

Revue archéologique d'Île-de-France



Éditeur

Association des amis de
la Revue archéologique d'Île-de-France

Présidente

M.-F. GLEIZES, ex ingénieur de recherche au Sra Île-de-France

Vice-président

F. GIROT, prospecteur bénévole Île-de-France

Secrétaire

O. PUAUX, Drac/Sra Île-de-France

Trésorier

J. PRIN

Siège social

c/o M.-F. GLEIZES, 3 rue des Deux Gares, 75 010 Paris

Directeur de la publication

D. MORDANT, conservateur en chef honoraire du Patrimoine

Comité de rédaction (membres permanents)

S. BEAUVAIS, Cnrs, Umr 5060 - IRAMAT

B. CLAVEL, Cnrs, Umr 7209

D. COXALL, Ville de Paris, DHAAP

L. HACHEM, Inrap CIF/Umr 8215 - Trajectoires

A. LEFÈVRE, Inrap CIF/Umr 6273 - CRAHAM

A. LEFEUVRE, Service départemental d'archéologie du Val d'Oise,
Umr 7041 - ArScAn

M. OLIVE, Cnrs, Umr 7041 - ArScAn

R. PEAKE, Inrap CIF/Umr 6298 - ARTeHIS

Comité de lecture (pour ce numéro)

F. BLAIZOT, Cnrs, Umr 5199 - PACEA

R. CORTOPASSI, Ministère de la Culture, C2RMF

A. FROMENT, Musée de l'Homme

M. ILLETT, Université Paris 1/Umr 8215 - Trajectoires

F. LEBLANC, Ministère de la Culture, C2RMF

R. LEGOUX

C. LEROYER, Université Rennes 1/Umr 6566 - CREAAH

M. MARTIN, Université de Provence/Cnrs, Umr 6125

S. MOUNY, UPJV Amiens, Laboratoire TRAME

P. PERIN, Musée d'Archéologie nationale

F. RAVOIRE, Inrap CIF/Umr 6273 - CRAHAM

F. VALENTIN, Umr 7041 - ArScAn

Secrétariat de rédaction (pour ce numéro)

C. BESSON, Drac/Sra Île-de-France/Umr 7041 - ArScAn

D. CHAOUÏ-DERIEUX, Drac/Sra Île-de-France/Umr 7041 - ArScAn

R. COTTIAUX, Inrap CIF/Umr 8215 - Trajectoires

S. HURARD, Inrap CIF/Umr 7041 - ArScAn

S. MORAWSKI-BEUGNON, Drac/Sra Île-de-France

B. POIRIER, Service Archéologie du Val-de-Marne

O. PUAUX, Drac/Sra Île-de-France

Traduction des résumés (anglais et allemand)

D. COXALL, Ville de Paris, DHAAP

R. PEAKE, Inrap CIF

J. WIETHOLD, Inrap Grand Est Nord

Mise en page, maquette et charte graphique

F. TESSIER

Logo

N. SAULIÈRE, Inrap CIF

Imprimerie

France Quercy SAS

ZA Les Grands Camps

46090 Mercues

La RAIF publie des travaux en langue française, sur le champ chronologique allant de la Préhistoire à l'époque contemporaine et portant sur la région Île-de-France.

Les manuscrits sont soumis au comité de rédaction puis, s'ils sont acceptés, transmis à un ou plusieurs lecteurs. Des corrections peuvent être demandées aux auteurs.

Toute correspondance est à adresser à :

revueidf@hotmail.fr

Illustrations en 1^{re} de couverture

Meaux (Seine-et-Marne), « Liaison-Nord-Hôpital »

Ampullina parisiensis [© C. Valéro, Inrap]

Pot tripodes champenois produits à Épernay

Collection particulière [© F. Renel]

Paris (75 003), « cimetière du Temple »

cuves maçonnées des XIII^e-XIV^e siècles

[© I. Caillot, G. André, É. Vermuth, Éveha]

Publié avec le concours financier de la Drac Île-de-France, de l'Institut national de recherches archéologiques préventives et du Conseil départemental du Val-de-Marne.

Ce numéro a été édité à 350 exemplaires.

NUMÉRO ISSN : 2101 - 3608

MORPHOLOGIE CRÂNIENNE EN ÎLE-DE-FRANCE À L'ÉPOQUE MÉROVINGIENNE

Résumé

Récemment fouillées, les nécropoles de Bondy et de Noisy-le-Grand (Seine-Saint-Denis) constituent un important corpus ostéologique de 1500 sépultures allant de l'Antiquité jusqu'au haut Moyen Âge. À la croisée entre archéologie, anthropométrie et biologie moléculaire, cette étude utilise les données collectées sur plus de 419 têtes osseuses disponibles, pour expliquer un changement de morphologie, d'un aspect dolichocrâne à brachycrâne. Les résultats montrent une différence significative entre les sujets des périodes gallo-romaine, mérovingienne et carolingienne et tendent à confirmer l'hypothèse d'une progression naturelle du caractère brachycrâne. Cette étude est issue du Programme collectif de recherches Archéologie des nécropoles mérovingiennes en Île-de-France.

Mots-clés

Antiquité, époque mérovingienne, époque carolingienne, Île-de-France, Seine-Saint-Denis, archéo-anthropologie, nécropole.

Abstract

The recently excavated cemeteries at Bondy and Noisy-le-Grand have furnished a significant osteoarchaeological corpus from 1500 burials covering the late Roman to early medieval periods. The present survey examines more than 419 skulls and combines archaeology, anthropometry and molecular biology to explain morphological change from a dolichocranial to a brachycranial skull-profile. Results show a significant difference between Roman-period, Merovingian and Carolingian cranial morphologies and tend to confirm the hypothesis of a natural progression of the brachycranial characteristic. This study is part of the collective research programme concerning the archaeology of Merovingian cemeteries in the Ile-de-France.

Keywords

Roman period, Merovingian period, Carolingian period, Ile-de-France, Seine-Saint-Denis, anthropological archaeology, cemetery.

Zusammenfassung

Die jüngst ausgegrabenen Gräberfelder von Bondy und Noisy-le-Grand im Department Seine-Saint-Denis (Île-de-France, Frankreich) haben es gestattet, an rund 1500 Körpergräbern einen umfangreichen osteologischen Datenbestand zu erheben, der einem Zeitraum von römischer Zeit bis zum Frühmittelalter zuzuweisen ist. Diese im Überschneidungsgebiet von Archäologie, Schädelvermessung und Molekularbiologie angesiedelte Studie, die auf den an mehr als 419 Schädeln erhobenen Daten beruht, versucht eine Veränderung der Schädelmorphologie vom doliokränen Typ hin zur brachykränen Ausbildung zu erklären. Die Ergebnisse zeigen einen deutlichen Unterschied zwischen den Schädelmorphologien der gallo-römischen, merowingischen und der karolingischen Periode. Sie scheinen die Hypothese einer natürlichen Weiterentwicklung der Schädelmorphologie hin zum brachykränen Typ zu unterstützen. Die hier präsentierten Untersuchungen wurde im Rahmen des Forschungsprojektes (Projet Collectif de recherches [PCR]) „Die Archäologie merowingischer Gräberfelder in der Region Île-de-France“ durchgeführt.

Stichwörter

Römische Zeit, Merowingerzeit, Karolingerzeit, Île-de-France, Seine-Saint-Denis, Archäo-Anthropologie, Gräberfeld.



La prise de mesures sur le squelette crânien et postcrânien est un travail que peu d'anthropologues ont réalisé depuis les années 1960 : absence de problématique, manque de temps pour les opérations d'archéologie préventive, trop peu de formations... Cependant, depuis quelques années, l'étude de la morphologie des sujets archéologiques réapparaît dans les publications. Cela est semble-t-il lié au renouveau des études anthropologiques. Les principaux sujets comme la taphonomie, la démographie ou la pathologie ont été traités et débattus dans les années 1990 et 2000. Au-delà de ces études, classiques aujourd'hui, d'autres approches ont été menées comme la parasitologie ou bien justement l'étude des données métriques. Ces études permettent entre autres de suivre l'évolution de la population à travers les périodes dans le but de caractériser chacune d'entre elles et de repérer les individus qui ne présentent pas les mêmes caractéristiques que d'autres. Cette approche peut ainsi mettre en lumière les mouvements migratoires de certaines populations. Les prises de mesures permettent également de distinguer les sujets atteints de lésions, de malformations ou de traumatismes. La démarche présentée ici traite de la modification de la morphologie crânienne des populations antique et alto-médiévale en Île-de-France et des causes possibles de ce changement. Cette problématique a été traitée par le biais de l'archéo-anthropologie, de la méthode statistique et de la biologie moléculaire. Cette démarche peut certes poser quelques problèmes d'éthique par le risque de la « classification selon les données métriques » des sujets. Il faut simplement y voir une tentative d'explication des changements morphologiques observés chez plusieurs populations archéologiques.

DONNÉES GÉNÉRALES

Le cadre du Projet Collectif de recherches (PCR) « Archéologie des nécropoles mérovingiennes en Île-de-France » convient parfaitement à cette problématique (LE FORESTIER 2014 ; 2015). En effet, le recensement à ce jour de 478 sites de la fin de l'époque gallo-romaine à l'époque carolingienne permet de disposer de nombreuses collections ostéologiques (LE FORESTIER 2016). Pour rappel, les différentes formes se distinguent par la valeur de l'indice crânien (ICR), ou céphalique, qui leur est associé. Ainsi, on attribuera la forme dolichocrâne aux crânes dont l'indice se situe entre 70,0 et 74,9, la forme mésocrâne pour les valeurs comprises entre 75,0 et 79,9, et enfin la forme brachycrâne pour les valeurs comprises entre 80,0 et 84,9 (OLIVIER, DEMOULIN 1976, p. 15-40). Plusieurs collègues ont observé que certains sujets mérovingiens étaient plutôt dolichocrânes (crânes allongés), et la population carolingienne plutôt brachycrâne (crânes arrondis). Les résultats des études métriques attestent bien une modification morphologique de la population entre le ^v^e et les ^{ix}^e-^x^e siècles. Les *calvaria* présentent un aspect dolichocrâne-mésocrâne (crâne de forme intermédiaire) pendant l'Antiquité tardive et plutôt mésocrâne-brachycrâne à l'époque carolingienne. Cette différence morphologique n'a pas encore été démontrée sur un territoire important ni suivie chronologiquement, peut-être à cause de l'absence de collections conséquentes. Plusieurs écrits existent cependant pour des sites anciennement fouillés comme Villiers-le-Sec dans le Val d'Oise ou Créteil dans le Val-de-Marne. Des sites récents comme Bondy ou Noisy-le-Grand en Seine-Saint-Denis sont tout à fait exploitables statistiquement puisqu'ils bénéficient d'un nombre important de sépultures (1 500 individus au total). Reste désormais à accéder aux collections plus anciennes dans le but d'effectuer des mesures sur un plus grand ensemble.

Seul le bloc craniofacial a été retenu pour cette étude. Bien que les mesures sur le squelette post-crânien soient disponibles, il nous a semblé plus prudent de ne traiter à ce jour qu'une première masse de données pour valider nos hypothèses. Dans un prochain travail, il est évident que la totalité des mesures crânienne et post-crânienne seront prises en compte afin de discuter de la causalité physiologique des tendances. Comme, par exemple, la longueur du crâne qui entretient un rapport d'allométrie avec la stature.

Premières observations

Un bref aperçu a été effectué pour sonder les différences existantes sur le sujet. Aux III^e-IV^e siècles, la population brachycrâne représente 22 % à Oudenburg en Belgique (DELSAUX 1973, p. 1-51), 46 % à Strasbourg dans le Bas-Rhin (ULRICH 1949, p. 95-115) et 33 % à Saint-Hilaire-de-Riez en Vendée (BAUDOIN 1912, p. 321-346). La population de Maule dans les Yvelines se distingue par une majorité de sujets mésocrânes, quelques-uns sont cependant brachycrânes. L'indice crânien se situe entre 64,8 et 84,9 pour la population mérovingienne. Les dolichocrânes représentent 70 % et les brachycrânes 30 % (PEYRE 1979, p. 47-84). À l'inverse, l'étude de Ginette Billy (BILLY 1970, p. 243-263) sur une collection mérovingienne du cimetière de Saint-Gelais dans les Deux-Sèvres en Poitou montre une prédominance de brachycrânes (80 %) à partir de 25 individus adultes. Cet effectif est toutefois trop faible pour donner à cette forte tendance une valeur définitive. Quelques programmes de recherche ont vu le jour sur les ensembles funéraires du haut Moyen Âge. C'est le cas du groupe de travail de Seuclin, de l'équipe belge coordonnée par Laurent Verslype ou bien du PCR dirigé par Madeleine Chatelet et Hélène Barrant-Emam en Alsace. Une autre étude menée par Luc Buchet et Isabelle Seguy est en cours sur des variations démographiques en Normandie à la fin de l'époque gallo-romaine. Ces travaux présentent l'intérêt d'être localisés dans la moitié nord de la France. À moyen terme, ils permettront des approches synthétiques dans plusieurs domaines et l'échange de données métriques à une échelle très pertinente.

Une période en pleine mutation

Les bouleversements autour des V^e et VI^e siècles sont nombreux : déplacements de populations, réorganisation du pouvoir politique et économique, appauvrissement des différents types de vaisselle ou changement (assez brutal) des pratiques funéraires. À la fin de l'époque gallo-romaine, le sujet est inhumé dans de grands cercueils de bois dont les parois sont clouées, et déposés à l'intérieur de fosses profondément creusées. Les défunts sont parés d'habits funéraires (tenue spécifique, linceul), les éléments de parure et les accessoires vestimentaires ne sont pas très nombreux (fibules, boucles ou chaussures). La sépulture est individuelle et les nécropoles bien agencées. À la fin du V^e siècle et au début du VI^e siècle, le traitement du défunt change radicalement, s'éloignant considérablement de celui de l'époque précédente. Les sujets vont alors être inhumés dans des sarcophages de plâtre et l'on peut observer plusieurs défunts dans un même contenant.

