exploitation des ressources en fonction de la forme des dents). En se basant sur cette approche générale, nous avons étudié la forme des dents de poissons osseux au cours du Dévonien supérieur, une période pendant laquelle l'écosystème marin est en pleine diversification. Bien que cette approche quantitative n'ait pas permis de discriminer des groupes taxonomiques clairs, elle a mis en évidence une remarquable tendance éco-morphologique. Deux morphologies ont pu être identifiées au début de la période: un morphe trapu et un morphe effilé suggérant une exploitation généraliste, à la fois de proies dures et molles. Seul le morphe trapu persiste à la fin de la période, laissant penser à une occupation plus restreinte de l'espace écologique. En comparant cette disparité à la dynamique de la disparité et l'abondance des autres prédateurs vertébrés marins, nous avons pu mettre en évidence un relai dans l'exploitation des ressources au sein de cette guild: les poissons osseux seraient d'abord les plus généralistes, puis les conodontes et enfin les requins. Le moteur principal de cette dynamique semble être la biomasse disponible, mais les traits d'histoire de vie de chacun des groupes considérés modulent la manière dont ils réagissent en fonction de la biomasse disponible. La taille corporelle pourrait être un facteur clé déterminant les

besoins nutritionnels et les relations proie-prédateurs. La compréhension des dynamiques temporelles de chacun de ces groupes peut donc être appréhendée en considérant ensemble leurs traits d'histoire de vie et leur disparité.

DOMEXP : DOMestication EXPérimentale du sanglier (*Sus scrofa*) : approche morpho-fonctionnelle de la plasticité du squelette en contexte de captivité.

Cucchi T.¹, Puymeraill L.¹, Adriaensen H.², Baly I.¹, Blanc B.³, Callou C.¹, Cornette R.⁴, Herrel A.⁵, Lecompte F.², Locatelli Y.³, Macchiarelli R.⁶, Ortiz K.^{3,4}, Pellé E.⁷, Rabier R.⁵, Renaud S.⁸, Roux P.^{3,4}, Simon R.⁵, Tresset A.¹, Vigne J.D.¹

1-CNRS-Muséum National d'Histoire Naturelle, UMR 7209, Paris, France ; (cucchi@mnhn.fr)

2-INRA, UMR PCR, plateforme CIRE, Nouzilly, France.

3-Réserve de la Haute Touche-Muséum National d'Histoire Naturelle, Obterre, France.

4-CNRS-Muséum National d'Histoire Naturelle, UMR 7205, Paris France.

5-CNRS-Muséum National d'Histoire Naturelle, UMR 7179, Paris France.

6-CNRS-Muséum National d'Histoire Naturelle, UMR 7194, Paris France.

7-Muséum National d'Histoire Naturelle, Plateforme de préparation ostéologique, Paris France.

8-CNRS, LBBE, Lyon, France.

Le projet DOMEXP a pour objectif d'identifier les conséquences biomécaniques de la captivité sur les structures internes et externes du squelette du sanglier (*Sus scrofa*) dont l'origine du processus de domestication échappe encore aux archéozoologues. Ce projet expérimental vise à obtenir de nouveaux bio-indicateurs de la captivité, catalyseur de la domestication au sens biologique. De tels marqueurs, reposant sur les réponses plastiques des structures osseuses, sont potentiellement mieux adaptés au traçage des premières étapes de l'histoire de la domestication à partir des vestiges ostéoarchéologiques que les critères classiques issus de sélections vraisemblablement tardives. La ferme expérimentale de sangliers située sur la réserve de la Haute Touche (MNHN), étudiera dans quelle mesure différentes contraintes fonctionnelles sur la locomotion (libre parcours, enclos et stabulation) pourraient trouver une expression phénotypique qualifiable et quantifiable dans le registre archéozoologique. Il mobilisera pour ce faire les dernières

avancées en matière d'approches morpho-fonctionnelle tridimensionnelles pour accéder à la signature de la plasticité liée à la locomotion dans la morphologie osseuse, ce à l'aide d'observation longitudinales *in vivo* par utilisation d'imageries médicales bi-modales non invasive (INRA de Tours). Nous présenterons dans le cadre de ce symposium les premiers résultats issus des approches endostructurelles.

Contribution of dental outline analysis on diet of current and fossil ursids.

Goubel H.¹, Auguste P.¹, [Crônier C.](#)¹

1-UMR 8217 Géosystèmes, UFR Sciences de la Terre, Université Lille 1, France ; (patrick.auguste@univ-lille1.fr, catherine.cronier@univ-lille1.fr)

Ursid (Mammalia, Carnivora, Ursidae) remains are often found in abundance in the fossil records of Middle and Upper Pleistocene. For the extinct cave bear (*Ursus deningeri* – *Ursus spelaeus*), many debates currently focus on its diet. Dental features such as the dimensions and the occlusal relief suggest an exclusively vegetarian diet, but recent studies indicate a more omnivorous range food. Cave and brown bear (*Ursus arctos*) teeth also show a strong morphological variability, difficult to quantify and to interpret using traditional morphometrics. In this study, an outline analysis *via* the elliptic Fourier transform has been performed on fossil and extant bear cheek teeth in order to assess the shape variability. Some extant bears, such as the giant panda *Ailuropoda melanoleuca* or the polar bear *Ursus maritimus* show a high diet specialization, whereas some extant ursids are generalist (*i. e.* the brown bear). After applying the method on the main extant taxa to establish an actual framework, an actualist approach has been finally tested by adding fossil bears from several localities. Few dental features suggest a more vegetarian archaic brown bear, whereas the cave bear diet would be more diversified than presumed.

Caractérisation des variations de forme des fruits de *Reynoutria x bohemica* Chrtek & Chrtkova (Polygonaceae) grâce aux descripteurs elliptiques de Fourier : liens avec les performances de dispersion de ce taxon invasif terrestre par les cours d'eau.

[Thiébaud M.](#)¹, [Lamberti-Raverot B.](#)², [Piola F.](#)², [Guillard L.](#)², [Vallier F.](#)², [Puijalon S.](#)²

1-Herbiers de l'Université Claude Bernard Lyon 1, LY, 9 rue Dubois, F-69622 Villeurbanne, France ; (melanie.thiebaud@univ-lyon1.fr)

2-UMR 5023 « Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés », CNRS, Université Lyon 1, ENTPE, 43 boulevard du 11 novembre 1918; F-69622 Villeurbanne, France ; (barbara.lamberti-raverot@univ-lyon1.fr)

Les cours d'eau jouent un rôle majeur dans la dispersion des espèces végétales colonisant les berges, en particulier pour les espèces envahissantes. En effet, la dispersion par l'eau peut favoriser la migration de leurs propagules sur des longues distances, même quand elles ne sont pas *a priori* adaptées à ce mode de dispersion.

Les renouées du Japon, sont un complexe d'espèces invasives en Europe comprenant : *R. japonica*, *R. sachalinensis* et *R. x bohemica* leur hybride. Ce dernier colonise fortement les berges des cours d'eau et produit de nombreux akènes fertiles ; il présente une grande diversité à la fois génétique et morphologique. L'objectif est d'étudier les variations de forme de ses akènes, ainsi que le lien entre leur morphologie et leur flottaison, afin de déterminer leur rôle dans la dispersion de ce taxon.

Cent akènes de *R. x bohemica* ont été collectés sur 60 stations au bord de 5 grands cours d'eau de la région Rhône-Alpes. La forme des fruits a été caractérisée quantitativement grâce aux scores d'une ACP basée sur les descripteurs elliptiques de Fourier conduite séparément pour les coefficients liés aux variations symétriques et asymétriques de la forme (Yoshioka et al., 2004). En parallèle, la force de flottaison des fruits a été mesurée à l'aide d'un capteur de force.

Les résultats montrent un lien entre la flottaison des akènes et leur morphologie : ceux de grande taille et de forme arrondie présentent une meilleure capacité de flottaison. Certains traits morphologiques pourraient donc constituer un avantage adaptatif pour la dispersion en milieu aquatique et participer au pouvoir invasif du

complexe. Les résultats montrent également que la morphologie des akènes varie significativement selon les cours d'eau échantillonnés, suggérant qu'ils sont colonisés par différentes populations. Enfin, la variabilité entre les populations à l'aval est plus forte qu'à l'amont, ce qui suggère la colonisation effective par dérivation à partir des populations de l'amont et l'importance des performances de flottaison dans les processus de colonisation des berges de cours d'eau.

Heavy metal exposition and fluctuating asymmetry in the green frogs (*Pelophylax synklepton esculentus*): new insights through a multidisciplinary approach.

Venditti C.¹, Bravi R.¹, Nardi E.², Cremisini C.², Scalici M.¹, Bologna M.A.¹, Angeletti D.³, Macali A.³, Nascetti G.³, Vignoli L.¹

1-University Roma Tre, Department of Science, V.le Marconi 446, 00146, Roma, Italy ; raffaella.bravi@uniroma3.it

2-ENEA Centro Ricerche Casaccia, UTPRA, Via Anguillarese, 301 - 00123 S.Maria di Galeria (Roma), Italy.

3-Dipartimento di Scienze Ecologiche e Biologiche, CISMAR, Università degli Studi della Tuscia, Borgo Le Saline - 01016 Tarquinia (VT), Italy.

Amphibians have life cycle strictly linked to water systems: in their larval stages amphibians live in water, whereas in their adulthood they have to return to water for reproduction. This prolonged connection with water systems makes amphibians good model organisms for investigating the presence and the effects of environmental stressors in waters on biological systems: (i) they react to stressors with alterations that are both genetic and metabolic, and (ii) they accumulate these substances (in particular heavy metals) in target organs such as liver. A link between developmental instability and the outcome of asymmetries has been demonstrated in various taxa: perfectly symmetrical organisms are hardly to be found, and the presence of fluctuating asymmetry (FA) is now widely considered as a potential indicator of developmental instability. In the present study we investigated the relationship between water pollutants and the degree of FA (investigated with the geometric morphometric method) in two amphibian species. In particular we analyzed the effects of two heavy metals Arsenic (As) and Uranium (U) in four sites in Central Italy on FA, by measuring their concentration in water, their presence in the

liver, and, finally, by correlating the presence of these two pollutants in the liver with the presence of FA in the skull (superior view). To do so we used as model organism two frog species belonging to the complex *Pelophylax synklepton esculentus*: the hybridogenetic species *P. esculentus* (RL) and its parental *P. lessonae* (LL). Previous studies proved the hybrid species to have a higher environmental stress tolerance than the parental species, this latter better adapted to less disturbed environments. Our results demonstrated the existence of a correlation between the concentration of heavy metals in water and their accumulation rate in the liver of the frogs, with no interspecific difference. No morphological differences, as well as measurement error, due to sexual dimorphism and age classes were found. As for the skull, FA emerged as present and significant in the whole sample (SS = 0.11; $P < 0.0001$), and in the two species separately (RE, SS = 0.0658, $P < 0.0001$; LL, SS = 0.061, $P < 0.0001$). By analyzing the asymmetric component of the variation, the frogs from the four study sites on average significantly differed (Canonical Variate Analysis). Finally, a significant and positive relationship between the asymmetry (FA) in the skull and the concentration of heavy metals in the liver was found (As: $P = 0.0001$; U: $P = 0.0003$). Hence, we evidenced a positive relation among the presence of heavy metals in water, their accumulation in liver and the presence of FA. On the whole, the present study demonstrated the correlation between the presence of water pollutant and the outcome of fluctuating asymmetries. Moreover, the complex RE/LL emerged as good bioindicator of the presence of environmental stressors, the two species not having apparently differences in the capacity to accumulate As and U.

Thème 3 : Hybridation, flux de gènes et systématique.

Les pratiques bouddhistes ont-elles modifié la zone de contact entre *Malayemys macrocephala* et *Malayemys subtrijuga* en Thaïlande ?

