

UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE
FACULTE DE MEDECINE DE MARSEILLE

THESE

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITE DE LA MEDITERRANEE

spécialité : Anthropologie biologique

**Une nouvelle méthode d'estimation du Nombre Minimum
d'Individus (NMI) par une approche allométrique :
le NMI par exclusions.**

Applications aux séries ostéologiques de la région Provence-Alpes-Côte d'Azur

Présentée et soutenue publiquement par

Sandy PARMENTIER

Née le 23 mai 1983

Le 30 novembre 2010

Membres du jury

P. ADALIAN, Maître de conférences, Université de la Méditerranée, Marseille, *Directeur*

E. CRUBEZY, Professeur, Université Paul Sabatier, Toulouse, *Rapporteur*

G. QUATREHOMME, Professeur, Université Sophia-Antipolis, Nice

G. LEONETTI, Professeur, Université de la Méditerranée, Marseille

P. MURAIL, Professeur, Université Bordeaux 1, Bordeaux, *Rapporteur*

M. SIGNOLI, Directeur de Recherche, CNRS, Marseille, *Directeur*

N. TELMON, Professeur, Université Paul Sabatier, Toulouse

Ecole doctorale : Sciences de l'Environnement
Laboratoire d'Accueil : UMR 6578 – CNRS/EFS/Université de la Méditerranée
Faculté de médecine de Marseille

REMERCIEMENTS

Mes remerciements vont en tout premier lieu aux membres du jury

Je voudrais remercier tout d'abord Monsieur Eric CRUBEZY (Professeur des Universités, Université Paul Sabatier) et Monsieur Pascal MURAIL (Professeur des Universités, Université de Bordeaux I) pour l'intérêt que vous portez à mes recherches en acceptant de juger ce travail et d'en être les rapporteurs. Vos avis et vos critiques sur cette étude seront d'un grand intérêt pour mes recherches à venir. Veuillez trouver ici l'expression de ma sincère reconnaissance.

Je tiens également à remercier Monsieur Gérald QUATREHOMME (Professeur des Universités, Université de Sofia Antipolis), Monsieur Georges LEONETTI (Professeur des Universités, Université de la Méditerranée) et Monsieur Norbert TELMON (Professeur des Universités, Université Paul Sabatier) pour avoir accepté de composer mon jury de thèse et de juger ce travail. Veuillez trouver ici l'expression de mes sincères remerciements.

Mes remerciements vont également à mes deux directeurs

Je remercie Monsieur Pascal ADALIAN (Maître de Conférences, Université de la Méditerranée) pour tout le travail fait au cours de ces trois années de thèse. Pascal, ta confiance, tes encouragements et tes critiques ont été d'importantes sources de motivation. Tes conseils ont toujours été précieux et ont engendré de nombreuses réflexions nécessaires à ma recherche et stimulant ma curiosité. Merci surtout d'y avoir toujours cru et de m'avoir encouragée quand, de mon côté, je doutais. Pour toutes ces raisons, je tiens à te remercier et à te renouveler toute mon amitié.

Je remercie aussi Monsieur Michel SIGNOLI (Directeur de Recherche CNRS, Université de la Méditerranée) pour la confiance que tu m'as accordée en acceptant de diriger ce travail. Au cours de ces années, ta disponibilité malgré tes nombreuses obligations, ton

enthousiasme et tes conseils m'ont permis de toujours travailler dans les meilleures conditions. Ta présence et ton aide lors de certaines journées passées à récolter mes données ont rendu cette tâche beaucoup plus agréable. Sois assuré de tout mon respect, de ma gratitude ainsi que de mon amitié.

Je tiens également à remercier le conseil régional de Provence-Alpes-Côte d'Azur pour m'avoir accordé une bourse doctorale ayant permis de mener à terme ce travail de recherche ainsi que le Service Régional de l'Archéologie de PACA pour m'avoir autorisé l'accès à certaines collections ostéologiques.

Mes remerciements vont ensuite à toutes les personnes présentes dans ma vie par le passé, dans le présent, et je l'espère dans le futur.

Je remercie l'ensemble des personnes du laboratoire pour leur soutien et leur aide au cours de cette thèse. Merci à Aurélien, Aurore, Bérengère, Cyril, François, Gisèle, Laëtitia, Paule, Patrick, Philippe, Stefan et Yann. Je me souviendrais toujours de la convivialité de nos discussions dans le laboratoire autour d'un café ou même, pour certains, lors de réunions de l'équipe funéraire. Un merci plus spécial à Bérengère, pour ton aide très précieuse et ta patience lors du traitement des données statistiques de la thèse.

Je remercie également Aude, Aurore, Gaëlle, Elo, Emilie, Eve, Laureline, Marine, Sandra Virginie et Ysa, pour nos discussions, pour votre soutien sans faille et vos encouragements qui m'ont permis de continuer à y croire et à avancer lorsque je doutais. Tout au long de ces trois années de thèse, je vous remercie d'avoir toujours répondu présentes quand j'en avais besoin.

Un grand merci à Aurore, Elo, Elodie, Eve, Laureline, Marine et Ysa pour votre aide précieuse au cours de longues journées passées au dépôt des Milles à trier, mesurer et ranger des os, le tout dans la bonne humeur. Sans vous je n'aurais pas pu y arriver aussi vite. Un merci plus particulier à Ysa, « mon binôme » depuis le début de cette aventure au dépôt des Milles. Tu vois, finalement, nous sommes venues à bout de ce long travail tout en gardant notre santé mentale.

Merci aux équipes de fouille des cathédrales de Riez et de Sagone et plus précisément à Dalila, Daniel, Emilie, Fabienne, Gisèle, Leila, Pauline et Philippe, pour m'avoir permis de prendre du recul et de m'aérer l'esprit à des moments de la thèse où j'en avais bien besoin.

Enfin pour finir, je voudrais remercier ma famille. Tout d'abord mes parents pour leur présence et leur soutien inconditionnel, malgré les choix que j'ai pu faire. Si ce travail a été mené à terme, c'est également grâce à vous, et, d'une certaine manière, il est aussi le vôtre. Ces quelques lignes ne suffisent pas à exprimer à quel point je vous suis reconnaissante d'avoir toujours été là pour moi.

Je remercie également ma tante, pour avoir suivi d'un œil ma progression au cours de cette thèse et pour sa contribution finale dans la recherche des fautes et autres coquilles du manuscrit.

1	Introduction	7
2	Etat des lieux	13
2.1	Estimation du nombre initial d'individus (NI)	15
2.1.1	Estimateur de Krantz	15
2.1.2	Estimateur de Peterson (ou Lincoln index)	16
2.1.3	Comparaison des deux estimateurs.....	17
2.2	Détermination du nombre minimum d'individus lors de la découverte	18
2.2.1	NISP (Number of Identified Specimens).....	18
2.2.2	NME (Nombre Minimum d'Eléments)	18
2.2.3	MAU (Minimum Animal Units).....	20
2.2.4	NMI (Nombre Minimum d'Individus)	20
2.2.4.1	NMI de fréquence	22
2.2.4.2	NMI étagé	22
2.2.4.3	NMI par appariements	23
2.2.4.3.1	Le calcul du NMI par appariements selon Krantz	23
2.2.4.3.2	Le calcul du NMI par appariements selon Chaplin	24
2.2.4.3.3	Le calcul du NMI par appariements selon Masset.....	25
3	Matériel.....	26
3.1	Délos (Martigues, Bouches-du-Rhône)	27
3.2	Rayettes (Martigues, Bouches-du-Rhône).....	28
3.3	Observance (Marseille, Bouches-du-Rhône).....	29
3.4	Larief (Puy-Saint-Pierre, Hautes-Alpes).....	30
3.5	Notre-Dame du Bourg (Dignes, Alpes de Hautes-Provence)	31
3.6	Eglise Saint-Pierre (Moirans, Isère)	31
4	Méthodes.....	33
4.1	Ostéométrie.....	34
4.1.1	Le choix des individus	34
4.1.2	Le choix des os	35
4.1.3	Le choix des mesures.....	36
4.1.4	La prise de mesures ostéologiques	37
4.1.5	Description des mesures	37
4.2	Indice de mesurabilité.....	47
4.3	Indices de latéralité et d'asymétrie	47
4.4	Détermination du sexe chez les adultes	49

4.5	Estimation de l'âge chez les adultes	50
4.6	Méthodes de calcul de la stature.....	51
4.7	Statistiques descriptives.....	52
4.7.1	Moyenne, écart-type, quantile	52
4.7.2	Diagramme de dispersion	53
4.7.3	Répétabilité et reproductibilité des mesures	54
4.7.4	La régression.....	56
4.7.4.1	La régression linéaire simple	56
4.7.4.1.1	Formule de régression linéaire simple.....	57
4.7.4.1.2	Intervalle de prédiction de la variable dépendante	57
4.7.4.1.3	Coefficient de détermination	58
4.8	Notre nouvelle méthode : le NMI par exclusions.....	58
4.8.1	Protocole de mise en place de la méthode.....	58
4.8.1.1	Echantillon d'apprentissage.....	58
4.8.1.2	Echantillon de validation	60
4.8.1.3	Principe général de la méthode.....	60
4.8.1.4	Principe du test itératif d'exclusion.....	61
4.8.1.5	Principe du raisonnement	62
4.8.1.6	Le logiciel de détermination du NMI par exclusions	70
4.8.2	Protocole de test de la méthode	73
4.8.2.1	Application sur l'échantillon d'ossements du site de Lariey.....	73
4.8.2.2	Application sur l'échantillon d'ossements du site du Mucem.....	75
4.8.2.3	Application sur un cas médico-légal.....	75
4.8.2.4	Applications sur les ossements épars issus des sites du corpus de données	76
4.8.2.5	Expérimentation sur l'influence de l'expérience de l'observateur sur l'application des méthodes du NMI.....	76
4.8.2.5.1	Description de l'expérimentation	76
4.8.3	Récapitulatif des protocoles.....	80
5	Résultats : Partie 1 Mise en place de la méthode.....	83
5.1	Constitution du corpus de données biométriques	84
5.2	Fiabilité des mesures.....	87
5.2.1	Reproductibilité	89
5.2.2	Répétabilité	90

5.2.3	Calcul de l'erreur technique de la mesure	92
5.2.4	Coefficient de corrélation intra-classe	92
5.3	Indice de mesurabilité.....	93
5.3.1	Indice de mesurabilité des os du membre supérieur.....	95
5.3.2	Indice de mesurabilité du coxal	98
5.3.3	Indice de mesurabilité des os du membre inférieur	99
5.4	Indice de latéralité.....	102
5.4.1	Répartition de la latéralisation	103
5.4.2	Indice de latéralité.....	105
5.5	Intérêt des méthodes de calcul de stature dans l'approche du NMI	105
5.5.1	Comparaison de deux méthodes d'estimation de la stature.....	106
5.5.1.1	Echantillon masculin	107
5.5.1.2	Echantillon féminin	108
5.5.2	Observation des différences entre les deux méthodes au niveau d'un individu.....	110
5.5.3	Apport de l'estimation de la stature dans le calcul du NMI	112
5.6	Echantillon d'apprentissage.....	113
5.6.1	Echantillon d'apprentissage total.....	114
5.6.1.1	Exemple d'estimation d'une mesure	115
5.6.2	Echantillon d'apprentissage féminin	115
5.6.3	Echantillon d'apprentissage masculin	116
5.6.4	Calcul de la prédiction d'une mesure et de son intervalle de prédiction à partir des trois échantillons d'apprentissage	116
5.7	Echantillon de validation	118
5.7.1	Nombre d'erreurs dans l'échantillon	119
5.7.2	Nombre d'erreurs par régression	121
5.7.3	Nombre d'erreurs par rapport au coefficient de corrélation de la régression.....	122
5.7.4	Choix des intervalles à 95% contre celles à 99%	124
5.7.5	Echantillon de validation à 99%.....	125
5.7.5.1	Répartition du nombre d'erreurs suivant le côté.....	125
5.7.5.2	Répartition du nombre d'erreurs entre les membres supérieur et inférieur	126
5.7.5.3	Répartition du nombre d'erreurs à l'intérieur d'un même os	128

5.7.5.4	Répartition du nombre d'erreurs entre petites et grandes mesures.....	130
5.7.5.5	Répartition du nombre d'erreurs entre variable à prédire et variable prédictive.....	132
5.7.5.6	Récapitulatif.....	135
5.7.6	Echantillon de validation féminin.....	135
5.7.6.1	Nombre d'erreurs obtenues pour une prédiction faite à partir d'une mesure du coxal.....	136
5.7.7	Echantillon de validation masculin.....	137
5.7.7.1	Nombre d'erreurs obtenues pour une prédiction faite à partir d'une mesure du coxal.....	138
6	Résultats : Partie 2 Applications de la méthode	141
6.1	Comparaison des différentes méthodes de détermination du NMI	142
6.1.1	Application sur un « vrac » dont l'effectif réel est connu : Lariey.....	142
6.1.1.1	NMI de fréquence	143
6.1.1.2	NMI par appariements	144
6.1.1.3	NMI par exclusions.....	146
6.1.1.4	Comparaison des résultats des méthodes de calcul du NMI.....	150
6.1.2	Application sur un « vrac » dont l'effectif réel n'est pas connu : Mucem ..	151
6.1.2.1	NMI de fréquence	151
6.1.2.2	NMI par appariements	152
6.1.2.3	NMI par exclusions.....	152
6.1.2.4	Comparaison des résultats des méthodes de calcul du NMI.....	156
6.1.3	Application sur un cas médico-légal.....	157
6.1.3.1	Contexte de la découverte.....	157
6.1.3.2	Description des ossements retrouvés	158
6.1.3.3	NMI de fréquence et par appariements.....	159
6.1.3.4	NMI par exclusions.....	160
6.1.3.5	NMI par exclusions selon le sexe	164
6.1.3.6	Comparaison des résultats des méthodes de calcul du NMI.....	167
6.2	Applications sur les ossements épars issus des sites du corpus de données.....	168
6.2.1	Délos (Martigues, Bouches-du-Rhône)	168
6.2.1.1	NMI de fréquence	168
6.2.1.2	NMI par exclusions.....	168
6.2.2	Rayettes (Martigues, Bouches-du-Rhône).....	170

6.2.2.1	NMI de fréquence	170
6.2.2.2	NMI par exclusions.....	170
6.2.3	Observance (Marseille, Bouches-du-Rhône).....	173
6.2.3.1	NMI de fréquence	173
6.2.3.2	NMI par exclusions.....	173
6.2.4	Eglise Saint-Pierre (Moirans, Isère)	178
6.2.4.1	NMI de fréquence	178
6.2.4.2	NMI par exclusions.....	178
6.2.5	Synthèse des différentes applications du NMI par exclusions	182
6.3	Expérimentation sur la mise en pratique des différents calculs du NMI.....	182
6.3.1	NMI de fréquence	183
6.3.2	Nombre d'os mesurés	187
6.3.3	NMI biométrique	191
6.3.4	NMI par exclusions.....	195
6.3.5	Comparaison entre le NMI de fréquence et le NMI par exclusions	197
7	Discussion	200
7.1	Les limites des différents modes de calculs du NMI existants	201
7.1.1	Etat de conservation.....	202
7.1.1.1	Facteurs extrinsèques.....	202
7.1.1.2	Facteurs intrinsèques	202
7.1.2	Les liaisons ostéologiques	203
7.1.3	Limites du NMI de fréquence.....	203
7.1.4	Limites du NMI étagé.....	204
7.1.5	Limites du NMI par appariements.....	205
7.1.6	Limite du NMI à partir de l'estimation de la stature	208
7.2	Indice de mesurabilité.....	210
7.3	Asymétrie et indice de latéralité	212
7.3.1	Le membre supérieur	213
7.3.2	Le membre inférieur	213
7.3.3	Au niveau des populations.....	214
7.4	Une nouvelle méthode : le NMI par exclusions	215
7.4.1	Le principe de l'allométrie.....	215
7.4.2	Choix des individus, des os et des mesures	217
7.4.3	Répétabilité et reproductibilité	218

7.4.4	La population d'étude	219
7.4.5	Les différents échantillons de la méthode	219
7.4.5.1	Echantillon d'apprentissage.....	220
7.4.5.2	Echantillon de validation	220
7.4.5.2.1	Echantillon de validation total	221
7.4.5.2.2	Echantillons de validation féminins et masculins.....	224
7.4.6	Le logiciel	224
7.4.7	La Recherche Allométrique par Exclusions (RAE).....	225
7.4.8	Les différentes applications	227
7.4.8.1	Application sur un « vrac » dont l'effectif réel est connu : le cas des individus adultes du site de Lariey	227
7.4.8.2	Application sur un « vrac » composé d'un nombre important d'ossements : le cas des os épars du site du Mucem	227
7.4.8.3	Application sur un cas médico-légal.....	228
7.4.8.4	Applications sur les os épars issus des séries ostéologiques du corpus de données.....	229
7.4.9	Les limites de la méthode	230
7.4.10	Apports du NMI par exclusions.....	231
8	Conclusion	235
9	Bibliographie.....	239
10	Annexes.....	254

1

Introduction

En anthropologie biologique, l'étude des populations inhumées, quelle que soit leur ancienneté, repose pour une large part sur la lecture *d'archives* et l'interprétation contextuelle que l'on peut en faire. Selon l'approche pluridisciplinaire qui caractérise leur démarche, les anthropologues peuvent tout aussi bien s'intéresser à des *archives* « écrites » - registres paroissiaux, registres municipaux, archives hospitalières, *etc...* - qu'à des *archives* « biologiques » - corps momifiés, squelettes, vestiges corporels, *etc....*

La nature même de ce qu'est un document *d'archive* donnera lieu à certaines difficultés d'analyse et d'interprétation. L'incomplétude lors de la constitution, la disparition partielle plus ou moins importante ou encore la technicité que requiert le déchiffrement (qui rend la lecture parfois subjective et nécessite donc un œil expérimenté pour limiter les erreurs de retranscription) sont autant d'obstacles limitant l'étude de ces documents.

De ce fait, la démarche analytique (qui permet d'expliquer le texte) ainsi que la démarche synthétique (qui consiste à définir les grands axes de la réflexion) deviennent indispensables à la compréhension de l'archive.

Dans le cadre des archives biologiques, et plus particulièrement dans les contextes de découvertes d'ossements humains, le niveau de compréhension qui nous est accessible dépend de plusieurs facteurs. Si chaque squelette d'un site (ou chaque os d'un amas) est une page de l'archive, nous pouvons être confrontés aux lacunes suivantes :

- L'incomplétude de l'archive
 - Certaines pages ne sont pas retrouvées du tout : la fouille du site n'est pas exhaustive ou le vrac retrouvé n'est que partiel
 - Certaines pages sont déchirées : il manque une partie du squelette ou de l'os
 - Certaines pages ne sont plus lisibles : les processus taphonomiques ont effacé les caractères sur la page (les caractères morphologiques osseux ou les surfaces corticales)

- La technicité du déchiffrement
 - La reconnaissance des caractères dépend de l'expérience de l'utilisateur. Ceci est d'autant plus vrai que les caractères sont peu différenciés entre

eux (les caractères morphologiques osseux les plus fins ont souvent une part de subjectivité importante).

- La reconnaissance des caractères ainsi que les méthodes évoluent, s'affinent et chacun sait bien comment, en une vingtaine d'années, les techniques de détermination du sexe d'un squelette adulte ont évolué pour devenir extrêmement performantes.
- La démarche analytique
 - Pour pouvoir expliquer un texte d'archive, il est nécessaire d'en analyser et interpréter correctement les expressions. Le choix des méthodes les plus pertinentes (reconnaissance et latéralisation, détermination de l'âge, du sexe ou de la stature en fonction des éléments présents, etc...) est donc primordial et sans cesse à mettre à jour comme évoqué précédemment.
 - La démarche synthétique
 - Elle consiste à dégager les grandes idées du contenu de l'archive (les problématiques générales). Il faut pour cela avoir une vision aussi globale que possible de son contenu et être capable de l'aborder selon plusieurs angles (approche pluridisciplinaire et holistique caractéristique des études anthropologiques).

Bien évidemment, tout ceci est totalement indissociable de la qualité de reconstruction de l'archive et avant de nous lancer dans ces différentes démarches, il faut absolument évaluer quel est le pourcentage de l'archive initiale que nous avons retrouvé. Sans cela, nous ne pourrions pas savoir quel est le degré de confiance qu'il est possible d'accorder à notre lecture et à notre interprétation du texte.

L'étape préalable cruciale à la lecture d'archive est donc de connaître quel est le Nombre Minimal de pages présentes et d'estimer le Nombre Initial de pages de l'archive.

Ces archives peuvent être lues dans différents contextes, pour lesquels l'importance de la détermination du nombre de pages (ou du nombre d'individus présents) est indispensable à la démarche synthétique, et dans tous les cas, la notion de fiabilité est fondamentale. L'estimation du nombre d'individus constitue donc une étape importante et essentielle de l'étude des ensembles osseux, à la fois en contexte funéraire et médico-légal.

En anthropologie funéraire, la découverte d'ossements sans connexion anatomique est régulière. Ces dépôts de restes osseux sont la conséquence de différentes manipulations : réutilisations de tombes (réductions), gestion et organisation de l'espace funéraire (caveaux, ossuaires), secondes funérailles.... L'analyse de ces réutilisations et de ces manipulations d'ossements en contexte funéraire fait partie intégrante de la réflexion concernant la gestion d'un site archéologique. Dans un cadre plus biologique, elle est également fondamentale pour discuter de la constitution des séries anthropologiques. Par ailleurs, il a été mis en évidence l'importance des « os de remplissages » dans une analyse paléodémographique (Guy, 1996). Le terme d'« os de remplissages » correspond dans ce cas pour l'auteur à « *tous les individus dont les dépôts ne sont pas primaires* » (Guy, 1996 p.414). La prise en considération de ces os amène dans certains cas à une modification des données paléodémographiques et remet en question les conclusions des études ne reposant que sur les individus en position primaires au sein des sépultures.

Dans ce contexte précis, il est clair que l'estimation du nombre d'individus présents va non seulement permettre d'affiner les profils paléodémographiques mais aussi de proposer de meilleures hypothèses quant à la gestion de l'espace funéraire, à son utilisation et à sa réutilisation à travers le temps.

En anthropologie médico-légale, l'estimation du nombre d'individus revêt un intérêt majeur à la fois en vue de l'identification des victimes (il est par exemple indispensable de savoir si nous avons retrouvé les restes d'une ou de plusieurs personnes portées disparues) et en raison des implications judiciaires qui en résultent. Les exemples de contexte médico-légaux pour lesquels il est essentiel de dénombrer des ossements afin de déterminer le nombre d'individus présents sont nombreux : « crash » aériens, catastrophes de masse (génocides, guerres), catastrophes naturelles ou tout simplement dans le cas de découvertes d'amas ossements dont l'origine et le nombre d'individus les composant sont inconnus.

A l'heure actuelle, le dénombrement repose sur deux notions différentes : le Nombre Initial d'individus (NI) et le Nombre Minimum d'Individu (NMI). Le NI est une valeur théorique donnant une estimation du nombre d'individu ayant initialement contribué au dépôt funéraire. Il inclut les individus qui n'ont pas été retrouvés au moment de la fouille. Le NMI correspond, quant à lui, au plus petit nombre d'individus nécessaires pour

expliquer la présence de tous les os retrouvés au moment de la découverte (Shotwell, 1958). A ce jour, il existe trois principales méthodes permettant de calculer le Nombre Minimum d'Individus : le NMI de fréquence, le NMI par appariements et le NMI étagé. Le NMI de fréquence correspond au nombre le plus élevé obtenu à l'issue du décompte de l'ensemble des ossements d'un échantillon selon leur type et leur latéralité (Poplin, 1976). Le NMI par appariements introduit la notion de paires probables pour améliorer le calcul du NMI (Chaplin, 1971 ; Krantz, 1968 ; Masset, 1984). Les appariements se font entre os controlatéraux par l'intermédiaire de l'observation de plusieurs critères différents (taille, forme, couleur...). Le NMI étagé affine, pour sa part, le calcul du NMI en incluant des critères de maturité et de taille (Bökönyi, 1970).

La plupart des critères précédemment cités et utilisés pour l'estimation du NMI sont subjectifs car limités par plusieurs phénomènes tels que l'asymétrie, la conservation ou la fragmentation, et dépendent également de l'appréciation de l'examineur. Au final, ils peuvent se révéler être une source d'erreurs.

Si l'on excepte la recherche d'ADN, la meilleure alternative pour s'affranchir de la subjectivité de ces critères est d'utiliser une approche biométrique basée sur le principe de l'allométrie. En effet, la croissance allométrique, phénomène concernant les changements de proportions, est une réalité biologique qui touche tous les organismes vivants. Selon ce principe, il est donc possible à partir d'une mesure biométrique de prédire la valeur de toutes les autres mesures des os du même individu pour peu que des atteintes pathologiques ne viennent pas perturber les différentes régions anatomiques du squelette. A partir de ces prédictions, afin d'estimer le Nombre Minimum d'Individus selon notre approche méthodologique, nous ne raisonnerons pas en termes d'appariements probables mais au contraire en termes d'exclusions certaines de deux os comme ne pouvant pas appartenir à un même individu.

Les objectifs de ce travail sont dans un premier temps de déterminer les mesures biométriques les plus pertinentes, c'est-à-dire celles rendant compte au mieux de la taille et de la forme des os, afin d'établir les formules de régressions permettant de prédire la valeur d'une autre mesure pour le même individu (avec l'intervalle de prédiction individuelle associé). Pour cela, nous mettrons en place un outil informatique (indispensable vu la complexité du raisonnement et le nombre de calculs à effectuer) pour estimer le NMI de l'amas osseux considéré. Enfin, dans un deuxième temps, nous

testerons notre méthode au travers de différentes applications concrètes. L'objectif final que nous nous sommes fixé est de proposer une nouvelle méthode, objective et fiable, d'estimation du Nombre Minimum d'Individus - *le NMI par exclusions* - qui puisse être utilisée aussi bien en contexte funéraire que dans un cadre médico-légal.

2

Etat des lieux

En contexte archéo-anthropologique ou en anthropologie médico-légale, lors de fouilles de sépultures collectives ou lorsque nous sommes confrontés à des zones de réductions ou des ossuaires, la détermination du nombre d'individus présents est un passage nécessaire dans la compréhension de ces ensembles osseux. Cependant, cette estimation n'est pas toujours simple à réaliser. En effet, le résultat du décompte peut être modifié par plusieurs facteurs tels que la fragmentation ou la conservation.

Les méthodes de quantification ont tout d'abord été utilisées dans les études archéozoologiques pour estimer l'abondance des différentes espèces au sein d'un assemblage osseux. Dans ce domaine, la littérature montre une grande variété de techniques existantes (Casteel et Grayson, 1977 ; Lyman, 1994). La multiplication de ces différentes méthodes amène à prendre quelques précautions quant au choix et à l'utilisation d'une technique par rapport à la question posée, et par rapport à ce que nous cherchons. Veut-on estimer le nombre d'individus présents au moment du dépôt ? Ou plutôt déterminer le nombre d'individus présents au moment de la découverte ? La prédominance de l'un ou l'autre des questionnements entraîne l'utilisation de méthodes différentes pour tenter d'y répondre.

Ces méthodes sont toutes soumises à différents biais qui sont difficiles, voire impossibles à contrôler. Il y a entre autres la possibilité que :

- plusieurs individus ou os ne se retrouvent pas au moment de la fouille,
- des os puissent être mal identifiés,
- des os puissent ne plus être identifiables,
- d'autres puissent être fragmentés.

Dans cette optique, il est important de connaître la signification et les critères pris en compte dans le calcul des différentes techniques de quantification.

Il existe des méthodes de calculs qui tentent d'estimer la population initiale (NI) comme :

- l'estimateur de Krantz (1968),
- ou le Lincoln index (ou estimateur de Peterson).

D'autres méthodes permettent de décrire les échantillons, il s'agit de techniques de décomptes des fragments et/ou des individus comme le:

- NISP (Number of Identified Specimens),
- MNE (Minimum Number of Element) ou NME (Nombre Minimum d'Eléments),
- MAU (Minimum Animal Units),
- MNI (Minimum Number of Individuals) ou NMI (Nombre Minimum d'Individus).

Il est important avant d'utiliser l'une ou l'autre des méthodes de connaître les forces et les faiblesses de chacune d'entre-elles, ainsi que ce qu'elles permettent réellement de mesurer. Nous allons donc par la suite expliquer chacune d'entre-elles, puis nous nous attarderons plus précisément sur les méthodes d'estimation du NMI utilisées à l'heure actuelle.

2.1 Estimation du nombre initial d'individus (NI)

2.1.1 Estimateur de Krantz

En 1968, Krantz a tenté un premier essai afin de fournir un estimateur du « nombre initial d'individus d'une population » à partir de l'étude d'un échantillon archéologique. Cette estimation du nombre initial d'individus ayant contribué au dépôt de départ inclue les individus dont les restes ne se retrouvent pas au moment de la fouille.

Pour aboutir à son estimateur, Krantz part du principe que dans un échantillon uniquement formé de paires d'ossements, le nombre d'os du côté gauche, le nombre d'os du côté droit et le nombre de paires sont égaux ($G=D=P$). De ce fait, un tel échantillon contient donc tous les os de la totalité des individus qui y ont contribué. Cependant, une telle situation demeure très rare, tous les os n'étant pas toujours conservés. Krantz explique alors que le fait qu'un os se conserve ou pas est un phénomène aléatoire, mais que cependant tous les os d'un même type ont une probabilité équivalente d'être retrouvé ou non dans l'échantillon.

Cette remarque amène plusieurs cas de figures :

- certains individus peuvent être représentés seulement par un os gauche,
- certains individus peuvent être représentés seulement par un os droit,
- certains par les deux,
- et d'autres par aucun des deux.

Ainsi, la proportion de paires (P) par rapport au nombre d'os gauches (L) est égale à la proportion d'os gauches (L) par rapport au nombre de sujets initialement présents (NI). Il en est de même pour les os droits (R).

Nous obtenons donc :

$$\frac{P}{L} = \frac{L}{NI} \text{ ou alors } \frac{P}{R} = \frac{R}{NI}$$

D'où :

$$NI = \frac{L^2}{P} = \frac{R^2}{P} \text{ (où } L \text{ et } R \text{ sont différents)}$$

$$NI = \frac{\frac{L^2}{P} + \frac{R^2}{P}}{2}$$

Soit :

$$NI = \frac{L^2 + R^2}{2P}$$

L'estimateur de la taille de la population initiale selon la méthode de Krantz a été repris et discuté par la suite par de nombreux auteurs (Fieller et Turner, 1982 ; Horton, 1984 ; Wild et Nichol, 1983).

2.1.2 Estimateur de Peterson (ou Lincoln index)

Il s'agit également d'une méthode permettant d'estimer le nombre d'individus de la population initiale à partir duquel l'échantillon retrouvé s'est formé. Cette méthode se base sur le principe de « capture-recapture » (Fieller et Turner, 1982 ; Turner et Fieller, 1985). Cette technique consiste à capturer un certain nombre d'animaux (n_1) qui sont

marqués, puis relâchés. Quelques temps plus tard, un deuxième groupe d'animaux est capturé (n_2). A l'intérieur de ce deuxième groupe le nombre d'animaux déjà marqués est noté « m », et correspond donc aux animaux ayant été capturés les deux fois. On obtient alors la relation suivante :

$$\frac{n_1 n_2}{m}$$

Si par analogie, on remplace n_1 par L , n_2 par R et m par P (ou L =le nombre d'os gauches, R =le nombre d'os droits et P =le nombre de paires), on obtient alors la nouvelle relation suivante :

$$NI = \frac{L R}{P}$$

Il s'agit d'une estimation du nombre d'individus présents au moment du dépôt et non au moment de la découverte. Un des intérêts de cette méthode est qu'elle fournit des intervalles de confiance (Adams et Konigsberg 2004 et 2008 ; Fieller et Turner, 1982).

Le facteur important dans cette méthode est de déterminer avec certitude le nombre de paires dans l'échantillon sur lequel on travaille. En effet, l'omission d'une vraie paire augmente l'estimation, tandis que l'inclusion d'une fausse paire produit l'effet inverse.

2.1.3 Comparaison des deux estimateurs

L'estimateur de Krantz permet d'obtenir de manière générale des résultats plus élevés que ceux de l'estimateur de Petersen excepté lorsque $L=R$ où le résultat sera le même (Fieller et Turner, 1982). Cependant, ces deux estimateurs donneront des résultats plus grands que le nombre d'individus retrouvés au moment de la fouille, sauf dans le cas où tous les os retrouvés formeraient une paire.

2.2 Détermination du nombre minimum d'individus lors de la découverte

2.2.1 NISP (Number of Identified Specimens)

Il s'agit d'une des premières étapes de quantification, son objectif est de compter le nombre d'ossements pouvant être désignés comme appartenant à une espèce donnée ou à un taxon. Cela concerne donc le dénombrement des os ayant subsistés dans l'assemblage osseux retrouvé. Le NISP compte chaque os ou fragment d'os comme étant une unité à part entière. Une des limites du NISP est la fragmentation, plusieurs éléments pouvant provenir d'un même individu, il est donc possible que de multiples fragments d'un même os puissent être comptés plusieurs fois. Les os grandement fragmentés seront surreprésentés par le NISP par rapport à ceux ayant subi une fragmentation moindre (Chaplin, 1971). De ce fait, un échantillon très fragmenté pourra avoir un NISP plus grand qu'un échantillon mieux préservé, excepté lorsque la fragmentation sera trop extrême et que la plupart des éléments ne seront plus identifiables (Marshall et Pilgram, 1993).

Le NISP possède cependant quelques avantages, il est facile à calculer puisqu'il s'agit d'un simple dénombrement, de plus les différentes valeurs du NISP s'additionnent. Cela veut donc dire que lorsque nous augmentons la taille de l'échantillon d'un site ou que nous combinons deux échantillons, il suffit juste d'additionner les deux valeurs de NISP. En 1955, Shotwell introduit un léger ajustement au calcul du NISP. Il propose de diviser le NISP par le nombre d'éléments identifiables au sein d'un individu. Par exemple, dans le cas d'un tibia, on divise le nombre de fragments par deux, dans le cas des vertèbres cervicales, on divise ce nombre par sept.

2.2.2 NME (Nombre Minimum d'Eléments)

Le premier à introduire cette appellation de Nombre Minimum d'Eléments est Bunn (1982). Ici, le terme « éléments » peut indiquer des parties complètes du squelette (ex : un fémur), mais il peut aussi faire référence à des parties incomplètes (ex : fragment distal de fémur) (Binford, 1978 et 1981 ; Bunn, 1982). Il ne faut donc plus raisonner en termes d'individus, mais en termes de portions de squelette.

Le NME est le nombre minimum d'éléments (ou d'os) nécessaires pour rendre compte de tous les fragments identifiables d'un type d'éléments (synonyme ici d'un type d'os)

(Bunn et Kroll, 1986). Le NME doit être calculé pour chaque type d'os différents (ex : humérus, fémur...). Le calcul du NME est surtout pertinent dans le cas où nous sommes plus intéressés par la représentation des différentes parties anatomiques au sein d'un échantillon que par le nombre d'individus présents à l'intérieur de celui-ci. Pour chaque élément (ou os), nous tenons compte seulement de la partie la plus abondamment présente, par exemple l'épiphyse proximale. En tenant compte de la fragmentation, le but est de garantir que plusieurs fragments provenant du même os, et donc du même individu, ne soient pas comptabilisés deux fois. Il existe plusieurs façons de calculer le NME, dans certains cas les fragments de diaphyses sont exclus de l'étude (Watson, 1979), tandis que d'autres auteurs argumentent en faveur de la prise en compte de ces fragments (Bartram, 1999 ; Bunn et Kroll, 1988 ; Marean et Spencer, 1991 ; Todd et Rapson, 1988). Pour ces derniers, la diaphyse est d'une part moins susceptible d'être altérée par des carnivores qui s'attaquent de façon préférentielle aux extrémités, et d'autre part l'os est à ce niveau plus dense (Lam *et al.*, 1998 et 1999 ; Lyman, 1984).

Il existe deux principales approches pour le calcul du NME : la « *fraction summation* » et l'« *overlap approach* ». Ces deux termes ont été introduits par Marean *et al.* en 2001.

La technique dite de « *fraction summation* » consiste à découper l'os en différentes zones bien identifiables. Watson (1979) a retenu des zones à morphologie spécifique qui sont présentes à la fois sur des os déjà fusionnés comme sur des os plus juvéniles. D'autre part, il inclut dans son décompte du NME, seulement les fragments qui représentent au moins la moitié de la zone choisie. Dans ce cas, le problème majeur de la technique de Watson, réside dans le fait que beaucoup de fragments ne sont pas inclus dans l'étude, notamment les fragments de diaphyse qui ne présentent pas de *foramen* nourricier. Pour inclure plus de fragments, certains auteurs proposent de définir des zones plus petites afin de minimiser le biais lié à la fragmentation (Marean, 1991 ; Marean et Spencer, 1991 ; Morlan, 1994).

La technique dite « *overlap approach* » consiste à prendre en compte les éventuels chevauchements que peuvent avoir les divers fragments retrouvés au moment de la fouille (Bunn et Kroll, 1986 ; Marean et Spencer, 1991 ; Münzel, 1988). Cette technique est plus difficile à mettre en place, car plus le nombre de fragments augmente, plus il est difficile de tenir compte des chevauchements dans le calcul du NME.

Enfin, une des dernières difficultés dans le calcul du NME, est le fait que tous les auteurs ne prennent pas en compte les mêmes critères. Ainsi, si certains considèrent des facteurs d'âge, de sexe et de taille (Bunn et Kroll, 1988), d'autres les ignorent (Binford, 1984).

2.2.3 MAU (Minimum Animal Units)

Cette méthode de quantification a été introduite par Binford (1978), mais sous le terme de NMI. Cependant, ici, ce NMI n'était pas un NMI dans le sens où White (1953a, b) l'entendait. Le terme de MAU est finalement créé par Binford (1984) pour enlever toute ambiguïté avec le calcul du NMI selon la méthode de White (1953a, b). Le MAU est calculé en divisant le NME obtenu pour chaque unité anatomique par le nombre de fois où cette unité anatomique apparaît dans le squelette. Par exemple, un NME de 2 pour des humérus donnera un MAU de 1. Le NME et le MAU permettent d'essayer d'interpréter un possible dépôt différentiel des diverses parties anatomiques. Le MAU selon Binford (1984) ne tient pas compte des critères d'âge et de taille. Les valeurs du MAU sont souvent standardisées (%MAU) en divisant chaque valeur de MAU, par la valeur de MAU la plus élevée au sein du squelette et ensuite en multipliant le résultat par cent.

2.2.4 NMI (Nombre Minimum d'Individus)

Le principe du NMI a été défini par White (1953a). De nombreux auteurs ont orienté ensuite leurs recherches sur cette notion (Casteel, 1977 ; Chaplin, 1971 ; Cruz-Uribe et Klein, 1986 ; Fieller et Turner, 1982 ; Grayson 1973 et 1978 ; Gilbert et Singer, 1982 ; Horton, 1984 ; Krantz, 1968 ; Landon, 2005 ; Marshall et Pilgram, 1993 ; Nichol et Wild, 1984 ; Ringrose, 1993 ; Shotwell, 1955 et 1958 ; Uerpmann, 1973 ; Watson, 1979 ; Wild et Nichol, 1983). L'idée est de déterminer le plus petit nombre d'individus nécessaire pour rendre compte de tous les os présents au moment de la découverte.

“The minimum number is that number of individuals which are necessary to account for all of the skeletal elements (specimens) of a particular species found in the site” (Shotwell 1958 p.272)

De manière générale, le nombre original d'individus est plus grand que le résultat obtenu avec le calcul du NMI. En effet, tous les ossements ne sont pas forcément retrouvés au moment de la fouille, le NMI n'échappant pas au problème de préservation (Grayson,

1978 et 1981). Par ailleurs, les valeurs calculées tendent vers zéro quand la fragmentation est trop extrême et que l'identification des éléments devient quasiment impossible. Les effets de la conservation et de la fragmentation dans les séries ostéologiques, sur le calcul du NMI ont été mis en évidence par S. Bello (2000).

« ... le calcul du NMI est strictement lié aux processus de conservation et de fragmentation du matériel ostéologique. Les limitations imposées par un mauvais état de conservation déterminent un rétrécissement de l'échantillon initial selon deux modalités : l'exclusion des fragments non identifiables anatomiquement et l'exclusion des fragments non utilisables pour le calcul du dénombrement car ils ne comprennent pas de caractère discriminant. Il est évident que ces exclusions seront davantage marquées dans les séries ostéologiques présentant une faible conservation anatomique et une forte fragmentation. » (Bello 2000, p.253)

Il existe différentes possibilités pour la détermination du NMI. Il est donc important d'expliquer la manière dont le calcul a été fait car il conditionne la lecture qui doit être faite des résultats obtenus. Est-ce que nous avons tenu compte des appariements possibles ou non ? Avons-nous pris en considération les critères d'âge, de taille et de sexe ? Ces précisions doivent impérativement être apportées par les auteurs afin de pouvoir comparer les différents résultats (Grayson, 1973).

Pour illustrer l'importance de ces précisions, prenons l'exemple d'un échantillon dans lequel nous avons trois fémurs gauches et deux fémurs droits immatures, mais aussi un fémur gauche et cinq fémurs droits adultes. Si nous ne tenons pas compte des possibles appariements, mais que nous considérons le critère d'âge, nous obtenons un NMI de 8 (5 fémurs droits adultes plus 3 fémurs gauches immatures). En revanche, si nous ne prenons pas en considération le critère de l'âge, nous obtenons cette fois un NMI de 7 (5 fémurs droits adultes plus 2 fémurs droits immatures). A travers cet exemple, nous pouvons facilement constater que les résultats sont différents en fonction de la prise en compte ou non de certains critères.

Trois méthodes sont principalement utilisées dans le calcul du NMI.

2.2.4.1 NMI de fréquence

White (1953a), est le premier à introduire une technique de calcul du nombre d'individus constituant un assemblage osseux. La méthode de Tim White consiste à trier chaque os selon son type et sa latéralité, puis de prendre la valeur la plus élevée qui correspond au nombre minimum d'individus de l'échantillon.

“The method I have used in the studies on butchering technique is to separate the most abundant element of the species found [...] into right and left components and use the greater number as the unit of calculation” (White 1953a, p.397)

En 1976, Poplin reprend l'idée de White (1953a) en introduisant le terme de NMI de fréquence.

Dans ce cas :

$$\text{NMI} = \text{maximum (G, D)}$$

Exemple : dans le cas d'un échantillon constitué de 10 fémurs gauches, 8 fémurs droits, 5 tibias gauches et 6 tibias droits, le NMI de fréquence sera ici donné par le nombre de fémurs gauches à savoir égal à 10.

2.2.4.2 NMI étagé

Cette méthode a été introduite par Bökönyi (1970). Il affine le calcul du NMI en intégrant un critère de maturité. Ainsi, il divise l'échantillon en quatre catégories :

- Infantile,
- Adolescente,
- Adulte,
- Sénile.

Ces catégories se divisent ensuite selon un critère de taille : petite taille, taille moyenne et grande taille. Le NMI d'après Bökönyi correspond à la somme des NMI de fréquence des différents groupes obtenus, selon les critères d'âge et de taille.

2.2.4.3 NMI par appariements

Plusieurs auteurs ont introduit la notion d'appariements dans le calcul du NMI (Krantz, 1968 ; Chaplin, 1971 ; Masset, 1984). Dans ce cas, au sein d'un échantillon d'os gauches et droits, il s'agit de rechercher les os qui appartiendraient à un même individu. Les appariements peuvent alors se faire selon des critères de taille, de forme (gracile/robuste) ou d'âge (Chaplin, 1971).

"...each of the fragments is matched against the others in respect of age and then size. Size can be a difficult criterion to apply for the right and left bones of the animal are not always the same size" (Chaplin 1971, p.70)

Il existe différentes approches du calcul du NMI par appariements.

2.2.4.3.1 Le calcul du NMI par appariements selon Krantz

Krantz (1968) propose une première approche pour le NMI par appariement.

"A variation on this method is possible when right and left bones of the same kind can be accurately paired off as having come from the same individual. In this case the minimum number of individuals is equal to the number of pairs of a given bone, plus the unpaired rights, plus the unpaired lefts." (Krantz 1968, p.286)

Le NMI ainsi calculé sera donc égal au nombre de paires (P) formées, plus le nombre d'os isolés gauches (I_G) et droits (I_D).

D'où:

$$\mathbf{NMI = I_G + I_D + P}$$

Exemple : considérons un échantillon de 20 os gauches et 30 os droits au sein duquel nous avons pu établir 10 paires, ainsi dans ce cas le calcul du NMI donne :

$$\text{NMI} = 10 + 20 + 10 = 40 \text{ individus}$$

2.2.4.3.2 Le calcul du NMI par appariements selon Chaplin

Chaplin (1971) propose une autre façon de calculer le NMI par appariements. Selon lui, les os gauches et droits d'un même type présentent la même probabilité de conservation. Le nombre d'individus est alors égal au nombre d'os gauches impliqués dans une paire, plus le nombre d'os droits impliqués dans une paire (C^t), le tout divisé par deux. Ensuite, l'auteur ajoute à cela le nombre d'os isolés restant (D^t).

Chaplin appelle ce calcul le Grand Mimimum Total (GMT) où :

$$\text{GMT} = \frac{C^t}{2} + D^t$$

Selon Horton (1984), cette formule peut être simplifiée en prenant en compte le fait que :

$$\frac{C^t}{2} = P$$

et que :

$$D^t = (G - P) + (D - P)$$

Nous obtenons alors la formule suivante dans laquelle G est le nombre d'os gauches, D le nombre d'os droits et P le nombre de paires :

$$\mathbf{NMI = G + D - P}$$

Exemple : nous reprenons le même échantillon que précédemment avec 20 os gauches, 30 os droits parmi lesquels nous avons pu faire 10 paires. Nous avons :

$$\text{GMT} = [(10+10) / 2] + 30 = 40 \text{ individus}$$

$$\text{Ou NMI} = 20 + 30 - 10 = 40 \text{ individus}$$

2.2.4.3.3 Le calcul du NMI par appariements selon Masset

C. Masset (1984), propose une dernière formule pour le calcul du NMI en tenant compte des éventuels appariements. Pour lui, il convient d'additionner le nombre de paires (P) et le nombre d'os isolés gauches et droits (I). D'où :

$$\text{NMI} = P + I$$

Exemple : en prenant toujours le même échantillon que dans les deux exemples précédents, nous obtenons cette fois-ci :

$$\text{NMI} = 10 + 30 = 40 \text{ individus}$$

Finalement, nous observons le même NMI dans le cas des formules énoncées précédemment. Les NMI calculés par Krantz (1968), Chaplin (1971), Horton (1984) et Masset (1984) s'énoncent de manières différentes, mais donnent les mêmes résultats car ils sont basés sur des principes identiques. Cette égalité des formules a déjà été démontrée (Villena i Mota, 1997).

Les différentes méthodes de détermination du NMI, utilisées actuellement de façon courante, possèdent cependant des limites principalement liées à la subjectivité des critères retenus (âge pour les individus adultes, taille et forme des os notamment) et dépendent pour beaucoup de l'appréciation de l'observateur. Au vu de ce constat, il paraît important de proposer une nouvelle méthode permettant de s'affranchir de certaines de ces limites.

La première étape préalable à la mise en place d'un nouvel outil méthodologique est évidemment la constitution d'un *corpus* d'étude.

Pour ce travail, nous avons choisi de retenir les individus adultes parfaitement individualisés lors de la fouille, ne présentant pas de pathologie déformante du squelette et provenant de six sites contemporains de l'Époque moderne (XVI^e – XVIII^e siècles). Quatre de ces sites sont des lieux d'inhumations de victimes d'épidémies de peste (un de l'épidémie de 1629-1630 en Dauphiné, trois de l'épidémie provençale de 1720-1722). Les deux derniers sites correspondent à des espaces funéraires paroissiaux intérieur et/ou extérieur à l'édifice cultuel associé.

3

Matériel

Comme évoqué précédemment, le *corpus* retenu dans cette étude est constitué de sépultures provenant de six sites différents (figure 1), à savoir les sites du Délos (Martigues, Bouches-du-Rhône), des Rayettes (Martigues, Bouches-du-Rhône), de l'Observance (Marseille, Bouches-du-Rhône), de Lariey (Puy-Saint-Pierre, Hautes-Alpes), de la cathédrale de Notre-Dame du Bourg (Digne les Bains, Alpes de Haute-Provence) et de l'église Saint-Pierre de Moirans (Moirans, Isère).



Figure 1: Localisation des différents sites

3.1 Délos (Martigues, Bouches-du-Rhône)

Le site

C'est à l'occasion de travaux préalables à la réalisation d'un projet immobilier situé dans le quartier de Jonquières, que des tranchées d'inhumations en relation avec l'épidémie de peste de 1720-1721 ont été découvertes. Une surface limitée à 300 m² environ, encore épargnée par les travaux de fondation et les engins de terrassement, a pu être fouillée dans le cadre d'une opération de sauvetage.

La fouille archéo-anthropologique de cette zone a été effectuée entre février et mars 1994, elle a pu mettre en évidence trois tranchées parallèles, creusées dans la terre arable, sur à

peu près un mètre de profondeur et un mètre de largeur. Environ cinq mètres séparaient les tranchées, les unes des autres. Les tranchées I et II ont pu être fouillées sur une longueur d'environ six mètres. La fouille de la tranchée III n'a été réalisée que sur deux mètres de longueur (Signoli, 2006).

Dénombrement

La tranchée I, située le plus à l'est, d'une largeur d'environ un mètre, contenait le plus grand nombre de squelettes, à savoir vingt-trois individus.

La tranchée II, située à environ cinq mètres à l'ouest de la tranchée précédente, renfermait neuf squelettes à partir desquels deux types d'inhumations ont été distingués. D'une part, quatre inhumations individuelles, avec ou sans chaux, et d'autre part, dans la partie sud de la tranchée, cinq individus ont été déposés les uns sur les autres, au cours d'une même opération d'inhumation.

La tranchée III se trouvait à environ cinq mètres plus à l'ouest de la précédente et n'était pas scellée par une couche de chaux. Elle renfermait cinq inhumations séparées les unes des autres et toutes individualisées par une enveloppe de chaux.

A partir de cette série, nous avons mesuré les paramètres biométriques de 21 adultes.

3.2 Rayettes (Martigues, Bouches-du-Rhône)

Le site

C'est à l'occasion du projet d'implantation d'un complexe résidentiel qu'a été mise en évidence, au lieu-dit les Capucins à Martigues, la présence d'un vaste ensemble funéraire présentant les caractères propres aux sépultures de catastrophe (Tzortzis, 2003 ; Tzortzis et Signoli, 2009). Cet ensemble correspond plus particulièrement à un charnier de l'épidémie de peste ayant touché la ville de Martigues entre 1720 et 1721.

Le site se trouvait à l'ouest du quartier de Ferrières, en contrebas d'une butte sur laquelle, au début du XVII^e siècle, fut édifié un couvent de Capucins.

Le dénombrement total et la localisation précise des sépultures ont été faits par un décapage général, mécanique puis manuel. L'ensemble funéraire est composé de cinq tranchées d'inhumation orientées est-ouest et de dimensions variables.

Dénombrement

La tranchée I a mis au jour un total de trente-cinq individus. La fouille de la tranchée II a permis de recenser vingt-trois individus. La tranchée III contenait quant à elle au total trente-neuf individus répartis de façon globale sans hiatus. Les tranchées IV et V ont révélé respectivement quatre-vingt-seize et six individus.

La fouille a ainsi permis de collecter une série de 199 squelettes dans un état de conservation généralement satisfaisant. Sur ces 199 individus, 112 individus adultes ont été mesurés et pris en compte dans notre *corpus*, auxquels s'ajoutent de nombreux os provenant d'inhumations perturbées par des aménagements anciens et considérés dans notre étude comme étant du « vrac ».

3.3 Observance (Marseille, Bouches-du-Rhône)

Le site

Le charnier se trouvait sur un terrain qui, au début du XVIII^e siècle, correspondait à la surface occupée par les jardins du couvent des frères Observantins. Cet espace se trouvait à la limite Nord de la ville, mais à l'intérieur des remparts de celle-ci. Dans un premier temps, une série de sondage a été réalisée, révélant l'existence d'une intéressante stratigraphie de vestiges archéologiques d'Époques archaïque, classique, hellénistique et romaine. Tous ces vestiges étaient en partie recouverts par un charnier de pestiférés datant de l'Époque moderne, en l'occurrence de la rechute épidémique que connue Marseille au printemps 1722.

La fosse découverte dite de « l'Observance » mesurait une trentaine de mètres de longueur sur une dizaine de mètres de largeur avec une profondeur d'environ trois mètres (Signoli, 2006). Le fond de la fosse était constitué, dans la partie centrale, par un sol d'habitat romain réalisé en béton de tuileau. Les limites Ouest et Est de ce charnier ne sont pas connues, car hors de l'emprise de l'intervention archéologique.

Dénombrement

Au total, 179 individus ont été prélevés lors des différentes phases de fouille de la fosse de l'Observance. De plus, à partir des ossements épars, recueillis par les engins de terrassements lors des travaux de fondations sur les limites Ouest et Est, un calcul du

NMI de fréquence (Poplin, 1976) a été fait, déterminant 37 individus supplémentaires. Le dénombrement total donne donc un nombre minimum de 216 individus.

Au final, après avoir retiré les immatures, 118 individus adultes sont venus compléter notre *corpus* de données. De plus, nous avons également mesuré l'ensemble des os épars jugé comme provenant d'individus adultes, prélevés après l'intervention archéologique.

3.4 Lariey (Puy-Saint-Pierre, Hautes-Alpes)

Le site

Le cimetière de Lariey se trouve à une altitude de 1 300 mètres, à environ 350 mètres en contrebas de la commune de Puy-Saint-Pierre. L'ensemble funéraire a été implanté dans l'angle Sud-ouest d'une parcelle de 1 800 m² environ qui correspond à une clairière isolée des différents hameaux qui composent ce village. L'emprise du cimetière occupe la quasi-totalité d'un petit replat de terrain s'insérant entre une pente escarpée à l'Ouest et une zone sensiblement plus pentue à l'Est.

L'enclos cimétierial occupe un espace d'environ 53 m² légèrement incliné vers le Sud. L'essentiel des inhumations se répartit en deux alignements longitudinaux séparés par un espace d'un mètre environ pratiquement exempt de corps et qui peut être interprété comme un espace de circulation.

Ce site d'inhumation peut être mis en relation avec l'épidémie de peste de 1628-1632 (Signoli *et al.*, 2007).

Dénombrement

L'organisation spatiale de l'ensemble funéraire a montré une densification des inhumations du Nord vers le Sud. En effet, le secteur Nord est uniquement occupé par des sépultures individuelles, le secteur central se distingue par la présence de trois sépultures doubles d'individus immatures et le secteur Sud est composé d'inhumations multiples et simultanées.

Au total, au cours de la fouille 34 individus (17 adultes et 17 immatures) mis en place dans des fosses excavées dans le substrat, ont été découverts.

Nous avons incorporés 16 individus adultes dans notre *corpus* de données. Ces individus ne seront pas intégrés dans l'échantillon servant à calculer les formules de régressions, mais seront utilisés pour une application concrète de la méthode.

3.5 Notre-Dame du Bourg (Dignes, Alpes de Hautes-Provence)

Le site

Le site se trouve au Nord-est de la ville de Dignes. Les fouilles de l'ancienne cathédrale médiévale et de son environnement Nord et Ouest ont permis la découverte de multiples structures antiques, médiévales et modernes, auxquelles étaient associées d'importantes séries de tombes (près de 1 400 au total).

Les inhumations les plus anciennes datent des III^e et IV^e siècles et les plus récentes des XVI^e et XVII^e siècles. Ces inhumations étaient en cercueil ou en fosse sommaire et se retrouvaient à la fois à l'intérieur et à l'extérieur de l'édifice. L'état de semi-abandon du site, déserté au profit de la ville haute mieux protégée, a eu le mérite, en entraînant un exhaussement continu des sols, de favoriser la conservation des vestiges les plus anciens (Demians d'Archimbaud, 1988 ; Le Hors, 1989).

Dénombrement

Ce site compte près de 1 400 tombes dont la chronologie est connue, parmi lesquelles se trouvent environ 600 sépultures datées de l'Époque moderne, sépultures qui font plus particulièrement l'objet de notre attention.

Dans le cadre de notre *corpus*, nous n'avons retenu que les tombes individuelles de cet échantillon moderne, afin de pouvoir disposer d'ossements pour lesquels l'appartenance à un même sujet ne faisait aucun doute.

Après avoir écarté les immatures, c'est au final 429 individus adultes qui ont été mesurés et ajoutés à notre *corpus*.

3.6 Eglise Saint-Pierre (Moirans, Isère)

Le site

La ville de Moirans se situe à 15 km au Sud de Grenoble. L'église Saint-Pierre se trouve en périphérie du bourg médiéval. Au cours des fouilles, il a été mis en évidence trois phases principales de construction de l'église. Une première datant de la fin du XI^e siècle ou du début du XII^e siècle et qui correspond à une nef simple, un chevet à large abside en

hémicycle précédé d'une travée de chœur, elle-même accostée de deux bras de transept munis chacun d'une absidiole. Une deuxième phase datant de la seconde moitié du XII^e siècle, et qui voit la construction d'une triple nef voûtée greffée sur le chevet de la période antérieure, à laquelle appartiennent les murs actuels des bas-côtés. Et enfin une dernière phase, datée probablement de la fin du XIII^e siècle ou du début du XIV^e siècle qui voit le vaisseau central de la nef entièrement reconstruit, les voûtes de la nef sont alors supprimées. L'abside est pour sa part réduite. Jusqu'en 1863, l'église était entourée du cimetière paroissial, cimetière aujourd'hui détruit (Badin de Montjoye, 2007).

Les fouilles sont en cours dans l'église depuis 2002, elles se sont concentrées sur le collatéral nord de la nef, la chapelle qui le prolonge à l'est, l'abside et la travée de chœur. Les différentes zones de fouille sont délimitées en six secteurs. De nombreuses sépultures primaires individuelles ont été mises au jour, ainsi que de nombreux os épars et des réductions retrouvées dans le comblement des fosses témoignant d'une utilisation funéraire importante du site (Civetta, 2003).

Dénombrement

Au total, 158 inhumations primaires individuelles datées très majoritairement de l'Époque moderne (XVII^e-1^{er} quart du XIX^e siècle) ont été mises au jour réparties dans les six secteurs (I, II, III, IV, V et VII) délimités par des éléments architecturaux significatifs.

Parmi ces inhumations primaires, nous avons retenu 72 adultes qui ont été mesurés, puis incorporés dans notre *corpus* de données.

4

Méthodes

4.1 Ostéométrie

4.1.1 Le choix des individus

Dans le cadre de notre étude, il a été important d'essayer d'appréhender la notion de variabilité. La variabilité est un phénomène complexe que nous retrouvons à plusieurs niveaux, à la fois entre différentes populations (inter-populationnelle), entre différents individus d'une même population (intra-populationnelle/inter-individuelle) et au sein même d'un individu (intra-individuelle). Suivant les paramètres considérés, la variabilité peut être plus importante chez l'un ou l'autre des deux sexes. Nous avons donc dû mesurer un corpus d'individus suffisamment important afin d'essayer de prendre en compte un maximum de cette variabilité.

Par souci méthodologique, nous avons sélectionné uniquement des squelettes bien individualisés, c'est-à-dire pour lesquels l'appartenance des os à un seul et même individu ne faisait aucun doute. Bien qu'ayant pris en compte également des individus issus de charniers de pestiférés dans notre étude, les os issus de ces derniers ne laissaient aucun doute quant à leur appartenance individuelle au moment de la fouille (figure 2).

Sur l'ensemble de ces individus, nous avons uniquement sélectionné les individus adultes, c'est-à-dire ceux pour lesquels toutes les épiphyses des os longs étaient soudées. De plus, ces individus adultes devaient permettre la prise d'au-moins deux mesures à partir des os du squelette.

Pour finir, nous avons retiré de notre échantillon, tous les individus qui présentaient des atteintes pathologiques qui auraient pu entraîner une modification de la taille ou de la forme des os. Enfin, lorsqu'un doute subsistait quant à une possible pathologie présente sur certains os d'un individu, ce dernier a été systématiquement retiré de l'étude.

Au total à partir de ces critères, nous avons sélectionné et mesuré 768 adultes provenant de six sites différents (tableau 1).



Figure 2 : Individus inhumés dans la tranchée I du site des Rayettes (Martigues)

	Adultes
Délos	21
Rayettes	112
Observance	118
Larrey	16
Notre-Dame du Bourg	429
Moirans	72
Total	768

Tableau 1: Répartition des individus selon les différents sites

4.1.2 Le choix des os

Il est rare qu'un échantillon ostéoarchéologique se conserve entièrement, en effet les restes osseux sont sujets à divers processus susceptibles de dégrader les os, tels que les processus taphonomiques. L'action de ces derniers se matérialise par une mauvaise conservation voire une non-conservation des différentes pièces osseuses, notamment les plus fragiles. Le décompte dans le cadre du NMI se basant sur des pièces ostéologiques dont l'identification et la latéralisation sont nécessaires, certains os nous ont semblé ne pas être pertinents et nous les avons donc volontairement écartés.

Nous n'avons pas inclus dans notre étude le crâne, principalement en raison du nombre trop important de mesures qui se révéleraient nécessaires pour rendre compte au mieux de sa forme. Par ailleurs, le temps nécessaire à la prise de toutes ces mesures ne nous a pas paru justifié par rapport au gain potentiel dans l'estimation du NMI.

Les côtes trop souvent fragmentées et difficilement identifiables ainsi que les vertèbres n'ont également pas été retenues. Si nous prenons le cas des côtes par exemple, et de la cinquième côte gauche plus précisément, considérée isolément, celle-ci ne diffère guère de la précédente ou de la suivante. Son identification avec certitude demeure très souvent problématique. Le même problème se pose avec les vertèbres d'un même segment, surtout si elles sont fragmentées. Même si l'atlas et l'axis sont en revanche facilement identifiables avec certitude, nous ne les avons toutefois pas retenues dans notre *corpus* car elles sont souvent mal conservées. Les os du carpe, du tarse (sauf le talus et le calcanéum), les métacarpes, les métatarses et les phalanges des mains et des pieds n'ont également pas été retenus. La principale raison de cette non sélection est leur faible présence, de manière générale, dans les grands ensembles osseux, particulièrement dans les contextes de recrutement secondaire.

Au final, nous avons retenu les os longs des membres qui sont souvent retrouvés à la fouille et dont la conservation est de manière générale plutôt bonne, notamment au niveau de la diaphyse, endroit où la corticale est plus dense. Des os plats ont également été sélectionnés du fait de leur présence quasi systématique en contexte archéologique, même si la conservation de ces pièces est sujette à de grandes variations.

A l'arrivée notre choix s'est donc porté sur **12 os**, à savoir : la scapula, la clavicule, l'humérus, l'ulna, le radius, le coxal, le fémur, la patella, le tibia, la fibula, le talus et le calcanéum.

4.1.3 Le choix des mesures

Pour les raisons susmentionnées, les séries ostéologiques sont souvent fragmentées et les analyses quantitatives ne reposent ni sur des os ou des individus complets, mais sur des fragments et donc sur des régions anatomiques précises. En conséquence, outre le choix de prendre des longueurs maximales d'os longs, nous avons privilégié des mesures

concernant des régions bien précises de ces os, qui en plus d'être généralement retrouvées au moment de la fouille, sont assez facilement identifiables et latéralisables.

Nous avons choisi des mesures aisées à prendre et à reproduire, permettant de rendre compte au mieux de la taille et de la forme des os, ainsi que de faire des comparaisons entre les différents os choisis. Nous n'avons pas voulu utiliser des mesures qui introduiraient une imprécision au niveau de la localisation de points anatomiques qui auraient inmanquablement amené un facteur d'erreur quant à la reproductibilité et la répétabilité de la mesure envisagée.

A partir de ces critères, notre choix s'est porté au final sur **136 mesures** (68 par côté du squelette) qui sont principalement des longueurs maximales, des diamètres antéropostérieurs et transverses au milieu, des périmètres au milieu ainsi que des largeurs au niveau des épiphyses.