Les causes possibles d'un changement

Les raisons du changement morphologique peuvent être variées : endogamie, problèmes nutritionnels ou bien arrivée de populations exogènes. Certains auteurs invoquent les mouvements migratoires des IV^e-VI^e siècles pour expliquer ce changement de morphologie crânienne (BUCHET 1978, p. 5-54 ; AUBOIRE 1982, p. 57-74 ; 1988, p. 109-120 ; LE BAGOUSSE 1983, p. 169-175). L'étude sur l'évolution des formes crâniennes permet de relancer ce débat. En effet, la modification des formes osseuses pourrait être le résultat d'un métissage lent et progressif, tout comme cela a été le cas chez des populations préhistoriques. Selon les sources historiques, le nord de la Gaule aurait été traversé ou en contact avec les populations locales par les Francs, les Vandales et les Huns au Bas-Empire. Les Francs ont peuplé le nord de la Gaule principalement au V^e siècle. Ce sont les Francs saliens, peuple venu en partie de l'actuelle Allemagne du nord, qui migrent progressivement vers cette région de la Gaule.

MATÉRIEL ET MÉTHODES

Présentation du corpus : Noisy-le-Grand et Bondy (Seine-Saint-Denis)

Le choix s'est porté sur deux sites récemment fouillés dont les données sont accessibles, tant les mesures crâniennes que les estimations d'âge au décès et du sexe. Ce sont 419 sujets qui ont bénéficié d'au moins deux mesures sur la tête osseuse pour, au départ, discriminer des groupes distincts. Les sites archéologiques de Noisy-le-Grand, « les Mastraits » (LE FORESTIER 2012) et de Bondy, « Quartier de Lattre de Tassigny » (LE FORESTIER, à paraître) ont été fouillés respectivement en 2009 et entre 2004 et 2015 conjointement par l'Institut National de Recherches Archéologiques Préventives et le Bureau du Patrimoine Archéologique du Département de la Seine-Saint-Denis. La détermination du sexe des sujets a été réalisée selon la méthode de la diagnose sexuelle probabiliste (MURAIL *et alii* 2005).

Noisy-le-Grand

La fouille a été réalisée préalablement à la construction de deux immeubles d'habitations à Noisy-le-Grand sur une surface de 1 800 m² et a permis la mise en évidence de 650 sépultures à inhumation des époques mérovingienne (219 sépultures) et carolingienne (409 sépultures) et 22 non datées (**figure 1**). 315 unités stratigraphiques ont livré du matériel osseux dans les comblements (remblai et réduction). Quant au mobilier, 418 éléments ont été décomptés dans près de 200 unités stratigraphiques. Cela concerne des objets en alliage cuivreux, en fer, en verre et en os. 142 sarcophages de plâtre ont été également fouillés, dont douze décorés. Un fossé, délimitant la nécropole mérovingienne à l'ouest, abandonné à l'époque carolingienne, a été mis en évidence.

Bondy

La nécropole est ainsi attestée dès l'Antiquité. Ce sont près de 200 sépultures, en cercueil ou coffrage de bois, datées à partir du III^e siècle qui ont été découvertes et étudiées (**figure 2**). Cet ensemble est l'un des plus importants découverts en France concernant la période gallo-romaine. Les fondations d'un mausolée, ainsi que des blocs sculptés antiques réutilisés, témoignent de la présence de constructions antiques dans le secteur de Bondy. La nécropole perdure durant le Moyen Âge et s'étend au sud et à l'ouest autour de l'église. À l'époque mérovingienne (du VI^e siècle au milieu du VIII^e siècle), un fossé large de 6 m délimite l'espace funéraire dans lequel au moins 250 inhumations en sarcophages de plâtre ont déjà été étudiées. Puis ce sont près d'une centaine d'individus carolingiens (du milieu du VIII^e siècle au X^e siècle) inhumés en linceul et disposés dans une fosse à même la terre qui ont été découverts. L'utilisation de cette nécropole perdurera jusqu'au XIV^e siècle comme en témoigne la découverte exceptionnelle de plusieurs sépultures multiples comportant cinq pestiférés que l'on date de la Peste Noire de 1348-1352, les seules connues au nord de la France.

Il était tentant d'utiliser la collection importante de crânes présente dans les collections d'anthropologie biologique du Muséum national d'histoire naturelle gérée par Alain Froment et Aurélie Fort. Malheureusement, le sexe et l'âge des individus n'étaient pas connus. Il n'était donc pas envisageable d'intégrer ces données.

Ces deux sites illustrent assez bien une modification de la forme générale des *calvaria* (**figure 3**). Le cas de Noisy-le-Grand a bénéficié d'une étude ADN et d'une recherche de master II menée par Agathe Hurel. L'objectif était d'approcher les raisons du polymorphisme crânien des sujets du site des « Mastraits ». Pour valider l'hypothèse d'un changement morphologique des populations de l'époque gallo-romaine à l'époque carolingienne, il fallait tester les données par le biais de la statistique.

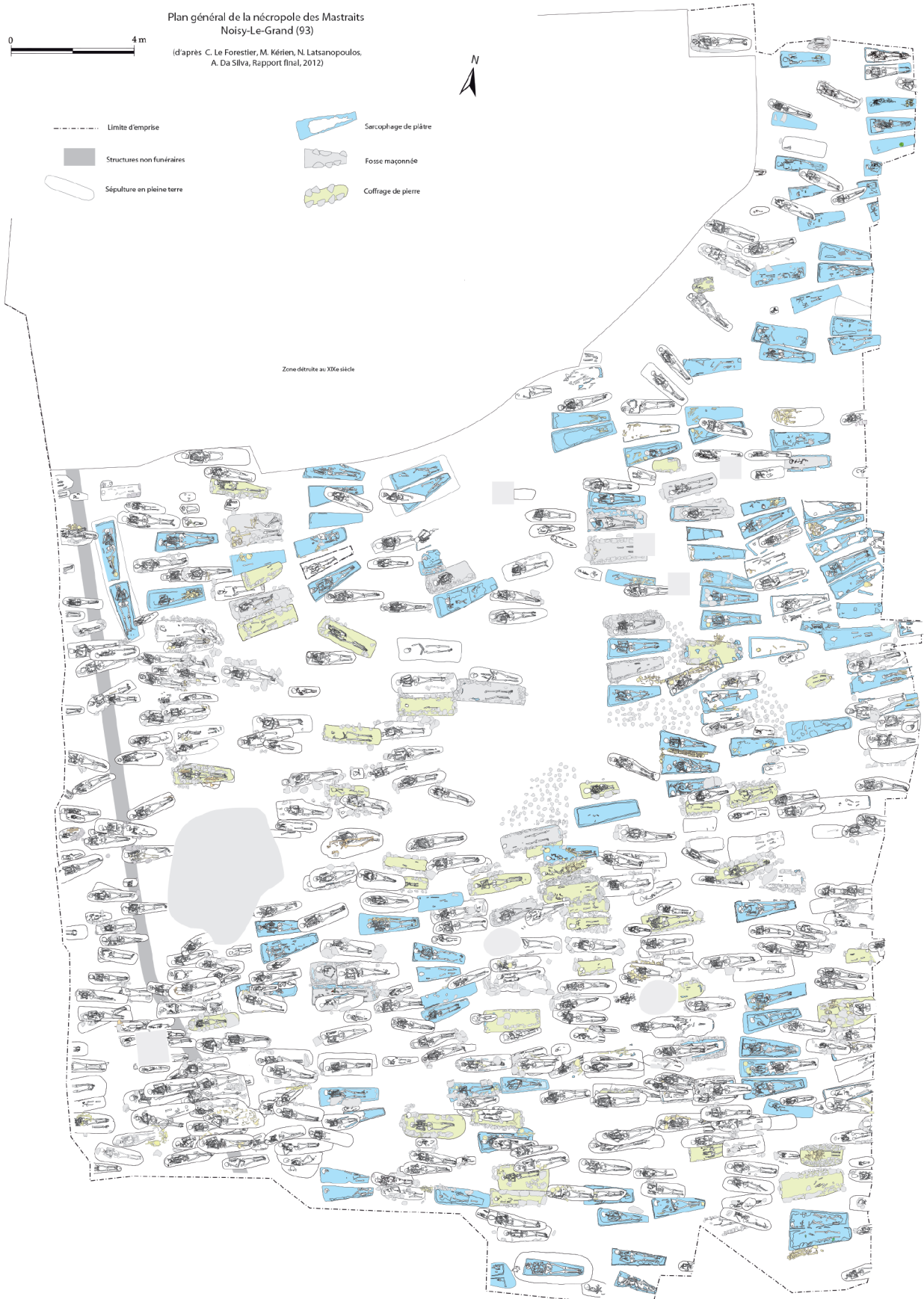


Figure 1 – Noisy-le-Grand (Seine-Saint-Denis), « Les Mastraits ». Plan du site.
[D'après LE FORESTIER 2016]



Figure 2 – Bondy (Seine-Saint-Denis), « Centre-ville ». Plan général des vestiges funéraires. [D'après LE FORESTIER 2016]

BONDY, CŒUR DE VILLE ET QUARTIER DE LATTRE DE TASSIGNY				
		Dolichocrâne	Mésocrâne	Brachycrâne
Bas Empire	Hommes	25 %	59 %	16 %
	Femmes	28 %	49 %	23 %
Mérovingien	Hommes	34 %	44 %	22 %
	Femmes	-	-	-
Carolingien	Hommes	43 %	20 %	37 %
	Femmes	7 %	21 %	72 %
NOISY-LE-GRAND, LES MASTRAITS				
Mérovingien	Hommes	22 %	50 %	28 %
Carolingien	Hommes	20 %	22 %	58 %

Figure 3 – Répartition des différents types de crânes par site.
[© C. Le Forestier]

Prises de mesure

Les *calvaria* qui auraient pu être déformés *post-mortem* ont été écartés, de même que les *calvaria* présentant des lésions. Les crânes présents dans les réductions n'ont pas été intégrés à l'exercice de synthèse. Les quatre mesures craniométriques et trois indices crâniens intégrés à l'étude statistique sont présentés ci-dessous (**figures 4-6**).

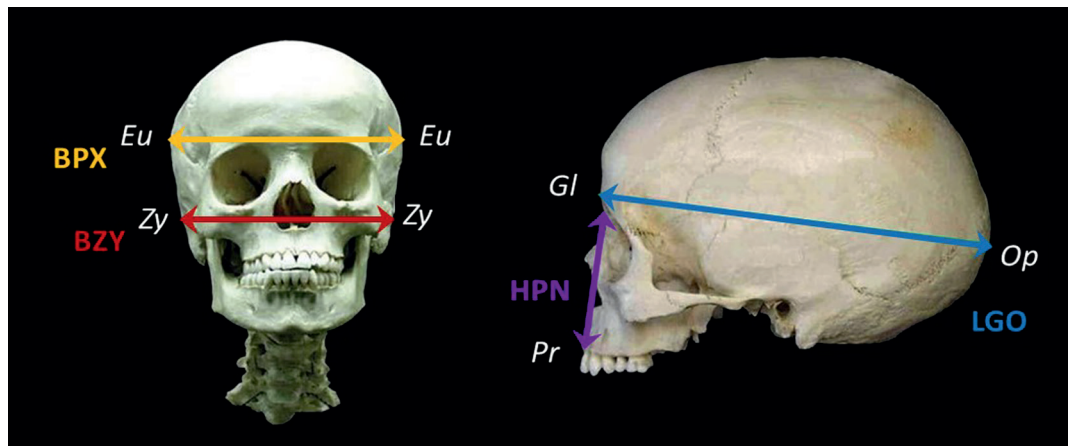


Figure 4 – Mesures craniométriques utilisées pour le calcul d'ICR, d'ICT et d'IFS.
Norma lateralis : Longueur maximale (LGO) relevée entre la Glabell (Gl) et l'Opisthocranion (Op) ; Hauteur Nasion-Prosthion (HNP). *Norma occipitalis* : Largeur bipariétale maximale (BPX) relevée à partir des Euryons (Eu) ; Largeur bitygomatique (BZY) relevée à partir des Zygions (Zy). [OLIVIER, DEMOULIN 1976 ; WHITE 2011]

CODE	MESURE	RÉFÉRENCE	MODULE		
			Face	Voûte	Base
BPX	Largeur bipariétale maximale	Martin n° 8		x	
BZY	Largeur bitygomatique	Martin n° 45	x		
HNP	Hauteur nasion-prosthion	Martin n° 48	x		
LGO	Longueur glabell-opisthocranion	Martin n° 1		x	x

Figure 5 – Description des 4 mesures craniométriques utilisées dans l'étude statistique.
[© C. Mopin]

CODE	INDICE	FORMULE (X100)
ICR	Indice crânien horizontal	BPX/LGO
ICT	Indice crâniocéfalo transverse	BZY/BPX
IFS	Indice facial supérieur	HNP/BZY

Figure 6 – Description des 3 indices crâniens utilisés dans l'étude statistique.
[© C. Mopin]

ANALYSE STATISTIQUE DES DONNÉES CRANIOMÉTRIQUES

L'analyse statistique présentée ci-dessous a pour but de déterminer si les morphologies crâniennes décrites précédemment correspondent spécifiquement à des phases historiques distinctes.

Dans la première série d'analyses nous nous sommes intéressés à la variable ICR (Indice crânién), utilisée traditionnellement en anthropologie pour distinguer les différents types de morphologies crâniennes. L'objectif était de déterminer si au sein de la distribution d'ICR il était possible d'identifier statistiquement un mélange de distributions gaussiennes traduisant l'existence de groupes à l'intérieur de l'échantillon utilisé.

Dans la deuxième série d'analyses nous avons effectué des analyses multivariées pour travailler sur un ensemble de données reflétant des morphologies crâniennes plus complètes. Après avoir testé pour chacune des variables l'influence du sexe ou de la phase historique, les analyses factorielles menées ont permis d'obtenir une représentation visuelle de l'organisation des données suivant le sexe des individus et la phase historique à laquelle ils se rattachent.

Analyses statistiques de la variable ICR (indice crânién)

L'échantillon

À partir des données de mesures craniométriques disponibles, 419 indices crâniens ont pu être calculés, tous sexes confondus (**figure 7**).