Claude J.¹, Naksri W.²

1-Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, Cc 064, Université de Montpellier2, Place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier Cedex 5, France ; (julien.claude@um2.fr)

2-Northeastern Institute of Petrified Wood and Mineral Resources, Nakhon Ratchasima Rajabhat University, Mueang, Nakhon Ratchasima 30000, Thailand

Longtemps considérée comme monospécifique, la tortue du genre *Malayemys* est aujourd'hui composée de deux espèces, *Malayemys subtrijuga* (Schlegel & Muller, 1844) et *Malayemys macrocephala* (Gray, 1859). Ces deux espèces sont reconnues sur la base du patron des bandes claires zébrant la tête et possèdent chacune une répartition propre: d'après la littérature *M. subtrijuga* est restreinte au système fluvial du Mekhong en Asie du Sud Péninsulaire et à l'Indonésie tandis que *M. macrocephala* a une répartition plus à l'Est s'étendant du bassin du Mae Klong et de la Chao Phraya en Thaïlande jusqu'en péninsule Malaise. En Thaïlande, malgré leur statut CITES, ces deux espèces se retrouvent sur les marchés où elles sont revendues pour pouvoir apporter du mérite aux bouddhistes pratiquants. Relâcher un animal sauvage fait partie des rites qui entourent le bouddhisme local. En échantillonnant plusieurs populations et en pratiquant plusieurs sondages sur les marchés, nous avons cherché à mieux connaître la répartition de ces tortues dans le Nord-Est de la Thaïlande où devrait se trouver la zone de contact entre les deux espèces. Les tortues ont été classées selon les critères anatomiques classiques dans une ou l'autre des espèces. Le Sud du Nord-Est montre les deux phénotypes en sympatrie, tandis que le centre et le nord du Nord-Est montre un seul phénotype (*M. macrocephala*). Cette répartition est inattendue car les rivières du Nord-Est appartiennent tous au système Mekhong.

Nous avons voulu vérifier si la répartition de ces deux phénotypes se retrouvait au niveau de la morphologie de la carapace en utilisant les techniques Procrustes. Les populations ont des morphologies propres et la variation de

ces populations permet de distinguer très clairement deux groupes morphologiques, ce qui semble suggérer que les pratiques bouddhistes ne contribuent pas fortement au flux entre les populations ou espèces. La répartition de ces deux groupes est néanmoins différente de celle des groupes basés sur les critères de couleur de la tête. Ceci suggère que les gènes portant chacun des deux traits introgressent différemment de part et d'autre de la zone hybride. La répartition des deux espèces est discutée au regard des événements eustatiques et géologiques locaux.

Why and how should we study cryptic species? Can we predict their abundance according to biological or geographical traits?

Chenuil A.¹

1-UMR 7263 (CNRS) - IMBE Institut Méditerranéen de Biodiversité et d'Ecologie Marine et continentale (IMBE) (Aix-Marseille Université) Station Marine d'Endoume Chemin de la Batterie des Lions 13007 MARSEILLE, France; (anne.chenuil@imbe.fr)

Genetic markers often reveal the presence of distinct divergent lineages within samples supposed to contain specimens from a single species. But there is a gap from such preliminary data (from a single genetic marker, generally) to the true detection of new separate genetic entities. There is another gap between the finding of new species and the demonstration that there is no morphological difference among those "new" species, i.e. that they are "cryptic". When cryptic species are confirmed, are the species just "recent" species or is there a particular phenomenon ... slowing morphological evolution or, less often invoked, enhancing morphological diversity (which may also result in cryptic species because of absence of diagnostic characters)? In a first part, we will discuss how to evidence cryptic species. In the second part we will address the question of which biological features are expected to be associated with cryptic species, and suggest, for the first time, a neutral hypothesis of morphological evolution. In the third part we will present a bibliographic survey (ongoing study) trying to test hypotheses about cryptic species origins ... and to review the degree of completeness of the literature on this topic on marine species. Examples will also be taken from our data (morphology and genetics) on marine invertebrates.

Caractérisation génétique et morphométrique de deux espèces cryptiques de gobies du genre *Pomatoschistus* dans le Golfe du Lion.

Travers W.¹, Alibert P.², Berrebi P.¹, Laffont R.², Pouzadoux J.¹, Tougaard C.¹

1-Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, UMR CNRS 5554 et UMR IRD 226, Université Montpellier II, Place Eugène Bataillon, CC065, 34095 Montpellier cedex 05, France ; (william.travers.13@gmail.com, Patrick.Berrebi@univ-montp2.fr, juliette.pouzadoux@univ-montp2.fr, Christelle.Tougaard@univ-montp2.fr)

2-Biogéosciences, UMR CNRS/uB 6282, Université de Bourgogne, 6 boulevard Gabriel, 21000 Dijon, France ; (Paul.Alibert@u-bourgogne.fr, Remi.Laffont@u-bourgogne.fr)

Les gobies du genre *Pomatoschistus* sont des poissons de la famille des Gobiidae qui prédominent dans les lagunes méditerranéennes. Trois espèces y sont recensées : une espèce migratrice, le gobie des sables *P. minutus*, et deux espèces sédentaires, le gobie commun *P. microps* et le gobie marbré *P. marmoratus*. Bien que de biologie et d'éthologie assez voisines, ces deux dernières espèces présentent différents degrés de tolérance écologique, notamment vis-à-vis de la salinité du milieu. De plus, l'emploi de différents marqueurs moléculaires (RFLP ADNmt, introns, enzymes, microsatellites) a montré que *P. microps* et *P. marmoratus* s'hybrident dans certaines lagunes (Etang du Vaccarés, Camargue), alors que la présence de l'une ou l'autre espèce est quasiment exclusive dans d'autres lagunes (Etangs de Thau et Mauguio, Languedoc).

Si ces deux espèces sédentaires de gobies sont tout à fait identifiables sur la base de caractères génétiques, le seul caractère morphologique qui permettrait de les distinguer est la présence (*P. marmoratus*) ou l'absence (*P. microps*) d'un canal céphalique, observable à la loupe binoculaire après coloration. Ces deux espèces sont donc qualifiées de cryptiques, puisque très difficilement distinguables sur la base de caractères morphologiques simples.

L'objectif de notre étude est de distinguer ces deux espèces cryptiques dans différentes lagunes du Golfe du Lion. A partir de scans (obtention de coupes transversales à 360° à l'aide d'un microtomographe à rayons X) et reconstructions 3D du squelette crânien, une étude morphométrique a été réalisée à partir de 26 landmarks. Des analyses multivariées (Analyses en Composantes Principales basées sur des résidus Procrustes et classification

automatique hiérarchique) ont été conduites sur une trentaine d'individus de chacune des deux espèces (*P. marmoratus* des étangs de Thau, Prévost et des Impériaux et *P. microps* des étangs de Mauguio, Prévost, Capelière et des Impériaux), ainsi que de *P. minutus* (étang de Mauguio) qui a été utilisé comme outgroup. L'ACP montre une différence morphologique nette entre les deux espèces sédentaires de gobies. Parallèlement, des analyses génétiques (séquences nucléotidiques d'ADN mitochondrial et microsatellites) ont été menées et confirment l'appartenance spécifique des individus. Ces résultats génétiques valident ainsi ceux obtenus par l'étude morphométrique.

Hybridation entre le chat domestique errant (*Felis silvestris catus*) et le chat sauvage Européen (*F. s. silvestris*) : apport de la morphométrie géométrique appliquée au crâne.

Allibert A.¹, Renaud S.¹, Ruette S.², Nussberger B.³, Léger F.², Henry L.², Devillard S.¹

1-UMR CNRS 5558 Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon1, 43 bvd du 11 novembre 1918, 69622, Villeurbanne cedex, France ; (agathe.allibert@gmx.fr, sabrina.renaud@univ-lyon1.fr, sebastien.devillard@univ-lyon1.fr)

2-CNERA PAD, ONCFS, Montfort 01330 Birieux, France ; (sandrine.ruette@oncfs.gouv.fr, laurence.henry@oncfs.gouv.fr, francois.leger@oncfs.gouv.fr)

3-Institute of Evolutionary Biology and Environmental Studies, University of Zurich, Winterthurerstrasse 190, CH-8057 Zurich, Switzerland ; (beatrice.nussberger@ieu.uzh.ch)

Outre la disparition et la fragmentation de son habitat naturel et la mortalité anthropique, l'introggression de son génome par des gènes de chat domestique a été proposée comme une menace importante pesant sur l'intégrité génétique et écologique du chat forestier Européen. L'identification des individus domestiques, hybrides et sauvages est la base des mesures de conservation et repose actuellement sur l'utilisation conjointe de marqueurs moléculaires microsatellites et de caractéristiques morpho-anatomiques post mortem (e.g., longueur de l'intestin et capacité crânienne). Toutefois, ces deux outils souffrent d'un manque de pouvoir de discrimination pour dériver des outils diagnostiques fiables en gestion/conservation. Par ailleurs, ces approches ne s'interrogent pas plus avant sur

les conséquences phénotypiques de l'hybridation, en particulier en termes de valeur sélective pour les hybrides par rapport aux populations parentales. Dans cette étude, nous avons appliqué les méthodes de morphométrie géométrique sur une centaine de crânes de spécimens préalablement diagnostiqués à l'aide de marqueurs moléculaires microsatellite (≈ 20) et SNP diagnostiques (≈ 60). Un jeu de landmarks et de sliding-landmarks a été relevé sur les trois faces crânielles. Dans quelle mesure la morphométrie géométrique peut-elle prédire la classification génétique et le niveau individuel d'introgession mieux que ne le fait la morpho-anatomie classique? Les hybrides sont-ils strictement intermédiaires entre les groupes parentaux, ou montrent-ils des morphologies caractéristiques (transgressivité)?

Les résultats préliminaires montrent que la différenciation entre les spécimens domestiques et sauvages est nette, et que les hybrides occupent une position plutôt intermédiaire. Toutefois les effets allométriques et de dimorphisme sexuel ont également un impact sur la morphologie crânienne, compliquant la mise en évidence des effets de l'hybridation proprement dits. La pertinence de la morphométrie géométrique dans ce contexte de gestion/conservation sera évaluée en regard de l'amélioration de la discrimination qu'elle apporte par rapport aux outils actuels. A défaut, l'utilisation de la morphométrie géométrique permettra d'adresser des questions plus fondamentales sur l'impact de l'introgession sur les phénotypes des deux sous-espèces impliquées.

Bases génétiques d'une divergence morphologique créant un isolement reproducteur dans le sous-groupe *melanogaster*.

*Peluffo A.*¹, *Nuez I.*¹, *Savisaar R.*¹, *Debat V.*², *Stern D.*³, *Orgogozo V.*¹

1-CNRS UMR7592, Institut Jacques Monod, Université Paris Diderot, 15 rue Hélène Brion, 75013, Paris, France ; (peluffo@ijm.univ-paris-diderot.fr)

2-UMR7205 ISySEB Département Systématique et Evolution, MNHN, 45 rue Buffon, 75005, Paris, France.

3-Janelia Farm Research Campus, Howard Hughes Medical Institute, 19700 Helix Drive, Ashburn, VA 20147, Etats-Unis.

Drosophila santomea est une espèce endémique de l'île de Saõ Tomé au large du Gabon, sur laquelle elle s'hybride avec

Drosophila yakuba, son espèce sœur la plus proche que l'on retrouve également sur le continent Africain. Bien que les mâles hybrides F1 soient stériles, les femelles hybrides F1 sont fertiles et peuvent produire des descendants avec des mâles *D. yakuba* ou *D. santomea*, permettant la transgression de la barrière d'isolement spécifique.

Plusieurs mécanismes d'isolement reproducteur prézygotique existent et limitent le taux de fécondation entre ces deux espèces vivant en sympatrie. Parmi ceux-ci, les branches ventrales, qui sont des épines situées sur la base ventrale du phallus semblent jouer un rôle important. Chez *D. yakuba*, ces épines sont fortement développées et au cours de la copulation elles s'encastrent dans des poches sclérifiées situées à la surface de l'ovipositeur de la femelle. Chez *D. santomea*, les mâles ne possèdent pas ces épines et les femelles n'ont pas de poches sclérifiées. Des femelles *D. santomea* croisées avec des mâles *D. yakuba* subissent des blessures au niveau de l'ovipositeur et ont un nombre de descendants réduit.