4.1.4 La prise de mesures ostéologiques

Nous avons choisi la mise en place d'une méthodologie relativement simple à mettre en œuvre et facile à reproduire. En effet, la prise de mesure ostéométrique est une technique couramment utilisée en anthropologie, que cela soit dans un but de calcul de la stature ou dans le calcul de différents indices.

Pour la mise en place de notre méthode, un matériel de mesure composé d'un pied à coulisse, d'un ruban millimétrique et d'une planche ostéométrique a été utilisé. La planche ostéométrique nous a permis de mesurer les longueurs maximales et physiologiques des os, le pied à coulisse a permis de prendre des diamètres ou des largeurs et enfin le ruban a servi à mesurer le périmètre des os.

4.1.5 Description des mesures

Au total, 68 mesures par côté ont été effectuées sur les adultes. Ces dernières sont pour la plupart classiques en anthropologie (Martin et Saller, 1959 ; Olivier, 1960) et sont réparties sur les 12 os retenus et précédemment cités (figures 3 à 13).

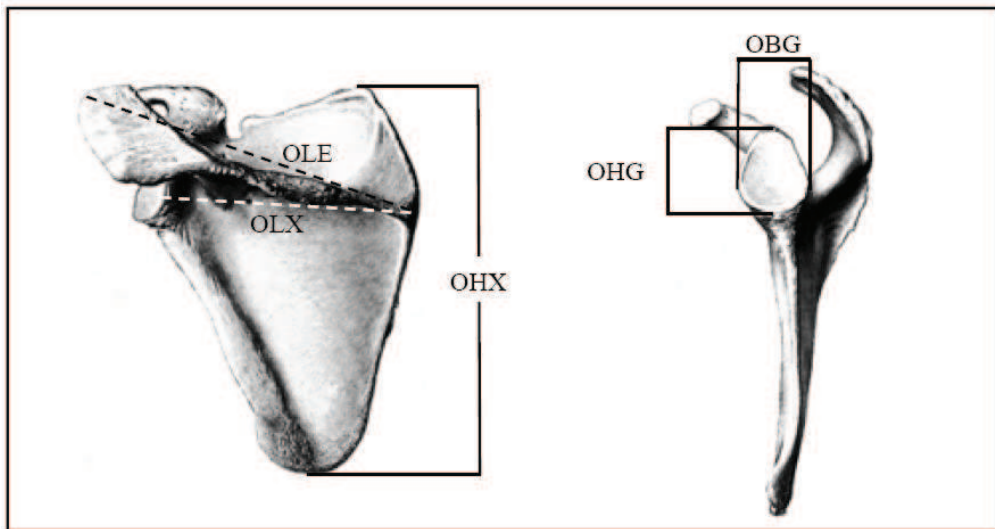


Figure 3 : Mesures prises sur la scapula (modifié d'après Sobotta, 1977)

Scapula (5 mesures)

OHX : hauteur de la scapula (distance entre le point le plus haut de l'angle supérieur et le point le plus bas de l'angle inférieur) (Martin n°1)

OLX : largeur de la scapula (largeur prise entre le centre de la cavité glénoïde et le point médian situé sur le bord de la surface triangulaire de l'épine) (Martin n°2)

OLE : longueur de l'épine (longueur prise entre le point le plus latéral de l'acromion et le point médian situé sur le bord de la surface triangulaire de l'épine) (Martin n°7)

OHG : hauteur de la cavité glénoïde (distance rectiligne entre le point le plus proéminent du rebord supérieur de la cavité et le point le plus bas du rebord glénoïdien) (Martin n°12)

OBG : largeur de la cavité glénoïde (distance rectiligne et perpendiculaire à OHG entre les points les plus latéraux du rebord articulaire) (Martin n°13)

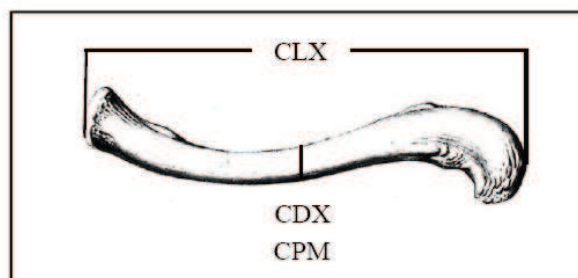


Figure 4 : Mesures prises sur la clavicule (modifié d'après Sobotta, 1977)

Clavicule (3 mesures)

CLX : longueur maximale (distance entre l'extrémité sternale et l'extrémité acromiale)
(Martin n°1)

CDX : diamètre maximum au milieu

CPM : périmètre au milieu (à prendre perpendiculairement à l'axe diaphysaire) (Martin n°6)

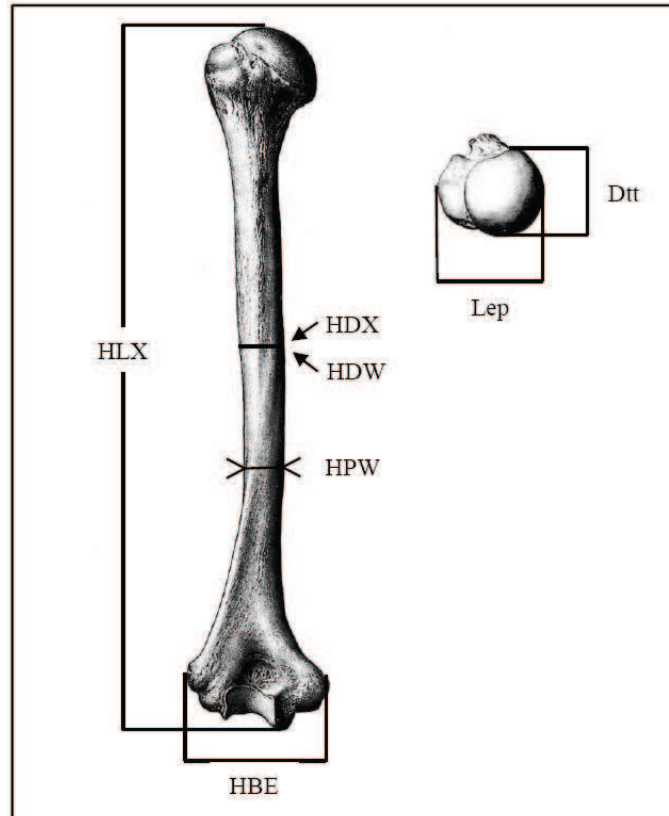


Figure 5 : Mesures prises sur l'humérus (modifié d'après Sobotta, 1977)

Humérus (7 mesures)

HLX : longueur maximum (distance rectiligne entre le point le plus haut sur la tête humérale et le point le plus bas de la trochlée) (Martin n°1)

HDX : diamètre maximum au milieu (Martin n°5)

HDW : diamètre minimum au milieu (Martin n°6)

HPW : périmètre minimum (Olivier)

HBE : largeur transversale de l'épiphyse distale (Martin n°4)

Lep : largeur maximale de l'épiphyse proximale (Martin n°3)

Dtt : diamètre transversal de la tête articulaire (Martin n°9a)

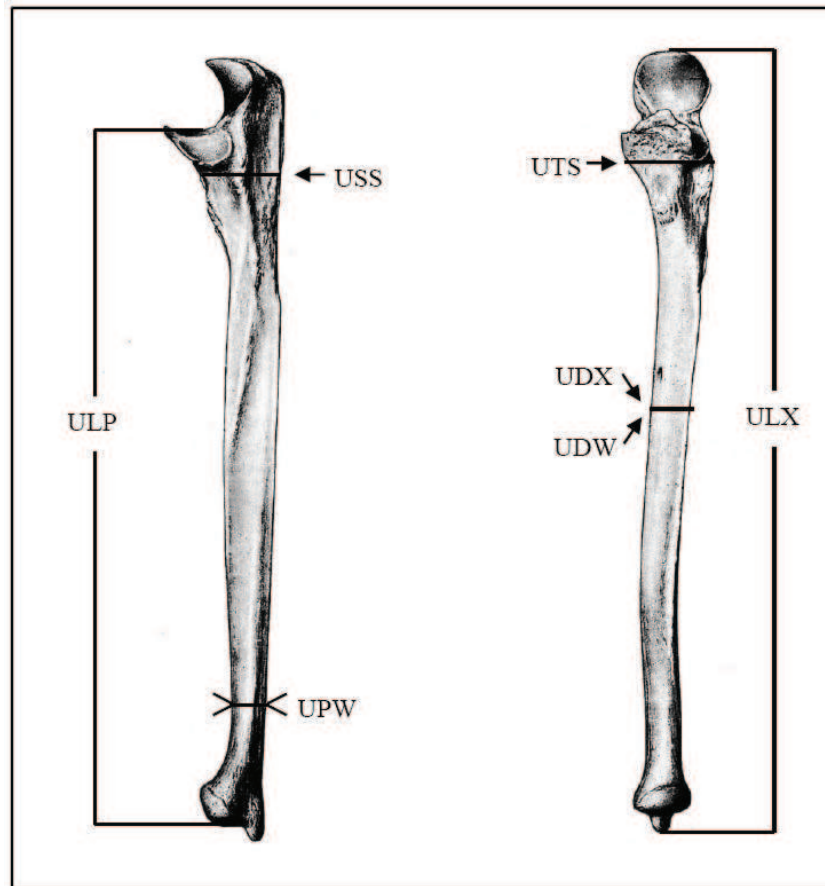


Figure 6 : Mesures prises sur l'ulna (modifié d'après Sobotta, 1977)

Ulna (7 mesures)

ULX : longueur maximale (distance entre le point supérieur de l'olécrâne et la pointe du processus styloïde) (Martin n°1)

ULP : longueur physiologique (prise entre le milieu de l'incisure trochléaire et le centre de la surface articulaire de l'épiphyse distale) (Martin n°2)

UDX : diamètre maximum au milieu

UDW : diamètre minimum au milieu

UTS : diamètre transverse sous-sigmoïdien (Martin n°13)

USS : diamètre antéro-postérieur sous-sigmoïdien (Martin n°14)

UPW : périmètre minimum (se situe généralement juste au-dessus de l'épiphyse distale) (Martin n°3)

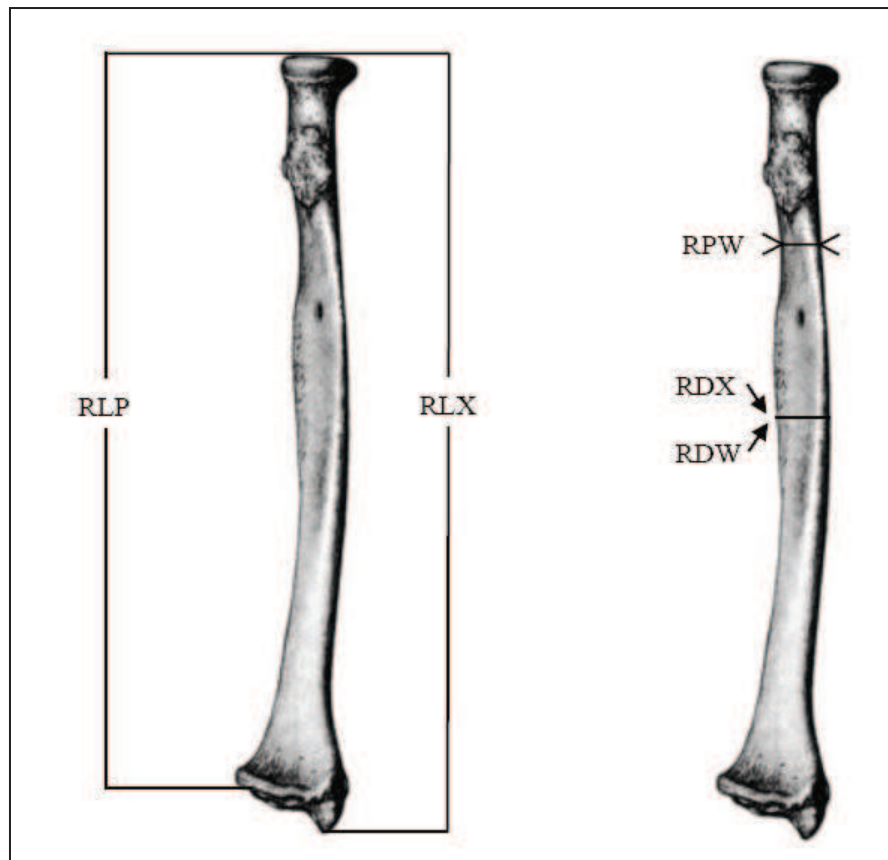


Figure 7 : Mesures prises sur le radius (modifié d'après Sobotta, 1977)

Radius (5 mesures)

RLX : longueur maximale (distance entre le point le plus haut du *capitulum* et la pointe du processus styloïde) (Martin n°1)

RLP : longueur physiologique (distance rectiligne entre les points les plus profonds des surfaces articulaires proximale et distale) (Martin n°2)

RPW : périmètre minimum (se situe généralement juste au-dessous de la tubérosité bicipitale) (Olivier)

RDX : diamètre maximum au milieu

RDW : diamètre minimum au milieu

Coxal (10 mesures)

Nous ne ferons pas ici la description précise de ces mesures, celles-ci étant bien détaillées dans le cadre de la méthode de la DSP mise en place par Murail *et al.* (2005) pour déterminer le sexe d'un individu.

PUM : longueur du pubis

SPU : largeur pubo-acétabulaire

DCOX : hauteur maximale de l'os coxal

IIMT : hauteur de la grande incisure ischiatique

ISM : longueur post-acétabulaire de l'ischion

SCOX : largeur de l'ilion

SS : longueur spino-sciatique

SA : longueur spino-auriculaire

SIS : largeur cotylo-sciatique

VEAC : diamètre vertical de l'acétabulum

Pour des raisons dépendantes de la programmation, il a été nécessaire de renommer la mesure « SS » en « ILION ». Il est donc important de ne pas oublier de renommer cette variable dans les fichiers Excel utilisés dans le cadre de notre méthode.

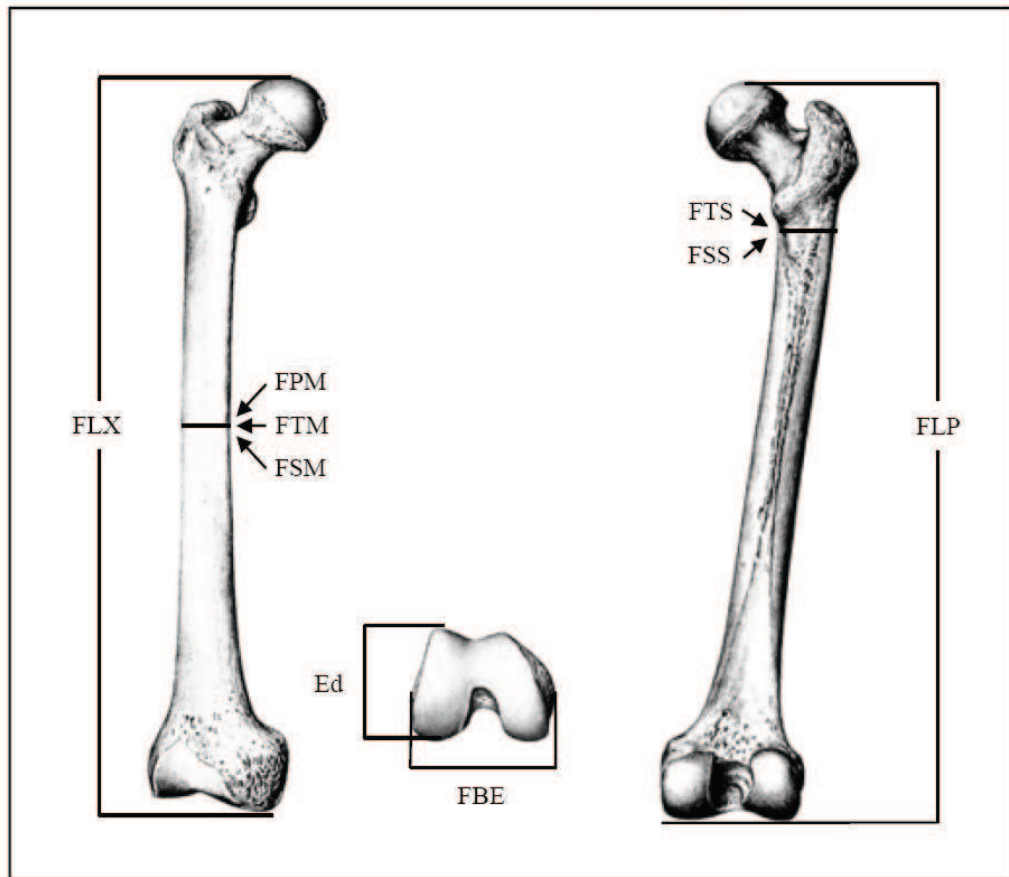


Figure 8 : Mesures prises sur le fémur (modifié d'après Sobotta, 1977)

Fémur (9 mesures)

FLP : longueur en position (distance entre le point le plus élevé de la tête fémorale et la tangente passant à l'extrémité des condyles) (Martin n°2)

FLX : longueur maximale (distance entre le point le plus élevé de la tête fémorale et le point le plus bas du condyle médial) (Martin n°1)

FPM : périmètre au milieu (Martin n°8)

FTM : diamètre transverse au milieu (Martin n°7)

FSM : diamètre antéropostérieur au milieu (Martin n°6)

FTS : diamètre transverse sous-trochantérien (Martin n°9)

FSS : diamètre antéropostérieur sous-trochantérien (Martin n°10)

FBE : largeur maximale de l'épiphyse distale (distance entre les deux points latéraux les plus saillants) (Martin n°21)

Ed : épaisseur antéropostérieure de l'épiphyse distale

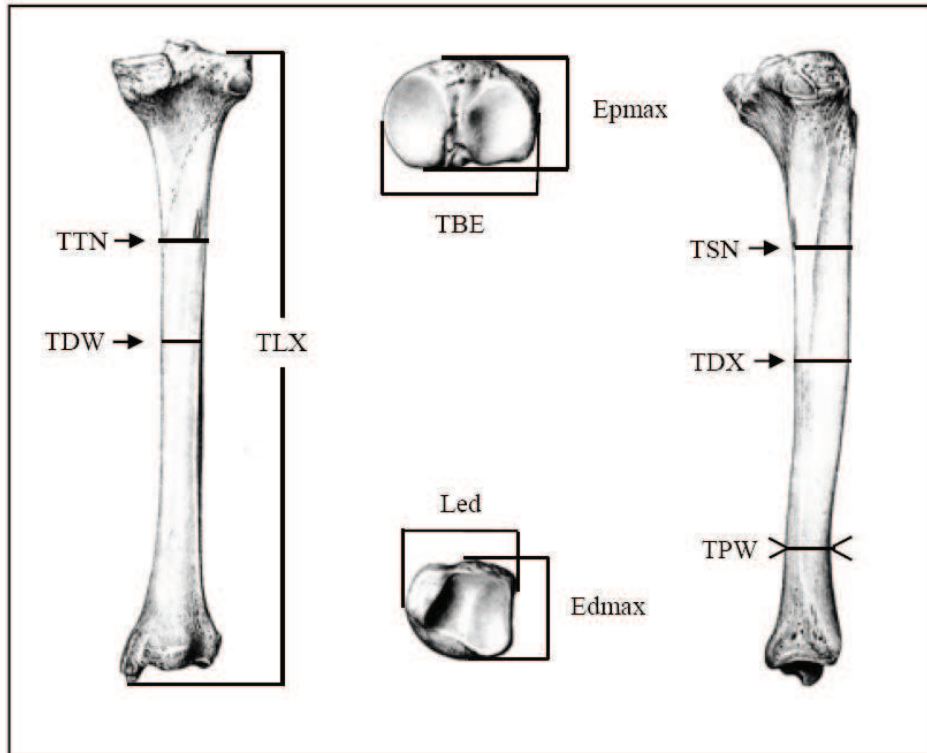


Figure 9 : Mesures prises sur le tibia (modifié d'après Sobotta, 1977)

Tibia (10 mesures)

TLX : longueur maximale (distance entre la surface articulaire du condyle latérale et la pointe de la malléole médiale) (Martin n°1)

TPW : périmètre minimum (se situe généralement au tiers inférieur du tibia, au niveau où la *margo anterior* commence à s'effacer) (Martin n°10b)

TDX : diamètre maximum au milieu (ou diamètre antéropostérieur au milieu) correspondant à la distance rectiligne entre la *margo anterior* et la *facies posterior* au milieu de la diaphyse (Martin n°8)

TDW : diamètre minimum au milieu (ou diamètre transversal au milieu) correspondant à la distance rectiligne entre la *margo medialis* et la *margo interossea* au milieu de la diaphyse (Martin n°9)

TSN : diamètre antéropostérieur au trou nourricier (Martin n°8a)

TTN : diamètre transverse au trou nourricier (Martin n°9a)

TBE : largeur de l'épiphyse proximale

Epmax : diamètre antéropostérieur de l'épiphyse proximale

Edmax : diamètre antéropostérieur de l'épiphyse distale

Led : largeur transversale de l'épiphyse distale

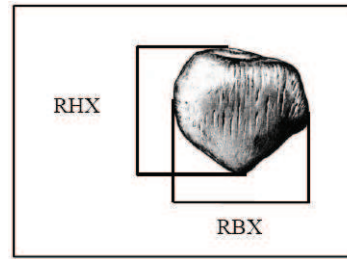


Figure 10 : Mesures prises sur la patella (modifié d'après Sobotta, 1977)

Patella (2 mesures)

RHX : hauteur maximale (Martin n°1)

RBX : largeur maximale (Martin n°2)

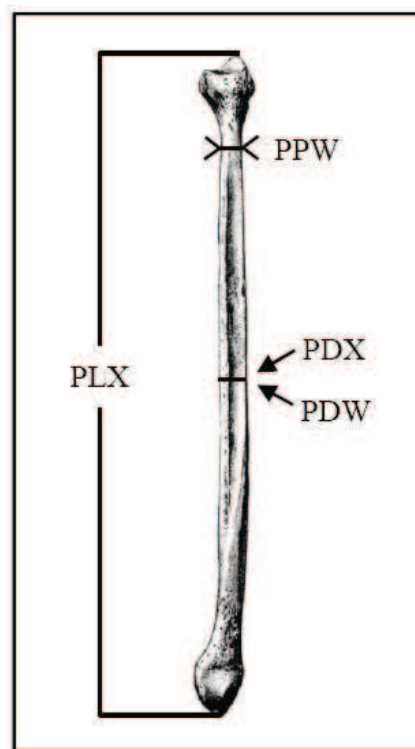


Figure 11 : Mesures prises sur la fibula (modifié d'après Sobotta, 1977)

Fibula (4 mesures)

PLX : longueur maximale (distance de la pointe de l'apex à la pointe de la *malléole latérale*) (Martin n°1)

PPW : périmètre minimum (Martin n°4a)

PDX : diamètre maximum au milieu

PDW : diamètre minimum au milieu

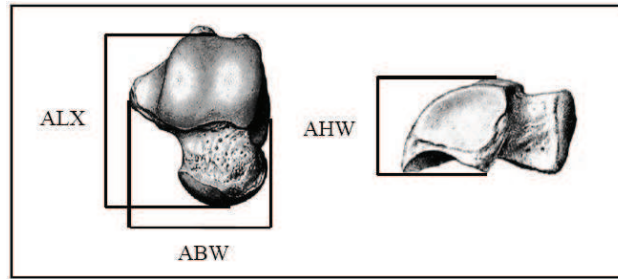


Figure 12 : Mesures prises sur le talus (modifié d'après Sobotta, 1977)

Talus (3 mesures)

ALX : longueur (distance entre le sillon pour le tendon du long fléchisseur de l'hallux et le point le plus antérieur de la surface articulaire avec le naviculaire) (Martin n°1)

ABW : largeur (distance entre la pointe du *processus latéral* et la face médiale du talus) (Martin n°2)

AHW : hauteur (Martin n°3)

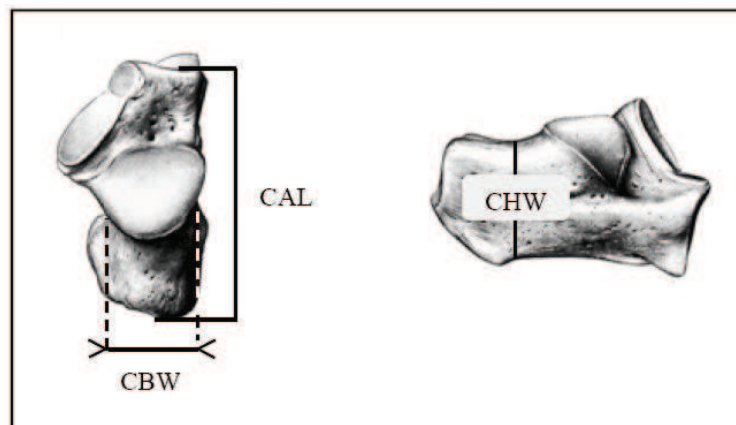


Figure 13 : Mesures prises sur le calcanéum (modifié d'après Sobotta, 1977)

Calcaneum (3 mesures)

CAL : longueur maximale (distance maximale entre le point le plus postérieur de la tubérosité calcanéenne et le point le plus antérieur de la surface articulaire avec le cuboïde) (Martin n°1)

CHW : hauteur (distance verticale entre le point le plus profond de la face supérieure et le point correspondant au niveau de la face inférieure) (Martin n°4)

CBW : largeur minimale (Martin n°3)

4.2 Indice de mesurabilité

Dans le cadre de notre étude, l'indice de mesurabilité (Ma) a été calculé, afin d'observer les portions anatomiques se conservant le mieux pour chaque os sélectionné, mais également pour conforter notre choix dans la sélection de nos mesures. Cet indice a été calculé pour toutes les mesures biométriques faites à partir des os choisis et pour toutes les séries. Il donne la fréquence avec laquelle il est possible de réaliser les différentes mesures à partir des os, mais également la fréquence avec laquelle nous retrouvons les parties conservées.

L'indice de mesurabilité (Ma) correspond au rapport entre le nombre d'observations biométriques effectuées pour une mesure donnée à partir d'une pièce osseuse définie (M), sur le nombre total de pièces osseuses de ce type (A) présentes dans l'échantillon étudié (Bello, 2000).

La formule de l'indice de mesurabilité est la suivante :

$$Ma = \frac{M}{A} \times 100$$

Le résultat de ce calcul est un pourcentage qui correspond au nombre de fois ou une mesure a pu être prise par rapport au nombre d'os présents au départ.

4.3 Indices de latéralité et d'asymétrie

L'identification ou la reconstitution d'une paire d'un même type d'os, part du principe que les éléments osseux gauches et droits provenant du même individu sont symétriques. Cependant, il est possible qu'un certain degré d'asymétrie existe rendant plus difficile l'appariement. Dans ce cas, la question essentielle que nous devons nous poser est de savoir à partir de quel degré d'asymétrie juge-t-on impossible de réattribuer deux os d'un même type à un même individu ?

Il existe plusieurs types d'asymétries possibles qui se manifestent de la même manière, c'est-à-dire par la différence notable entre deux mesures, mais qui sont le résultat de facteurs différents.

Tout d'abord, nous parlons d'**asymétrie directionnelle**, lorsqu'un côté du squelette est de façon générale mieux développé que l'autre. Elle est attribuable aux différences mécaniques intervenant au cours de la croissance.

"Directional asymmetry (DA) occurs when one side of the skeleton is consistently more developed than the other and is largely attributable to differential mechanical loading during growth." (Plochocki 2004, p329)

L'asymétrie directionnelle se retrouve au niveau des longueurs des os (Mays *et al.*, 1999), au niveau des jonctions articulaires (Plochocki, 2004), ainsi qu'au niveau de la corticale de l'os (Mays, 2002).

Ensuite, nous parlons d'**asymétrie fluctuante** quand une partie du corps se développe plus rapidement que l'autre. L'asymétrie fluctuante se développe de façon aléatoire en faveur de l'un ou l'autre des côtés. Contrairement à l'asymétrie directionnelle, l'asymétrie fluctuante est plutôt attribuée à des facteurs développementaux comme une mauvaise santé/nutrition ou des maladies génétiques (DeLeon, 2007 ; Fields, 1995).

"Fluctuating asymmetry (FA) occurs when one side of the body develops more rapidly than the other, leading to morphological asymmetry that is random in regard to side." (Plochocki 2004, p332)

Des différentes études menées sur l'asymétrie des membres (Kujanova *et al.*, 2008 ; Mays *et al.*, 1999 ; Plochocki, 2004), il ressort de manière générale que l'asymétrie bilatérale s'exprime préférentiellement au niveau du membre supérieur. Le côté qui sera le plus développé sera le côté dominant lié au fait d'être soit gaucher, soit droitier dans l'accomplissement de certaines actions. De manière générale, les os longs des membres supérieurs vont être plus longs et plus larges du côté préférentiel. De plus, au sein du membre supérieur, l'humérus semble être l'os le plus influencé par l'asymétrie.

Si l'asymétrie au niveau du membre supérieur est en faveur du côté dominant, c'est le phénomène inverse au niveau du membre inférieur, pour lequel l'asymétrie sera dirigée plutôt vers le côté opposé au côté dominant. Cependant, l'asymétrie sera moins marquée à ce niveau là (Kanchan *et al.*, 2008 ; Plochocki, 2002 a, b).

Pour étudier l'asymétrie deux types de paramètres peuvent être utilisés :

- les variations brutes (côté droit moins le côté gauche),
- les indices d'asymétrie (I.A.) et de latéralité (I.L.).

L'**indice d'asymétrie** est égal à la valeur absolue de la différence entre la mesure prise sur le côté droit (D) et celle réalisée sur le côté gauche (G), rapportée à la plus petite valeur de ces deux mesures. Cet indice donne l'intensité globale moyenne, quel que soit le côté prédominant.

$$I.A. = \frac{|D-G|}{\min(D,G)}$$

L'**indice de latéralité** correspond à la variation relative. Il permet de connaître l'intensité moyenne mais aussi la latéralité prédominante. Si I.L.>0 le côté droit est prédominant et si I.L.<0 c'est le côté gauche qui prédomine. Cet indice permet donc de connaître à la fois l'intensité et l'orientation de l'asymétrie.

$$I.L. = \frac{D-G}{\min(D,G)}$$

Il a été mis en évidence que l'utilisation des indices était plus pertinente que celle des mesures brutes dans l'étude des asymétries (Sansilbano-Collilieux et Morello, 1996).

4.4 Détermination du sexe chez les adultes

Dans la littérature, les méthodes proposées pour la détermination du sexe d'un squelette sont nombreuses, mais les plus fiables restent celles se basant sur les caractéristiques de l'os coxal, élément le plus discriminant du squelette humain. En effet, la morphologie de ce dernier répond à des exigences adaptatives et fonctionnelles liées à la locomotion et surtout à la reproduction.

Les séries intégrées dans notre étude (sauf celle provenant de la cathédrale de Notre-Dame du Bourg), avaient déjà fait au préalable l'objet d'une détermination du sexe, à

partir la méthode visuelle élaborée par J. Bruzek (2002). Cette méthode repose sur l'observation de la morphologie de cinq caractères répartis sur trois régions anatomiques de l'os coxal. La fiabilité de cette méthode atteint 95%.

Cependant, nous avons repris l'étude de la détermination du sexe en utilisant sur toutes les séries, la méthode de la Diagnose Sexuelle Probabiliste (DSP) qui est basée sur les données métriques de l'os coxal (Murail *et al.*, 2005). La DSP est fondée sur l'analyse discriminante qui permet de séparer les groupes masculins et féminins. Un programme permet le calcul de la probabilité d'appartenir à l'un ou à l'autre sexe grâce à une combinaison de quatre à huit variables. La méthode se révèle très fiable avec un taux de détermination correct proche de 100%.

Dans un souci de plus grande fiabilité mais surtout d'uniformisation des données, nous avons gardé uniquement les résultats obtenus lors de la détermination du sexe selon la méthode de la DSP.

4.5 Estimation de l'âge chez les adultes

La détermination de l'âge des adultes s'avère être difficile et parfois plus subjective que celle des sujets immatures. En effet, il est presque impossible d'établir un âge absolu. Dans le cadre de notre étude, nous avons simplement besoin d'être sûr que l'individu soit un adulte pour être intégré dans notre base de données. De ce fait, tout individu ayant l'ensemble de ces épiphyses des os longs soudées était inclus dans notre base.

Cependant, les séries du Délos, de l'Observance, des Rayettes et de Lariey avaient déjà fait l'objet d'une estimation de l'âge. Ces individus avaient été classés en cinq catégories différentes, en considérant un ensemble de paramètres tel que le degré de synostose, l'usure dentaire ou encore l'arthrose cervicale (Signoli, 2006 ; Signoli *et al.*, 2007 ; Tzortzis et Signoli, 2009) :

- adulte jeune (J) : synchondrose sphéno-occipitale fermée, clavicule épiphysée, 3^{ème} molaire dégagée,
- adulte jeune-mature (J-M) : usure dentaire débutante, éventuelle arthrose cervicale,

- adulte mature (M) : usure dentaire moyenne peu marquée avec, quelques pertes dentaires ; synostose suturaire partielle ; arthrose vertébrale modérée,
- adulte mature-âgé (M-A) : usure dentaire marquée, pertes plus importantes, synostose avancée, arthrose ou hyperostose vertébrale marquée, amincissement des corticales,
- adulte âgé (A) : usure et perte dentaires importantes, synostose totale ou subtotale, amincissement net des corticales avec raréfaction de l'os trabéculaire, tassements vertébraux, arthrose ou hyperostose vertébrale marquées.

Enfin, concernant les séries de Notre-Dame du Bourg et de l'église Saint-Pierre de Moirans, l'estimation de l'âge a été tentée en utilisant la méthode d'observation de la surface sacro-pelvienne iliaque (Schmitt, 2005), basée sur les changements morphologiques de cette surface articulaire.

4.6 Méthodes de calcul de la stature

L'estimation de la stature est un des paramètres calculé généralement dans le cadre d'une étude anthropologique. Historiquement, il existe deux approches différentes de l'estimation de la stature :

- la méthode anatomique,
- la méthode mathématique.

La **méthode anatomique** donne une estimation de la stature à partir de la mesure de différents segments anatomiques. Un des premiers à avoir introduit cette technique est Georges Fully (1956). Cette technique consiste en une addition de mesures prises sur les principaux éléments du squelette, avec une valeur de correction qui permet de tenir compte du cartilage et des tissus mous. Plus récemment, cette méthode a été révisée par Raxter *et al.* (2006, 2007) apportant notamment un ajustement à la valeur de correction des tissus mous. Le principal problème rencontré avec cette méthode est la nécessité d'avoir une assez bonne conservation et la présence d'un squelette quasi-complet, ce qui en contexte archéologique n'est pas souvent le cas.

La **méthode mathématique** diffère de la méthode anatomique sur le fait qu'elle ne nécessite pas obligatoirement la présence d'un squelette complet. Elle utilise des équations de régression linéaire mises en place, soit à partir d'un seul et unique os, soit à partir d'une combinaison de plusieurs os, pour estimer la stature des individus. De nombreux chercheurs ont développé des équations d'estimation de la stature à partir de différents éléments du squelette comme à partir des os longs (Olivier *et al.*, 1978 ; Trotter et Gleser, 1952 et 1958), du crâne (Ryan et Bidmos, 2007), du calcaneum (Bidmos et Asala, 2005) ou encore à partir de restes fragmentaires (Bidmos, 2008 et 2009 ; Steele, 1969 ; Simmons *et al.*, 1990).

Dans le but de tenir compte de la variabilité au sein d'une population, en plus des paramètres nécessaires pour estimer la stature, une valeur d'erreur standard est associée permettant de donner un intervalle de prédiction de l'estimation de la stature.

Le principal problème de la méthode mathématique réside dans le fait que les équations établies dépendent des populations qui ont servi à les mettre en place. En effet, il a été montré que les équations développées pour une population ne sont pas applicables à d'autres populations (Konigsberg *et al.*, 1998).

Nous allons voir dans quelle mesure l'estimation de la stature, plus particulièrement l'estimation selon la méthode mathématique, pourrait se révéler être intéressante dans le calcul du NMI. Nous observerons pour cela la concordance ou la non-concordance entre les différents intervalles de prédiction de la stature obtenus à partir des différentes mesures d'os longs appartenant à un même individu. A partir des résultats, nous conclurons quant à une possible application de l'estimation de la stature dans le calcul du Nombre Minimum d'Individu.

4.7 Statistiques descriptives

4.7.1 Moyenne, écart-type, quantile

Dans le but de décrire une distribution il existe deux principales caractéristiques qui sont observées, d'une part la « mesure de la tendance centrale » (moyenne) et d'autre part la « dispersion des observations » (variance, écart-type) autour de ce centre. L'ensemble de ces paramètres sera calculé pour toutes les variables que nous avons sélectionnées pour la mise en place de notre méthode.

La moyenne arithmétique est la mesure de tendance centrale des variables quantitatives la plus utilisée. Elle est égale à la somme des observations divisée par leur nombre total. Une des caractéristiques de cette moyenne est que chaque observation possède le même poids dans le calcul. Une observation ayant une valeur nettement supérieure ou nettement inférieure à l'ensemble des observations a donc une influence aussi importante que les autres sur la moyenne elle-même.

La variance d'un ensemble d'observations de valeurs quantitatives exprime la distance moyenne des observations par rapport à la moyenne de la distribution. Nous calculons la racine carrée de la variance, appelée écart-type et exprimée dans la même unité de mesure.

Enfin, les quantiles sont des mesures de position qui ne tentent pas nécessairement de déterminer le centre d'une distribution d'observations, mais de décrire une position particulière. Les quantiles les plus fréquemment utilisés sont les quartiles (qui divisent un ensemble en quatre parties égales) et les centiles (qui divisent un ensemble d'observations en cent parties égales). Dans le cadre de ce travail, nous calculerons les 5^{ème}, 25^{ème}, 50^{ème}, 75^{ème} et 95^{ème} percentiles.

4.7.2 Diagramme de dispersion

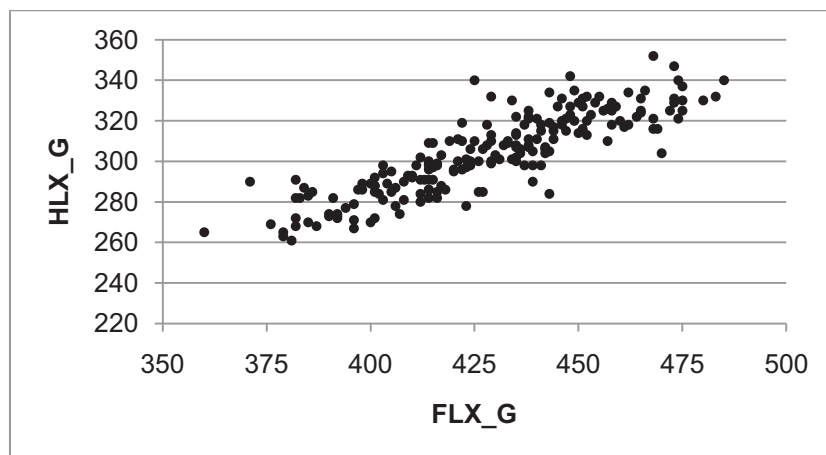


Figure 14: Diagramme de dispersion de HLX_G en fonction de FLX_G

Le diagramme de dispersion (figure 14) est la représentation graphique des données d'un échantillon, sur lequel chaque point représente un couple de valeurs observées entre les deux variables. Les diagrammes de dispersions permettent, grâce à la forme du « nuage de points », d'avoir une idée précise de la relation existante entre deux variables et donc du type d'équation approprié (linéaire, non linéaire). La forme du « nuage de points » permet également d'avoir une idée de la variabilité des données et d'observer la corrélation entre les deux variables considérées. Les points isolés qui s'éloigneraient de façon assez importante du « nuage » peuvent dans ce cas être facilement repérés.

Nous avons poussé plus en avant la recherche de valeurs aberrantes à l'intérieur de nos variables. Nous avons voulu écarter toutes les valeurs qui pourraient correspondre à des erreurs de saisies, c'est-à-dire à la fois des mesures qui auraient pu être mal retranscrites ou encore des mesures reportées dans une mauvaise case. Afin de mettre en évidence ces valeurs atypiques, nous avons utilisé la règle des trois sigmas. Cette règle indique que pour une distribution normale presque toutes les valeurs se situent à moins de trois écarts-types de la moyenne. En effet, il est admis qu'environ 68% des valeurs se situent dans un écart-type, environ 95% sont dans deux écarts-types et enfin 99,7% des valeurs sont comprises entre trois écarts-types ($\mu \pm 3\sigma$).

Toutes les valeurs s'éloignant de plus de trois écarts-types ont fait l'objet d'une attention plus particulière quant à la cause de leur éloignement. Lorsqu'il s'agissait d'une erreur de saisie de la valeur, nous avons réécrit la bonne valeur. Cependant quand nous n'avions plus la possibilité de connaître la valeur réelle, nous avons retiré définitivement cette mesure afin de ne pas introduire d'erreur. Les mesures reportées dans une mauvaise case ont, quant à elles, été remises à la bonne place.

4.7.3 Répétabilité et reproductibilité des mesures

Il est généralement admis que toute mesure comporte une part d'erreur latente. Celle-ci peut être la conséquence de certaines erreurs particulières, comme une erreur technique de la mesure ou une erreur de calibrage de l'appareil de mesure. Dans le cadre d'une méthodologie mise en place à partir de mesures biométriques, il était nécessaire d'estimer l'importance de cette erreur.

Dans ce but, nous avons effectué des répétitions de la même mesure. Tout d'abord, nous avons effectué un test de répétabilité afin d'évaluer l'importance des erreurs « intra-

observateurs ». En d'autres termes, un même observateur a effectué une série de mesures sur un échantillon d'individus à un instant donné, puis celui-ci a réitéré la même série de mesures sur les mêmes individus.

Ensuite, nous avons réalisé un test de reproductibilité afin d'évaluer cette fois-ci les erreurs inter-observateurs. Dans ce cas, toujours à partir du même échantillon d'individus, les mesures ont été prises par deux observateurs différents.

Une fois les différentes séries de mesures effectuées, nous avons vérifié la fiabilité des mesures en utilisant différents types de validation.

Dans un premier temps, nous avons représenté graphiquement l'importance de l'erreur en fonction de la mesure, à l'aide d'un « nuage de points ». Sur ce graphique, l'axe des abscisses représente la valeur moyenne des deux mesures effectuées et l'axe des ordonnées représente la différence entre les deux mesures effectuées. A partir de cette représentation, nous pouvons vérifier l'indépendance de l'erreur par rapport à la valeur de la mesure, ce critère étant nécessaire pour pouvoir considérer une mesure comme étant fiable (Bland et Altman, 1996 a, b).

Ensuite, nous avons calculé l'erreur technique de la mesure (TEM) qui se retrouve lorsque des mesures sont prises plusieurs fois à partir d'un même objet, ou lorsque deux personnes mesurent un même objet (Mueller et Martorell, 1988). Cette erreur technique peut donc aussi bien être utilisée pour étudier les erreurs « intra-observateur » comme les erreurs « inter-observateurs ». La formule de calcul de l'erreur technique de mesure est :

$$\text{TEM} = \sqrt{\frac{\sum D^2}{2N}}$$

Dans cette formule, « D » correspond à la différence entre les mesures faites sur un même objet à deux moments différents ou par deux personnes différentes et « N » est le nombre total de mesures effectuées. L'erreur technique de la mesure s'exprime dans la même unité que celle des mesures d'origine.

Enfin, nous avons utilisé le coefficient de corrélation intra-classe, afin d'observer la variabilité à la fois du paramètre mesuré et celle de l'erreur latente associée (Shrout et Fleiss, 1979). Ce coefficient correspond au rapport entre la variance « expliquée » et la

variance totale (variance « expliquée » + variance d'erreur). De manière générale, la variance d'erreur est définie comme étant la part de la variance observée (ou variance totale) qui est imputable aux fluctuations aléatoires de l'échantillonnage.

Dès que nous effectuons des séries de mesures, ces dernières présentent une certaine dispersion que nous pouvons quantifier en calculant la variance de leur distribution. On considère que la différence observée entre deux mesures est le résultat de deux sortes d'éléments : une différence supposée « vraie » entre ces mesures, à laquelle s'ajoute une erreur de mesure.

Nous allons calculer le coefficient de corrélation intra-classe pour l'ensemble de nos mesures et au final, les mesures dont le coefficient sera supérieur à 90% seront considérées comme fiables.

4.7.4 La régression

L'étude d'une régression consiste à définir une équation qui décrit la relation entre une variable que nous voulons prédire ou variable dépendante (Y) et un ensemble de plusieurs variables prédictives ou variables indépendantes (X). La forme du « nuage de points » obtenu à partir du diagramme de dispersion permet de déterminer le type de droite qui s'ajuste le mieux au modèle, qui aura la meilleure adéquation avec les données.

4.7.4.1 La régression linéaire simple

Dans le cadre de notre travail, l'allure des différents « nuages de points » obtenus à partir des diagrammes de dispersions, nous amène à n'utiliser que des régressions linéaires. Par ailleurs, ces régressions ne seront que des régressions linéaires simples puisque dans nos différents cas la variable dépendante (Y) ne sera prédite que par une seule variable indépendante (X).

L'idée principale de la régression linéaire est d'ajuster un modèle mathématique aux données. La régression linéaire définit donc la meilleure droite comme celle qui minimise la somme des carrés des distances verticales des points observés à la droite. La distance verticale entre chaque point et la droite de régression est appelée résidu.

4.7.4.1.1 Formule de régression linéaire simple

Le modèle de régression linéaire simple s'écrit sous la forme :

$$Y_i = a + b x_i + \varepsilon_i$$

Où $a + b x_i$ correspond au modèle de la droite et ε_i à l'erreur aléatoire.

Nous devons donc pour chaque variable dépendante que nous voulons estimer, calculer à la fois les coefficients et la constante qui lui est associée.

4.7.4.1.2 Intervalle de prédiction de la variable dépendante

Quantifier l'exactitude de la valeur Y prédite est difficile, c'est pourquoi on associe dans la majorité des cas un intervalle de prédiction. L'intervalle de prédiction le plus souvent calculé est celui à 95%, c'est-à-dire qu'il s'agit de l'intervalle qui va contenir 95% des points. Cependant, dans le cadre de notre méthode et surtout en raison des applications médico-légales possibles, nous calculerons également les intervalles de prédiction à 99%. L'intervalle de prédiction prend en compte l'incertitude dans la position de la droite de régression et la dispersion des points autour de celle-ci. Dans le cas d'un modèle de régression linéaire simple, la formule est la suivante (Saporta, 2006) :

$$IC(Y/X = x_0) = \hat{a} + \hat{b} x_0 \pm t_{\alpha/2} s_e \sqrt{1 + \frac{1}{n} + \frac{(x_0 - \bar{x})^2}{S_{xx}}}$$

Dans cette formule :

- \hat{a} et \hat{b} sont les estimateurs des moindres carrés de a et de b ;
- $t_{\alpha/2}$ est tel que $P(T_{n-2} > t_{\alpha/2}) = \frac{\alpha}{2}$ (avec T qui suit une loi de Student à $n - 2$ degrés de liberté)
- s_e est l'écart-type résiduel ;
- n correspond au nombre d'observations ;
- x_0 est la valeur de x ;
- \bar{x} correspond à la moyenne des différentes valeurs que prend x ;
- S_{xx} est la somme des carrés de x.

4.7.4.1.3 Coefficient de détermination

Dans un modèle linéaire, la relation entre la variable dépendante et la variable indépendante peut s'exprimer par une simple corrélation. Le coefficient de détermination R^2 est égal au carré du coefficient de corrélation linéaire de Pearson et correspond à la proportion de la variation expliquée par la régression. Ce R^2 est compris entre 0 et 1 et ne possède pas d'unité. Lorsque le R^2 vaut 0, il n'y a pas de relation linéaire entre les variables X et Y et lorsqu'il vaut 1, tous les points se trouvent exactement sur une droite sans aucune dispersion.

4.8 Notre nouvelle méthode : le NMI par exclusions

4.8.1 Protocole de mise en place de la méthode

4.8.1.1 Echantillon d'apprentissage

Nous avons au départ constitué un échantillon d'apprentissage à partir des individus composant notre base de données. Sur les 768 individus de notre effectif initial, nous avons tout d'abord retiré les 16 individus provenant du site de Lariey, ces derniers servant par la suite dans le cas d'une application directe de notre méthode. Une fois ces individus retirés, sur les 752 individus restant, nous avons tiré aléatoirement 700 d'entre-eux, qui au final, constituent donc notre échantillon d'apprentissage.

A partir de ces 700 individus, pour chaque mesure sélectionnée nous avons calculé l'ensemble des formules de régressions linéaires permettant de prédire la taille de toutes les autres mesures choisies pour notre méthode ainsi que les paramètres nécessaires pour le calcul des intervalles de prédiction associés. Le programme permettant de récupérer l'ensemble des paramètres calculés a été créé avec le logiciel de traitement statistique R (R Development Core Team, 2005). Grâce à celui-ci, nous récupérons pour chacune des 18 360 régressions formées à partir des 136 mesures sélectionnées, à la fois les paramètres permettant la prédiction de la mesure recherchée, ainsi que ceux nécessaires au calcul des bornes inférieures et supérieures des intervalles de prédiction à 95% et à 99%. Tous ces paramètres sont reportés dans un fichier Excel nommé « Equations » (figure 15).

Dans un premier temps nous n'avons pas pris en compte le sexe des individus, l'ensemble des 700 individus sert au calcul des paramètres sans tenir compte du sexe de ces derniers. Ce choix est fortement guidé par la composition des « vracs » auxquels nous sommes susceptibles d'être confrontés. En effet, dans la majorité des cas, lorsque nous sommes en présence d'ossements isolés nous n'avons pas accès à l'information concernant le sexe des individus composant l'échantillon. Cependant puisque dans certains cas nous pouvons être en présence de plusieurs os coxaux qui permettent de déterminer le sexe de l'individu, nous avons également voulu calculer les différents paramètres de prédiction et de calcul des intervalles en tenant compte cette fois-ci du sexe des individus. Dans ce cas, sur les 700 individus formant l'échantillon d'apprentissage, nous avons gardé uniquement ceux pour lesquels un sexe avait pu être déterminé selon la méthode de la DSP (Murail *et al.*, 2005). Les différents paramètres ont donc été calculés à partir de 145 individus pour l'échantillon d'apprentissage féminin et à partir de 123 individus pour l'échantillon d'apprentissage masculin.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I
		b0	b1	n	meanx	Sxx	se	t	R2
2	Prédiction de ABW_D à partir de ABW_G	4,407895236	0,885947556	314	40,26751592	3695,528662	1,345952307	2,591678628	0,836918562
3	Prédiction de ABW_D à partir de AHW_D	10,92620761	0,965915486	386	30,29015544	2467,502591	2,30023688	2,588692943	0,531193729
4	Prédiction de ABW_D à partir de AHW_G	11,81146778	0,94806689	317	29,83911672	2072,794953	2,292622891	2,591526819	0,529472559
5	Prédiction de ABW_D à partir de ALX_D	8,025207318	0,569567458	381	56,45669291	8038,535433	2,127062749	2,588863454	0,603297976
6	Prédiction de ABW_D à partir de ALX_G	7,704077643	0,573134195	315	56,5047619	6624,742857	2,059340902	2,5916277	0,621123796
7	Prédiction de ABW_D à partir de CAL_D	11,2006138	0,389180514	316	74,69936709	10344,43987	2,414005604	2,591577098	0,46128082
8	Prédiction de ABW_D à partir de CAL_G	8,523101722	0,42192114	300	75,00666667	9007,986667	2,345029873	2,592427732	0,494576061
9	Prédiction de ABW_D à partir de CBW_D	20,46203782	0,726701588	292	27,29109589	2456,256849	2,478551986	2,592888466	0,421330291
10	Prédiction de ABW_D à partir de CBW_G	20,98452631	0,707949573	273	27,28937729	2476,139194	2,528613327	2,594092455	0,417323628
11	Prédiction de ABW_D à partir de CDX_D	26,15748352	1,118101346	149	12,24832215	445,8120805	2,568012849	2,609687901	0,365044465
12	Prédiction de ABW_D à partir de CDX_G	27,88767157	1,01003846	139	11,90647482	407,7841727	2,845090166	2,61219198	0,272801396
13	Prédiction de ABW_D à partir de CHW_D	17,26766355	0,615550332	316	37,36708861	4189,417722	2,423844159	2,591577098	0,462504866
14	Prédiction de ABW_D à partir de CHW_G	17,20383765	0,617918995	306	37,20915033	4156,614379	2,401439155	2,592098189	0,475144566
15	Prédiction de ABW_D à partir de CLX_D	13,06208518	0,192354223	152	139,4276316	18277,20395	2,427082178	2,609002566	0,433536077
16	Prédiction de ABW_D à partir de CLX_G	11,46558261	0,20197597	149	140,7114094	17700,5906	2,439718579	2,609687901	0,452132599
17	Prédiction de ABW_D à partir de CPM_D	26,57212619	0,375819584	152	35,41447368	3510,888158	2,663317875	2,609002566	0,317898035
18	Prédiction de ABW_D à partir de CPM_G	26,47773239	0,380278959	148	35,25675676	3414,243243	2,748980457	2,609922682	0,309158557
19	Prédiction de ABW_D à partir de DCOX_D	0,499416464	0,189897853	138	207,8188406	22470,47101	2,146314921	2,61246291	0,563962557
20	Prédiction de ABW_D à partir de DCOX_G	-1,529479954	0,199045612	132	208,8333333	21200,33333	2,213370725	2,614177238	0,56875222
21	Prédiction de ABW_D à partir de Dtt_D	12,97489156	0,661122251	176	40,90340909	2275,357955	2,329754344	2,60437945	0,512916797
22	Prédiction de ABW_D à partir de Dtt_G	12,63574493	0,673563273	160	40,43125	2111,24375	2,102438139	2,607303692	0,578323608
23	Prédiction de ABW_D à partir de Ed_D	9,351210939	0,527619758	238	58,4789916	4121,394958	2,423041829	2,596821685	0,4529667

Figure 15 : Aperçu du fichier « Equations »

4.8.1.2 Echantillon de validation

Lorsque les 16 individus de Lariey et les 700 individus de l'échantillon d'apprentissage ont été retirés, il nous reste 52 individus. Ces individus qui ne sont en aucun cas pris en compte pour le calcul des différents paramètres vont donc constituer notre échantillon de validation et de ce fait servir à tester la fiabilité de l'ensemble des régressions. En effet, puisque pour ces derniers nous connaissons l'appartenance des os aux différents individus, nous voulons vérifier, en appliquant les paramètres générés à partir des 700 autres individus, que nous n'excluons pas à tort deux os qui en réalité appartiennent au même individu.

Nous avons donc testé pour chaque couple de mesure présent dans l'échantillon et provenant d'un même individu, si la valeur réelle d'une mesure rentrait bien dans l'intervalle de prédiction généré à partir de l'autre mesure. Les couples de mesures testés provenant obligatoirement d'un même individu, nous voulons voir au travers de cette démarche si nous mettons en évidence des exclusions entre les deux mesures prise en compte. A partir de là, nous observons si nous excluons à tort deux os comme appartenant à un même individu.

De la même manière que pour l'échantillon d'apprentissage, nous avons également créé des échantillons de validation pour les individus féminins et masculins. Ces deux échantillons de validation sont composés de 30 individus et nous servent également à tester l'ensemble des régressions mise en place à partir des échantillons d'apprentissage féminins et masculins.

4.8.1.3 Principe général de la méthode

Dans un calcul de NMI de fréquence, deux humérus gauches et un humérus droit donnent, par décompte de l'os le plus représenté (l'humérus gauche) un NMI de deux. Dans le cas où la taille de l'humérus droit ne pourrait correspondre en aucun cas à la taille de l'un ou de l'autre des deux humérus gauches, le NMI passerait alors de deux à trois. C'est sur ce principe que se base la méthode que nous mettons en place. Chaque os pour lequel nous pourrions déterminer qu'une de ses dimensions biométriques ne peut absolument pas correspondre à une des dimensions biométriques d'un autre os, nous permettra d'augmenter l'estimation du NMI et de nous rapprocher du nombre initial d'individus.

Nous avons vu précédemment que la notion d'appariement entre différents os est complexe à appréhender, les critères mis en place pour effectuer de tels appariements sont pour la plupart subjectifs (taille, forme, âge). De plus, certains auteurs reconnaissent la difficulté que représente la tentative d'appariement de plusieurs os (Chaplin, 1971) et il a même été démontré que la détermination du nombre de paires est presque toujours entachée d'une erreur (Villena i Mota, 1997).

C'est pourquoi dans le but d'éviter ce potentiel biais, nous avons choisi de ne pas raisonner en termes d'appariements probables, mais plutôt en termes d'exclusion certaine. Nous ne nous prononcerons que dans les cas pour lesquels la non-appartenance de deux os à un même individu est avérée avec un seuil de fiabilité au moins supérieur à 95%.

4.8.1.4 Principe du test itératif d'exclusion

Dans le cadre de cette nouvelle méthode, nous souhaitons mettre en évidence, tout en tenant compte de la variabilité biologique naturelle, la non-appartenance de deux os au même individu. Dans ce but, nous avons généré de nombreuses équations de prédictions à partir de multiples mesures ostéométriques. Ces équations permettent de calculer la valeur d'une variable ostéométrique à partir d'une autre, en donnant également l'intervalle de confiance de prédiction individuelle à 99%. Nous avons choisi, au final, de générer des intervalles de prédiction à 99%, plutôt qu'à 95%, afin de privilégier la fiabilité à la précision. Les intervalles de prédiction à 99% seront plus grands que ceux à 95%, cela engendrera moins d'exclusions, mais en contrepartie, il y aura moins de risque de faire des exclusions à tort.

A partir de tous les paramètres que nous aurons calculés, nous pourrons, sur la base d'une mesure, prédire les valeurs de toutes les autres variables ostéométriques avec en association leurs intervalles de prédiction à 99%.

C'est à ce niveau qu'intervient le test itératif d'exclusion. Le principe est de tester, pour une mesure ostéométrique donnée, si la valeur d'une autre mesure entre ou non dans la fourchette de prédiction générée. Dans les cas où la valeur rentre dans l'intervalle de prédiction, nous ne la conservons pas pour la suite de ce test itératif. En revanche si la valeur sort de l'intervalle, nous la mettons de côté. Après avoir testé toutes les combinaisons possibles à partir du premier os, nous passons au suivant et nous recommençons le même protocole jusqu'à la fin, c'est-à-dire pour tous les os présents. Une fois toutes les itérations faites, si une valeur ne rentre dans aucun intervalle de

prédiction généré, alors - et uniquement dans ce cas - nous pourrions conclure à la présence d'un individu supplémentaire.

Exemple : Si dans un échantillon, nous avons quatre fémurs gauches et trois fémurs droits, un NMI de fréquence classique nous donne un résultat de quatre individus. Appliquons le principe du test itératif à cet échantillon. Dans un premier temps, nous prenons la taille du premier fémur gauche comme prédicteur et nous observons si la taille du premier fémur droit rentre dans la fourchette de prédiction générée. Si tel est le cas, nous ne notons rien mais nous continuons notre analyse et passons au deuxième fémur droit et ainsi de suite pour les trois fémurs droits. Une fois que tous les fémurs droits ont été testés avec le premier fémur gauche, nous recommençons la manipulation avec le deuxième fémur gauche que nous testons à son tour avec tous les fémurs droits. Nous renouvelons l'opération avec le troisième et le quatrième fémur gauche. Après avoir envisagé toutes les combinaisons possibles, si nous observons qu'un des fémurs droits ne rentre dans aucun intervalle de prédiction calculé à partir des quatre fémurs gauches, alors dans ce cas nous pouvons conclure à la présence d'un individu supplémentaire. Le NMI de fréquence qui donnait un résultat de quatre individus pourra alors être augmenté d'une unité et passerait ainsi à cinq individus.

Puisque nous nous basons sur le principe de l'allométrie pour mettre en évidence des exclusions entre différents os, le principe du test itératif qui nous permet de faire de telles recherches, sera par la suite cité sous le nom de Recherche Allométrique par Exclusion (RAE).

4.8.1.5 Principe du raisonnement

La **première étape** de ce nouveau calcul du NMI, consiste à prendre en compte l'échantillon total en cours d'étude (figure 16). Celui-ci correspond à l'ensemble de toutes les mesures ayant pu être relevées à partir de tous les ossements qui le compose. Lorsque tous les os du « vrac » ont été mesurés, nous dénombrons toutes les mesures ostéologiques qui ont pu être effectuées pour chaque variable au sein de l'échantillon total. Pour chaque variable, la valeur du nombre de mesure réalisée correspond à ce que nous nommons par la suite le NMI biométrique de la variable x. La valeur de chaque NMI biométrique sera le point de départ de notre raisonnement pour chacune des variables.

La première variable testée sera la première qui dans notre liste possède une ou plusieurs mesures. Nous continuerons ensuite avec la deuxième, puis la troisième et ainsi de suite jusqu'à ce qu'il n'y ait plus aucune variable à tester.

A partir de la variable x sélectionnée, nous lançons une première Recherche Allométrique par Exclusion (RAE). A ce niveau, nous avons deux possibilités :

- **étape 1a** : soit il n'y a pas d'exclusion mise en évidence entre la variable x et toutes les autres variables,
- **étape 1b** : soit il y a une ou plusieurs exclusions.

Dans le cas où il n'y a pas d'exclusions (étape 1a), c'est-à-dire que nous n'avons pas pu mettre en évidence au moins une mesure qui ne puisse en aucun cas correspondre aux différentes mesures de la variable x , le NMI final de cette variable correspondra à son NMI biométrique. Une fois ce NMI final enregistré, nous passons alors à variable la suivante et nous repartons à l'étape 1.

En revanche, dans le cas où nous obtenons, une ou plusieurs exclusions à l'issue de la RAE faite à partir de la variable x (étape 1b), nous conservons la (ou les) valeurs qui donnent ces exclusions et nous la (ou les) mettons de côté. Ces valeurs constituent un nouveau « pool » de mesures, que nous appellerons sous-échantillon i . Ce dernier contient l'ensemble de toutes les valeurs qui s'excluent par rapport à toutes les mesures de la variable x . Nous les isolons toutes afin de voir si ces dernières appartiennent à un même individu, ou au contraire si celles-ci proviennent de plusieurs individus différents qui feraient augmenter le NMI biométrique d'autant d'unités que d'individus différents mis en évidence.

La **deuxième étape** concerne uniquement le sous-échantillon i . Au sein de celui-ci, de la même manière que pour l'échantillon total, nous allons tester l'ensemble des variables présentes. Chacune d'entre-elles possède un certain nombre de mesure et c'est ce nombre qui correspond à ce que nous nommons par la suite le NMI biométrique de la variable i . Toute RAE lancée à partir d'une des variables du sous-échantillon i , aura comme point de départ la valeur du NMI biométrique i de la variable considérée. Nous gardons de côté ce NMI, puis nous lançons toutes les RAE possibles à partir de la variable i .

Pour chaque RAE, nous avons ici encore deux cas de figures possibles :

- **étape 2a** : soit il n'y a pas d'exclusion mise en évidence entre la variable i et toutes les autres variables du sous-échantillon i ,
- **étape 2b** : soit il y a une ou plusieurs exclusions.