PHASE	GR (III ^e -IV ^e apr. J.-C.)	GR2 (V ^e apr. J.-C.)	1 (V ^e -VII ^e apr. J.-C.)	2 (VIII ^e apr. J.-C.)	3 (IX ^e -X ^e apr. J.-C.)	4 (XI ^e apr. J.-C.)	5 (XII ^e -XIII ^e apr. J.-C.)	Ind.	Total
Féminin	28	30	20	43	25	7	7	-	160
Masculin	39	19	31	48	33	7	9	1	187
Indéterminé	17	8	9	9	8	2	3	16	72
Total	84	57	60	100	66	16	19	17	419

Figure 7 – Répartition des individus pour lesquels l'ICR a été calculé suivant les phases historiques et le sexe.
[© C. Mopin]

Démarche statistique et résultats

La première étape de ce travail a consisté à étudier le comportement de la distribution d'ICR par rapport à la loi normale en analysant les caractéristiques de plusieurs représentations graphiques et les résultats de plusieurs tests de normalité.

Les figures 8 à 10 présentées ci-dessous illustrent respectivement le *Boxplot*, le *Normal Q-Q Plot* (ou diagramme quantile-quantile normal) et l'histogramme de la variable ICR. Ces figures permettent d'étudier différents aspects de la distribution d'intérêt et notamment de comprendre la façon dont elle se comporte.

Le *Boxplot* (**figure 8**) permet de prime abord d'identifier 8 outliers au sein de la distribution dont 6 valeurs extrêmes supérieures et 2 valeurs extrêmes inférieures. Les valeurs extrêmes supérieures ne semblent pas pouvoir être expliquées par le sexe puisque deux femmes font partie des 6 valeurs les plus élevées. Après avoir réexaminé chacun de ces crânes, il ne semble pas non plus s'agir d'individus présentant une pathologie, un trauma ou une déformation quelconque. Aucune erreur dans la prise de mesure n'a été détectée. En revanche, l'appartenance à une phase spécifique pourrait peut-être expliquer ces valeurs extrêmes puisque l'on identifie uniquement des individus provenant des phases 2, 3 et 4 (soit des phases carolingiennes). Ces outliers pourraient être à l'origine de tests de

normalité significatifs (c'est-à-dire qui rejettent l'hypothèse d'adéquation à la loi normale). De plus, la position excentrée de la médiane dans la boîte révèle une distribution asymétrique, ce qui n'est pas conforme avec la loi normale.

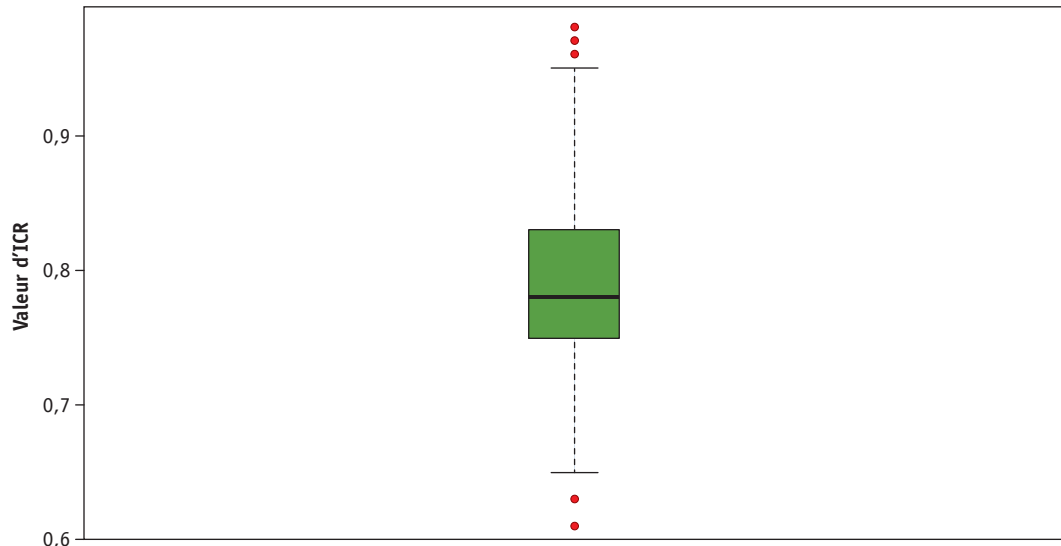


Figure 8 – Boxplot de la variable ICR (n = 419).

La médiane de la distribution est représentée à l'intérieur de la boîte par le trait noir épais. Les deux extrémités de la boîte correspondent aux 1^{er} et 3^e quartiles (Q1 et Q3). Les extrémités des moustaches sont délimitées par 1,5 fois l'intervalle inter-quartile ($Q3-Q1=IQR$). Elles indiquent les valeurs les plus extrêmes au-delà desquelles tout individu est considéré comme un outlier. [© C. Mopin]

Le Normal Q-Q Plot (**figure 9**) est aussi un outil graphique permettant d'apprécier la façon dont les points de la distribution d'intérêt s'alignent et sont compatibles avec la loi normale. L'adéquation avec la loi normale se vérifie si les points forment une droite. Sur la figure 9, la droite tracée en rouge passe par les 1^{er} et 3^e quantiles et aide visuellement à évaluer l'alignement des points. Ici, l'alignement des points de la distribution d'ICR se vérifie jusqu'à la partie supérieure de la distribution. À ce niveau on observe en effet un décrochement vers le haut qui se traduit par une queue de distribution plus longue à droite que celle de la loi normale. Il s'agit d'une distribution dite leptokurtique, c'est-à-dire moins dispersée (et donc plus concentrée) que la loi normale (GERSTMAN 2014). Cela s'explique en partie par la présence d'outliers à l'extrémité supérieure de la distribution.

Enfin, l'histogramme de la distribution d'ICR (**figure 10**) confirme bien ce profil leptokurtique avec une forme assez étirée vers le haut. On peut également voir que la distribution est asymétrique à droite (plus étalée).

L'approche graphique tend à montrer que le profil de la distribution ICR n'est pas un profil dit « normal ». La densité n'a pas la forme d'une cloche parfaitement symétrique avec un unique sommet au milieu. On peut dès lors se demander si cette distribution consiste en réalité en un mélange de plusieurs composantes normales, soit un modèle de mélanges gaussiens.

Parmi les quatre tests de normalité réalisés (Shapiro-Wilk, Lilliefors, Anderson Darling, Cramer-Von Mises), aucun ne peut être considéré comme meilleur que les autres. En revanche, il est possible de comparer les tests en fonction de leur puissance, c'est-à-dire de leur capacité à détecter la non-normalité. La puissance d'un test va donc dépendre du profil affiché par une distribution donnée (BERGERET, MERCIER 2011). Dans le cas présent tous les tests effectués permettent de conclure à la non-normalité de la distribution.

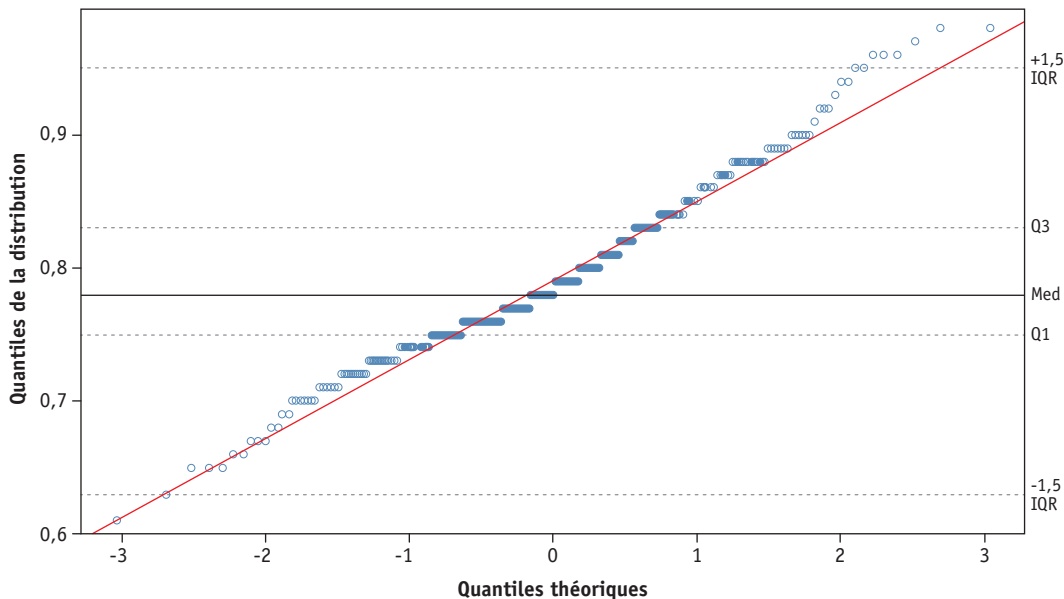


Figure 9 – Normal Q-Q Plot de la variable ICR.
[© C. Mopin]

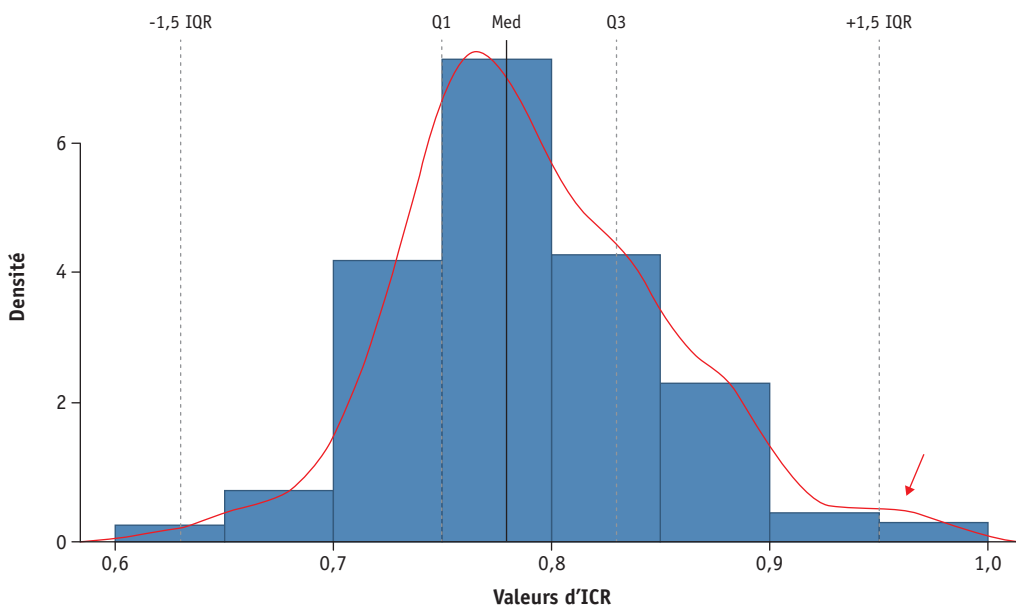


Figure 10 – Histogramme des densités de la variable ICR.
On remarque la présence d'un palier sur la queue de distribution droite (cf. flèche rouge).
[© C. Mopin]

COMPOSANTE	PROPORTION	MOYENNE	ÉCART-TYPE	PHASE HISTORIQUE								EFFECTIF
				GR	GR2	1	2	3	4	5	Ind	
1	84,49 %	0,775	0,048	79	56	54	75	50	10	14	16	354
2	15,51 %	0,865	0,053	5	1	6	25	16	6	5	1	65
Total	100,00 %	-	-	84	57	60	100	66	16	19	17	419

Figure 11 – Paramètres descriptifs des deux composantes estimées par l'analyse des mélanges.
[© C. Mopin]

L'étude du modèle de mélanges gaussiens est une démarche utilisée par exemple en archéozoologie pour distinguer des assemblages fossiles (MONCHOT 1999 ; MONCHOT, LEHELLE 2002 ; MONCHOT *et alii* 2002). Dans le cadre de cette étude, les analyses de données ont été réalisées à partir de l'interface graphique RStudio via le package R « mixtools ». La fonction `normalmixEM()` utilise un algorithme EM (pour Expectation-Maximization) permettant d'obtenir la moyenne et la variance pour chaque composante normale identifiée ainsi que les probabilités « a posteriori » pour chaque individu d'appartenir à chacune des composantes.

Nous avons voulu vérifier si au sein de la distribution il est possible d'identifier deux composantes correspondant aux distributions gaussiennes de deux groupes (celui des brachycrânes et celui des dolichocrânes par exemple). On devine d'ailleurs sur la figure 10, à droite de la courbe, une irrégularité (repérée par la flèche rouge) qui pourrait correspondre à une seconde distribution. La figure 12 correspond à la représentation graphique obtenue lorsqu'on demande à la fonction d'identifier deux distributions gaussiennes. Elle superpose les distributions obtenues (en bleu et orange) avec la distribution initiale (en rouge). Cette méthode se base sur un critère de maximum de vraisemblance. Le nombre d'itérations améliore donc la vraisemblance. Ici, plus de 1 000 itérations ont été effectuées. Les paramètres descriptifs de chacune des composantes sont présentés figure 11.

Les deux composantes estimées ont des moyennes respectives d'ICR de 77,5 et 86,5. En se basant sur ces moyennes, on peut établir que la composante 1, rassemblant 84,49 % des individus, englobe les morphologies dolichocrâniennes et mésocrâniennes, tandis que la composante 2, qui rassemble 15,51 % des individus, regroupe les morphologies brachycrâniennes.

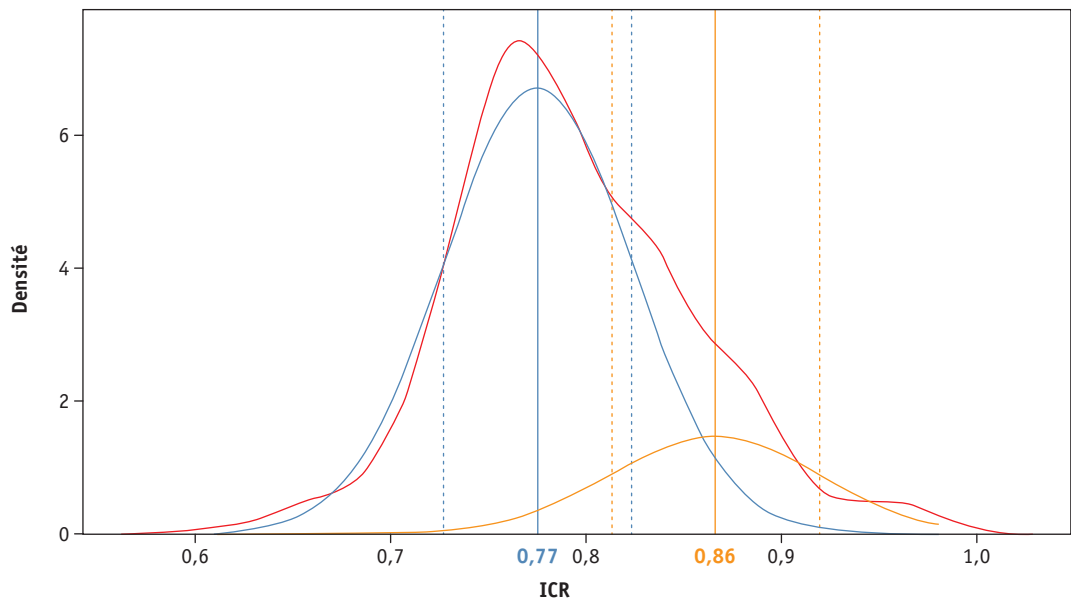


Figure 12 – Représentation graphique du modèle de mélanges gaussiens.