Pour étudier la base génétique et développementale de cette divergence morphologique, nous avons développé une méthode de morphométrie géométrique et construit plusieurs indices de forme. Nous avons effectué des rétrocroisements (backcross) entre *D. yakuba* et *D. santomea* et utilisé nos méthodes morphométriques pour quantifier la forme des branches ventrales chez les individus issus des deux rétrocroisements. Les valeurs phénotypiques ont ensuite été combinées aux données génotypiques (séquençage Multiplexed Shotgun Genotyping) pour identifier les régions génomiques responsables de la variation de forme des épines, par cartographie de QTL.

How do selection and hybridization shape the wings of mimetic butterflies?

*Mérot C.*¹, *Merrill R.*², *Tholance A.*¹, *Jiggins C.*², *Joron M.*¹

1-Isyeb UMR 7205, 45 Rue Buffon, Paris, France ; (merot@mnhn.fr)

2-Department of Zoology, University of Cambridge, Downing Street, Cambridge, England.

Toxic and unpalatable preys often converge in phenotype through the benefits of using a common signal recognised by predators. This process, called Müllerian mimicry, evolved in many pairs of closely or distantly-related taxa, and drives the convergence of several different traits. In *Heliconius* butterflies, selection for mutual resemblance translates in the formation of groups of highly similar species.

The most conspicuous trait associated with mimetic convergence in *Heliconius* is wing colour pattern. Examples of colour pattern divergence and convergence driven by mimicry are numerous. Nevertheless, other components of phenotype, such as wing shape or size, may also be involved in predator's recognition, but little is known about the ecology and genetics of wing shape convergence. In this study, we ask how selection for mimicry can affect wing shape convergence/divergence by comparing two cases: a pair of species belonging to the same mimicry group, and a pair of species in distinct mimicry groups. Hybrids between species from distinct mimicry groups typically display recombined colour pattern phenotypes by shuffling parental characters. Regarding shape, we asked, for each pair of species studied, whether hybrids displayed transgressive phenotypes compared to parental species, and whether this may represent ways by which populations can explore new dimensions of the phenotype.

Morphometric geometrics analyses of wing shape were carried out on wild individuals of the parental populations, and on hybrids resulting from laboratory crosses between each pair of species. Analyses showed contrasted results between forewing and hindwing, perhaps reflecting different implications in fitness. Most hybrids have a very intermediate wing size and display a slightly transgressive wing shape compared to parents. I will discuss the genetic architecture underlying wing shape, and future prospect to elucidate it using mapping families and morphometrics.

Thème 4 : Arrêts sur les méthodes.

Allométrie et espaces de forme : un retour au passé ?

*Klingenberg C.P.*¹

1-Faculty of Life Sciences, University of Manchester, Michael Smith Building, Oxford Road, Manchester M13 9PT, United Kingdom; (cpk@manchester.ac.uk)

L'allométrie est la relation entre la taille et la forme des organismes. L'allométrie et les corrections de taille étaient parmi les aspects les plus importants dans la morphométrie traditionnelle, mais des considérations de l'allométrie sont de plus en plus fréquentes dans des analyses de morphométrie géométrique. Au moins trois concepts d'allométrie différents ont été utilisés récemment. Le concept le plus répandu caractérise l'allométrie avec une régression multivariée de la forme sur la taille au centroïde. Ces analyses sont situées dans l'espace de forme de Kendall, et les corrections de taille peuvent utiliser les résidus de la régression. Une autre méthode utilise l'espace de taille-et-forme (size-and-shape space, allometry space) avec une superposition Procruste sans suppression de la composante d'échelle. L'allométrie est caractérisée avec la première composante principale, qui fournit une approximation optimale d'une trajectoire allométrique linéaire. La correction de taille supprime cette première composante principale, et donc est identique à la méthode de Burnaby de la morphométrie traditionnelle. La troisième méthode utilise un espace de forme augmenté par l'addition d'une dimension de la taille au centroïde transformée en logarithme (size-shape space, form space). Comme la méthode précédente, l'allométrie est caractérisée par la première composante principale des données. Les trois méthodes sont présentées et comparées.

Momocs: morphometrics using R.

Bonhomme V.^{1,2}, Picq S.², Claude J.³

1-School of Mathematics and Statistics, University of Sheffield. Hicks Building, Hounsfield Road, Sheffield S3 7RH. United Kingdom; (v.bonhomme@sheffield.ac.uk)

2-Centre de Bio-Archéologie et d'Ecologie, rue Auguste Broussonet, 34000 Montpellier, France.

3-ISEM, Université de Montpellier II, Place Eugène Bataillon, 34090 Montpellier cedex 5, France.

Momocs is an R package that provides a complete and convenient toolkit for morphometrics. It is intended for scientists interested in describing quantitatively the shape, and its variations, of the objects they study. It hinges on the core functions published in the book *Morphometrics using R*, written by one of us (Claude, 2008), further integrated into the same environment. So far, configuration of landmarks, outlines and open outlines analyses, and traditional morphometrics are implemented, and then allow multivariate analysis along with comparison of shapes, reconstruction of morphological spaces (etc.) that take all profit of the great pub-ready graphical facilities of R. Beforehand, it can be used to extract outline coordinates and to define landmark positions, and overall, data manipulation is made easy, as well as import/export from/to the various data formats used in morphometrics. Yet a few lines of code will provide the first results, methods implemented are easily and finely tuneable, so that morphometricians can test, author and share their custom approaches. While R has become the open-source *lingua franca* for statistics, morphometrics are still done, practically, using numerous softwares, which code source is mostly unavailable or copyrighted. This situation is detrimental to morphometrics: time is wasted; analyses are restricted to available methods and, last but not least, are poorly reproducible. Moreover, existing softwares cannot be extended and their bugs are hard to detect and to be corrected. It impedes collaborative effort both in software development and in morphometrics studies. By gathering the common morphometric approaches in an open-source environment welcoming contributions, Momocs is an attempt to solve this twofold problem to push morphometrics one step further.

Il était une fois les analyses multivariées : déclinaisons autour d'une même histoire évolutive.

Dufour A.B.¹, Ledevin R.¹, Renaud S.¹

1-Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (UMR 5558) ; CNRS ; Université de Lyon, université Lyon 1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex, France ; (anne-beatrice.dufour@univ-lyon1.fr)

L'étude de l'évolution morphologique permet de comprendre comment les organismes font face aux changements environnementaux et aux différentes pressions de sélection. Les méthodes de morphométrie géométrique rendent possible la quantification de cette évolution morphologique en décrivant, à travers un ensemble de variables, la forme des objets indépendamment de leur taille. De par leur aspect multivarié, elles sont associées à des méthodes statistiques telles que l'analyse en composantes principales (ACP) maximisant la variance totale ; l'analyse en composantes principales intergroupe (ACP inter) maximisant la variance intergroupe ou encore l'analyse factorielle discriminante (LDA-CVA) maximisant la variance intergroupe relativement à la variance intragroupe.

Ces variances correspondent à divers processus biologiques. Ainsi, la variance intragroupe peut souvent être considérée comme l'expression de la variation génétique et des mécanismes développementaux. La variance intergroupe souligne, quant à elle, une évolution globale le long d'un axe préférentiel. Si les contraintes développementales contribuent à orienter l'évolution dans une direction privilégiée, une congruence entre la variance intragroupe et la variance intergroupe est attendue. Les effets sélectifs correspondent alors à des modulations autour de cet axe.

Notre objectif est (1) d'explorer le rôle de ces variances inter et intra groupes dans la description des différents processus biologiques *via* les trois méthodes : ACP, ACP inter et LDA, (2) de souligner le rôle subtil de la variation intragroupe dans la description des patrons de différenciation. Pour ce faire, deux études sont présentées, toutes deux consacrées à la forme de la première molaire supérieure chez des rongeurs murinés. La première analyse se situe à l'échelle inter-spécifique et s'intéresse aux mulots (*Apodemus*). La seconde analyse se situe à l'échelle intra-spécifique et s'intéresse à la souris domestique. Quelques simulations révélatrices du fonctionnement de la variation intragroupe viennent renforcer notre propos.

Pour conclure, ces méthodes d'analyse multivariée, toutes fondées sur la maximisation de matrices de variances - covariances, peuvent conduire à des interprétations bien différentes pour un même jeu de données. Aucune n'est meilleure qu'une autre mais chaque méthode met l'accent sur des processus évolutifs différents. Regarder la signification biologique de la variance intragroupe se révèle donc essentielle pour élaborer des interprétations critiques et fiables sur l'évolution des traits morphologiques.

Visualisation des contraintes et anisotropie de l'espace phénotypique.

Gerber S.¹

1-Department of Earth Sciences, University of Cambridge, Downing Street, CB2 3EQ, Cambridge, UK; (srg49@cam.ac.uk)

Les espaces morphologiques sont des représentations quantitatives locales de l'espace phénotypique particulièrement utiles dans les différentes disciplines de la morphologie évolutive. Mais l'usage courant de ces espaces reflète-il de manière appropriée la dynamique évolutive des organismes qui y sont représentés? De par l'utilisation intuitive des notions de distance et direction propres aux espaces euclidiens, nombreuses sont les études qui considèrent de façon implicite les espaces morphologiques comme des espaces homogènes et isotropes. Cette vision est toutefois inadéquate. Les avancées récentes de la biologie évolutive du développement ont levé le voile sur certaines propriétés statistiques de la carte génotype-phénotype et leurs conséquences pour la structure topologique de l'espace phénotypique. Dans cette présentation, un exemple pris chez les trilobites (arthropodes fossiles) permet l'exploration théorique de l'effet des contraintes sur la structure d'accessibilité de l'espace morphologique. L'espace obtenu est fortement anisotropique et révèle d'importantes discordances entre l'ensemble des phénotypes à priori possibles et leur réelle accessibilité. Les mesures géométriques de 'distance' dans les espaces morphologiques doivent donc être considérées avec précaution et complétées par des mesures d'accessibilité prenant en compte les mécanismes variationnels qui sous-tendent les transitions évolutives.

Otolith shape: a method to identify some acting factor on them.

Mille T.¹, Mahé K.¹, Villanueva C.¹, De Pontual H.², Ernande B.¹

1-Ifrémer, Centre Manche Mer du Nord Laboratoire Ressources Halieutiques, BP 699, 62321 Boulogne-sur-mer, France ; (tiphaine.mille@ifremer.fr)

2-Ifrémer, Centre Brest Laboratoire Ressources Halieutiques, BP 70, 29280 Plouzané, France.

Otoliths are calcified structures belonging to Teleosteans' vestibular system involved their audition and equilibration. An increasing of numbers of studies use otolith shape as an indicator to discriminate stocks and populations, which requires the identification and the understanding of factors that affect otolith's morphology. Indeed, otolith's biomineralization and thus otolith morphogenesis results from a multi-causal process. Many internal (physiology) and external factors (environment) acts synergistically on biomineralization and otolith shape. Studies on otolith morphology need an appropriate procedure to translate shape's information into a quantitative mathematical representation. Here, we proposed a method aiming to identify factors acting on otolith shape that spans from otolith image acquisition to the numeric treatment of multivariate data describing their morphology. Batches of otolith were automatically digitized using a scanner and individual images were extracted using the software TNPC 7.0. An elliptical Fourier analysis was performed on each otolith contour delineated extracted by image binarization. To determine the sufficient number of Fourier ellipses (so-called harmonics) to reconstruct otolith contour, cumulative Fourier power (the cumulative proportion of variance in contour coordinates accounted for by successive harmonics) was calculated at individual level and the maximum number of harmonics necessary to account for 99.9% of variance was kept. Fourier descriptors (4 descriptors per harmonic) were summarized using principal component analysis combined with broken stick principal component selection in order to decrease the number of dimensions used to describe otolith shape variability and to avoid collinearity. A redundancy analysis was then performed on the selected principal component matrix modeled as depending on a matrix of potentially influential factors, followed by permutation tests to identify factors affecting significantly otolith shape. To illustrate factors' effects, average otolith shape were reconstructed for various factor values. The

application of this method allowed to identify an ontogenetic effect on otolith shape for a majority of fish species as well as sexual dimorphism in and asymmetry between right and left inner ear of otolith shape in a few species.