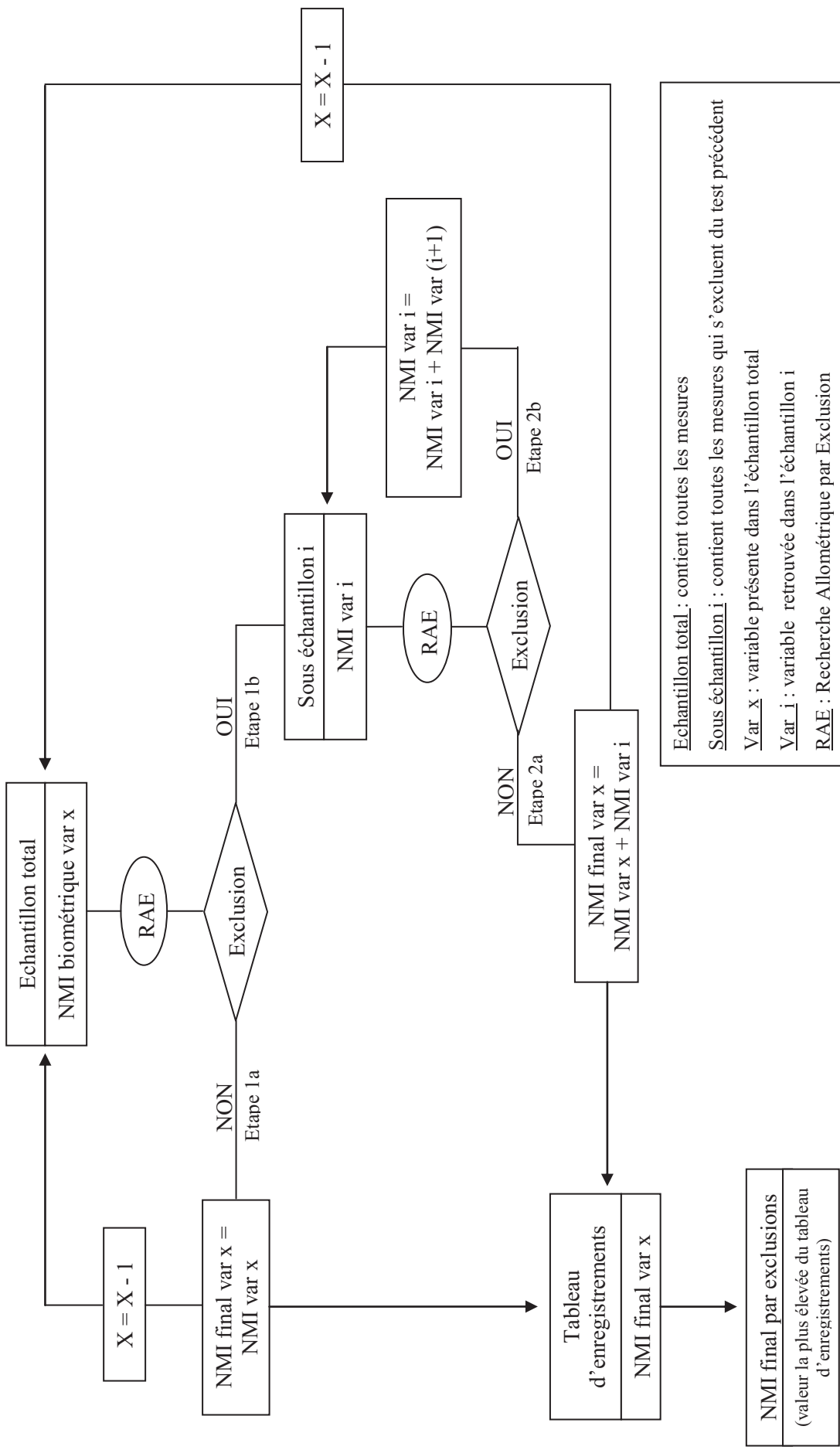
Dans le premier cas (étape 2a), c'est-à-dire dans le cas où au sein de l'échantillon i , nous n'avons pas pu mettre en évidence au moins une mesure qui ne puisse pas correspondre aux différentes mesures de la variable i , le NMI final de la variable x de départ correspondra au NMI biométrique de cette variable auquel nous ajoutons le NMI biométrique de la variable i . Nous enregistrons la valeur du NMI ainsi obtenu. A ce niveau, la recherche d'exclusions à partir de la variable x de départ est terminée puisque nous avons obtenu le NMI final de cette variable. Nous recommençons alors à partir de l'étape 1, en prenant cette fois-ci une autre variable, jusqu'au moment où nous aurons testé toutes les variables possibles et obtenu un NMI final pour chacune d'entre-elles.

Dans le deuxième cas où nous sommes en présence d'exclusions (étape 2b), de la même manière que pour l'échantillon total, nous mettons de côté toutes les valeurs qui s'excluent vis-à-vis de la variable i . Nous obtenons un nouveau sous-échantillon i qui correspond à toutes les valeurs qui s'excluent à la fois par rapport à la variable x de départ et par rapport à la première variable i . Au sein de ce nouveau jeu de mesures si plusieurs variables différentes sont présentes, nous continuons de lancer des RAE en repartant de l'étape 2. Chaque variable de ce nouveau sous-échantillon i possède un nouveau NMI biométrique i qui correspond pour chaque variable au nombre de mesures présentes. C'est à partir de ces nouveaux NMI biométriques i que nous lançons les RAE suivantes, jusqu'à ce que nous ne puissions plus mettre en évidence d'exclusions (étape 2a) ou que nous n'ayons plus qu'une seule variable composant le dernier sous-échantillon i .

En effet, nous arrêterons de faire des RAE lorsque le dernier sous-échantillon i sera composé d'une seule variable pour laquelle le NMI biométrique sera égal au nombre de mesures présentes. Le NMI final de la variable x de départ correspondra alors au NMI biométrique de la variable x auquel nous aurons ajouté la somme de toutes les valeurs des NMI biométriques des différentes variables i que nous aurons mise de côté au cours des diverses boucles successives. Le NMI final de la variable x est alors, de la même manière que dans le cas rencontré lors de l'étape 1a, enregistré et nous repartons au niveau de l'étape 1 en considérant une nouvelle variable. Nous stopperons définitivement notre

analyse lorsque toutes les variables présentes au sein de l'échantillon total auront été testées et que nous aurons enregistré toutes les valeurs des différents NMI finaux obtenues à partir de toutes ces variables.

Le NMI final par exclusions de l'échantillon correspondra à la valeur la plus élevée enregistrée.



Echantillon total : contient toutes les mesures
Sous échantillon i : contient toutes les mesures qui s'excluent du test précédent
Var x : variable présente dans l'échantillon total
Var i : variable retrouvée dans l'échantillon i
RAE : Recherche Allométrique par Exclusion

Figure 16 : Principe du raisonnement du NMI par exclusions

Exemple 1 : prenons un échantillon à partir duquel nous avons pu mesurer 8 longueurs maximales de fémurs gauches et 6 de fémurs droits, 5 longueurs maximales de tibias droits et 4 longueurs d'humérus gauches. Au sein de cet échantillon qui correspond à notre échantillon total, nous partons de la mesure de la longueur maximale du fémur gauche et ayant un NMI biométrique de départ de 8 (NMI biométrique var x). A partir de cette variable, nous lançons des RAE avec toutes les autres variables de l'échantillon afin de voir s'il y a de possibles exclusions ou non (étape 1).

Dans le cas où il n'y a pas d'exclusions (étape 1a), le NMI final obtenu à partir de cette variable sera le NMI biométrique de départ donc ici 8. A ce niveau, nous en avons terminé avec cette variable et nous passons à la suivante qui dans notre échantillon correspond à la longueur maximale du fémur droit, et nous recommençons l'étape 1.

En revanche, si nous nous trouvons dans le cas où, nous avons pu mettre en évidence des exclusions (étape 1b), nous gardons toutes les mesures qui s'excluent par rapport à l'ensemble des longueurs maximales de fémurs gauches. Toutes ces exclusions forment le sous-échantillon *i* (étape 2). Supposons maintenant qu'à partir des longueurs maximales de fémurs gauches nous avons pu mettre en évidence 9 exclusions, à savoir 4 mesures de longueurs maximales de tibias droits, 3 de fémurs droits et 2 d'humérus gauches. Ces 9 mesures composent donc le premier sous-échantillon *i* dont les différents NMI biométriques sont respectivement de 4, 3 et 2. Nous prenons maintenant en considération la variable des longueurs maximales des tibias droits pour laquelle le NMI biométrique vaut 4 (NMI biométrique var *i*). Nous mettons de côté la valeur du NMI biométrique de ce sous-échantillon *i*, puis nous lançons des RAE à partir de cette nouvelle variable.

Dans le cas où, à la fin des RAE faites à partir du sous-échantillon *i*, il n'y a pas d'exclusion (étape 2a), le NMI final de la variable *x* correspondra au NMI biométrique de départ auquel nous ajoutons le NMI biométrique du sous-échantillon *i*, donc ici nous obtenons un NMI final de 12 (8+4). Ce NMI final correspond au NMI final obtenu à partir des longueurs maximales de fémurs gauches. A ce niveau là, nous en avons terminé avec cette variable, nous passons donc à la suivante qui dans notre échantillon correspond à la longueur maximale du fémur droit, et nous recommençons l'étape 1.

En revanche, dans le cas où à la fin des RAE faites à partir du sous-échantillon *i*, nous avons pu mettre en évidence des exclusions (étape 2b), nous gardons chaque mesure qui s'exclut à partir des longueurs maximales de tibias droits. Toutes les exclusions forment un nouveau sous-échantillon *i* (étape 2). Supposons qu'à partir de nos longueurs maximales de tibias droits, nous avons pu mettre en évidence 3 exclusions, à savoir 2

mesures de longueurs maximales de fémurs droits et 1 d'humérus gauche. Nous nous intéressons d'abord aux longueurs maximales de fémurs droits qui ont un NMI biométrique valant 2 (NMI biométrique var i). Nous mettons à nouveau de côté la valeur du NMI biométrique de ce sous-échantillon i , puis nous lançons de nouvelles RAE cette fois-ci à partir des longueurs maximales de fémurs droits afin de voir si dans le cas de notre exemple la mesure de l'humérus gauche restante peut s'exclure vis-à-vis des deux longueurs de fémurs droits. Si tel est le cas nous obtenons un dernier sous-échantillon i qui dans ce cas est uniquement composé d'une seule mesure, celle de l'humérus gauche, nous donnant donc un dernier NMI biométrique qui vaut 1 (NMI biométrique var i). Nous arrêterons les RAE lorsque nous ne pourrons plus mettre en évidence d'exclusions (étape 2a) ou comme dans le cas de notre exemple, lorsque le dernier sous-échantillon i est seulement composé d'une seule variable. Le NMI final obtenu à partir de la variable de départ, ici le NMI final obtenu en partant des longueurs de fémurs gauches correspond au NMI biométrique de départ auquel nous ajoutons la somme de tous les NMI biométriques mis de côté à partir des différents sous-échantillons i successivement constitué. Nous obtenons donc dans le cas de notre exemple, pour la variable des longueurs de fémurs gauches, un NMI final de 15 ($8+4+2+1$).

A partir de ce premier résultat, nous recommençons depuis l'étape 1 avec une autre variable de départ. Nous nous arrêterons définitivement notre analyse lorsque nous aurons testé et obtenu un NMI final pour chaque variable présente au sein de l'échantillon total. Le NMI final par exclusions correspondra à la valeur la plus élevée obtenue parmi tous les NMI finaux.

Remarque : Nous testons successivement toutes les variables présentes au sein de notre échantillon total, afin de voir quelle variable va donner le NMI final le plus élevé. En effet, ce n'est pas nécessairement la variable qui possède le plus de mesures au départ, c'est-à-dire celle ayant le NMI biométrique le plus élevé, qui va permettre de mettre en évidence le plus d'exclusions.

Nous testons également toutes les combinaisons possibles entre deux variables, c'est-à-dire à la fois dans le sens de la variable qui possède le plus de mesures vers celle qui en possède le moins, mais aussi dans l'autre sens, de la variable qui possède le moins de mesures vers celle qui en a le plus (exemple 2 et figure 17).

Exemple 2 : prenons le cas de deux variables avec d'un côté quatre longueurs maximales de fémurs gauches et de l'autre trois longueurs maximales d'humérus gauches.

Dans le sens 1, nous partons d'un NMI biométrique de 4 pour la variable des fémurs gauches. Afin de voir si un ou plusieurs humérus gauches s'excluent avec l'ensemble des quatre fémurs gauches, nous lançons donc une RAE pour mettre en évidence ces éventuelles exclusions. Dans le cas de notre exemple, nous ne mettons en évidence aucune exclusion, en d'autres termes chaque humérus correspond à au moins un des fémurs présents. De ce fait, le NMI final de la variable des fémurs sera de 4.

Maintenant dans le sens 2, nous partons d'un NMI biométrique de 3 avec la variable des humérus gauches. Nous lançons également une RAE pour mettre en évidence cette fois-ci d'éventuelles exclusions d'un ou de plusieurs fémurs vis-à-vis des humérus. Nous observons que les deux premiers humérus ne peuvent correspondre qu'au premier fémur et que le troisième humérus ne correspond qu'au quatrième fémur. Dans ce cas, nous voyons donc que les deuxièmes et troisièmes fémurs s'excluent vis-à-vis des trois humérus présents, nous avons donc ici mis en évidence deux exclusions qui viennent s'ajouter au NMI biométrique de la variable de départ. Nous obtenons alors un NMI final de 5 individus pour la variable des humérus gauches.

Nous voyons ici clairement la nécessité à partir de deux variables, de lancer dans les deux sens une Recherche Allométrique par Exclusion afin d'obtenir le meilleur NMI final possible. En effet, nous avons vu dans le cas des deux variables de l'exemple 2, que ce n'est pas forcément la variable qui à l'origine présente le NMI biométrique le plus élevé, qui donnera le NMI final le plus important. Dans notre exemple, nous sommes partis d'un NMI biométrique de 4 pour la variable des fémurs pour rester à ce même résultat pour le NMI final, tandis que le NMI biométrique était seulement de 3 pour les humérus mais à partir des exclusions mises en évidence dans ce sens, le NMI final est monté à 5.

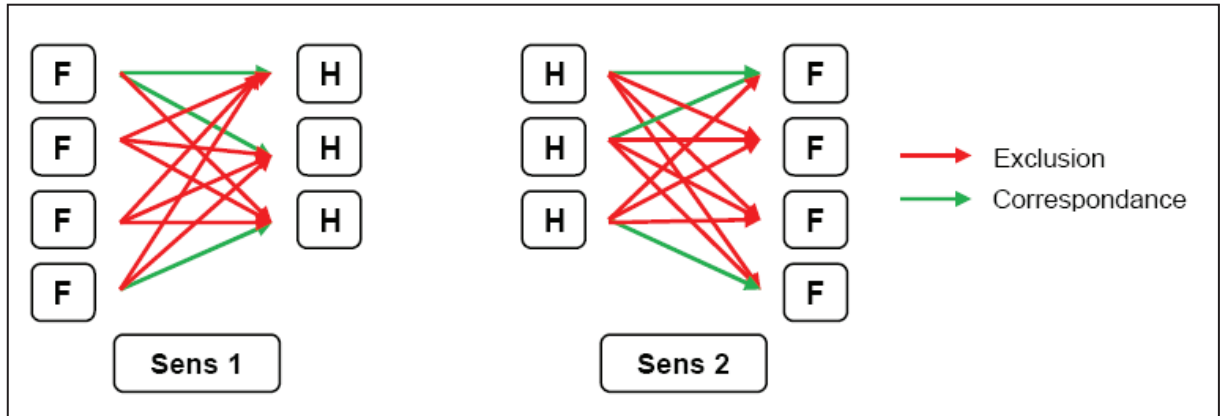


Figure 17: Recherche d'exclusions dans les sens 1 et 2

4.8.1.6 Le logiciel de détermination du NMI par exclusions

Avant de lancer le logiciel qui permettra de calculer le NMI par exclusions, il faut au préalable mesurer les ossements de l'échantillon dont nous voulons connaître le NMI. L'ensemble des mesures doit ensuite être reporté dans une feuille de calcul Excel, obligatoirement nommé « Mesures » (figure 18). Cette feuille de calcul Excel possède, outre son nom, quelques règles précises quant à la façon dont elle doit être remplie.

Tout d'abord, la première ligne de la feuille contiendra les intitulés des colonnes ainsi que la liste complète de l'ensemble des mesures sélectionnées. Les deux premières cellules de cette ligne seront respectivement nommées « Id_Os » (cellule A1) et « Type_Os » (cellule A2). Les 136 cellules suivantes de cette ligne contiendront les noms de toutes les mesures (ou variables biométriques) sélectionnées pour notre méthode.

Ensuite, à partir de la deuxième ligne de la feuille de calcul, nous enregistrons les mesures des différents os. Sur ces lignes dans la première colonne nous numérotions l'os, en utilisant la nomenclature suivante « Os1 ; Os2 ; Os3... », jusqu'au dernier os qui sera mesuré. La deuxième colonne contiendra quant à elle le nom de l'os mesuré ainsi que sa latéralité. Dans le cas d'un humérus gauche, nous écrivons dans la deuxième colonne « Humerus_G ». Tous les noms des os seront saisis sans utiliser d'accent.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O
1	ID_Os	Type_Os	OHX_G	OLX_G	OLE_G	OHG_G	OBG_G	CLX_G	CDX_G	CPM_G	HLX_G	HDX_G	HDW_G	HPW_G	HBE_G
2	Os1	Humerus_G									298	22	18	59	57
3	Os2	Ulna_G													
4	Os3	Clavicule_G						132	12	35					
5	Os4	Ulna_G													
6	Os5	Coxal_D													
7	Os6	Scapula_G		100	130	35	26								
8	Os7	Clavicule_G						135	12	35					
9	Os8	Humerus_G									296	19	17	57	56
10	Os9	Humerus_D													
11	Os10	Femur_D													
12	Os11	Clavicule_G						150	13	37					
13	Os12	Humerus_G									342	23	19	64	68
14	Os13	Ulna_G													
15	Os14	Coxal_G													
16	Os15	Femur_G													
17															

Figure 18: Aperçu de la feuille de calcul "Mesures"

De manière générale, un seul os est enregistré par ligne. Cependant, il existe des exceptions lorsque nous sommes en présence de deux ou plusieurs os dont l'appartenance à un même individu est avérée au moment de la fouille. Ces exceptions concernent seulement les ossements qui demeurent en connexion lors de la découverte. En effet, il n'est pas nécessaire de tenter de mettre en évidence des exclusions entre ces os tout en sachant qu'ils appartiennent au même individu.

Une fois toutes les mesures reportées dans la feuille de calcul Excel, celle-ci doit être enregistrée afin de pouvoir par la suite déterminer le NMI par exclusions à partir de ces mesures. Une fois cette étape terminée, nous pouvons alors utiliser le programme permettant le calcul du NMI par exclusions. Il est important à ce niveau, de créer un dossier regroupant obligatoirement le fichier Excel « Mesures », ainsi que le fichier du programme du NMI par exclusions.

La première étape lorsque le logiciel est lancé, est de sélectionner le fichier Excel contenant toutes les mesures à partir desquelles nous voulons calculer le NMI par exclusions (figure 19).

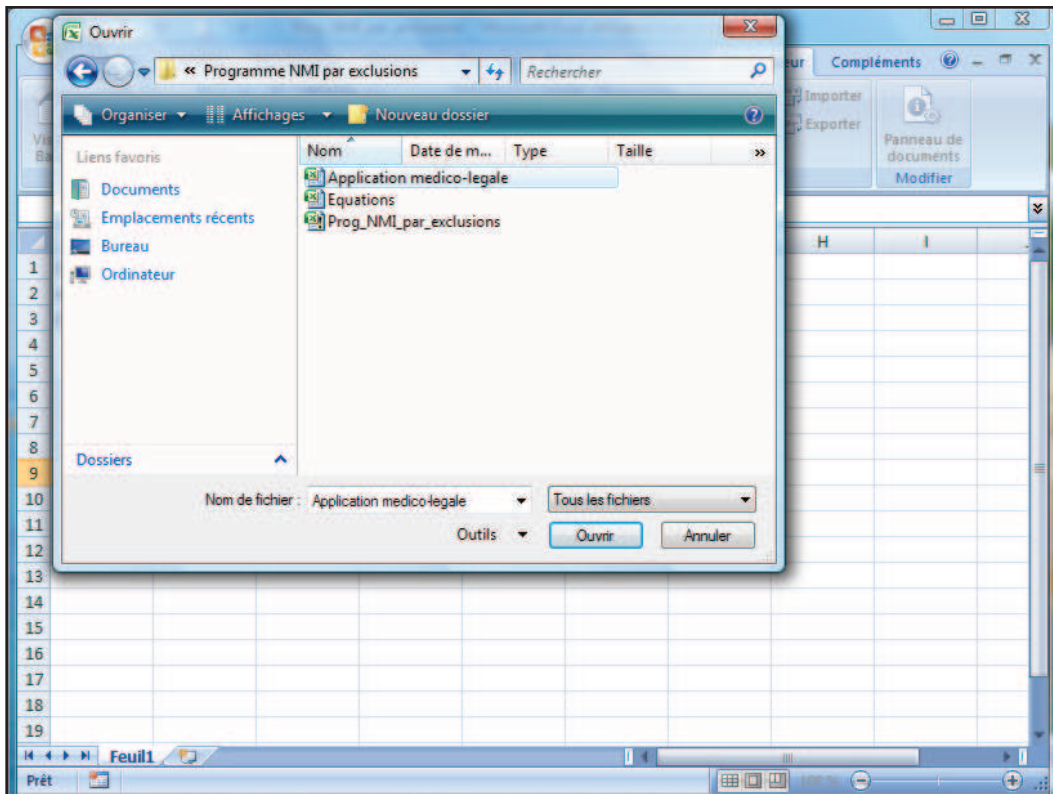


Figure 19 : Aperçu de l'écran de sélection du fichier Excel contenant toutes les mesures à partir desquelles sera fait la détermination du NMI par exclusions

Une fois le fichier sélectionné, la recherche des éventuelles exclusions entre toutes les mesures peut alors être mise en route. Le temps de calcul et de traitement de toutes les données dépendra du nombre d'os mesurés ainsi que du nombre de mesures présentes dans le fichier Excel.

Au final, lorsque les différents tours de Recherche Allométrique par Exclusion seront terminés, une feuille de synthèse regroupant les NMI par exclusions obtenus à partir de chaque variable biométrique présente au départ sera générée (figure 20).

	A	B	C	D
1	Resultats_De_Application medico-legale.xlsx			
2	Le nombre d'os dans le vrac est de 7			
3	Le NMI Biométrie est de 1			
4				
5	Predicteur :OHX_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
6	Predicteur :OBG_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
7	Predicteur :HLX_D	NMI Biom =1	NMI Final sera au moins de 2	NMI Final (avec ajout tour 2) = 3
8	Predicteur :HDX_D	NMI Biom =1	NMI Final = 1	
9	Predicteur :HDW_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
10	Predicteur :Lep_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
11	Predicteur :Dtt_D	NMI Biom =1	NMI Final sera au moins de 2	le NMI Final sera au moins de 3
12	Predicteur :PUM_D	NMI Biom =1	NMI Final = 1	
13	Predicteur :SPU_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
14	Predicteur :DCOX_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
15	Predicteur :IIMT_D	NMI Biom =1	NMI Final = 1	
16	Predicteur :ISMM_D	NMI Biom =1	NMI Final sera au moins de 2	NMI Final = 2
17	Predicteur :SCOX_D	NMI Biom =1	NMI Final = 1	
18	Predicteur :ILION_D	NMI Biom =1	NMI Final (avec ajout tour 1) = 2	
19	Predicteur :SA_D	NMI Biom =1	NMI Final = 1	
20	Predicteur :SIS_D	NMI Biom =1	NMI Final = 1	
21	Predicteur :VEAC_D	NMI Biom =1	NMI Final sera au moins de 2	le NMI Final sera au moins de 3
22	Predicteur :FLP_D	NMI Biom =1	NMI Final sera au moins de 2	NMI Final = 2

Figure 20 : Aperçu d'une feuille de synthèse de résultats du NMI par exclusions

4.8.2 Protocole de test de la méthode

Lorsque tous les paramètres nécessaires au calcul de prédiction d'une mesure et de son intervalle associé ont été obtenus à partir des individus de l'échantillon d'apprentissage et après avoir étudié la répartition des exclusions dans notre échantillon de validation, nous allons appliquer notre nouvelle méthode dans différents cas de figure.

4.8.2.1 Application sur l'échantillon d'ossements du site de Lariey

La première application que nous avons tentée a été mise en place sur un échantillon de taille moyenne, mais surtout sur un échantillon dont nous connaissons le nombre réel d'individus. Nous avons donc créé en aveugle, un « vrac » imaginaire à partir des individus adultes provenant du site de Lariey, c'est-à-dire que nous avons volontairement « mélangés » l'ensemble des ossements provenant des individus, afin de perdre toutes les informations sur l'appartenance des os aux différents individus. Cependant avant de « mélanger » les ossements, chaque pièce anatomique a été numérotée aléatoirement par

deux observateurs qui ne participeront pas au calcul des différents NMI, afin de pouvoir à la fin de l'étude réattribuer tous les os aux bons individus. Lorsque tous les os identifiables ont été numérotés, les os ont pu être « mélangés » afin de reproduire un réel « vrac » d'ossements.

L'intérêt principal de ce « vrac » artificiel est que nous connaissons le nombre réel d'individus qui le compose. A partir de celui-ci, nous avons donc mis en place toutes les différentes méthodes de calcul du Nombre Minimum d'Individus, en commençant par les NMI de fréquence et d'appariements, pour finir par le NMI par exclusions obtenu selon notre méthode.

La première étape consiste à faire un NMI de fréquence c'est-à-dire que tous les ossements sont triés selon leur type et leur latéralité. Afin de pouvoir faire des comparaisons à la fois entre les différentes méthodes, mais aussi entre les résultats obtenus à partir des différents os, nous ferons un NMI de fréquence pour chaque type d'os étudié (crâne, mandibule, clavicule, scapula, humérus, ulna, radius, coxal, fémur, patella, tibia, fibula, talus et calcanéum). Le NMI de fréquence final de notre vrac correspondra au NMI de fréquence le plus élevé obtenu à partir de tous les os étudiés.

Dans un deuxième temps, après avoir trié tous les os par type et par côté, nous ferons une recherche des paires d'ossements qui pourront être mise en évidence à partir de ce vrac afin de pouvoir calculer le NMI par appariements. Nous chercherons alors les os gauches et droits d'un même type pouvant appartenir à un même individu. La détection de paires se fera uniquement à partir d'une bonne observation des différentes pièces osseuses (taille, forme, couleur, morphologie des surfaces articulaires et des insertions musculaires...) puisque nous ne possédons plus aucune information quant à l'appartenance des os aux différents individus. Cependant, ces critères possèdent leur propre limite (asymétrie, pathologie...) et sont aussi dépendants de l'appréciation de l'observateur, ce qui peut limiter la reconnaissance des paires réellement présentes. Une fois la recherche de paires terminée, nous calculerons un NMI par appariements qui correspondra au nombre d'os isolés (gauches et droits) auquel nous ajouterons le nombre de paires. Nous ferons de la même manière que pour le NMI de fréquence, un NMI par appariements pour chaque type d'os étudié, lorsque ceux-ci sont présents par paires (os temporal, clavicule, scapula, humérus, ulna, radius, coxal, fémur, patella, tibia, fibula,

talus et calcanéum). Le NMI par appariements final de notre vrac correspondra au NMI par appariements le plus élevé obtenu à partir de ces os.

Dans un troisième temps, nous calculerons un NMI par exclusions. En effet, tous les os sélectionnés et présents dans le « vrac » seront mesurés. Toutes les mesures seront reportées dans un tableau Excel, puis nous lancerons le programme mis en place pour permettre le calcul du NMI par exclusions. Nous obtiendrons un NMI par exclusions pour chaque os et chaque variable retrouvés au sein de ce « vrac ».

Pour finir, nous comparerons les NMI obtenus à partir des différentes méthodes pour chacun des os, ainsi que les NMI finaux, c'est-à-dire les valeurs de NMI les plus élevées obtenues par chaque méthode. Nous comparerons également les NMI au nombre réel d'individus présents dans cet ensemble d'os.

4.8.2.2 Application sur l'échantillon d'ossements du site du *Mucem*

La deuxième application va nous permettre de tester notre méthode dans le cadre d'un « vrac » d'ossements pour lequel nous ne connaissons pas le nombre réel d'individus présents. Nous allons donc faire un tri des os composant cet ensemble selon le type et la latéralité, afin d'obtenir au final un NMI de fréquence. Nous allons également mesurer tous les os qui auront pu être identifiés et latéralisés afin de pouvoir lancer un calcul du NMI par exclusions. Une fois les calculs des deux différents NMI terminés, nous comparerons les résultats obtenus.

Au-delà de la comparaison entre les valeurs des NMI de fréquence et des NMI par exclusions, cet échantillon d'ossements mélangés possède un autre intérêt. En effet, celui-ci est composé d'un nombre élevé d'ossements, nous allons donc à partir de celui-ci pouvoir également observer dans quelle mesure notre nouvelle méthode permet ou non d'améliorer le NMI de fréquence.

4.8.2.3 Application sur un cas médico-légal

Pour finir avec les différentes applications de notre méthode, nous allons l'appliquer à un cas médico-légal. A partir de ce dernier, nous allons examiner la performance de notre méthode par rapport aux résultats obtenus à partir des méthodes actuelles de calcul du

NMI (NMI de fréquence, NMI par appariements), mais également observer le comportement de notre méthode dans le cas d'un nombre assez faible d'ossements.

Pour étudier cela nous allons calculer les différents NMI à partir de cet échantillon, mais également mesurer l'ensemble des ossements afin de pouvoir calculer le NMI par exclusions.

4.8.2.4 Applications sur les ossements épars issus des sites du *corpus* de données

Les sites ayant servi à constituer notre *corpus* de données, hormis ceux de Lariey et de Notre-Dame-du Bourg, ont livré des ossements épars en plus des individus en connexions. Ces ensembles osseux ayant tous fait l'objet d'un calcul du NMI de fréquence au préalable, nous allons également calculer un NMI par exclusions, en vue de comparer les deux méthodes.

De plus, les « vracs » obtenus à partir de ces os étant de tailles différentes, allant d'une dizaine d'os jusqu'à plus de 150, ils nous permettront de discuter du potentiel et des limites de notre méthode vis-à-vis du NMI de fréquence.

4.8.2.5 Expérimentation sur l'influence de l'expérience de l'observateur sur l'application des méthodes du NMI

4.8.2.5.1 Description de l'expérimentation

Dans le cadre de la mise en place de notre nouvelle méthode en vue d'une amélioration de l'estimation du NMI, il nous a paru également important d'observer la faisabilité et les limites à la fois du calcul du NMI de fréquence et du calcul du NMI par exclusions.

Dans ce but, nous avons demandé à plusieurs personnes ayant peu de connaissances en ostéologie humaine de faire, à partir d'un échantillon d'ossements mélangés, à la fois le calcul du NMI de fréquence de cet échantillon, ainsi que de mesurer l'ensemble des ossements afin de pouvoir par la suite observer les résultats obtenus selon notre méthode.

Pour l'expérimentation, nous avons formé quatre groupes composés de deux personnes suivant un *cursus* d'études en 2^{ème} et 3^{ème} année de médecine à la Faculté de médecine de la Timone à Marseille. Les étudiants composants ces quatre groupes ont tous suivi un module de biométrie (dispensé dans le cadre de la 1^{ère} année du Master en Anthropologie biologique) mais ne sont pas familiarisés avec les techniques de calcul du NMI et ont peu de pratique dans la reconnaissance et la manipulation des ossements humains. Le 5^{ème} et

dernier groupe est quant à lui composé d'un anthropologue expérimenté (SP), ayant de ce fait une formation approfondie en ostéologie, manipulant régulièrement les ossements humains et bien familiarisé avec les méthodes de calcul du NMI et avec les techniques de prise de mesures biométriques.

Une fois les différents groupes constitués, l'expérimentation a constitué pour chaque groupe, en un tri des différents ossements qui composaient l'échantillon par type d'os et selon la latéralité. Ensuite, chaque groupe a déterminé un NMI de fréquence pour tous les os gauches et droits présents, ainsi qu'un NMI de fréquence pour l'ensemble de l'échantillon. Enfin, tous les os ont ensuite été mesurés en ne retenant que les paramètres biométriques sélectionnés pour notre méthode. Ces mesures permettent ainsi de faire un calcul du NMI par exclusions pour chacun des différents groupes et de les comparer.

L'échantillon d'ossements mélangés provient d'une découverte faite sur le chantier de construction du futur emplacement du **Musée des civilisations d'Europe et de la Méditerranée de Marseille : Mucem** (encadré : La découverte des ossements sur le site du *Mucem*). Les os constituant cet échantillon ne possédant plus aucune connexion anatomique, nous avons jugé intéressant d'effectuer sur ce « vrac » les différents calculs du NMI. Tous les ossements provenant de ce site (sauf les fragments de crânes, les vertèbres et les côtes) ont été numérotés afin de pouvoir observer à la fois les ossements qui auront été identifiés ou non et classés par les différents groupes. Mais aussi de pouvoir mettre en évidence si au moment du tri, il n'y aurait pas eu d'éventuelles inversions entre les différents groupes. Lorsque la numérotation des os a été terminée, ceux-ci ont été mélangés et déposés sur une table (figure 21). Le premier groupe a ainsi pu identifier et classer l'ensemble des ossements afin de pouvoir déterminer les différents NMI de fréquence, mais aussi mesurer les os qui étaient suffisamment bien conservés pour permettre la prise d'au moins une mesure. Lorsqu'un groupe a terminé toutes ces étapes, tous les os sont de nouveau mélangés et regroupés sur la même table, le groupe suivant recommençant les mêmes manipulations.



Figure 21: Ensemble des ossements provenant du site du *Mucem* utilisé pour l'expérimentation

Lorsque tous les groupes ont eu terminé les différentes manipulations, nous avons récupéré les feuilles sur lesquelles les NMI de fréquence ainsi que l'ensemble des mesures prises avaient été notés. Toutes les données ont été informatisées dans un fichier Excel permettant de faire les comparaisons entre les différents NMI de fréquence, le nombre d'os mesurés, les NMI biométriques et les NMI par exclusions.

La découverte des ossements sur le site du *Mucem*

Les ossements ont été découverts à Marseille au cours du mois de mai 2010 sur le chantier de construction du futur Musée des Civilisations d'Europe et de la Méditerranée (*Mucem*). Les travaux se déroulaient sur une zone de remblais au niveau de l'esplanade du fort Saint-Jean, zone gagnée sur la mer dans la seconde moitié du XIX^e siècle. Les ossements ont été exhumés, à cet endroit, par une pelleteuse à environ cinq mètres de profondeur. Cette découverte de part son emplacement particulier et son implication éventuelle dans la poursuite ou non des travaux de construction du futur musée, a suscité un certain intérêt et a fait l'objet de plusieurs articles parus dans le quotidien *La Provence* (annexe 1).

Immédiatement après la découverte, la police a été prévenue et une expertise anthropo-médico-légale a été demandée. Un échantillon de ces ossements a alors été confié à l'Unité de Médecine Légale de la Faculté de médecine de Marseille et une zone de 50m² a été placée sous contrôle en attendant les premiers résultats concernant principalement la nature et l'ancienneté de ces ossements.

Les premières analyses menées par les docteurs P. Adalian et M. Signoli, anthropologues au sein de l'UMR 6578 (Université de la Méditerranée-CNRS-EFS), ont tout de suite révélé que ces os avaient plus de 10 ans, mais une datation plus précise de ces derniers n'a pas été possible. En effet, ces ossements peuvent aussi bien provenir d'une sépulture multiple et simultanée (par exemple d'un charnier de pestiférés de l'épidémie 1720-1722, comme il en a été découvert un récemment au pied de la cathédrale de La Major), que d'une zone de réduction d'un cimetière détruit au cours des grands aménagements urbains de Marseille dans la seconde moitié du XIX^e siècle (cimetière de l'église Saint-Martin par exemple).

Suite à l'expertise, l'ancienneté des ossements, a entraîné la fin de la procédure judiciaire et la reprise des travaux de construction du futur Musée des Civilisations d'Europe et de la Méditerranée. D'autres ossements ont été collectés au fur et à mesure des travaux de terrassement sous la surveillance de Monsieur Stéfan Tzortzis (Ministère de la Culture, DRAC, Service Régional de l'Archéologie, PACA).

Enfin, l'ensemble des ossements ont été confiés à l'UMR 6578 en vue d'une étude plus complète. A l'intérieur des caisses, les os récoltés étaient en grande majorité des os longs ainsi que des crânes avec des degrés de conservation assez différents. Cet état de fait n'était pas le résultat d'une sélection faite sur le terrain, mais sans doute d'une sélection faite au XIX^e siècle. Il est également important de noter que des fragments de mobilier (poterie, vaisselle, matériaux de construction, ferrailles...) ont été retrouvés et prélevés. Ils attestent de la présence des restes humains dans un terrain de remblais.

4.8.3 Récapitulatif des protocoles

Pour la mise en place de notre méthode, nous avons procédé en plusieurs étapes successives (figure 22).

Dans un premier temps, nous avons créé un **échantillon d'apprentissage** composé de 700 individus tirés aléatoirement de notre base de données. Les individus de cet échantillon permettent de calculer les différents paramètres nécessaires à l'estimation de la valeur d'une mesure ainsi qu'au calcul de l'intervalle de prédiction associé.

Dans le même temps, nous avons également constitué un **échantillon de validation**, composé de 52 individus qui n'ont pas servi à générer les différents paramètres. Cet échantillon sert à tester la fiabilité des différentes régressions, en observant les éventuelles exclusions à tort qui pourraient être observées.

Dans un deuxième temps, nous allons tester notre méthode selon différents cas de figures possibles :

- application de notre méthode sur un « vrac » dont l'effectif réel est connu (cimetière de peste de Lariey), afin d'observer la fiabilité et la justesse de notre méthode,
- application sur un « vrac » dont le nombre réel d'individus est inconnu (découverte du *Mucem*),
- application sur un cas médico-légal.

A travers ces trois applications, nous testerons notre méthode sur des amas osseux de tailles différentes, à savoir sur un « vrac » avec peu d'ossements, sur un « vrac » avec beaucoup d'ossements et enfin sur un « vrac » de taille moyenne.

A la suite de ces trois principales applications, nous avons également calculé les NMI par exclusions provenant des os épars issus des différents sites utilisés pour obtenir notre *corpus* de données (séries du Délos, des Rayettes, de l'Observance et de l'église Saint-Pierre). Les « vracs » d'ossements obtenus résultant de ces os possèdent des caractéristiques différentes, notamment au niveau du nombre d'os présents ainsi qu'au

niveau du nombre de mesures réalisées à partir de ces os. Ces caractéristiques permettent au final de discuter du potentiel et des limites de notre méthode.

Dans un dernier temps, nous avons observé l'influence de l'expérience de l'observateur dans la réalisation de l'estimation du NMI de fréquence et du NMI par exclusions.

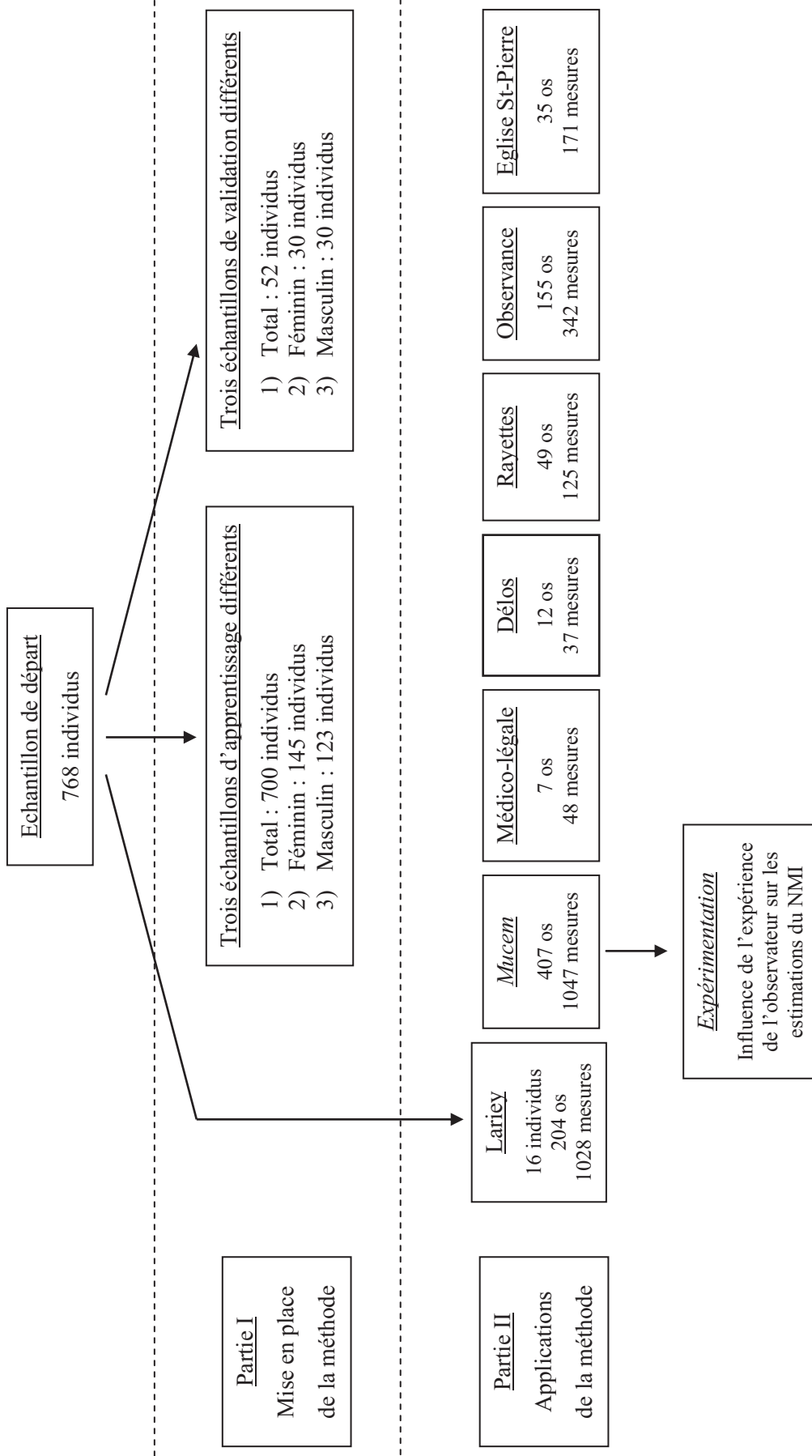


Figure 22 : Récapitulatif du protocole

5

Résultats : Partie 1

Mise en place

de la méthode

5.1 Constitution du corpus de données biométriques

Pour commencer, nous avons voulu observer la contribution de chacune des séries ostéologiques dans la constitution de notre *corpus* de données. Nous avons pour cela étudié dans un premier temps, pour chacune d'entre-elles, le nombre d'os mesurés à partir des individus sélectionnés (tableau 2). Dans un deuxième temps, nous avons observé le nombre de mesures réellement prises par rapport au nombre de mesures théoriquement possibles.

		Délos	Rayettes	Observance	Lariev	Notre-Dame du Bourg	Eglise St-Pierre	Total	
Nombre d'individus		21	112	118	16	429	72	768	
Nombre d'os mesurés	Scapula	G	10	73	59	5	160	22	329
		D	8	82	52	5	150	25	322
	Clavicule	G	8	64	28	5	141	21	267
		D	7	69	36	8	143	17	280
	Humérus	G	13	81	58	11	202	28	393
		D	12	88	56	14	208	26	404
	Ulna	G	14	84	84	13	176	24	395
		D	12	80	82	14	175	27	390
	Radius	G	12	84	51	7	140	17	311
		D	9	91	48	8	142	23	321
	Coxal	G	7	84	52	8	164	23	338
		D	8	85	50	11	153	26	333
	Fémur	G	14	89	96	14	227	32	472
		D	13	93	93	13	223	32	467
	Patella	G	8	84	36	10	160	37	335
		D	11	77	38	9	145	30	310
	Tibia	G	13	94	90	13	245	42	497
		D	14	93	89	13	228	41	478
	Fibula	G	4	72	8	2	127	13	226
		D	3	78	10	2	124	12	229
	Talus	G	9	92	78	7	185	47	418
		D	12	93	82	9	196	44	436
	Calcaneum	G	7	91	51	3	206	47	405
		D	12	85	44	0	196	44	381
Nombre total d'os mesurés		240	2006	1371	204	4216	700	8737	
Nombre de mesures prises		1152	10122	5272	1028	22220	3338	43132	

Tableau 2 : Répartition du nombre total d'os mesurés par type d'os et pour chaque série ostéologique

A partir des six séries utilisées pour la constitution de notre *corpus* de données, nous avons mesuré au total 8 737 os issus de 768 individus. La répartition du nombre d'os mesurés en fonction du type d'ossement est variée. Avec 455 os (gauches et droits confondus), la fibula est l'os le moins mesuré à partir de nos séries. En revanche, avec 975 os (gauches et droits confondus) le tibia est dans notre cas l'os le plus fréquemment mesuré.

En observant le nombre total d'os mesurés, nous voyons que celui-ci est éloigné du nombre théorique d'os que nous aurions dû mesurer à partir des 768 individus. En effet, nous avons sélectionné au départ 24 os (gauches et droits), de ce fait, théoriquement nous aurions dû avoir 18 432 os à mesurer. Or les 8 737 os réellement mesurés représentent seulement au final 47,4% du nombre d'os potentiellement mesurables. Cette différence ne se retrouve pas pour l'ensemble des sites puisque nous avons mesuré, respectivement pour les sites du Délos, des Rayettes, de l'Observance, de Lariey, de Notre-Dame du Bourg et de l'Eglise Saint-Pierre, 47,62%, 74,64%, 48,41%, 53,12%, 40,95% et 40,51% du nombre d'os théoriquement mesurables. Nous remarquons que seuls les sites des Rayettes et de Lariey possèdent des pourcentages supérieurs à 50%. Par ailleurs, la série ostéologique issue du site des Rayettes est la seule présentant un pourcentage assez élevé.

Au final, notre *corpus* de données est constitué de 43 132 mesures effectuées à partir de 8 737 os. Le nombre de mesures théoriques pouvant être prises à partir de ces 8 737 os s'obtient en calculant, tout d'abord, le nombre de mesures théoriques pour chaque type d'os, puis ensuite, en faisant la somme de tous les résultats obtenus. Chaque type d'os possédant un nombre différents de paramètres biométriques à relever (par exemple : trois pour la clavicule et neuf pour le fémur), le coefficient multiplicateur permettant le calcul du nombre de mesures théoriques n'est pas similaire entre tous les os.

Afin de pouvoir faire le calcul, nous avons étudié la répartition du nombre de mesures réellement prises par rapport au nombre de mesures théoriquement possibles et cela pour chaque type d'os (tableau 3). Cette répartition permettant au final de voir le nombre de mesures maximum que nous aurions pu prendre à partir des 8 737 os mesurés pour la constitution de notre *corpus* de données.

		Délos	Rayettes	Observance	Lariéy	Notre-Dame du Bourg	Eglise St-Pierre	Total
		Nombre de mesures prises / Nombre de mesures théoriquement possibles						
Scapula	G	27/50	228/365	160/295	12/25	588/800	52/110	1067/1645
	D	24/40	256/410	141/260	10/25	574/750	66/125	1071/1610
Clavicule	G	22/24	185/192	77/84	15/15	422/423	63/63	784/801
	D	19/21	201/207	104/108	24/24	429/429	51/51	828/840
Humérus	G	67/91	476/567	242/406	60/77	1254/1414	176/196	2275/2751
	D	80/84	535/616	220/392	64/98	1329/1456	175/182	2403/2828
Ulna	G	68/98	492/588	354/588	61/91	908/1232	151/168	2034/2765
	D	60/84	510/560	351/574	64/98	977/1225	156/189	2118/2730
Radius	G	46/60	399/420	195/255	35/35	697/700	81/85	1453/1555
	D	41/45	392/455	173/240	40/40	708/710	111/115	1465/1605
Coxal	G	57/70	695/840	331/520	51/80	1303/1640	162/230	2599/3380
	D	54/80	697/850	293/500	71/110	1259/1530	176/260	2550/3330
Fémur	G	99/126	742/801	461/864	106/126	1752/2043	211/288	3371/4248
	D	96/117	774/837	425/837	105/117	1705/2007	222/288	3327/4203
Patella	G	16/16	166/168	71/72	20/20	319/320	74/74	666/670
	D	22/22	152/154	75/76	18/18	290/290	60/60	617/620
Tibia	G	105/130	862/940	390/900	103/130	2242/2450	375/420	4077/4970
	D	106/140	862/930	414/890	98/130	2120/2280	348/410	3948/4780
Fibula	G	16/16	219/288	31/32	8/8	508/508	52/52	834/904
	D	12/12	229/312	39/40	8/8	496/496	48/48	832/916
Talus	G	27/27	272/276	232/234	21/21	554/555	139/141	1245/1254
	D	34/36	274/279	242/246	25/27	588/588	131/132	1294/1308
Calcaneum	G	21/21	257/273	132/153	9/9	615/618	133/141	1167/1215
	D	33/36	247/255	119/132	0/0	583/588	125/132	1107/1143
Total		1152/1446	10122/11583	5272/8698	1028/1332	22220/25052	3338/3960	43132/52071
% total de mesures prises		79,67%	87,37%	60,61%	77,18%	88,70%	90,90%	82,83%

Tableau 3 : Nombre de mesures réellement prises et nombre de mesures théoriquement possibles par site et par type d'os

A partir des 8 737 os mesurés au total, nous aurions pu réaliser 52 071 mesures dans le meilleur des cas. Le nombre de mesures prises à partir de ces os est différent du nombre théorique, puisqu'au final, nous avons réellement effectué 43 132 mesures. Cet écart est la conséquence de la conservation inégale des os car pour certains, nous n'avons pu

prendre qu'une seule mesure alors que pour d'autres toutes les mesures ont pu être faites. Cependant, à partir de la totalité des os mesurés, nous avons quand même eu la possibilité d'effectuer plus de 80 % des mesures.

Au niveau des séries ostéologiques constituant notre *corpus*, les pourcentages de mesures prises par rapport au nombre de mesures théoriquement possibles sont différents, variant d'environ 60 % pour le site de l'Observance à plus de 90 % pour la série de l'église Saint-Pierre. Au final, la série de l'Observance est la seule présentant un pourcentage plutôt faible.

5.2 Fiabilité des mesures

Dans le cadre de notre méthodologie, les mesures biométriques sélectionnées font partie de celles fréquemment utilisées en anthropologie. Cependant, au vu de l'importance des paramètres biométriques dans notre approche méthodologique et dans l'interprétation des résultats obtenus, nous avons souhaité valider cette étape par l'intermédiaire de tests de répétabilité et de reproductibilité. Ainsi, 22 individus provenant du site de l'église Saint-Pierre de Moirans (Isère) ont été sélectionnés et mesurés par deux observateurs différents ainsi qu'à deux reprises par le même observateur (une période de trois mois séparant les deux prises de mesures). La conservation des individus composant cet échantillon ne nous ayant pas permis de relever l'ensemble des mesures que nous souhaitions, certains paramètres biométriques ne possédaient pas suffisamment d'observations possibles pour permettre la mise en place de tests statistiques fiables. Nous avons donc fait le choix de rassembler nos mesures en trois groupes différents.

Le premier groupe concerne l'ensemble des paramètres de longueurs ainsi que les mesures ayant des valeurs assez élevées et devant donc être relevées à l'aide de la planche ostéométrique. Ce groupe comprend au final 42 mesures (21 gauches et 21 droites). Le deuxième groupe rassemble toutes les mesures prises à l'aide du pied à coulisse, tels que les diamètres, les largeurs et les épaisseurs au niveau des épiphyses. Ce groupe rassemble au total 80 mesures (40 gauches et 40 droites). Enfin, le dernier groupe concerne les périmètres, c'est-à-dire toutes les mesures ayant été prises à l'aide d'un mètre ruban ce qui représente 14 mesures.

A partir de ces trois groupes, les couples de deux mesures pour lesquels nous avons pu effectuer une comparaison, suivant que nous soyons dans le cas du test de répétabilité ou du test de reproductibilité, sont reportés dans le tableau 4.

Groupe	Répétabilité	Reproductibilité
1	259	272
2	659	682
3	109	110

Tableau 4 : Nombre de couples de mesure obtenus pour chacun des différents groupes pour les tests de répétabilité et de reproductibilité

Le nombre de couples de mesures étudié dans le cas des deux tests est différent, avec des valeurs systématiquement plus faibles pour le test de répétabilité, cette constante résultant de l'état de conservation de l'échantillon ostéoarchéologique. En effet, dans le cadre du test de reproductibilité, les deux observateurs ont effectué leur série de mesures dans un laps de temps assez proche (moins d'une semaine). Durant cette période, la collection n'a pas été manipulée et est restée stockée en un même endroit. En revanche, entre le moment où le même observateur a effectué sa première et sa deuxième série de mesures, plusieurs mois se sont écoulés et la série a dû être déplacée dans un nouveau lieu de stockage. Le déplacement entraînant une fragmentation supplémentaire des ossements, empêchant la prise de certaines mesures initialement présentes.

A la fin de cette phase, l'ensemble des paramètres biométriques ont été traités et ventilés dans les différents groupes. Nous avons pour chaque couple calculé la moyenne de la mesure ainsi que l'écart entre les deux mesures et nous avons observé la répartition de ces écarts à l'aide d'une représentation graphique en « nuage de points ».

5.2.1 Reproductibilité

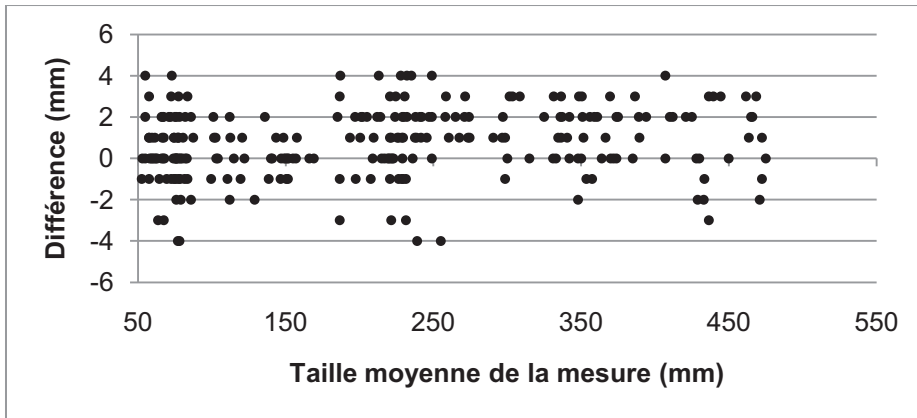


Figure 23 : Représentation des différences entre les mesures de l'observateur 1 (O_1) et de l'observateur 2 (O_2) en fonction de la moyenne des mesures du groupe 1

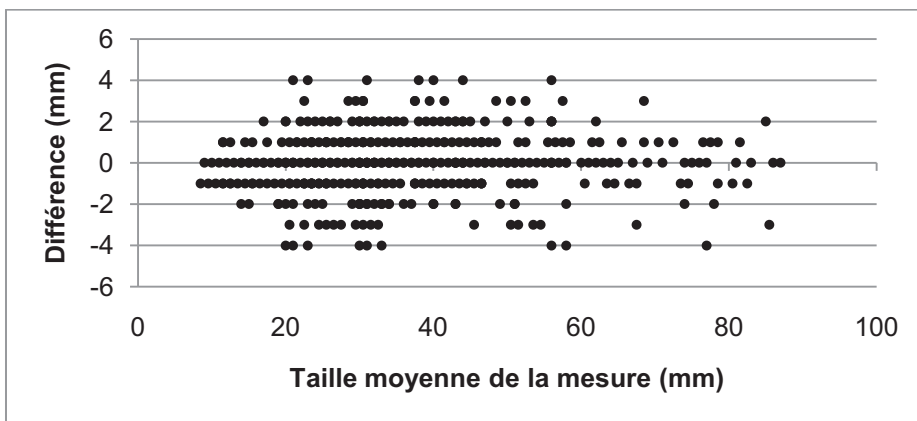


Figure 24 : Représentation des différences entre les mesures de l'observateur 1 (O_1) et de l'observateur 2 (O_2) en fonction de la moyenne des mesures du groupe 2

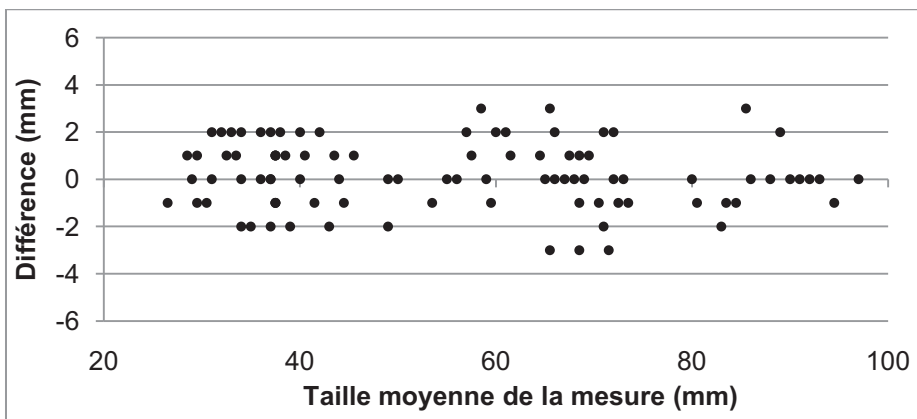


Figure 25 : Représentation des différences entre les mesures de l'observateur 1 (O_1) et de l'observateur 2 (O_2) en fonction de la moyenne des mesures du groupe 3

Pour chacun des graphiques de dispersion concernant le test de reproductibilité (figures 23, 24 et 25), nous pouvons constater qu'il n'y a pas de croissance de la différence entre les mesures avec l'augmentation de la taille moyenne de la mesure. Les écarts se distribuent aléatoirement entre les valeurs positives et négatives. La distribution des différences varie de - 4 à + 4 mm pour les mesures de longueurs et de diamètres, et de - 3 à + 3 mm pour les mesures de périmètres.

5.2.2 Répétabilité

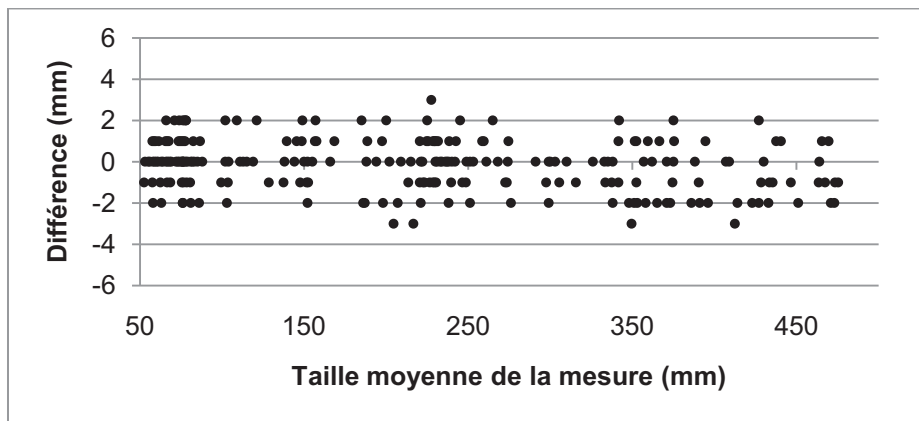


Figure 26 : Représentation des différences entre les mesures de la série 1 (S_1) et de la série 2 (S_2) de l'observateur 1 (O_1) en fonction de la moyenne des mesures du groupe 1

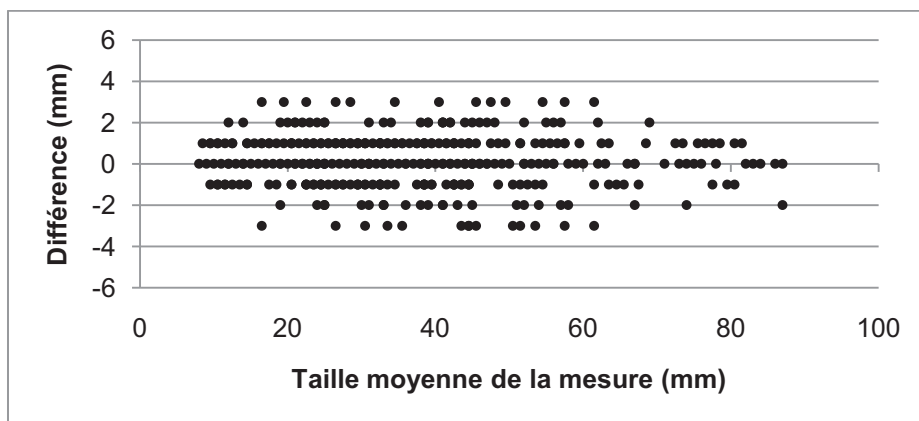


Figure 27 : Représentation des différences entre les mesures de la série 1 (S_1) et de la série 2 (S_2) de l'observateur 1 (O_1) en fonction de la moyenne des mesures du groupe 2

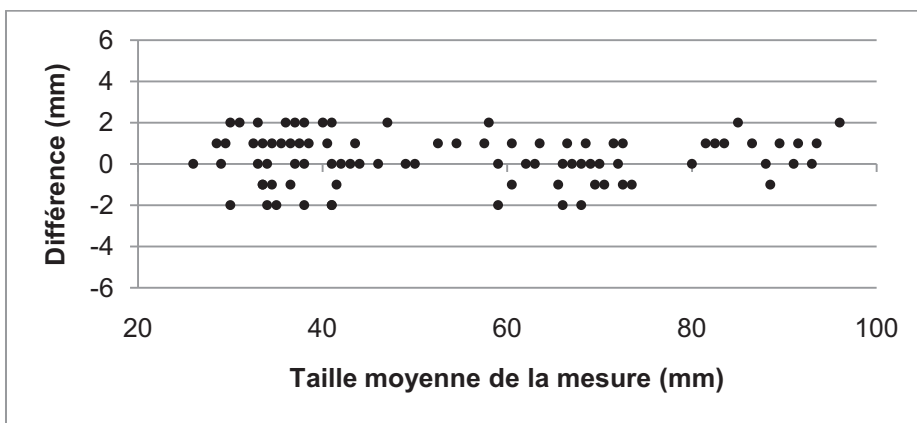


Figure 28 : Représentation des différences entre les mesures de la série 1 (S₁) et de la série 2 (S₂) de l’observateur 1 (O₁) en fonction de la moyenne des mesures du groupe 3

Les diagrammes de dispersion concernant les tests de répétabilité (figures 26, 27 et 28) selon les trois groupes de mesures ne montrent pas de tendance en faveur de l’existence de différences entre les séries de mesures, que cela soit une augmentation ou une diminution. Les premier et deuxième groupes de mesures concernant les longueurs et les diamètres montrent une distribution des différences qui varie de - 3 à + 3 mm. Le troisième groupe concernant les mesures des périmètres présente des différences variant de - 2 à + 2 mm.

La moyenne et l’écart-type des différences à la fois pour la reproductibilité et la répétabilité de nos mesures ont été également calculés (tableau 5).

	Répétabilité			Reproductibilité		
	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3
Moyenne	-0,15	0,21	0,3	0,7	-0,08	0,15
Ecart-type	1,2	1,08	1,1	1,6	1,3	1,37

Tableau 5 : Moyenne et écart-type des différences entre les mesures selon les différents groupes de mesures

En ce qui concerne la moyenne des différences obtenues, celle-ci est toujours nettement inférieure à 1 mm. Par ailleurs, les écart-types associés varient faiblement à savoir de 1,08 à 1,60 mm.

5.2.3 Calcul de l'erreur technique de la mesure

L'erreur technique de la mesure (TEM) pour chacun des trois groupes de mesures à la fois pour les tests de reproductibilité et de répétabilité a également été calculée (tableau 6).

Groupe	Répétabilité	Reproductibilité
1	0,61	0,87
2	0,55	0,65
3	0,58	0,69

Tableau 6 : Résultats du calcul de l'erreur technique de la mesure (en mm) pour chacun des groupes pour le test de répétabilité et de reproductibilité

Le premier constat que nous pouvons faire réside dans le fait que dans aucun cas l'erreur technique de la mesure dépasse un millimètre, cela montre donc la très bonne répétabilité et reproductibilité de nos différentes mesures. Dans l'ensemble, ce sont les mesures de longueurs (groupe 1) qui présentent l'erreur technique la plus élevée, suivies de près par les périmètres (groupe 3) et pour finir nous retrouvons les mesures de diamètres ou de largeurs des épiphyses (groupe 2). Ce résultat peut être mis en parallèle avec la taille de ces différentes mesures. En effet, les longueurs des os sont les mesures qui présentent les tailles les plus grandes, puis viennent ensuite les périmètres et enfin les diamètres. Tout en gardant à l'esprit que les instruments utilisés pour prendre l'ensemble des mesures sont gradués au millimètre (planche ostéométrique, pied à coulisse et mètre ruban), nous voyons bien qu'en dépit des mesures considérées l'erreur technique demeure très faible (<1mm).

5.2.4 Coefficient de corrélation intra-classe

Pour finir, nous avons calculé le coefficient de corrélation intra-classe pour l'ensemble des trois groupes à la fois pour la répétabilité et la reproductibilité (annexe 2). Seul le résultat du calcul du coefficient pour le test de répétabilité des mesures du groupe 2 est présenté dans le tableau 7.