La courbe bleue représente la courbe de densité de la composante 1 tandis que la courbe orange représente celle de la composante 2. [© C. Mopin]

Les probabilités « a posteriori » fournies par la fonction `normalmixEM()` donnent accès à la constitution de chacune de ces composantes. Leur utilisation permet en effet de répartir les individus par phase historique au sein de chaque composante (**figure 13**). Plusieurs points peuvent être mis en évidence. Au sein de la première composante, 38,14 % des individus sont issus des phases antiques (phases GR et GR2, en bleu), 36,44 % sont issus des phases mérovingiennes (phases 1 et 2, en vert) et 20,90 % des phases carolingiennes

(phases 3, 4 et 5, en rouge, orange et jaune). Dans la seconde composante, 9,23 % des individus sont issus de l'Antiquité, 47,69 % des phases mérovingiennes et 41,54 % des phases carolingiennes. En d'autres termes, la composante 1, qui peut être assimilée au groupe des dolichocrânes et mésocrânes, présente une plus grande proportion d'individus issus de l'Antiquité et des phases mérovingienne ; tandis que la composante 2, assimilable au groupe des brachycrânes, présente certes une grande proportion d'individus mérovingiens mais également une proportion importante d'individus carolingiens.

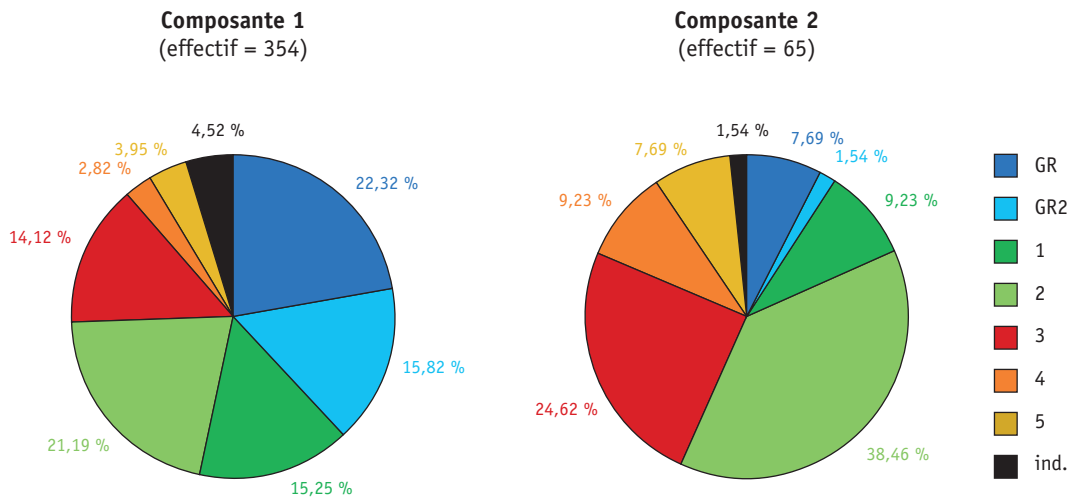


Figure 13 – Répartition des proportions d'individus au sein de chaque composante suivant les phases historiques. Ce diagramme a été construit à partir des probabilités « à posteriori » pour chaque individu d'appartenir à une composante. [© C. Mopin]

Afin de valider ces observations et établir si les composantes identifiées peuvent ou non être liées statistiquement à une période historique spécifique (antique, mérovingienne et / ou carolingienne), nous avons réalisé un test du χ^2 d'indépendance. Les résultats de ce test indiquent qu'il nous faut rejeter l'hypothèse nulle d'indépendance des variables (24,581 ; $4,596 \times 10^{-6}$). En d'autres termes, il existe bien un lien entre les composantes et la période historique. Ce lien peut être étudié plus en détail en calculant les contributions des différentes associations de variables à la statistiques χ^2 observée. Ils permettent d'identifier les croisements responsables du rejet de l'indépendance (**figure 14**). On constate alors qu'au sein de la composante 1, on note moins d'individus carolingiens et plus d'individus antiques qu'attendu. La composante 2 rassemble quant à elle plus d'individus carolingiens qu'attendu et nettement moins d'individus antiques.

Ces éléments vont dans le sens de l'hypothèse de départ supposant que les différents types de morphologies crâniennes observées peuvent être associés à différentes périodes historiques. Néanmoins, ces résultats doivent être confirmés par des analyses supplémentaires car la composition de l'échantillon n'est pas initialement homogène suivant les phases (sous-représentation des phases 4 et 5).

PÉRIODES HISTORIQUES	COMPOSANTES	
	1	2
Antique	1,51	-3,54
Mérovingienne	-0,48	1,10
Carolingienne	-1,19	2,72

Figure 14 – Résidus de Pearson, illustrant les contributions respectives à la statistique χ^2 observée. [© C. Mopin]

Analyses statistiques multivariées des données craniométriques

Dans cette section, les analyses multidimensionnelles décrites permettent d'une part d'étudier l'effet de plusieurs variables susceptibles d'influencer la morphologie crânienne (cf. **figures 5-6**), et d'autre part d'obtenir une représentation visuelle de la dispersion relative des groupes antiques, mérovingiens et carolingiens du bassin francilien. La prise en compte simultanée de plusieurs variables apporte des résultats plus consistants. Cependant, ces analyses multivariées, ne traitant pas les données manquantes, ont conduit à l'élimination des individus qui présentaient au moins une donnée manquante. De ce fait, l'échantillon initial a été considérablement réduit.

Sélection de l'échantillon et des variables

L'échantillon

Initialement, nous disposions d'un grand jeu de données craniométriques regroupant les données de 419 individus issus de 2 sites archéologiques du bassin francilien et recouvrant trois grandes périodes historiques dont 7 phases. Chaque individu de ce jeu de données pouvait être décrit par un certain nombre de variables craniométriques dépendant du bon état de conservation des pièces osseuses. En raison d'un grand nombre de données manquantes les analyses multivariées n'ont donc pas pu être effectuées sur la totalité de l'échantillon initial mais sur une sous partie dont l'organisation est présentée ci-dessous par la figure 15.

	PHASE	SEXE			SOUS-TOTAL	TOTAL GÉNÉRAL
		Indéterminé	Masculin	Féminin		
A	GR (III ^e -IV ^e apr. J.-C.)	5	8	7	20	20
	GR2 (V ^e apr. J.-C.)	-	-	-	-	
B	1 (V ^e -VII ^e apr. J.-C.)	1	9	5	15	15
C	2 (VIII ^e apr. J.-C.)	2	15	6	23	23
D	3 (IX ^e -X ^e apr. J.-C.)	1	16	10	27	44
	4 (XI ^e apr. J.-C.)	1	3	1	5	
	5 (XII ^e -XIII ^e apr. J.-C.)	1	6	5	12	
Total général		11	57	34	102	102

Figure 15 – Répartition des individus de l'échantillon par période et par phase historique.
[© C. Mopin]

Les variables

Les variables sélectionnées pour cette étude sont celles qui permettent d'analyser les morphologies crâniennes des individus issus de chaque période historique. La sélection des variables dans un travail de recherche est l'un des plus sérieux problèmes en anthropologie biologique. En craniométrie, le nombre et la nature des mesures sélectionnées doivent répondre à des questions d'ordre stratégique, et vont donc dépendre d'un certain nombre de critères. À partir des mesures crâniennes à disposition, nous avons pu calculer plusieurs indices crâniens parmi lesquels trois ont finalement été retenus pour cette

analyse multidimensionnelle des données, notamment ceux faisant intervenir des régions osseuses bien conservées. Il s'agit d'indices calculés à partir de quatre mesures crâniennes différentes et qui permettent d'étudier trois modules du massif cranio-facial (hormis la mandibule) soit la face, la voûte et la base (cf. **figures 5-6**). Les analyses multivariées fourniront donc des résultats concernant le crâne dans son entier, autrement dit sans se limiter à la voûte.

Analyse des distributions des variables « mesure » et « indice »

Comparaison des moyennes féminines et masculines des variables craniométriques

Ci-dessus, nous effectuons des tests de comparaison de moyennes entre les distributions masculines et féminines de chaque variable pour tester la présence de dimorphisme sexuel (**figure 16**). Les tests de comparaison de variances ont été réalisés pour orienter le test de comparaison de moyennes vers un test de Student ou vers un test de Welch (dans le cas de variances inégales). Deux indices et deux mesures (ICT, IFS, BZY et LGO) affichent une p-value inférieure à 0,05 mettant en évidence la présence de dimorphisme sexuel pour ces variables. Celui-ci pourrait éventuellement expliquer l'existence d'un profil non-normal. Pour toutes les autres variables (i.e. ICR, BPX, HNP), on ne peut pas rejeter l'hypothèse nulle d'égalité des moyennes, les moyennes masculines et féminines ne sont pas significativement différentes.

VARIABLES	MOYENNES		TEST DE COMPARAISON DE VARIANCES		TEST DE COMPARAISON DE MOYENNES		
	Masculine	Féminine	Rapport des variances	p-value	Test	t	p-value
ICR	0,81	0,81	0,71	0,25	t-Student	-0,25	0,81
ICT	0,91	0,89	1,23	0,54	t-Student	2,23	0,03
IFS	0,50	0,53	1,88	0,05	t-Student	-2,34	0,02
BPX	144,16	141,03	0,66	0,17	t-Student	1,90	0,06
BZY	131,02	125,03	1,24	0,51	t-Student	4,58	0,00
HNP	65,61	66,06	2,80	2,06E-03	Welch	-0,34	0,74
LGO	179,34	174,76	1,30	0,43	t-Student	2,59	0,01

Figure 16 – Résultats des tests de comparaison de variances et de moyennes masculines et féminines.
[© C. Mopin]

Impact de la période historique sur les distributions

L'analyse suivante permet d'établir si les variables diffèrent suivant la période historique. Les boxplots (**figure 17**) permettent en effet de visualiser les différences entre les groupes. Les différences entre les périodes historiques pour les 4 variables « mesure » ne sont pas visuellement évidentes. En revanche, pour les indices on peut effectivement voir qu'il existe des différences entre les périodes historiques, et en particulier pour la période IX^e-XII^e siècles dont les distributions apparaissent relativement plus étendues. Pour attester ce constat, une analyse de la variance des groupes (ANOVA) a été réalisée sur la variable BZY. Pour les autres variables, ne vérifiant pas les conditions d'application de l'analyse, nous nous sommes orientés vers le test non paramétrique de Kruskal-Wallis (**figures 18-19**).

Le test de Kruskal-Wallis (**figure 19**) montre que chez deux variables, ICR et IFS, les paramètres de position des périodes historiques ne sont pas tous égaux pour un risque $\alpha=0,05$ (au moins un diffère). Pour les autres variables les p-values étant supérieures à 0,05, on ne peut pas rejeter l'hypothèse nulle d'égalité des paramètres de position des groupes.

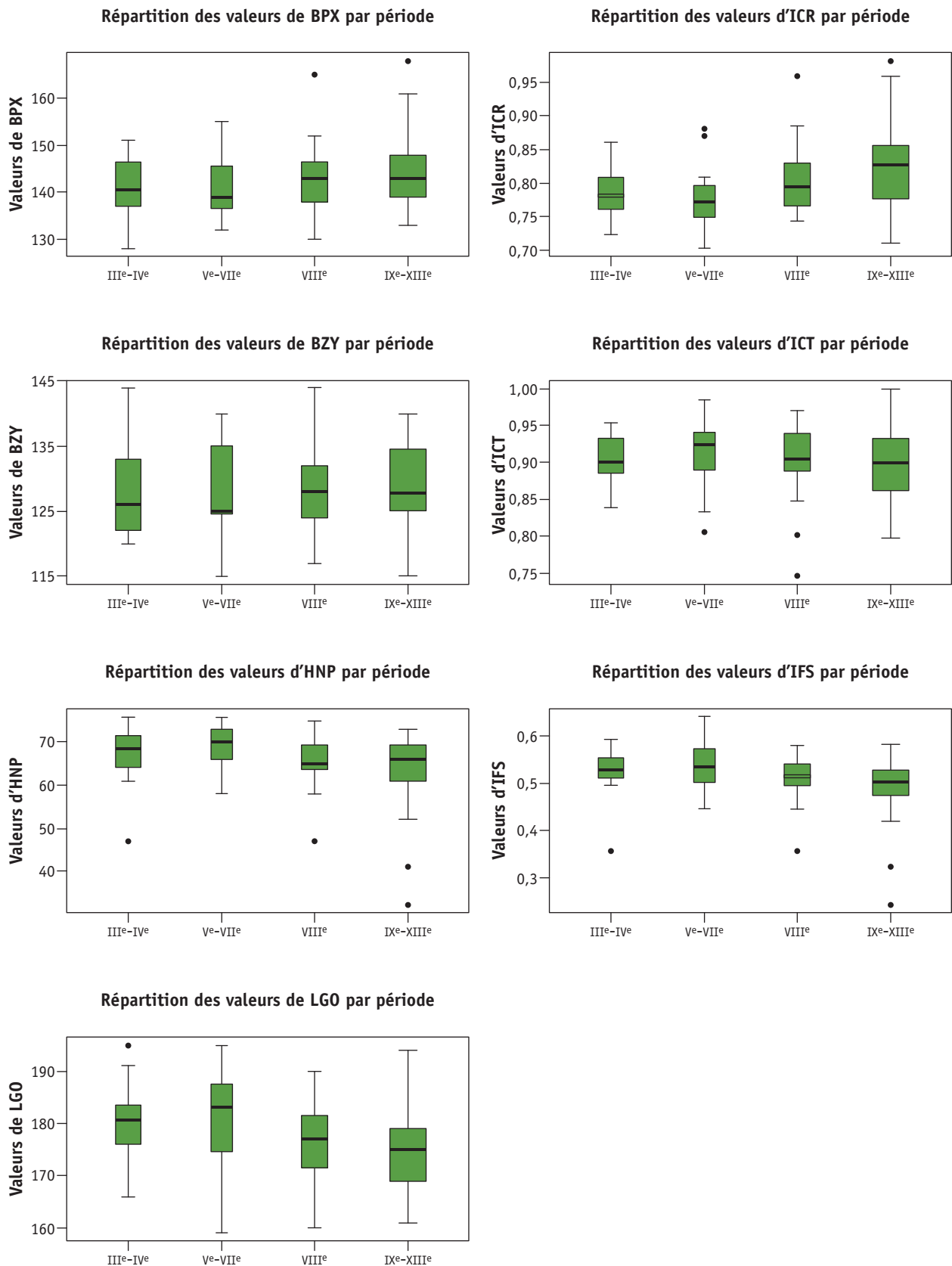


Figure 17 – Comparaison des distributions des périodes historiques pour chaque variable.
[© C. Mopin]