Biomechanical modelling of human femora: a comparison between agriculturalists and hunter-gatherers using FEA, GMM and beam theory.

Püschel T.¹, O'Higgins P.²

1-Faculty of Life Sciences, University of Manchester, Manchester, United Kingdom; (thomas.puschel@postgrad.manchester.ac.uk)

2-Hull York Medical School, University of York, York, United Kingdom; (paul.ohiggins@hyms.ac.uk)

Any behavioural reconstruction based on skeletal morphology relies on the principle that bone is functionally adapted to its mechanical environment during life. Traditional beam theory has commonly been applied in biomechanics to model the behaviour of past lifestyles of human populations. Despite its usefulness, the application of beam theory to long bones makes several unrealistic assumptions. The most noticeable one is the fact that long bones are modelled as simple beams, without taking into account their complex shapes. To this day few studies have assessed the amount of error inherent in simplification as compared with other techniques. One such alternative is the use of finite element analysis (FEA), a mechanical engineering technique that allows for more complex forms, but is much more complicated to perform. The aim of the present dissertation was to contrast the two techniques by applying both to a classical bioanthropological example: the comparison of skeletal performance between agriculturalists and hunter-gatherers. 20 male Native American left femora belonging to two distinct populations a) Norris Farm (n=10): agriculturalists and b) Black Earth (n=10): hunter-gatherers, were compared by applying both classical beam theory and FEA. The femora were scanned using a Medical CT-Scan and the data volumes were manually segmented. Cross-sectional properties were then estimated in the model and each dataset was converted into a finite element mesh to perform FEA. Statistical analyses were applied to the resultant datasets to test which technique was better differentiating between

hunter-gatherers and agriculturalists. Geometric morphometrics (GMM) analyses were also carried out, in order to compare their competence when distinguishing between past lifestyles as compared with the other techniques applied. These results are expected to contribute in a better insight when assessing lifestyle from femoral shaft morphology.

Démêler et quantifier les sources de variation morphologique à multiples échelles. Nouvelle méthode de partition de la disparité morphologique à l'aide d'arbres de classification et de regression.

Vignon M.^{1,2}

1-UMR ECOBIOP INRA-UPPA, « Ecologie Comportementale et Biologie des Populations de Poissons », Pôle d'Hydrobiologie de Saint Pée sur Nivelle, INRA, Quartier Ibaron, 64310 Saint Pée sur Nivelle, France ; (matthias.vignon@univ-pau.fr)

2- UMR ECOBIOP INRA-UPPA, « Ecologie Comportementale et Biologie des Populations de Poissons », UPPA, UFR Sciences & Techniques de la Côte Basque, 1 Allée du parc Montauray, 64600 Anglet, France.

De très nombreux traits morphologiques présentent une plasticité phénotypique extrême, aussi bien au niveau inter/intraspecific que inter/intrapopulationnel, voire intersexuel. Dans un contexte hypothético-déductif traditionnel les paramètres environnementaux d'intérêt sont généralement testés, en prenant parfois en compte d'éventuelles variables confondantes (paramètres intrinsèques tels que le sexe, la taille, etc.) mais sans pour autant que leur influence relative soit quantifiée. Il est donc très regrettable de constater que très peu d'études exploratoires aient quantifié l'importance relative d'un grand nombre de paramètres environnementaux et intrinsèques sur la variabilité morphologique de structures d'intérêt. Ceci limite fortement l'utilisation morphologique de certains traits morphologiques comme un outil de discrimination des groupes/stocks phénotypiques puisque les causes de cette discrimination demeurent le plus souvent inconnues.

Dans ce contexte, une nouvelle méthode de partition de la disparité morphologique basée sur une approche de morphométrie géométrique et utilisant les arbres de classification et de regression est présentée. Il

en résulte une quantification précise de l'influence relative des différents paramètres environnementaux et intrinsèques à multiples échelles. Cette approche se prête très bien à l'analyse de volumineux jeux de données pour lesquels un grand nombre de paramètres environnementaux ont été relevés et pour lesquels le collectionneur n'a pas d'idée *a priori* de la façon dont est structurée la variabilité morphologique. Des hypothèses plus fines de modularité, d'intégration morphologiques et d'interactions entre facteurs peuvent également être testées de façon identique. Mais la méthode proposée va bien au-delà de cette simple quantification et devrait permettre une meilleure compréhension du déterminisme morphologique de certains traits hautement variables.

Using Hough transforms for the characterization of the *Aurelia aurita* jellyfish shape.

Gadreaud J.¹, Martin-Garin B.², Viseur S.², Gourio G.², Thiéry A.¹

1-Aix-Marseille Université, Univ. Avignon, IMBE UMR CNRS 7263, 13331 Marseille, France ; (justine.gadreaud@gmail.com, alain.thiery@imbe.fr)

2-Aix-Marseille Université, CEREGE UM 34, 13331 Marseille, France ; (martin-garin@ceroge.fr, viseur@ceroge.fr, gourio@ceroge.fr)

Among jellyfishes of the French Mediterranean coasts, the most common species are *Pelagia noctiluca* (Forskål, 1775) (Scyphozoa, Pelagiidae) – small purple urticant jellyfish very well-known by swimmers – and *Aurelia aurita* (L., 1758), [Scyphozoa, Ulmaridae], harmless, with a clear blue umbrella, short tentacles, and four horseshoe-shaped gastro-gonadal pouches. If anatomy of the latter is well-known, with a characteristic radial symmetry, some cases of malformations of their gastro-gonadal lobes were recently discovered in the Étang de Berre: impaired symmetry ranging from three to eight lobes more or less misshapen. Frequency of morphogenetic abnormalities is higher than in other populations. So the question is to know if the contaminants present in the water or sediment, which are in contact with strobili polyps – producing ephyra larvae, young jellyfishes – are responsible for these malformations. The microcosm study permits to determine the conditions of teratogenic jellyfish production. Two types of contaminants were chosen: chromium (III) – metal used by industries in many catalytic reactions – and spherical silver nanoparticles coated with

polyvinyl pyrrolidone (PVP), 50 nm in diameter, new contaminants frequently found in the washing urban waters – silver nanoparticles having bactericidal properties.

The study proposes to combine two approaches for analyzing the relationship between degrees of teratology *versus* contaminant levels. First, an experimental *in vivo* approach has been implemented to test the effects of different concentrations of chromium (III) – salt $\text{CrCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ – and silver nanoparticles on morphogenesis. Second, digital photos of jellyfishes were taken and processed for an automated morphometric analysis. To achieve this, an ImageJ® (OpenSource) plugin was implemented. The developed algorithm aims at approximating the outline of the jellyfish and its gastro-gonadal lobes by ellipses to extract geometrical characteristics (sizes, numbers, etc.). This algorithm combines an original edge detector and an optimized Hough transform. This protocol permits to rapidly obtain several morphological characteristics that can be statistically analyzed and compared to explicative variables (contaminants, etc.). This study aims to determine the dose-dependent effects and to test the model *A. aurita* jellyfish as a bioindicator of contamination in marine and lagoon environment.

Unsupervised models for typological classification of archaeological artefacts.

Wilczek J.^{1,2}, Monna F.¹, Gabillot M.¹, Navarro N.³, Rusch L.¹, Chateau C.⁴

1-ArTéHiS, UMR 6298 CNRS-Université de Bourgogne, ArTéHiS, Bat. Gabriel, F-21000 Dijon, France ; (josef.wilczek@hotmail.com, Fabrice.Monna@u-bourgogne.fr, Mareva.Gabillot@u-bourgogne.fr, lucjlerusch@yahoo.fr)

2-Ustav archeologie a muzeologie, Masarykova univerzita, Arna Nováka 1, 602 00 Brno, Česká republika.

3-Laboratoire PALEVO, Ecole Pratique des Hautes Etudes, UMR uB/CNRS 6282-Biogéosciences, Université de Bourgogne, 6 Boulevard Gabriel F-21000 Dijon, France ; (nicolas.navarro@u-bourgogne.fr)

4-Université de Bourgogne, UFR SVTE, 6 bd Gabriel, F-21000 Dijon, France ; (Carmela.Chateau@u-bourgogne.fr)

The classification of flanged axes dated to the middle Bronze Age is very complex. Many types of axes exist, and most of them are composed by numerous variants. For example, in the recent and well-established French terminology, those axes are represented by two generic groups: namely “Atlantic” and

“Oriental” forms. Both groups are nevertheless very polymorph so that it is often very difficult to classify the individuals. It can be illustrated for example by the fact that axes of *Armorican tumulus type* (Atlantic group) and *Neyruz type* (Occidental group), both consisting of number of variants, are at the first sight visually very similar. Nevertheless, those facts do not prevent archaeologists from interpreting some important questions, for example those concerning the influences of oriental type on Atlantic and vice-versa.

At the first stage, we aimed at checking the pertinence of the current typology at the light of a morphometric analysis based on the treatment by a closed contour approach (Elliptic Fourier Analysis) of 268 axes. As the current typological model does not explain well the structuring of axes based on the shape similarity, we proposed a new formal classification, using an unsupervised clustering and discriminant methods based on the Gaussian mixture modelling. Once this step performed, we validated this classification via a spatial distribution of findings using a multinomial scan statistics. The final step consisted in introducing new individuals (axes-ingots) of unknown membership to attribute them to the one of the newly established groups.

Thème 5 : Phylogéographie, insularité et systématique.

Conformations et migrations : application à l’histoire de l’homme moderne en Asie du Sud-Est.

Corny J.¹, Déroit F.²

1-Université Aix-Marseille / UMR 7268 ADES, 13916, Marseille, France ; (julien.corny@univ-amu.fr)

2-Muséum national d’Histoire naturelle - Département de Préhistoire / UMR 7194, 75005, Paris, France ; (fdetroit@mnhn.fr)

Les récentes publications en génétique des populations soulignent la complexité du peuplement de l’Asie du Sud-Est par l’homme moderne, probablement marqué par de multiples migrations et des épisodes de métissages avec les groupes humains « archaïques » préexistants. Pourtant, les études morphométriques dentaires et ostéologiques défendent majoritairement un scénario basé sur une vague de migration majeure suivie de processus micro-évolutifs locaux, ou alors, mais plus rarement, une hypothèse à deux vagues de migration. Afin de mieux comprendre l’histoire évolutive et la diversité biologique dans cette région du monde, nous avons choisi d’analyser la conformation du contour des couronnes des molaires humaines. Cette approche est adaptée à la problématique car elle permet un échantillonnage archéologique important et une quantification rigoureuse des variations, ces dernières étant théoriquement largement attribuables à l’histoire populationnelle. Notre échantillon comporte 899 molaires supérieures provenant d’Asie du Sud-Est, Australie et Mélanésie, dont 339 provenant de contextes archéologiques (du Pléistocène supérieur à la fin de l’Holocène). Les contours des molaires ont été quantifiés par les descripteurs elliptiques de Fourier appliqués sur les coordonnées Procrustes de 79 points équidistants. La variabilité et les affinités morphologiques entre groupes humains prédéfinis (sur des bases géographiques et chrono-culturelles) ont été explorées par des analyses en composantes principales, des MANOVA et des phénogrammes. Afin d’effectuer un test direct des différentes hypothèses de peuplement de l’Asie du Sud-Est, nous avons créé des matrices de distances chrono-géographiques reflétant chaque modèle puis testé leur degré de corrélation avec les matrices de distances phénétiques. Nos résultats soutiennent une

histoire de l'homme moderne en Asie du Sud-Est basée sur plusieurs mouvements majeurs de populations depuis le Pléistocène supérieur. Les variations eustatiques et la diffusion du Néolithique dans certaines régions semblent avoir été des facteurs prépondérants de la structuration de la variabilité biologique en Asie du Sud-Est.