	Corrélation intra-classe ^a	Intervalle de confiance à 95%	
		Borne inférieure	Limite supérieure
Mesures uniques	,998 ^b	,997	,998
Mesures moyennes	,999 ^c	,999	,999

Modèle à effets mixtes à deux facteurs lorsque les effets sur les personnes sont aléatoires et les effets des mesures sont fixes.

a. Coefficients de corrélation intra-classe de type A utilisant une définition de cohérence absolue.

b. L'estimateur est identique, que l'effet d'interaction soit présent ou non.

c. Cette estimation est calculée en supposant que l'effet d'interaction est inexistant, puisqu'il ne peut pas être estimé autrement.

Tableau 7 : Résultat du coefficient de corrélation intra-classe pour la répétabilité des mesures du groupe 2

Dans ce cas, le coefficient de corrélation intra-classe est de 99,8%. En d'autres termes, la proportion de variance liée à l'erreur technique de mesure par rapport à la variance réelle de l'échantillon est de 0,02%. A la fois dans les cas de répétabilité et de reproductibilité, l'ensemble de nos trois groupes présente des coefficients de corrélation intra-classe supérieurs à 99%.

A partir des représentations graphiques Bland-Altman, des résultats du calcul de l'erreur technique de la mesure (TEM) et du coefficient de corrélation intra-classe, nous pouvons donc conclure que nos mesures sont à la fois répétables et reproductibles.

5.3 Indice de mesurabilité

Par la suite, nous avons calculé l'indice de mesurabilité (Ma), afin d'observer les portions anatomiques se conservant le mieux pour chaque os sélectionné. Cet indice a été calculé pour toutes les mesures biométriques faites à partir des différents os choisis et pour toutes les séries. Il donne la fréquence avec laquelle il est possible de réaliser les différentes mesures à partir des os.

L'indice de mesurabilité (Ma) correspond au rapport entre le nombre d'observations biométriques effectuées pour une mesure donnée à partir d'une pièce osseuse définie (M), sur le nombre total de pièces osseuses de ce type (A) présentes dans l'échantillon étudié (Bello, 2000).

La formule de l'indice de mesurabilité est la suivante :

$$Ma = \frac{M}{A} \times 100$$

Afin de réaliser les différents calculs de cet indice, nous avons fait un décompte pour chaque série des différents os observés et retenus pour l'étude (tableau 8).

		Délos	Rayettes	Observance	Lariey	Notre-Dame du Bourg	Eglise St-Pierre	Total
Scapula	G	13	75	108	14	173	34	417
	D	12	87	107	14	178	33	431
Clavicule	G	12	67	102	10	180	36	407
	D	11	73	101	12	204	41	442
Humérus	G	13	90	100	16	211	46	476
	D	13	90	98	16	215	43	475
Ulna	G	14	90	106	14	187	37	448
	D	12	83	112	15	194	41	457
Radius	G	12	89	101	14	187	32	435
	D	9	95	99	15	187	40	445
Coxal	G	11	96	90	16	193	38	444
	D	11	94	94	15	186	40	440
Fémur	G	14	99	113	14	248	41	529
	D	13	94	109	12	244	42	514
Patella	G	8	88	50	12	174	37	369
	D	11	79	50	12	168	37	357
Tibia	G	13	98	108	13	246	49	527
	D	13	95	108	14	238	53	521
Fibula	G	12	82	65	9	183	45	396
	D	12	83	63	10	178	45	391
Talus	G	9	93	92	10	192	55	451
	D	12	92	94	11	196	52	457
Calcaneum	G	7	94	92	4	206	54	457
	D	12	87	85	3	202	48	437

Tableau 8 : Nombre d'os observés lors de l'étude biométrique pour chacune des six séries ostéologiques

5.3.1 Indice de mesurabilité des os du membre supérieur

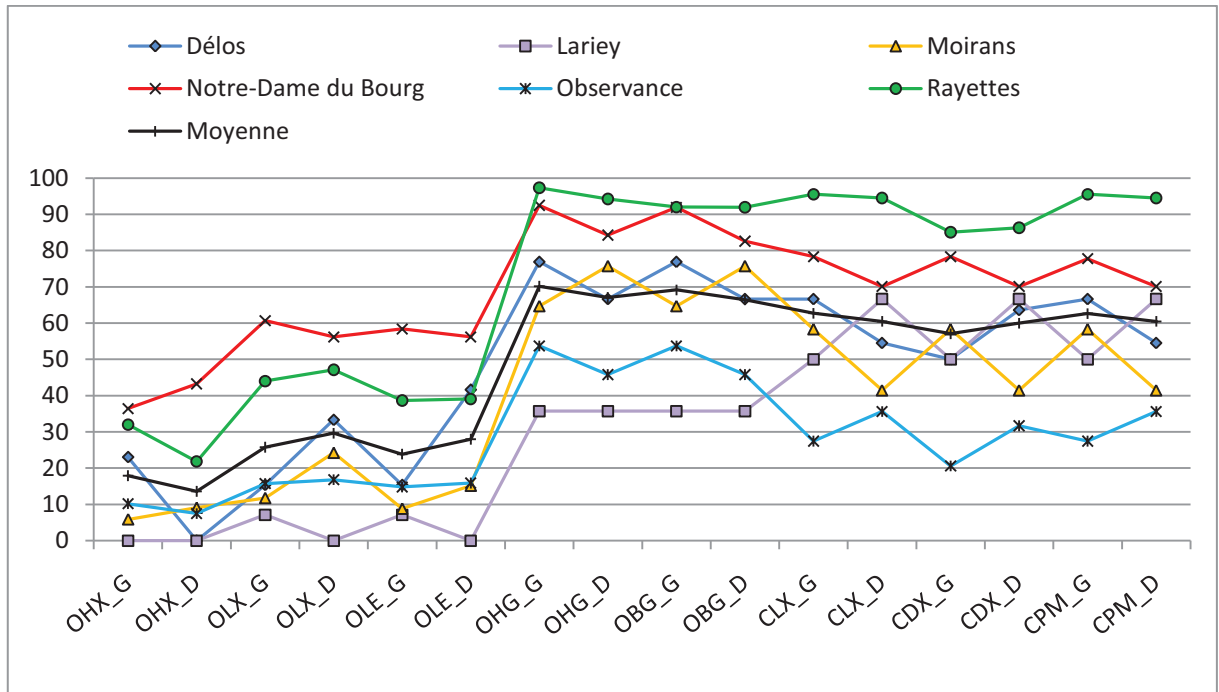


Figure 29 : Indice de mesurabilité (Ma) de la scapula et de la clavicule pour chaque séries

Scapula (figure 29) : dans la littérature (Russel, 1987), la scapula est présentée comme un os fragile, très sensible aux phénomènes de fragmentation. La région anatomique la plus touchée est le corps de la scapula et inversement les régions les mieux conservées se situent au niveau de la fosse glénoïde, de l’acromion et du processus coracoïde. Ces parties étant plus compactes, elles résistent mieux à la fragmentation. Les résultats obtenus avec les indices de mesurabilité des scapulas de nos séries sont en accord avec ces constatations. En effet, les scores les plus faibles concernent pour chaque série, les mesures situées au niveau du corps de la scapula (OHX, OLX, OLE) et les scores les plus élevés se retrouvent pour les mesures prises au niveau de la cavité glénoïde (OHG, OBG) et ce quel que soit le côté considéré.

Clavicule (figure 29) : les indices de mesurabilité des clavicules présentent de grandes différences selon les séries. En effet, les clavicules de l’Observance sont très fragmentées avec des valeurs de Ma comprises entre 20% et 35%, tandis que pour la série des Rayettes les scores sont compris entre 85% et 95%. L’absence d’une des épiphyses entraîne immédiatement une perte d’information puisque nous ne pouvons plus réaliser la mesure

de la longueur maximale (CLX) et de ce fait nous ne pouvons pas relever d'autres paramètres, comme le diamètre (CDX) ou le périmètre au milieu (CPM).

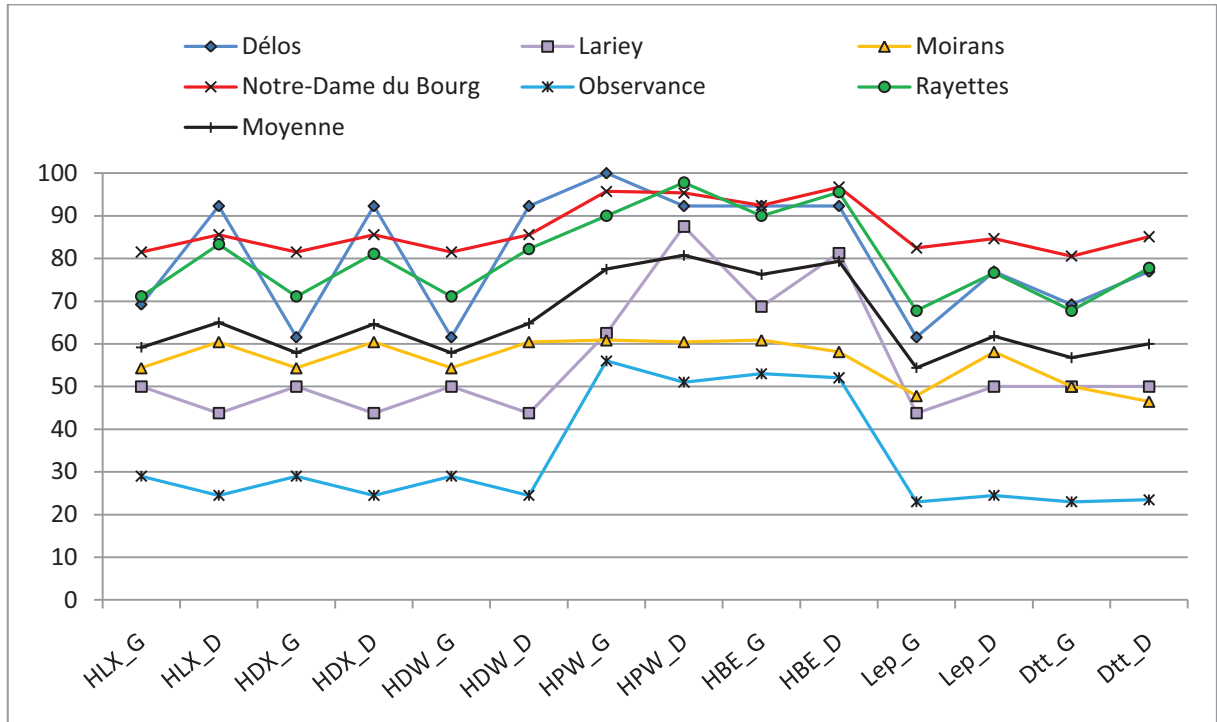


Figure 30 : Indice de mesurabilité (Ma) de l’humérus pour chaque série

Humérus (figure 30) : selon la série envisagée les indices de mesurabilité montrent là encore de grandes variations, cependant il se dessine une tendance générale. La mesure qui présente le plus haut score de mesurabilité concerne le périmètre minimum de l’humérus (HPW). En effet, de part sa taille l’humérus est sujet aux fractures, il est donc plus rare de pouvoir mesurer une longueur maximale par rapport à un périmètre minimum. De plus, pour l’ensemble de nos séries l’épiphyse distale (HBE) est mieux conservée que l’épiphyse proximale (Lep et Dtt) avec des indices de mesurabilité respectivement compris entre 75-80% et 55-60%. La largeur de l’épiphyse distale étant même pour chaque série une des mesures les plus fréquemment réalisables.

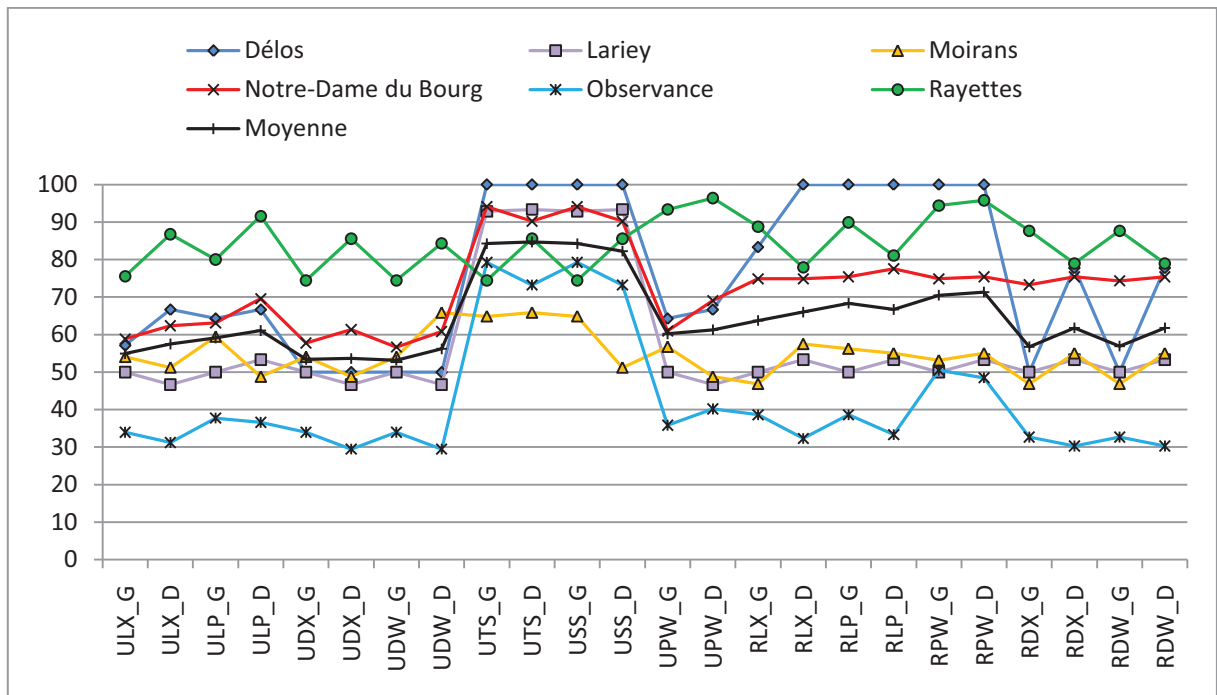


Figure 31 : Indice de mesurabilité (Ma) de l’ulna et du radius pour chaque série

Ulna (figure 31) : quelle que soit la série ostéologique considérée, nous observons les indices les plus élevés pour les mesures concernant des diamètres pris au niveau de la diaphyse (UTS et USS) et plus précisément ceux pris sous le processus sigmoïde. Le périmètre minimum situé également au niveau de la diaphyse, n’est de manière générale pas souvent mesuré en comparaison des diamètres sous-sigmoïdiens. L’explication tient principalement au fait que le périmètre minimum de l’ulna se situe dans la partie distale de la diaphyse, or cette région est extrêmement sujette aux cassures et donc le nombre d’observations possibles est limité.

Radius (figure 31) : l’indice de mesurabilité le plus élevé s’observe pour la mesure du périmètre minimum (RPW). Ce résultat n’est pas surprenant puisque comme tous les os longs, le radius est sensible aux fractures, il est donc logique d’observer les plus forts indices de mesurabilité pour une région anatomique précise de la diaphyse.

5.3.2 Indice de mesurabilité du coxal

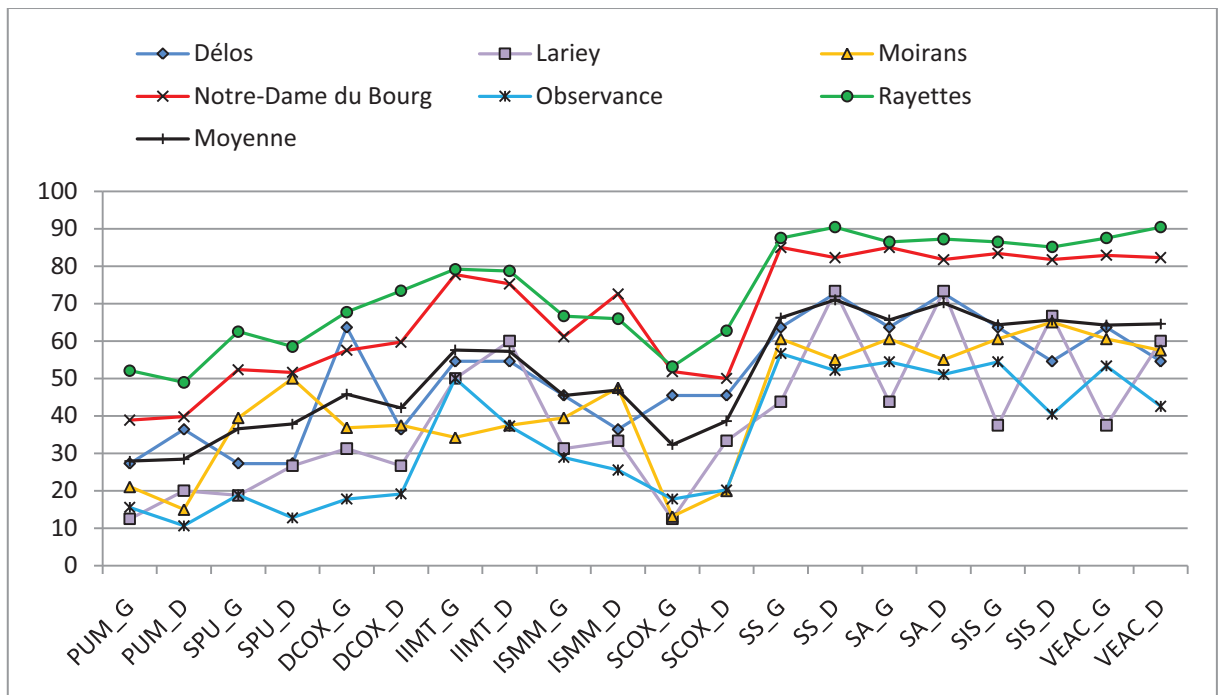


Figure 32 : Indice de mesurabilité (Ma) du coxal pour chaque séries

L'os coxal constitue un des éléments les plus fragiles du squelette humain en raison de sa taille et de sa forme. Au sein de nos séries, la moitié des variables présentent des scores d'indices de mesurabilité inférieurs à 50% (figure 32). Ces scores correspondent à des mesures se situant au niveau de régions anatomiques fragiles comme le pubis (PUM et SPU). Nous observons également que la hauteur maximale de l'os coxal est un paramètre très dépendant de la fragmentation. De manière générale, les mesures les plus fréquemment observables correspondent à la partie inférieure de l'ilion (SS et SA).

5.3.3 Indice de mesurabilité des os du membre inférieur

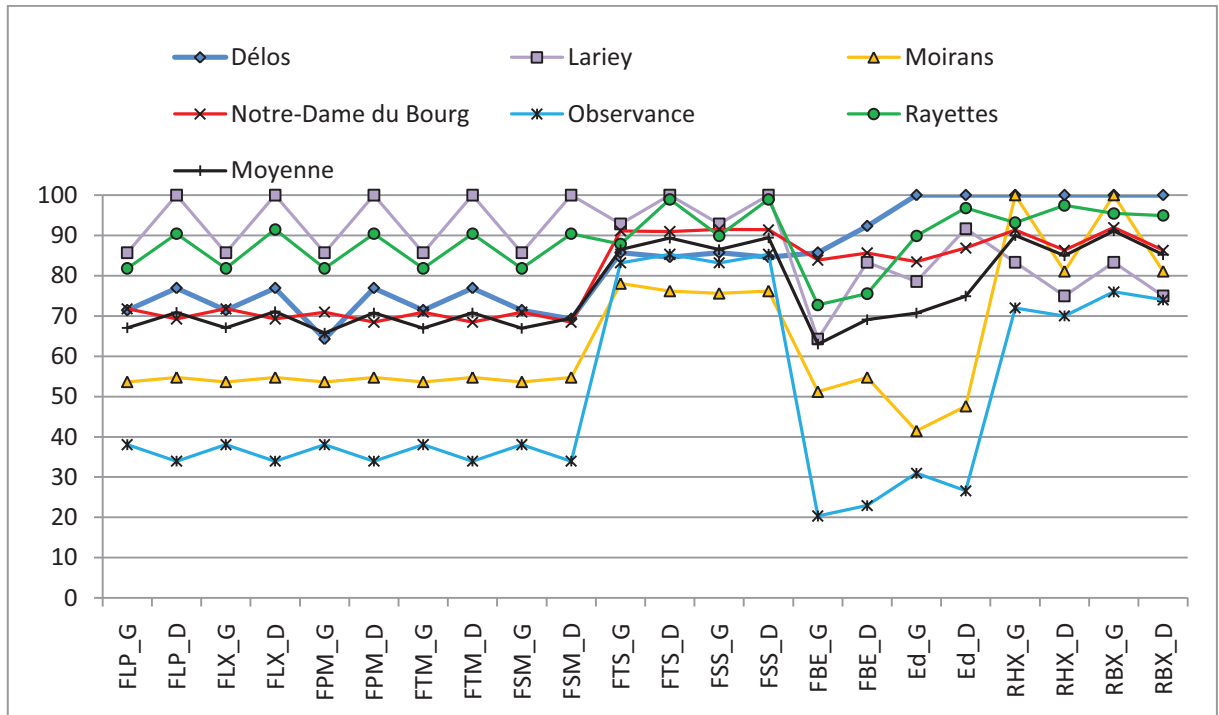


Figure 33 : Indice de mesurabilité (Ma) du fémur et de la patella pour chaque séries

Fémur (figure 33) : les scores entre les différentes séries sont assez différents. En effet la série de l'Observance présente des indices de mesurabilité en moyenne plus faibles que l'ensemble des autres séries. Cependant quel que soit le site considéré, les mesures qui présentent les valeurs les plus élevées sont les diamètres sous-trochantériens (FTS et FSS), ce qui n'est pas surprenant puisqu'il s'agit d'une région anatomique très souvent conservée (Willey *et al.*, 1997). En revanche, la partie la moins bien conservée dans nos séries est l'épiphyse distale du fémur (FBE et Ed).

Patella (figure 33) : elle présente des scores d'indices de mesurabilité très élevés compris entre 70% (Observance) et 100% (Délos). La patella est un os relativement petit et compact. Lorsqu'elle est retrouvée, elle est souvent bien conservée et donc les mesures sont réalisables dans la très grande majorité des cas.

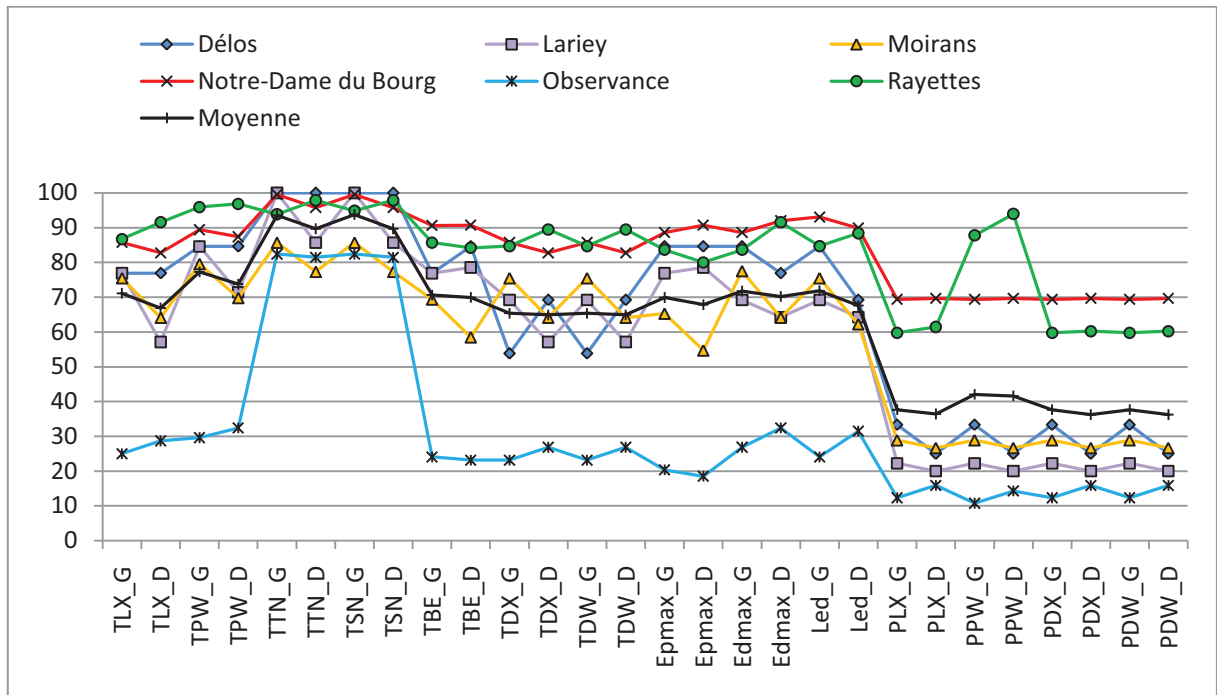


Figure 34 : Indice de mesurabilité (Ma) du tibia et de la fibula pour chaque série

Tibia (figure 34) : la plupart des séries étudiées présentent des indices de mesurabilité élevés pour le tibia (entre 60 et 100%), à l’exception de la série de l’Observance (entre 20% et 30% pour la majorité des mesures sauf TTN et TSN). En revanche quel que soit le degré de fragmentation du tibia au sein des séries, les mesures les moins affectées sont les diamètres au niveau du trou nourricier (TTN et TSN), avec des indices compris entre 80% et 100%.

Fibula (figure 34) : elle présente les indices de mesurabilité les plus faibles des os longs avec en moyenne sur l’ensemble des séries des indices aux environs de 40%. Ce résultat s’explique principalement par la morphologie de cet os : très fin en rapport à sa longueur. De manière générale, la fibula est retrouvée dans un état fragmentaire et cela réduit considérablement la possibilité de prise de mesures.

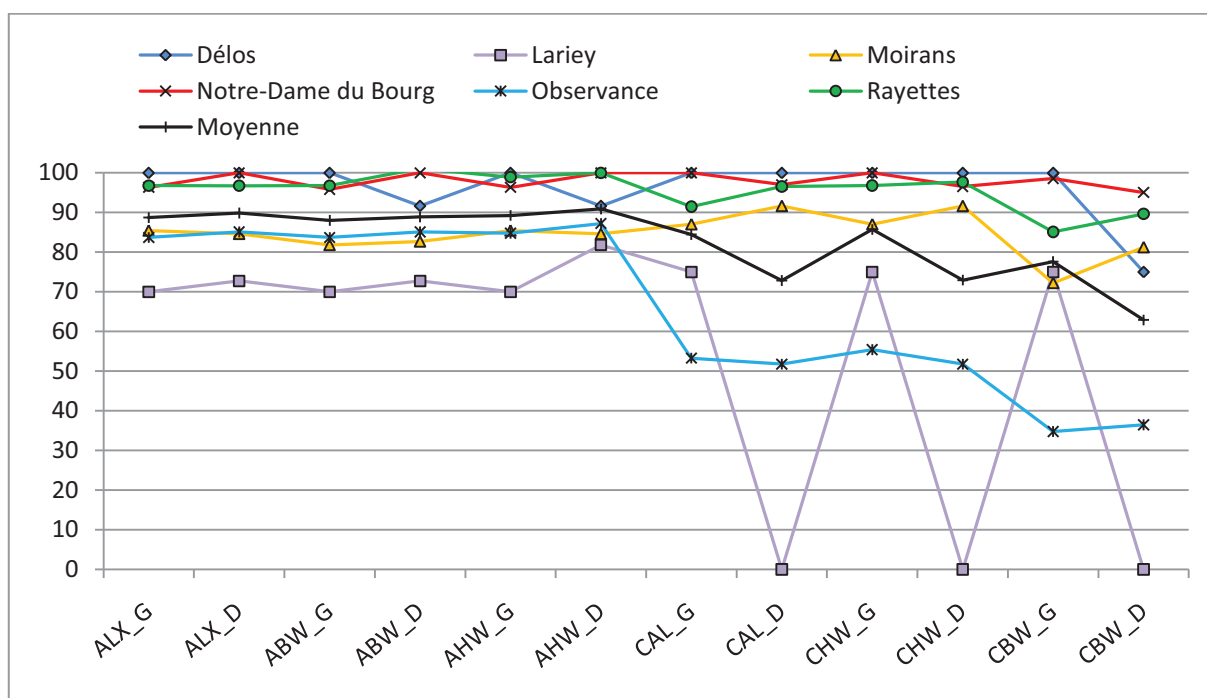


Figure 35 : Indice de mesurabilité (Ma) du talus et du calcanéum pour chaque séries

Talus (figure 35) : il présente des indices de mesurabilité très élevés, toujours supérieur à 70%. Le talus est un os qui, lorsqu'il est conservé, se retrouve en très bon état et permet la réalisation de l'ensemble des mesures choisies.

Calcaneum (figure 35) : il présente également de bons scores de mesurabilité, cependant moins élevés que ceux obtenus à partir du talus, ce qui laisse sous-entendre que celui-ci serait un peu plus sujet à la fragmentation. Il faut être prudent quant aux résultats obtenus à partir des calcaneums de la série de Lariey. En effet, nous n'avons pu prendre aucune mesure à partir des calcaneums droits de cette série, ces derniers ayant participé à une étude visant à mettre en évidence la présence de l'Antigène F1 de *Yersinia pestis* (Bianucci *et al.* 2008).

Au total dans le cadre, nous avons observé 848 scapulas, 849 clavicules, 951 humérus, 905 ulnas, 880 radius, 884 coxaux, 1 043 fémurs, 726 patellas, 1 048 tibias, 787 fibulas, 908 talus et 894 calcaneums, soit 10 723 os provenant de squelettes adultes bien individualisés.

Suivant l'os et la série considérés, les indices de mesurabilité sont assez différents. Nous notons que de manière générale la série de l'Observance présente des indices plus faibles que ceux des autres séries avec pour certains os des différences très importantes (ex : tibia).

5.4 Indice de latéralité

La recherche d'asymétrie a été menée sur tous les individus pour lesquels nous avons pu déterminer un sexe selon la méthode de la DSP, l'échantillon initial est au final constitué de 175 femmes et de 153 hommes. Dans l'optique de l'étude de l'asymétrie il est évidemment impératif d'avoir des mesures à la fois sur les os gauches et droits d'un même type, c'est la raison pour laquelle seulement les individus ayant des os appareillés ont été inclus cette étude.

Dans un premier temps, nous avons observé la répartition de la latéralisation des os selon trois cas possibles (tableau 9) :

- une latéralité en faveur de la gauche (G),
- une latéralité en faveur de la droite (D),
- une latéralité nulle (G=D).

Dans un second temps, nous avons calculé l'indice de latéralité pour la longueur maximale de la clavicule (CLX), de l'humérus (HLX), de l'ulna (ULX), du radius (RLX), du fémur (FLX), du tibia (TLX) et de la fibula (PLX), ainsi que le périmètre minimum pour ces os (respectivement HPW, UPW, RPW, TPW, PPW) sauf pour la clavicule et le fémur pour lesquels il s'agit du périmètre au milieu (CPM et FPM). Nous avons privilégié l'indice de latéralité (I.L.) à l'indice d'asymétrie (I.A.), puisque celui-ci permet de connaître à la fois l'intensité moyenne de l'asymétrie et la latéralité prédominante.

Les valeurs obtenues étant faibles pour chaque indice, elles sont donc multipliées par 1000.

$$I.L. = \frac{D-G}{\min(D,G)} \times 1000$$

Le côté droit est prédominant lorsque l'indice de latéralité est supérieur à 0 et le côté gauche prédomine lorsque l'indice est inférieur à 0. Les résultats des différents indices de latéralité sont repris dans le tableau 10.

5.4.1 Répartition de la latéralisation

Répartition des latéralisations				
		G (%)	D (%)	G=D (%)
CLX	Hommes	37 (68,5)	13 (24,1)	4 (7,4)
	Femmes	39 (56,5)	24 (34,8)	6 (8,7)
CPM	Hommes	24 (45,3)	17 (32,1)	12 (22,6)
	Femmes	25 (36,2)	23 (33,3)	21 (30,5)
HLX	Hommes	12 (19,4)	44 (71)	6 (9,6)
	Femmes	10 (12,5)	64 (80)	6 (7,5)
HPW	Hommes	21 (27,3)	44 (57,1)	12 (15,6)
	Femmes	23 (23,5)	52 (53)	23 (23,5)
ULX	Hommes	15 (28,8)	33 (63,5)	4 (7,7)
	Femmes	6 (10,9)	43 (78,2)	6 (10,9)
UPW	Hommes	23 (37,7)	24 (39,3)	14 (23)
	Femmes	23 (35,9)	22 (34,4)	19 (29,7)
RLX	Hommes	22(36,1)	29 (47,5)	10 (16,4)
	Femmes	12 (19)	43 (68,3)	8 (12,7)
RPW	Hommes	20 (32,2)	28 (45,2)	14 (22,6)
	Femmes	22 (31,4)	23 (32,9)	25 (35,7)
FLX	Hommes	46 (46,5)	37 (37,4)	16 (16,1)
	Femmes	44 (47,3)	38 (40,9)	11 (11,8)
FPM	Hommes	41 (41,4)	34 (34,4)	24 (24,2)
	Femmes	47 (50,5)	29 (31,2)	17 (18,3)
TLX	Hommes	46 (50,5)	34 (37,4)	11 (12,1)
	Femmes	39 (41,5)	40 (42,5)	15 (16)
TPW	Hommes	40 (39,2)	45 (44,1)	17 (16,7)
	Femmes	39 (39,8)	32 (32,7)	27 (27,5)
PLX	Hommes	20 (50)	12 (30)	8 (20)
	Femmes	16 (40)	18 (45)	6 (15)
PPW	Hommes	26 (48,1)	17 (31,5)	11 (20,4)
	Femmes	12 (26,1)	18 (39,1)	16 (34,8)

Tableau 9 : Répartition des latéralisations des mesures de longueur maximales et de périmètres des os longs

Au niveau du membre supérieur, le pourcentage de latéralisation est majoritairement en faveur du côté droit pour l'humérus, l'ulna et le radius. Cependant il existe deux exceptions, la première concerne le périmètre minimum de l'ulna qui chez les femmes présente une répartition des latéralisations légèrement en faveur du côté gauche et la seconde se retrouve pour le périmètre minimum du radius qui, toujours pour les sujets féminins, montre un plus fort pourcentage d'asymétrie nulle. Ces deux exceptions sont tout de même à relativiser, car la répartition des latéralités présente une répartition des valeurs quasiment similaires pour les trois catégories. La véritable exception au niveau du membre supérieur se situe au niveau de la clavicule qui présente des pourcentages de latéralisation à la fois pour les hommes et pour les femmes, en faveur du côté gauche.

Toujours concernant les mesures du membre supérieur, ce sont les longueurs maximales qui présentent les pourcentages les plus élevés, soit en faveur de la gauche en ce qui concerne la clavicule (68,5% et 56,5% respectivement pour les hommes et pour les femmes), soit en faveur de la droite pour l'humérus (71% et 80%), l'ulna (63,5% et 78,2%) et le radius (47,5% et 68,3%). De façon générale, les périmètres présentent des distributions plus homogènes entre les trois catégories.

Au niveau du membre inférieur, les répartitions sont en majorité en faveur du côté gauche (8 cas sur 12), cependant les pourcentages entre les trois catégories montrent des écarts plus faibles que ceux observés pour le membre supérieur. D'autre part, rarement une des trois catégories possède un pourcentage de répartition supérieur à 50 (seulement 3 cas sur 12) et lorsque c'est le cas ce pourcentage avoisine les 50%. A l'exception de la fibula, les résultats des différents pourcentages de répartition sont quasiment les mêmes entre les hommes et les femmes. La fibula quant à elle montre une différence, les hommes ayant une répartition en faveur du côté gauche et les femmes en faveur du côté droit.

5.4.2 Indice de latéralité

Indice de latéralité			
	Hommes	Femmes	Hommes+Femmes
CLX	-12,41	-8,58	-10,26
CPM	-4,21	-1,2	-2,51
HLX	7,85	12,43	10,43
HPW	11,37	11,47	11,42
ULX	5,86	12,24	9,14
UPW	8,1	6,32	7,19
RLX	3,59	9,14	6,41
RPW	0,27	4,56	2,54
FLX	-1,43	-0,27	-0,87
FPM	-3,27	-3,19	-3,23
TLX	-2,35	-1,01	-1,67
TPW	-0,7	-2,56	-1,61
PLX	-3,39	-0,51	-1,95
PPW	-12,46	11,99	-1,21

Tableau 10 : Indice de latéralité selon les différents os et selon le sexe des individus

Tous les os du membre supérieur, hormis la clavicule, présentent une prédominance du côté droit. La clavicule montre, quant à elle, une grande asymétrie en faveur du côté gauche, plus particulièrement pour la longueur maximale. La prédominance du côté droit peut être reliée au fait d'être préférentiellement droitier plutôt que gaucher dans l'accomplissement des tâches quotidiennes (Auerbach et Ruff, 2006 ; Danforth, 2008 ; Kanchan *et al.*, 2008 ; Kujanova *et al.*, 2008).

Le membre inférieur quant à lui, présente contrairement au membre supérieur, une asymétrie en faveur du côté gauche, cependant cette asymétrie est beaucoup moins marquée qu'au niveau du membre supérieur. Il existe également une exception pour la fibula et plus précisément pour le périmètre minimum qui chez les femmes présente une asymétrie en faveur du côté droit.

5.5 Intérêt des méthodes de calcul de stature dans l'approche du NMI

Dans le but d'observer une possible application des méthodes d'estimation de la stature dans le calcul du NMI, la concordance ou la non-concordance des différents intervalles de prédiction de la stature calculée à partir des os longs d'un même individu a été observée.

Les estimations de la stature ont été faites en utilisant les équations mises en place selon les méthodes d'Oliver *et al.* (1978) et de Trotter et Gleser (1952 et 1958).

Les individus ayant servi dans cette étude sont ceux pour lesquels nous avons pu déterminer un sexe à partir de la méthode de la DSP (Murail *et al.*, 2005). Par ailleurs, seuls les individus qui possédaient au moins deux mesures d'os longs ont été conservés. Au total, le calcul des intervalles de prédiction de la stature a été mené sur 297 adultes (tableau 11).

Sites	Hommes	Femmes
Délos	4	2
Rayettes	39	39
Observance	14	14
Laricy	2	5
Notre-Dame du Bourg	70	89
Moirans	7	12
Total	136	161

Tableau 11 : Répartition des individus selon site et le sexe

5.5.1 Comparaison de deux méthodes d'estimation de la stature

Les prédictions selon les deux méthodes d'estimation de stature ont été comparées pour l'ensemble des individus afin d'observer la concordance ou la différence entre les deux. Afin de mettre en évidence les éventuelles différences, nous les avons présentées sous la forme de graphique de Bland-Altman, à la fois pour les individus masculins (figures 36 et 37) et pour les individus féminins (figures 38 à 40).

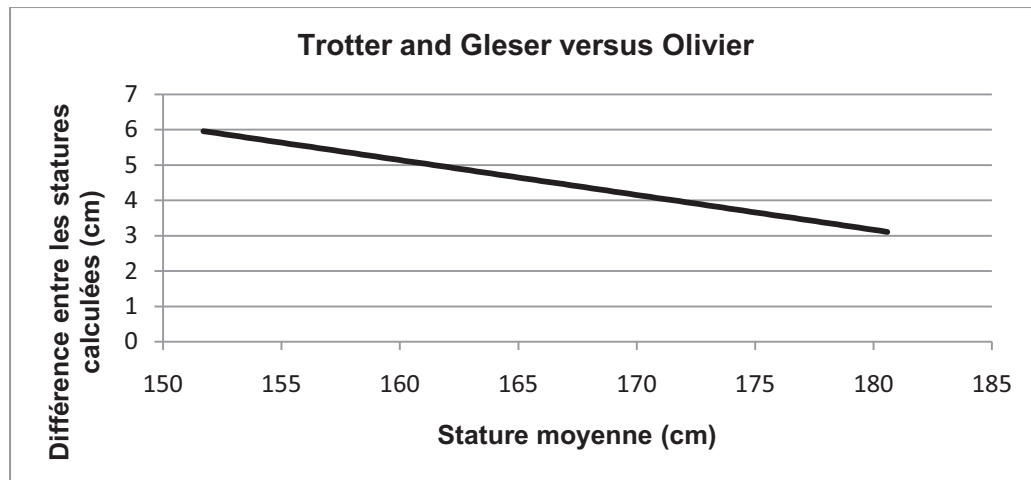
5.5.1.1 Echantillon masculin

Figure 36 : Différence moyenne entre les estimations de stature faites à partir de l'humérus gauche chez les hommes

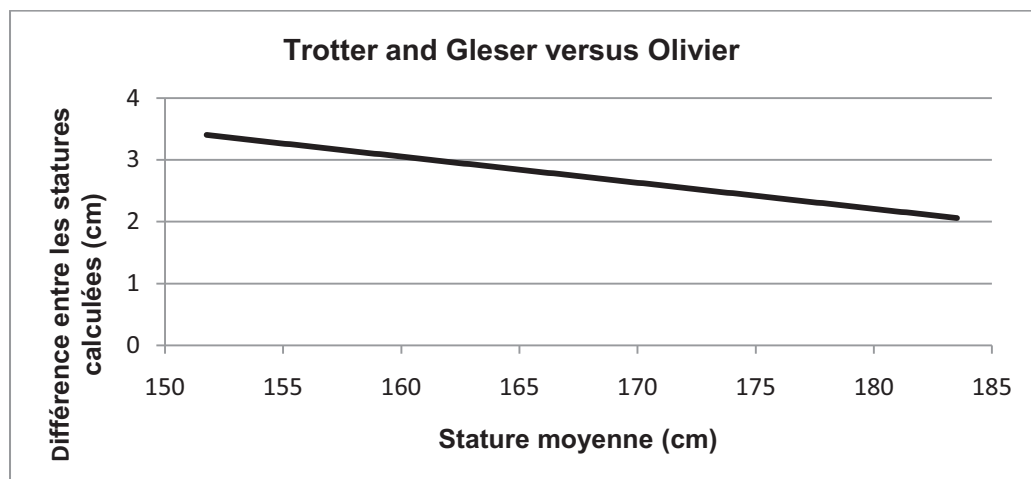


Figure 37 : Différence moyenne entre les estimations de stature faites à partir du fémur gauche chez les hommes

Quel que soit l'os considéré, les estimations de stature obtenues selon la méthode de Trotter et Gleser, surestiment toujours celles obtenues par la méthode d'Olivier *et al.*. De plus, la différence entre les prédictions est d'autant plus grande pour les plus petites valeurs de stature, et donc lorsque la longueur maximale de l'os considéré est petite. Inversement, les différences les plus faibles se retrouvent avec les statures les plus élevées.

Les écarts entre les deux méthodes sont plus importants pour les estimations à partir d'os provenant du membre supérieur, la plus grande différence étant pour l'humérus (entre 3 et 6 cm), à l'inverse les plus faibles s'obtiennent pour les statures calculées à partir de la longueur maximale de la fibula (entre 1 et 2 cm).

5.5.1.2 Echantillon féminin

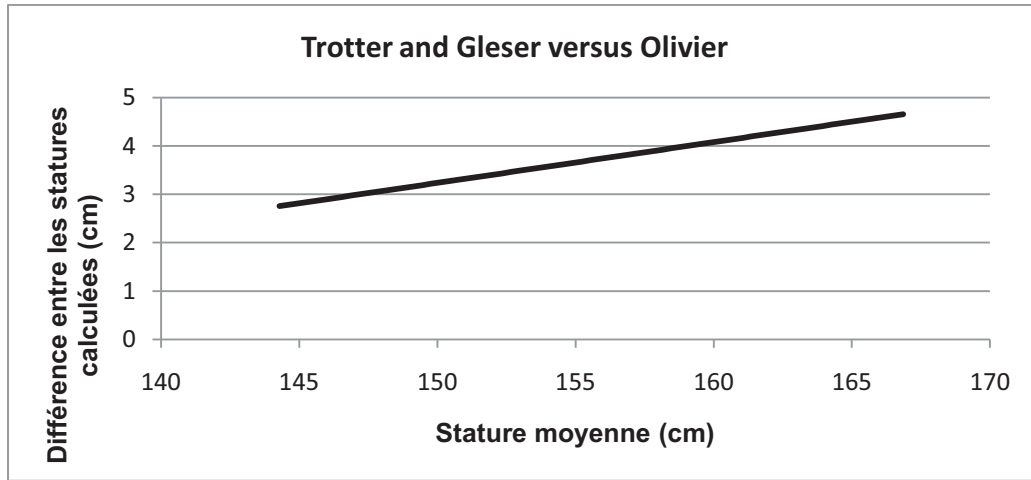


Figure 38 : Différence moyenne entre les estimations de stature faites à partir de l'humérus gauche chez les femmes

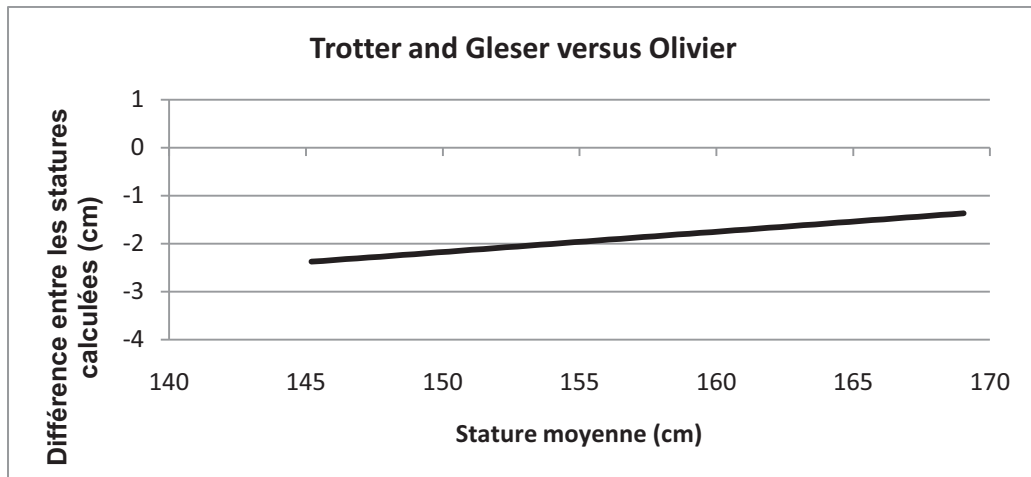


Figure 39 : Différence moyenne entre les estimations de stature faites à partir de l'ulna gauche chez les femmes

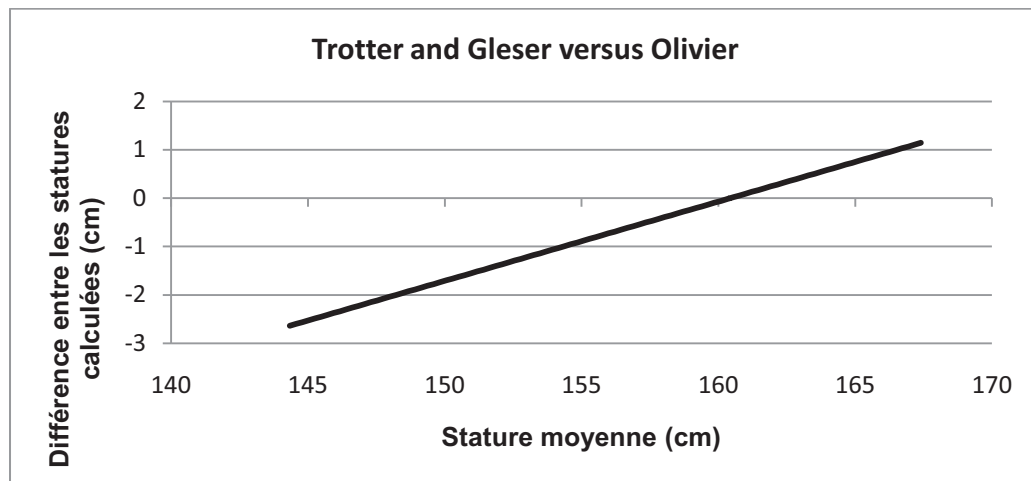


Figure 40 : Différence moyenne entre les estimations de stature faites à partir du fémur gauche chez les femmes

Contrairement aux hommes, la tendance des écarts entre les deux méthodes pour les sujets féminins, n'est pas la même pour tous les os. Dans le cas de l'humérus (figure 38), la méthode d'estimation de la stature selon Trotter et Gleser surestime les valeurs obtenues par l'autre méthode. Par ailleurs, plus les statures estimées sont grandes, plus la surestimation devient importante.

Dans le cas de l'ulna (figure 39) la tendance est différente, car ce sont les statures obtenues par la méthode d'Olivier *et al.* qui surestiment celles de Trotter et Gleser. D'autre part, plus les estimations de stature sont élevées, plus la différence entre les prédictions diminue.

Enfin, nous observons les mêmes tendances dans les différences pour les estimations de stature obtenues avec le radius, le fémur (figure 40) et le tibia. En effet, il y a une surestimation de l'une des méthodes par rapport à l'autre jusqu'à un certain seuil, c'est-à-dire jusqu'à une certaine stature à partir de laquelle le phénomène inverse s'observe. De manière générale, pour les statures les plus petites, les prédictions selon la méthode d'Olivier *et al.* surestiment celles de Trotter et Gleser. Pour les prédictions de statures plus élevées, nous pouvons faire le constat inverse. La stature à partir de laquelle la tendance entre les deux méthodes s'inverse, se situe aux alentours de 175 cm pour les prédictions faites à partir du radius, de 160 cm pour celles faites à partir du fémur et vers 152 cm pour celles utilisant la longueur maximale du tibia.

5.5.2 Observation des différences entre les deux méthodes au niveau d'un individu

Pour chaque individu présent, nous avons observé si les intervalles de prédiction de stature obtenus à partir des différents os longs d'un même individu se chevauchaient ou au contraire si celles-ci étaient incompatibles. Pour l'ensemble des individus, les intervalles de prédiction obtenus à partir des différents os longs ont été comparés et nous avons comptabilisé le nombre de fois où les intervalles ne correspondaient pas.

Dans un grand nombre de cas les intervalles obtenus ne se chevauchent pas, alors que ceux-ci sont calculés à partir d'os issus d'un même individu. Les erreurs trouvées se répartissent selon deux possibilités (tableau 12) :

- soit un intervalle de prédiction calculé à partir d'un os ne correspond à aucun autre intervalle généré à partir des autres os issus du même individu (erreur de type a),
- soit en considérant les intervalles calculés à partir des os longs d'un individu comme un ensemble, chaque intervalle correspond à au moins un autre. En revanche, en considérant chaque intervalle de manière indépendante, il y a dans ce cas au minimum deux intervalles qui ne se chevauchent pas (erreur de type b).

Hommes				Femmes			
Olivier <i>et al.</i>		Trotter et Gleser		Olivier <i>et al.</i>		Trotter et Gleser	
Type a	Type b	Type a	Type b	Type a	Type b	Type a	Type b
2/136 (1,47%)	20/136 (14,7%)	0/136 (0%)	17/136 (12,5%)	10/161 (6,21%)	30/161 (18,63%)	1/161 (0,62%)	29/161 (18,01%)
22/136 (16,17%)		17/136 (12,5%)		40/161 (24,84%)		30/161 (18,63%)	

Tableau 12 : Répartition du nombre d'individus présentant une erreur de type I ou de type II selon le sexe et la méthode utilisée

Dans notre échantillon, il y a entre 12,5% (méthode Trotter et Gleser pour les hommes) et 24,84% (méthode Olivier *et al.* pour les femmes) d'individus qui présentent des intervalles qui ne correspondent pas. C'est-à-dire que ce sont des individus, pour lesquels en considérant tous leurs os comme étant un « vrac » et à partir desquels nous voudrions calculer un NMI celui-ci serait faux.

Afin d'illustrer les deux types d'erreurs rencontrés à partir des calculs des intervalles de prédiction, nous avons pris le cas d'un individu présent dans notre échantillon de départ. Celui-ci possède la particularité de présenter à la fois les deux types d'erreurs (tableau 13).

	Mesure (cm)	Olivier <i>et al.</i>		Trotter et Gleser	
		Borne inférieure (cm)	Borne supérieure (cm)	Borne inférieure (cm)	Borne supérieure (cm)
Fémur gauche	40,4	152,63	159,59	155,32	163,2
Tibia gauche	32,9	153,98	160,68	157,55	165,55
Radius droit	23,6	161,97	170,05	164,2	173,52

Tableau 13 : Exemple d'erreur de type I (Olivier *et al.*, 1978) et de type II (Trotter et Gleser, 1958) à partir de l'individu ayant l'identifiant 706

Erreur de type a : à partir de l'individu ayant l'identifiant 706, trois os longs ont pu être mesurés. Les intervalles de prédiction de stature associés à ces os ont été calculés en utilisant les formules données par Olivier *et al.* (1978). Dans ce cas, la fourchette de prédiction de la stature obtenue à partir du radius droit, ne correspond à aucune des deux autres fourchettes de prédiction données par le fémur gauche et le tibia gauche. De ce fait, dans le cadre d'un calcul du NMI, nous concluons à la présence d'un individu supplémentaire, or nous savons pertinemment que les trois os appartiennent en réalité au même individu.

Erreur de type b : dans ce cas, les intervalles de prédiction de stature sont calculés en utilisant les formules établies par Trotter et Gleser (1958). En considérant les trois intervalles de prédiction en même temps, chacun d'entre-eux correspond à au moins un autre. En effet, tout d'abord l'intervalle obtenu à partir du fémur gauche correspond à celui du tibia gauche, ensuite l'intervalle du tibia gauche chevauche celui du fémur gauche et du radius droit. Enfin l'intervalle du radius droit est compatible avec celui du tibia gauche.

En revanche en prenant tous les intervalles séparément, c'est-à-dire en considérant chaque os comme étant bien distinct, les intervalles de prédiction obtenus à partir du fémur gauche et du radius droit ne se chevauchent pas du tout. Dans ce cas et dans l'hypothèse où, nous aurions uniquement le fémur gauche et le radius droit, nous concluons à la présence de deux individus différents, ce qui dans la réalité n'est évidemment pas le cas.

Les erreurs de type a et de type b se retrouvent donc à de nombreuses reprises aussi bien chez les individus masculins que chez les individus féminins et cela quelle que soit la méthode utilisée pour faire l'estimation de la stature. En d'autres termes, en considérant tous les os d'un seul individu comme un « vrac », à partir des prédictions de stature nous serions amenés à augmenter le NMI à tort dans un grand nombre de cas.

5.5.3 Apport de l'estimation de la stature dans le calcul du NMI

Pour finir, nous avons constitué un sous-échantillon test afin d'observer le comportement du NMI en utilisant les estimations de stature, par rapport au nombre réel d'individus et par rapport au NMI de fréquence (tableau 14). Cet échantillon est composé de deux individus masculins et de cinq individus féminins à partir desquels nous avons respectivement mesuré 18 et 37 os longs. Tous ces os sont considérés comme un « vrac » et pour chacun d'entre-eux les intervalles de prédiction de stature associés ont été calculés.

	Hommes		Femmes	
	Olivier <i>et al.</i>	Trotter and Gleser	Olivier <i>et al.</i>	Trotter and Gleser
NR	2	2	5	5
NMI _{fréquence}	2	2	5	5
NMI _{stature}	3	2	5	5

Tableau 14 : Comparaison entre le nombre réel d'individus (NR), le NMI de fréquence (NMI_{fréquence}) et le NMI selon l'estimation de la stature (NMI_{stature})

Pour les individus féminins, à la fois le nombre réel, le NMI de fréquence et le NMI obtenu à partir des estimations de stature sont identiques, à savoir un résultat de 5. En revanche, concernant les individus masculins le NMI obtenu à partir des prédictions de stature selon la méthode d'Olivier *et al.* surestime à tort le nombre réel d'individus présents. En effet, ce nombre réel d'individus est de deux, alors que le NMI selon la stature donne un total de trois individus. Ce résultat est obtenu à partir de deux combinaisons possibles, d'une part avec les fémurs gauches et les humérus droits et d'autre part avec les fémurs droits et les humérus droits (tableau 15). Dans les deux cas, la

fourchette de prédiction de la stature faite à partir d'un fémur ne correspond à aucune fourchette de prédiction obtenue à partir des deux humérus, nous amenant à conclure à la présence d'un individu supplémentaire. Cependant, le nombre réel d'individus présents dans notre échantillon est connu, et nous sommes donc dans un cas où nous concluons à tort à la présence d'un individu supplémentaire.

				Olivier <i>et al.</i>		Trotter et Gleser	
				Stature (cm)		Stature (cm)	
Identifiant	Sexe	Os	Mesure (cm)	Borne inférieure	Borne supérieure	Borne inférieure	Borne supérieure
214	M	Humérus gauche	34.2	169.26	177.34	172.37	181.51
		Ulna gauche	28	173.07	182.01	176.11	185.55
		Fémur gauche	51.3	179.01*	185.97*	180.61	188.49
		Tibia gauche	40	172.39	179.09	174.73	182.73
		Humérus droit	34.2	168.61*	176.57*	172.37	181.51
		Ulna droite	28.4	173.54	182.50	177.61	187.05
		Radius droit	26.1	172.69	180.77	173.68	183.00
		Fémur droit	51.2	178.84*	185.96*	180.37	188.25
215	M	Humérus gauche	35.2	172.45	180.53	175.26	184.40
		Ulna gauche	28	173.07	182.01	176.11	185.55
		Radius gauche	26.2	173.38	181.80	174.06	183.38
		Fémur gauche	46.8	168.12	175.08	170.17	178.05
		Tibia gauche	37.8	166.68	173.38	169.41	177.41
		Humérus droit	34.8	170.50*	178.46*	174.10	183.24
		Radius droit	25.9	171.83	179.91	172.92	182.24
		Fémur droit	46.8	168.21	175.33	170.17	178.05
		Tibia droit	38.2	167.83	174.99	170.37	178.37

* : os servant à augmenter à tort le nombre réel d'individus

Tableau 15 : Individus masculins ayant servi dans la comparaison entre le nombre réel et le NMI obtenu selon la stature

5.6 Echantillon d'apprentissage

Pour chaque mesure sélectionnée nous avons calculé à partir d'équations de régressions linéaires simples, l'ensemble des paramètres nécessaires d'une part pour la prédiction de la valeur de la variable dépendante à partir d'une variable indépendante considérée, et d'autre part pour le calcul des intervalles de prédiction correspondants. Le programme ayant permis de récupérer l'ensemble de ces paramètres a été créé avec le logiciel de

traitement statistique R (R Development Core Team, 2005). A l'aide de celui-ci, nous récupérons pour chacune des 18 360 régressions formées à partir des 136 mesures sélectionnées, à la fois les paramètres permettant la prédiction de la mesure recherchée, mais aussi ceux permettant de calculer les bornes inférieures et supérieures associées à la prédiction.

Dans un premier temps, nous n'avons pas considéré le sexe des individus, puisque dans la majorité des cas, lorsque nous sommes confrontés à des ossements en position secondaire nous n'avons pas accès à l'information concernant le sexe des individus composant l'échantillon. Cependant dans certains cas, lorsque nous sommes en présence d'os coxaux, nous pouvons connaître le sexe des individus. Il nous a paru donc nécessaire de générer également des paramètres permettant d'établir des fourchettes de prédiction de taille selon le sexe de l'individu considéré.

5.6.1 Echantillon d'apprentissage total

Notre échantillon d'apprentissage total est composé de 700 individus qui ont été tirés aléatoirement à partir de l'ensemble des individus composant notre *corpus* de données. Les mesures prises à partir de ces derniers nous ont permis de calculer tous les paramètres nécessaires à la prédiction.

Cet échantillon d'apprentissage comprend 39 206 mesures réparties entre chacun des 700 individus. L'ensemble de ces mesures correspond à 3 101 932 couples de mesures qui permettent de calculer les différents paramètres des équations de régression ainsi que les intervalles de prédiction associés. En effet, dans le cas d'un individu pour lequel nous avons pris 10 mesures à partir des os sélectionnés, celui-ci permettra de calculer les paramètres de 90 régressions (10 x 9). Le nombre minimal de couples de mesures pour une régression est de 34 et le nombre maximal de 448. Plus le nombre de couples de mesures sera important, plus les formules de régressions correspondantes tiendront compte d'une plus grande part de la variabilité.

Pour l'ensemble de ces régressions nous avons observé les différents diagrammes de dispersion afin de voir l'allure du nuage de point et ainsi être certain de la relation existant entre deux variables.

5.6.1.1 Exemple d'estimation d'une mesure

Nous prenons le cas de la prédiction de la longueur de l'humérus gauche (HLX_G) à partir de la longueur d'un fémur gauche mesurant 450 mm (FLX_G).

A partir de nos équations, nous récupérons les paramètres concernant cette régression (tableau 16) et calculons la mesure de l'humérus gauche, ainsi que son intervalle de prédiction.

	\hat{a}	\hat{b}	n	\bar{x}	S_{xx}	s_e	$t_{\alpha/2}$	R^2
Prédiction de HLX_G à partir de FLX_G	24,3702	0,6532	193	429,3316	137266,7772	9,9038	2,6018	0,7576

Tableau 16 : Paramètres permettant l'estimation de HLX_G et de son intervalle de prédiction à partir de FLX_G

D'après la formule de prédiction suivante, en utilisant les différents paramètres et pour $x_0 = 450$, nous obtenons :

$$HLX_G = \hat{a} + \hat{b} x_0 \pm t_{\alpha/2} s_e \sqrt{1 + \frac{1}{n} + \frac{(x_0 - \bar{x})^2}{S_{xx}}}$$

$$HLX_G = 318,3102 \pm 25,8743 \text{ mm}$$

Pour un fémur gauche de 450 mm, la taille de l'humérus gauche correspondant sera d'environ 318 mm avec une valeur minimale de 292 mm et une valeur maximale de 344 mm. Selon notre méthode, un humérus gauche dont la taille ne serait pas comprise entre ces deux valeurs extrêmes sera considéré comme ne pouvant pas appartenir à l'individu dont est issu le fémur gauche. Nous serons donc dans le cas d'une exclusion entre ces deux os qui nous amènerait à conclure à la présence de deux individus et non d'un seul.

5.6.2 Echantillon d'apprentissage féminin

Sur les 175 individus féminins présents dans notre base de données, 145 ont été tirés au hasard et correspondent à notre échantillon d'apprentissage féminin. A partir de ces derniers, 11 841 mesures ont été prises et permettant de former 1 106 648 couples servant

à calculer les différents paramètres des régressions. Le nombre minimal de couples de mesures par régression est de 14 et le maximal de 119.

De la même manière que pour l'échantillon total, nous avons généré à partir de cet échantillon d'apprentissage les paramètres des 18 360 régressions correspondants aux 136 mesures sélectionnées pour notre méthode.

5.6.3 Echantillon d'apprentissage masculin

Au sein de notre base de données, 153 individus masculins sont présents à partir desquels 123 ont été tirés aléatoirement afin de composer notre échantillon d'apprentissage masculin. Ces 123 individus représentent 9 949 mesures donnant 922 252 couples qui permettent de calculer les paramètres des différentes régressions. Le nombre minimal de couple de mesure par régression est de 10 et le maximal de 107.

De la même manière que pour l'échantillon total et l'échantillon féminin, l'ensemble des paramètres pour les 18 360 régressions correspondants aux 136 mesures sélectionnées a été calculé.

L'ensemble des paramètres, et pas seulement ceux concernant une prédiction faite à partir d'une mesure du coxal, a été calculé à la fois pour les individus masculins et féminins afin de pouvoir être utilisé dans des cas bien précis dans lesquels nous connaîtrions dès le départ le sexe de l'ensemble des individus à qui appartiendrait tous les os présents (contexte médico-légal par exemple).

5.6.4 Calcul de la prédiction d'une mesure et de son intervalle de prédiction à partir des trois échantillons d'apprentissage

Pour chacun des trois échantillons d'apprentissage (total, féminin et masculin) nous avons récupéré les différents paramètres (tableau 17) et calculé la prédiction de la longueur maximale de l'humérus gauche (HLX_G) à partir de la hauteur maximale de l'os coxal gauche (DCOX_G).