VARIABLE	TEST DE NORMALITÉ (Shapiro-Wilk)				TEST D'HOMOGÉNÉITÉ DES VARIANCES (Brown-Forsythe)	
	III ^e -IV ^e	V ^e -VII ^e	VIII ^e	IX ^e -XIII ^e		
	p-value	p-value	p-value	p-value	Statistique	p-value
ICR	0,880	0,297	0,016	0,414	1,900	0,135
ICT	0,476	0,412	0,015	0,595	0,907	0,441
IFS	0,001	0,974	0,017	3,84E-05	0,658	0,580
BPX	0,596	0,272	0,219	0,001	0,325	0,807
BZY	0,072	0,282	0,334	0,188	0,203	0,894
HNP	0,012	0,536	0,022	1,31E-06	0,301	0,825
LGO	0,734	0,662	0,990	0,047	0,454	0,715

Figure 18 – Résultats des tests de normalité et d'homogénéité des variances.
[© C. Mopin]

VARIABLE	TEST DE KRUSKAL-WALLIS		ANOVA	
	Statistique	p-value	Statistiques	p-value
ICR	9,680	0,021	-	-
ICT	1,900	0,593	-	-
IFS	9,014	0,029	-	-
BPX	2,985	0,394	-	-
BZY	-	-	0,199	0,897
HNP	7,550	0,0563	-	-
LGO	7,570	0,0558	-	-

Figure 19 – Résultats des tests de Kruskal-Wallis et de l'ANOVA sur les variables « indice » et « mesure ».
[© C. Mopin]

Afin d'identifier quels sont les groupes qui diffèrent nous avons effectué un pairwise wilcox.test sur les distributions d'ICR et d'IFS en appliquant la méthode d'ajustement des p-value FDR (False Discovery Rate). À la suite de cette correction les résultats obtenus montrent que dans ces conditions l'hypothèse nulle d'égalité des moyennes ne peut plus être rejetée. Il n'a finalement pas été mis en évidence de différences pour ces indices entre les périodes.

Analyses factorielles

Analyses en composantes principales (ACP)

Une analyse en composantes principales a été effectuée à partir des variables « indice » (**figures 20-23**). Sur ces graphiques la première composante principale explique 49,54 % de la variance totale, tandis que la deuxième composante principale explique 39,13 % de la variance totale. Sur le cercle des corrélations (**figure 20**), ICR et ICT sont tous les deux fortement corrélés à l'axe 1 (l'un positivement et l'autre négativement). En revanche IFS est très faiblement corrélé à cet axe. De la même manière IFS est fortement corrélées positivement à l'axe 2 tandis que les variables ICR et ICT sont faiblement corrélés à cet axe. Les deux répartitions (**figures 21-22**) ne permettent pas de distinguer de groupes isolés. Les individus s'organisent en nuage de points dont la forme ne peut être expliquée ni par le sexe des individus ni par la période historique à laquelle ces derniers sont associés. En d'autres termes la confrontation des données de ces trois indices ne nous permet pas de mettre en évidence des regroupements spécifiques selon le sexe ou la période historique.

Concernant les résultats de l'analyse en composantes principales effectuée à partir des variables « mesure » (**figures 23-25**), la première composante principale explique 40,49 % de la variance totale, tandis que la deuxième composante principale explique 29,84 % de la variance totale. Sur le cercle des corrélations (**figure 23**) les variables BPX

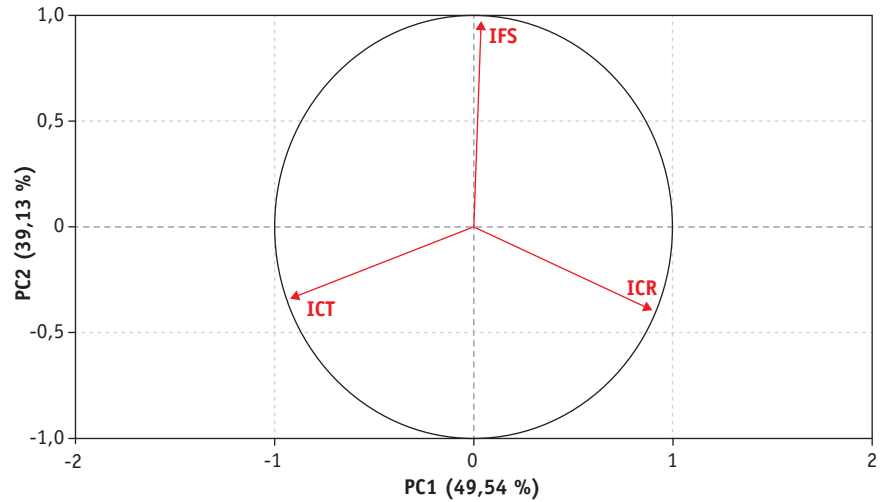


Figure 20 – Cercle des corrélations issu de l'ACP appliquée à partir des trois indices craniométriques. [© C. Mopin]

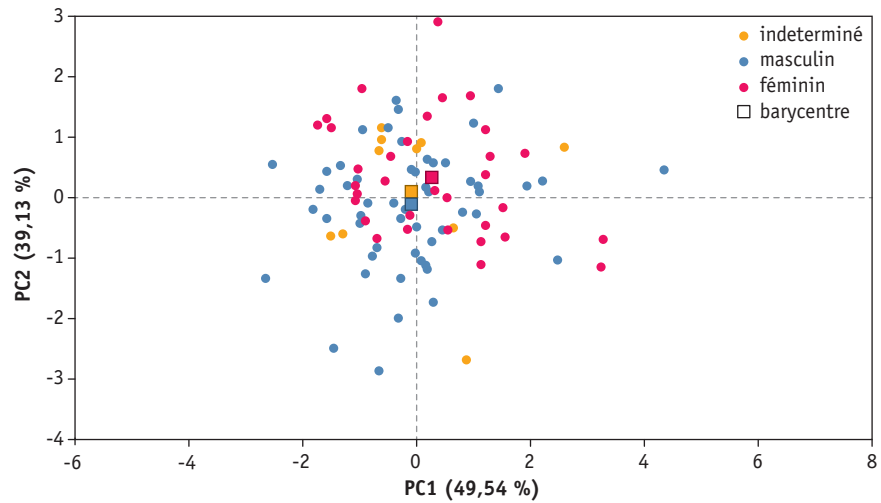


Figure 21 – Analyse en Composantes Principales des variables « indice ». [© C. Mopin]

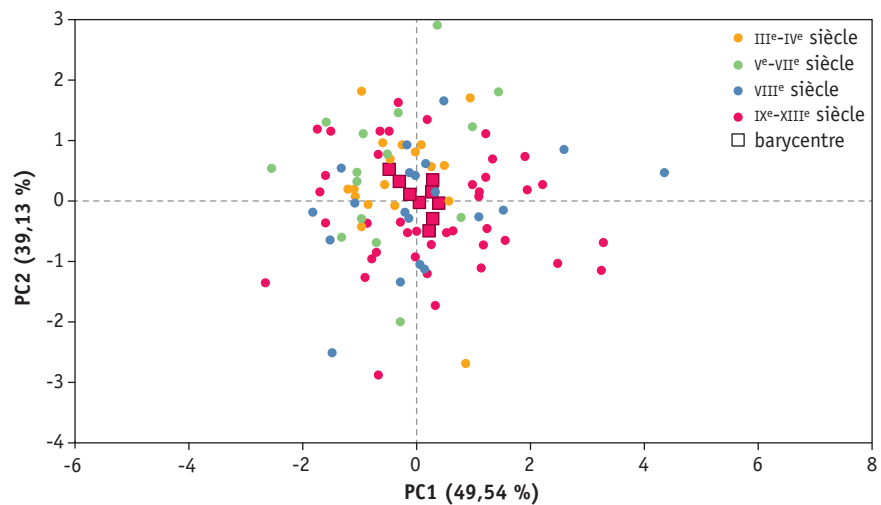


Figure 22 – Analyse en Composantes Principales des variables « indice ». [© C. Mopin]

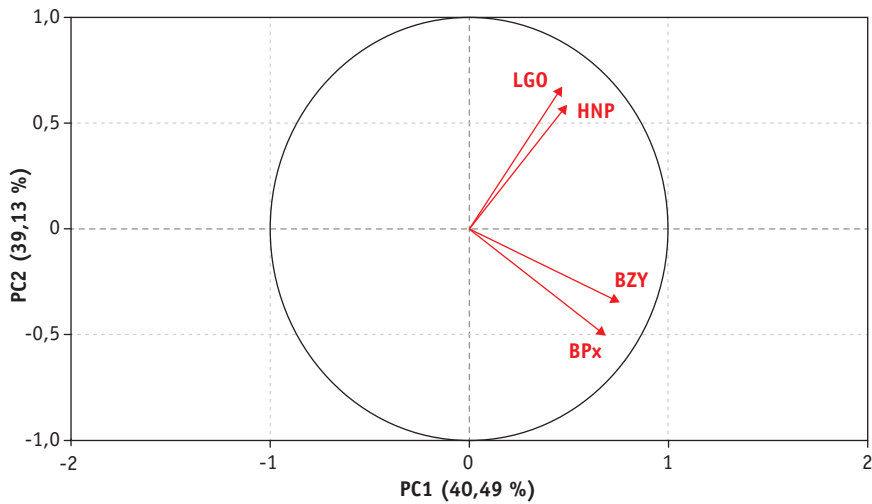


Figure 23 – Cercle des corrélations issu de l'ACP appliquée à partir des 4 mesures craniométriques.
[© C. Mopin]

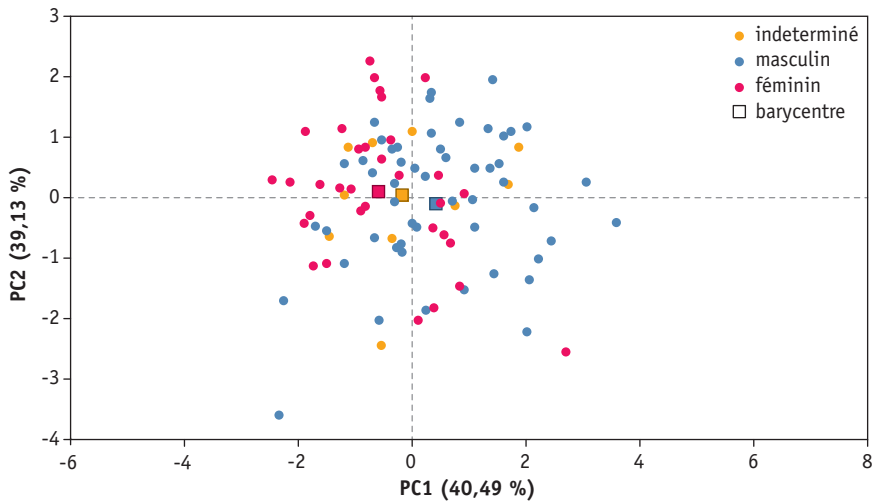


Figure 24 – Analyse en Composantes Principales des variables « mesure ».
[© C. Mopin]

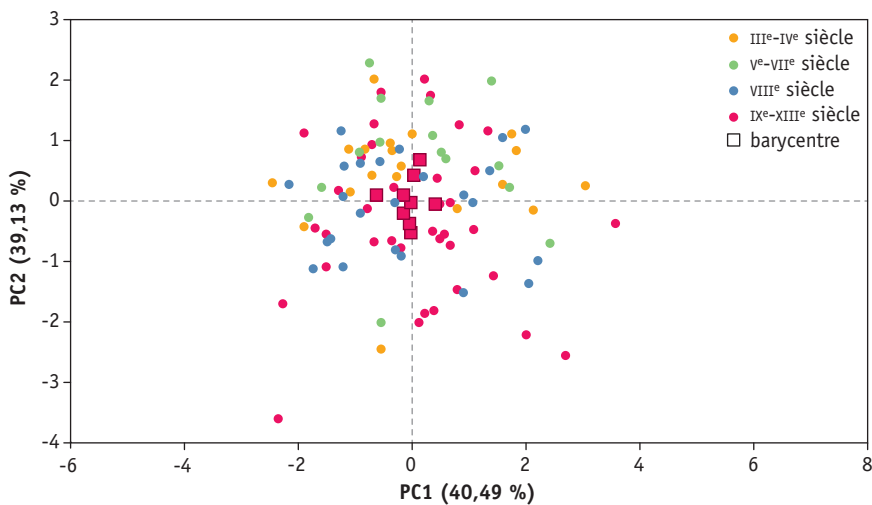


Figure 25 – Analyse en composantes Principales des variables « mesure ».
[© C. Mopin]

et BZY sont fortement corrélée positivement avec le premier axe tandis que la variable LGO est modérément corrélée avec l'axe deux. Quant à la variable HNP, elle ne présente pas d'affinité particulière avec une des composantes principales avec des valeurs respectives de 0,518 et 0,600 pour les axes 1 et 2. Les figures 24 et 25 permettent de visualiser la répartition des individus suivant les axes 1 et 2 de l'analyse en composantes principales appliquée sur les 4 mesures BPx, BZY, HNP et LGO. Il s'agit encore une fois d'une répartition en nuage de points, cependant, on note une organisation particulière suivant le sexe des individus (**figure 25**). Sur l'axe 1 les individus féminins sont globalement situés plus à gauche par rapport aux individus masculins. Les positions de leur barycentre respectif le confirment. En mettant en rapport ces observations avec le cercle des corrélations on comprend alors que pour les quatre mesures les valeurs féminines ont tendance à être plus faibles que les masculines. En revanche lorsque l'on s'intéresse à l'organisation des périodes historiques les individus se répartissent en nuage de points. En d'autres termes la confrontation des données de ces quatre mesures ne permet pas de mettre en évidence un regroupement spécifique lié à la période historique mais il est possible d'identifier une certaine tendance de répartition suivant le sexe des individus.