Morphométrie et syndrome de domestication chez la vigne *Vitis vinifera* L. : relation entre la forme du pépin et les traits de la baie.

Picq S.^{1,2}, Bouby L.¹, Ivorra S.¹, Pastor T.¹, Bonhomme V.^{1,3}, Bacilieri R.², Terral J.-F.^{1,4}

1-Centre de Bio-Archéologie et d'Ecologie - UMR 5059, Institut de Botanique, 163 rue A. Broussonet, 34090 Montpellier, France ; (sandrine.picq@gmail.com, terral@univ-montp2.fr)

2-Diversité et adaptation de la vigne et des espèces méditerranéennes – UMR AGAP, 2, Place P. Viala, 34060 Montpellier Cedex 1, France

3-School of mathematics and statistics, University of Sheffield, Hicks Building, Hounsfield Road, Sheffield, S3 7RH. UK

4-Université Montpellier 2. Place Eugène Bataillon. 34095 Montpellier, cedex 5, France.

La domestication des plantes est un processus évolutif complexe dont l'étude permet d'appréhender conjointement l'évolution des plantes et l'histoire des sociétés humaines. Dans ce domaine, l'analyse des restes végétaux archéologiques s'est révélée particulièrement utile pour localiser le(s) centre(s) de domestication, pour connaître les pratiques culturelles ou pour estimer la vitesse et les rythmes d'évolution des traits morphologiques au cours de la domestication. Chez la vigne, *Vitis vinifera* L., les archéobiologistes utilisent la forme du pépin de raisin qui diffère entre le compartiment sauvage (*V. v. subsp. sylvestris*) et le compartiment domestiqué (*V. v. subsp. vinifera*) pour comprendre le processus de domestication de cette plante pérenne d'une grande importance économique et culturelle. Cette évolution de forme du pépin résulterait d'un effet pléiotropique lié à un trait sélectionné par l'Homme, comme la taille de la baie, plutôt que d'une sélection ciblée de ce caractère. Ainsi, il a été récemment démontré sur un échantillon actuel restreint (300 pépins) que la forme du pépin, décrite par des mesures discrètes, était corrélée au diamètre de la baie chez la vigne sauvage et dans une moindre mesure, chez la vigne domestiquée. Dans cette étude, nous proposons de

confirmer cette relation entre forme du pépin et taille de la baie et d'en approfondir l'étude en utilisant un échantillon plus conséquent et la méthode des transformées elliptiques de Fourier pour décrire la forme des pépins. Ainsi, à l'aide d'analyses multivariées, la relation entre la forme de 1918 pépins issus de 15 vignes sauvages et de 33 cépages et les caractéristiques de la baie (hauteur, diamètre, nombre de pépins par baie et poids) a été étudiée. Les résultats seront discutés dans la perspective d'utiliser la forme des pépins archéologiques pour estimer la vitesse d'évolution des traits de la baie au cours de la domestication.

Syndrome insulaire et contraintes évolutives de rongeurs tropicaux : le cas de *Praomys* et *Hylomyscus* à Bioko (Guinée équatoriale).

Denys C.¹, Gidaszewski N.¹, Boué C.¹, Cornette R.¹

1-UMR7205 ISYEB CBRS-MNHN-EPHE-PARIS VI, 55, rue Buffon, 75005 Paris, France ; (denys@mnhn.fr)

Chez les rongeurs d'Eurasie, le syndrome insulaire commence à être bien connu. Des augmentations de taille très rapide ont été mises en évidence ainsi que des changements de conformation en plus des changements comportementaux et reproductifs. En zone tropicale, la biodiversité des rongeurs est supérieure à celle des zones tempérées et des espèces jumelles peuvent vivre en sympatrie. Parmi les îles tropicales du Golfe de Guinée, Bioko située à 30km du continent et isolée depuis 60.000 ans, a livré plusieurs espèces de rongeurs muridae dont le statut taxonomique et les modalités d'évolution restent encore à déterminer. Afin de mieux caractériser le syndrome insulaire de rongeurs tropicaux, nous avons étudié plusieurs espèces de petits mammifères de Bioko par comparaison avec leurs équivalents continentaux. Ainsi, pour deux rongeurs de la tribu des Praomyini, (*Hylomyscus*, 43 individus) et *Praomys* (101 individus) nous avons utilisé des analyses de morphométrie géométriques sur des crânes d'individus insulaires et continentaux. *Hylomyscus* est représenté par deux espèces sur l'île : *Hylomyscus allenii montis* et *Hylomyscus walterverheyeni*. *Praomys* est présent avec deux espèces différenciées sur le continent en fonction de l'altitude *P. morio* (>1800m) et *P. misonnei* mais aussi à Bioko. Pour toutes les

populations de rongeurs analysées nous avons testé l'espèce, l'âge, le sexe, l'altitude. Nous observons des différences de conformation entre les *P. morio* du Mt Cameroun et ceux de Bioko. Par contre la différence de taille sur le continent entre *morio* et *misonnei* (ex *tullbergi*) semblent disparaître sur l'île. Pour *Hylomyscus*, les insulaires (*H.alleni montis*) présentent un crâne plus étroit en vue dorsale que ceux du continent. Les spécimens du continent sont significativement plus grands que ceux des îles. Les spécimens d'*alleni montis* semblent toujours distincts des autres espèces et pourraient bien appartenir à une espèce valide qui n'a pas encore pu être séquencée.

Des souris et des îles : évolution de la dent et méthodes 3D.

Le Devin R.¹, Britton-Davidian J.², Hardouin E.³, Chevret P.¹, Auffray J-C.², Renaud S.¹

1-Laboratoire de Biométrie et de Biologie Evolutive, UMR 5558, CNRS, Université Lyon 1, Bât. Mendel, Campus de la DOUA, 69622 Villeurbanne cedex, France ; (ronan.ledevin@univ-lyon1.fr, pascale.chevret@univ-lyon1.fr, sabrina.renaud@univ-lyon1.fr)

2-Institut des Sciences de l'Evolution de Montpellier, UMR 5554, CNRS, Université Montpellier 2, 34000 Montpellier, France ; (janice.britton-davidian@univ-montp2.fr, jean-christoph.auffray@univ-montp2.fr)

3-Faculty of Science and Technology, Bournemouth University, Christchurch House, Talbot Campus, Poole, Dorset BH12 5BB, England; (ehardouin@bournemouth.ac.uk)

Depuis Darwin et ses célèbres pinsons des Galápagos, l'évolution insulaire a été au centre de nombreuses études en biologie évolutive. Dérive génétique aléatoire et adaptation à des conditions environnementales particulières permettent l'apparition (voire la fixation) de nouveaux variants phénotypiques dans les populations. La souris domestique est un modèle de choix dans l'étude de ces processus, son histoire évolutive étant largement liée aux mouvements des populations humaines et aux effets fondateurs qu'elles engendrent.

Une étude préliminaire réalisée sur le contour 2D de dents de souris piégées dans différents complexes insulaires (situés en Méditerranée, dans l'océan Atlantique et en zone subantarctique) a mis en évidence différents facteurs de différenciation : l'isolement, les conditions environnementales locales, les relations phylogénétiques entre populations traduisant l'histoire du transport maritime, et les contraintes développementales. Cependant, l'analyse du contour présente des

limites que l'approche 3D permet de dépasser. Nous avons donc scanné un sous-échantillon de ces souris par micro-tomographie (ISEM) et la première molaire supérieure a été analysée à l'aide des méthodes de morphométrie 3D (i.e. sliding semi-landmarks). Le passage à la caractérisation 3D de la morphologie pose toutefois un problème: l'usure affectant la hauteur des cuspides devient une source majeure de variation, alors qu'elle affecte peu le contour 2D. L'application de méthodes de description 3D à la dent murine nécessite donc une adaptation spécifique aux contraintes propres à ce matériel. L'intérêt majeur de l'approche 3D est d'avoir accès à l'agencement géométrique des cuspides dans l'espace. Cette information, difficilement accessible en 2D, va nous permettre d'aborder notamment la question de l'origine d'une cuspide supplémentaire observée à l'avant de la dent chez certaines souris. Ce phénotype est apparu de façon répétée au cours de l'évolution. La quantification en 3D va ainsi nous permettre de faire le lien entre son apparition, l'organisation géométrique des cuspides et les mécanismes développementaux impliqués.

Morphometric analysis of chameleon fossils fragments from the Late Miocene from South Africa: a new piece of the chameleonic history.

Dollion A.Y.¹, Cornette R.², Tolley K.A.³, Boistel R.⁴, Euriat A.⁴, Herrel A.^{1,5}

1-UMR 7179 CNRS/MNHN, Département d'Ecologie et Gestion de la Biodiversité, MNHN, Muséum National d'Histoire Naturelle, 57 rue Cuvier, Case postale 55, 75231 Paris Cedex 5, France ; (dollion.alexis.14340@gmail.com)

2-UMR 7205 CNRS/MNHN, Origine, Structure et Evolution de la Biodiversité et Plate-forme Morphométrie, MNHN, Muséum National d'Histoire Naturelle, CNRS, 45 rue Buffon, 75005, Paris, France.

3-Applied Biodiversity Research Division, South African National Biodiversity Institute, Claremont 7735, Cape Town, South Africa.

4-IPHEP, Université de Poitiers, UMR CNRS 7262, 6 rue Michel brunet, 86073, Poitiers, France.

5-Ghent University, Evolutionary Morphology of Vertebrates, K.L. Ledeganckstraat 35, B-9000 Gent, Belgium.

Chameleon history has been mainly studied through phylogenetic approaches, because the chameleon fossil register is really limited and fragmented. This poor state of preservation has led to numerous nomen dubia and the identification of chameleon fossils remains uncertain. The West Coast fossil Park is a

fossil site well known for its richness and diversity of Mio-Pliocene fossils. Beyond famous fossils of large vertebrates, this site is also rich in microfossils which belong to a large range of small vertebrates including reptiles, and chameleons. Chameleon fossils recovered from this formation largely consist of fragmented cranial bones. The taxonomic identification of such fossils remains difficult, these fossils were classified as belonging to the genus *Bradypodion*, the most widespread extant genus in South Africa and have been used as a dating point for molecular phylogenies. Here, we examined fossil fragments dated to the Late Miocene from South-Africa and tried to determine to which extant genus of chameleon those fossils are most similar morphologically using a morphometric approach.

Our study suggests that fossil does not belong to only one genus as expected but to at least to two different genera (*Brookesia* and *Bradypodion*). This study confirms that some fossil belong effectively to *Bradypodion*, as we expected, but we also find that others may belong to an unexpected genus, *Brookesia*.

This result leads us to suppose that the divergence of *Brookesia* from other genus, occurring between -65 and -58 Ma, occurred in Africa and should not be due to dispersal of a stem chameleon to Madagascar.

Evolution morphologique des molaires de *Meriones* (Rodentia: Gerbillinae) actuelles et fossiles du Maroc.