	\hat{a}	\hat{b}	n	\bar{x}	S_{xx}	s_e	$t_{\alpha/2}$	R^2
Echantillon total	44,9737	1,2447	134	208,0895	21688,9253	12,7562	2,6135	0,61
Echantillon féminin	65,7857	1,1384	68	199,8676	5029,8088	11,7541	2,6524	0,4168
Echantillon masculin	154,3141	0,7511	43	219,372	3932,0465	12,7462	2,7011	0,2498

Tableau 17 : Ensemble des paramètres de la régression de prédiction de HLX_G à partir de DCOX_G pour les trois échantillons d'apprentissage

Selon la formule suivante et pour une hauteur de coxal gauche de 210 mm (x_0), nous obtenons pour chacun des échantillons :

$$HLX_G = \hat{a} + \hat{b} x_0 \pm t_{\alpha/2} s_e \sqrt{1 + \frac{1}{n} + \frac{(x_0 - \bar{x})^2}{S_{xx}}}$$

$$HLX_G (\text{échantillon total}) = 306,3607 \pm 33,4652 \text{ mm}$$

$$HLX_G (\text{échantillon féminin}) = 304,8497 \pm 32,2714 \text{ mm}$$

$$HLX_G (\text{échantillon masculin}) = 312,0451 \pm 35,9985 \text{ mm}$$

Il existe une différence entre les prédictions obtenues à partir des trois échantillons différents. Ces différences, bien que peu élevées, nous confortent dans le choix de calculer des paramètres à la fois pour des cas où nous ignorons le sexe des différents individus qui composent le « vrac », mais aussi de fournir des paramètres permettant de tenir compte du sexe des individus, notamment lorsqu'un ou plusieurs os coxaux seraient présents. La détermination d'un sexe à partir d'un os coxal, permettra d'utiliser des paramètres qui seront plus précis pour le calcul des intervalles de prédictions et donc d'être également plus précis lorsqu'il s'agira de mettre en évidence d'éventuelles exclusions.

5.7 Echantillon de validation

Sur les 768 individus adultes mesurés et enregistrés, nous avons retiré dès le départ les 16 individus qui provenaient du site de Lariey, ces individus serviront par la suite d'échantillon de comparaison entre les différents calculs du NMI. A partir des 752 individus restant, 700 ont été sélectionnés aléatoirement et ont servi à établir les différents paramètres d'estimation ainsi que les intervalles de prédiction. Les 52 sujets restant, individus qui de ce fait ne rentrent en aucun cas en compte dans le calcul des différents paramètres, ont été utilisés pour former notre échantillon de validation total. Au final, ces 52 individus représentent 2 896 mesures à partir desquelles nous avons testé la fiabilité de nos prédictions. La répartition des différentes mesures parmi les 52 individus donne un total de 229 560 couples de mesures servant à tester nos régressions (tableau 18).

Les individus constituant l'échantillon de validation servent à tester la fiabilité des 18 360 régressions obtenues à partir des 136 mesures. En effet puisque pour ces derniers, l'appartenance des différents os à un même individu est connue, nous souhaitons vérifier en appliquant les paramètres générés à partir des 700 autres individus, que nous n'excluons pas à tort deux os qui en réalité proviennent d'un même individu.

Nous avons donc testé pour chaque couple présent dans l'échantillon et issu d'un même individu, si l'estimation de la mesure à prédire (variable dépendante) rentrait bien dans l'intervalle de prédiction généré à partir de l'autre mesure (variable indépendante). Les couples de mesures testés provenant obligatoirement d'un même individu, nous souhaitons voir au travers de cette démarche si nous mettons en évidence des exclusions entre les deux mesures prises en compte.

L'échantillon de validation ayant été tiré aléatoirement, il existe 16 régressions qui n'ont pu être testées, faute de couples de mesures présents parmi les individus composant l'échantillon. Nous avons testé à la fois notre échantillon de validation avec des paramètres qui permettent d'obtenir des intervalles de prédiction à 95%, mais aussi avec des paramètres donnant des intervalles de prédiction à 99%.

Individu	Nombre de mesures	Nombre de couple de mesures	Individu	Nombre de mesures	Nombre de couple de mesures
1	42	1 722	27	3	6
2	33	1 056	28	29	812
3	78	6 006	29	47	2 162
4	18	306	30	20	380
5	89	7 832	31	128	16 256
6	17	272	32	96	9 120
7	91	8 190	33	30	870
8	24	552	34	22	462
9	96	9 120	35	110	11 990
10	7	42	36	18	306
11	26	650	37	25	600
12	91	8 190	38	59	3 422
13	85	7 140	39	98	9 506
14	26	650	40	14	182
15	47	2 162	41	92	8 372
16	118	13 806	42	86	7 310
17	7	42	43	122	14 762
18	51	2 550	44	15	210
19	12	132	45	88	7 656
20	108	11 556	46	41	1 640
21	61	3660	47	99	9 702
22	116	13 340	48	33	1 056
23	63	3 906	49	14	182
24	31	930	50	77	5 852
25	62	3 782	51	91	8 190
26	30	870	52	10	90

Tableau 18 : Répartition du nombre de mesures et du nombre de couple de mesures par individu composant l'échantillon de validation

5.7.1 Nombre d'erreurs dans l'échantillon

Pour chaque couple de mesure présent, à partir de la variable indépendante, nous avons prédit la valeur attendue de la variable dépendante, ainsi que la borne inférieure et supérieure de l'intervalle de prédiction associé. Dans notre échantillon de validation, à partir de nos 52 individus nous obtenons 229 560 couples de mesures. En d'autres termes, nous avons observé dans 229 560 cas si les valeurs réelles des variables dépendantes sortaient des intervalles de prédiction générés à partir de la mesure indépendante.

A ce niveau de l'analyse, trois types de réponses sont possibles (figure 41):

- soit la valeur réelle rentre dans l'intervalle de prédiction et la mention « OK » s'affiche dans la case correspondante,
- soit la valeur réelle sort de l'intervalle de prédiction et sa valeur est inférieure à la borne inférieure de l'intervalle et dans ce cas la mention « SORTIE BASSE » sera affichée,
- soit la valeur réelle sort de l'intervalle de prédiction et sa valeur est supérieure à la borne supérieure de l'intervalle et dans ce cas la mention « SORTIE HAUTE » sera affichée.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
1										Prédiction de	OHX_G	RLP_G	ULX_G	FTS_G
2	ID_Sq	OHX_G	HPW_G	Dtt_G	ULX_G	USS_G	RLP_G	FTS_G	Ed_G	A partir de	Dtt_G	HPW_G	Ed_G	USS_G
3														
4	184		55			20	204	31				OK		OK
5	808	155	61	45	246	24	217	32	62		OK	OK	OK	OK
6	192					23		32						OK
7	554		53	38	228	22		30	56				OK	OK
8	302		57	38	233		197	30	58			OK	OK	
9	578		60	38		23	224	32	56			OK		OK
10	567	143	54	38							OK			
11	341		58	36	220	28	189	28	51			OK	OK	OK
12	867		58	42		21	248	35	59			SORTIE HAUTE		OK
13	619	145	54	42	228	23	202	29	59		OK	OK	OK	OK
14	915				252	23		35	56				OK	OK
15	351		58	37	223	20		31	51				OK	OK
16	393		58	40	223	22	197	27	56			OK	OK	OK
17	878		61	42	248	21	215	33	56			OK	OK	OK
18	303		57		249	30		31	60				OK	OK
19	510		60		215	22		30	59				SORTIE BASSE	OK
20														
21										Nb réponses	3	9	11	14
22										Nb "OK"	3	8	10	14
23										Nb erreurs	0	1	1	0

Figure 41 : Aperçu de la feuille de sortie de l'échantillon de validation

Chaque réponse est enregistrée, permettant d'obtenir à la fin du processus le nombre de réponses obtenues pour chaque régression (ou le nombre de fois ou nous avons pu tester la régression), le nombre de bonnes réponses et enfin le nombre d'erreurs pour chaque régression (tableau 19).

	95%	99%
Nombre de réponses	229 560	229 560
Nombre de réponse correcte	222 938	228 740
Nombre d'erreurs	6 622	820
Pourcentage d'erreurs	2,88%	0,36%

Tableau 19 : Nombre de réponses correctes et nombre d'erreurs au sein de l'échantillon de validation à 95% et à 99%

Pour l'échantillon de validation à 95%, c'est-à-dire l'échantillon sur lequel nous avons généré des intervalles de prédiction à 95%, nous obtenons 6 622 erreurs sur les 229 560 réponses possibles, ce qui correspond à un pourcentage d'erreurs d'environ 2,88%. A partir de l'échantillon de validation à 99%, nous obtenons 820 erreurs soit environ 0,36%. Nous mettons immédiatement en évidence que le pourcentage d'erreurs est bien plus faible avec l'échantillon à 99%, qu'avec celui à 95%. Cette constatation est tout à fait logique, puisque les intervalles de prédiction à 99% sont plus larges. Il y aura donc plus de chances que la valeur réelle soit comprise dans l'intervalle, engendrant moins d'erreurs et surtout moins d'exclusions à tort.

5.7.2 Nombre d'erreurs par régression

L'objectif est ici d'observer le nombre d'erreurs obtenues pour chaque régression et notamment combien de régressions ne donnent aucune erreur, c'est-à-dire aucune exclusion à tort et au contraire combien d'entre-elles génèrent des erreurs. Les résultats du décompte du nombre d'erreurs sont dans le tableau 20.

Nombre d'erreurs par régression	Nombre de régression		Pourcentage d'erreur par rapport au nombre total de régressions	
	95%	99%	95%	99%
5	4	0	0,02%	0%
4	20	0	0,11%	0%
3	139	1	0,76%	0,01%
2	916	38	4,99%	0,21%
1	4 273	741	23,29%	4,03%
0	12 992	17 564	70,83%	95,75%

Tableau 20 : Nombre d'erreur par régression pour les échantillons à 95 et 99%

D'une part, l'échantillon de validation à 95% montre que plus de 70% des régressions ne présentent aucune erreur. Cependant, il en existe certaines qui en présentent, ce nombre d'erreurs pouvant monter jusqu'à cinq. Ces dernières restent tout de même très minoritaires, puisqu'en regroupant ne serait-ce que les régressions qui ne donnent qu'une seule erreur et celles qui n'en donnent aucune nous obtenons une valeur qui dépasse 94%. En d'autres termes plus de 94% des régressions testées se révèlent être fiables.

D'autre part, pour l'échantillon de validation avec les intervalles à 99%, le nombre d'erreurs maximum par régression n'est que de trois et ne concerne qu'une seule régression. La donnée la plus importante concerne le pourcentage de régressions pour lesquelles il n'y a aucune erreur, autrement dit, pour lequel nous n'avons aucune exclusion à tort. En effet, cette valeur est supérieure à 95% et en ajoutant à ce nombre, les régressions qui n'en donnent qu'une seule le pourcentage est supérieur à 99%.

Cette fois encore, la différence entre les résultats du nombre d'erreurs entre les intervalles à 95% et 99% est importante. Nous voyons clairement que non seulement il y a moins d'erreurs par régression avec les intervalles à 99%, mais aussi qu'il y a beaucoup plus de régressions qui ne donnent aucune erreur (plus de 95% pour les intervalles à 99% contre un peu plus de 70% pour les intervalles à 95%).

5.7.3 Nombre d'erreurs par rapport au coefficient de corrélation de la régression

Pour chacune des régressions mise en place à partir de nos couples de mesures nous avons calculé les coefficients de corrélation associés et nous avons observé le nombre d'erreurs en fonction de ce coefficient. Les régressions ont toutes été classées en fonction du coefficient de corrélation, en regroupant les valeurs par tranches de 0,10. Une fois rangées dans les différentes catégories, nous avons comptabilisé le nombre et le pourcentage d'erreurs par classe à la fois pour l'échantillon de validation à 95% et pour celui à 99% (tableau 21). La figure 42 montre la tendance du nombre d'erreurs en fonction du coefficient de corrélation.

Classes du R ²	95%		99%	
	Nombre d'erreurs	Pourcentage	Nombre d'erreurs	Pourcentage
[0 ; 0,10[431	6,51	1	0,12
[0,10 ; 0,20[675	10,19	30	3,66
[0,20 ; 0,30[956	14,44	111	13,54
[0,30 ; 0,40[1419	21,43	148	18,05
[0,40 ; 0,50[1489	22,49	204	24,88
[0,50 ; 0,60[999	15,09	186	22,68
[0,60 ; 0,70[373	5,63	65	7,93
[0,70 ; 0,80[146	2,2	30	3,66
[0,80 ; 0,90[79	1,19	21	2,56
[0,90 ; 1]	55	0,83	20	2,44

Tableau 21 : Répartition du nombre d'erreurs en fonction de la valeur du coefficient de corrélation

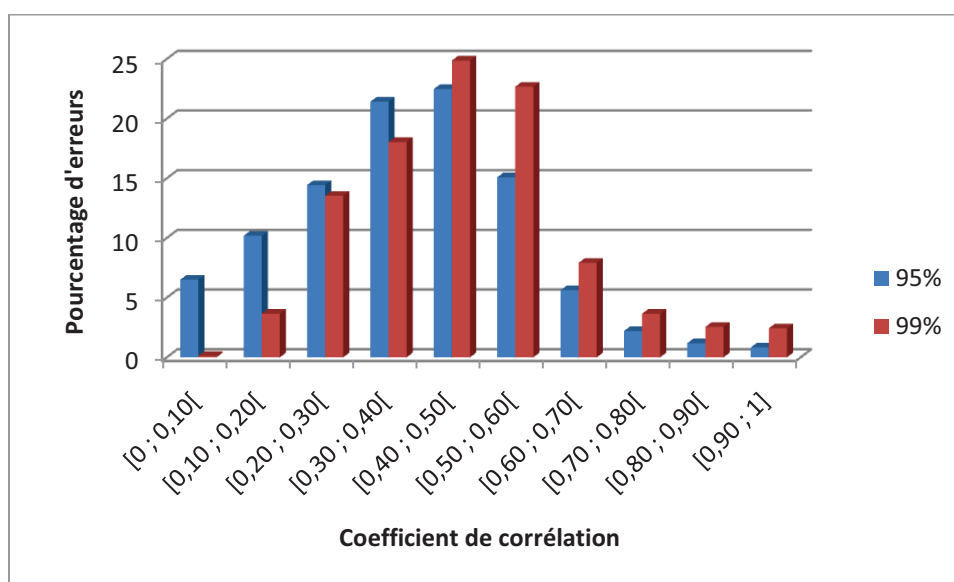


Figure 42 : Répartition du nombre d'erreurs en fonction du coefficient de corrélation pour les intervalles à 95% et à 99%

La même tendance se dégage à la fois pour les intervalles à 95% et ceux à 99%. En effet, plus le coefficient de corrélation est faible (entre 0 et 0,30), moins il y a d'erreur et de la même manière lorsque le coefficient de corrélation est élevé (entre 0,70 et 1), il y a peu d'erreur.

Avec les intervalles à 95%, en regroupant le nombre d'erreurs des régressions pour lesquelles le coefficient est compris dans les intervalles [0 - 0,30[et [0,70 - 1], nous obtenons environ 35% des erreurs. En revanche pour les intervalles à 99%, nous avons

seulement 25% des erreurs qui sont produites par des régressions avec des coefficients de corrélation compris à l'intérieur de ces deux bornes. Les 75% d'erreurs restant se retrouvant avec les régressions ayant leur coefficient de corrélation compris dans la borne $[0,30 - 0,70[$. La constatation d'une augmentation du nombre d'erreurs avec celle du coefficient de corrélation jusqu'à un certain seuil et à partir duquel le nombre d'erreurs va de nouveau diminuer peut s'expliquer par deux phénomènes différents.

Tout d'abord, le faible nombre d'erreurs associé à des coefficients de corrélation peu élevés peut s'expliquer par le fait que ces régressions concernent donc des mesures faiblement corrélées et pour lesquelles la dispersion des valeurs est plus importante. Cette dispersion va aboutir à des intervalles de prédiction plus larges et la valeur réelle d'une mesure aura plus de chance d'être comprise entre les bornes de ces intervalles.

Par ailleurs, le nombre d'erreurs plus faible pour des régressions ayant un coefficient de corrélation élevé, résulte de la forte corrélation entre les mesures qui composent ces régressions. La forte corrélation provient d'une distribution plus homogène des valeurs des deux variables considérées et entraînant donc une meilleure estimation de la variable dépendante. Dans ce cas la valeur réelle aura de forte chance d'être assez proche de l'estimation et donc de rentrer dans l'intervalle de prédiction.

Enfin les valeurs de coefficients de corrélation situées entre ces deux bornes présentent le plus d'erreurs. Les régressions concernées mettent en jeu des variables qui ne sont pas assez bien corrélées entre-elles pour avoir des prédictions suffisamment précises, mais qui sont d'un autre côté trop corrélées pour générer des intervalles de prédiction assez larges pour contenir la valeur réelle.

5.7.4 Choix des intervalles à 95% contre celles à 99%

Après avoir observé le nombre d'erreurs obtenues à la fois avec les intervalles de prédiction à 95% et à 99% et dans un souci de plus grande fiabilité nous avons décidé de poursuivre uniquement par la suite avec les paramètres permettant de générer les intervalles de prédiction à 99%.

En faisant ce choix, nous préférons privilégier la fiabilité à l'efficacité, c'est-à-dire que nous préférons mettre en évidence moins d'exclusions entre deux mesures plutôt que d'en introduire à tort. Nous mettrons en évidence moins d'exclusions puisque les intervalles de

prédiction à 99% sont plus larges que ceux à 95% et de ce fait la valeur d'une mesure a plus de chance de tomber à l'intérieur de l'intervalle. Ce choix est principalement basé sur les applications médico-légales de notre méthode. En effet, dans ce domaine, mieux vaut ne pas mettre en évidence une exclusion et par exemple conclure à la présence d'un seul individu à partir d'un « vrac » d'ossements, plutôt que de conclure à tort à la présence de deux individus.

Suite à ce choix de conserver uniquement les intervalles à 99%, nous avons voulu tout de même étudier la distribution des erreurs au sein de cet échantillon de validation et cela pour plusieurs cas différents.

5.7.5 Echantillon de validation à 99%

5.7.5.1 Répartition du nombre d'erreurs suivant le côté

La première étape de l'observation du nombre d'erreurs s'est faite sur la répartition des erreurs selon la latéralisation de la mesure. Pour cela nous avons comptabilisé les erreurs obtenues suivant quatre cas de figures :

- prédiction d'une mesure du côté gauche à partir d'une mesure du côté gauche (G/G),
- prédiction d'une mesure du côté gauche à partir d'une mesure du côté droit (G/D),
- prédiction d'une mesure du côté droit à partir d'une mesure du côté droit (D/D),
- prédiction d'une mesure du côté droit à partir d'une mesure du côté gauche (D/G).

Les résultats suivant chacun des différents cas sont reportés dans le tableau 22.

	G/G	G/D	D/D	D/G	Total
Nombre d'erreurs	181	195	231	213	820
% du nombre d'erreurs	22,07	23,78	28,17	25,98	100

Tableau 22 : Répartition du nombre d'erreurs selon la latéralisation des mesures

La répartition des 820 erreurs retrouvées dans l'échantillon à 99% est assez homogène entre les quatre cas de figures possibles avec des pourcentages d'erreurs respectivement

d'environ 22, 24, 28 et 26%. Aucun des cas ne se démarque des autres que cela soit pour des prédictions faites à partir de mesures provenant du même côté (environ 50% des erreurs pour les cas G/G et D/D) ou de prédictions faites à partir d'une mesure provenant du côté opposé (environ 50% des erreurs pour les cas G/D et D/G). Il n'y a donc pas de combinaison qui se révèle moins performante ou meilleure que les autres.

5.7.5.2 Répartition du nombre d'erreurs entre les membres supérieur et inférieur

La deuxième étape a, quant à elle, consisté à étudier la distribution des erreurs à partir des membres supérieurs et inférieurs. Afin de pouvoir comptabiliser ces erreurs, nous avons enlevé celles obtenues à partir de mesures provenant du coxal ainsi que les erreurs retrouvées lors de la prédiction de mesures du coxal. Suite à cette soustraction, le nombre total d'erreurs dans l'échantillon n'est plus de 820 mais de 667. Nous avons donc examiné comment se comportaient ces 667 erreurs suivant les quatre possibilités suivantes (tableau 23) :

- prédiction d'une mesure du membre supérieur à partir d'une mesure du membre inférieur (Sup/Inf),
- prédiction d'une mesure du membre supérieur à partir d'une mesure du membre supérieur (Sup/Sup),
- prédiction d'une mesure du membre inférieur à partir d'une mesure du membre supérieur (Inf/Sup),
- prédiction d'une mesure du membre inférieur à partir d'une mesure du membre inférieur (Inf/Inf).

	Sup/Inf	Sup/Sup	Inf/Sup	Inf/Inf	Total
Nombre d'erreurs	146	161	104	256	667
% du nombre d'erreurs	21,89	24,14	15,59	38,38	100

Tableau 23 : Répartition du nombre d'erreurs selon les membres supérieur et inférieur

A partir des résultats, nous observons une répartition du pourcentage du nombre d'erreurs suivant les quatre possibilités respectivement d'environ 22, 24, 16 et 38%. Cette répartition n'est pas homogène entre les différents cas de figures avec notamment un plus

faible pourcentage d'erreurs pour les prédictions d'une mesure du membre inférieur à partir du membre supérieur et surtout un plus fort pourcentage pour les prédictions concernant une mesure du membre inférieur à partir d'une autre mesure de ce membre.

Afin de voir si ces différences sont bien réelles, nous avons comptabilisé pour chacune des possibilités le nombre total de réponses obtenues. En effet, nous avons voulu voir si le plus fort pourcentage du nombre d'erreurs pour les prédictions concernant des mesures du membre inférieur entre elles, pouvait simplement être le résultat d'un nombre plus important de réponses (ou de couple de mesures présents) au sein de notre échantillon. Ce nombre plus important pouvant augmenter les possibilités d'erreurs.

De la même manière que pour l'observation du nombre d'erreurs, nous avons soustrait le nombre de réponses obtenues à partir des régressions impliquant au moins une mesure de l'os coxal. Suite à ce calcul, le nombre total de réponses concernant uniquement des mesures des membres supérieurs et inférieurs est de 161 598. La répartition du nombre de réponses suivant les différents cas est notée dans le tableau 24.

	Sup/Inf	Sup/Sup	Inf/Sup	Inf/Inf	Total
Nombre de réponses	31 236	25 642	37 372	67 348	161 598
% du nombre de réponses	19,33	15,87	23,13	41,67	100

Tableau 24 : Répartition du nombre de réponses selon les membres supérieur et inférieur

Le nombre de réponses pour des prédictions de mesures du membre inférieur à partir de mesure provenant du même membre est plus important que celui que nous obtenons pour les trois autres cas de figures possibles. Dans ce cas le nombre de réponses peut être une explication possible quant au nombre d'erreurs plus élevé par rapport aux autres cas. Nous avons également observé les proportions relatives d'erreurs, c'est-à-dire le nombre d'erreurs par rapport au nombre de réponses obtenues. Les pourcentages sont de 0,47% (Sup/Inf), de 0,63% (Sup/Sup), de 0,28% (Inf/Sup) et de 0,38% (Inf/Inf). Ces différentes valeurs montrent que le nombre d'erreurs rapporté au nombre de réponses pour les prédictions entre des mesures du membre inférieur n'est pas moins, ni plus important que ce que nous observons pour les autres cas.

A partir de l'ensemble de ces résultats, il n'y a pas plus de chances d'obtenir des erreurs pour des prédictions entre des mesures d'un même membre (Sup/Sup et Inf/Inf) ou dans le cas de mesures inter-membre (Sup/Inf et Inf/Sup).

5.7.5.3 Répartition du nombre d'erreurs à l'intérieur d'un même os

Notre troisième étape concerne les erreurs survenues lorsque nous sommes dans le cas de régression mettant en jeu deux mesures issues d'un même type d'os avec et sans distinction de latéralité.

Dans un premier temps, nous avons récupéré pour chaque os, uniquement les régressions qui remplissaient ces conditions. Au total, 1 768 régressions ont été étudiées sur les 18 344 régressions de l'échantillon soit environ 9,64% d'entre elles.

Pour chacun des os nous avons comptabilisé les réponses obtenues ainsi que les erreurs associées (tableau 25).

Os	Nombre de régressions	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs
Scapula	90	646	3
Clavicule	30	380	2
Humérus	182	2 594	28
Ulna	182	2 496	22
Radius	90	1 058	4
Coxal	380	4 942	30
Fémur	306	6 262	37
Patella	12	230	3
Tibia	380	8 458	49
Fibula	56	576	1
Talus	30	910	3
Calcanéum	30	824	2
Total	1 768	29 376	184

Tableau 25 : Nombre de régressions, de réponses et d'erreurs pour chacun des os

Les nombres d'erreurs pour les prédictions d'une mesure faites à partir d'une mesure provenant du même type d'os sont assez différents. Le plus faible se trouvant pour la fibula avec seulement une erreur tandis que le plus élevé est obtenu pour le tibia avec un nombre de 49 erreurs. L'écart entre les deux peut sembler important, cependant il est à prendre avec précaution si nous considérons d'une part le nombre de régressions prises en compte (56 pour la fibula contre 380 pour le tibia) et surtout d'autre part le nombre de

réponses, c'est-à-dire le nombre de couples de mesures présents dans notre échantillon ayant permis de tester ces régressions (576 pour la fibula et 8 458 pour le tibia).

En regardant maintenant le nombre d'erreurs obtenues pour l'ensemble des os rapporté au nombre de régressions, il y a environ 22% des erreurs qui sont obtenues avec seulement moins de 10% du nombre total de régressions.

Par la suite, afin de mieux observer les différentes erreurs obtenues pour chacun des os, nous avons étudié leur répartition selon quatre possibilités (tableau 26) :

- prédiction d'une mesure gauche à partir d'une droite (G/D),
- prédiction d'une mesure gauche à partir d'une gauche (G/G),
- prédiction d'une mesure droite à partir d'une gauche (D/G),
- prédiction d'une mesure droite à partir d'une droite (D/D).

Os	G/D	G/G	D/G	D/D	Total
Scapula	2 (1)	0	1 (1)	0	3
Clavicule	0	1	1 (1)	0	2
Humérus	7	11	4	6	28
Ulna	3 (2)	4	2 (1)	13	22
Radius	1 (1)	0	0	3	4
Coxal	8 (2)	3	9 (2)	10	30
Fémur	7	11	6	13	37
Patella	1 (1)	0	1	1	3
Tibia	13 (4)	11	13 (4)	12	49
Fibula	0	0	0	1	1
Talus	2	0	1 (1)	0	3
Calcanéum	2 (2)	0	0	0	2
Total	46	41	38	59	184

() : nombre d'erreurs obtenues pour les régressions impliquant une mesure et son homologue controlatéral

Tableau 26 : Répartition pour chaque os du nombre d'erreurs selon la latéralité

En observant la répartition des différentes erreurs suivant les quatre cas, nous remarquons qu'il n'y a pas de cas de figure qui sort du lot, les pourcentages d'erreurs étant respectivement de 25, 22, 21 et 32%. En effet, dans l'ensemble il n'y a pas plus d'erreurs pour des mesures provenant à la fois du même type d'os et du même côté que pour des prédictions de mesures provenant seulement du même type d'os.

Pour compléter les observations sur les erreurs provenant de mesures issues du même os, nous avons dénombré celles survenant dans le cas de régressions concernant une mesure et son équivalent controlatéral. En effet, nous souhaitons observer si ces mesures, qui sont très bien corrélées, entraînent moins ou plus d'erreurs.

Au vu des résultats (tableau 26), nous constatons que ce type d'erreurs se retrouve pour quasiment tous les os (sauf pour l'humérus, le fémur et la fibula). Cependant, elles restent minoritaires par rapport au nombre d'erreurs observées pour les os considérés.

5.7.5.4 Répartition du nombre d'erreurs entre petites et grandes mesures

La quatrième étape de notre étude de la répartition du nombre d'erreurs au sein de l'échantillon à 99% s'est focalisée sur les prédictions concernant des mesures de petite taille (< 50 mm). Ces dernières possèdent des intervalles de prédictions associées relativement plus réduites que celles obtenues à partir de mesures de plus grande valeur. En effet, il est facilement compréhensible qu'une mesure faisant en moyenne 15 mm ne puisse pas avoir un intervalle de prédiction de ± 15 mm, taille d'intervalle de prédiction facilement obtenue pour des mesures faisant en moyenne plus de 300 mm. Les petites mesures laissent donc dans ce cas moins de place à de grandes variations et nous avons voulu voir si les prédictions de telles mesures entraînaient plus d'erreurs que celles concernant les mesures de taille relativement plus importante.

Avant d'observer la répartition des erreurs, les mesures ont été classées en deux catégories : les petites (inférieures à 50 mm) et les grandes (supérieures à 50 mm). Nous avons scindé la catégorie des petites mesures en quatre classes différentes :

- les mesures comprises entre 10 et 20 mm,
- les mesures comprises entre 20 et 30 mm,
- les mesures comprises entre 30 et 40 mm,
- les mesures comprises entre 40 et 50 mm.

Pour classer les mesures, nous nous sommes basés sur la valeur moyenne de la mesure obtenue dans notre échantillon total (annexe 3).

A la suite de ce classement, 78 mesures sont considérées comme étant petites et 58 comme grandes (tableau 27), représentant respectivement 57% et 43% du nombre total de mesures sélectionnées dans notre étude.

	Petites mesures	Grandes mesures
Scapula	OHG ; OBG	OHX ; OLX ; OLE
Clavicule	CDX ; CPM	CLX
Humérus	HDX ; HDW ; Lep ; Dtt	HLX ; HPW ; HBE
Ulna	UDX ; UDW ; UTS ; USS ; UPW	ULX ; ULP
Radius	RPW ; RDX ; RDW	RLX ; RLP
Coxal	SPU ; IIMT ; SIS	PUM ; DCOX ; ISMM ; SCOX ; ILION ; SA ; VEAC
Fémur	FTM ; FSM ; FTS ; FSS	FLP ; FLX ; FPM ; FBE ; Ed
Patella	RHX ; RBX	
Tibia	TTN ; TSN ; TDX ; TDW ; Epmax ; Edmax ; Led	TLX ; TPW ; TBE
Fibula	PPW ; PDX ; PDW	PLX
Talus	ABW ; AHW	ALX
Calcaneum	CHW ; CBW	CAL

Tableau 27 : Liste des mesures de petites et de grandes tailles sélectionnées pour notre méthode

Nous avons ensuite calculé le nombre d'erreurs obtenues pour la prédiction d'une mesure de petite taille (tableau 28).

Taille de la mesure (mm)	[10-20[[20-30[[30-40[[40-50[[50-...]	Total
Nombre de mesures	18	24	20	16	58	136
Nombre d'erreurs	48	173	86	88	425	820
% d'erreurs	5,85	21,1	10,49	10,73	51,83	100

Tableau 28 : Répartition du nombre d'erreurs entre les mesures de petites et de grandes tailles

Les petites mesures sont réparties de manière uniforme entre les différentes classes. Le nombre total d'erreurs obtenues pour les prédictions de ces dernières est de 395, c'est-à-dire environ 48% du nombre total d'erreurs de l'échantillon. Ce chiffre montre que les prédictions de mesures de petite taille génèrent quasiment autant d'erreurs que celles concernant les mesures de taille plus importante.

Nous avons également observé parmi les petites mesures la répartition des erreurs selon la région anatomique de provenance des os (membre supérieur, membre inférieur, coxal). Parmi notre *corpus* de petites mesures, 32 proviennent du membre supérieur, 40

concernent le membre inférieur et 6 sont prises à partir de l'os coxal. Ces mesures donnent respectivement 165, 212 et 18 erreurs.

Pour finir, n'ayant observé aucune différence entre les prédictions des petites mesures par rapport aux grandes, nous avons voulu vérifier s'il n'existait pas de différences à l'intérieur même des petites mesures. Pour cela, le nombre d'erreurs lors de la prédiction d'une petite mesure a été comptabilisé suivant deux cas différents (tableau 29) :

- prédiction d'une petite mesure à partir d'une petite mesure (Pte/Pte),
- prédiction d'une petite mesure à partir d'une grande mesure (Pte/Gde).

	Pte/Pte	Pte/Gde	Total
Nombre d'erreurs	240	155	395
% d'erreurs	60,75	39,25	100

Tableau 29 : Répartition du nombre d'erreurs dans la prédiction d'une petite mesure selon la taille de la mesure prédictive

Sur les 395 erreurs obtenues lors de la prédiction d'une mesure de petite taille, 240 s'obtiennent lorsque la prédiction est faite à partir d'une autre petite mesure (environ 60% des cas) et 155 erreurs lorsque la prédiction se fait à partir d'une mesure de taille plus importante (environ 40% des cas).

5.7.5.5 Répartition du nombre d'erreurs entre variable à prédire et variable prédictive

In fine, la cinquième et dernière étape concerne l'étude de la répartition du nombre d'erreurs suivant le rôle joué par nos différentes mesures (variable prédictive ou variable à prédire). Nous avons pour cela comptabilisé le nombre d'erreurs pour chaque mesure dans les deux cas (annexe 4). Afin d'avoir une vision plus générale de la répartition des erreurs par rapport au nombre total d'erreurs obtenues dans l'échantillon de validation, toutes les mesures et les erreurs d'un même os ont été regroupées (tableau 30 et 31).

	G			D			Total du % d'erreurs G et D
	Nb réponses	Nb erreurs	% d'erreurs	Nb réponses	Nb erreurs	% d'erreurs	
Scapula	4 068	11	0,27	5 522	12	0,22	0,49
Clavicule	4 142	2	0,05	4 383	3	0,07	0,12
Humérus	10 043	44	0,44	12 521	49	0,39	0,83
Ulna	9 219	31	0,34	13 432	79	0,59	0,92
Radius	5 784	33	0,57	7 897	55	0,7	1,27
Coxal	16 719	49	0,29	15 306	47	0,31	0,6
Fémur	18 741	76	0,41	18 247	56	0,31	0,71
Patella	3 728	19	0,51	3 638	12	0,33	0,84
Tibia	20 484	66	0,32	20 396	83	0,41	0,73
Fibula	4 701	6	0,13	4 240	4	0,09	0,22
Talus	6 494	36	0,55	7 197	14	0,19	0,75
Calcanéum	6 377	3	0,05	6 281	30	0,48	0,52

Tableau 30 : Répartition du nombre d'erreurs par os pour les mesures à prédire

	G			D			Total du % d'erreurs G et D
	Nb réponses	Nb erreurs	% d'erreurs	Nb réponses	Nb erreurs	% d'erreurs	
Scapula	4 068	12	0,29	5 522	13	0,24	0,53
Clavicule	4 142	3	0,07	4 383	7	0,16	0,23
Humérus	10 043	67	0,67	12 521	46	0,37	1,03
Ulna	9 219	32	0,35	13 432	68	0,51	0,85
Radius	5 784	3	0,05	7 897	32	0,41	0,46
Coxal	16 719	39	0,23	15 306	47	0,31	0,54
Fémur	18 741	74	0,39	18 247	68	0,37	0,77
Patella	3 728	23	0,62	3 638	14	0,38	1,00
Tibia	20 484	97	0,47	20 396	66	0,32	0,8
Fibula	4 701	10	0,21	4 240	14	0,33	0,54
Talus	6 494	26	0,4	7 197	22	0,31	0,71
Calcanéum	6 377	7	0,11	6 281	30	0,48	0,59

Tableau 31 : Répartition du nombre d'erreurs par os pour les mesures prédictives

En premier lieu, concernant les variables à prédire (tableau 30) en ne considérant que la latéralité des mesures, nous obtenons un pourcentage du nombre d'erreurs pour les variables gauches et droites assez similaires avec respectivement 46% et 54% d'erreurs. En regardant ensuite plus précisément (c'est-à-dire par type d'os), les pourcentages d'erreurs varient entre 0,61% pour la clavicule et 18,17% pour le tibia. Mis à part l'os coxal, seuls les os longs dépassent les 10% d'erreurs avec cependant une exception concernant la fibula (1,22% d'erreur).

D'autre part, concernant les variables prédictives (tableau 31), nous n'avons pas de différence importante entre les mesures gauches et droites, avec des pourcentages d'erreurs respectivement de 48% et 52%. En observant le nombre d'erreurs pour chacun des os, la tendance est quasiment la même que lorsque ces os sont du côté des variables à prédire. Les pourcentages du nombre d'erreurs varient de 1,22% pour la clavicule à 19,88% pour le tibia. Hormis les coxaux, seuls les os longs dépassent les 10% d'erreurs, avec ici encore l'exception de la fibula (2,93%) qui s'accompagne cette fois-ci du radius (4,27%).

Afin de mieux observer pour chaque os, le comportement des différentes variables quand elles sont du côté des mesures à prédire ou des mesures prédictives, nous avons comptabilisé dans les deux cas le pourcentage du nombre d'erreurs (figure 43).

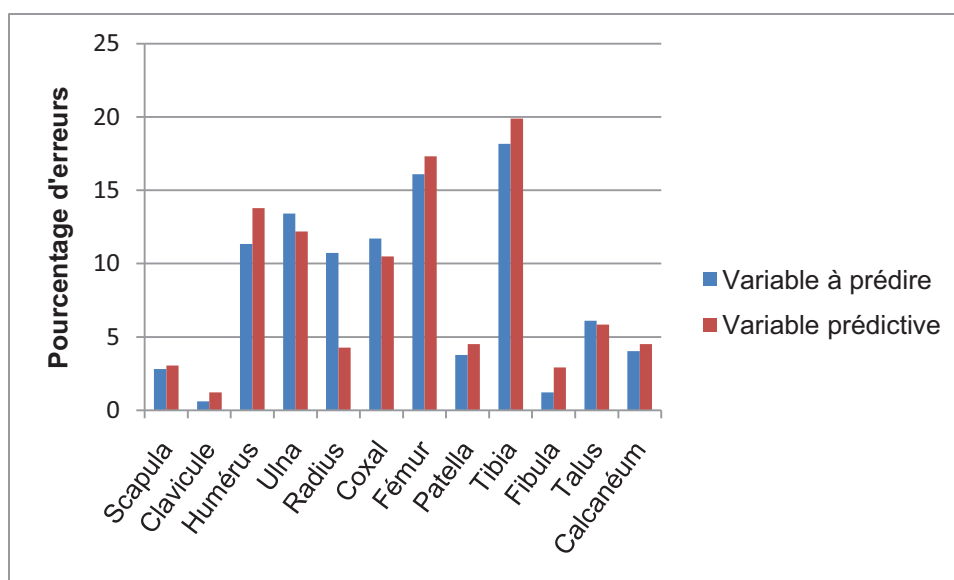


Figure 43 : Répartition du pourcentage d'erreurs selon les différents os

Les pourcentages d'erreurs les plus élevés se retrouvent pour la majorité des os longs, auxquels nous pouvons associer l'os coxal. La scapula, la clavicule, la patella, la fibula, le talus et le calcaneum sont quant à eux les os présentant le moins d'erreurs. La répartition concernant les variables à prédire et les variables prédictives pour chaque os est similaire, la différence pour un même os ne dépassant jamais 2%, sauf dans le cas du radius.

5.7.5.6 Récapitulatif

Au travers de ces différentes observations sur les répartitions du nombre d'erreurs dans l'échantillon de validation à 99%, nous n'avons pas mis en évidence de régressions qui ne seraient en aucun cas utilisables dans le cadre de notre approche. En effet, suivant les différentes possibilités le nombre d'erreurs se répartit de façon plutôt homogène.

5.7.6 **Echantillon de validation féminin**

A partir des 175 individus féminins de notre base de données, nous avons tirés 30 sujets au hasard, ces individus servant d'échantillon de validation féminin et les autres d'échantillon d'apprentissage à partir duquel nous avons calculé l'ensemble des paramètres de prédiction ainsi que les intervalles à 99% .

Les 30 individus de l'échantillon représentent 2 175 mesures à partir desquelles nous avons pu former 195 746 couples de mesures permettant de tester nos régressions.

Dans l'échantillon de validation féminin, nous obtenons 435 erreurs, c'est-à-dire un pourcentage d'erreurs d'environ 0,22%.

Nous avons calculé à partir des 145 individus féminins, l'ensemble des paramètres permettant de prédire la totalité des mesures sélectionnées dans le cadre de la mise en place de notre méthode, et cela à partir de n'importe quelle autre mesure. Cependant dans un souci de clarté, nous ne présentons ici uniquement les résultats concernant les prédictions de mesures faites à partir d'une mesure issue de l'os coxal. Ce choix est principalement guidé par les applications directes de ces paramètres, lorsque dans un « vrac » osseux nous sommes en présence d'un os coxal à partir duquel nous pouvons essayer de déterminer le sexe de l'individu et appliquer dans ce cas des paramètres d'estimation et de prédiction plus adaptés.

5.7.6.1 Nombre d'erreurs obtenues pour une prédiction faite à partir d'une mesure du coxal

En gardant uniquement les équations de prédictions faites en utilisant une mesure du coxal, il reste 29 315 couples de mesures servant à tester nos régressions. A partir de ces couples, nous obtenons 86 erreurs soit environ 0,29 % d'erreurs. Ce pourcentage est proche de ce qui s'observe pour l'ensemble de l'échantillon de validation féminin.

Les erreurs ont été classées selon trois cas de figures différents (tableau 32) :

- prédiction d'une mesure du membre supérieur à partir d'une mesure du coxal (Sup/Cox),
- prédiction d'une mesure du membre inférieur à partir d'une mesure du coxal (Inf/Cox),
- prédiction d'une mesure du coxal à partir d'une autre mesure du coxal (Cox/Cox).

	Sup/Cox	Inf/Cox	Cox/Cox	Total
Nb de réponses	10 540	14 191	4 584	29 315
Nb d'erreurs	13	24	49	86

Tableau 32 : Répartition du nombre de réponses et du nombre d'erreurs suivant les trois cas possibles dans l'échantillon féminin

Les équations de régressions concernant des mesures du coxal entre elles sont celles donnant le plus d'erreurs. En rapportant pour chacun des cas, le nombre d'erreurs en fonction du nombre de réponses, nous obtenons respectivement 0,12 ; 0,16 et 1,06% d'erreurs. Cette fois encore, ce sont les prédictions de mesure du coxal à partir d'une autre mesure de cet os qui donnent le plus d'erreur. Cependant ce résultat est à relativiser puisque le taux d'erreur reste faible.

Au-delà de la simple distinction entre mesure du membre supérieur, du membre inférieur et du coxal, nous avons aussi comptabilisé le nombre d'erreurs obtenu pour des prédictions faites à partir de mesure soit du coxal gauche, soit du coxal droit.

Nous obtenons alors six cas de figures pour chacun des deux côtés (tableau 33), à savoir :

- prédiction d'une mesure du membre supérieur gauche (SupG/CoxG), du membre supérieur droit (SupD/CoxG), du membre inférieur gauche (InfG/CoxG), du membre inférieur droit (InfD/CoxG), du coxal gauche (CoxG/CoxG) et du coxal droit (CoxD/CoxG) à partir d'une mesure du coxal gauche,
- prédiction d'une mesure du membre supérieur gauche (SupG/CoxD), du membre supérieur droit (SupD/CoxD), du membre inférieur gauche (InfG/CoxD), du membre inférieur droit (InfD/CoxD), du coxal gauche (CoxG/CoxD) et du coxal droit (CoxD/CoxD) à partir d'une mesure du coxal droit.

Prédiction de	SupG		SupD		InfG		InfD		CoxG		CoxD	
	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD
Nb de réponses	2758	2381	2690	2711	3454	3649	3487	3601	1380	1035	1035	1134
Nb d'erreurs	7	5	0	1	6	4	7	7	25	12	8	4

Tableau 33 : Répartition du nombre d'erreur selon la latéralité des mesures dans l'échantillon féminin

Les prédictions générant le plus d'erreurs sont celles faites à partir du coxal gauche. Excepté les prédictions concernant deux mesures du coxal, nous observons que la prédiction de mesures issues des os des membres supérieurs et inférieurs ne donne que très peu d'erreurs, indiquant donc une bonne performance de ces équations dès lors que nous avons la possibilité de déterminer le sexe d'un individu à partir du coxal.

5.7.7 Echantillon de validation masculin

A partir des 153 individus masculins, 123 ont été sélectionnés de manière aléatoire afin de constituer notre échantillon d'apprentissage, les 30 autres formant notre échantillon de validation masculin. Cet échantillon contient 2 687 mesures permettant de former 269 680

couples de mesures pour tester nos régressions. A partir de cet échantillon masculin et des 269 680 couples de mesures, nous obtenons 1 462 erreurs soit environ 0,54% d'erreur.

De la même manière que pour les individus féminins, nous avons calculé tous les paramètres permettant de prédire la totalité des mesures à partir de toutes les autres mesures et ainsi de pouvoir calculer les intervalles de prédiction à 99%. Pour la même raison, nous ne présentons ici que les résultats concernant les prédictions faites à partir de mesures issues de l'os coxal.

5.7.7.1 Nombre d'erreurs obtenues pour une prédiction faite à partir d'une mesure du coxal

Dans le cadre de l'échantillon masculin lorsque nous nous concentrons uniquement sur les régressions faites à partir d'une mesure du coxal, nous ne nous basons plus que sur 33 397 couples de mesures. A partir de ces derniers nous obtenons 127 erreurs, soit environ 0,38% d'erreurs. Ce pourcentage est une fois encore proche de ce que nous obtenons lorsque nous considérons l'échantillon de validation masculin dans son intégralité.

Nous avons tout comme pour l'échantillon féminin, observé la répartition des erreurs selon trois cas de figures (tableau 34) :

- prédiction d'une mesure du membre supérieur à partir d'une mesure du coxal (Sup/Cox),
- prédiction d'une mesure du membre inférieur à partir d'une mesure du coxal (Inf/Cox),
- prédiction d'une mesure du coxal à partir d'une autre mesure du coxal (Cox/Cox).

	Sup/Cox	Inf/Cox	Cox/Cox	Total
Nb de réponses	12 553	16 432	4 412	33 397
Nb d'erreurs	38	47	42	127

Tableau 34 : Répartition du nombre de réponses et du nombre d'erreurs suivant les trois cas possibles dans l'échantillon masculin

En rapportant le nombre d'erreurs par rapport au nombre de réponses, nous obtenons respectivement pour chacun des trois cas : 0,30 ; 0,28 et 0,95% d'erreurs. Nous voyons, comme dans le cas de l'échantillon féminin, qu'il s'agit des régressions concernant deux mesures du coxal qui donnent le plus d'erreurs, cependant ce nombre d'erreurs reste relativement faible.

De la même manière que pour l'échantillon féminin, nous avons observé plus précisément la répartition des erreurs suivant la latéralité des mesures (tableau 35). Les 12 cas de figures sont les mêmes que ceux précédemment cités et étudiés dans l'échantillon féminin.

Prédiction de	SupG		SupD		InfG		InfD		CoxG		CoxD	
	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD	CoxG	CoxD
Nb de réponses	3163	3255	3161	2974	3966	4302	3898	4266	1138	1039	1039	1196
Nb d'erreurs	6	10	13	9	10	13	6	18	5	15	15	16

Tableau 35 : Répartition du nombre d'erreur selon la latéralité des mesures dans l'échantillon masculin

Contrairement à ce que nous observons dans l'échantillon féminin, ici ce sont les prédictions de mesure du coxal droit qui donnent le plus d'erreurs. Le nombre d'erreurs plus élevé concernant les régressions qui permettent la prédiction de mesure du coxal droit reste cependant assez faible par rapport au nombre de fois où ces mêmes régressions sont testées. Les mesures concernant les membres supérieurs et inférieurs ont quant à elles des nombres d'erreurs assez similaires entre les deux côtés.

Synthèse des résultats partie 1 : Mise en place de la méthode

- **Fiabilité des mesures**
 - L'ensemble des mesures biométriques sont répétables et reproductibles
- **Indice de mesurabilité**
 - Scores les plus élevés pour les mesures concernant des périmètres et des diamètres au niveau de la diaphyse
- **Asymétrie et indice de latéralité**
 - Présence d'une asymétrie entre les mesures prises sur le côté gauche et celles prises sur le côté droit
- **Echantillon d'apprentissage**
 - Total : 3 101 932 couples de mesures
 - Féminin : 1 106 648 couples de mesures
 - Masculin : 922 252 couples de mesures

} Permettant de calculer les paramètres des formules de régressions linéaires et des intervalles de prédiction associés
- **Echantillon de validation**
 - Total
 - Intervalle de prédiction à 95% : 2,88% d'exclusions à tort
 - Intervalle de prédiction à 99% : 0,36% d'exclusions à tort
 - Féminin
 - Intervalle de prédiction à 99% : 0,22% d'exclusions à tort
 - Masculin
 - Intervalle de prédiction à 99% : 0,54% d'exclusions à tort

Choix des intervalles de prédictions à 99%
afin de privilégier la fiabilité

6

Résultats : Partie 2

**Applications
de la méthode**

6.1 Comparaison des différentes méthodes de détermination du NMI

6.1.1 Application sur un « vrac » dont l'effectif réel est connu : Lariey

Nous avons créé un faux « vrac » à partir des individus adultes issus du site de Lariey. Chaque pièce anatomique provenant de ces individus a été numérotée aléatoirement en aveugle par deux observateurs, afin de pouvoir au terme de l'étude réattribuer tous les os aux bons individus. Après avoir numéroté tous les os identifiables, ces derniers ont été mélangés par les deux observateurs afin de reproduire un contexte d'ossements en position secondaire. L'implication des deux observateurs s'arrête à cette étape de l'expérience, ces derniers ne participant pas à l'estimation des différents NMI.

L'intérêt principal de ce « vrac » artificiel tient dans le fait que le nombre réel d'individus le composant est connu. Au total, nous avons étudié plus de 400 os ou fragments d'os et mesuré 204 d'entre-eux. La différence entre ces deux nombres provient tout d'abord du choix des os sur lesquels nous allons mettre en place les différents NMI. En effet, nous avons décidé de calculer un NMI de fréquence à la fois pour chaque os sélectionnés dans le cadre de notre méthode, mais également pour l'os temporal ainsi que pour la mandibule. Ce choix a donc produit une augmentation du nombre d'os à étudier mais pas celui du nombre d'os à mesurer. La deuxième explication quant à la différence entre les deux valeurs, provient de la conservation et de la fragmentation de la série. Il y avait parmi les os étudiés, certains éléments fragmentés à un point tel que leur identification, mais surtout leur latéralisation avec certitude devenaient impossible. La mesure de ces fragments d'os était dans ce cas inenvisageable. Enfin, il y avait également certains fragments suffisamment bien conservés pour permettre l'identification et la latéralisation, mais pour lesquels toutes tentatives de mesure demeuraient impossible, en raison de la présence d'une zone érodée et/ou fragmentée au niveau précis où devait être relevé un paramètre biométrique.

Au final, nous avons donc retenu un peu plus de 400 os ou fragments d'os pour faire les calculs des NMI de fréquences et des NMI par appariements et 204 os ou fragments pour calculer les NMI par exclusions.

6.1.1.1 NMI de fréquence

Nous avons commencé par effectuer un calcul du NMI de fréquence, c'est-à-dire que nous avons trié tous toutes les pièces anatomiques selon leur type et selon leur latéralité. Dans l'idée de faire des comparaisons, nous avons réalisé un NMI de fréquence pour chaque type d'os étudié (crâne, mandibule, clavicule, scapula, humérus, ulna, radius, coxal, fémur, patella, tibia, fibula, talus et calcanéum). Le NMI de fréquence final de notre vrac correspondra au NMI de fréquence le plus élevé obtenu à partir de tous les os étudiés.

Le NMI de fréquence de ce vrac est de 16 individus (tableau 36), ce résultat est obtenu à partir des humérus gauches et droits et du coxal gauche. Il correspond au nombre réel d'individus présent au sein de cet échantillon. Dans l'ensemble, les NMI de fréquence de chacun des os sont assez homogènes et dépassent tous 10 individus, excepté dans le cas du calcanéum. Ce résultat peut s'expliquer par la nature de l'échantillon étudié. En effet, dans ce cas précis nous travaillons sur des os mélangés artificiellement qui proviennent tous au départ d'individus bien conservés et quasiment complets.

	NMI de fréquence		NMI de fréquence
Temporal gauche	15	Coxal droit	15
Temporal droit	14	Fémur gauche	15
Mandibule	15	Fémur droit	14
Scapula gauche	14	Patella gauche	12
Scapula droite	14	Patella droite	12
Clavicule gauche	10	Tibia gauche	13
Clavicule droite	12	Tibia droit	14
Humérus gauche	16	Fibula gauche	9
Humérus droit	16	Fibula droite	10
Ulna gauche	14	Talus gauche	10
Ulna droite	15	Talus droit	11
Radius gauche	14	Calcaneum gauche	4
Radius droit	15	Calcaneum droit	3
Coxal gauche	16		

Tableau 36 : Résultats des NMI de fréquences pour chacun des os du site de Lariey

6.1.1.2 NMI par appariements

L'estimation du NMI par appariements est fondée sur la recherche des os gauches et droits d'un même type d'os pouvant appartenir à un même individu. Il faut donc dans ce cas, faire la distinction entre les os appariés et les os isolés. La détection de paires doit se faire à partir d'une observation précise des différentes pièces osseuses : étude de la taille relative des os, de la couleur, de la robustesse/gracilité, de la morphologie des surfaces articulaires et des insertions musculaires. Cependant ces critères possèdent leur propre limite (asymétrie, pathologie...), mais sont aussi dépendants de l'appréciation de l'observateur.

Le NMI par appariements correspond au nombre d'os isolés (gauches et droits) auquel nous ajoutons le nombre de paires. Nous avons donc fait, de la même manière que pour le NMI de fréquence, un NMI par appariements pour chaque type d'os étudié, lorsque ceux-ci sont présents par paires (os temporal, clavicule, scapula, humérus, ulna, radius, coxal, fémur, patella, tibia, fibula, talus et calcaneum). Le NMI par appariements final de notre « vrac » correspondra au NMI par appariements le plus élevé obtenu à partir de tous les os étudiés.

De manière générale le NMI par appariements est toujours supérieur ou égal au NMI de fréquence. Ces deux NMI peuvent être égaux dans deux cas précis :

- les nombres d'os gauches et droits sont égaux et tous les os sont appariés (cas des humérus dans notre échantillon),
- les nombres d'os gauches et droits sont différents mais tous les os du côté ayant le plus faible effectif sont appariés.

	NMI par appariements
Temporal	25 (4)*
Scapula	24 (4)
Clavicule	17 (5)
Humérus	16 (16)
Ulna	17 (12)
Radius	20 (9)
Coxal	22 (9)
Fémur	18 (11)
Patella	15 (9)
Tibia	21 (11)
Fibula	16 (3)
Talus	4 (7)
Calcanéum	7 (0)

()* : Nombre de paires reconstituées

Tableau 37 : Résultats des NMI par appariements pour chacun des os du site de Lariey

Pour le NMI par appariements, nous obtenons la valeur de NMI la plus élevée avec les os temporaux, c'est-à-dire un nombre minimum d'individus de 25 (tableau 37). En effet, au sein des différents os temporaux gauches et droits nous avons pu mettre en évidence quatre appariements. Ces appariements sont dans ce cas certains puisqu'ils sont le résultat d'un remontage/collage avec le crâne. Cependant, connaissant le nombre réel d'individus (16) constituant ce « vrac », nous voyons clairement que ce résultat est bien au-dessus de la réalité. D'autre part si nous considérons les NMI par appariements que nous obtenons à partir de tous les os, nous observons que dans 8 cas sur 13, le résultat est supérieur au nombre réel d'individus. C'est-à-dire que dans la majorité des cas, nous surestimons à tort le nombre réel d'individus constituant ce « vrac ».

Ce résultat dépend principalement de la capacité à reconnaître et à reformer des paires. En effet, la notion de certitude lorsque nous voulons reconstituer une paire est l'idée principale dans le calcul du NMI par appariements.

Lorsqu'il nous été impossible d'affirmer avec certitude que deux os forment une paire, nous ne nous sommes pas prononcés, ce qui dans notre situation nous a amené à une augmentation du NMI.

6.1.1.3 NMI par exclusions

A partir de ce vrac nous avons pris 1 028 mesures sur les 204 os mesurés. Toutes ces mesures ont été enregistrées dans un tableau Excel, afin de pouvoir faire fonctionner le programme que nous avons créé pour permettre le calcul du NMI par exclusions. Nous obtenons un NMI par exclusions pour chaque variable de chaque os, sauf pour l'os temporal et la mandibule, puisque ces os ne sont pas utilisés dans le cadre de notre méthode.

Dans un premier temps, nous avons observé le NMI biométrique de départ pour chacun des os pour lesquels nous allons faire par la suite des comparaisons entre le résultat du NMI par exclusions et ceux des NMI de fréquence et par appariements. Le NMI biométrique d'un os, correspond au NMI biométrique le plus élevé obtenu parmi l'ensemble des variables concernant cet os (tableau 38). Il peut être obtenu par une seule variable mais aussi par plusieurs variables différentes.

	NMI biométrique de départ par os	Variable(s) donnant le NMI biométrique de départ
Scapula gauche	5	OHG ; OBG
Scapula droite	5	OHG ; OBG
Clavicule gauche	5	CLX ; CDX ; CPM
Clavicule droite	8	CLX ; CDX ; CPM
Humérus gauche	12	HBE
Humérus droit	13	HPW
Ulna gauche	14	UTS ; USS
Ulna droite	13	UTS ; USS
Radius gauche	7	RLX ; RLP ; RPW ; RDX ; RDW
Radius droit	8	RLX ; RLP ; RPW ; RDX ; RDW
Coxal gauche	9	IIMT
Coxal droit	10	ILION ; SA ; SIS
Fémur gauche	14	FTS ; FSS
Fémur droit	11	FLP ; FLX ; FPM ; FTM ; FSM ; FTS ; FSS ; Ed
Patella gauche	10	RHX ; RBX
Patella droite	9	RHX ; RBX
Tibia gauche	13	TTN ; TSN
Tibia droit	12	TTN ; TSN
Fibula gauche	2	PLX ; PPW ; PDX ; PDW
Fibula droite	2	PLX ; PPW ; PDX ; PDW
Talus gauche	7	ALX ; ABW ; AHW
Talus droit	9	AHW
Calcaneum gauche	3	CAL ; CHW ; CBW
Calcaneum droit	0	

Tableau 38 : Résultats des différents NMI biométrique de départ pour chaque os du site de Lariey

Au total, 129 variables sont présentes dans ce « vrac » et possédant des NMI biométriques de départ variant de 2 (pour les fibulas gauches et droites) à 14 (pour les ulnas et les fémurs gauches). A partir de l'ensemble des variables présentes, nous effectuons une première Recherche Allométrique par Exclusion.

1^{er} tour de Recherche Allométrique par exclusion (RAE)

A l'issue du premier tour de RAE, 39 variables ne donnent aucune exclusion, le NMI par exclusions obtenus à partir de celles-ci sera égal à leur NMI biométrique de départ.

Nous avons également 12 variables qui ne présentent qu'une seule exclusion, de ce fait leur NMI biométrique de départ peut être augmenté d'une unité. Les 78 variables restantes génèrent, pour leur part, au moins deux exclusions. Il est donc nécessaire pour celles-ci d'effectuer un tour supplémentaire de RAE.

2^{ème} tour de Recherche Allométrique par Exclusion (RAE)

Suite à cette seconde étape d'analyse, nous obtenons 53 variables ne présentant plus aucune exclusion. Les 25 variables restantes possèdent encore ici plusieurs exclusions. Cependant, nous avons tout de même décidé de mettre un terme à notre analyse dès ce niveau et cela pour plusieurs raisons. D'une part, car le temps de traitement des différents calculs pour arriver à ce stade est déjà de l'ordre de plusieurs heures. D'autre part, le nombre de lignes d'écriture nécessaires pour calculer toutes les combinaisons possibles d'exclusions entre les valeurs dépasse d'ores et déjà le million. De ce fait, nous dépassons le nombre limite de lignes possibles dans une feuille de calcul Excel 2007, et il est donc nécessaire de relancer la Recherche Allométrique par Exclusion concernant les dernières variables dans une nouvelle feuille de calcul Excel.

Au final, pour obtenir les résultats des NMI par exclusions de chacune des variables du « vrac » de Lariey et cela seulement pour deux tours de RAE, il est nécessaire de produire 1 084 045 lignes de calculs.

A partir de la totalité des variables présentes au départ, le NMI par exclusions le plus élevé est égal à 15 individus. Il est notamment obtenu avec les variables UTS_G, USS_G et FSS_G. Pour ces trois variables ce NMI par exclusions est définitif, puisque celles-ci ne génèrent d'ores et déjà plus aucune exclusion à la fin du deuxième tour. Parmi les variables pour lesquelles le NMI par exclusions n'est pas final après deux tours de RAE, c'est-à-dire celles qui présentent encore au moins deux exclusions à l'issue du deuxième

tour, HBE_D est la variable ayant le NMI par exclusions le plus élevé avec au moins 14 individus.

Dans le cas du « vrac » de Lariey, nous avons à l'issu des deux tours de RAE, plus de 80% des variables présentes au départ, qui aboutissent à un NMI final par exclusions, c'est-à-dire pour lesquelles nous sommes certains, qu'il n'est plus possible de mettre en évidence d'exclusions. Par ailleurs, hormis HBE_D, la totalité des variables restantes, possèdent à la fin du deuxième tour, des NMI par exclusions assez éloignés du NMI par exclusions le plus élevé que nous avons obtenu à partir des variables UTS_G, USS_G et FSS_G et qui est égal à 15 individus. Les augmentations successives du NMI par exclusions entre les différents tours étant quasiment toujours de un individu, il est peu probable que ces variables nécessitent un nombre suffisant de tour de RAE pour permettre d'améliorer le résultat de 15 individus. Cependant, comme nous n'effectuons pas la totalité des RAE, principalement en raison des contraintes techniques liées à la taille des feuilles de calcul de la version 2007 d'Excel, nous ne pouvons pas affirmer cela avec certitude.

Dans une nouvelle phase d'analyse, nous avons comparé les résultats du NMI biométrique de départ et du NMI par exclusions de chaque type d'os (tableau 39).

A la lecture du tableau 39, nous pouvons noter que le NMI par exclusions pour chaque os est toujours supérieur au NMI biométrique de départ, excepté pour la patella gauche. Cette amélioration montre que pour ces os, il a été possible de mettre en évidence au moins une exclusion à partir d'au moins une des variables de chaque type d'os.

Nous remarquons également qu'il existe une différence entre les variables ayant donné le NMI biométrique de départ (tableau 38) et celles donnant le NMI par exclusions (tableau 39). Cette différence indique qu'il ne s'agit pas toujours de la variable donnant le NMI biométrique le plus élevé au départ, qui nécessairement aboutira au NMI par exclusions final de cet os. Une variable ayant un NMI biométrique plus faible, peut très bien produire un nombre plus élevé d'exclusions et permettre au final une amélioration plus importante du NMI par exclusions.

	NMI biométrique de départ par os	NMI par exclusions par os	Variable(s) donnant le NMI par exclusions
Scapula gauche	5	≥ 7	OBG
Scapula droite	5	≥ 7	OBG
Clavicule gauche	5	≥ 7	CLX ; CDX
Clavicule droite	8	9	CLX ; CDX ; CPM
Humérus gauche	12	13	HBE
Humérus droit	13	≥ 14	HPW ; HBE
Ulna gauche	14	15	UTS ; USS
Ulna droite	13	14	USS
Radius gauche	7	≥ 9	RLX ; RLP
Radius droit	8	≥ 10	RLX ; RDW
Coxal gauche	9	10	IIMT
Coxal droit	10	11	SA ; SIS
Fémur gauche	14	15	FSS
Fémur droit	11	12	Ed
Patella gauche	10	10	RHX ; RBX
Patella droite	9	10	RHX
Tibia gauche	13	14	TTN ; TSN
Tibia droit	12	13	TTN ; TSN
Fibula gauche	2	7	PLX
Fibula droite	2	≥ 7	PLX
Talus gauche	7	8	ALX ; ABW
Talus droit	9	9	ALX ; AHW
Calcaneum gauche	3	5	CBW
Calcaneum droit	0	0	

Tableau 39 : Comparaison entre le NMI biométrique de départ et le NMI par exclusions pour chaque type d'os provenant du site de Lariey

En étudiant les résultats obtenus à partir de chacune des variables, nous observons que sur les 23 os concernés par le NMI par exclusions, nous en avons 11 qui avec seulement deux tours de RAE aboutissent à un NMI final par exclusions. En effet, toutes les variables issues de ces os ne donnent plus aucune exclusion, nous savons donc que pour ceux-ci, nous sommes arrivés au NMI par exclusions le plus élevé possible. En ce qui concerne les autres os, nous rencontrons trois cas de figures possibles :

- soit la ou les variables possédant le NMI par exclusions le plus élevé à l'issu des deux tours de RAE génèrent encore des exclusions et dans ce cas peut potentiellement encore permettre une amélioration du NMI par exclusions,
- soit il existe une ou des variables, ne donnant pas le NMI par exclusions le plus élevé à la fin des deux tours de RAE, mais qui présentent à ce niveau encore suffisamment d'exclusions pour laisser espérer une possible amélioration du NMI par exclusions de cet os,

- soit nous avons à la fois la ou les variables possédant le NMI par exclusions le plus élevé générant encore des exclusions, mais également une ou plusieurs autres variables qui montrent elles aussi des exclusions pouvant potentiellement conduire à une augmentation du NMI par exclusions.