Analyse factorielle discriminante

L'analyse factorielle discriminante (AFD ; ici : **figure 26**) décrite ci-dessous se rapproche très sensiblement d'une analyse en composantes principales (ACP). En effet, elle permet également de représenter les données dans un espace factoriel pour vérifier visuellement si les populations sont bien discriminées. Cependant, à la différence d'une ACP, l'AFD s'applique sur une matrice de covariance qui est calculée à partir des centres de gravité des groupes (pondérés par leurs fréquences). Autrement dit, l'AFD permet de mieux discriminer les groupes étudiés. Dans le même temps il est possible de réaliser plusieurs tests d'hypothèses : les tests de Box appliqués sur les matrices de covariances des groupes et utilisés pour vérifier si ces dernières sont identiques, et le test du Lambda de Wilks appliqué sur les vecteurs des moyennes pour voir si les centres de gravité des

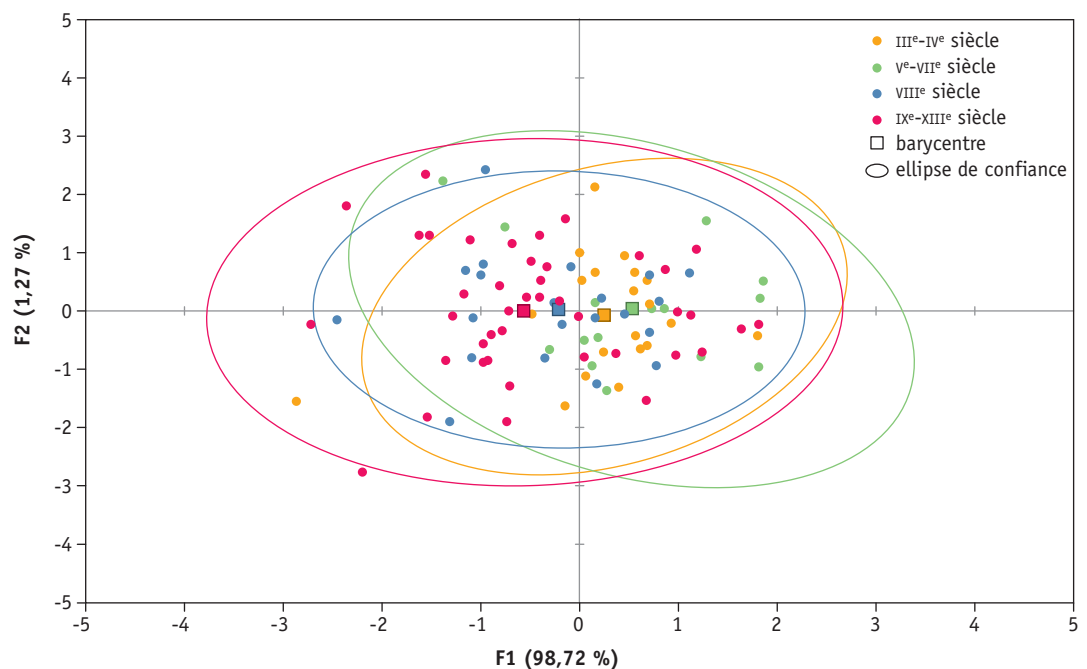


Figure 26 – Analyse factorielle discriminante.
[© C. Mopin]

différentes phases historiques sont distincts les uns des autres dans l'espace de représentation. Enfin, la matrice de confusion en validation croisée (non biaisée) construite à partir des fonctions discriminantes développées, indique le pourcentage d'individus bien classés sur le total d'observations. Elle permet de cette manière de voir si la discrimination de différentes phases historiques est effective ou non.

Concernant les tests d'hypothèses, les résultats des deux tests de Box montrent que les matrices de covariances des périodes historiques ne sont pas identiques. En effet le test de Box basé sur l'approximation asymptotique du Khi^2 affiche une p-value de 0,021 tandis que celui basé sur l'approximation asymptotique du F de Fisher affiche une p-value de 0,022. Cette inégalité des matrices de covariances indique que les fonctions discriminantes développées par cette analyse ne seront donc pas linéaires mais quadratiques.

Le test du Lambda de Wilks permet de caractériser la discrimination des classes via la valeur de la statistique du test (lambda) et la p-value. Le lambda obtenu est de 0,843. Il est proche de 1 et indique donc que la discrimination entre les classes n'est pas évidente. La p-value étant de 0,054, la différence entre les centres de gravité des groupes n'est pas significative. Il n'est donc pas possible de rejeter l'hypothèse nulle d'égalité pour un seuil de signification fixé 0,05.

La matrice de confusion en validation croisée indique que seulement 22,44 % des individus ont pu être bien reclassés sur la base des fonctions discriminantes quadratiques utilisées. Tous ces éléments indiquent que l'analyse discriminante n'est pas justifiée. La représentation graphique présentée figure 18 le confirme par la nette superposition des ellipses de confiance des centres de gravité de chaque phase historique.

Sur les représentations graphiques (figures 26-27) les facteurs 1 et 2 représentent respectivement 98,72 % et 1,27 % de la variance totale. Les groupes historiques ne semblent pas pouvoir se distinguer suivant l'axe du facteur 2 mais les barycentres des groupes se distinguent assez bien sur l'axe 1. Ces observations sont cependant à considérer avec de grandes précautions car la superposition des ellipses de confiance de chaque phase montre que cette discrimination n'est pas significative comme le révélait les résultats du test du Lambda de Wilks et la matrice de confusion. En revanche on peut établir que les individus situés le plus à gauche présentent de plus hautes valeurs d'ICR que ceux situés à droite (figure 27). De la même façon les individus situés à droite présentent de plus hautes valeurs d'IFS et d'ICT que ceux situés à gauche. On constate donc que les individus situés à gauche ont plus tendance à présenter une morphologie brachycrânienne

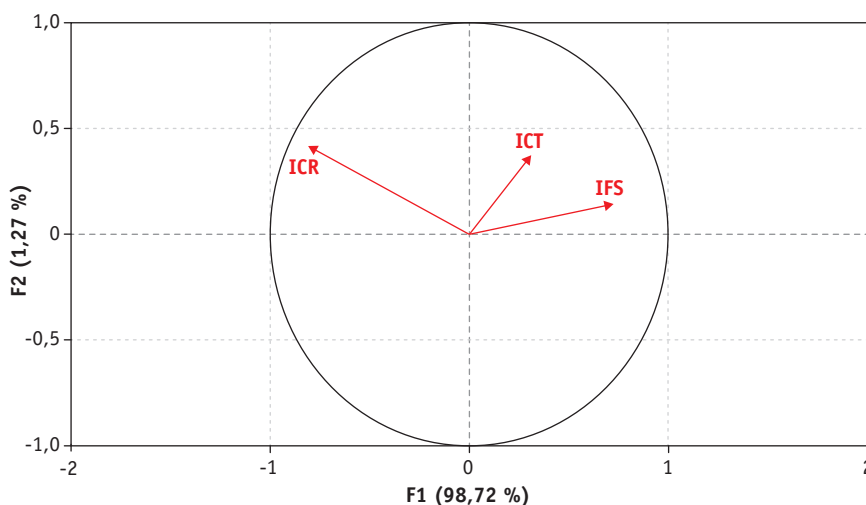


Figure 27 – Cercle des corrélations associé à l'analyse factorielle discriminante.
[© C. Mopin]

(ICR plus élevé), tandis que les individus situés à droite ont plus tendance à présenter une morphologie dolichocrânienne (ICR plus faible). On peut également noter que les individus situés le plus à gauche ont donc des valeurs d'IFS et d'ICT plus faibles que ceux des individus localisés plus à droite.

Conclusions de l'analyse statistique

Les différents résultats apportés par cette analyse statistique amènent à conclure qu'il est possible, en ce qui concerne les séries ostéologiques du bassin francilien, de distinguer les morphologies crâniennes des périodes historiques comprises entre le III^e et le XIII^e siècle.

L'analyse de mélanges appliquée à l'indice crânien (ICR) a permis d'identifier statistiquement, au sein de la distribution, deux composantes assimilables aux morphologies dolichocrânienne et mésocrânienne d'une part et brachycrânienne d'autre part. Les probabilités « à posteriori » permettent d'accéder à la composition de chacune de ces composantes. La composante 1, se rapprochant le plus des dolichocrânes et des mésocrânes, présente une plus grande proportion d'individus issus de l'Antiquité et des phases mérovingiennes ; tandis que la composante 2 qui se rapproche plus des brachycrânes, présente une plus grande proportion d'individus carolingiens.

Les analyses multivariées ont permis de travailler sur un ensemble de données plus complet en termes de morphologie en incorporant des mesures et des indices issus des modules crâniens de la face, de la voûte et de la base. À partir de l'indice crânien (ICR), de l'indice facial supérieur (IFS) et de l'indice craniofacial transverse (ICT), les ACP pratiquées n'ont pas permis de discriminer clairement des groupes selon la période historique. De même, en effectuant une AFD, et en se focalisant sur les barycentres de chaque groupe il n'est pas possible de discriminer statistiquement les morphologies crâniennes des individus. En revanche, la représentation graphique montre une organisation particulière des différentes phases suivant le facteur 1 auquel l'ICR et l'IFS sont fortement corrélés.

ÉTUDE DE BIOLOGIE MOLÉCULAIRE

Il nous a semblé utile d'axer les recherches vers la biologie moléculaire. Ces sujets sont-ils issus d'un même groupe homogène ou non ?

Le site de Noisy-le-Grand a été retenu puisqu'il comportait des sépultures primaires et secondaires (réduction dans les sarcophages), parce que l'ensemble des données était issu de la même fouille et enfin puisque les périodes mérovingienne et carolingienne étaient représentées. Il nous a donc semblé approprié de tester les distances génétiques des individus afin de savoir s'ils étaient issus d'une même population.

Matériel et Méthodes

Extraction de l'ADN

Le matériel dentaire a été prélevé sur 25 individus. Dans un premier temps, la surface des dents a été nettoyée dans le but d'éliminer les traces potentielles d'ADN exogène ou de substances inhibitrices de la réaction d'amplification de l'ADN. Les dents ont ensuite été réduites en poudre par cryobroyage, puis l'ADN a été extrait et concentré.

Séquençage de la région mitochondriale HV1

Les prélèvements dentaires ayant été faits dans le cadre d'une étude parallèle, laquelle visait à établir le lien de parenté entre certains individus, l'ADN extrait au Laboratoire d'Anthropologie Moléculaire est l'ADN mitochondrial (ADNmt).

L'ADNmt a pour particularité de ne pas être transmis par les deux parents lors de la reproduction, mais uniquement par la mère (transmission matrilineaire). Il est aussi considérablement plus petit que l'ADN génomique (16569 pb contre 3.109 pb) et est circulaire. Il possède deux régions hypervariables (HV), lesquelles sont très utilisées pour l'étude de l'évolution humaine et la détermination de filiation.

La région d'intérêt qui a été amplifiée et séquencée pour cette étude comporte 360 paires de bases, correspondant aux positions 16024 à 16383 de la région hypervariable 1 (HV1).

Le traitement des échantillons anciens a été réalisé dans le strict respect des précautions d'usage pour les études d'ADN ancien, à savoir : les analyses se sont déroulées dans des locaux adaptés et spécialement dédiés à la manipulation d'ADN ancien. Les manipulateurs ont porté, lors de toutes les étapes de l'analyse, l'équipement préconisé (gants, blouse, charlotte, masque et sur-chaussures). L'ADN des manipulateurs et des fouilleurs a été génotypé afin de détecter toute éventuelle contamination survenue lors des fouilles ou du traitement des échantillons. Les analyses ont été répétées, lorsqu'il était possible, sur plusieurs extraits pour un même échantillon et sur plusieurs échantillons pour un même individu, permettant ainsi d'attester la validité des résultats. Des contrôles positifs et négatifs ont également été utilisés lors de chaque analyse.

Ces étapes ont été réalisées par Clémence Hollard et Christine Keyser au Laboratoire d'Anthropologie Moléculaire de Strasbourg.

Résultats

Arbres phylogénétiques

Le but de cette étude était d'expliquer les différences de morphologies crâniennes observées entre les individus mérovingiens et carolingiens d'une même nécropole.

Le peu d'informations historiques dont nous disposions nous permettait tout de même d'échafauder une hypothèse : celle d'un apport de matériel génétique lors des mouvements migratoires du ^ve siècle. Nous avons récupéré des séquences d'ADN mitochondriales sur 25 individus du site afin de tester notre théorie. Parmi ces individus, 18 sont datés comme mérovingiens et 7 comme carolingiens.

Avec le logiciel DNAsp, nous avons pu faire une étude des fréquences alléliques de notre échantillon (**figure 28**). Il y a un excès de singletons (mutations d'une paire de bases rencontrée une seule fois) dans notre jeu de données en comparaison aux valeurs attendues sous un modèle neutre. Ce résultat coïncide avec notre hypothèse de départ car ce type de fréquences se retrouve après un goulot d'étranglement dans une population.

Nous avons voulu établir un premier arbre phylogénétique, en espérant obtenir deux branches distinctes, l'une portant les individus carolingiens, l'autre les individus mérovingiens. Cet arbre a été obtenu en entrant nos données sur le site de l'EMBL-EBI : les clusters obtenus étaient difficilement interprétables. Nous avons pensé que le problème pouvait provenir de la datation relative des individus les uns par rapport aux autres, rendant leur origine temporelle absolue incertaine.