Stoetzel E.¹, Cucchi T.², Cornette R.³, Nespoulet R.⁴, Denys C.¹

1-Muséum national d'Histoire naturelle, Département Systématique et Evolution – CNRS UMR 7205 ISYEB, Paris, France ; (stoetzel@mnhn.fr, denys@mnhn.fr)

2-Muséum national d'Histoire naturelle, Département Ecologie et Gestion de la Biodiversité – CNRS UMR 7209 Archéozoologie et Archéobotanique, Paris, France ; (cucchi@mnhn.fr)

3-Muséum national d'Histoire naturelle, Département Systématique et Evolution – CNRS UMR 7205 ISYEB & UMS 2700 Outils et Méthodes de la Systématique Intégrative, Paris, France ; (cornette@mnhn.fr)

4-Muséum national d'Histoire naturelle, Département de Préhistoire – CNRS UMR 7194 Histoire Naturelle de l'Homme Préhistorique, Paris, France ; (roland.nespoulet@mnhn.fr)

Certaines zones d'ombre subsistent encore concernant la systématique et l'évolution de certains rongeurs nord-africains non-sahariens. C'est notamment le cas du

complexe *shawii-grandis* au sein du genre *Meriones* (Muridae, Gerbillinae). Très largement répartis dans les zones bioclimatiques semi-arides et arides du nord du Maghreb, ces rongeurs sont aujourd'hui considérés comme d'importants ravageurs de cultures et vecteurs de maladies transmissibles à l'homme. Actuellement, une seule espèce, *M. shawii*, est officiellement reconnue pour ce complexe au Maghreb. Mais sur la base d'analyses de distances (mesures externes et crâniennes), certains auteurs semblent distinguer deux formes, principalement par leur taille : une grande forme rapportée à *grandis*, et une forme plus petite rapportée à *shawii*. Cependant leur statut taxonomique ainsi que leur distribution géographique en Afrique du Nord restent encore discutés, et rien n'est connu sur d'éventuelles différences éco-éthologiques entre ces deux formes (comportement, habitat, régime alimentaire).

Concernant le registre fossile de la fin du Quaternaire, toutes les *Meriones* de morphologie « moderne » ont été attribuées à *M. shawii* sans étude plus approfondie. Le site archéologique d'El Harhoura 2, situé dans la région côtière de Rabat-Témara au Maroc, a livré un matériel microfaunique exceptionnellement abondant, riche en restes osseux et dentaires de *M. cf. shawii*. La séquence étudiée couvre les derniers 100 000 ans, permettant de suivre l'évolution de ce taxon sur une longue période de temps caractérisée par plusieurs changements paléoenvironnementaux.

Afin d'éclairer la question du statut taxonomique du complexe *shawii-grandis*, et d'aider à une meilleure connaissance de son évolution dans le temps et de sa distribution géographique actuelle, nous avons appliqué des méthodes de morphométrie géométrique 2D sur les molaires de différentes populations fossiles et actuelles du Maghreb. Les molaires sont en effet les éléments les plus abondants en contexte fossile, et comme aucune analyse de ce type n'a été entreprise précédemment sur les molaires de *Meriones*, nous avons choisi d'utiliser à la fois des points repères homologues (landmarks) et des semi-landmarks pour obtenir un maximum d'informations aussi bien sur le contour que sur le dessin de la surface occlusale.

Nous avons ainsi pu comparer des conditions anciennes « naturelles » (Pléistocène supérieur – Holocène moyen) uniquement soumises aux variations environnementales, avec des habitats actuels naturels ou fortement impactés par les activités humaines. En effet, les *Meriones* du complexe *shawii-*

grandis sont aujourd'hui très fortement inféodées aux champs cultivés et aux friches avoisinantes, témoignant d'une adaptation récente à l'anthropisation des milieux.

Nous avons pu intégrer aux analyses morphométriques des spécimens ayant fait également l'objet d'analyses génétiques, afin de comparer les différents scénarios au niveau taxonomique et populationnel.

Les analyses sont encore en cours, mais les premiers résultats confirmeraient l'existence de deux groupes de taille et de conformation structurés géographiquement, avec des spécimens de grande taille à l'Ouest (Maroc) correspondant à priori à *M. grandis*, et des spécimens de plus petite taille à l'Est (Algérie, Tunisie) correspondant à priori à *M. shawii*. De plus, ces groupes morphologiques semblent correspondre à deux grands clades génétiques mis en évidence récemment au Maroc et en Algérie. Ces deux formes semblent présentes dans le matériel fossile marocain, en proportions variables tout au long de la séquence archéologique d'El Harhoura 2.

variability and linear measurements for the appendicular bones. We found a good match between skull shape and their phylogenetic legacy, due to evolutionary conservatism. Their habitat use also played a role in their morphology, especially in the appendicular bones: species that occur in wet environments presented longer limb bones, while species from arid environments presented shorter limbs.

Unraveling body shape evolution in Australo-Papuan myobatrachid frogs.

Vidal-Garcia M.¹, Keogh S.¹

1-Research School of Biology, The Australian National University, Daley Road, Canberra, Australia; (marta.vidalgarcia@anu.edu.au)

Body shape is a highly conserved trait in anurans, yet body morphology can still differ greatly among frog species. Some clades display broad ecological and morphological variation, while others show very conserved morphologies and ecological niches. Understanding differences in morphological diversification among clades is a topic of utmost interest among evolutionary biologists. The Australo-Papuan myobatrachid frog radiation is an ideal system to examine these questions since this group represents 57% of the frog diversity in Australia, displays considerable variation in body size and shape and occupies a broad range of ecological niches. I gathered a 3D morphological dataset of myobatrachid frogs using X-ray microCT scanners, environmental data based on geographic distributions and a robust molecular phylogeny that accurately reconstructs the history of diversification in this frog radiation. I used 3D geometric morphometrics to account for the skulls' shape

Résumés des Posters

Un nouvel élément de distinction ostéologique du chien et du loup : analyse de la conformation des scapulas par les coordonnées des points-repères 2D.

Belhaoues F.¹

1-ASM, Archéologie des Sociétés Méditerranéennes, UMR5140, Univ Montpellier 3, CNRS, MCC, 34000, Montpellier, France ;
(fabien.belhaoues@gmail.com)

La distinction ostéologique du chien et du loup est très délicate. Elle devient compromise avec des éléments squelettiques isolés, et plus encore, fragmentés. La diversité des formats chez les chiens, à laquelle s'ajoute leur diversité morphologique, rend caduque tout critère de taille. Seule l'étude des conformations peut alors être déterminante. En dépit des avancées méthodologiques les plus récentes, aucune étude morphologique n'a été menée sur le squelette post-crânien pour distinguer les chiens des loups et autres canidés sauvages. Les analyses en morphométrie géométriques sont ici appliquées à l'étude de leurs scapulas. Les adultes et sub-adultes de 86 chiens et 13 loups ont été étudiés. L'échantillon de chiens comprend 30 races de différents formats, issues de tous les groupes typologiques. Afin de tester les résultats sur des sous-espèces de loups géographiquement isolées et éloignées, deux sous-espèces, l'une européenne (*Canis lupus lupus*) et l'autre nord-américaine (*Canis lupus occidentalis*) ont été sélectionnées. Les variations morphologiques en deux dimensions ont été quantifiées par l'analyse des coordonnées de 10 points-repères. Les résultats issus de l'analyse des déformations relatives isolent parfaitement les scapulas des chiens et des loups. La principale différence concerne l'acromion, plus étendu ventralement chez les loups, lesquels possèdent alors une épine scapulaire plus longue pour l'insertion du muscle deltoïde, réduite chez les chiens après domestication. La morphologie de la scapula constitue le premier critère morphologique permettant la détermination de grands canidés par leur squelette post-crânien.

De l'oreille interne au mode de vie : paléobiologie d'un primate fossile de l'Eocène.

Bernardi M.¹, Couette S.¹

1-UMR uB CNRS 6282 "Biogéosciences", Université de Bourgogne, 6 Bd Gabriel 21000 Dijon, France ;
(sebastien.couette@u-bourgogne.fr)

Dans le groupe des adapinés européens, l'espèce *Adapis parisiensis* fait l'objet depuis ces deux derniers siècles d'une attention particulière, notamment à des fins taxinomiques et phylogénétiques. Le crâne, les dents et le squelette post-crânien ont fait l'objet d'études morphologiques qui ont conduit à des hypothèses concernant le mode de vie, le régime alimentaire et la locomotion de ces primates. En effet ceux-ci ne présentent pas d'équivalents dans les espèces actuelles et de nombreux doutes persistent. Récemment, l'utilisation de l'imagerie 3D permet d'avoir accès à de nouvelles données. Le développement de ces méthodes modernes intrusives (μ CT) nous renseigne sur les structures internes sans endommager les fossiles. Ces méthodes donnent ainsi accès à tout un panel d'informations inédites. La morphologie de l'oreille interne, particulièrement indicatrice de plusieurs paramètres fonctionnels est ainsi étudiée. Cette structure est porteuse d'informations concernant l'acuité auditive, l'agilité et la vitesse de la tête lors des mouvements locomoteurs. L'étude de sa morphologie permet donc de bonnes inférences morpho-fonctionnelles. Les longueurs et formes de différentes structures anatomiques sont maintenant mesurables (cochlée, fenêtre ovale, canaux semi-circulaires). Ces mesures ont été faites pour 5 spécimens d'*Adapis parisiensis*, et elles nous indiquent que cette espèce semble plus sensible aux hautes fréquences qu'aux basses fréquences. De plus, sa locomotion semble aussi plus rapide que ce qui était imaginé jusqu'alors. Ces résultats sont discutés en termes paléobiologiques et paléoenvironnementaux et des hypothèses concernant la locomotion, la communication, les liens sociaux et le milieu de vie de cette espèce, sont proposées.

Apport de la morphométrie-géométrique à l'identification spécifique des ossements fossiles des lézards du genre *Anolis* sur l'île de Marie-Galante (Guadeloupe).

Bochaton C.^{1,2}, *Bailon S.*¹, *Grouard S.*¹, *Ineich I.*², *Tresset A.*¹, *Cornette R.*²

1-UMR 7209 « Archéozoologie, Archéobotanique: Sociétés, Pratiques et Environnements » CNRS MNHN, Paris, France ; (corenboch@gmail.com)

2-Institut de Systématique, Évolution et Biodiversité UMR 7205 « ISYEB » CNRS MNHN UPMC EPHE, Paris, France

La morphométrie-géométrique peut se révéler être un outil précieux pour l'identification des restes fossiles et d'autant plus lorsqu'il s'agit de restes subfossiles appartenant à des taxons existant encore de nos jours. En effet, cette méthode pourra, dans certains cas, proposer des attributions spécifiques là où l'ostéologie descriptive traditionnelle est parfois limitée à un rang taxinomique plus élevé.

Notre étude s'intéresse aux lézards subfossiles appartenant au genre *Anolis* dans l'archipel de Guadeloupe. Jusqu'alors, la grande proximité morphologique des membres de ce genre dans l'archipel considérée interdisait toute attribution spécifique des restes ostéologiques et nous tentons de démontrer l'utilité de la morphométrie-géométrique pour résoudre ce problème. Nous nous concentrons dans le cadre d'un travail préliminaire à une petite île de l'archipel de Guadeloupe, Marie-Galante. Les *Anolis* fossiles étudiés sont issus du site fossilifère de Cadet 2 qui couvre, de manière plus ou moins continue, une période allant du Pléistocène supérieur au XIII^{ème} siècle de notre ère.

Une approche en deux dimensions conduites sur les dentaires d'*Anolis* fossiles du site offre plusieurs indications majeures. Elle révèle tout d'abord une stabilité morphologique des dentaires sur toute la séquence stratigraphique du site. Nous avons également pu constater que l'*Anolis* fossile était morphologiquement plus proche de l'*Anolis* actuel de l'île (*Anolis ferreus*) que des autres espèces de l'archipel. Enfin, a été mise en évidence l'existence d'un dimorphisme sexuel particulièrement marqué. La comparaison de ces résultats avec les estimations de taille de la longueur museau-cloaque obtenues sur les mêmes ossements nous permettent d'émettre l'hypothèse qu'il n'existe qu'une seule espèce d'*Anolis* dans le registre fossile du site et qu'elle est identique à celle peuplant actuellement l'île. Ces résultats sont en contradiction avec le modèle du *taxon*

cycle qui semble régir la taille des *Anolis* insulaires dans les Petites-Antilles et qui prédisait l'existence passée d'un second taxon sur l'île. Notre travail met donc en lumière le possible rôle d'une compétition intra-spécifique permettant d'expliquer le fort-dimorphisme et la taille importante d'*Anolis ferreus*.