Sur les 12 os, qui à l'issu des deux tours de RAE ne donnent pas encore un NMI par exclusions définitif, les trois cas de figures précédemment cités concernent respectivement quatre os (clavicule gauche, radius gauche, scapula droite et radius droit), cinq os (humérus gauche, ulna gauche, coxal gauche, fibula gauche et coxal droit) et trois os (scapula gauche, humérus droit et fibula droite).

6.1.1.4 Comparaison des résultats des méthodes de calcul du NMI

A partir du « vrac » de Lariey, nous avons réalisé à la fois le calcul du NMI de fréquence, du NMI par appariements et du NMI par exclusions. L'intérêt principal de ce « vrac » tient dans le fait que le nombre réel d'individus le composant est connu. En effet, nous savons que tous les os étudiés proviennent de 16 individus. Nous pouvons dans ce cas, non seulement comparer les résultats des différents NMI entre-eux, mais également les comparer avec le nombre réel d'individus (tableau 40).

	NMI de fréquence	NMI par appariements	NMI par exclusions
Temporal	15	25	-
Scapula	14	24	7
Clavicule	12	17	9
Humérus	16	16	14
Ulna	15	17	15
Radius	15	20	10
Coxal	16	22	11
Fémur	15	18	15
Patella	12	15	10
Tibia	14	21	14
Fibula	10	16	7
Talus	11	4	9
Calcanéum	4	7	5
NMI final	16	25	15

Tableau 40 : Comparaison des résultats des différents NMI pour le site de Lariey

Nous observons dans un premier temps, qu'il existe une différence entre les résultats des trois NMI. Les NMI de fréquence et par exclusions sont assez proches, en revanche le NMI par appariements est beaucoup plus élevé que les deux autres.

Dans un second temps, en comparant les résultats finaux des trois NMI avec le nombre réel d'individus, nous constatons immédiatement que le NMI par appariements surestime de manière assez importante le nombre réel d'individus. En revanche, les deux autres NMI possèdent des résultats qui ne présentent pas d'erreurs, le NMI de fréquence étant même finalement égal au nombre réel d'individus. Le résultat du NMI par exclusions est tout aussi intéressant, même si celui-ci est légèrement inférieur au nombre réel d'individus, ce qu'il faut surtout retenir ici, c'est qu'il ne le surestime pas. L'ensemble des exclusions que nous avons mis en évidence à partir de la totalité des mesures biométriques effectuées sur les os de ce « vrac », ne nous amène en aucun cas, à surestimer le nombre réel d'individus.

6.1.2 Application sur un « vrac » dont l'effectif réel n'est pas connu : *Mucem*

Les os étudiés dans le cas de cette application proviennent de la découverte fortuite faite sur le chantier de construction du futur emplacement du **Musée des civilisations d'Europe** et de la **Méditerranée (*Mucem*)** de Marseille. Cet échantillon est composé d'un nombre assez important d'ossements pour lesquels, l'appartenance des os aux différents individus le composant est inconnue. Au total, près d'un millier d'os à la fois complets et fragmentés ont été étudiés. Sur l'ensemble de ces ossements nous avons écartés tous les fragments de crâne et les côtes, mais aussi toutes les esquilles qui ne pouvaient pas être identifiées et latéralisées avec certitude. Au final, nous avons travaillé sur 687 fragments d'os ou os complets pour calculer les NMI de fréquence et les NMI par appariements. Le NMI par exclusions a quant à lui été déterminé à partir de 407 ossements mesurés.

6.1.2.1 NMI de fréquence

Les NMI de fréquence selon les os sont assez différents (tableau 41), variant de 0 pour les patellas à 55 pour les fémurs gauches. De manière générale, nous remarquons que cet échantillon est principalement composé d'os longs et plus précisément par des os longs de grandes tailles (humérus, fémurs et tibias). Les NMI de fréquence pour les humérus, les fémurs et les tibias sont respectivement obtenus à partir de la palette humérale, du petit trochanter et du trou nourricier. Ce résultat n'est pas surprenant puisque ces régions

anatomiques sont considérées comme étant parmi les zones les plus denses des os considérés.

	NMI de fréquence		NMI de fréquence
Scapula gauche	6	Fémur gauche	55
Scapula droite	5	Fémur droit	46
Clavicule gauche	6	Patella gauche	0
Clavicule droite	3	Patella droite	0
Humérus gauche	38	Tibia gauche	53
Humérus droit	40	Tibia droit	39
Ulna gauche	18	Fibula gauche	4
Ulna droite	15	Fibula droite	3
Radius gauche	9	Talus gauche	1
Radius droit	11	Talus droit	1
Coxal gauche	20	Calcanéum gauche	2
Coxal droit	11	Calcanéum droit	6

Tableau 41 : Résultats des NMI de fréquences pour chacun des os issus du site du *Mucem*

6.1.2.2 NMI par appariements

Le calcul du NMI par appariements n'a pas été fait à partir de cet échantillon. Le nombre trop important d'ossements ainsi que leurs conservations ont réduit considérablement les possibilités de mettre en évidence les éventuelles paires présentes. En effet, à chaque fois que nous voulions reformer une paire à partir d'un os, nous nous retrouvions en présence de plusieurs os controlatéraux qui auraient pu correspondre. De ce fait, devant l'incertitude qui subsistait pour la quasi-totalité des os, nous avons finalement abandonné l'idée de réaliser un NMI par appariements à partir de cet ensemble d'ossements.

6.1.2.3 NMI par exclusions

A partir des 407 os mesurés, nous avons pris 1 047 mesures qui ont toutes été reportées dans une feuille de calcul Excel. C'est sur l'ensemble de ces mesures que nous avons utilisé notre logiciel afin de rechercher les éventuelles exclusions présentes.

Nous avons dans un premier temps, récupéré le NMI biométrique de départ de chaque os, obtenu à partir de la ou des variables pour lesquelles nous avons réalisé le plus de mesures (tableau 42).

	NMI biométrique	Variable(s) donnant le NMI biométrique
Scapula gauche	3	OHG ; OBG
Scapula droite	3	OHG ; OBG
Clavicule gauche	1	CLX ; CDX ; CPM
Clavicule droite	1	CLX ; CDX ; CPM
Humérus gauche	29	HPW
Humérus droit	30	HPW
Ulna gauche	18	UTS ; USS
Ulna droite	13	UTS ; USS
Radius gauche	9	RPW
Radius droit	11	RPW
Coxal gauche	10	ILION ; VEAC
Coxal droit	7	VEAC
Fémur gauche	48	FSS
Fémur droit	42	FTS ; FSS
Patella gauche	0	
Patella droite	0	
Tibia gauche	49	TTN
Tibia droit	36	TTN ; TSN
Fibula gauche	2	PPW
Fibula droite	0	
Talus gauche	1	ALX ; AHW ; ABW
Talus droit	1	ALX ; AHW ; ABW
Calcanéum gauche	2	CAL ; CBW ; CHW
Calcanéum droit	6	CAL ; CHW

Tableau 42 : Résultats des différents NMI biométriques pour chaque os du site du *Mucem*

Les mesures réalisées à partir de l'ensemble des os épars provenant du site du *Mucem* se répartissent entre 116 variables différentes. Les NMI biométriques de départ varient de 1 (pour les clavicules et les talus gauches et droits) à 49 (pour le tibia gauche). Nous voyons tout de suite, dans le cas où nous ne pourrions mettre en évidence aucune exclusion ou alors un nombre insuffisamment d'exclusions à partir de chacune des variables de départ, que le résultat du NMI par exclusions serait inférieur à celui du NMI de fréquence.

Nous avons effectué une première Recherche Allométrique par Exclusion sur la totalité des variables présentes.

1^{er} tour de la Recherche Allométrique par Exclusion (RAE)

A l'issue de ce tour, une seule et unique variable ne permet pas de mettre en évidence au moins une exclusion. Il s'agit de la variable FBE_G pour laquelle le NMI par exclusions sera égal à son NMI biométrique de départ c'est-à-dire dans ce cas à 27 individus. Les 115 variables restantes génèrent au moins deux exclusions et nécessitent un deuxième

tour de RAE. Dès la fin de ce tour, nous avons certaines variables qui à ce stade permettent d'ores et déjà d'augmenter le NMI biométrique le plus élevé (égal au départ à 49 individus). En effet, suite à ce tour de RAE, les variables FTS_G, FSS_G, TSN_G et TTN_G possèdent des NMI par exclusions qui sont respectivement d'au moins 51, 51, 52 et 53 individus. Ces variables sont à ce stade les plus intéressantes puisque les résultats obtenus à partir de celles-ci sont assez proches de celui du NMI de fréquence. Par ailleurs, la présence de plusieurs exclusions à l'issue du premier tour de RAE pour ces variables nous laisse espérer une augmentation supplémentaire de leur NMI par exclusions et de ce fait, une possible amélioration du NMI de fréquence.

2^{ème} tour de la Recherche Allométrique par Exclusion (RAE)

A la fin du deuxième tour de RAE, nous avons seulement trois variables qui ne présentent, à ce niveau, plus aucune exclusion. Il s'agit des variables FTS_G, FSS_G et FTM_G dont le NMI final par exclusions restera pour les deux premières à 51 individus et sera égal à 10 individus pour la troisième. Ces trois variables, bien qu'ayant augmentées leur NMI biométrique de départ, ne permettent pas au final d'améliorer le résultat du NMI de fréquence.

Il nous reste donc à l'issue de ce tour, 112 variables générant encore au moins deux exclusions et pour lesquelles un troisième tour de RAE pourrait être effectué, cependant, nous nous arrêtons tout de même à ce niveau.

De la même manière que pour le calcul du NMI par exclusions à partir des os issus du site de Lariéy, le temps de traitement pour effectuer les deux tours de RAE est de l'ordre de plusieurs heures et le nombre de lignes d'écriture nécessaire pour réaliser toutes les combinaisons d'exclusions entre les différentes mesures dépasse largement le million. Nous avons donc dû relancer la Recherche Allométrique par Exclusion puisqu'ayant atteint le nombre limite de lignes possibles dans une feuille de calcul Excel 2007.

Au final, pour obtenir les résultats des NMI par exclusions de chacune des variables de départ résultant des ossements épars du site du *Mucem* et cela seulement pour deux tours de RAE, il a été nécessaire de produire 1 521 178 lignes de calculs.

Dans le cas du « vrac » du *Mucem*, nous avons à l'issue des deux tours de RAE seulement un peu plus de 3% des variables présentes au départ, qui aboutissent à un NMI final par exclusions, c'est-à-dire pour lesquelles nous sommes certains qu'il n'est plus possible de

mettre en évidence des exclusions. Parmi les variables qui semblaient être les plus intéressantes à l'issu du premier tour, seules TSN_G et TTN_G ont encore augmenté leurs NMI par exclusions pour aboutir respectivement à 53 et 54 individus. A ce stade, ces deux résultats ne permettent cependant pas d'améliorer le NMI de fréquence.

Par la suite, nous avons comparé les résultats des différents NMI biométriques de départ de chaque type d'os avec ceux des NMI par exclusions (tableau 43).

	NMI biométrique de départ par os	NMI par exclusions par os	Variable(s) donnant le NMI par exclusions
Scapula gauche	3	≥ 9	OBG
Scapula droite	3	≥ 8	OHG ; OBG
Clavicule gauche	1	≥ 12	CLX ; CPM
Clavicule droite	1	≥ 10	CLX
Humérus gauche	29	≥ 34	HPW
Humérus droit	30	≥ 36	HPW
Ulna gauche	18	≥ 23	UTS ; USS
Ulna droite	13	≥ 19	UTS ; USS
Radius gauche	9	≥ 14	RPW
Radius droit	11	≥ 17	RPW
Coxal gauche	10	≥ 20	ISMM
Coxal droit	7	≥ 17	ISMM
Fémur gauche	48	51	FTS ; FSS
Fémur droit	42	≥ 47	FTS ; FSS
Patella gauche	0	0	
Patella droite	0	0	
Tibia gauche	49	≥ 54	TTN
Tibia droit	36	≥ 41	TSN ; TTN
Fibula gauche	2	≥ 7	PPW
Fibula droite	0	0	
Talus gauche	1	≥ 13	AHW
Talus droit	1	≥ 11	ABW ; AHW
Calcanéum gauche	2	≥ 10	CBW
Calcanéum droit	6	≥ 11	CAL ; CHW

Tableau 43 : Comparaison entre le NMI biométrique de départ et le NMI par exclusions pour chaque type d'os issus du « vrac » du *Mucem*

En tout premier lieu, nous avons pu objectiver que la quasi-totalité des variables donnant les différents NMI par exclusions (tableau 43) se révèlent être les mêmes que celles ayant permis d'obtenir les NMI biométriques de départ (tableau 42). En effet, excepté pour les os coxaux gauches et droits ainsi que pour les fémurs gauches, la ou les variables

produisant le NMI par exclusions fait ou font toujours partie de celles ayant donné au départ le NMI biométrique le plus élevé de l'os que nous considérons.

En ce qui concerne les fémurs gauches, la variable FTS_G permet d'obtenir le même NMI par exclusions que la variable FSS_G, bien que son NMI biométrique de départ soit inférieur. Cependant, ce résultat n'est pas très surprenant puisque les valeurs de NMI biométrique de départ de ces deux variables ne diffèrent que d'une seule unité.

En revanche dans le cas des os coxaux, le NMI par exclusions est obtenu à partir de la variable ISMM. Or le NMI biométrique de départ de cette variable est égal à 1, NMI qui se trouve être bien plus faible que ceux des variables ILION_G, VEAC_G et VEAC_D avec respectivement de 10, 10 et 7 individus.

Dans un deuxième temps, en comparant les résultats des deux NMI, nous nous apercevons que le NMI par exclusions est toujours supérieur au NMI biométrique de départ. Cette constatation indique donc que pour chaque type d'os, il existe au minimum une variable de départ qui génère un nombre suffisant d'exclusions au cours des différents tours successifs de RAE, pour permettre une amélioration du NMI biométrique de départ.

Au final, nous sommes parti d'un NMI biométrique maximum égal à 49 individus pour arriver, à l'issue de deux tours de RAE, à un NMI par exclusions final de 54 individus. Dans les deux cas, ces NMI sont obtenus à partir de la même variable biométrique, variable issue du tibia gauche.

6.1.2.4 Comparaison des résultats des méthodes de calcul du NMI

A partir des ossements épars provenant du site du *Mucem*, nous avons réalisé le calcul du NMI de fréquence et celui du NMI par exclusions. En comparant les résultats obtenus pour les deux NMI (tableau 44), nous observons le comportement et la performance du NMI par exclusions dans le cas d'un « vrac » d'ossements de taille importante, c'est-à-dire ici un « vrac » de plus de 400 os.

	NMI de fréquence	NMI par exclusions
Scapula	6	9
Clavicule	6	12
Humérus	40	36
Ulna	18	23
Radius	11	17
Coxal	20	20
Fémur	55	51
Tibia	53	54
Fibula	4	7
Talus	1	13
Calcanéum	6	11
NMI final	55	54

Tableau 44 : Comparaison des résultats des différents NMI pour le site du *Mucem*

Nous constatons que pour la scapula, la clavicule, l'ulna, le radius, le tibia, la fibula, le talus et le calcanéum, nous augmentons les NMI de fréquence correspondant à ces os. En ce qui concerne l'os coxal, les deux NMI sont égaux. En revanche, les NMI par exclusions des humérus et des fémurs sont inférieurs à leur NMI de fréquence respectif. Nous remarquons de manière générale, que le gain du NMI par exclusions par rapport au NMI de fréquence est d'autant plus important pour les os dont le NMI de fréquence est faible.

Au final, en comparant dans ce cas précis les résultats des deux NMI, nous constatons que nous n'améliorons pas le NMI de fréquence. En effet, le NMI final par exclusions est ici égal à 54 tandis que le NMI de fréquence est de 55 individus. Nous remarquons également que les deux résultats sont obtenus à partir d'os différents, le NMI par exclusions étant donné par une variable issue du tibia gauche alors que dans le même temps, le NMI de fréquence s'obtient à partir des fémurs gauches.

6.1.3 Application sur un cas médico-légal

6.1.3.1 Contexte de la découverte

Les ossements ont été découverts le 27 juin 2006 dans le parc d'une clinique du quartier Vert Plan situé dans le 9^{ème} arrondissement de Marseille. Une expertise anthropologique a alors été demandée au Dr P. Adalian. Les ossements retrouvés constituaient le scellé n°1, le scellé n°2 étant un prélèvement de sédiment.

6.1.3.2 Description des ossements retrouvés

Au total, le scellé n°1 comportait 8 os (figure 44), dont l'origine humaine a très vite été établie. Les ossements présents étaient une scapula droite, un humérus droit, une côte gauche, un coxal droit, un fémur droit, un tibia droit, une fibula droite et un talus droit. Aucun de ces ossements n'est immature.



Figure 44 : Os présents dans le scellé n°1

Scapula droite : os complètement sec, bien conservé de couleur beige. La scapula présente des marques de rayures longitudinales au niveau du bord médial et latéral, mais aussi des marques de couleur au niveau de l'échancrure coracoïde.

Humérus droit : il s'agit d'un os sec hormis la région anatomique concernant la tête humérale qui est encore légèrement grasse. L'humérus présente, tout comme la scapula, des traces de couleur sur la face latérale de l'os, plus précisément au niveau de la diaphyse ainsi qu'au niveau du trou nourricier.

Côte gauche : il s'agit d'un os sec de couleur beige. Cette pièce est incomplète, il manque une partie de l'extrémité sternale. La conservation de cet os empêche la détermination du rang de la côte, cependant de part sa taille, il est toutefois possible d'exclure la 1^{ère} et la 2^{ème} côte.

Coxal droit : os sec de couleur beige et bien conservé. La détermination du sexe selon la méthode de la DSP (Murail *et al.*, 2005), objective un coxal appartenant à un individu masculin et âgé de plus de 50 ans à partir de l'analyse de la surface auriculaire (Schmitt 2005).

Fémur droit : os sec de couleur brun foncé et conservé dans sa totalité. Cependant, la texture de cet os est encore légèrement grasse, notamment au niveau des épiphyses.

Tibia droit : os sec, bien conservé, de couleur gris clair. Cet os présente de nombreuses petites perforations au niveau des épiphyses proximales et distales qui correspondent à une hyper vascularisation de ces zones.

Fibula droite : os sec de texture encore grasse et de couleur brune. Cet os est également bien conservé.

Talus droit : os sec à texture grasse, de couleur brune. Cet os est incomplet, la partie antérieure n'étant pas conservée et des fragments au niveau postéro-latéral sont également manquants.

6.1.3.3 NMI de fréquence et par appariements

Dans le cadre d'un calcul du NMI de fréquence, le dénombrement des os selon le type et la latéralité ne permet de conclure, de manière certaine, qu'à la présence d'un seul individu. Cependant, la différence de couleur entre certains os, mais surtout la taille relative des os les uns par rapport aux autres, laisse envisager la présence de plus d'individus. Malheureusement, en l'absence de doublons nous ne pouvons aller plus en avant dans l'estimation du nombre d'individus composant cet ensemble d'ossements en utilisant les méthodes actuellement connues pour le calcul du NMI. En effet, le NMI de fréquence de part sa définition, ne permet d'obtenir qu'un résultat d'un individu. Le NMI par appariements quant à lui ne peut pas, dans ce cas précis, être tenté puisqu'en plus de n'avoir aucun doublon entre les os, nous n'avons pas non plus deux os du même type dans cet assemblage, la recherche de paires est donc ici impossible.

6.1.3.4 NMI par exclusions

Ce cas médico-légal pour lequel nous ne pouvons que supposer la présence de plusieurs individus mais en aucun cas l'affirmer, nous paraît être un excellent test de notre méthode. En effet, à l'heure actuelle à partir des méthodes connues, il est impossible d'obtenir un NMI supérieur à un individu.

Nous avons donc mesuré l'ensemble des ossements présents (tableau 45) dans cet ensemble (excepté la côte gauche) et à partir des différentes mesures, effectué le calcul du NMI par exclusions.

Os	Mesures (mm)
Scapula droite	OHX : 166 ; OLX : 103 ; OLE : 135 ; OHG : 38 ; OBG : 28
Humérus droit	HLX : 338 ; HPW : 68 ; HDX : 21 ; HDW : 21 ; Lep : 48 ; Dtt : 41 ; HBE : 62
Coxal droit	PUM : 79 ; SPU : 32 ; DCOX : 216 ; IIMT : 38 ; ISMM : 117 ; SCOX : 160 ; ILION : 77 ; SA : 81 ; SIS : 35 ; VEAC : 62
Fémur droit	FLX : 403 ; FLP : 399 ; FPM : 80 ; FTM : 23 ; FSM : 27 ; FTS : 28 ; FSS : 27 ; FBE : 74 ; Ed : 59
Tibia droit	TLX : 380 ; TPW : 68 ; TDX : 28 ; TDW : 18 ; TTN : 23 ; TSN : 31 ; TBE : 73 ; Epmax : 50 ; Edmax : 31 ; Led : 47
Fibula droite	PLX : 341 ; PPW : 40 ; PDX : 15 ; PDW : 12
Talus droit	ALX : 63 ; ABW : 40 ; AHW : 34

Tableau 45 : Ensemble des mesures prises pour chacun des os retrouvés

Nous avons reporté l'ensemble de ces 48 mesures sur une feuille Excel, puis utilisé le programme que nous avons élaboré afin de mettre en évidence d'éventuelles exclusions.

1^{er} tour de la Recherche Allométrique par Exclusion

Tous les os de cet échantillon étant présents en un seul et unique exemplaire, le NMI biométrique de départ de chaque variable est égal à 1. Par la suite, nous avons à partir de toutes les variables présentes dans l'échantillon, lancé une RAE pour rechercher les exclusions. A la fin de ce premier tour, sur les 48 variables présentes au départ, seules 11 d'entre-elles n'ont pas permis de mettre en évidence des exclusions. En d'autres termes, sur l'ensemble des variables, il n'y en a que 11 qui ne permettront pas au final d'améliorer le NMI. En effet, puisqu'aucune exclusion n'est obtenue à partir de ces

dernières, le NMI à l'issu de ce tour est égal au NMI biométrique de la variable c'est-à-dire égal à 1.

Nous avons également au terme de ce tour, 23 variables qui ne donnent qu'une seule et unique exclusion. Ces variables permettent toutes d'obtenir un NMI par exclusions égal à deux individus. Ce résultat nous permet d'ores et déjà de constater que nous augmentons le NMI de fréquence dès la fin du premier tour de RAE. Cependant, il reste encore 14 variables qui génèrent encore au moins deux exclusions à ce niveau, et qui de ce fait peuvent encore produire une amélioration du NMI par exclusions (tableau 46).

Nous pouvons notamment noter à ce niveau de l'analyse, que nous avons mis en évidence des exclusions entre les différents os longs. En effet, en considérant seulement les longueurs maximales des os, nous observons que :

- la longueur de l'humérus droit n'est pas compatible avec celles du fémur droit et de la fibula droite,
- la longueur maximale du fémur droit ne correspond pas à celles de l'humérus droit et du tibia droit,
- la longueur du tibia droit n'est pas compatible avec celles du fémur droit et de la fibula droite,
- et enfin les longueurs maximales de l'humérus droit et du tibia droit s'excluent par rapport à celle de la fibula droite.

A partir de ces exclusions, nous pouvons déjà conclure à la présence de deux individus au minimum puisque nous avons montré que l'humérus et le tibia s'excluent tous les deux à la fois vis-à-vis du fémur et de la fibula. En ne tenant compte ici que des longueurs maximales, nous voyons clairement que ces quatre os longs ne peuvent pas appartenir à un seul et unique individu.

Dans un second temps, le tour suivant de la RAE devra notamment permettre de tester si les longueurs maximales, d'une part de l'humérus et du tibia et d'autre part du fémur et de la fibula, s'excluent entre elles. Si tel est le cas cela nous amènera tout naturellement à conclure à la présence d'un individu supplémentaire. Au cours du deuxième tour de la RAE, nous testerons toutes les variables ayant donné des exclusions lors du premier tour.

Nom variable de départ	Nombre d'exclusions	Nom de la ou des variable(s) exclue(nt)
OHX_D	1	Edmax_D
OLX_D	1	Edmax_D
OLE_D	1	Edmax_D
OHG_D	1	Edmax_D
OBG_D	1	Edmax_D
HLX_D	4	FLP_D; FLX_D; Edmax_D; PLX_D
HDX_D	0	
HDW_D	1	Edmax_D
HPW_D	1	Edmax_D
HBE_D	1	Edmax_D
Lep_D	1	Edmax_D
Dtt_D	2	VEAC_D; Edmax_D
PUM_D	0	
SPU_D	1	Edmax_D
DCOX_D	1	Edmax_D
IIMT_D	0	
ISMM_D	3	FLP_D; FLX_D; Edmax_D
SCOX_D	0	
ILION_D	1	Edmax_D
SA_D	0	
SIS_D	0	
VEAC_D	4	FLP_D; FLX_D; FBE_D; Edmax_D
FLP_D	5	HLX_D; ISMM_D; VEAC_D; TLX_D; ALX_D
FLX_D	5	HLX_D; ISMM_D; VEAC_D; TLX_D; ALX_D
FPM_D	1	VEAC_D
FTM_D	3	HLX_D; ISMM_D; VEAC_D
FSM_D	0	
FTS_D	1	VEAC_D
FSS_D	1	Edmax_D
FBE_D	2	VEAC_D; Edmax_D
Ed_D	2	VEAC_D; Edmax_D
TLX_D	3	FLP_D; FLX_D; PLX_D
TPW_D	1	VEAC_D
TTN_D	1	VEAC_D
TSN_D	0	
TBE_D	0	
TDX_D	0	
TDW_D	4	HLX_D; HDW_D; HPW_D; VEAC_D
Epmax_D	0	
Edmax_D	17	OHX_D; OLX_D; OLE_D; OHG_D; OBG_D; HLX_D; HDW_D; HPW_D; HBE_D; Lep_D; SPU_D; DCOX_D; ISMM_D; ILION_D; VEAC_D; FBE_D; ALX_D; AHW_D
Led_D	1	VEAC_D
PLX_D	3	HLX_D; TLX_D; Edmax_D
PPW_D	1	Edmax_D
PDX_D	1	Edmax_D
PDW_D	1	Edmax_D
ALX_D	2	FLX_D; Edmax_D
ABW_D	1	Edmax_D
AHW_D	1	Edmax_D

Tableau 46 : Résultats du premier tour de la Recherche Allométrique par Exclusion pour chaque variable issue des os du cas médico-légal

2^{ème} tour de la Recherche Allométrique par Exclusion

A la fin du deuxième tour de RAE (tableau 47), sept variables de départ ne produisent plus aucune exclusion, leur NMI par exclusions seront donc égal à deux individus. Nous avons également une variable de départ donnant une seule exclusion, celle-ci nous permet d'augmenter une nouvelle fois le NMI par exclusions, en le faisant passer ici à trois individus. Les six variables restantes permettent d'obtenir un NMI par exclusions au moins égal à trois individus.

Nom variable de départ	Nom de la ou des variable(s) s'excluant au 1er tour	Nombre d'exclusions au 2ème tour	Variable s'excluant au 2ème tour
HLX_D	FLP_D; FLX_D; Edmax_D	0	
	PLX_D	1	Edmax_D
Dtt_D	VEAC_D	1	Edmax_D
	Edmax_D	1	VEAC_D
ISMM_D	FLP_D; FLX_D; Edmax_D	0	
VEAC_D	FLP_D; FLX_D	0	
	FBE_D	1	Edmax_D
	Edmax_D	1	FBE_D
FLP_D	HLX_D; ISMM_D; VEAC_D; TLX_D; ALX_D	0	
FLX_D	HLX_D; ISMM_D; VEAC_D; TLX_D; ALX_D	0	
FTM_D	HLX_D; ISMM_D; VEAC_D	0	
FBE_D	VEAC_D	1	Edmax_D
	Edmax_D	1	VEAC_D
Ed_D	VEAC_D	1	Edmax_D
	Edmax_D	1	VEAC_D
TLX_D	FLP_D; FLX_D; PLX_D	0	
TDW_D	HLX_D; HDW_D; HPW_D; VEAC_D	0	
Edmax_D	OHX_D; OLY_D; OLE_D; OHG_D; OBG_D; HLX_D; HDW_D; HPW_D; HBE_D; Lep_D; SPU_D; DCOX_D; ISMM_D; ILION_D; ALX_D; AHW_D	0	
	VEAC_D	1	FBE_D
	FBE_D	1	VEAC_D
PLX_D	TLX_D	0	
	HLX_D	1	Edmax_D
	Edmax_D	1	HLX_D
ALX_D	FLX_D; Edmax_D	0	

Tableau 47 : Résultats du deuxième tour de la Recherche Allométrique par Exclusion pour chaque variable issue des os du cas médico-légal

Au final, sur les 48 variables présentes au départ, nous en avons 23% qui ne permettent pas d'augmenter le NMI de fréquence, 62% qui augmentent le NMI d'un individu et enfin 15% d'entre-elles améliorent le NMI de fréquence de deux individus supplémentaires.

L'ensemble des résultats du NMI par exclusions pour chaque variable est reporté dans le tableau 48. Les résultats montrent que le NMI final par exclusion de ce « vrac » d'ossements, correspondant à la valeur la plus élevée obtenue à partir de l'ensemble des variables, est donc de 3 individus.

Nom variable de départ	NMI par exclusions	Nom variable de départ	NMI par exclusions
OHX_D	2	FPM_D	2
OLX_D	2	FTM_D	2
OLE_D	2	FSM_D	1
OHG_D	2	FTS_D	2
OBG_D	2	FSS_D	2
HLX_D	3	FBE_D	≥ 3
HDX_D	1	Ed_D	≥ 3
HDW_D	2	TLX_D	2
HPW_D	2	TPW_D	2
HBE_D	2	TTN_D	2
Lep_D	2	TSN_D	1
Dtt_D	≥ 3	TBE_D	1
PUM_D	1	TDX_D	1
SPU_D	2	TDW_D	2
DCOX_D	2	Epmax_D	1
IIMT_D	1	Edmax_D	≥ 3
ISMM_D	2	Led_D	2
SCOX_D	1	PLX_D	≥ 3
ILION_D	2	PPW_D	2
SA_D	1	PDX_D	2
SIS_D	1	PDW_D	2
VEAC_D	≥ 3	ALX_D	2
FLP_D	2	ABW_D	2
FLX_D	2	AHW_D	2

Tableau 48 : Résultats pour chacune des variables présentes au départ du calcul du NMI par exclusions pour le cas médico-légal

6.1.3.5 NMI par exclusions selon le sexe

A partir de ce cas, nous avons souhaité voir également si nous augmentions le NMI par exclusions en tenant compte du sexe obtenu à partir de l'os coxal. Les résultats de l'analyse faite à partir de la méthode de la DSP, attestent que le coxal présent dans le scellé n°1 appartient à un individu masculin. Sur la base de ce résultat, les équations obtenues à partir de notre échantillon d'apprentissage masculin ont été utilisées. Nous nous sommes plus précisément servi des équations qui permettent d'obtenir des

estimations à partir d'une mesure du coxal, puisque nous sommes certains que les mesures de ce coxal proviennent d'un individu adulte.

1^{er} tour de la Recherche Allométrique par Exclusion selon le sexe

Lors du premier tour de RAE, nous obtenons, non seulement un nombre plus important d'exclusions à partir des mesures du coxal que lorsque nous ne tenons pas compte du sexe, mais de plus toutes les variables donnent dans ce cas au moins une exclusion (tableau 49).

Nom variable de départ	Nombre d'exclusions	Nom de la ou des mesure(s) exclue(nt)
PUM_D	3	FLP_D ; FLX_D ; Edmax_D
SPU_D	1	Edmax_D
DCOX_D	1	Edmax_D
IIMT_D	1	Edmax_D
ISMM_D	3	FLP_D ; FLX_D ; Edmax_D
SCOX_D	3	FLP_D ; FLX_D ; Edmax_D
ILION_D	4	FLP_D ; FLX_D ; FBE_D ; Edmax_D
SA_D	1	Edmax_D
SIS_D	1	Edmax_D
VEAC_D	5	FLP_D ; FLX_D ; FTM_D ; FBE_D ; Edmax_D

Tableau 49 : Résultats du 1er tour de RAE à partir des variables de l'os coxal pour des paramètres masculins

A partir de ces exclusions, nous constatons que la mesure Edmax_D s'exclue vis-à-vis de l'ensemble des variables du coxal, mais également que de nombreuses mesures du fémur ne correspondent pas aux variables du coxal. Il semblerait donc que le coxal de cet échantillon ne puisse pas appartenir au même individu que ceux dont sont issus le fémur et le tibia.

A la fin du premier tour de RAE à partir du coxal, chacune des variables permet d'augmenter le NMI d'une unité. Pour les variables suivantes : SPU_D ; DCOX_D ; IIMT_D ; SA_D et SIS_D, une seule exclusion a été mise en évidence, de ce fait le NMI final par exclusions pour ces dernières sera de deux. En revanche, pour les cinq autres, nous obtenons plusieurs exclusions, un deuxième tour de RAE est donc nécessaire.

2^{ème} tour de la Recherche Allométrique par Exclusion selon le sexe

A l'issue du deuxième tour, nous obtenons systématiquement pour chaque variable une exclusion entre les mesures du fémur (FLP_D ; FLX_D ; FTM_D et FBE_D) et celle du

tibia (Edmax_D). Ces exclusions nous amène donc à augmenter de nouveau le NMI, puisque en plus d'avoir montré que le fémur et le tibia ne pouvaient pas correspondre au même individu que celui dont est issu le coxal, nous venons de voir que le fémur et le tibia ne proviennent également pas d'un même individu. Il est important de rappeler ici, que lorsque nous avons utilisé les équations provenant de l'échantillon d'apprentissage total, nous avons déjà observé l'exclusion entre le fémur et le tibia.

Ce deuxième tour de RAE est le dernier tour que nous pouvons faire, car à ce niveau tous les sous-échantillons que nous formons sont composés d'une seule et unique mesure. Les cinq variables pour lesquelles nous venons de procéder à un deuxième tour de RAE, donnent toutes au final un NMI par exclusions de trois individus.

En comparant les résultats des NMI par exclusions obtenus, d'une part à partir de l'échantillon d'apprentissage total et d'autre part à partir de l'échantillon d'apprentissage masculin (tableau 50), nous constatons plusieurs différences.

Nom variable de départ	NMI par exclusions échantillon total	NMI par exclusions échantillon masculin
PUM_D	1	3
SPU_D	2	2
DCOX_D	2	2
IIMT_D	1	2
ISMM_D	2	3
SCOX_D	1	3
ILION_D	2	3
SA_D	1	2
SIS_D	1	2
VEAC_D	3	3

Tableau 50 : Comparaison des NMI par exclusions en fonction des équations utilisées au départ

Nous avons tout d'abord, à partir de l'échantillon masculin, aucune variable présentant un NMI final par exclusions d'un individu, contrairement à ce que nous observons à partir de l'échantillon total. De plus, au lieu d'avoir une seule variable présentant un NMI de trois avec l'échantillon total, il y a cinq variables qui présentent désormais ce résultat, les autres ayant un NMI final de deux individus.

Dans ce cas, nous voyons clairement qu’il existe des différences au niveau des résultats, suivant les équations utilisées au départ. Cependant, dans cette situation précise, nous n’avons pas pu augmenter le NMI par exclusions, celui-ci restant au final de trois individus dans les deux cas.

6.1.3.6 Comparaison des résultats des méthodes de calcul du NMI

Nous avons regroupé pour chaque os présents dans cet échantillon, les résultats des différentes méthodes de calcul du NMI (tableau 51). Le NMI par exclusions d’un os est obtenu à partir de la variable de cet os qui présente le NMI le plus élevé.

Tout d’abord, le NMI de fréquence, en raison de l’absence de doublons entre les os, donne un résultat final de 1.

Ensuite, le NMI par appariements ne peut être tenté puisque dans les ossements découverts nous n’avons pas deux os de même type. Dans ce cas, le NMI par appariements sera tout simplement égal au NMI de fréquence.

Enfin, le NMI par exclusions donne quant à lui un résultat d’au moins trois individus. De plus, ce résultat est obtenu à partir de plusieurs variables de départ appartenant à des os différents.

Nous voyons clairement, qu’à l’issue de l’étude de ce cas médico-légal et plus précisément dans le cadre du calcul du Nombre Minimum d’Individus, la méthode donnant le meilleur résultat est bien le NMI par exclusions.

	NMI de fréquence	NMI par appariements	NMI par exclusions
Scapula	1	1	2 (5)*
Humérus	1	1	3 (2)
Coxal	1	1	3 (1)
Fémur	1	1	3 (2)
Tibia	1	1	3 (1)
Fibula	1	1	3 (1)
Talus	1	1	2 (3)
NMI final	1	1	3

(*) : Nombre de variables provenant de cet os donnant ce résultat

Tableau 51 : Comparaison des résultats des différents NMI obtenus à partir des os du cas médico-légal

6.2 Applications sur les ossements épars issus des sites du *corpus* de données

6.2.1 Délos (Martigues, Bouches-du-Rhône)

6.2.1.1 NMI de fréquence

Le NMI de fréquence issu des os épars de ce site est de deux individus. Ce résultat est obtenu à partir de différents os, à savoir les fémurs gauches, les calcanéums gauches et les ulnas droites. En ce qui concerne les fémurs et les ulnas, ce sont respectivement les régions sous-trochantériennes et sous-sigmoïdiennes qui donnent un NMI de fréquence égal à deux.

6.2.1.2 NMI par exclusions

Le site du Délos a livré peu d'ossements épars puisqu'au final, nous avons dans notre feuille de calcul Excel, 37 mesures obtenues à partir de 12 os. Au total, 30 variables différentes sont présentes dans ce « vrac », dont 23 d'entre-elles possèdent un NMI biométrique de départ égal à 1 et 7 ont un NMI biométrique initial de 2.

Le premier tour de RAE montre que toutes les variables génèrent au moins deux exclusions. Nous savons donc qu'à la fin de ce tour, puisque le NMI biométrique de départ de certaines variables est semblable au NMI de fréquence, que nous augmentons d'ores et déjà ici le NMI de fréquence. En effet, les variables possédant un NMI biométrique initial égal à deux et présentant au moins une exclusion, ont leur NMI par exclusions qui sera au minimum de trois individus.

Par la suite, puisque que toutes les variables génèrent au moins deux exclusions, un deuxième tour de RAE est normalement nécessaire pour chacune d'entre-elles. Il existe cependant deux exceptions concernant les variables UTS_D et USS_D. Ces dernières donnent deux exclusions à la fin du premier tour de RAE, mais les deux valeurs s'excluant proviennent du même os, il n'est donc pas logique de réaliser un deuxième tour pour ces variables. Le tour suivant concerne donc 28 variables sur les 30 présentes au départ.

A l'issu du deuxième tour de RAE, 12 variables ne présentent plus aucune exclusions et aboutissent à un NMI par exclusions définitif. Parmi celles-ci, une variable a son NMI biométrique amélioré de deux unités tandis que les 11 autres ont leur NMI biométrique initial augmenté d'une unité. Ces augmentations ne permettent pas cependant d'améliorer le NMI biométrique qui est égal, pour le moment, à trois individus.

Il existe également deux autres variables (CHW_G et CBW_D) pour lesquelles le NMI par exclusions est le plus élevé possible à l'issu du deuxième tour. Ces variables génèrent bien plusieurs exclusions au terme du deuxième tour, mais les mesures exclues proviennent toutes du même os. A ce niveau, la variable CHW_G qui présente un NMI biométrique de départ égal à deux, est plus particulièrement intéressante. En effet, chaque tour de RAE aboutissant à une augmentation d'un individu, le NMI par exclusions final de cette variable sera de quatre.

Les 14 variables restantes donnent des exclusions ne concernant pas uniquement des mesures issues d'un même os. Parmi celles-ci, FSS_G et CBW_G sont les variables donnant les NMI par exclusions les plus élevés avec au moins quatre individus.

Au final, après avoir testé toutes les variables de départ, le NMI par exclusions le plus élevé obtenu à partir des os épars de ce site est d'au moins quatre individus (tableau 52). Ce résultat est obtenu à partir de trois variables différentes : FSS_G, CHW_G et CBW_G. Nous remarquons principalement que le NMI final par exclusions est supérieur au NMI de fréquence.

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
RLX_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
RLP_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
RPW_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
RDX_G	1	2	1	0	2
RDW_G	1	2	1	0	2
FTS_G	2	2	1	0	3
FSS_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
RHX_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
RBX_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
TTN_G	1	2	2	0	3
TSN_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
TBE_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
Epmax_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
ALX_G	1	2	1	0	2
ABW_G	1	2	1	0	2
AHW_G	1	2	1	0	2
CAL_G	2	2	1	0	3
CHW_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
CBW_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
HBE_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
ULX_D	1	2	1	0	2
ULP_D	1	2	1	0	2
UDX_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
UDW_D	1	2	1	0	2
UTS_D	2	1	1		2
USS_D	2	1	1		3
UPW_D	1	2	1	0	2
CAL_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
CHW_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
CBW_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3

Tableau 52 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars du site du Délos

6.2.2 Rayettes (Martigues, Bouches-du-Rhône)

6.2.2.1 NMI de fréquence

Le NMI de fréquence est de six individus, il est obtenu par le nombre de petits trochanters des fémurs droits.

6.2.2.2 NMI par exclusions

Le « vrac » résultant des ossements épars de ce site, nous a permis de prendre 125 mesures réparties sur 49 os. Au total, 60 variables différentes sont présentes avec des NMI biométriques de départ variant de 1 à 6. Les NMI biométriques les plus élevés sont obtenus à partir de deux variables se situant au niveau du petit trochanter du fémur droit

(FTS_D et FSS_D). Nous remarquons immédiatement la cohérence de ce résultat avec celui du NMI de fréquence qui est obtenu à partir de la même région anatomique.

Tout d'abord, à la fin du premier tour de RAE, nous avons 15 variables qui ne mettent en évidence aucune exclusion. Le NMI par exclusions de celles-ci est donc identique à leur NMI biométrique de départ. Les variables FTS_D et FSS_D (variables donnant le NMI biométrique de départ le plus élevé) sont notamment dans ce cas. En effet, puisqu'aucune exclusion n'a été mise en évidence à partir de ces dernières, le NMI par exclusions les concernant reste à six individus.

Ensuite, nous avons huit variables présentant une seule exclusion et qui au final voient leur NMI biométrique respectif augmenté d'une unité. La variable ABW_G est dans ce cas de figure, son NMI biométrique de départ étant égal à cinq, son NMI par exclusions sera de six individus. Cependant, même si le NMI biométrique de départ d'ABW_G est augmenté, il ne permet pas pour autant d'améliorer le NMI par exclusions mais seulement de l'égaliser.

Au terme de ce premier tour, nous n'avons pas pu améliorer le NMI de fréquence. Néanmoins, il reste tout de même d'autres variables, qui possèdent certes des NMI biométriques de départ plus faibles que ceux des variables FTS_D et FSS_D, mais qui génèrent cependant au moins deux exclusions, nous laissant donc encore la possibilité d'augmenter le NMI. Cela concerne au total 37 variables sur les 60 présentes dans le « vrac » issu des os épars de cette série ostéologique et sur lesquelles nous devons réaliser un deuxième tour de RAE.

A la fin du deuxième tour, 31 variables de départ ne permettent plus d'obtenir des exclusions. Les NMI par exclusions obtenus à partir de celles-ci, et cela malgré la présence de plusieurs exclusions lors du premier tour de RAE, ne permettent toujours pas d'améliorer le NMI par exclusions le plus élevé, qui est pour le moment de six individus. Les six variables restantes concernées par le deuxième tour de RAE, génèrent au moins deux exclusions. Parmi ces variables le NMI par exclusions le plus élevé est d'au moins quatre individus, ce résultat voulant donc dire que nous n'améliorons toujours pas le résultat de six individus obtenu à partir des variables ABW_G, FTS_D et FSS_D.

Dans le cas de ce « vrac » d'ossements, nous ne pouvons pas mettre en évidence assez d'exclusions à partir d'une variable pour améliorer le NMI de fréquence (tableaux 53 et 54). Le NMI final par exclusions résultant de cet ensemble osseux restera donc égal au NMI de fréquence.

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
OHG_G	2	1	1		3
OBG_G	2	1	0		2
CLX_G	1	2	2	0	3
CPM_G	1	2	1	0	2
HLX_G	2	1	0		2
HDX_G	2	1	1		3
HDW_G	2	2	1	0	3
HPW_G	2	2	1	0	3
HBE_G	2	2	1	0	3
UTS_G	3	1	0		3
USS_G	3	1	0		3
FTS_G	3	1	1		4
FSS_G	3	1	0		3
FBE_G	2	2	2	0	4
RHX_G	1	≥ 3	2	1	≥ 4
RBX_G	1	≥ 3	3	-	≥ 4
TLX_G	1	≥ 3	1	2	≥ 4
TPW_G	1	2	2	0	3
TTN_G	1	1	1		2
TSN_G	1	2	2	0	3
TBE_G	2	2	2	0	4
PLX_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
PPW_G	1	2	2	0	3
PDX_G	1	1	1		2
PDW_G	1	1	1		2
ALX_G	5	1	0		5
ABW_G	5	1	1		6
AHW_G	4	1	0		4
CAL_G	4	1	0		4
CHW_G	3	2	2	0	5
CBW_G	4	2	1	0	5

Tableau 53 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars gauches du site des Rayettes

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
CLX_D	1	2	1	0	2
CPM_D	1	2	1	0	2
UTS_D	2	1	1		3
USS_D	2	1	0		2
FLP_D	1	2	2	0	3
FLX_D	1	2	2	0	3
FPM_D	1	2	2	0	3
FTM_D	1	2	2	0	3
FSM_D	1	2	2	0	3
FTS_D	6	1	0		6
FSS_D	6	1	0		6
FBE_D	2	2	1	0	3
RHX_D	2	≥ 3	1	1	≥ 4
RBX_D	2	2	1	0	3
TLX_D	1	≥ 3	3	-	≥ 4
TPW_D	1	2	3	0	4
TTN_D	1	2	1	0	2
TSN_D	1	2	3	0	4
TBE_D	2	2	2	0	4
PLX_D	1	2	2	0	3
PPW_D	1	2	1	0	2
PDX_D	1	2	2	0	3
PDW_D	1	2	2	0	3
ALX_D	3	1	0		3
ABW_D	2	2	2	0	4
AHW_D	3	1	0		3
CAL_D	5	1	0		5
CHW_D	3	2	1	0	4
CBW_D	3	1	0		3

Tableau 54 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars droits du site des Rayettes

6.2.3 Observance (Marseille, Bouches-du-Rhône)

6.2.3.1 NMI de fréquence

Le NMI de fréquence issu des os épars de la fosse de l'Observance est de 31 individus adultes. Ce NMI est obtenu à partir des petits trochanters des fémurs gauches.

6.2.3.2 NMI par exclusions

Le « vrac » provenant de ce site est assez important, puisqu'au final nous avons étudié 155 os à partir desquels 342 mesures ont été prises. L'ensemble de ces mesures se répartissent de façon assez inégale entre 79 variables, les NMI biométriques variant de 1 à 31. Les variables présentant les NMI biométriques les plus élevés sont FTS_G et FSS_G. D'ores et déjà, nous voyons que dans le cas où, nous ne pourrions pas améliorer les NMI

biométriques de ces deux variables, le NMI final par exclusions serait tout de même égal au NMI de fréquence. Nous constatons également que les NMI biométriques les plus élevés s'obtiennent avec les deux variables se situant au niveau de la région anatomique du petit trochanter du fémur gauche, région permettant d'obtenir également le NMI de fréquence.

A l'issu du premier tour de RAE, l'ensemble des variables de départ génèrent des exclusions. Il est intéressant de s'attarder plus précisément à ce niveau sur les deux variables donnant les NMI biométriques les plus élevés. Tout d'abord, la variable FTS_G génère une seule et unique exclusion, entraînant de ce fait une augmentation de son NMI biométrique d'une unité. Ensuite, la variable FSS_G donne quant à elle deux exclusions. Les deux valeurs s'excluant vis-à-vis de cette variable étant issues du même os, il n'est pas utile de lancer un deuxième tour de RAE à partir de cette variable, le NMI par exclusions de cette variable sera donc lui aussi augmenté d'une seule unité. Finalement au terme de ce premier tour, les variables FTS_G et FSS_G aboutissent à un NMI par exclusions de 32 individus. Il existe une autre variable pour laquelle un seul tour de RAE est nécessaire, il s'agit de la variable FTS_D. Cependant cette dernière n'est pas intéressante dans ce cas précis, puisque celle-ci possède un NMI biométrique de départ de seulement 21 et ne permet donc pas d'améliorer le NMI obtenu à partir des variables FTS_G et FSS_G.

Dès la fin du premier tour de RAE, nous avons donc d'ores et déjà augmenté le NMI biométrique le plus élevé au départ et de ce fait par la même occasion, le NMI de fréquence. Nous continuons cependant, avec les 76 autres variables de départ présentant au moins deux exclusions à la fin du premier tour de RAE, afin d'observer d'une part, si nous pouvons encore augmenter leur NMI biométrique respectif et d'autre part si cette augmentation sera suffisante pour permettre d'améliorer le NMI par exclusions, qui est à ce stade de 32 individus.

A l'issu du deuxième tour, nous avons trois variables (UTS_D, USS_D et UPW_D) pour lesquelles plus aucune exclusion ne peut être mise en évidence. Les NMI par exclusions les concernant, respectivement de 7, 6 et 7 individus, restent dans ce cas beaucoup trop faibles pour apporter une amélioration à ce niveau.

Les 73 autres variables restantes génèrent toutes encore au moins deux exclusions au terme de ce tour. Parmi celles-ci, nous remarquons des cas particuliers avec des variables

qui à l'issu du deuxième tour donnent des NMI par exclusions qui se trouvent être plus faibles que ceux obtenus à la fin du premier tour. Ce phénomène concerne précisément les variables ULP_G, Epmax_G et FBE_D. L'explication tient dans le fait, que dans le cas de notre méthode par le biais des différents tours de RAE, nous testons toutes les combinaisons de variables donnant des exclusions afin d'obtenir pour chaque variable de départ le NMI par exclusions le plus élevé possible. En effet, pour une variable de départ donnée, lorsque nous avons plusieurs exclusions, les mesures s'excluant vis-à-vis de cette dernière se répartissent entre plusieurs variables différentes. Parmi ces variables, nous pouvons en avoir une qui lors du premier tour de RAE apportera une importante augmentation du NMI de la variable de départ mais qui en revanche ne permettra pas une augmentation supplémentaire de ce NMI à l'issu du deuxième tour, puisqu'elle ne générera plus aucune exclusion au terme du premier tour. Dans le même temps, toujours parmi les variables s'excluant par rapport à la même variable de départ, nous pouvons également en avoir une, qui lors du premier tour permettra une augmentation du NMI de la variable de départ, cependant cette augmentation ne sera pas aussi importante que celle obtenue à partir de la variable mentionné précédemment. En revanche, cette variable restera intéressante, puisque contrairement à la précédente, celle-ci générera encore plusieurs exclusions à l'issu du premier tour et pourra donc laisser espérer une augmentation supplémentaire du NMI à la fin du deuxième tour. Dans le cas des variables ULP_G, Epmax_G et FBE_D, après avoir réalisé deux tours de RAE, nous observons ce phénomène puisque nous obtenons la meilleure combinaison possible dès la fin du premier tour.

Le NMI par exclusions le plus élevé à l'issu du deuxième tour de RAE est obtenu avec la variable HPW_G et est égal à 24 individus. Nous remarquons ici, que ce résultat est assez éloigné de celui que nous obtenons à l'issu du premier tour qui lui est égal à 32 individus. Dans ce cas, bien que nous nous arrêtons au terme de deux tours de RAE, il nous semble assez peu probable que nous puissions, avec d'autres tours successifs, arriver finalement à améliorer le NMI par exclusions des variables FTS_G et FSS_G.

Au terme des deux tours de RAE effectués, nous avons seulement un peu plus de 8% des variables qui donnent un NMI final par exclusions.

Au final, le NMI par exclusions permet dans ce cas d'améliorer le NMI de fréquence, avec un total de 32 individus (tableaux 55 et 56). Ce résultat est obtenu à partir des variables FTS_G et FSS_G et cela dès la fin du premier tour de RAE.

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
OHG_G	2	>3	1	1	≥ 4
OBG_G	2	>3	2	1	≥ 5
CLX_G	1	>3	3	1	≥ 5
CDX_G	1	>3	5	1	≥ 7
CPM_G	1	>3	11	1	≥ 13
HPW_G	22	>3	1	1	≥ 24
HBE_G	3	>3	4	1	≥ 8
Lep_G	1	>3	3	1	≥ 5
Dtt_G	1	>3	4	1	≥ 6
ULX_G	2	>3	4	1	≥ 7
ULP_G	5	>3	4	-	≥ 9
UDX_G	2	>3	8	1	≥ 11
UDW_G	2	>3	8	1	≥ 11
UTS_G	9	>3	2	1	≥ 12
USS_G	9	>3	2	1	≥ 12
UPW_G	10	>3	1	1	≥ 12
RLX_G	1	>3	8	1	≥ 10
RLP_G	1	>3	8	1	≥ 10
RPW_G	9	>3	2	1	≥ 12
RDX_G	1	>3	9	1	≥ 11
RDW_G	1	>3	11	1	≥ 13
IIMT_G	1	>3	2	1	≥ 4
ILION_G	2	>3	2	1	≥ 5
SA_G	2	>3	2	1	≥ 5
SIS_G	1	>3	3	1	≥ 5
VEAC_G	1	>3	2	1	≥ 5
FTS_G	31	1	1		32
FSS_G	31	1	1		32
TPW_G	4	>3	2	1	≥ 7
TTN_G	17	>3	1	1	≥ 19
TSN_G	17	>3	1	1	≥ 19
TBE_G	1	>3	9	1	≥ 11
Epmax_G	1	>3	11	-	≥ 12
Edmax_G	1	>3	3	1	≥ 5
Led_G	1	>3	3	1	≥ 5
PLX_G	1	>3	4	1	≥ 6
PPW_G	1	>3	3	1	≥ 5
PDX_G	1	>3	3	1	≥ 5
PDW_G	1	>3	2	1	≥ 4

Tableau 55 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars gauches du site de l'Observance

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
OHG_D	1	>3	6	1	≥ 8
OBG_D	1	>3	5	1	≥ 7
CLX_D	1	>3	8	1	≥ 10
CDX_D	1	>3	9	1	≥ 11
CPM_D	1	>3	7	1	≥ 9
HLX_D	2	>3	3	1	≥ 6
HDX_D	2	>3	2	1	≥ 5
HDW_D	2	>3	6	1	≥ 9
HPW_D	9	>3	4	1	≥ 14
HBE_D	2	>3	1	1	≥ 4
Lep_D	1	>3	9	1	≥ 11
Dtt_D	2	>3	3	1	≥ 6
UTS_D	5	2	2	0	7
USS_D	5	2	1	0	6
UPW_D	5	2	2	0	7
RPW_D	8	>3	2	1	≥ 11
IIMT_D	3	>3	2	1	≥ 6
ILION_D	4	>3	1	1	≥ 6
SA_D	4	>3	2	1	≥ 7
SIS_D	3	>3	2	1	≥ 6
VEAC_D	2	>3	1	1	≥ 4
FLP_D	1	>3	8	1	≥ 10
FLX_D	1	>3	8	1	≥ 10
FPM_D	1	>3	7	1	≥ 9
FTM_D	1	>3	9	1	≥ 11
FSM_D	1	>3	3	1	≥ 5
FTS_D	21	1	1		22
FSS_D	21	>3	1	1	≥ 23
FBE_D	1	>3	11	-	≥ 12
Ed_D	2	>3	4	1	≥ 7
TLX_D	1	>3	2	1	≥ 4
TPW_D	2	>3	2	1	≥ 5
TTN_D	9	>3	1	1	≥ 11
TSN_D	9	>3	1	1	≥ 11
TBE_D	1	>3	11	1	≥ 13
TDX_D	1	>3	10	1	≥ 12
TDW_D	1	>3	7	1	≥ 9
Epmax_D	1	>3	8	1	≥ 10
Edmax_D	1	>3	7	1	≥ 9
Led_D	1	>3	3	1	≥ 5

Tableau 56 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars droits du site de l'Observance

6.2.4 Eglise Saint-Pierre (Moirans, Isère)

6.2.4.1 NMI de fréquence

Nous avons calculé le NMI de fréquence résultant des os épars retrouvés dans la zone III de l'église Saint-Pierre de Moirans. La présence de quatre épiphyses distales de fémurs droits, nous donne un NMI de fréquence de quatre individus.

6.2.4.2 NMI par exclusions

La zone III de l'église Saint-Pierre nous a permis de mesurer 35 os à partir desquels 171 mesures ont été prises réparties entre 98 variables. Les NMI biométriques varient de 1 à 4, les deux variables donnant le NMI biométrique le plus élevé, étant FBE_D et Ed_D. Ces dernières concernent des mesures faites à partir de l'épiphyse distale du fémur droit et sont donc cohérentes avec le résultat du NMI de fréquence.

L'ensemble des variables de départ fait l'objet d'un premier tour de RAE, à l'issue duquel, neuf d'entre-elles ne donnent aucune exclusion, ces variables ne permettant pas au final d'améliorer le NMI biométrique le plus élevé au départ. Parmi celles-ci, nous retrouvons Ed_D, qui dans ce cas, aura son NMI par exclusions qui correspondra à son NMI biométrique de départ, c'est-à-dire égal à quatre individus.

Nous obtenons également 38 variables mettant en évidence seulement une exclusion, nous amenant donc à augmenter leurs NMI biométriques d'une unité. Il s'agit notamment du cas de la variable FBE_D (une des deux variables donnant au départ le NMI biométrique le plus élevé) qui génère une exclusion permettant dans ce cas d'augmenter le NMI biométrique de cette variable à 5 individus. Nous savons donc d'ores et déjà, qu'à l'issue du premier tour de RAE nous augmentons le NMI de fréquence, puisque celui-ci est égal au NMI biométrique de départ le plus élevé.

Les 51 variables restantes ayant toutes mises en évidence au moins deux exclusions, elles nécessitent la mise en œuvre d'un tour de RAE supplémentaire. Ce tour a pour but de voir s'il existe une variable de départ qui donnera suffisamment d'exclusions pour aboutir à un NMI par exclusions qui sera plus élevé que celui obtenu à ce stade par la variable FBE_D et égal à 5 individus.

A la fin du deuxième tour de RAE, sur les 51 variables concernées, 29 d'entre-elles ne donnent plus aucune exclusion et deux n'en donnent qu'une seule. Pour ces variables, la recherche d'exclusions s'arrête à ce tour là. Les 20 variables restantes mettent en évidence encore à l'issue du deuxième tour de RAE au moins deux exclusions. Nous remarquons principalement, qu'au terme de ce tour aucune variable ne permet d'améliorer le NMI par exclusions obtenu avec la variable FBE_D, ni même de simplement l'égaliser (tableau 57 et 58). Suite aux deux tours de RAE réalisés, nous avons quasiment 80% des variables de départ qui donnent un NMI final par exclusions.

Au final, à partir des os épars de cette zone d'inhumation, le NMI de fréquence obtenu est de 4 individus adultes, tandis que le NMI par exclusions est de 5 individus. Nous obtenons, dans ce cas là, le gain d'un individu à partir de la variable FBE_D. Par ailleurs, nous notons que cette amélioration est obtenue assez rapidement, puisque nous avons un NMI par exclusions de cinq individus dès la fin du premier tour de RAE.

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
OHG_G	2	2	1	0	3
OBG_G	2	1	1		3
HPW_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
HBE_G	2	1	1		3
ULX_G	1	2	1	0	2
ULP_G	1	2	1	0	2
UDX_G	1	1	1		2
UDW_G	1	2	1	0	2
UTS_G	1	2	1	0	2
USS_G	1	1	1		2
UPW_G	1	2	1	0	2
PUM_G	1	2	1	0	2
SPU_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
DCOX_G	1	≥ 3	1	1	≥ 3
IIMT_G	1	2	1	0	
ISM_M_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
ILION_G	2	1	1		3
SA_G	2	2	1	0	3
SIS_G	2	1	1		3
VEAC_G	2	2	1	0	3
FLP_G	2	2	1	0	3
FLX_G	2	2	1	0	3
FPM_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
FTM_G	2	1	0		2
FSM_G	2	1	1		3
FTS_G	2	1	1		3
FSS_G	2	1	1		3
FBE_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
Ed_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
RHX_G	1	2	1	0	2
RBX_G	1	2	2	0	3
TLX_G	2	1	1		3
TPW_G	2	1	1		3
TTN_G	2	1	1		3
TSN_G	2	1	1		3
TBE_G	2	2	1	0	3
TDX_G	2	1	0		2
TDW_G	2	1	1		3
Epmax_G	2	≥ 3	1	1	≥ 4
Edmax_G	2	2	1	1	4
Led_G	2	1	1		3
ALX_G	2	1	1		3
ABW_G	2	2	1	0	3
AHW_G	2	1	1		3
CAL_G	2	2	1	0	3
CHW_G	2	1	1		3
CBW_G	2	2	1	0	3

Tableau 57 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars gauches du site de l'église Saint-Pierre

Variable de départ	NMI biométrique de départ	Nombre de tour(s) de RAE	Augmentation par tour		NMI final par exclusions
			Tour 1	Tour 2	
HLX_D	1	1	1		2
HDX_D	1	2	1	0	2
HDW_D	1	1	1		2
HPW_D	2	≥ 3	1	1	≥ 4
HBE_D	2	≥ 3	1	1	≥ 4
ULX_D	1	2	1	0	2
ULP_D	1	2	1	0	2
UDX_D	1	1	1		2
UDW_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
UTS_D	2	1	1		3
USS_D	2	2	1	0	3
UPW_D	1	1	1		2
RLX_D	3	2	1	0	4
RLP_D	3	2	1	0	4
RPW_D	3	1	1		4
RDX_D	3	1	1		4
RDW_D	3	1	1		4
PUM_D	1	2	1	0	2
SPU_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
DCOX_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
IIMT_D	1	2	1	0	2
ISMM_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
ILION_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
SA_D	1	2	1	1	3
SIS_D	1	1	1		2
VEAC_D	1	1	1		2
FLP_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
FLX_D	1	≥ 3	1	1	≥ 3
FPM_D	1	2	1	0	2
FTM_D	1	1	1		2
FSM_D	1	1	1		2
FTS_D	2	1	0		2
FSS_D	2	1	0		2
FBE_D	4	1	1		5
Ed_D	4	1	0		4
TLX_D	2	1	0		2
TPW_D	2	1	0		2
TTN_D	2	1	0		2
TSN_D	2	1	1		3
TBE_D	1	2	1	0	2
TDX_D	2	1	0		2
TDW_D	2	1	1		3
Epmax_D	1	2	1	0	2
Edmax_D	2	1	1		3
Led_D	2	1	1		3
ALX_D	2	≥ 3	1	1	≥ 4
ABW_D	2	≥ 3	1	1	≥ 4
AHW_D	2	≥ 3	1	1	≥ 4
CAL_D	3	1	1		4
CHW_D	3	1	1		4
CBW_D	3	1	1		4

Tableau 58 : Récapitulatif des différents tours de RAE pour l'ensemble des variables de départ issues des os épars droits du site de l'église Saint-Pierre

6.2.5 Synthèse des différentes applications du NMI par exclusions

Les différentes applications réalisées permettent de tester notre méthode dans différents cas de figure possible. Les « vrac » d'ossements sur lesquels nous avons mis en place le calcul du NMI par exclusions sont assez variés, tant au niveau du nombre d'os mesurés (entre 7 os pour le cas médico-légal et 407 os pour l'application du *Mucem*) qu'au niveau du nombre de mesures réalisées à partir de ces os (entre 37 pour le « vrac » du Délos et 1047 os pour l'application du *Mucem*).