Nous avons décidé de refaire un arbre (**figure 29**) en intégrant de nouvelles séquences mitochondriales obtenues sur des banques de données spécialisées. Nous avons ajouté deux individus français, un finlandais, un allemand, un kirghize et un aborigène d'Australie. Ces origines géographiques ont été choisies afin de nous approcher un maximum des populations susceptibles d'avoir contribué au patrimoine génétique de notre échantillon lors de mouvements migratoires : Germaniques (allemand), Scandinaves (finlandais) et Huns (kirghize). L'aborigène d'Australie a été choisi comme outgroup pour pouvoir établir les distances génétiques relatives.

Malheureusement, le résultat n'est pas informatif : il est hautement improbable qu'un individu de l'époque mérovingienne « clusterise » ainsi avec l'aborigène d'Australie.

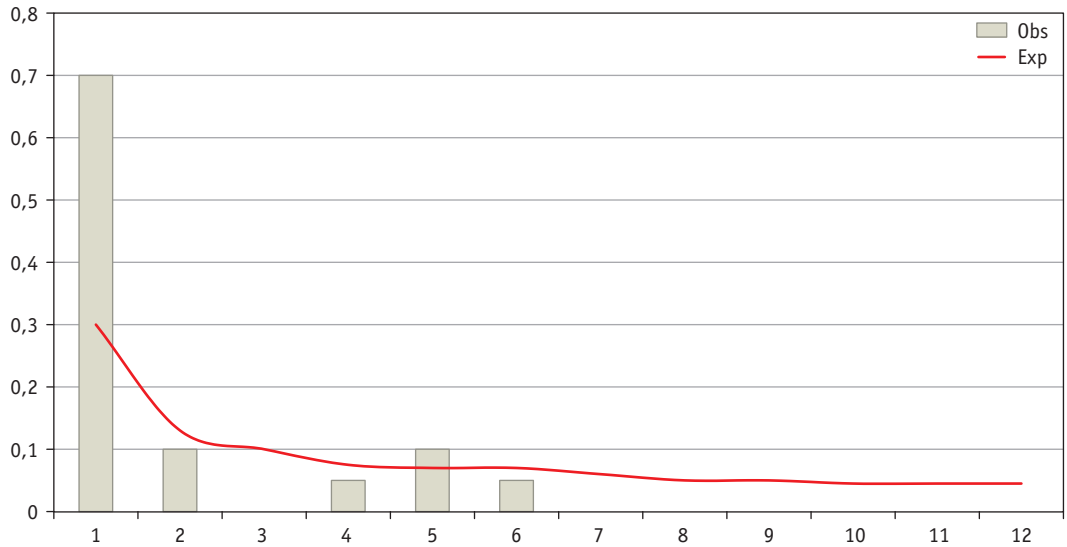


Figure 28 – Fréquences alléliques.
[© A. Hurel]

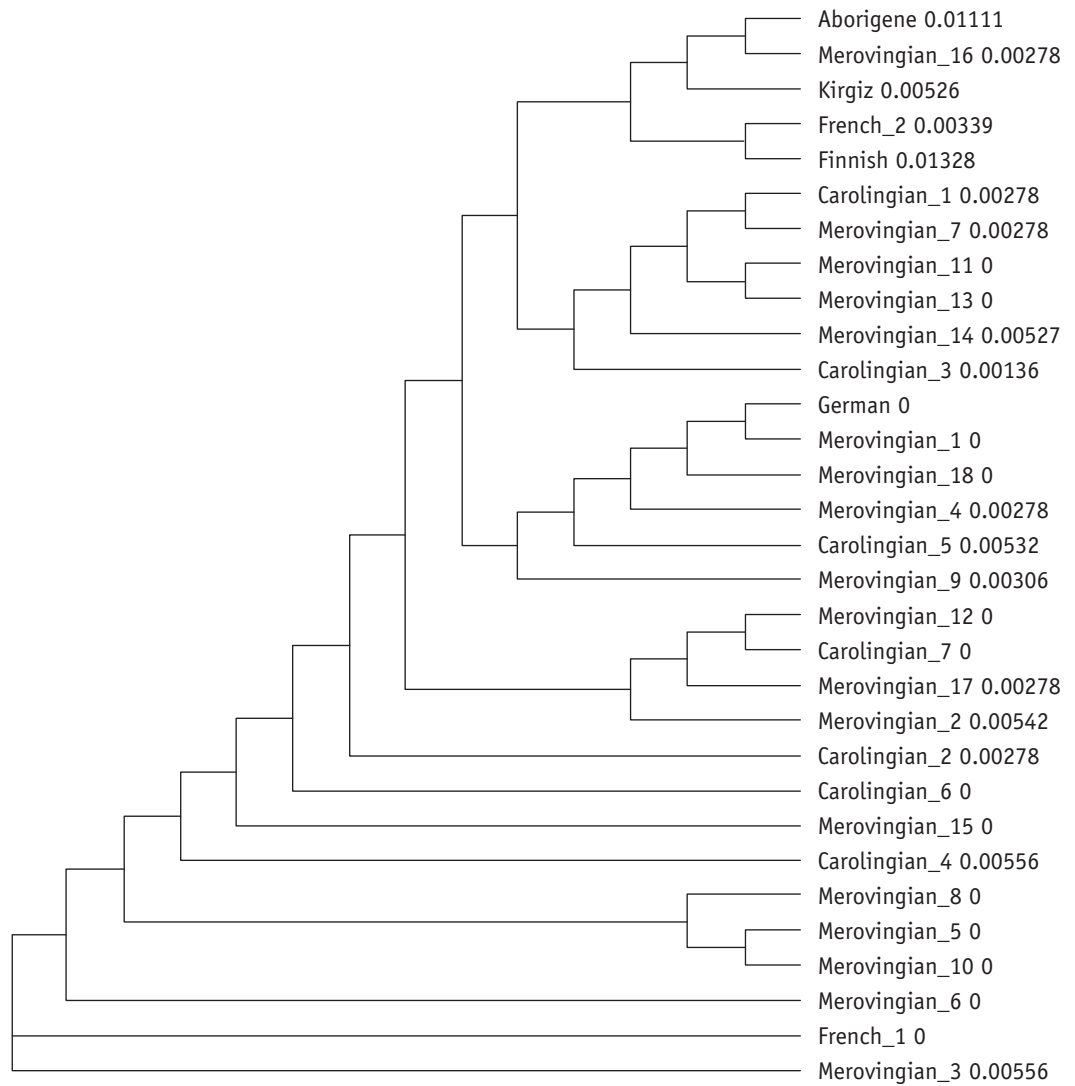


Figure 29 – Arbre phylogénétique.
[© A. Hurel]

La puissance statistique de notre échantillon (360 paires de bases sur 25 individus) n'est pas suffisante pour obtenir des résultats fiables avec ces méthodes.

Haplogroupes

Nous avons donc décidé de tenter une autre approche en nous basant sur des haplogroupes mitochondriaux : en retrouvant les points communs entre les individus nous pourrions peut-être élaborer de nouvelles théories à tester sur un plus grand nombre d'individus.

Un haplogroupe peut être défini comme une succession de marqueurs génétiques. Ils sont très utilisés sur l'ADNmt et l'ADN-Y (ADN porté par le chromosome Y) pour l'étude de l'évolution humaine, car ils peuvent être propres à certaines populations et répartis sur une carte du monde.

Nos haplogroupes ont été obtenus avec le programme Mthap, mis au point à partir de PhyloTreem, un arbre recensant toutes les variations de l'ADNmt humain connues.

Sauf cas exceptionnels, les haplogroupes n'ont pas pu être obtenus avec certitude, la totalité du génome mitochondrial étant nécessaire, mais nous avons quand même obtenu de bonnes estimations.

Le premier élément frappant à l'issue de cette approche est la grande diversité des haplogroupes (**figure 30**). Sur les 25 individus testés, 16 sub-haplogroupes sont représentés, dont la grande majorité ont une fréquence importante en Europe. En effet, nous avons utilisé les fréquences des haplogroupes dans les différentes populations mondiales pour attribuer des origines aux individus.

HAPLOGROUPES	SUB-HAPLOGROUPES	INDIVIDUS CONCERNÉS	POPULATIONS REPRÉSENTATIVES [7]
H	H2, H2a2a1, H3p, H5, H6	344A, 344B, 217, 112, 4025A, 228, 569, 121, 255, 518, 117, 312	Nord de l'Europe (Pays de Galles), Sud de l'Europe (Espagne, Italie, Sicile)
HV	HV12b1	61	Moyen-Orient (Iran, Perse, Irak)
HVO	HV0e	424, 2582	Sud de l'Europe (Espagne, Pays Basque, Portugal, Italie), Nord de l'Europe (Finlande)
J	J1c4c, J1c8a	1, 4042, 530A, 106	Moyen-Orient (Perse, Iran), Nord de l'Europe (Slovaquie, Écosse)
N		4025C	Nord de l'Europe (Écosse, Estonie, Norvège, Pologne), Sud de l'Europe (Italie)
T	T2b2b	241	Europe du Sud (Roumanie, Bulgarie, Portugal), Asie (Pakistan), Caucase
U5*	U5a	344B, 2486	Europe du Nord (Estonie, République Tchèque, Autriche), Asie (Pakistan), Caucase
	U5b	52	Europe du Sud (Pays Basque, Sardaigne, Espagne), Europe du Nord (Finlande, Norvège)

Figure 30 – Haplogroupes et populations représentatives.

*Aucune information n'ayant pu être trouvée sur l'haplogroupe U5 et l'individu 4032 étant le seul à le porter, nous l'avons délibérément retiré du tableau. Il n'a pas été exclu de l'étude pour autant.

[© A. Hurel]

Analyse en Composantes Principales

Nous avons par la suite réalisé une Analyse en Composantes Principales (ACP) avec le package Bios2mds de RStudio afin de vérifier si les regroupements d'individus en haplogroupes étaient une caractéristique majeure de leur information génétique. Les résultats sont variés : dans certains cas, haplogroupes et ACP concordent parfaitement. Il arrive aussi que certains individus se confondent en un seul point alors que ni sub-haplogroupe ni même haplogroupe ne sont les mêmes.

Nous avons aussi tenté de savoir si les individus inhumés à proximité les uns des autres possédaient le même haplogroupe, en comparant les regroupements obtenus sur l'ACP au plan de prélèvements (figures 31-32). Ce n'est pas toujours le cas. Certains individus possédant le même sub-haplogroupe ont été retrouvés dans le même remblai alors que d'autres se trouvent à deux extrémités différentes de la nécropole.

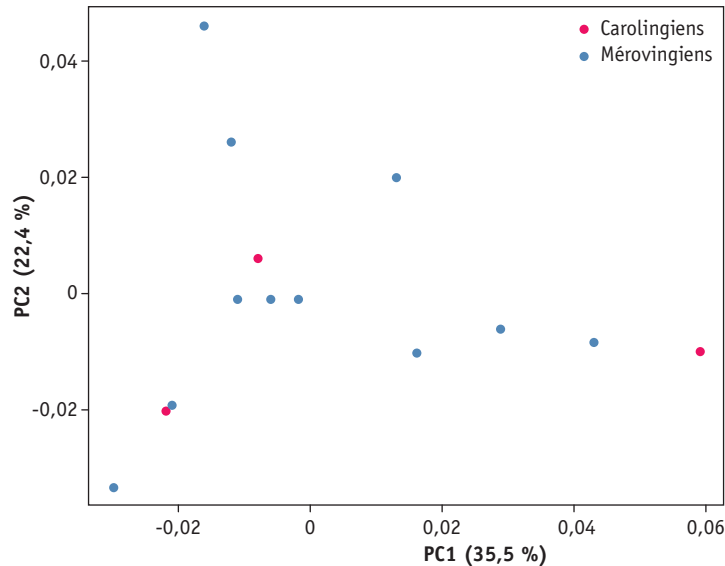


Figure 31 – Analyse en composantes principales.
[© A. Hurel]

INDIVIDU	PC1	PC2	HAPLOGROUPE	
424	-0,008	0,006	HV0	
2582	-0,016	0,046	HV0e	Remblai 526
61	-0,011	-0,001	HV12b1	
344A	0,013	0,020	H2	Remblai 528
344C	0,013	0,020	H2	Remblai 528
217	-0,012	0,026	H2	
112	-0,012	0,026	H2	
121	-0,002	-0,001	H2a2a1	
4025A	-0,002	-0,001	H2a2a1	Remblai 61
228	-0,002	-0,001	H2a2a1	
569	-0,002	-0,001	H2a2a1	
255	-0,006	-0,001	H3p	
518	-0,011	-0,001	H5	
117	-0,006	-0,001	H6	
312	-0,006	-0,001	H6	
1	0,029	-0,006	J	
4042	0,029	-0,006	J	Remblai 106
530A	0,059	-0,010	J1c4c	
106	0,043	-0,008	J1c8a	
4025C	-0,011	-0,001	N	Remblai 61
241	0,016	-0,010	T2b2b	
4032	-0,021	-0,019	U5	Remblai 99
344B	-0,022	-0,020	U5a1	Remblai 228
2486	-0,022	-0,020	U5a1	Remblai 424
52	-0,030	-0,033	U5b1	

Figure 32 – Tableau de coordonnées.
[© A. Hurel]

Conclusions de l'étude de biologie moléculaire

En réalisant ces différents tests, nous avons conscience qu'ils n'allaient pas aboutir à des conclusions certaines. Des informations génétiques sur 25 individus issus d'une nécropole qui en compte 650 n'induisent pas seulement un manque de puissance statistique mais aussi un fort biais d'échantillonnage. Ne serait-ce que dans l'étude des haplogroupes mitochondriaux, comment s'assurer que le ratio 12/25 pour l'haplogroupe H est constant dans toute la population ?

Notre but ayant été de trouver une explication au regard des résultats de nos différentes expériences, la seule qui puisse être valide à ce niveau de précision serait une hypothèse assez simple. Le caractère méso-dolichocrâne observé est une moyenne sur de nombreux individus, dont certains étaient brachycrânes. Nous pouvons supposer que ce caractère a envahi la population de façon naturelle, lors de la reproduction des individus. Il serait intéressant de pouvoir approfondir cette hypothèse en étudiant les séquences génomiques des individus. En effet, la divergence entre les individus n'est pas suffisante pour être pleinement représentée par la séquence mitochondriale HVR1.

La théorie liée aux mouvements migratoires était la seule qui nous paraissait valable, bien qu'un tel événement ne soit pas « documenté » pour la ville de Noisy-le-Grand. De plus, peu d'objets archéologiques ont été retrouvés dans les sépultures de la nécropole de Noisy-le-Grand, donc peu d'informations sur le contexte ou le mode de vie des individus sont disponibles.