Morphological variability and convergence in the skull of *Varanus*: a geometric morphometric assessment.

*Enault S.*¹, *Claude J.*¹

1-Institut des Sciences de l'Évolution de Montpellier (ISE-M, UMR 5554, CNRS, UM2), c.c. 064, Université Montpellier 2, place Eugène Bataillon, F-34095 Montpellier Cedex 05, France ; (sebastien.enault@univ-montp2.fr)

Le crâne est une structure anatomique complexe associée à de nombreuses fonctions pouvant varier d'un milieu à l'autre. Il est particulièrement impliqué dans la prise alimentaire et la perception de l'environnement et il existe chez la plupart des vertébrés une relation entre la morphologie du crâne et le mode de vie. Les varans (Squamata, Varanidae), sont un groupe de squamates bien diversifiés ayant une large répartition géographique. L'évolution itérative de différentes spécialisations écologiques, notamment avec des modes de vie semi-aquatiques et arboricoles, et ce dans plusieurs clades distincts en font un modèle idéal pour évaluer la part de convergence associée au mode de vie. La variation morphologique liée à cette convergence, ainsi qu'à des contraintes phylogénétiques est étudiée et quantifiée par géométrie morphométrique en adoptant une approche procrustes. Une série de points homologues (landmarks) ont été établis pour la face dorsolatérale et la face ventrale du crâne, et appliqués à un large échantillonnage, représentant la moitié de la diversité spécifique actuelle des varans. L'écologie et la phylogénie apparaissent toutes deux comme sources significatives de variation morphologique, dont les modalités sont décrites par géométrie morphométrique.

Documenter l'histoire de la viticulture à travers des approches bio-archéologiques : l'apport de l'éco-anatomie quantitative.

Limier B.^{1,2}, Ivorra S.¹, Bouby L.¹, Figueiral I.^{1,3}, Chabal L.¹, Brémond L.^{1,4}, Terral J.-F.^{1,5}

1-Centre de Bio-Archéologie et d'Ecologie, UMR 5059 CNRS/UM2/EPHE, 163 rue Auguste Broussonet, 34090 Montpellier, France ; (bertrand.limier@univ-montp2.fr)

2-Institut National de la Recherche Agronomique, 2 place P. Viala, 34060 Montpellier, France ; (limier@supagro.inra.fr)

3-Inrap, DIR Méditerranée, Km Delta, 30000 Nîmes, France

4-Ecole Pratique des Hautes Etudes, 4-14 rue Ferrus, 75014 Paris, France.

5-Université Montpellier 2, place Eugène Bataillon, 34095 Montpellier, France.

Sur la base de la méthode de l'éco-anatomie quantitative appliquée au bois de vigne (*Vitis vinifera* L.), cette communication propose d'illustrer l'intérêt d'exploiter les capacités d'enregistrement des conditions écologiques du bois afin de documenter l'histoire de la viticulture.

Les fonctions premières du bois sont d'assurer le support mécanique, la conduction de la sève brute, et la constitution des réserves chez les plantes ligneuses. Les caractéristiques anatomiques du bois révèlent également l'appartenance de la plante à un groupe systématique, une famille, un genre, voire même une espèce. Par ailleurs, selon leur(s) rôle(s) et leur(s) fonction(s), les éléments constitutifs du bois sont influencés lors de leur mise en place par tous les événements qui interviennent et modulent la croissance et le développement de la plante. Parmi les facteurs qui expriment la plasticité du bois, manifestation de la dépendance du fonctionnement cambial vis-à-vis de facteurs écologiques abiotiques ou biotiques, le climat et les activités humaines sont prépondérants.

Aussi nous avons effectué l'analyse de la plasticité éco-anatomique du bois de vigne sur une collection d'échantillons modernes carbonisés, au regard du statut des individus (sauvage-cépage), des conditions environnementales du milieu de croissance (en conditions naturelles ou en culture), et d'autres paramètres liés notamment à l'âge du rameau. La mise en évidence de traits distinctifs semble autoriser une application de la méthode sur du matériel bio-archéologique (anthracologique) permettant de révéler le statut des bois et donc contribuer à cerner les origines, les développements, et l'histoire biogéographique de la viticulture.

ShapeQTL: mapping multiple loci for multi-dimensional trait in R.

Navarro N.¹

1-Laboratoire PALEVO, Ecole Pratique des Hautes Etudes and UMR uB/CNRS 6282 – Biogéosciences, Dijon, France ; (nicolas.navarro@u-bourgogne.fr)

Geometric morphometrics provides very peculiar high dimensional data. The nature of shape data makes compulsory the use of multivariate approaches: (i) reducing ourselves to the analysis of only one composite trait is not fully satisfactory because nothing ensures that the genetic variation is the main player and that accordingly structures adequately the shape space; (ii) the stack of results from univariate mapping of each coordinates misses proper multivariate testing whereas this test will be generally more powerful than the univariate ones. This increase in power is not the sole interest of using multivariate mapping, high dimensional traits have also some interesting feature against long range smoothing due to the high linkage found in inbred crosses because the q-dimensional effect will quickly move away as probabilities of the QTL genotypes change, property that should add power to identify linked QTLs.

I present an R implementation of Haley-Knott regression that handle reduced-rank data and can be apply to shape data as well as other multivariate traits. The program is built on the R/qlt implementation and extends its stepwise model search based penalized LOD scores to multidimensional traits.

Morphological shape differences among four species of the genus *Platynus* Bonelli, 1810 (Coleoptera, Carabidae).

*Roggero A.*¹, *Giachino P.M.*², *Allegro G.*³, *Palestrini C.*⁴

1-University of Torino, Dpt. Life Sciences and Systems Biology,, Via Accademia Albertina 13, Torino, Italy; (angela.roggero@unito.it)

2-Regione Piemonte, Settore Fitosanitario Regionale, Environment Park, Palazzina A2, via Livorno 60, 10144 Torino, Italy; (piermauro.giachino@regione.piemonte.it)

3-CRA/PLF Unità di Ricerca per le Produzioni Legnose Fuori Foresta, Strada Frassineto 35, I-15033 Casale Monferrato (AL), Italy; (gianni.allegro@entecra.it)

4-University of Torino, Dpt. Life Sciences and Systems Biology, Via Accademia Albertina 13, Torino, Italy; (claudia.palestrini@unito.it)

In Western Alps the ground beetle genus *Platynus* Bonelli, 1810 is represented by four endemic species: *Platynus complanatus* Dejean, 1828 widespread in Cozie, Graie and Pennine Alps; *P. depressus* Dejean & Boisduval, 1830 distributed in Graie, Pennine and Lepontines Alps, and Lombard Prealps; *P. peirolerii* (Bassi, 1854) known from Maritime Alps; *P. sexualis* Daniel & Daniel, 1898 recorded from Maritime and Cozie Alps. The traditional morphological analysis i.e., the observation of the exoskeletal structures, commonly applied to taxonomic identification of the Palaearctic carabids, has had little use in the genus *Platynus*, and has often given discordant results. Furthermore, also the male genitalia, although widely and effectively employed as identification tool at specific level in Coleoptera, are almost useless in these species which share an extremely high evenness of traits. Aim of our research is to evaluate the *Platynus* morpho-biodiversity by using the geometric morphometrics methods, that can account also for small differences in shape variation. The relative degree of morphological divergence in the four alpine species was quantified applying a semilandmark-based approach to pronotum, right elytron, and median lobe of aedeagus. A hierarchical design was adopted to examine evolutionary patterns at various taxonomic level to discriminate among species, and among populations within each species. Different levels of geographic isolation were thus analyzed, with particular care to steno-endemic populations characterized by short-range distribution, showing thus a high conservation value.

Liste des participants

Adriaensen Hans

Plateforme CIRE
INRA
Tours - France
hans.adriaensen@tours.inra.fr

Agret Sylvie

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
sylvie.agret@univ-montp2.fr

Alibert Paul

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
paul.alibert@u-bourgogne.fr

Allibert Agathe

LBBE UMR5558
CNRS/Université de Lyon 1/INRIA/Hospices
Civils de Lyon
Lyon - France
agathe.allibert@gmx.fr

Bauer Alexandre

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
abauer@u-bourgogne.fr

Belhaoues Fabien

Archéologie des sociétés méditerranéennes
UMR5140
Université de Montpellier 3/CNRS/Ministère de
la Culture/INRAP
Montpellier - France
fabien.belhaoues@gmail.com

Benitez Hugo A.

Faculty of Life Sciences
University of Manchester
Manchester - UK
hugo.benitez@postgrad.manchester.ac.uk

Bernardi Margot

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
margot.brdi@live.fr

Bochaton Corentin

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
corenboch@gmail.com

Boivin Simon

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
simon.f.p.boivin@gmail.com

Bonhomme Vincent

School of Mathematics and Statistics
University of Sheffield
Sheffield - UK
V.Bonhomme@sheffield.ac.uk

Bravi Raffaella

Department of Science
Roma Tre University
Roma - Italy
raffaella.bravi@uniroma3.it

Chenuil Anne

IMBE UMR7263
CNRS/Université Aix-Marseille/Université
d'Avignon/IRD
Marseille - France
anne.chenuil@imbe.fr

Chôné Thérèse

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
therese.chone@wanadoo.fr

Claude Julien

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
julien.claude@univ-montp2.fr

Claverie Thomas

CUFR
Université de Mayotte
ECOSYM UMR5119
CNRS/Université de Montpellier 1-2/IRD
Dembeni - France
thomas.claverie@univ-mayotte.fr

Cornette Raphaël

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
cornette@mnhn.fr

Corny Julien

ADES UMR7268
CNRS/Université Aix-Marseille/EFS Alpes
Méditerranée/Ministère de la Culture
Marseille - France
julien.corny@univ-amu.fr

Couette Sébastien

Paléobiodiversité et Evolution
EPHE
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
sebastien.couette@u-bourgogne.fr

Crônier Catherine

Géosystèmes UMR8217
CNRS/Université Lille 1/Université de Picardie
Jules Verne
Lille - France
catherine.cronier@univ-lille1.fr

Cucchi Thomas

AASPE UMR7209
CNRS/MNHN/INRAP
Paris - France
cucchi@mnhn.fr

David Bruno

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
bruno.david@u-bourgogne.fr

Debat Vincent

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
debat@mnhn.fr

Debiais-Thibaud Mélanie

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
mdebais@univ-montp2.fr

Denys Christiane

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
denys@mnhn.fr

Dollion Alexis

MECADEV UMR7179
CNRS/MNHN
Paris - France
dollion.alexis.14340@gmail.com

Dufour Anne-Béatrice

LBBE UMR5558
CNRS/Université de Lyon 1/INRIA/Hospices
Civils de Lyon
Lyon - France
anne-beatrice.dufour@univ-lyon1.fr

Eble Gunther

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
gunther.eble@u-bourgogne.fr

Enault Sébastien

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
sebastien.enault@univ-montp2.fr

Fraimout Antoine

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
fraimout.antoine@gmail.com

Gabillot Maréva

ARTEHIS UMR6298
CNRS/Université de Bourgogne/Ministère de la
Culture/INRAP
Dijon - France
mareva.gabillot@u-bourgogne.fr

Gadreaud Justine

IMBE UMR7263
CNRS/Université Aix-Marseille/Université
d'Avignon/IRD
CEREGE UMR7330
CNRS/Université Aix-Marseille/IRD/Collège de
France
Marseille - France
justine.gadreaud@gmail.com

Gerber Sylvain

Department of Earth Sciences
University of Cambridge
Cambridge - UK
srg49@cam.ac.uk

Gibert Corentin

LGLTPE UMR5276
CNRS/Université de Lyon 1/ENS Lyon
Lyon - France
corentingibert@gmail.com

Gidaszewski Nelly
ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
gidaszewski@mnhn.fr

Girard Catherine
ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
catherine.girard@univ-montp2.fr

Girault Igor
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France

Hallgrímsson Benedikt
Department of Cell Biology & Anatomy
University of Calgary
Calgary - Canada
bhallgri@ucalgary.ca