Parmi les différentes applications effectuées, nous obtenons une amélioration du NMI de fréquence grâce au NMI par exclusions pour l'application médico-légale ainsi que pour les applications réalisées à partir des os épars des sites du Délos, de l'Observance et de l'Eglise Saint-Pierre. Dans les autres cas, soit nous égalons le NMI de fréquence (Rayettes), soit nous sommes légèrement en dessous (Lariey et *Mucem*).

En ce qui concerne plus précisément le site de Lariey, nous avons choisi cette application afin de comparer les résultats des différents NMI par rapport au nombre réel d'individus. Nous voyons que dans ce cas, le NMI de fréquence est égal au nombre réel d'individus tandis que le NMI par exclusions est légèrement inférieur. Pour les deux NMI, les résultats ne dépassent pas le nombre réel d'individus.

Pour l'application menée sur les ossements épars issus du site du *Mucem*, bien que nous augmentions le NMI biométrique de cette série, cette augmentation n'est pas suffisante pour permettre d'améliorer au final le NMI de fréquence. Ce résultat s'explique par l'écart existant dès le départ entre le NMI de fréquence et le NMI biométrique de ce « vrac », la différence entre les deux étant suffisamment importante (6 individus) pour que les diverses exclusions mises en évidence ne soient pas assez nombreuses pour permettre d'augmenter de manière plus conséquente le NMI par exclusions et donc le NMI de fréquence.

6.3 Expérimentation sur la mise en pratique des différents calculs du NMI

Pour terminer, nous avons voulu observer la faisabilité et les limites à la fois du calcul du NMI de fréquence et du calcul du NMI par exclusions. Dans ce but, nous avons demandé

à des étudiants en Médecine¹ ayant peu d'expérience dans l'étude biométrique du squelette, de calculer à partir de l'ensemble des os provenant du site du *Mucem*, le NMI de fréquence de cet échantillon mais également de mesurer tous les os possibles afin de pouvoir calculer le NMI par exclusions. Les résultats des deux méthodes de calcul de NMI seront au final comparés.

6.3.1 NMI de fréquence

Sur la base de cette approche, une discussion s'impose autour des différents NMI de fréquence obtenus par chacun des groupes et pour tous les os étudiés au sein de l'échantillon. Ces NMI varient de 49 (groupes 3 et 4) jusqu'à 77 (groupe 1) et sont obtenus à partir du nombre de fémurs gauches, et plus précisément sur la base du nombre de petits trochanters présents. Nous détaillerons par la suite les différents NMI de fréquence obtenus par chacun des groupes et pour chaque type d'os (tableau 59).

		Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	Groupe 4	Groupe 5
Scapula	G	1	1	5	2	6
	D	3	3	5	3	5
Clavicule	G	5	5	3	0	6
	D	2	1	1	1	3
Humérus	G	31	36	37	34	38
	D	38	31	38	38	40
Ulna	G	18	18	16	18	18
	D	12	12	12	12	15
Radius	G	9	11	12	12	9
	D	11	9	8	8	11
Coxal	G	7	8	19	15	20
	D	6	9	13	12	11
Fémur	G	77	53	49	49	55
	D	51	53	41	37	46
Tibia	G	54	46	38	42	53
	D	39	39	45	40	39
Fibula	G	4	4	4	5	4
	D	3	3	3	3	3
Talus	G	1	1	0	0	1
	D	1	1	2	0	1
Calcaneum	G	2	2	1	1	2
	D	5	5	7	9	6
NMI de fréquence total		77	53	49	49	55

Tableau 59 : Répartition des différents NMI de fréquences obtenus par chaque groupe et pour chaque os

¹ Il s'agit de huit étudiants de PCEM 2 et de DCEM 1 ayant effectué un stage d'une quinzaine de jours dans le laboratoire de l'UMR 6578. Ces étudiants ont permis de former quatre binômes.

Scapula : Tous les groupes sous-estiment le nombre de scapulas présentes dans l'échantillon par rapport au groupe 5, seul le groupe 3 se rapproche au plus du nombre exact. Les différences dans les NMI de fréquence s'expliquent principalement par la difficulté de la latéralisation des scapulas lorsque celles-ci sont uniquement représentées par la cavité glénoïde, la plupart des groupes préférant ne pas se prononcer sur la latéralisation de ces os plutôt que d'introduire une erreur.

Clavicule : De la même manière que pour la scapula, les groupes 1 à 4 sous-estiment le nombre de clavicules présentes par rapport au groupe 5. Ces différences résultent du problème de la latéralisation des clavicules lorsque celles-ci sont mal conservées et/ou incomplètes.

Humérus : Les valeurs de NMI calculées à partir de l'humérus sont proches, variant de 36 à 40. Cependant, ces résultats ne sont pas obtenus à partir du même côté, en effet, le groupe 2 obtient ce NMI avec les humérus gauches alors que les autres groupes l'obtiennent avec les os controlatéraux. En revanche quels que soient les groupes, le NMI des humérus est toujours obtenu à partir de la palette humérale. Les différences dans la latéralisation des humérus s'observent principalement lorsque l'humérus est seulement représenté par sa partie distale avec la palette humérale fragmentée.

Ulna : Les résultats des NMI de fréquence concernant l'ulna sont assez similaires, variant de 16 à 18 et sont obtenus pour chaque groupe à partir des ulnas gauches. La partie de l'ulna qui donne le NMI est l'épiphyse proximale. Lorsque celle-ci est présente, il n'y a aucun problème dans la reconnaissance et dans la latéralisation de l'os. En revanche, lorsque l'ulna est seulement représentée par son épiphyse distale la latéralisation pose plus de difficultés.

Radius : Tous les groupes ont identifiés le même nombre de radius à l'intérieur de l'échantillon étudié, à savoir 20. Les NMI de fréquence sont quasiment similaires en variant de 11 à 12 et sont obtenus à partir des épiphyses proximales. La légère différence s'explique par une erreur de latéralisation pour les groupes 3 et 4, ces deux groupes ayant classé un radius droit parmi les gauches.

Coxal : Les résultats obtenus dans les NMI de fréquence à partir des os coxaux sont très différents. Ces variations s'expliquent par des difficultés dans l'identification et surtout dans la latéralisation de l'os coxal lorsque celui-ci est simplement constitué d'une partie de l'ischion. En revanche, il n'y a pas de problème d'identification et de latéralisation avec l'ilion, et plus particulièrement lorsque la surface auriculaire est conservée. Le NMI relativement plus faible obtenu par les groupes 1 et 2 provient du fait que ces deux groupes ne se sont pas prononcés dans la latéralisation de plusieurs fragments de coxaux.

Fémur : Le NMI de fréquence est obtenu pour tous les groupes par le nombre de fémurs gauches, plus précisément grâce au petit trochanter du fémur. Les résultats selon les groupes sont assez différents variant de 49 (binôme 3 et 4) à 77 (binôme 1). La différence entre le résultat du groupe 1 et ceux des autres groupes tient principalement dans le fait que ce groupe surestime le nombre de petits trochanters, et donc le NMI. En effet, le binôme 1 a systématiquement comptabilisé le petit trochanter comme étant présent dès qu'une mesure pouvait être effectuée à ce niveau (diamètre antéropostérieur et/ou transverse sous trochantérien). Or, parmi tous les ossements, il y avait également des fragments de fémurs composés uniquement de la tête fémorale et d'une portion du petit trochanter (l'os étant fragmenté à ce niveau là), à partir desquels aucune mesure sous le petit trochanter ne pouvait être faite. Cependant, ces fragments ont aussi été comptabilisés dans le cadre du NMI de fréquence par le binôme 1, sans que ce groupe ne considère l'éventualité de possibles recollages entre les différents fragments. Il est donc fort probable, notamment en raison de la différence entre les NMI de fréquence de chaque groupe par rapport au groupe 1, que ce dernier ait comptabilisé deux fois des fragments osseux qui en réalité appartenaient au même os, et par voie de conséquence au même individu, amenant une surestimation du NMI.

Les autres groupes ont eux obtenu des NMI quasiment similaires. Les difficultés rencontrées par les différents binômes surgissent lorsque les fémurs sont seulement représentés par un fragment de diaphyse, ce qui rend plus difficile (voire impossible pour la majorité des groupes) la latéralisation de ces os. Ces fragments ne peuvent donc pas rentrer en compte dans le calcul du NMI de fréquence.

Cependant entre les groupes, nous observons des différences dans la latéralisation des fémurs. Lorsqu'un fémur est complet, il n'y a aucune difficulté au niveau de la latéralisation et tous les groupes classent de la même manière les différents fémurs. En revanche, nous observons des erreurs lorsque le fémur est uniquement représenté par les

condyles fémoraux, ou lorsqu'il ne reste plus qu'un fragment de diaphyse qui est sectionné juste en dessous du petit trochanter. Le deuxième cas donnant la grande majorité des erreurs. Ce phénomène peut s'expliquer par le fait que lorsque le petit trochanter est absent la latéralisation est rendue plus difficile et suivant où se situe la cassure certains groupes ont même confondu le point de départ de la tubérosité glutéale avec celui du petit trochanter. Cette confusion entraîne une erreur au niveau de la latéralisation.

Tibia : Le tibia est l'os qui obtient les plus hauts scores de NMI juste après le fémur. Les NMI pour cet os variant entre 42 et 54 pour les différents groupes et sont obtenus par la région anatomique qui comporte le trou nourricier, cette région étant bien identifiable et généralement bien latéralisable. Cependant, nous observons tout de même des différences dans les latéralisations des tibias. Les erreurs, de la même manière que pour le fémur, ne se produisent pas lorsque celui-ci est complet, mais plutôt lorsque le tibia est seulement représenté par un fragment de diaphyse qui possède ou non le trou nourricier. Dans le cas des fragments comportant le trou nourricier, les erreurs portent plus à conséquence puisque de manière générale, ce sont ces fragments qui permettent de donner le NMI.

Fibula : La fibula présente des NMI de fréquence assez faibles et homogènes. En effet, quatre groupes sur cinq obtiennent un résultat similaire (NMI égal à 4), seul le groupe 4 obtient un NMI de 5. Cette différence s'explique par le fait que ce groupe a compté une épiphyse proximale supplémentaire. Dans l'échantillon étudié, il y avait cinq fragments de fibula identifiables comme étant des fibulas gauches, à savoir quatre épiphyses distales et une proximale. Le fractionnement ne permettait pas de tenter un éventuel recollage entre l'épiphyse proximale et une des quatre épiphyses distales, cependant ce groupe a tout de même considéré l'épiphyse proximale comme appartenant à un individu supplémentaire, cette démarche augmentant à tort le résultat réel du NMI de fréquence obtenu à partir des fibulas.

Talus : Le talus est faiblement représenté dans notre échantillon, les NMI de fréquence variant de 0 à 2. Les différences obtenues entre les résultats s'expliquent dans le cas d'un groupe par une inversion et pour un second groupe par une non identification des talus. En effet, le groupe 3 a classé un talus droit supplémentaire, alors que celui-ci était en

réalité un gauche. Ensuite, le groupe 4 n'a reconnu aucun des talus présents dans l'échantillon, au contraire ceux-ci ayant été classés avec les calcanéums.

Calcaneum : Le calcaneum est également un os très peu représenté dans le « vrac » étudié, les NMI de fréquence obtenus par l'ensemble des groupes variant de 1 à 9. Ce résultat implique plusieurs différences dans la capacité des différents groupes à reconnaître cet os. Tout d'abord, en ce qui concerne les groupes 1 et 2 (NMI de fréquence égal à 5), nous observons qu'il manque un calcaneum qui n'a pas été identifié parmi l'ensemble des ossements qui constituent l'échantillon étudié. Nous remarquons que pour ces deux groupes, mis à part la non reconnaissance d'un calcaneum, ces derniers n'ont commis aucune erreur d'inversion. Ensuite, le groupe 3 (NMI égal à 7) a commis une inversion dans les calcanéums, un droit ayant été latéralisé à gauche. Enfin le groupe 4 possède le NMI de fréquence le plus élevé pour cet os, avec un NMI égal à 9, cette différence par rapport aux autres groupes s'explique en premier lieu par le fait que les deux talus de l'échantillon ont été considérés comme étant des calcanéums (ce groupe ayant un NMI de fréquence pour les talus égal à 0). En second lieu, ce groupe a commis une inversion en classant un calcaneum gauche avec les droits.

6.3.2 Nombre d'os mesurés

Le nombre d'os mesurés par tous les groupes présente de grandes différences, les valeurs allant de 334 os mesurés (groupe 2) à 407 (groupe 5) (tableau 60).

		Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	Groupe 4	Groupe 5
Scapula	G	1	1	2	2	3
	D	3	3	3	3	3
Clavicule	G	5	5	0	0	1
	D	1	1	1	1	1
Humérus	G	37	31	39	38	37
	D	33	18	31	34	36
Ulna	G	17	19	21	23	21
	D	16	15	12	13	16
Radius	G	9	11	12	12	9
	D	11	9	8	8	11
Coxal	G	8	8	12	13	13
	D	6	10	7	8	8
Fémur	G	73	56	68	63	73
	D	52	44	60	46	57
Tibia	G	58	55	54	55	62
	D	34	40	52	54	44
Fibula	G	0	0	2	3	2
	D	0	0	0	1	0
Talus	G	1	1	0	0	1
	D	1	0	2	0	1
Calcaneum	G	2	2	1	1	2
	D	5	5	7	9	6
Nombre total d'os mesurés		373	334	394	387	407

Tableau 60 : Répartition du nombre d'os mesurés pour chaque groupe

Scapula : Sur l'ensemble des fragments de scapula présents (c'est-à-dire 11), seuls 6 d'entre-eux ont pu être mesurés (3 fragments gauches et 3 droits). De plus, pour tous les groupes les mesures qui ont pu être prises concernent à chaque fois la hauteur et la largeur de la cavité glénoïde. Tous les groupes ont mesuré le même nombre de scapulas droites. En revanche, nous observons des différences concernant les scapulas gauches. Pour les groupes 1, 2 et 4, le nombre d'os gauches mesurés correspond au NMI de fréquence, c'est-à-dire au nombre de cavités glénoïdes gauches qui ont été identifiées par ces groupes. Les groupes 3 et 5 ayant comptabilisé plus de fragments de cavités glénoïdes que les trois autres groupes n'ont cependant pas pu mesurer tous les fragments, certains étant trop fragmentés pour permettre la prise de mesures.

Clavicule : Dans l'échantillon étudié, seules deux clavicules étaient complètes (une gauche et une droite). Concernant les clavicules droites, tous les groupes ont mesuré uniquement celle qui était complète. En revanche, pour les clavicules gauches, nous observons des différences dans le nombre d'os mesurés. Les groupes 1 et 2 ont mesuré toutes les clavicules gauches qu'ils avaient identifiées, bien que la majorité d'entre elles

ne soient pas complètes. Ces groupes ayant pris le parti de déterminer approximativement le milieu de l'os afin de pouvoir mesurer le périmètre et le diamètre à cet endroit. Au contraire, les groupes 3 et 4 n'ont mesuré aucune clavicule gauche. Pour le groupe 4, cela peut s'expliquer par le fait que ce binôme n'a pas identifié de clavicule gauche dans l'échantillon, en revanche le groupe 3 a bien identifié la clavicule mais ne l'a cependant pas mesurée.

Humérus : Tous les groupes ont quasiment le même nombre d'humérus mesurés sauf le binôme 2 qui montre un grand déficit au niveau des humérus droits. Cette différence est assez surprenante puisque ce groupe obtient un NMI de fréquence pour les humérus droits assez proche de celui obtenu par les autres binômes. En observant de plus près les os mesurés par ce groupe, nous nous apercevons que celui-ci n'a pas jugé possible de mesurer plusieurs périmètres minimum alors que les autres groupes les ont mesurés. Nous observons de manière générale que pour tous les groupes (sauf pour les humérus droits du binôme 2), que le nombre d'os mesurés et le NMI de fréquence sont quasiment les mêmes. Cette constatation implique que dans le cas de notre échantillon la palette humérale qui nous donne le NMI de fréquence est une partie bien conservée et souvent complète, permettant donc la prise de mesure.

Ulna : Les différents groupes ont tous mesuré quasiment le même nombre d'ulnas, celui-ci variant seulement de 33 (groupes 1 et 3) à 37 (groupe 5). Chaque groupe possède un nombre plus important d'ulnas gauches mesurées par rapport aux droites. Le nombre d'os mesurés est légèrement supérieur à celui des NMI de fréquence à la fois pour les gauches et pour les droites, prouvant donc que l'épiphyse proximale de l'ulna et plus précisément la région anatomique concernant l'incisure radiale et la tubérosité de l'ulna est une partie bien conservée dans notre échantillon.

Radius : Tous les groupes ont mesuré le même nombre de radius, c'est-à-dire 20. De plus, les valeurs obtenues respectivement pour les radius gauches et droites sont les mêmes que celles retrouvées pour les NMI de fréquence. Les différences d'effectifs entre les binômes étant de la même manière que pour le NMI de fréquence, dues à des erreurs de latéralisation.

Coxal : Le nombre d'os coxal mesuré par les différents groupes varie de 14 (groupe 1) à 21 (groupes 4 et 5). Les groupes 1 et 2 ont mesuré quasiment tous les os qu'ils avaient identifiés dans le cadre du décompte du NMI de fréquence de l'os coxal. Les groupes 3 à 5 ont quant à eux mesuré moins d'os coxaux par rapport au nombre ayant permis d'obtenir le NMI de fréquence. Cette constatation résulte de la conservation des os et plus précisément de la conservation de l'ischion. En effet, les fragments d'ischion présents dans l'échantillon étaient suffisamment conservés pour pouvoir être latéralisables, mais pas assez complets pour permettre la prise de mesure comme le diamètre vertical de l'acétabulum (région anatomique qui donne le NMI de fréquence).

Fémur : Le fémur est l'os qui a pu être le plus mesuré, ce résultat n'est pas surprenant puisqu'il s'agit également de l'os donnant le NMI de fréquence de l'échantillon. Nous observons que le nombre d'os mesurés est plus élevé que le résultat obtenu pour le NMI de fréquence, et ce de manière assez importante par rapport à ce que nous avons observé pour les os longs du membre supérieur. Cette différence s'explique par la conservation du fémur. En effet, la région du petit trochanter, qui donne le NMI de fréquence de notre échantillon, est une portion anatomique qui se conserve bien, mais c'est également le cas de l'extrémité distale du fémur. Dans notre échantillon, lorsque les fémurs ne sont pas complets, nous avons dans la grande majorité des cas des fragments qui comportent soit la région du petit trochanter, soit l'extrémité distale du fémur. Dans ces cas, chacun de ces fragments a été mesuré séparément tout en ne sachant pas si ceux-ci provenaient ou non d'un même individu. Ce procédé entraîne donc une augmentation du nombre d'os mesurés, mais en aucun cas une augmentation du NMI de fréquence. Ceci explique la différence entre les deux valeurs.

Tibia : Le tibia, juste après le fémur, est l'os qui présente le plus de fragments mesurés. Les nombres d'os mesurés par les différents groupes sont quasiment similaires variant de 92 (groupe 1) à 109 (groupe 4). Nous observons une différence entre les nombres d'os mesurés pour chaque côté et les NMI de fréquence, les premiers étant de manière générale plus élevés. Ces différences s'expliquent là encore, comme dans le cas du fémur, par la conservation des tibias de notre échantillon. En effet, le NMI de fréquence est obtenu par les fragments de tibia qui présentent le trou nourricier, cependant dans notre échantillon, des fragments d'épiphyse proximales et distales étaient également bien représentés.

Fibula : La fibula est un os faiblement représenté dans l'échantillon étudié. Les NMI de fréquences obtenus par tous les groupes sont assez similaires, cependant il y a des différences dans le nombre d'os mesurés. Les groupes 1 et 2 n'ont mesuré aucune fibula et le groupe 4 a mesuré quatre fibulas. Les groupes 1 et 2 n'ont pas mesuré de diamètre minimum alors que cela était possible, tandis que le groupe 4 en a mesuré trop, ce groupe ayant pris des diamètres minimum alors que la diaphyse n'était pas complètement conservée.

Talus – Calcanéum : Les nombres de talus et de calcanéums mesurés sont identiques aux NMI de fréquence obtenus pour chacun de ces deux os. Les erreurs observées dans les NMI de fréquence se retrouvant de la même manière avec le nombre d'os mesurés. Cependant, l'égalité entre le nombre d'os mesurés et le NMI de fréquence indique que lorsqu'un talus ou un calcanéum est présent dans l'échantillon, celui-ci est suffisamment bien conservé pour être mesuré.

6.3.3 NMI biométrique

Le NMI biométrique dans le cadre de notre méthode correspond au nombre de mesures prises pour une variable donnée. Les NMI biométriques maximum obtenus par les différents groupes varient de 47 (binôme 3) à 58 (binôme 1) (tableau 61). Tous les groupes obtiennent ce NMI à partir des mesures prises au niveau du petit trochanter du fémur gauche, sauf pour le groupe 5 pour qui ce NMI est obtenu avec les mesures prises au niveau du trou nourricier du tibia gauche (la valeur du NMI biométrique du fémur gauche étant de 48 alors que celle du tibia est de 49).

		Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	Groupe 4	Groupe 5
Scapula	G	1	1	2	2	3
	D	3	3	3	3	3
Clavicule	G	5	5	0	0	1
	D	1	1	1	1	1
Humérus	G	34	19	34	29	29
	D	24	13	25	27	30
Ulna	G	16	18	16	18	18
	D	12	12	12	11	13
Radius	G	9	11	12	12	9
	D	11	8	8	8	11
Coxal	G	7	8	10	10	10
	D	6	9	6	6	7
Fémur	G	58	49	47	48	48
	D	42	37	40	38	42
Tibia	G	46	45	38	40	49
	D	30	33	41	41	36
Fibula	G	0	0	2	3	2
	D	0	0	0	1	0
Talus	G	1	1	0	0	1
	D	1	1	2	0	1
Calcaneum	G	2	2	1	1	2
	D	5	5	7	9	6
NMI biométrique le plus élevé		58	49	47	48	49

Tableau 61 : Répartition des différents NMI biométriques par groupe et par os

Scapula : Les valeurs de NMI biométriques sont identiques à celles obtenues avec le nombre d'os mesurés, que cela soit pour les scapulas gauches ou pour les droites. Ce NMI est obtenu avec les mesures de la hauteur et de la largeur de la cavité glénoïde. Cette constatation n'est pas surprenante puisque la cavité glénoïde est la partie la plus robuste de la scapula et est donc plus susceptible d'être conservée, ou du moins suffisamment complète pour permettre la prise de mesure.

Clavicule : De la même manière que pour la scapula, les valeurs de NMI biométriques sont égales aux nombres d'os mesurés à la fois pour les clavicules gauches et droites. Le NMI biométrique est obtenu à égalité avec le périmètre et le diamètre minimum au milieu.

Humérus : Les NMI biométriques obtenus pour chaque groupe sont différents du nombre d'os mesurés. Ils sont obtenus à partir du périmètre minimum de l'humérus. La différence entre le NMI biométrique et le nombre d'os mesurés correspond à la conservation des humérus de l'échantillon. En effet, la majorité des humérus étaient fragmentés, certains

fragments étant constitués uniquement de la tête humérale, d'autres uniquement de la palette, empêchant la prise de la totalité des mesures choisies pour l'humérus. La partie distale de la diaphyse de l'humérus où se situe généralement le périmètre minimum est une partie assez dense se conservant bien, ceci expliquant le fait que cela soit cette mesure qui puisse être la plus fréquemment prise. Nous observons dans notre échantillon que le NMI de fréquence des humérus est obtenu à partir du nombre de palette humérale. Or ce n'est pas la mesure de la largeur de la palette humérale qui donne le NMI biométrique. Cette différence s'explique par la conservation de l'extrémité distale de l'humérus. En effet dans notre échantillon, les palettes humérales sont suffisamment complètes pour permettre l'identification et la latéralisation, mais pas suffisamment bien conservées pour permettre la prise de mesure. De ce fait, les différents NMI biométriques obtenus à partir des palettes humérales sont légèrement inférieurs à ceux obtenus à partir des périmètres minimums.

Ulna : Les NMI biométriques correspondant aux ulnas gauches et droites sont obtenus pour tous les groupes à partir des diamètres antéropostérieur et transverse sous-sigmoïdien. Nous observons une légère différence entre les NMI biométriques et le nombre d'os mesurés pour chacun des groupes. Cette différence s'explique par la présence d'épiphyses distales d'ulna qui ont pu être mesurées avec notamment la mesure du périmètre minimum. Ces fragments restent cependant en grande minorité dans notre échantillon par rapport aux nombres de fragments d'épiphyses proximales, expliquant donc que les NMI biométriques ne soient que légèrement inférieurs aux valeurs du nombre d'os mesurés par chacun des groupes.

Radius : Les NMI biométriques sont égaux aux valeurs des nombres d'os mesurés par tous les groupes, sauf dans le cas des radius droits du groupe 2. En effet, ce groupe possède un NMI biométrique pour les radius droits inférieur d'une unité par rapport au nombre d'os mesurés. Le NMI biométrique pour chaque groupe est obtenu à partir de la mesure du périmètre minimum qui se situe généralement sous la tubérosité radiale. Ce résultat n'a rien de surprenant puisque cette région anatomique est une portion plutôt dense se conservant généralement bien.

Coxal : Nous observons des différences entre les NMI de fréquence, le nombre d'os mesuré et les NMI biométriques pour chacun des groupes. En effet, les valeurs diminuent

pour une partie des groupes. Les groupes 3, 4 et 5 ont des NMI biométriques inférieurs aux NMI de fréquence obtenus à partir des acétabulums. Cependant, nous remarquons tout de même que dans le cas de ces trois groupes, le NMI biométrique est également obtenu à partir d'une mesure concernant l'acétabulum, et plus particulièrement le diamètre vertical de ce dernier. La différence entre les deux NMI s'expliquant alors par la conservation de cette partie. En d'autres termes, les acétabulums de l'échantillon sont suffisamment conservés pour être identifiés et latéralisés, mais pas suffisamment complets pour pouvoir être mesurés. Pour les groupes 1 et 2, nous n'observons pas de différences entre les différents NMI, les valeurs étant identiques et obtenus à partir de l'acétabulum également. Cette égalité des résultats s'explique par la faible valeur des NMI de fréquence obtenue au départ par ces deux groupes, ces valeurs étant en moyenne réduites de moitié par rapport aux autres groupes. En revanche, les NMI biométriques se rapprochent bien de ce qui est observé par les groupes 3,4 et 5.

Fémur : Dans l'ensemble les NMI biométriques de tous les groupes sont assez similaires, sauf dans le cas des fémurs gauches du groupe 1. Ici encore, de la même manière que pour le NMI de fréquence, ce groupe obtient une valeur de NMI plus importante par rapport aux autres. Les NMI biométriques sont obtenus pour tous les groupes à partir des diamètres antéropostérieurs et transverses sous trochantériens des fémurs gauches. Mis à part pour les fémurs gauches du groupe 1 et les fémurs droits du groupe 2, les valeurs des NMI de fréquence et biométrique sont assez proches. Là encore, cette constatation résulte de la bonne conservation de la région anatomique du petit trochanter, qui est une portion assez dense, susceptible d'être bien conservée et qui lorsque c'est le cas permet la latéralisation du fragment. En revanche il existe une différence entre le nombre d'os mesurés et le NMI biométrique pour tous les groupes. Ici aussi cela s'explique par la conservation des fémurs et plus précisément par la conservation de l'épiphyse distale du fémur. En effet, dans notre échantillon plusieurs fragments uniquement constitués de l'épiphyse distale ont été retrouvés, ces fragments ont donc été mesurés, mais étant en nombre minoritaire par rapport aux fragments d'épiphyse proximales, ils n'ont pas permis d'améliorer le NMI biométrique.

Tibia : Les valeurs des NMI de fréquence et des NMI biométrique sont proches pour l'ensemble des groupes. Les NMI sont obtenus à partir de la région contenant le trou nourricier. D'autre part, les mesures donnant le NMI biométrique sont les diamètres

antéropostérieurs et transverses au trou nourricier. Les valeurs obtenues pour l'ensemble des groupes sont homogènes. De la même manière que pour le fémur, les valeurs des NMI biométriques sont inférieures aux nombres d'os mesurés, l'explication provenant de la présence au sein de notre échantillon de fragments d'épiphyses proximales et distales ne comportant pas le trou nourricier et ayant été mesurés. Dans ce cas, le nombre d'os mesurés est augmenté mais cela ne modifie en rien le NMI biométrique obtenu à partir de la mesure située au niveau du trou nourricier.

Fibula : Nous observons des résultats assez différents entre les groupes. Les groupes 1 et 2 n'ont en effet mesuré aucune fibula, les NMI biométrique étant de ce fait nuls. En revanche, les groupes 3, 4 et 5 ont mesuré des fibulas et les résultats entre le nombre d'os mesurés et les NMI biométriques sont identiques. Les NMI biométriques sont dans tous les cas obtenus à partir du périmètre minimum de la fibula.

Talus – Calcanéum : Que cela soit aussi bien pour les talus gauches et droits, que pour les calcanéums gauches et droits, nous observons la même tendance. En effet, les NMI de fréquence, le nombre d'os mesurés et les NMI biométriques sont différents entre tous les groupes, en revanche au sein d'un même groupe les trois valeurs sont identiques. En d'autres termes, cela veut dire qu'au sein de notre échantillon dès qu'un os est identifié comme étant un talus ou un calcanéum, celui-ci est suffisamment complet pour pouvoir être mesuré, et de ce fait permettre d'obtenir des valeurs identiques entre les NMI de fréquence et biométrique.

6.3.4 NMI par exclusions

Les NMI par exclusions finaux obtenus par les différents groupes varient de 50 (groupe 4) à 59 (groupe 1) (tableau 62). L'amplitude entre les deux valeurs extrêmes, c'est-à-dire neuf individus, est moindre que celle observée dans le cas des différents NMI de fréquence, qui est de 28 individus. Par ailleurs, ces NMI sont générés à partir d'os différents, les groupes 1, 2, 3 et 4 obtiennent leur NMI final par exclusions avec les fémurs gauches, tandis qu'il s'agit des tibias gauches qui donnent le NMI final par exclusions du groupe 5. Nous remarquons dans ce cas, que les os ayant donné respectivement pour chaque groupe les NMI biométriques les plus élevés au départ ainsi que les NMI par exclusions, se trouvent être les mêmes.

		Groupe 1	Groupe 2	Groupe 3	Groupe 4	Groupe 5
Scapula	G	25	26	9	12	9
	D	17	22	8	8	8
Clavicule	G	9	15	0	0	12
	D	10	13	12	9	10
Humérus	G	37	23	38	32	34
	D	27	16	29	30	36
Ulna	G	20	30	20	22	23
	D	17	24	15	14	19
Radius	G	13	21	16	15	14
	D	14	19	21	19	17
Coxal	G	11	20	15	13	20
	D	10	27	11	23	17
Fémur	G	59	53	51	50	51
	D	45	40	44	41	47
Tibia	G	52	50	42	44	54
	D	33	37	44	43	41
Fibula	G	0	0	7	8	7
	D	0	0	0	7	0
Talus	G	25	17	0	0	13
	D	9	12	20	0	11
Calcaneum	G	28	16	8	7	10
	D	10	10	12	11	11
NMI final par exclusions		59	53	51	50	54

Tableau 62 : Répartition des différents NMI par exclusions obtenus par chaque groupe et pour chaque os

Nous ne détaillerons pas dans ce cas les différents NMI par exclusions par type d'os et pour chaque groupe, puisque ce NMI est le résultat de la recherche d'exclusions mise en œuvre à la fois entre des variables issues d'un même os, mais également entre des variables provenant d'os différents. Le résultat du NMI par exclusions n'est donc pas seulement dépendant de l'os que nous considérons mais également dépendant de l'interaction de celui-ci avec les autres os présents.

Nous remarquons de manière générale, que le groupe 1 est toujours celui qui possède le résultat le plus élevé, ce qui au final n'est pas si surprenant. En effet, il faut se souvenir que ce groupe a notamment commis de nombreuses erreurs de latéralisation, suite à une mauvaise identification de certaines régions anatomiques. Il s'agit principalement du cas de la région du petit trochanter du fémur, or il se trouve que pour ce groupe c'est précisément cette région anatomique qui permet d'obtenir à la fois le NMI de fréquence, le NMI biométrique et le NMI par exclusions. Dans le cas précis de ce groupe, nous observons donc que les erreurs d'identifications ont des répercussions sur les différents NMI.

Pour l'ensemble des groupes et pour chaque type d'os, nous notons que la différence entre le NMI biométrique (tableau 61) et le NMI par exclusions (tableau 62) est plus importante avec les os ayant les NMI biométriques les plus faibles.

6.3.5 Comparaison entre le NMI de fréquence et le NMI par exclusions

L'évolution entre le NMI de fréquence et le NMI par exclusions pour chaque groupe est différente. En effet, si nous prenons le résultat le plus élevé pour chacun des NMI des différents groupes (tableaux 59 et 62), nous observons que pour les groupes 1 et 5, nous n'augmentons pas le NMI de fréquence avec le NMI par exclusions, le groupe 1 présentant même une différence assez importante avec 18 individus d'écart. En ce qui concerne les groupes 3 et 4, nous obtenons cette fois-ci un gain du NMI par exclusions par rapport au NMI de fréquence, cependant l'augmentation reste faible. Enfin, le groupe 2 présente des résultats similaires entre les deux NMI.

Nous avons également observé l'écart entre les deux NMI pour chaque type d'os étudié au cours de l'expérimentation (tableau 63).

	Groupe 1 Différence entre les deux NMI	Groupe 2 Différence entre les deux NMI	Groupe 3 Différence entre les deux NMI	Groupe 4 Différence entre les deux NMI	Groupe 5 Différence entre les deux NMI
Scapula	+ 22 *	+ 23	+ 4	+ 9	+ 3
Clavicule	+ 5	+ 10	+ 9	+ 8	+ 6
Humérus	- 1	- 13	0	- 6	- 4
Ulna	+ 2	+ 12	+ 4	+ 4	+ 5
Radius	+ 3	+ 10	+ 9	+ 7	+ 6
Coxal	+ 4	+ 18	- 4	+ 8	0
Fémur	- 18	0	+ 2	+ 1	- 4
Tibia	- 2	+ 4	- 1	+ 2	+ 1
Fibula	- 4	- 4	+ 3	+ 3	+ 3
Talus	+ 24	+ 16	+ 20	**	+ 12
Calcaneum	+ 23	+ 11	+ 5	+ 2	+ 5

* Différence = NMI par exclusions - NMI de fréquence

** Ce groupe n'a identifié aucun talus parmi tous les ossements et n'obtient donc aucun résultat pour les différents NMI

Tableau 63 : Différence au niveau du nombre d'individus entre le NMI de fréquence et le NMI par exclusions pour chaque os et chaque groupe de l'expérimentation

Dans un premier temps en considérant l'ensemble des types d'os, nous remarquons que dans la majorité des cas nous obtenons une amélioration du NMI de fréquence par le NMI

par exclusions. L'augmentation pouvant aller jusqu'à plus de 20 individus supplémentaires pour un type d'os particulier.

Dans un deuxième temps en étudiant chaque os séparément, nous notons que ceux-ci possèdent des résultats très différents. En effet, dans le cas de l'humérus, le NMI par exclusions sera toujours inférieur (groupe 1, 2, 4 et 5) ou au mieux égal (groupe 3) au NMI de fréquence, alors que dans le même temps, pour l'ulna par exemple, le NMI par exclusions sera systématiquement supérieur au NMI de fréquence pour l'ensemble des groupes.

Les écarts les plus importants se retrouvent le plus souvent pour les os présentant au départ les NMI de fréquence les plus faibles. De manière générale, les os les plus représentés dans le « vrac » du *Museum*, autrement dit ceux pour lesquels les NMI de fréquence sont les plus élevés, ne donnent pas au final un NMI par exclusions beaucoup plus élevé que celui du NMI de fréquence associé, le NMI par exclusions pouvant même dans certains cas être inférieur au NMI de fréquence.

Synthèse des résultats partie 2 : Applications de la méthode

Les différentes applications :

- **Larrey**
 - NMI de fréquence = 16 individus
 - NMI par exclusions = 15 individus
 - 1028 mesures effectuées à partir de 204 os
 - NMI biométrique : 14

- **Mucem**
 - NMI de fréquence = 55 individus
 - NMI par exclusions = 54 individus
 - 1047 mesures effectuées à partir de 407 os
 - NMI biométrique : 49

- **Médico-légale**
 - NMI de fréquence = 1 individu
 - NMI par exclusions = 3 individus
 - 48 mesures effectuées à partir de 7 os
 - NMI biométrique : 1

- **Délos**
 - NMI de fréquence = 2 individus
 - NMI par exclusions = 4 individus
 - 37 mesures effectuées à partir de 12 os
 - NMI biométrique : 2

- **Rayettes**
 - NMI de fréquence = 6 individus
 - NMI par exclusions = 6 individus
 - 125 mesures effectuées à partir de 49 os
 - NMI biométrique : 6

- **Observance**
 - NMI de fréquence = 31 individus
 - NMI par exclusions = 32 individus
 - 342 mesures effectuées à partir de 155 os
 - NMI biométrique : 31

- **Eglise Saint-Pierre**
 - NMI de fréquence = 4 individus
 - NMI par exclusions = 5 individus
 - 171 mesures effectuées à partir de 35 os
 - NMI biométrique : 4

7

Discussion

L'étude des os n'est pas une fin en soi, mais elle constitue une source essentielle d'informations (véritable source d'archives biologiques) permettant de répondre à des problématiques précises. Les méthodes d'analyse des ossements aident notamment à la compréhension du fonctionnement de la sépulture. Cette compréhension de la gestion des inhumations et donc d'un ensemble funéraire passe nécessairement par la connaissance du nombre d'individus qui y ont été inhumés. En effet, les résultats obtenus par le dénombrement permettront par exemple d'affiner les profils paléodémographiques de ces ensembles.

A l'heure actuelle le calcul du NMI se fait en plusieurs étapes. Tout d'abord, il s'agit d'un tri de l'ensemble des pièces d'un assemblage osseux selon le type et la latéralité. Tri à partir duquel nous obtenons un NMI de fréquence pour chaque os, et dont nous ne gardons au final uniquement que le nombre le plus élevé obtenu au cours de ce dénombrement. Ce NMI peut être affiné par la suite en introduisant le critère de l'âge, c'est-à-dire en séparant les os présentant des degrés de maturation différents. A ce niveau, nous parvenons donc au calcul du NMI étagé, pour lequel nous obtenons à la fois un NMI concernant les individus immatures et un NMI pour les individus adultes. Le NMI étagé final correspond à la somme des deux NMI obtenus. Enfin, un dernier critère est introduit pour essayer d'améliorer notre quête du NMI, il s'agit de la notion d'appariement entre les os contralatéraux. Le NMI par appariements se calcule généralement en additionnant tous les os gauches et droits, auxquels on soustrait le nombre de paires reconstituées à partir de ces derniers.

Ces trois méthodes de calcul du NMI possèdent à la fois des limites communes, mais également des limites qui leur sont propres.

7.1 Les limites des différents modes de calculs du NMI existants

La qualité du dénombrement est directement liée à la représentation quantitative et qualitative des os, en d'autres termes ce sont l'état de conservation et les connexions anatomiques qui influent sur la qualité des données. En effet, nous sommes souvent confrontés à un rétrécissement de l'échantillon initial et cela pour deux principales raisons à savoir : l'exclusion des fragments non identifiables anatomiquement et l'exclusion des fragments non utilisables pour le calcul du dénombrement (Bello, 2000).

7.1.1 Etat de conservation

7.1.1.1 Facteurs extrinsèques

De nombreux facteurs dits taphonomiques agissent sur le matériel osseux. La taphonomie étudie les processus opérant sur les restes organiques après la mort et la mise en terre (Efremov, 1940). Nous retrouvons notamment les processus de dégradation physique qui se manifestent sous la forme de fragmentations osseuses en réponse à la pression exercée par le sédiment, à l'exposition aux agents atmosphériques ou aux variations thermiques. Ces dégradations peuvent aussi être le résultat de paramètres anthropiques, piétinement ou remaniements divers de la zone contenant les restes osseux. Il existe aussi l'altération chimique de l'os (Baud, 1986), processus qui se manifeste le plus souvent sous la forme d'une modification, voire d'une disparition de la surface corticale de l'os, généralement associée aux caractéristiques propres du sédiment comme le pH et le drainage du sol. Enfin, il existe également des processus de dégradation directement liés à l'action des animaux (action des rongeurs) ou de l'archéo-anthropologue (action des fouilleurs). Ces facteurs interviennent directement sur la représentativité des pièces osseuses et peuvent entraîner une importante perte d'informations.

7.1.1.2 Facteurs intrinsèques

Il s'agit de la conservation différentielle qui touche les os. Les portions du squelette présentent des différences vis-à-vis de leur composition et donc de leur conservation. Cette dernière peut s'expliquer par la structure des ossements, c'est-à-dire que plus la densité corticale est importante, plus il y a de chance que la région soit conservée. De la même manière, il a été mis en évidence une conservation différentielle selon le sexe et l'âge des individus. Ainsi dans l'ensemble, les os des individus masculins se conservent mieux que ceux des individus féminins (Bello 2000) et les os d'adultes se conservent mieux que ceux des immatures (Bello, 2000 ; Guy *et al.*, 1997). Paradoxalement, les os longs sont considérés comme se conservant mieux mais en revanche ils sont également plus sujets à la fragmentation (Marshall et Pilgram, 1991). En effet, ces os sont plus vulnérables aux cassures de part leur taille et leur indice de robustesse.

7.1.2 Les liaisons ostéologiques

Les connexions anatomiques jouent un rôle important dans le cadre du dénombrement, puisque des liaisons strictes permettent d'affirmer avec certitude l'appartenance de deux ou plusieurs éléments osseux à un même individu. Les observations faites *in situ* lors de la fouille sont donc déterminantes dans ce cadre précis. Ainsi cette dernière "*doit permettre l'identification précise de chaque pièce du squelette et le repérage de sa position exacte et de ses rapports avec tous les éléments de la tombe*" (Duday et Sellier, 1990 p.12). La non-reconnaissance d'une connexion lors de la fouille induit irrémédiablement une perte d'informations importante pour la suite de l'étude. Dans ce cas, la seule solution pour essayer de remettre en évidence une telle connexion est d'utiliser des critères visuels qui sont plus ou moins subjectifs. La reconnaissance des paires passe par l'observation de critères comme la taille, la forme (gracilité/robustesse), la couleur, les surfaces articulaires ou la présence d'éventuelles pathologies. Cependant, ces critères sont soumis à plusieurs facteurs pouvant empêcher la reconnaissance d'une paire de manière certaine comme l'asymétrie, la conservation ou la fragmentation. A l'heure actuelle, une seule méthode permet de connaître avec certitude l'appartenance de deux os à un même individu, il s'agit de la recherche ADN (Crubézy *et al.*, 2002). Malheureusement l'ADN n'est pas toujours préservé. De plus cette méthode est destructrice et possède un coût élevé, ce qui la rend quasi-inutilisable dans le cas de l'étude de grands ensembles osseux découverts en contexte archéologique.

7.1.3 Limites du NMI de fréquence

Les différents NMI de fréquence obtenus pour chaque catégorie d'os permettent d'obtenir un « profil ostéologique » de la sépulture. Ils offrent ainsi une vision synthétique des éventuels déséquilibres dans la représentation de telle ou telle partie anatomique.

De manière générale, le NMI de fréquence est donné par la région anatomique qui présente la plus forte occurrence, et non par un os complet. Ceci est principalement lié à la conservation et à la fragmentation des différents os qui composent l'échantillon osseux que nous considérons. Cela revient donc à faire un décompte du nombre de fragments similaires. Cependant, le résultat obtenu ne correspond pas pour autant vraiment à un NMI de fréquence par os, mais seulement à un NMI de fréquence par région anatomique. Les deux notions étant bien évidemment très différentes. En effet, nous pouvons très bien

avoir un NMI de fréquence de cinq pour la région proximale du fémur gauche par exemple, mais ce NMI ne correspond pas forcément au NMI obtenu à partir des fémurs gauches, puisqu'il peut y avoir la présence de trois fragments d'épiphyses distales de fémur gauche dans l'échantillon. Dans le cas où au moins une des trois épiphyses distales ne pourrait correspondre à aucune des extrémités proximales de fémurs gauches, nous aurions une augmentation du NMI de fréquence obtenu à partir des fémurs gauches.

Nous avons vu dans le cadre de l'expérimentation menée sur les os issus du site du *Mucem*, que les résultats d'un NMI de fréquence peuvent être assez différents entre deux observateurs. En effet, pour mettre en œuvre ce NMI, il est important d'avoir un minimum de notion en ostéologie afin de pouvoir identifier et latéraliser le plus grand nombre d'os ou de fragments afin d'obtenir le meilleur NMI de fréquence possible. Cependant à travers cette expérience, nous nous apercevons que la principale limite de ce NMI demeure la conservation de la série et plus précisément son degré de fragmentation. Lorsque nous sommes en présence d'os bien conservés, l'identification et la latéralisation ne posent quasiment aucune difficulté, même les personnes ayant peu de connaissances en ostéologie arrivent assez rapidement à reconnaître et à classer correctement ces os. En revanche, dès que les os présentent des degrés de fragmentation élevés, la reconnaissance avec certitude de ces ossements devient beaucoup plus difficile, voire quelques fois impossible.

7.1.4 Limites du NMI étagé

Cette méthode permet d'affiner le NMI de fréquence en faisant des exclusions selon le degré de maturité et la taille des os. De ce fait, le NMI étagé sera plus facile à mettre en œuvre pour les immatures, puisque ceux-ci sont en pleine croissance et que leurs os présentent des degrés de maturation différents (épiphyses soudées, partiellement soudées ou non soudées, tailles différentes...). Il sera donc plus facile d'augmenter le NMI de fréquence en tenant compte des critères de taille et d'épiphysation des os pour séparer les différents individus. En revanche ces exclusions seront beaucoup plus limitées chez les adultes, les os de ces derniers ne présentant plus ces caractères différentiels.

Par ailleurs, l'observation de la taille afin de trier les os pour affiner le NMI est un critère limité, puisqu'il est directement lié à la fragmentation des os étudiés.

Au final, le NMI étagé correspond à la somme des NMI obtenus à partir des individus immatures et adultes. Cependant, le NMI concernant les immatures est plus précis que celui des adultes puisque la variabilité des immatures est plus importante. En effet, il est clairement plus aisé de séparer des os d'un immature de deux ans et ceux d'un immature de 12 ans, que d'exclure des os d'individus adultes âgés respectivement de 35 et 45 ans. Ceci est d'autant plus vrai dans le cas où les deux individus adultes présenteraient des morphologies assez similaires. Le NMI étagé présente donc une limite patente au niveau des individus adultes.

7.1.5 Limites du NMI par appariements

Dans le cadre d'analyses quantitatives menées sur des assemblages osseux, la recherche des appariements pour le calcul du NMI est également une démarche souvent tentée. Il a été démontré que l'utilisation des liaisons par symétrie donne de manière générale de bons résultats qui dépendent tout de même de l'anatomie et de la dimension de l'os considéré (Villena i Mota, 1997). Cependant, la recherche de paires à l'intérieur d'un assemblage osseux n'est pas une chose aisée et souvent il vaut mieux privilégier une paire « non-reconnue », qui va impliquer une perte d'informations, plutôt que l'affirmation erronée d'une « paire inexistante » qui induit au final une information fautive.

Dans la mesure où le calcul du NMI par appariements est basé sur le nombre de paires et d'os isolés, plus nous trouvons de paires au sein de l'assemblage considéré, plus le nombre d'os isolés diminue et plus le NMI par appariements se réduit. De ce fait, le plus important n'est pas de constituer des paires de manière certaine, mais surtout d'être assuré que les os isolés gauches et droits restant sont bien exclusifs. Malheureusement, lorsque nous sommes confrontés à des os épars et fragmentés, nous ne pouvons émettre aucune affirmation sur ce point car en définitive nous sommes incapables de savoir si le nombre de paires identifiées correspond bien au nombre réel de paires présentes dans l'échantillon.

Nuria Villena i Mota (1997) rappelle dans sa thèse que l'approche ostéoscopique (c'est-à-dire l'observation de différents critères en vue de ré-appariements) reste applicable à condition de garder à l'esprit que:

« ...la forte ressemblance entre deux os peut être évidente lorsqu'on observe leur couleur, leur texture, leur morphologie, ou bien en raison de marqueurs pathologiques mais ces mêmes facteurs peuvent en eux-mêmes constituer des « pièges ». Des discordances peuvent être constatées chez un même individu concernant chacun des ces paramètres [...]. Les pièges cités ci-dessus, la fragmentation des os ou des ressemblances morphologiques très proches, peuvent parfois rendre très difficile, voire impossible, l'affirmation qu'une paire existe réellement dans l'échantillon. En plus, de ces facteurs énoncés ci-dessus la possibilité de retrouver des jumeaux dans des sépultures collectives n'est pas totalement à exclure. Oublier ces « pièges » pourrait contribuer à considérer un os comme isolé alors que son complément pour constituer une paire existe dans la série. » (Villena i Mota 1997 p.256)

Cela résume bien le principal problème que nous rencontrons lorsque nous nous lançons dans un calcul du NMI par appariements avec toutes les incertitudes que cela entraîne. En résumé, plus une catégorie osseuse est représentée, plus la variabilité biologique naturelle est illustrée et plus la réalisation de paires devient délicate. Si en plus, les os présents sont fragmentés, le risque d'erreurs grandit d'autant, même si certains os observés sont dans l'ensemble bien conservés, il peut y avoir des régions érodées ou disparues comme les surfaces articulaires, qui vont compliquer l'observation. La détermination de paires est également délicate lorsque les individus qui constituent l'échantillon sont proches morphologiquement (d'âge, de sexe ou de taille similaire). Enfin, il arrive aussi dans certains cas, qu'un seul côté soit représenté correctement avec un bon état de conservation. A partir de cet état de fait, la disparition partielle ou totale de l'os controlatéral peut conduire soit à un appariement irréalisable, soit à un appariement naturellement non existant.

Le résultat du calcul du NMI par appariements est donc un nombre moins rigoureux que celui du NMI de fréquence, parce que l'appariement des os gauches et droits n'est pas totalement objectif puisque se faisant à partir de critères eux-mêmes subjectifs (couleur, taille, forme...) et dépendant du jugement de l'observateur. Dans le cadre de sa thèse, C.

Demangeot (2008) a montré les difficultés qui existent dès lors que nous voulons reconstituer des paires.

« Les analyses ont mis en évidence d'importants problème d'identification des paires. Tout d'abord, certaines paires ont été réalisées entre un os issu d'une connexion (dont l'homologue est connu) et un os « isolé ». Par ailleurs, un même os a été utilisé par différents observateurs dans le cadre d'appariements distincts. Ces phénomènes s'expliquent clairement par la quantité du matériel à étudier ainsi que par le degré de fragmentation des vestiges. » (Demangeot 2008, p.618)

La recherche d'appariements est tentée uniquement dans le but d'affiner le calcul du NMI de fréquence. Cependant elle reste clairement difficile à mettre en place et les résultats ne sont pas toujours fiables. En effet, dans un échantillon donné, comment pouvons-nous être sûrs que le fait de ne pas repérer une paire veut dire que cette dernière n'existe pas ? Pouvons-nous être certains du caractère exclusif des os gauches et droits considérés comme isolés ? Ne pas apparier deux os c'est seulement affirmer que nous ne savons pas s'ils appartiennent au même individu, et non pas qu'ils appartiennent forcément à deux individus différents. Et surtout pouvons-nous à partir de ces réflexions, estimer un nombre d'individus en se basant sur le nombre de paires identifiées tout en sachant qu'il est possible que ce nombre de paires ne corresponde en rien au nombre de paires existantes au sein de l'échantillon ?

Tous ces points montrent qu'il est fortement probable qu'un certain nombre de paires existent dans un échantillon d'ossements mais que nous ne sommes pas en mesure de les détecter, et ce en raison de l'état de conservation et de fragmentation des os. En conséquence, et étant donné que toutes les paires ne sont pas potentiellement identifiables, les NMI par appariements estimés ne sont pas vraiment représentatifs de ce qui dans un assemblage osseux correspond à la réalité, puisqu'ils sont calculés à partir du nombre total de paires reconnues et non à partir du nombre de paires existantes.

Dans le cadre de l'application menée sur l'échantillon osseux provenant du site de Lariey, nous avons montré que les résultats du NMI par appariements surestiment dans la majorité des cas le nombre réel d'individus. En effet, nous avons dans ce cas uniquement considéré les paires que nous pouvions reformer avec « certitude ». Cependant, d'une part

nous ne savions pas si nous avions reformé la totalité des paires initialement présentes dans l'échantillon et d'autre part si les os ne rentrant pas en compte dans une paire étaient bien des os isolés. Ces deux incertitudes nous ont donc amené à augmenter à tort le nombre réel d'individus.

C'est à partir du constat de toutes ces limites et sur la base de l'ensemble de ces questionnements qu'il nous a semblé important de tenter de mettre en place une nouvelle méthode d'estimation du Nombre Minimum d'Individus. Nous avons donc choisi de baser notre raisonnement dans le cadre de la méthode originale que nous mettons au point, sur la notion d'exclusion certaine plutôt que sur la notion d'appariement probable. En effet, nous ne chercherons pas à affirmer l'appartenance de deux os à un même individu, mais plutôt à affirmer l'exclusion de deux os comme appartenant à un même individu.

7.1.6 Limite du NMI à partir de l'estimation de la stature

L'estimation de la stature selon la méthode anatomique ou la méthode mathématique est une démarche souvent mise en place tant en contexte archéologique que médico-légal.

La méthode anatomique qui consiste à additionner les mesures des différentes portions du squelette, de la tête au pied, donne les estimations de stature les plus fiables. Cependant, lorsque les individus qui composent la population d'étude ne sont pas suffisamment bien conservés, il est impossible d'appliquer cette méthode d'estimation à l'ensemble de la population concernée. Au mieux, suffisamment d'individus seront assez bien conservés afin de permettre une estimation de leur stature selon la méthode anatomique et par la suite de pouvoir calculer les paramètres des équations de régressions propres à la population d'étude. En effet, il est possible d'affiner les paramètres des équations de régressions, lorsque nous ne connaissons pas les caractéristiques de notre population, en faisant l'estimation de la stature de la série selon la méthode anatomique qui est plus fiable puisque prenant en compte l'ensemble des parties du corps et dont les résultats se rapprochent le plus de la réalité (Maijanen, 2009 ; Maijanen et Niskanen, 2010 ; Raxter, 2008 ; Vercellotti *et al.*, 2009). A partir des statures ainsi calculées, il est alors possible de calculer de nouvelles équations de régressions plus adaptées à la population en cours d'étude. Ces nouvelles équations pouvant alors être utilisées sur l'ensemble de la population.

Malheureusement dans la majorité des cas, il n'y a pas suffisamment d'individus à partir desquels la méthode anatomique peut être utilisée, principalement en raison de la mauvaise conservation des séries qui ne permet pas de mettre en œuvre l'estimation de la stature à partir de cette méthode. Dans ce cas, nous sommes donc contraints d'utiliser l'estimation de la stature selon la méthode mathématique et donc de choisir des équations déjà mises en place à partir d'autres populations de référence.

Nous avons observé les estimations de statures de deux des méthodes mathématiques les plus utilisées, à savoir la méthode d'Olivier *et al.* (1978) et la méthode de Trotter et Gleser (1952 et 1958). Nous avons comparé les estimations obtenues selon ces deux méthodes et nous avons vu qu'il y avait systématiquement des différences entre celles-ci. Cette constatation montre bien combien il est important d'essayer de faire le bon choix dès le départ quant à la méthode et plus précisément concernant le choix de la population ayant servi à mettre en place et à calculer les paramètres d'estimation de la stature.

Nous avons également observé les concordances entre les estimations de stature faites à partir des différents os longs issus d'un même individu. A ce niveau là, nous avons montré qu'il existait de nombreuses erreurs quelle que soit la méthode employée et indépendamment du sexe de l'individu. En effet pour un même individu, il existe des intervalles de prédiction de stature calculés à partir des os longs provenant de ce même individu, qui ne correspondent pas, en d'autres termes des intervalles de prédiction qui ne se chevauchent pas. Ces erreurs ne se produisent pas dans des cas isolés, mais au contraire sont assez fréquentes dans le cadre de l'échantillon étudié.

Pour finir, nous avons montré à partir d'un échantillon test que ces erreurs amènent à surestimer le nombre réel d'individus lorsque nous utilisons les estimations de stature dans le cadre d'un calcul du NMI. Il est donc impossible de tenir compte des estimations de statures dans le but de faire un calcul du NMI, puisque nous avons démontré que dans certains cas nous serions amenés à conclure à la présence d'individus supplémentaires par rapport à la réalité.

En résumé, dans le cas qui nous intéresse plus particulièrement, c'est-à-dire lorsque nous sommes confrontés à des os en vrac, à partir desquels l'appartenance des os aux différents individus est inconnue, il est impossible de mettre en place le calcul de la stature selon la méthode anatomique afin de créer par la suite des formules de prédictions de la stature plus adaptées à la population dont sont issus les os. Mais de plus, la seule option restante

consiste à choisir des formules déjà établies à partir d'une population que nous considérons comme étant la plus proche de celle que nous étudions. Malheureusement, si la population choisie ne possède pas le même rapport longueur os long/stature que notre population de « référence », nous avons montré que les résultats, simplement pour un même individu notamment, ne sont pas forcément cohérents lorsque nous estimons la stature à partir des différents os longs. Par ailleurs, cette non-concordance entre les estimations de stature entraîne de nombreuses erreurs dans le cas où nous utiliserions ces estimations dans le cadre d'un calcul du Nombre Minimum d'Individus. Par conséquent, il est clair que nous ne pouvons pas utiliser les prédictions de stature à partir des os longs dans le but de faire un calcul du NMI.

7.2 Indice de mesurabilité

Au niveau des os longs, certains chercheurs ont constaté que ceux-ci étaient plus vulnérables aux processus taphonomiques en raison de leur taille et de leur forme ce qui les rendraient notamment plus sensibles aux cassures (Marshall et Pilgram, 1991). D'autres auteurs ont aussi mis en évidence la corrélation entre la densité osseuse et la conservation des différentes portions des os longs (Willey *et al.*, 1997), montrant notamment que les diaphyses se conservent mieux que les épiphyses.

Nous observons bien ce dernier phénomène sur les six séries ostéologiques étudiées. De manière générale, les mesures prises sur des régions anatomiques précises de la diaphyse sont plus souvent réalisables que les mesures se situant au niveau des épiphyses. De plus, les meilleurs scores d'indice de mesurabilité se retrouvent dans l'ensemble pour les périmètres et les diamètres au niveau de la diaphyse. Dans l'étude menée par Willey et collaborateurs (1997), les auteurs ont mis en évidence que les portions des os longs les mieux conservées étaient la tubérosité deltoïdienne de l'humérus, la base du processus coronoïde de l'ulna, la base de la tubérosité radiale, le petit trochanter du fémur et le trou nourricier du tibia, car il s'agit là des portions les plus denses de chacun de ces os. Les résultats obtenus sont tout à fait en accord avec ces constatations puisque les mesures présentant les plus hauts indices de mesurabilité correspondent à des mesures prises au niveau de ces régions anatomiques (UTS et USS pour l'ulna, RPW pour le radius, FTS et FSS pour le fémur, TTN et TSN pour le tibia).

Dans l'ensemble, les os longs présentent des indices de mesurabilité assez élevés en moyenne supérieurs à 60% pour l'ensemble des séries, excepté la fibula qui elle, possède des indices aux alentours de 35%. Cette différence s'explique par la forme particulière de la fibula, os long et fin particulièrement sensible aux fractures en contexte archéologique comme d'ailleurs sur le vivant.

Au niveau des os plats (scapula et coxal), nous observons dans notre étude que ceux-ci possèdent des indices de mesurabilité plus faibles que la majorité des os longs. Cependant au sein même de ces os, nous avons une grande amplitude dans les différents indices calculés, entre 15% et 70% pour la scapula et entre 25% et 70% pour le coxal. Ces différences s'expliquent par la densité osseuse des différentes parties qui composent ces os. Ainsi la cavité glénoïde, plus dense, se conservera mieux que le corps de la scapula et de la même manière pour le coxal, l'ischion sera mieux conservé que le pubis.

En ce qui concerne les os de tailles plus réduites (patella, talus et calcanéum), ce sont des éléments qui présentent les meilleurs indices de mesurabilité avec des scores se situant en moyenne autour de 80%. Ces os étant plus compacts, ils sont donc moins sensibles à la fragmentation et lorsqu'ils sont retrouvés permettent la réalisation de la plupart des mesures.

Pour finir, nous n'avons pas observé de différences entre les indices de mesurabilité selon la latéralité des os.

D'après les résultats des calculs des indices de mesurabilité, nous observons bien que les mesures les plus couramment effectuées ne sont pas les longueurs maximales. Cela est dû principalement à leur taille qui les rend plus sensibles aux cassures (Marshall et Pilgram, 1991). A partir de cette constatation et des résultats des indices de mesurabilité, nous voyons clairement l'intérêt d'utiliser en plus des mesures de longueurs maximales, des mesures correspondant à des régions anatomiques bien précises et susceptibles d'être les mieux conservées pour chacun des os sélectionnés. Ce choix se porte donc entre autres, sur des mesures situées au niveau de la diaphyse mais aussi sur des régions anatomiques présentant une forte densité osseuse et donc plus susceptibles de se conserver et d'être retrouvées.

7.3 Asymétrie et indice de latéralité

La question de l'asymétrie prend toute son importance lorsque nous souhaitons identifier des paires d'ossements. L'identification part de l'hypothèse que des os gauches et droits d'un même type et d'un même individu sont symétriques. Cependant, nous savons que cela n'est pas tout à fait exact et même qu'au contraire dans la majorité des cas il existe un certain degré d'asymétrie. Sur la base de ce constat, nous devons légitimement nous poser la question de savoir jusqu'à quel niveau l'asymétrie peut-elle être acceptée pour identifier une paire ?

L'asymétrie correspond à la variation bilatérale observée dans les dimensions des os au niveau des membres supérieurs et inférieurs. Elle est considérée comme étant le reflet de l'intensité de différents facteurs. Outre les facteurs génétiques et hormonaux (Helmkamp et Falk, 1990 ; Palmer et Strobeck, 1992), l'asymétrie peut se développer en réponse à des facteurs environnementaux (Albert et Grenn, 1999 ; Schell *et al.*, 1985). Les facteurs environnementaux incluent différents types de stress comme la malnutrition, une période de sécheresse ou de froid. Selon Steele et Mays (1995), l'asymétrie directionnelle au niveau des membres se développe en conséquence d'un plus grand stress mécanique qui affecte le côté dominant et qui augmente avec l'âge (stress prolongé). Le sexe des individus rentre aussi en compte dans l'asymétrie (Auerbach et Ruff, 2006 ; Feik, 1996 ; Kujanova *et al.*, 2008 ; Lazenby, 2002). Cependant, certains auteurs n'ont pas mis en évidence de différence d'asymétrie selon le sexe (Roy *et al.*, 1994).

De nombreuses études ont montré qu'il y avait une plus grande asymétrie au niveau du membre supérieur par rapport à celle observée au niveau du membre inférieur. D'autre part, l'asymétrie au niveau du membre supérieur est majoritairement en faveur du côté droit, alors que celle du membre inférieur est en faveur du côté gauche (Auerbach et Ruff, 2006 ; Danforth, 2008 ; Kanchan *et al.*, 2008 ; Kujanova *et al.*, 2008). L'asymétrie dans le membre supérieur en faveur du côté droit associée à une asymétrie contralatérale pour le membre inférieur est appelée « symétrie croisée » (Plochocki, 2004).

Danforth (2008) qui a également mis en évidence une asymétrie en faveur du côté droit à partir d'un échantillon d'individus dont le côté de prédominance était connu, explique cependant que ce phénomène est à prendre avec précaution puisqu'à la fois les individus

gauchers et droitiers possèdent des longueurs maximales d'os longs plus importantes du côté droit.