Des recherches ont été menées pour envisager d'autres événements menant à ce type de changements morphologiques. La consanguinité n'entraîne pas une brachycéphalie, mais une affection nommée trigonocéphalie causée par une fusion prématurée des sutures frontales. De plus, cette affection a une incidence moins élevée que celle observée dans la nécropole. L'autre facteur de modification de morphologie crânienne pouvant s'exprimer à l'échelle d'une population est l'alcoolémie maternelle, laquelle provoque une microcéphalie. Aucun de ces cas ne correspond à ce que nous pouvons observer sur le site des « Mastraits ». D'autres affections génétiques provoquent des changements de morphologie crânienne, mais ce sont des cas isolés, peu applicables à la génétique des populations.

164

CONCLUSION

Cette étude croisée entre l'archéologie, la biologie moléculaire et la statistique a permis la mise en évidence de la complexité d'étudier des sujets archéologiques sur le seul critère de la métrique crânienne et, pour quelques-uns d'entre eux, de leur ADN. Les résultats sur la méthodologie et sur la problématique sont riches d'enseignements.

Quelle était la question initiale ? En 2009-2010, à la suite de la fouille du site de Noisy-le-Grand, nous avons constaté qu'il existait une différence dans l'aspect général du crâne des sujets, en fonction des phases chronologiques différentes, sur près de cinq siècles. En confrontant nos données avec les collègues, ce postulat était partagé. La question était donc de savoir s'il y avait un changement de morphologie crânienne au début du haut Moyen Âge.

Le premier réflexe pour ce genre de problématique est d'user, voire d'abuser, de mesures sur le squelette crânien, puis post-crânien, étant donné que, s'il existe une modification de la forme du crâne, celle-ci s'applique également à l'ensemble du squelette. Les études de détermination du sexe ont été réalisées selon les méthodes de Jaroslav Bruzek (2002) et de Pascal Murail (MURAIL *et alii* 2005). Les sujets ont été répartis en adulte de sexe indéterminé ; adulte masculin ; adulte féminin et trop jeune. Les mesures ont été prises par deux personnes : C. Le Forestier pour Noisy-le-Grand et C. Fossurier et C. Le Forestier pour Bondy. Les méthodes de prises de mesure étaient sensiblement similaires.

La chronologie a été déterminée sur Noisy-le-Grand à partir des relations stratigraphiques, du mobilier, de quelques études au ¹⁴C et de la pratique funéraire (dans une moindre mesure). Pour Bondy, les méthodes étaient similaires. La plus grande difficulté de datation concernait les sujets du VIII^e au XI^e siècle, le mobilier étant assez rare dans ces sépultures.

Une fois cette collecte de données réalisée, il fallait tester l'homogénéité statistique du corpus. Le site de Noisy-le-Grand ne présentant pas des données suffisantes pour l'époque mérovingienne, le site de Bondy a été également utilisé : même période de fouille, même équipe d'archéo-anthropologues et mêmes phases chronologiques, avec en sus, de nombreuses sépultures gallo-romaines. Les biais commencent peut-être dès cette phase...

Noisy-le-Grand constitue à l'époque mérovingienne un centre important car, à proximité de la nécropole se trouve une villa royale, attestée par les textes. Le statut de la population est donc particulier. Bondy a un statut différent d'autant qu'à l'époque gallo-romaine, elle accueille une « communauté de frères » et est considérée comme un *vicus*. Ces données proviennent du testament d'Ermenthrude, qui, à l'inverse de textes subjectifs, emplis de parti-pris, est censé contenir des informations véridiques. Ces deux sites sont donc contemporains mais n'ont pas les mêmes statuts, qui peuvent influencer sur le type de population inhumée. Les modes de vie et d'alimentation sont vraisemblablement différents, tout comme l'origine : aristocratie mérovingienne pour Noisy-le-Grand, population issue d'une communauté spécifique à l'époque gallo-romaine à Bondy.

À la suite de ces investigations, il apparaît que la différence morphologique observée *de visu* entre les sujets gallo-romains, mérovingiens et carolingiens est significative d'un point de vue statistique. Comme l'a attesté l'étude de biologie moléculaire avec une grande diversité des haplogroupes mitochondriaux, de nombreuses variables individuelles composent les populations de Bondy et de Noisy-le-Grand. Il est donc attesté qu'une nouvelle caractéristique morphologique entre en ligne de compte dans ces populations de l'Est francilien à l'époque mérovingienne.

REMERCIEMENTS

Un grand merci à Bérengère Saliba-Serre Ingénieure statisticien Cnrs de l'Umr 7268 - ADES, pour toute son aide dans le travail d'analyse statistique des données crâniennes, pour ses précieux conseils et ses suggestions. De même, les remerciements s'adressent également à Carole Fossurier (Inrap) pour le partage de ses données et à Philippe Charlier pour avoir accueilli et suivi Agathe Hurel dans son laboratoire tout au long de son stage.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

AUBOIRE G. (1982) - Les découvertes archéologiques de la région parisienne étudiée d'un point de vue anthropologique, *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, XIII^e Série, 9 (1), p. 57-74.

AUBOIRE G. (1988) - Étude comparative de populations gallo-romaines et mérovingiennes en Île-de-France et Normandie, *Revue archéologique de l'Ouest*, 5, p. 109-120.

BAUDOIN M. (1912) - Description anatomique des neuf crânes de la station gallo-romaine des Chaumes, en Saint-Hilaire-de-Riez (Vendée), *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, VI^e Série, 3 (5), p. 321-346.

BERGERET F., MERCIER S. (2011) - *Maîtrise statistique des procédés : Principes et cas industriels*, Paris, Dunod, 176 p.

BILLY G. (1970) - Contribution à l'étude du peuplement mérovingien en Poitou, *Bulletins et Mémoires de la Société d'anthropologie de Paris*, XII^e Série, 6 (3), p. 243-263.

BRUZEK J. (2002) - A method for visual determination of sex, using the human hip bone, *American Journal of Physical Anthropology*, 117 (2), p. 157-168.

BUCHET L. (1978) - La nécropole gallo-romaine et mérovingienne de Frénouville (Calvados). Études anthropologiques, *Archéologie médiévale*, 8, p. 5-54.

DELSAUX M.-A. (1973) - Rapport anthropologique sur la nécropole gallo-romaine d'Oudenburg, *Bulletin de l'Institut Royal des Sciences naturelles de Belgique*, 49 (4), p. 1-51.

GERSTMAN B. B. (2014) - *Basic Biostatistics: Statistics for Public Health Practice*, United States of America, Jones & Bartlett Learning, 648 p.

LE BAGOUSSE A. (1983) - État actuel des recherches anthropologiques en Normandie - l'époque gallo-romaine et médiévale, *Bulletins et mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, XIII^e Série, 10 (2), p. 169-175.

LE FORESTIER C. (dir.) (2012) - *Noisy-le-Grand, 4 rue des Mastraits, Rapport final d'opération*, Inrap CIF / Département de la Seine-Saint-Denis, 2 volumes.

LE FORESTIER C. (dir.) (2014) - Rapport d'activités du Programme Collectif de Recherches Archéologie des nécropoles mérovingiennes en Île-de-France, 112 p.

LE FORESTIER C. (dir.) (2015) - Rapport d'activités du Programme Collectif de Recherches Archéologie des nécropoles mérovingiennes en Île-de-France, 189 p.

LE FORESTIER C. (dir.) (2016) - Rapport d'activités, catalogue des sites, du Programme Collectif de Recherches Archéologie des nécropoles mérovingiennes en Île-de-France, 431 p.

166

LE FORESTIER C. (à paraître) - *Bondy, Quartier De Latre de Tassigny, Rapport final d'opération*, Inrap CIF / Département de la Seine-Saint-Denis.

MONCHOT, H. (1999) - Mixture Analysis and mammalian sex ratio among Middle Pleistocene mouflon of Arago cave, France, *Quaternary Research*, 52 (2), p. 259-268.

MONCHOT H., LÉCHELLE J. (2002) - Statistical nonparametric methods for the study of fossil populations, *Paleobiology*, 28 (1), p. 55-69.

MONCHOT H., MASHKOUR M., VIGNE J.-D. (2002) - Kernel smoothing and mixture analyses for the determination of the sex rations at death, at the beginning of domestication of ungulates, dans : VIGNE J.-D., PETERS J., HELMER D., *The first steps of animal domestication - New archaeozoological approaches*, Oxford, Oxbow books, p. 55-60.

MURAIL P., BRUZEK J., HOUËT F., CUNHA E. (2005) - DSP: a tool for probabilistic sex diagnosis using worldwide variability in hip-bone measurements, *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris*, 17 (3-4), p. 167-176.

OLIVIER G., DEMOULIN F. (1976) - *Pratique anthropologique à l'usage des étudiants*, Paris, Université Paris 7, p. 15-40.

PEYRE E. (1979) - La population mérovingienne de la nécropole de Maule (France, Yvelines) - analyse anthropologique univariée qualitative et quantitative des *crania*, *Bulletins et Mémoires de la Société d'anthropologie de Paris*, XIII^e Série, 6 (1), p. 47-84.

POIGNANT S. (2014) - *Bondy, rue Auguste Polissard, Rapport final d'opération*, Paris, Inrap CIF, 4 vol.

SUZANNE C. (1971) - *Recherche sur la transmission des caractères mesurables de l'homme*, Bruxelles, Institut royal des sciences naturelles de Belgique (Mémoires de l'Institut royal des sciences naturelles de Belgique, 167).

ULRICH H. (1949) - Les populations d'Alsace de la Préhistoire au XVII^e siècle, *Revue d'Alsace*, 89, p. 95-115.

WHITE T.-D., BLACK M.-T., FOLKENS P.-A. (2011) - *Human Osteology*, États-Unis, Elsevier Academic Press, 688 p.

Cyrille LE FORESTIER

Inrap Centre-Île-de-France
Aix Marseille Université/EFS/Cnrs, Umr 7268 - ADES
cyrille.le-forestier@inrap.fr

Clémence MOPIN

Aix Marseille Université/EFS/Cnrs, Umr 7268 - ADES
clemence.mopin@gmail.com

Agathe HUREL

INRA/Université de Bordeaux, Umr 1202 - Biogeco
agathejhurel@gmail.com

Pour citer cet article

LE FORESTIER C., MOPIN C., HUREL A., 2016 - Morphologie crânienne en Île-de-France à l'époque mérovingienne, *RAIF*, 9, p. 139-167.

Revue archéologique d'Île-de-France, numéro 9 – 2016

Table des matières

- 7 Annie ROBLIN-JOUE (†), Monique OLIVE, Patrice RODRIGUEZ, Olivier BIGNON-LAU, Christine CHAUSSÉ
Gaëlle DUMARÇAY, Yann LE JEUNE, Chantal LEROYER, Stéphanie THIÉBAULT, Julia WATTEZ
LES LIMONS FLUVIATILES DU SITE MAGDALÉNIEN D'ÉTIOLLES (ESSONNE, FRANCE)
Bilan des recherches sur le contexte physique et naturel des occupations humaines à Étiolles
- 59 Juliette DURAND, Paulette LAWRENCE-DUBOVAC, Cécile MONCHABLON, Caroline PESCHAU
**DÉCOUVERTE D'UNE SÉPULTURE DANS LA BOUCLE COLMATÉE DE LA MARNE À MEAUX
(SEINE-ET-MARNE) ET LA QUESTION DE SON ATTRIBUTION CHRONOLOGIQUE**
- 75 Anne HAUZEUR, Mathieu RUE, Léa ROUX, Aurélie SALAVERT, Mona COURT-PICON
**OCCUPATIONS DE PLATEAU DU NÉOLITHIQUE À L'ÂGE DU BRONZE
À QUINCY-VOISINS « ZAC DE TERNOY » (SEINE-ET-MARNE)**
- 109 Michel FEUGÈRE, Sylvie SOUBEYROUX
UN PLOMB MAGIQUE, D'ÉPOQUE ROMAINE, À CHÂTEAUBLEAU (SEINE-ET-MARNE)
- 121 Cyrille LE FORESTIER
LE PROGRAMME COLLECTIF DE RECHERCHES
« Archéologie des nécropoles mérovingiennes en Île-de-France »
- 125 Juliette GRALL
**PREMIÈRE APPROCHE DE LA SIGNALISATION DES SÉPULTURES
AU HAUT MOYEN ÂGE EN ÎLE-DE-FRANCE**
- 139 Cyrille LE FORESTIER, Clémence MOPIN, Agathe HUREL
MORPHOLOGIE CRÂNIENNE EN ÎLE-DE-FRANCE À L'ÉPOQUE MÉROVINGIENNE
- 169 Yannick FOUVEZ
**OBJETS « ATYPIQUES » EN CONTEXTE FUNÉRAIRE DE L'ANTIQUITÉ TARDIVE
AU HAUT MOYEN ÂGE EN ÎLE-DE-FRANCE :**
inventaire et tentative de classification
- 203 Ivan LAFARGE
**ÉLÉMENTS D'APPROCHE TYPOLOGIQUE POUR LES TOMBES CONSTRUITES
ET LES TOMBES MAÇONNÉES EN ÎLE-DE-FRANCE DURANT LA PÉRIODE MÉDIÉVALE**
- 233 Jean SOULAT
L'ÉTUDE TYPOCHRONOLOGIQUE DES FIBULES DE VICQ (YVELINES) :
une véritable collection de référence
- 261 Fabienne RAVOIRE
**CÉRAMIQUES CONVENTUELLES DE LA FIN DU XVII^e SIÈCLE DÉCOUVERTES
SUR LE SITE DE L'ABBAYE DE PORT-ROYAL DES CHAMPS À MAGNY-LES-HAMEAUX (YVELINES)**
- 279 François RENEL
CUIRE EN ÎLE-DE-FRANCE :
l'évolution des pots culinaires en terre cuite du XVIII^e à la première moitié du XIX^e siècle
- 299 Jean SOULAT
**L'ARTISANAT DE L'ÉCAILLE DE TORTUE MARINE SUR LE SITE DE LA COUR NAPOLEÓN,
GRAND LOUVRE, PARIS (1^{er} ARRONDISSEMENT) AUX XVII^e-XVIII^e SIÈCLES**
Témoignage de l'exotisme des Petites Antilles