Hardy Clotilde
EBI UMR7267
CNRS/Université de Poitiers
Poitiers - France
clotilde.hardy@univ-poitiers.fr

Herrel Anthony
MECADEV UMR7179
CNRS/MNHN
Paris - France
anthony.herrel@mnhn.fr

Ivorra Sarah
CBAE UMR5059
CNRS/Université de Montpellier
2/EPHE/INRAP
Montpellier - France
ivorra@univ-montp2.fr

Joron Mathieu
ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
loron@mnhn.fr

Klingenberg Chris
Faculty of Life Sciences
University of Manchester
Manchester - UK
cpk@manchester.ac.uk

Labonne Gaëlle
Paléobiodiversité et Evolution
EPHE
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
gaelle.labonne@u-bourgogne.fr

Laffont Rémi
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
remi.laffont@u-bourgogne.fr

Lecompte François
Plateforme CIRE
INRA
Tours - France
francois.lecompte@tours.inra.fr

Ledevin Ronan
LBBE UMR5558
CNRS/Université de Lyon 1/INRIA/Hospices
Civils de Lyon
Lyon - France
ronan.ledevin@univ-lyon1.fr

Limier Bertrand
CBAE UMR5059
CNRS/Université de Montpellier
2/EPHE/INRAP
Montpellier - France
bertrand.limier@univ-montp2.fr

Lippens Cédric
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
lippens.cedric@gmail.com

Londe Sylvain
Ecologie & Evolution UMR7625
Université Pierre & Marie Curie/ENS
Paris - France
sylvain.londe@live.fr

Marchand Annie
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
annie.marchand@u-bourgogne.fr

Martin-Garin Bertrand
CEREGE UMR7330
CNRS/Université Aix-Marseille/IRD/Collège de
France
Marseille - France
martin-garin@cerège.fr

Mérot Claire

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
merot@mnhn.fr

Mille Tiphaine

Laboratoire Ressources Halieutiques
IFREMER
Boulogne sur Mer - France
tiphaine.mille@ifremer.fr

Molet Mathieu

Ecologie & Evolution UMR7625
Université Pierre & Marie Curie/ENS
Paris - France
mathieu.molet@upmc.fr

Monna Fabrice

ARTeHIS UMR6298
CNRS/Université de Bourgogne/Ministère de la
Culture/INRAP
Dijon - France
fabrice.monna@u-bourgogne.fr

Montuire Sophie

Paléobiodiversité et Evolution
EPHE
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
sophie.montuire@u-bourgogne.fr

Navarro Nicolas

Paléobiodiversité et Evolution
EPHE
Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
nicolas.navarro@u-bourgogne.fr

Neige Pascal

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
pascal.neige@u-bourgogne.fr

Palestrini Claudia

Department of Life Sciences and Systems
Biology
University of Turin
Turin - Italy
claudia.palestrini@unito.it

Peluffo Alexandre

Institut Jacques Monod UMR7592
CNRS/Université Paris Diderot/INSERM
Paris - France
peluffo@ijm.univ-paris-diderot.fr

Pinard Jean-Daniel

Laboratoire de Paléontologie
MNHN/Fondation faune-flore
Luxembourg - Luxembourg
jdpinard@mnhn.lu

Püschel Thomas

Faculty of Life Sciences
University of Manchester
Manchester - UK
thomas.puschel@postgrad.manchester.ac.uk

Puymerail Laurent

AASPE UMR7209
CNRS/MNHN/INRAP
Paris - France
puymerail@mnhn.fr

Renaud Sabrina

LBBE UMR5558
CNRS/Université de Lyon 1/INRIA/Hospices
Civils de Lyon
Lyon - France
sabrina.renaud@univ-lyon1.fr

Réveillon Florian

Conservation des Musées de Sens
CEREP
Sens - France
florian.reveillon@sfr.fr

Roggero Angela

Department of Life Sciences and Systems
Biology
University of Turin
Turin - Italy
angela.roggero@unito.it

Saucède Thomas

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
thomas.saucede@u-bourgogne.fr

Siahsarvie Roohollah

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
roohollah.siahsarvie@univ-montp2.fr

Steimetz Emilie

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
emilie.steimetz@u-bourgogne.fr

Stoetzel Emmanuelle

ISYEB UMR7205
CNRS/MNHN/Université Pierre & Marie
Curie/EPHE/IRD
Paris - France
stoetzel@mnhn.fr

Terral Jean-Frédéric

CBAE UMR5059
CNRS/Université de Montpellier
2/EPHE/INRAP
Montpellier - France
terral@univ-montp2.fr

Thiébaud Mélanie

Herbiers de l'Université Claude Bernard
Université de Lyon 1
Lyon - France
melanie.thiebaut@univ-lyon1.fr

Tougard Christelle

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
christelle.tougard@univ-montp2.fr

Travers William

ISEM UMR5554
CNRS/Université de Montpellier 2/IRD
Montpellier - France
william.travers.13@gmail.com

Vandenbussche Pierre

ECOMERS
Université de Nice Sophia Antipolis
Nice - France
pierre.vandenbussche@unice.fr

Vidal-Garcia Marta

Research School of Biology
The Australian National University
Canberra - Australia
marta.vidalgarcia@anu.edu.au

Vignon Matthias

UFR Sciences & Techniques de la Côte
Basque
Université de Pau
Anglet - France
matthias.vignon@univ-pau.fr

Wilczek Josef

ARTeHIS UMR6298
CNRS/Université de Bourgogne/Ministère de la
Culture/INRAP
Dijon - France
josef.wilczek@hotmail.com

Zacai Axelle

Biogéosciences UMR6282
CNRS/Université de Bourgogne
Dijon - France
axelle.zacai@u-bourgogne.fr

Accès au SMEF

Lieu : bâtiment Gabriel - Université de Bourgogne : point n°8 et carré rouge sur la carte (cf. page suivante).

Par la route :

- de Paris par l'A6
- de Lyon par l'A6 et l'A31
- de Lille/Belgique par l'A26 et l'A5
- de Metz-Luxembourg par l'A31
- de Strasbourg/Allemagne par l'A36
- de Genève par l'A40 et l'A39

Accès au campus de Dijon par la rocade Est, direction Dijon centre puis Université.

Entrée sur le campus en voiture & parking visiteurs : se référer à la carte (flèches noires et symboles de parkings non réservés).

Attention : les entrées Gabriel 1 et 2 ne débouchent pas sur des parkings visiteurs !

Par le train :

Arrivée en gare de Dijon-Ville : prendre le tramway T1 (station sur le parvis de la gare) direction « Quetigny ».

Descendre à l'arrêt « Erasme » (point rouge sur la carte dans le carré B3).

Compter environ 20 minutes de trajet (cf. le site www.divia.fr pour consulter les horaires).



- UNIVERSITÉS, ÉCOLES, SALLES D'ENSEIGNEMENT**
- A1 UFR Médecine et Pharmacie
 - A2 UFR Médecine et Pharmacie
 - A3 UFR Médecine et Pharmacie
 - B1 UFR Médecine et Pharmacie
 - B2 UFR Médecine et Pharmacie
 - B3 UFR Médecine et Pharmacie
 - B4 UFR Médecine et Pharmacie
 - B5 UFR Médecine et Pharmacie
 - B6 UFR Médecine et Pharmacie
 - B7 UFR Médecine et Pharmacie
 - B8 UFR Médecine et Pharmacie
 - B9 UFR Médecine et Pharmacie
 - B10 UFR Médecine et Pharmacie
 - B11 UFR Médecine et Pharmacie
 - B12 UFR Médecine et Pharmacie
 - B13 UFR Médecine et Pharmacie
 - B14 UFR Médecine et Pharmacie
 - B15 UFR Médecine et Pharmacie
 - B16 UFR Médecine et Pharmacie
 - B17 UFR Médecine et Pharmacie
 - B18 UFR Médecine et Pharmacie
 - B19 UFR Médecine et Pharmacie
 - B20 UFR Médecine et Pharmacie
 - B21 UFR Médecine et Pharmacie
 - B22 UFR Médecine et Pharmacie
 - B23 UFR Médecine et Pharmacie
 - B24 UFR Médecine et Pharmacie
 - B25 UFR Médecine et Pharmacie
 - B26 UFR Médecine et Pharmacie
 - B27 UFR Médecine et Pharmacie
 - B28 UFR Médecine et Pharmacie
 - B29 UFR Médecine et Pharmacie
 - B30 UFR Médecine et Pharmacie
 - B31 UFR Médecine et Pharmacie
 - B32 UFR Médecine et Pharmacie
 - B33 UFR Médecine et Pharmacie
 - B34 UFR Médecine et Pharmacie
 - B35 UFR Médecine et Pharmacie
 - B36 UFR Médecine et Pharmacie
 - B37 UFR Médecine et Pharmacie
 - B38 UFR Médecine et Pharmacie
 - B39 UFR Médecine et Pharmacie
 - B40 UFR Médecine et Pharmacie
 - B41 UFR Médecine et Pharmacie
 - B42 UFR Médecine et Pharmacie
 - B43 UFR Médecine et Pharmacie
 - B44 UFR Médecine et Pharmacie
 - B45 UFR Médecine et Pharmacie
 - B46 UFR Médecine et Pharmacie
 - B47 UFR Médecine et Pharmacie
 - B48 UFR Médecine et Pharmacie
 - B49 UFR Médecine et Pharmacie
 - B50 UFR Médecine et Pharmacie

- LEGÈNDE**
- P Parkings
 - Entrée Campus
 - Dispositif Bascatoire
 - Arrêt de bus - tramway
 - Routes privées
 - Routes publiques
 - Lignes de bus (Ligne 5) + Plaine Lumo
 - Lignes de bus (Corol)
 - Bâtiments Universitaires
 - Bâtiments Campus
 - Résidences Universitaires
 - Restaurants Universitaires
 - Cafétéria
- CULTURE ET SPORT**
- 1 Théâtre Molière / service culturel (CROUS)
 - 2 Bibliothèque universitaire
 - 3 Bibliothèque universitaire
 - 4 Bibliothèque universitaire
 - 5 Bibliothèque universitaire
 - 6 Bibliothèque universitaire
 - 7 Bibliothèque universitaire
 - 8 Bibliothèque universitaire
 - 9 Bibliothèque universitaire
 - 10 Bibliothèque universitaire
 - 11 Bibliothèque universitaire
 - 12 Bibliothèque universitaire
 - 13 Bibliothèque universitaire
 - 14 Bibliothèque universitaire
 - 15 Bibliothèque universitaire
 - 16 Bibliothèque universitaire
 - 17 Bibliothèque universitaire
 - 18 Bibliothèque universitaire
 - 19 Bibliothèque universitaire
 - 20 Bibliothèque universitaire
 - 21 Bibliothèque universitaire
 - 22 Bibliothèque universitaire
 - 23 Bibliothèque universitaire
 - 24 Bibliothèque universitaire
 - 25 Bibliothèque universitaire
 - 26 Bibliothèque universitaire
 - 27 Bibliothèque universitaire
 - 28 Bibliothèque universitaire
 - 29 Bibliothèque universitaire
 - 30 Bibliothèque universitaire
 - 31 Bibliothèque universitaire
 - 32 Bibliothèque universitaire
 - 33 Bibliothèque universitaire
 - 34 Bibliothèque universitaire
 - 35 Bibliothèque universitaire
 - 36 Bibliothèque universitaire
 - 37 Bibliothèque universitaire
 - 38 Bibliothèque universitaire
 - 39 Bibliothèque universitaire
 - 40 Bibliothèque universitaire
 - 41 Bibliothèque universitaire
 - 42 Bibliothèque universitaire
 - 43 Bibliothèque universitaire
 - 44 Bibliothèque universitaire
 - 45 Bibliothèque universitaire
 - 46 Bibliothèque universitaire
 - 47 Bibliothèque universitaire
 - 48 Bibliothèque universitaire
 - 49 Bibliothèque universitaire
 - 50 Bibliothèque universitaire