7.3.1 Le membre supérieur

Quasiment tous les os du membre supérieur présentent une asymétrie en faveur du côté droit, c'est l'humérus qui montre la plus grande asymétrie. Il existe une exception avec la clavicule qui ne présente pas une asymétrie en faveur du côté droit, mais au contraire une asymétrie en faveur du côté gauche (Danforth, 2008 ; Kujanova *et al.*, 2008 ; Mays *et al.*, 1999). En effet, la clavicule va présenter un développement plus important au niveau du côté opposé au côté de prédominance. Pour Mays *et al.* (1999) l'asymétrie observée sur la clavicule est le résultat de l'utilisation répétitive du côté préférentiel, qui va restreindre le développement de cette dernière en réponse à une augmentation des forces de compressions exercées au niveau de l'épaule. Mays *et al.* (1999) vont plus loin dans leur analyse, mettant en avant le rôle important que joue le ligament trapézoïde dans la stabilisation de l'articulation acromio-claviculaire au niveau de la compression de l'épaule. Ceci entraînant au niveau du côté présentant le site d'attachement du ligament le plus développé un raccourcissement de la clavicule ainsi qu'une augmentation de sa robustesse.

Les résultats obtenus au niveau de l'asymétrie et de l'indice de latéralité, à partir de nos six séries ostéologiques sont similaires à ce qui a été cité dans la littérature. En effet, l'humérus est l'os qui présente la plus grande asymétrie en faveur du côté droit, et la clavicule est bien le seul os qui présente une asymétrie en faveur du côté gauche.

7.3.2 Le membre inférieur

L'asymétrie observée est moindre que celle retrouvée au niveau du membre supérieur et celle-ci est plutôt en faveur du côté gauche. L'asymétrie plus importante au niveau du membre supérieur serait à mettre en rapport avec la bipédie (Kanchan *et al.*, 2008). Les articulations du membre supérieur sont plus exposées à des contraintes mécaniques dues à la fréquence des activités accomplies par le côté dominant, tandis que la bipédie entraîne au niveau du membre inférieur une activité répétitive et de magnitude quasi-similaire au niveau des deux côtés. La légère asymétrie en faveur du membre inférieur gauche

proviendrait du fait que celui-ci semble être plus robuste car il possède une fonction de support/stabilité pendant que le droit est utilisé pour d'autres fonctions (Kujanova *et al.*, 2008).

Au sein de nos séries, le membre inférieur présente également une asymétrie, mais de plus faible amplitude que le membre supérieur. Cette différence est plutôt en faveur du côté gauche. Cependant dans nos échantillons, nous observons une particularité concernant la fibula qui présente une asymétrie différente entre les hommes et les femmes. En effet, si celle-ci est en faveur de la gauche pour les hommes, elle est controlatérale pour les femmes. Malheureusement, en l'absence d'étude de comparaison ayant porté sur l'asymétrie au niveau de la fibula, nous ne pouvons pas conclure quant à une particularité réelle de notre échantillon.

7.3.3 Au niveau des populations

Auerbach et Ruff (2006) ont comparé des populations préindustrielles qui sont considérées comme étant physiquement actives et des populations industrielles qui, elles, sont moins actives, en avançant comme hypothèse de départ que les populations actives (préindustrielles) devraient montrer une plus grande asymétrie que les populations moins actives (industrielles). Les résultats de leur étude montrent que les populations industrielles possèdent moins d'asymétries que les populations préindustrielles provenant d'une même région géographique et que ceci s'explique par une réduction du niveau d'activité et/ou d'une augmentation de l'homogénéité des activités dans les populations plus récentes. Il semble que les populations anciennes avaient plus d'activités quotidiennes qui impliquaient un stress unilatéral au niveau du muscle et de l'os. Au contraire, les populations modernes sont physiquement moins actives impliquant des changements au niveau des os et des muscles beaucoup plus restreints, le stress qui leur est appliqué étant moindre.

Dans une autre étude Kujanova *et al.* (2008) ont montré un résultat inverse de ce qui a été mis en évidence par Auerbach et Ruff (2006). Dans leur étude, les populations récentes (XX^e siècle) possèdent une plus grande asymétrie que les populations médiévales (IX-XII^e siècles). Selon ces auteurs, cette différence s'expliquerait par le fait que les populations médiévales étaient moins sujettes à un stress développemental. Cependant, ce

résultat est à prendre avec une certaine précaution puisque l'échantillon ayant servi de population récente (XX^e siècle) provient d'une population de « Bohémien » possédant un statut socio-économique défavorisé (Kujanova *et al.*, 2008) et de ce fait sans doute sujette à un stress au cours de la vie.

Au final, l'asymétrie mise en évidence dans notre échantillon est donc la même que celle observée par de nombreux chercheurs à partir de populations d'époques et d'origines géographiques différentes. Cette asymétrie nous amène à considérer l'importance de la distinction que nous devons faire entre les mesures prises du côté gauche et celles faites à partir du côté droit. En effet, en aucun cas nous ne pouvons substituer ou extrapoler une mesure manquante par sa mesure controlatérale puisque cette mesure peut être influencée par un certain degré d'asymétrie. Cette constatation nous a donc amené à considérer comme deux variables bien distinctes et différentes, une même mesure prise d'une part du côté gauche et d'autre part sur le coté droit.

7.4 Une nouvelle méthode : le NMI par exclusions

La mise en place d'une nouvelle méthode de détermination du Nombre Minimum d'Individus, comme nous l'envisageons au cours de ce travail, nécessite de suivre une méthodologie précise. Notre méthode ayant des applications diverses, notamment en anthropologie funéraire, mais également en contexte médico-légal, nous nous devons donc d'être le plus précis possible sur les techniques employées, et il convient d'utiliser de nombreux tests de validité. Des résultats de ces tests dépendront la validité et surtout la fiabilité de notre méthode.

7.4.1 Le principe de l'allométrie

Dans le cadre de notre méthode, nous nous basons principalement sur le principe de l'allométrie pour mettre en évidence des exclusions.

C'est en 1936, dans deux articles communs publiés simultanément en anglais et en français, que Julian Huxley et Georges Teissier ont introduit le terme d'« allométrie » (Huxley et Teissier, 1936 a et b).

L'allométrie est définie, au sens large du terme, comme étant le phénomène concernant tous les changements de proportion au cours de la croissance. Durant la croissance,

lorsqu'un individu change de taille, les proportions des différentes parties du corps sont modifiées.

"Allometry is defined as the study of proportion changes correlated with variation in size of either the total organism or the part under consideration." (Gould 1966, p.629)

D'après C. P. Klingenberg (1996), il existe trois principaux types d'allométrie :

- l'allométrie de taille (ou statique) qui résulte de la variation observée au sein d'une population composée d'individus du même âge,
- l'allométrie de croissance (ou ontogénique) qui correspond à la covariation de la conformation et de la taille chez les individus au cours de la croissance,
- l'allométrie évolutive qui reflète les changements de caractères en fonction de la taille le long des branches d'une phylogénie.

Le principe d'allométrie a surtout été utilisé dans les études zooarchéologiques, notamment pour estimer la taille totale d'un spécimen à partir de la taille d'un os (Casteel, 1974a ; Jackson, 1989 ; Orchard, 2005 ; Purdue, 1987), pour estimer le poids d'un spécimen à partir du poids du squelette (Jackson, 1989 ; Reitz *et al.*, 1987), ou pour estimer le poids total à partir de la taille d'un os (Casteel, 1974b).

Dans le cadre de ce travail, nous utilisons plus précisément ce que Klingenberg (1996) définit comme étant l'allométrie de taille ou allométrie statique. Nous considérons ici uniquement les individus adultes pour lesquels la croissance des différents os est achevée. Au cours du processus de croissance, la taille et la forme d'un os se modifient entraînant dans le même temps la modification de celles des autres os du même individu. Quand tous les ossements ont atteint leur taille définitive, les proportions relatives entre ces derniers sont conservées. Au final, ce sont les rapports entre les tailles et les formes des os qui vont nous servir de base dans notre raisonnement. En effet, excepté dans le cas d'individus présentant certaines pathologies, les tailles des différents os demeurent cohérentes les unes par rapport aux autres. Dans ce cas, dès lors qu'une mesure d'un os n'est pas compatible avec une autre, nous pouvons avancer l'hypothèse de l'appartenance de ces os à des individus différents.

Nous partons donc du principe de l'allométrie, afin dans un premier temps d'estimer une mesure à partir d'une autre et dans un deuxième temps de permettre la mise en évidence d'exclusions entre deux os ou fragments d'os.

7.4.2 Choix des individus, des os et des mesures

Dans un premier temps, les individus retenus dans cette étude ont été sélectionnés selon plusieurs critères d'inclusion. Tout d'abord, l'ensemble des individus proviennent de six sites différents datant de l'Epoque moderne. Ensuite, nous avons sélectionné uniquement des individus pour lesquels l'appartenance des différents os à ce même individu ne faisait aucun doute. Par ailleurs, notre choix s'est arrêté seulement sur les individus adultes ayant tous les os longs épiphysés. Enfin, ces derniers ne devaient présenter aucune pathologie pouvant altérer la taille ou la forme des os. A partir de l'ensemble de ces critères, nous avons inclus dans notre étude 768 individus adultes.

Dans un deuxième temps, notre choix s'est focalisé sur la détermination des os les plus pertinents pour notre recherche. Celui-ci a été grandement guidé par la conservation des différents os. En effet, nous voulions prendre en compte des os généralement retrouvés au moment de la fouille, mais également facilement reconnaissables et latéralisables. Au final, notre choix s'est donc porté sur 12 os, majoritairement des os longs des membres supérieurs et inférieurs.

Dans un dernier temps, à partir des os choisis, nous avons sélectionné l'ensemble des mesures qui allaient être prises pour mettre en œuvre notre méthode. La condition la plus importante dans le choix de ces mesures était que ces dernières rendent compte au mieux de la taille et de la forme d'un os, et qu'elles permettent également d'observer les contiguïtés articulaires entre deux os. D'autre part, nous avons privilégié également les régions anatomiques les plus denses des os sélectionnés afin que celles-ci aient plus de chances d'être retrouvées lors de la fouille. Ces mesures devaient être faciles à effectuer et de manière générale être bien connues en anthropologie, afin que notre méthode puisse être utilisée par un grand nombre de personnes. Enfin, pour pouvoir tenir compte de l'asymétrie présente dans la grande majorité des individus, nous avons décidé de prendre l'ensemble des mesures à la fois sur le côté gauche et sur le côté droit et de considérer ces mesures comme des variables différentes. En effet, dans les cas où nous ne serions en

présence que d'une mesure d'un des deux côtés, nous ne pouvons en aucun cas « remplacer » celle-ci par sa mesure controlatérale. A partir de ces choix, nous avons sélectionné 136 mesures, à savoir 68 par côté.

7.4.3 Répétabilité et reproductibilité

Nous avons choisi d'utiliser des mesures classiquement utilisées en anthropologie, qui dans le passé ont été décrites précisément par différents auteurs (Martin et Saller, 1959 ; Olivier, 1960) et connues pour être répétables et reproductibles. Cependant, puisque ces mesures sont la base même de la mise en place de notre méthode, nous avons tout de même voulu vérifier leur fiabilité. Dans ce but, nous avons donc fait à la fois un test de répétabilité et un test de reproductibilité.

Pour mettre en pratique ces tests, nous avons rassemblé nos mesures en trois groupes différents. Le premier groupe concerne les mesures de longueurs, cet ensemble est composé de 42 mesures et comprend notamment toutes les mesures prises à partir de la planche ostéométrique. Le deuxième groupe concerne toutes les mesures faites à l'aide du pied à coulisse, comme les diamètres, les largeurs ou encore les épaisseurs au niveau des épiphyses. Au total, 80 mesures composent ce groupe. Enfin, le troisième et dernier groupe concerne l'ensemble des périmètres, c'est-à-dire 14 mesures, relevées à partir du mètre ruban.

Dans un premier temps, à l'aide d'une représentation graphique permettant de mettre en évidence les écarts obtenus entre deux mesures, soit prises par deux observateurs différents (reproductibilité), soit prises par un même observateur à deux moments différents (répétabilité), nous avons observé l'indépendance de l'erreur en fonction de la valeur de la mesure. Les résultats montrent pour les trois groupes, à la fois pour le test de répétabilité et pour le test de reproductibilité, qu'il n'y a pas d'augmentation de la différence entre les mesures avec l'augmentation de la taille moyenne de la mesure. Dans un second temps, lorsque nous avons calculé l'erreur technique de la mesure, nous objectivons des résultats qui sont toujours inférieurs à un millimètre. Enfin, nous avons calculé le coefficient de corrélation intra-classe pour chacun des cas et nous obtenons des valeurs toujours supérieures à 99%.

A partir de ces différents résultats, nous pouvons conclure que nos mesures sont à la fois répétables et reproductibles.

7.4.4 La population d'étude

Notre population de départ est composée de 768 individus adultes sélectionnés à partir de six sites différents, et ne présentant aucune pathologie qui pourrait altérer ou modifier la taille ou la forme des os. Le terme de « population » désigne ici l'ensemble des individus choisis pour mettre en place notre méthode et faisant donc partie de la même étude.

Les facteurs socio-économiques et environnementaux induisent des modifications dans les schémas de croissance des populations (Cardoso, 2008 a et b ; Meadows-Jantz et Jantz, 1999 ; Schweich, 2003). En plus de ces facteurs, certains auteurs ont également mis en évidence des changements diachroniques au niveau des proportions corporelles (Giannecchini et Moggi-Cecchi, 2008 ; Meadows-Jantz et Jantz, 1999). Ces constatations suggèrent que notre population n'a pas une valeur de représentation universelle. La variabilité inter-populationnelle observée souligne l'intérêt d'établir des équations adaptées à chaque population d'étude.

7.4.5 Les différents échantillons de la méthode

A partir de la totalité de l'ensemble de notre population, nous avons tout d'abord ôté les 16 individus issus du site de Lariey, ces individus ayant servi par la suite dans le cas d'une application particulière. Les 752 individus restants, ont été divisés en deux échantillons, un échantillon d'apprentissage composé de 700 individus et un échantillon de validation de 52 individus. En effet, il nous a semblé nécessaire, afin de ne pas introduire un biais, de ne pas faire une validation inter-populationnelle. C'est-à-dire que nous n'avons pas voulu faire la validation de nos équations de régressions sur le même échantillon que celui utilisé pour établir l'ensemble des différents paramètres.

De la même manière nous avons créé, à partir des individus pour lesquels nous avons pu déterminer un sexe selon la méthode de la DSP (Murail *et al.*, 2005), des échantillons d'apprentissage et de validation féminins et masculins.

7.4.5.1 Echantillon d'apprentissage

A partir de l'échantillon d'apprentissage et pour l'ensemble des 136 mesures sélectionnées pour notre méthode, nous avons calculé 18 360 formules d'équations de régressions linéaires ainsi que tous les paramètres permettant de générer les intervalles de prédictions correspondants. Nous avons généré toutes ces formules à la fois sur l'échantillon d'apprentissage total, c'est-à-dire sexes confondus, mais aussi séparément sur les échantillons d'apprentissage féminins et masculins. Enfin, uniquement dans le cas de l'échantillon total, nous avons déterminé à la fois des paramètres permettant d'obtenir des intervalles de prédiction à 95%, mais également à 99%. Pour les échantillons féminins et masculins, nous avons uniquement calculé les paramètres des intervalles à 99%.

Toujours sur le plan méthodologique, nous avons seulement utilisé des équations de régressions linéaires. Ce choix a été guidé par la forme des différents nuages de points obtenus pour chacune des régressions à partir des diagrammes de dispersions.

Les différents échantillons nous fournissent des formules d'équations de régressions qui pourront être utilisées dans différents cas de figure. Les formules ainsi que les intervalles de prédictions associés à l'estimation d'une mesure, générés à partir des individus de l'échantillon total (échantillon ne tenant pas compte du sexe des sujets) seront les équations les plus utilisées. En effet, lorsque nous sommes devant un « vrac » d'ossements nous ne connaissons, ni l'appartenance des os aux différents individus qui le composent, ni le sexe de ces individus. Nous sommes donc dans ce cas dans l'obligation d'utiliser des paramètres d'estimation mis en place à partir de l'échantillon total, échantillon concernant les individus sans distinction de sexe. En revanche dans certains cas, nous pouvons être en présence d'un ou de plusieurs os coxaux à l'intérieur d'un « vrac » et il devient alors possible de déterminer un sexe à partir de ces os, pour peu qu'il soit suffisamment bien conservé. Dans ce cas, afin d'apporter un degré supplémentaire de précision, il peut s'avérer judicieux d'utiliser les formules de régressions calculées à partir des individus féminins ou des individus masculins pour mettre en évidence d'éventuelles exclusions vis-à-vis de cet os coxal.

7.4.5.2 Echantillon de validation

Les différents échantillons de validations (total, féminin et masculin) générés nous ont servi à tester la fiabilité de nos différentes formules de régressions. En effet, à partir des

individus composant ces échantillons, nous avons observé les intervalles de prédictions associés aux estimations de mesures. En d'autres termes, nous avons observé où se situait la valeur réelle d'une mesure par rapport à l'intervalle de prédiction généré. L'intérêt principal de ces échantillons de validation, réside dans la connaissance des valeurs réelles des mesures que nous cherchons à prédire à partir des autres paramètres biométriques. Sur cette base, en partant d'une variable prédictive, nous calculons la valeur de la variable à prédire ainsi que les bornes inférieures et supérieures de l'intervalle de prédiction et nous observons si la valeur réelle de la variable à prédire, entre ou non dans l'intervalle généré. Nous avons, à partir des différents échantillons de validation, comptabilisé pour chaque régression le nombre d'erreurs observées.

7.4.5.2.1 Echantillon de validation total

Notre échantillon de validation total comprend 52 individus pour lesquels nous avons pu prendre 2 896 mesures qui représentent au final 229 560 couples de mesures. Ces couples servent à tester nos régressions. En effet, dès que nous sommes en présence de deux mesures provenant d'un même individu, nous pouvons tester les deux régressions correspondantes. C'est-à-dire que la première mesure issue de ce couple sera dans un premier temps la variable prédictive et dans un second temps la variable à prédire. Nous testons donc les régressions correspondant à ces deux cas de figures.

Tout d'abord, nous avons observé le nombre total d'erreurs obtenues, à la fois avec les intervalles de prédiction à 95% et avec ceux à 99%, ainsi que le nombre d'erreurs par régression. A partir des intervalles à 95%, nous obtenons 6 622 erreurs au total ce qui correspond par rapport au nombre de fois où les régressions sont testées, à 2,88% d'erreurs. Dans le cas de l'échantillon à 99% nous obtenons 820 erreurs correspondant à 0,36% d'erreur. Au niveau des régressions, nous avons pour l'échantillon à 95%, seulement près de 70% des régressions qui ne donnent aucune erreur, alors que dans le même temps avec l'échantillon à 99%, nous avons plus de 95% des régressions qui ne présentent aucune erreur, c'est-à-dire pour lesquelles nous n'avons aucune exclusion à tort.

Ces résultats nous amènent à ne choisir, par la suite, que les formules de calcul des intervalles de prédiction à 99%. Nous souhaitons privilégier la fiabilité de notre méthode à son efficacité. En d'autres termes, nous jugeons préférable de mettre en évidence moins

d'exclusions, les intervalles de prédiction à 99% étant plus larges, plutôt que d'exclure à tort des os appartenant à un même individu. Ce choix est étroitement lié aux applications médico-légales de notre méthode, pour lesquelles la fiabilité se doit d'être prioritaire à l'efficacité. Dans de tels cas, lorsque nous sommes confrontés à des os mélangés, il est clairement préférable de ne pas mettre en évidence une exclusion et par exemple conclure à la présence d'un seul individu à partir de ce « vrac », plutôt que de conclure à tort à la présence de deux individus.

Nous avons donc par la suite seulement travaillé sur l'échantillon à 99% et nous avons observé plus précisément la répartition de nos erreurs selon différents cas de figures.

En première intention, nous avons uniquement considéré la latéralité des mesures sans tenir compte des os dont elles étaient issues. En seconde intention, nous avons observé la répartition des erreurs pour des mesures issues d'un même os, ou issues d'os controlatéraux. Enfin, nous avons comptabilisé les erreurs en tenant compte du segment anatomique de provenance des mesures, c'est-à-dire soit du membre supérieur soit du membre inférieur.

A partir de la répartition de ces dernières dans les différents cas de figures, nous avons montré qu'il n'existe pas de différence entre les prédictions à la fois selon la latéralité, l'os et le segment anatomique considéré. Les formules de régressions se révèlent être donc toutes aussi performantes les unes que les autres.

Afin de mettre en évidence un éventuel effet de la taille d'une mesure sur le nombre d'exclusions, nous avons séparé nos variables en deux groupes, à savoir les mesures de petites tailles et celles de grandes tailles. Nous avons donc comptabilisé le nombre d'erreurs à la fois dans le cas de la prédiction des mesures de petite et de grande taille. L'intérêt d'observer cette répartition étant de vérifier si la prédiction de mesure de petite taille se révélait être moins fiable que celle concernant les mesures de taille plus importante. En effet, les petites mesures (< 50 mm) possèdent des intervalles de prédictions associés, de taille relativement plus faible que les autres mesures et laissent moins la place à de grandes variations. L'étendue plus réduite de ces intervalles pouvant entraîner un plus grand nombre d'exclusions, c'est cet éventuel phénomène que nous voulions écarter en observant la répartition de ces erreurs. Les résultats obtenus nous montrent qu'il n'y a pas de différence entre les deux cas, nous obtenons quasiment le

même nombre d'erreurs. Ainsi, la taille de la mesure n'est donc pas un facteur générant plus ou moins d'erreurs.

Pour chacune des formules de régressions mises en place, nous avons calculé les coefficients de corrélation associés et par la suite observé le comportement du nombre d'erreurs en fonction de celui-ci. Nous avons remarqué qu'il y a moins d'erreurs pour les régressions ayant, soit des coefficients de corrélation faibles (entre 0 et 0,30), soit des coefficients de corrélation élevés (entre 0,70 et 1). Nous avons donc une augmentation du nombre d'erreurs avec l'élévation du coefficient de corrélation jusqu'à un certain seuil où ces coefficients deviennent élevés et à partir duquel le nombre d'erreurs va diminuer.

D'une part, nous avons des régressions présentant des coefficients de corrélation peu élevés et qui concernent des mesures faiblement corrélées entre-elles. A partir de celles-ci, les différents paramètres calculés vont aboutir à des intervalles de prédiction plus larges. De ce fait, la valeur réelle d'une mesure aura plus de chance de se trouver à l'intérieur de l'intervalle et nous aurons donc moins d'exclusions à tort avec les régressions ayant de faibles coefficients de corrélation.

D'autre part, nous avons des régressions ayant des coefficients de corrélation élevés, mettant en jeu deux mesures grandement corrélées. Cette forte corrélation va entraîner une prédiction plus fiable de la variable à prédire, de ce fait la valeur réelle sera probablement assez proche de cette estimation et rentrera donc dans l'intervalle de prédiction associé. Nous aurons donc ici encore moins d'erreurs avec les régressions ayant des coefficients de corrélation élevés.

Enfin, entre ces deux bornes, nous avons l'ensemble des régressions qui présentent le plus d'erreurs. Ces régressions mettent en jeu des variables qui ne sont, soit pas assez bien corrélées entre-elles pour avoir des prédictions suffisamment fiables, soit tout de même trop corrélées pour aboutir à des intervalles de prédiction suffisamment larges pour contenir la valeur.

A partir des résultats, nous voyons que le nombre d'erreurs total reste très faible en considérant l'échantillon à 99% avec seulement 0,36% d'erreur sur la totalité de l'échantillon de validation. Ce résultat montre bien la fiabilité de l'ensemble de nos formules de régressions.

7.4.5.2.2 *Echantillons de validation féminins et masculins*

A partir des échantillons de validation féminins et masculins nous obtenons respectivement 435 et 1 462 erreurs soit 0,22% et 0,54% d'erreur. De la même manière que pour l'échantillon total, nous percevons que ces pourcentages d'erreurs demeurent très faibles. Nous avons observé une fois de plus la répartition des erreurs, mais seulement ici les erreurs concernant des prédictions faites à partir de mesures de l'os coxal. Les résultats, aussi bien pour l'échantillon féminin que pour l'échantillon masculin, montrent que ce sont les régressions mettant en jeu deux mesures du coxal qui présentent le plus d'erreurs. En d'autres termes, nous obtenons plus d'erreurs lorsque nous prédisons une mesure du coxal à partir d'une autre mesure de cet os. Cependant, ce nombre d'erreurs reste relativement faible. Enfin les régressions permettant la prédiction de mesures issues soit du membre supérieur, soit du membre inférieur ne comportent que très peu d'erreurs et se révèlent donc particulièrement fiables.

7.4.6 Le logiciel

L'étape préalable obligatoire avant d'utiliser le logiciel de calcul du NMI par exclusions concerne la prise de mesures sur les os constituant l'échantillon dont nous voulons connaître le NMI. Toutes les mesures doivent être reportées dans une feuille de calcul Excel qui sera nommée « Mesures ». Ce fichier doit contenir, en général, les mesures d'un seul os par ligne, cependant, lorsque nous sommes en présence de liaison de premier ordre, nous sommes amenés à enregistrer plusieurs os sur une même ligne.

Les liaisons de premier ordre correspondent aux relations de connexions anatomiques qui sont directement observables sur le terrain, au moment même de la fouille (Duday, 1986) ou de la levée du corps. De ce fait, il semble pertinent lorsque nous sommes en présence sur le terrain d'une de ces liaisons de noter cette connexion entre les os et d'enregistrer ces derniers sur une même ligne dans notre feuille de calcul.

La prise en considération des liaisons de premier ordre au moment du remplissage de la feuille de calcul Excel regroupant l'ensemble de nos mesures, permet à la fois de diminuer le risque d'erreurs quant à la production de fausses exclusions, mais aussi de gagner du temps dans la réalisation des différents calculs par le logiciel. En effet, la présence d'une connexion anatomique entre des os indique bien évidemment qu'ils appartiennent au même individu. De ce fait, il n'est pas nécessaire de tenter de mettre en évidence des exclusions entre ces derniers.

Au final, lorsque le logiciel a terminé tous les calculs nécessaires, nous obtenons un NMI par exclusions pour chacune des variables présentes au départ dans l'échantillon étudié. Le NMI final par exclusions de ce dernier correspondra au NMI le plus élevé observé parmi toutes les variables.

7.4.7 La Recherche Allométrique par Exclusions (RAE)

Avant d'effectuer les différents tours de RAE, il est nécessaire de connaître les NMI biométriques de chacune des variables constituant le « vrac » d'ossements, puisque c'est en ajoutant les éventuelles exclusions à ces NMI biométriques que nous obtenons le NMI par exclusions d'une variable de départ. Le NMI biométrique correspondant au nombre de mesures ayant pu être réalisées pour une variable donnée, dans le cas où nous ne pourrions mettre en évidence aucune exclusion à partir de cette variable, le NMI par exclusions la concernant serait égal à son NMI biométrique de départ.

Pour toutes les applications effectuées, nous avons volontairement choisi de ne réaliser que deux tours de Recherche Allométrique par Exclusion. Ce choix est fortement guidé par des contraintes de programmation, de capacité de fichier, mais également par le temps de traitement nécessaire pour effectuer l'ensemble des calculs d'exclusions. Par ailleurs ce nombre de tours ne diminue en aucun cas l'intérêt de notre méthode puisqu'à l'issue de deux tours de RAE, nous obtenons d'ores et déjà des NMI par exclusions supérieurs aux NMI de fréquence dans de nombreux cas.

Nous pouvons faire plusieurs observations à partir des résultats obtenus au terme des différents tours.

Tout d'abord, dès la fin du premier tour de RAE, nous avons déjà à ce stade des variables présentant des NMI par exclusions définitifs, car ne pouvant plus être augmentés. Les raisons pour lesquelles ces variables de départ ne nécessiteront plus de tour supplémentaire de RAE sont diverses :

- soit il n'est pas possible de mettre en évidence d'exclusion et le NMI par exclusions sera égal au NMI biométrique de départ,

- soit il y a qu'une seule et unique mesure qui s'exclut par rapport à la variable de départ et dans ce cas le NMI par exclusions correspondra au NMI biométrique de la variable de départ auquel nous aurons ajouté un individu supplémentaire,
- soit les mesures s'excluant vis-à-vis de la variable de départ correspondent toutes à une seule et même variable. Le NMI par exclusions de la variable de départ sera égal au nombre du NMI biométrique auquel s'ajoute le nombre de mesures exclues,
- soit plusieurs mesures issues de variables différentes s'excluent vis-à-vis d'une variable de départ, mais au final toutes ces mesures proviennent de variables correspondant à un même os. Au final, le NMI par exclusions équivaldra au NMI biométrique auquel nous ajoutons un individu supplémentaire.

Les raisons mentionnées précédemment sont les mêmes qui produisent des NMI par exclusions définitifs à l'issue du deuxième tour de RAE.

Ensuite, nous observons également, qu'au terme des deux tours de RAE, le pourcentage de variables aboutissant à un NMI par exclusions définitif est d'autant plus important qu'au départ les différents NMI biométriques possèdent des valeurs se répartissant de façon homogène entre les différentes variables. En effet, plus il existe une grande amplitude entre les NMI biométriques, plus les variables ayant des petits NMI vont nécessiter un nombre plus important de RAE. Néanmoins, les NMI biométriques de ces variables sont en général trop faibles au départ pour que nous puissions espérer une possible amélioration du NMI biométrique le plus élevé au départ, et cela même après de nombreux tours de RAE.

Cependant, il est évident qu'en théorie toutes les variables de départ peuvent potentiellement devenir celle qui fournira le NMI par exclusions le plus élevé à l'issue des deux tours de RAE. En effet, il suffit dans ce cas qu'une variable ayant un NMI biométrique plus faible au départ génère un nombre beaucoup plus important d'exclusions au cours des différents tours de RAE, pour au final produire le NMI par exclusions le plus élevé. Toutefois, de manière générale, nous voyons que le NMI final par exclusions d'un « vrac » est très souvent obtenu à partir de la ou des variables présentant au départ le NMI biométrique le plus élevé et lorsque ce n'est pas le cas, la variable donnant le NMI final par exclusions sera tout de même une variable qui initialement possède un NMI biométrique assez proche du plus élevé au départ.

Enfin, en ce qui concerne les « vrac » présentant au départ des écarts assez importants entre les différents NMI biométriques, nous voyons que les NMI les plus faibles vont avoir tendance à produire une plus importante amélioration de leur NMI biométrique et cela dès le terme du premier tour de RAE. Cette grande amélioration ne se retrouve pas pour les variables ayant des NMI biométriques élevés. En revanche, à l'issue du deuxième tour de RAE, les augmentations des NMI deviennent beaucoup plus faibles et sont dans la plupart des cas d'un individu supplémentaire. Ce phénomène concerne cette fois-ci, aussi bien les variables ayant un faible NMI biométrique de départ que celles en ayant un qui est élevé.

7.4.8 Les différentes applications

7.4.8.1 Application sur un « vrac » dont l'effectif réel est connu : le cas des individus adultes du site de Lariey

En utilisant le « vrac » créé artificiellement à partir de l'ensemble des os issus des individus adultes du site de Lariey, nous avons voulu tester la fiabilité de notre méthode. En effet, connaissant le nombre réel d'individus composant ce « vrac », au travers de cette application, nous voulions comparer les résultats du NMI par exclusions avec le nombre réel d'individus.

Au final, à l'issue des deux tours de RAE réalisés, nous obtenons un NMI par exclusions (égal à 15 individus) légèrement inférieur au nombre réel d'individus (de 16 individus). Au-delà de ce résultat, le plus important à retenir ici est, qu'à partir des différentes exclusions mises en évidence, nous ne surestimons pas le nombre réel d'individus.

Ce dernier point est vraiment essentiel dans le cadre de la validation de notre méthode. En effet, en raison de son utilisation en contexte médico-légal notamment, il est nécessaire de fournir une méthode privilégiant la fiabilité avant tout autre chose.

7.4.8.2 Application sur un « vrac » composé d'un nombre important d'ossements : le cas des os épars du site du *Mucem*

Les os épars issus de la découverte faite sur le futur emplacement du site du *Mucem*, nous ont permis de tester notre méthode sur un « vrac » de taille importante. Au total, nous avons effectué plus de 1 000 mesures à partir de plus de 400 os différents. Un nombre

élevé d'os au départ, sous-entend ici, la présence de nombreux os de formes et de tailles différentes et donc, d'une variabilité plus importante à l'intérieur de ce « vrac ». Une plus grande variabilité, peut avoir des conséquences sur la performance de notre méthode puisqu'il y aura, dans ce cas, plus de chances qu'un os puisse correspondre à au moins un autre os parmi tous les os composant le « vrac ». Il sera plus rare de mettre en évidence des exclusions entre les mesures des différents os et le NMI par exclusions sera donc plus limité.

L'application faite à partir des os épars du *Mucem* sert ici à observer dans quelle mesure la taille d'un échantillon et donc, la variabilité va influencer la performance de notre méthode.

Avant même d'effectuer les deux tours de RAE, nous observons une différence entre le NMI de fréquence et le NMI biométrique de départ le plus élevé. Cette différence est la conséquence de la conservation des ossements, qui d'un côté, permet tout de même l'identification de certains os et donc de les inclure dans le dénombrement du NMI de fréquence, mais qui d'un autre côté, empêche la réalisation des mesures associées à ces os.

Au final à l'issue des deux tours de RAE, et cela malgré la mise en évidence d'exclusions entre différentes variables, nous n'avons pas pu améliorer le NMI de fréquence. Dans ce cas, il semblerait que ce ne soit pas tant la variabilité pouvant être présente à l'intérieur de cet ensemble osseux qui ne permet pas une amélioration du NMI de fréquence, mais plutôt la conservation de la série, qui induit dès le départ une trop grande différence entre le NMI biométrique le plus élevé et le NMI de fréquence pour permettre au final une amélioration de ce dernier avec le NMI par exclusions. En effet, le nombre important d'ossements de ce « vrac », et de ce fait la variabilité qu'il représente, n'est pas une contrainte dans la mise en évidence d'exclusions. Le résultat allant principalement dans ce sens est l'augmentation du NMI par exclusions par rapport au NMI biométrique de départ le plus élevé. Ce gain est au final de six individus et indique donc que, malgré le nombre d'ossements présents, nous avons pu mettre en évidence de nombreuses exclusions entre ces os.

7.4.8.3 Application sur un cas médico-légal

Le cas médico-légal étudié était composé de sept os à partir desquels nous avons pu relever 48 paramètres biométriques. Ce cas s'est révélé dès le départ intéressant puisqu'à

partir des os le composant, le NMI de fréquence et le NMI par appariements se trouvaient être très limités en ne pouvant seulement donner un résultat d'un individu. Le nombre restreint d'os présents mais aussi le nombre de mesures par variables, dans ce cas précis une mesure par variables, rend cet échantillon très performant lorsque nous appliquons notre méthode. En effet, le fait de n'avoir que très peu de mesures par variables permet de mettre en évidence avec plus de facilité des exclusions. Le résultat du NMI par exclusions est ici au final de 3.

Dans ce cas, principalement en raison de la composition du « vrac » étudié, la seule et unique façon d'améliorer le NMI est d'utiliser la méthode que nous avons mise en place et donc de chercher des exclusions entre les os composant cet échantillon.

7.4.8.4 Applications sur les os épars issus des séries ostéologiques du *corpus* de données

Les « vracs » formés à partir des os épars de ces sites sont assez différents, aussi bien en nombre d'os qu'en nombre de mesures effectuées. En effet, le nombre d'os varie de 12 (site du Délos) à 155 (site de l'Observance) tandis que le nombre de mesures varie de 37 (Délos) à 342 (Observance). En revanche, l'ensemble de ces assemblages osseux présentent une caractéristique commune puisque nous obtenons pour chacun d'entre-eux, un NMI biométrique de départ égal au NMI de fréquence. Par ailleurs, nous remarquons également que la ou les variables donnant le NMI biométrique de départ le plus élevé, sont celles correspondant à la région anatomique permettant d'obtenir le NMI de fréquence. Toutefois, ceci n'est pas vraiment surprenant, puisque nous avons volontairement choisi, pour notre méthode, des variables biométriques permettant à la fois, de rendre compte au mieux de la taille et de la forme des os, et aussi de tenir compte de la conservation et de la fragmentation des os. Nous avons notamment sélectionné des mesures se situant au niveau des parties les plus denses des os, puisque de manière générale ce sont celles-là qui donnent le NMI de fréquence. Il est donc logique que nous puissions avoir une égalité entre le NMI biométrique le plus élevé et le NMI de fréquence, dès lors que la conservation des ossements est suffisamment bonne pour permettre la prise de mesures.

Sur les quatre applications réalisées à partir des séries servant à constituer notre *corpus*, le NMI par exclusions obtenu est supérieur au NMI de fréquence pour trois d'entre-elles. Pour la dernière, le NMI par exclusions et le NMI de fréquence sont équivalents. Dans ce

dernier cas, nous voyons que nous n'avons pas pu augmenter un NMI de fréquence de six individus, alors que dans le même temps, à partir d'un autre « vrac », nous avons obtenu une amélioration d'un NMI de fréquence de 31 individus. Cette constatation, nous montre qu'un NMI de fréquence élevé associé généralement à un NMI biométrique de départ tout autant élevé, n'est pas un facteur limitant pouvant diminuer la performance de notre méthode. En effet, nous pouvons tout aussi bien obtenir un NMI final par exclusions plus élevé que le NMI de fréquence, à la fois dans le cas de « vracs » constitués d'une faible quantité d'ossements, que dans ceux regroupant un nombre important d'os.

7.4.9 Les limites de la méthode

Tout d'abord la première limite à laquelle nous sommes confrontés est inhérente à tout assemblage osseux et ne peut pas être évitée, il s'agit de l'état de conservation de l'échantillon. Non seulement la conservation des os, mais également la fragmentation de ces derniers va avoir un effet sur les résultats potentiels du NMI par exclusions. Cependant, la fragmentation dans le cas du NMI par exclusions n'aura pas autant d'incidence que pour les NMI de fréquence ou par appariements. En effet, dans le but de limiter l'influence de ce facteur, nous avons volontairement choisi des mesures bien précises qui tenaient compte de la conservation des os. Ce choix permet donc au final, même dans le cas d'une série assez fragmentée, de pouvoir considérer et mesurer un grand nombre de fragments osseux afin d'améliorer le NMI.

La taille de l'échantillon va également avoir un rôle important dans la limitation du nombre d'exclusions potentiellement retrouvées. En théorie, plus un échantillon va être composé d'un nombre important d'ossements, moins notre méthode sera performante. Et inversement, moins il y aura d'os plus la méthode sera efficace. En effet, dans un grand ensemble osseux, plus il y aura d'os de différentes tailles, plus la variabilité sera importante à l'intérieur de celui-ci. Cette variabilité entraîne une plus grande probabilité pour qu'un os puisse correspondre à un autre et de ce fait il y aura moins d'exclusions possibles. Dans le cadre d'un échantillon plus petit, la variabilité sera moindre et nous pourrions obtenir plus d'exclusions. Néanmoins, nous avons vu dans la pratique, qu'il est tout à fait possible de mettre en évidence des exclusions entre les différents os même dans le cas d'un ensemble osseux composé d'un nombre important d'ossements.

Le nombre d'ossements composant un échantillon n'est pas l'unique raison pouvant limiter la performance de notre méthode, puisque le nombre de mesures joue également un rôle important. Dans le cas où pour chaque os nous n'avons que très peu de mesures, la variabilité ne sera pas maximale par rapport au cas où nous pourrions prendre la totalité des mesures sur tous les os.

En effet, plus il y aura de mesures, plus la variabilité sera grande et moins il y aura d'exclusions possibles. Ceci est d'autant plus vrai lorsque pour une variable donnée, nous avons beaucoup de mesures et donc un NMI biométrique élevé. De manière générale, il est plus rare d'arriver à mettre en évidence une ou plusieurs exclusions à partir d'une variable ayant un NMI biométrique élevé, puisque que le nombre important de mesures concernant cette variable est telle que la variabilité y est plus largement représentée empêchant donc les exclusions.

Le temps nécessaire à la prise de mesures avant de débiter les calculs des exclusions par notre logiciel peut s'avérer dans certains cas assez chronophage, et mérite donc d'être également pris en compte dès le départ. Ce temps peut être considéré comme une limite, notamment dans le cas de grand échantillon, en comparaison au gain potentiel que notre méthode peut apporter vis-à-vis du NMI de fréquence. La durée de calcul des exclusions par notre logiciel peut également être plus ou moins longue. En effet, ce n'est pas tant le nombre d'ossements mesurés qui va augmenter la durée de calcul de notre logiciel, mais plutôt le nombre de mesures issues de ces os. Un échantillon de 10 os pour lesquels nous n'avons pu prendre qu'une seule mesure par os, prendra moins de temps de calcul qu'un échantillon de 5 os pour lesquels nous avons pris 10 mesures sur chaque pièce. Plus il y aura de mesures dans un « vrac », plus le temps, d'une part pour les collecter et d'autre part pour effectuer les calculs des exclusions, sera long.

7.4.10 Apports du NMI par exclusions

A l'issue de la recherche effectuée dans le cadre de ce travail, nous proposons une nouvelle méthode d'estimation du Nombre Minimum d'Individus pouvant s'inscrire comme une alternative aux méthodes existantes à l'heure actuelle. Les différentes applications réalisées montrent que le NMI par exclusions se révèle être un outil à la fois fiable et performant, permettant dans de nombreux cas une amélioration du NMI de fréquence. La méthodologie mise en place est également simple dans son utilisation, tant au niveau de la

prise de mesures biométriques qu'au niveau de l'utilisation du programme permettant de calculer les différents NMI par exclusions.

Dans ce travail, nous avons comparé les résultats du NMI de fréquence et du NMI par appariements, avec ceux obtenus par le NMI par exclusions.

Cette étude a montré que le NMI par exclusions peut s'avérer plus performant par rapport au NMI de fréquence aussi bien dans le cas de petits et de grands échantillons. Par ailleurs, dès lors que dans un ensemble d'ossements aucun doublon n'est présent, le NMI par exclusions se révèle être la seule option pour essayer d'améliorer le NMI.

Au travers des différentes applications réalisées, nous remarquons que, de manière générale, le NMI par exclusions donne des valeurs plus élevées que le NMI de fréquence, dès lors qu'au départ le NMI biométrique le plus élevé est équivalent au NMI de fréquence. En effet, quelque soit l'ensemble osseux considéré, nous mettons toujours en évidence des exclusions entre des variables biométriques, et de ce fait, si parmi ces variables se trouve celle ou une de celles ayant donné le NMI biométrique le plus élevé au départ, nous améliorons automatiquement le NMI de fréquence avec le NMI par exclusions.

Contrairement au NMI par appariements, le NMI par exclusions se base sur des critères précis, c'est-à-dire des paramètres biométriques. Par ailleurs, le raisonnement entre les deux NMI est inversé, puisque le NMI par appariements est basé sur la recherche d'appariements entre les os, tandis que pour le NMI par exclusions, le principe est fondé sur la recherche d'exclusions. Le NMI par appariements est limité à la recherche de paires entre os controlatéraux, alors que pour le NMI par exclusions nous pouvons rechercher des exclusions, non seulement entre des os controlatéraux, mais également entre tous les os sélectionnés. L'intérêt de ne plus raisonner en termes d'appariements probables, mais plutôt en termes d'exclusions certaines, est de s'affranchir de la plupart des critères subjectifs utilisés pour le NMI par appariements.

Le NMI par exclusions possède donc au final un plus grand champ d'action, d'autant qu'il peut être appliqué à la fois sur des os complets mais également sur des fragments d'os.

En anthropologie funéraire, la question du nombre d'individus présents est souvent évoquée. En effet, le dénombrement des individus présents à l'intérieur des différentes

sépultures d'un site permet de réaliser les profils paléodémographiques permettant d'émettre des hypothèses quant à la gestion de l'espace funéraire, à son utilisation et à sa réutilisation à travers le temps. Dans le cas d'ossements en position secondaire, il est non seulement important de faire un dénombrement de ces derniers, mais également de les incorporer dans l'analyse paléodémographique (Guy, 1996). Le NMI par exclusions trouve donc ici de nombreuses applications quant à l'estimation du Nombre Minimum d'Individus présents dans les assemblages osseux pour lesquels, l'appartenance des os aux différents individus est inconnue.

En contexte médico-légal, notre méthode s'avère être la seule alternative au NMI de fréquence. En effet dans ces cas précis, le calcul du NMI par appariements est clairement à proscrire, car il contient de nombreuses incertitudes entraînant des erreurs dans l'estimation. Le NMI de fréquence possède aussi à ce niveau une certaine limite, puisque dans le cas où il n'y aurait aucun doublon entre tous les os adultes composant un ensemble osseux, celui-ci ne pourrait pas être supérieur à un individu. Le NMI par exclusions devient donc essentiel ici, puisqu'il permet d'aller plus loin que l'estimation faite à partir du simple décompte des os selon le type et la latéralité.

La méthode de détermination du NMI par exclusions se révèle être au final utilisable à partir de n'importe quel « vrac » d'ossements. En effet, tous les ensembles osseux, qu'ils soient composés d'un faible ou d'un grand nombre d'ossements, peuvent potentiellement produire des exclusions entre les différents os qui les composent. Reste seulement à observer si les exclusions mises en évidence seront suffisantes pour permettre au final d'apporter une amélioration du NMI de fréquence.

Au final, la meilleure méthodologie reste celle qui est la mieux adaptée à la situation, et en adéquation avec la problématique de départ. Il convient au préalable de fixer les limites de notre objectif, c'est-à-dire quel type de renseignements nous voulons retirer de l'étude, mais également de combien de temps nous disposons.

Notre méthode se révèle être très intéressante lorsque nous sommes dans le cas de petits assemblages osseux, comme souvent en anthropologie médico-légale, mais qu'en est-il lorsque l'échantillon est plus important, lorsque nous sommes en présence de plusieurs milliers de pièces exhumées de sépultures collectives ? Sachant que la mise en place de notre méthode nécessite un temps de prise de mesures obligatoire au préalable, temps qui

peut s'avérer assez long dans le cas de grand échantillon, jusqu'à combien d'ossements pouvons-nous juger intéressant (pour ne pas dire rentable) d'utiliser notre méthode par rapport au gain potentiel vis-à-vis du NMI de fréquence ?

Chaque anthropologue, en fonction de plusieurs paramètres, doit donc évaluer la meilleure manière d'estimer le NMI, c'est-à-dire choisir la méthode la plus adaptée à sa problématique de départ ainsi qu'à l'échantillon auquel il fait face.

8

Conclusion

L'objectif de ce travail étant de proposer une nouvelle méthode fiable d'estimation du Nombre Minimum d'Individus (NMI), nous avons choisi de structurer notre recherche en deux parties. Dans un premier temps, nous avons établi un protocole original et mis en place une méthode itérative informatisée puis dans un deuxième temps, nous avons testé celle-ci dans différents cas de figures concrets.

Dans la première partie nous avons sélectionné les mesures sur lesquelles baser notre méthode. Les paramètres biométriques ont été choisis en fonction de la manière dont ils pouvaient rendre compte de la morphologie générale des os, mais également en fonction de leur conservation et de leur fragmentation différentielle. Une fois la sélection et l'acquisition de l'ensemble des données biométriques effectuées, nous avons calculé l'ensemble des paramètres des équations de régressions permettant d'estimer la valeur d'une mesure biométrique à partir de n'importe quelle autre, mais également de calculer les bornes de l'intervalle de prédiction individuelle associé (18360 régressions et 14 paramètres par régression).

Sur la base de ces prédictions, nous avons élaboré un outil informatique de tests itératifs permettant d'obtenir, à partir de l'exclusion très hautement probable d'appartenance des os à un même individu, une estimation du NMI. Dans cette étape, pour répondre à tous les contextes auxquels nous pouvions nous confronter, nous avons choisi de privilégier la fiabilité à la précision et nous avons opté pour des intervalles de confiance de la prédiction individuelle à 99%.

Dans la seconde partie de notre travail, nous avons testé notre méthode dans différents cas de figures, c'est-à-dire que nous avons calculé un NMI par exclusions à partir de « vracs » d'ossements de composition et de taille différentes. Les résultats des différentes applications attestent que notre méthode peut être utilisée dans de nombreux cas, même s'il apparaît qu'elle sera d'autant plus informative que le vrac sera d'effectif réduit.

La réflexion méthodologique ayant permis d'aboutir au NMI par exclusions est différente de celles utilisées dans les méthodes actuelles d'estimation du NMI. En effet, nous ne cherchons pas à faire des appariements « potentiels » entre les os, mais au contraire nous voulons mettre en évidence des exclusions « certaines ». De plus, les exclusions possèdent l'avantage de pouvoir s'effectuer entre des os de types différents et ne sont

donc pas limitées aux os controlatéraux, comme c'est le cas pour les appariements. Enfin, en choisissant une approche biométrique basée sur le principe de l'allométrie, nous avons pu nous affranchir du caractère subjectif de certaines méthodes de NMI actuelles. De plus, l'allométrie prend seulement en compte les dimensions des os et permet de s'affranchir de l'âge des individus, alors que celui-ci est indispensable au NMI étagé. Cette approche est donc intéressante ici, puisque l'estimation de l'âge chez les individus adultes reste limitée.

Bien évidemment, cet outil est encore perfectible et nous envisageons de compléter le *corpus* de données en y incorporant de nouvelles séries ostéologiques d'origines géographiques et de périodes chronologiques différentes. Celles-ci permettront de générer les équations de prédictions adéquates à un contexte chrono-géographique identifié (contexte anthropologique). Mieux encore ; chaque fois que ce sera possible, il sera idéal de mesurer l'ensemble des squelettes bien individualisés issus d'un site, de calculer les formules de prédictions propres à cette population et d'appliquer ces équations pour établir le NMI par exclusions dans le vrac d'ossements du dit site. Cette sorte de « détermination secondaire » nous permettrait alors d'être certain que les paramètres appliqués proviennent bien de la même population que celle dont sont issus les individus pour lesquels nous avons retrouvé les os sous forme de « vrac ».

Dans le cas de figure inverse, ce corpus de données élargi permettra de générer les équations méta-populationnelles les plus générales possibles à utiliser lorsque l'origine géographique et la période chronologique ne sont pas identifiées (contexte médico-légal).

Par ailleurs, dans le cadre de ce travail nous avons uniquement travaillé sur les individus adultes, mais nous envisageons d'étendre notre approche aux ossements d'immatures. Les résultats escomptés sont particulièrement prometteurs puisque ces derniers, en pleine croissance, possèdent une plus grande variabilité biométrique et qu'il devrait être d'autant plus facile de mettre en évidence des exclusions entre les différents os.

Au final, au terme de ce travail de recherche, nos objectifs initiaux sont bien atteints. Nous proposons une nouvelle méthode - fiable et non subjective - ainsi que l'outil associé, pour estimer le Nombre Minimum d'Individus : le NMI par exclusions. Celle-ci trouve son utilité dès lors que nous sommes en présence d'amas d'ossements mélangés pour lesquels l'appartenance aux différents individus ou le nombre d'individus total sont

inconnus ; et ceci correspond parfaitement aux deux contextes d'applications que nous avons ciblés au départ : l'anthropologie funéraire et l'anthropologie médico-légale.

9

Bibliographie

Adalian, P. (2001). Evaluation multiparamétrique de la croissance fœtale. Application à la détermination de l'âge et du sexe. *Anthropologie biologique*, Université de la Méditerranée. 260p.

Adams, B.J. et Konigsberg, L.W. (2004). Estimation of the Most Likely Number of Individuals from commingled human skeletal remains. *American Journal of Physical Anthropology* 125, 138-151.

Adams, B.J. et Konigsberg, L.W. (2008). How many people? Determining the Number of Individuals represented by commingled Human remains. In B.J. Adams et J.E. Byrd, *Recovery, analysis, and identification of commingled Human remains*. Totowa, NJ: Humana Press, p.241-255.

Albert, A.M. et Greene, D.L. (1999). Bilateral asymmetry in skeletal growth and maturation as an indicator of environmental stress. *American Journal of Physical Anthropology* 110, 341-249.

Auerbach, B.M. et Ruff, C.B. (2006). Limb bone bilateral asymmetry: variability and commonality among modern humans. *Journal of Human Evolution* 50, 203-218.

Badin de Montjoye, A. (2007). Moirans, ancienne église Saint-Pierre. Opération programmée pluriannuelle, rapport intermédiaire pour l'année 2007. *Patrimoine en Isère*, 24p.

Bartram, L.E. (1999). Explaining the "Klasies pattern": Kua ethnoarchaeology, the die Kelders Middle Stone Age Archaeofauna, long bone fragmentation and carnivore ravaging. *Journal of Archaeological Science* 26, 9-29.

Baud, C.-A. (1986). Altérations osseuses post-mortem d'origine fongique ou bactérienne. In H. Duda et C. Masset, *Anthropologie Physique et Archéologie. Méthodes d'étude des sépultures*. Paris: CNRS, p. 135-146.

Bello, S. (2000). Taphonomie des restes osseux humains. Effets des processus de conservation du squelette sur les paramètres anthropologique. *Anthropologie Biologique*, Université de la Méditerranée (Aix-Marseille II), 315p.

Bianucci, R., Rahalison, L., Rabino-Massa, E., Peluso, A., Ferroglio, E., Signoli, M. (2008). A rapid test detects plague in ancient human remains: an example of the interaction between archeological and biological approaches (Southeastern France, 16th-18th centuries). *American Journal of Physical Anthropology* 136, 361-367.

Bidmos, M. et Asala, S. (2005). Calcaneal measurement in estimation of stature of South African Blacks. *American Journal of Physical Anthropology* 126, 335-342.

Bidmos, M.A. (2008). Stature reconstruction using fragmentary femora in south Africans of European descent. *Journal of Forensic Science* 53, 1044-1048.

Bidmos, M.A. (2009). Fragmentary femora: evaluation of the accuracy of the direct and indirect methods in stature reconstruction. *Forensic Science International* 192, 131-135.

Binford, L.R. (1978). *Nunamiut ethnoarchaeology*: New-York academic press.

Binford, L.R. (1981). Behavioral archaeology and the "Pompeii premise". *Journal of Anthropological research* 37, 195-208.

Binford, L.R. (1984). *Faunal remains from Klasies river mouth*. New-York.

Bland, M.J. et Altman, D.G. (1996a). Measurement error proportional to the mean. *BMJ* 313, 41-42.

Bland, M.J. et Altman, D.G. (1996b). Statistics notes: measurement error. *BMJ* 313, 744-746.

Bökönyi, S. (1970). A new method for the determination of the Number of Individuals in animal bone material. *American Journal of Archaeology* 74, 291-292.

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

Bunn, H.T. (1982). Meat-eating and Human evolution: studies on the diet and subsistence patterns of Plio-Pleistocene Hominids in east Africa, University of California-Berkeley.

Bunn, H.T. et Kroll, E.M. (1988). Reply to Binford. *Current Anthropology* 29, 135-149.

Cardoso, H.F.V. (2008a). Age estimation of Adolescent and Young adult male and female skeletons II, epiphyseal union at the upper limb and scapular girdle in a modern portuguese skeletal sample. *American Journal of Physical Anthropology* 137, 97-105.

Cardoso, H.F.V. (2008b). Epiphyseal union of the innominate and lower limb in a modern Portuguese skeletal sample, and age estimation in adolescent and young adult male and female skeletons. *American Journal of Physical Anthropology* 135, 161-170.

Casteel, R.W. (1974a). A method for estimation of live weight of fish from the size of skeletal elements. *American Antiquity* 39, 94-98.

Casteel, R.W. (1974b). On the remains of fish scales from archaeological sites. *American Antiquity* 39, 557-581.

Casteel, R.W. (1977). Characterization of faunal assemblages and the Minimum Number of Individuals determined from paired elements: continuing problems in archaeology. *Journal of Archaeological Science* 4, 125-134.

Casteel, R.W. et Grayson, D.K. (1977). Terminological problems in quantitative faunal analysis. *World Archaeology* 9, 235-242.

Chaplin, R.E. (1971). *The study of animal bones from archaeological sites.* London and New-York.

Civetta, A. (2003). Etude anthropologique des inhumations de l'église Saint-Pierre de Moirans (Isère), campagnes de 2002 et 2003. UFR Civilisations et Humanités, Université de Provence, 111p.

Crubézy, E., Keyser, C., Ludes, B. (2002). Les surprises de l'ADN ancien. *La Recherche* 353.

Cruz-Uribe, K. et Klein, G. (1986). Pascal programs for computing taxonomic abundance in samples of fossil Mammals. *Journal of Archaeological Science* 13, 171-187.

Danforth, M.E. et Thompson, A. (2008). An evaluation of determination of handedness using standard osteological measurements. *Journal of Forensic Science* 53, 777-781.

DeLeon, V.B. (2007). Fluctuating asymmetry and stress in a Medieval Nubian population. *American Journal of Physical Anthropology* 132, 520-534.

Demangeot, C. (2008). Le dénombrement des défunts dans les ensembles funéraires: problèmes théoriques, paramètres quantitatifs. Application à la sépulture collective néolithique du Dolmen des Perières à Villedubert (Aude, France). *Anthropologie Biologique*, Université de Bordeaux I, 794p.

Demians d'Archimbaud, G. (1988). Digne, de l'édifice antique à la cathédrale médiévale. *Courrier du CNRS*, 75-76.

Duday, H. (1986). Contribution des observations ostéologiques à la chronologie interne des sépultures collectives. In H. Duday et C. Masset, *Anthropologie physique et Archéologie. Méthodes d'étude des sépultures*. Paris: CNRS, p. 51-59.

Duday, H. et Sellier, P. (1990). L'archéologie des gestes funéraires et la taphonomie. *Les nouvelles de l'archéologie* 40, 12-14.

Efremov, I.A. (1940). Taphonomy: a new branch of paleontology. *Pan-American Geologist* 74, 81-93.

Feik, S.A., Thomas, C.D.L., Clement, J.G. (1996). Age trends in remodeling of the femoral midshaft differ between the sexes. *Journal of Orthopaedic Research* 14, 590-597.

Fields, S.J., Spiers, M., Hershkovitz, I., Livshits, G. (1995). Reliability of reliability coefficients in the estimation of asymmetry. *American Journal of Physical Anthropology* 96, 83-87.

Fieller, N.R.J. et Turner, A. (1982). Number estimation in Vertebrate samples. *Journal of Archaeological Science* 9, 49-62.

Fully, G. (1956). Une nouvelle méthode de détermination de la taille. *Annale de Médecine Légale* 35, 266-273.

Giannecchini, M. et Moggi-Cecchi, J. (2008). Stature in archaeological samples from central Italy: methodological issues and diachronic changes. *American Journal of Physical Anthropology* 135, 284-292.

Gilbert, A.S. et Singer, B.H. (1982). Reassessing zooarchaeological quantification. *World Archaeology* 14, 21-40.

Gould, S.J. (1966). Allometry and size in ontogeny and phylogeny. *Biological Review* 41, 587-640.

Grayson, D.K. (1973). On the methodology of faunal analysis. *American Antiquity* 38, 432-439.

Grayson, D.K. (1978). Minimum Numbers and sample size in Vertebrate faunal analysis. *American Antiquity* 43, 53-65.

Grayson, D.K. (1981). The effects of sample size on some derived measures in vertebrate faunal analysis. *Journal of Archaeological Science* 8, 77-88.

Guy, H. (1996). L'intérêt des os issus des remplissages pour l'étude paléodémographique des cimetières. *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* 8, 413-420.

Guy, H., Masset, C., Baud, C.-A. (1997). Infant taphonomy. *International Journal of Osteoarchaeology* 7, 221-229.

Helmkamp, R.C. et Falk, D. (1990). Age and sex-associated variations in the directional asymmetry of Rhesus Macaque forelimb bones. *American Journal of Physical Anthropology* 83, 211-218.

Horton, D.R. (1984). Minimum numbers: a consideration. *Journal of Archaeological Science* 11, 255-271.

Huxley, J.S. et Teissier, G. (1936a). Terminologie et notation dans la description de la croissance relative. *Comptes rendus des séances de la société de biologie* 121, 934-937.

Huxley, J.S. et Teissier, G. (1936b). Terminology of relative growth. *Nature* 137, 780-781.

Jackson, H.E. (1989). The trouble with transformations: effects of sample size and sample composition on meat weight estimates based on skeletal mass allometry. *Journal of Archaeological Science* 16, 601-610.

Kanchan, T., Mohan Kumar, T.S., Pradeep Kumar, G., Yoganarasimha, K. (2008). Skeletal assymetry. *Journal of Forensic and Legal Medecine* 15, 177-179.

Klingenberg, C.P. (1996). Multivariate allometry. In L.F. Marcus et M. Corti, *Advances in morphometrics*. New-York: Plenum press, p. 23-49.

Konigsberg , L.W., Hens, S.M., Meadows-Jantz, L., Jungers, W.L. (1998). Stature estimation and calibration: Bayesian and maximum likelihood perspectives in physical anthropology. *Yearbook of Physical Anthropology* 41, 65-92.

Krantz, G.S. (1968). A new method of counting mammal bones. *American Journal of Archaeology* 72, 286-288.

- Kujanova, M., Bigoni, L., Velemínska, J., Velemínský, P. (2008).** Limb bones asymmetry and stress in medieval and recent populations of central Europe. *International Journal of Osteoarchaeology* 18, 476-491.
- Lalys, L. (2002).** Biométrie radiologique de l'avant-bras et de la main, appliquée à l'estimation de l'âge des individus immatures. Anthropologie Biologique, Université de la Méditerranée (Aix-Marseille II), 205p.
- Lam, Y.M. (1998).** Bone density and long bone representation in archaeological faunas: comparing results from CT and photon densitometry. *Journal of Archaeological Science* 25, 559-570.
- Lam, Y.M., Chen, X., Pearson, O.M. (1999).** Intertaxonomic variability in patterns of bone density and the differential representation of bovid, cervid, and equid elements in the archaeological record. *American Antiquity* 64, 343-362.
- Landon, D.B. (2005).** Zooarchaeology and historical archaeology: progress and prospects. *Journal of Archaeological Method and Theory* 12, 1-36.
- Lazenby, R.A. (2002).** Population variation in second metacarpal sexual size dimorphism. *American Journal of Physical Anthropology* 118, 378-384.
- Le Hors, P.B. (1989).** Etude de la population inhumée de Notre-Dame du Bourg, XIV^e-XVIII^e siècles (Digne-les-Bains, Alpes de Haute-Provence), Université de Nice, 38p.
- Lyman, R.L. (1984).** Bone density and differential survivorship of fossil classes. *Journal of Anthropological Archaeology* 3, 259-299.
- Lyman, R.L. (1994).** Quantitative units and terminology in zooarchaeology. *American Antiquity* 59, 36-71.
- Maijanen, H. (2009).** Testing anatomical methods for stature estimation on individuals from the W. M. Bass donated skeletal collection. *Journal of Forensic Science* 54, 746-752.

- Maijanen, H. et Niskanen, M. (2010).** New regression equations for stature estimation for medieval Scandinavians. *International Journal of Osteoarchaeology* 20, 472-480.
- Marean, C.W. (1991).** Measuring the post-depositional destruction of bone in archaeological assemblages. *Journal of Archaeological Science* 18, 677-694.
- Marean, C.W., Abe, Y., Nilssen, P.J., Stone, E.C. (2001).** Estimating the Minimum Number of Skeletal Elements (MNE) in zooarchaeology: a review and a new image-analysis GIS approach. *American Antiquity* 66, 333-348.
- Marean, C.W. et Spencer, L.M. (1991).** Impact of carnivore ravaging on zooarchaeological measures of element abundance. *American Antiquity* 56, 645-658.
- Marshall, F. et Pilgram, T. (1991).** Meat versus within-bone nutrients: another look at the meaning of body part representation in archaeological sites. *Journal of Archaeological Science* 18, 149-163.
- Marshall, F. et Pilgram, T. (1993).** NISP vs. MNI in quantification of body-part representation. *American Antiquity* 58, 261-269.
- Martin, R. et Saller, K. (1959).** *Lehrbuch der Anthropologie*. Stuttgart: Fisher, G, 655p.
- Masset, C. (1984).** Le dénombrement dans les sépultures collectives. *Garcia de Orta, seria Anthropobiologica* 3, 149-152.
- Masset, C. et Sellier, P. (1990).** La paléoanthropologie funéraire. *Les nouvelles de l'archéologie* 40, 5-48.
- Mays, S.A. (1999).** A biomechanical study of activity patterns in a medieval human skeletal assemblage. *International Journal of Osteoarchaeology* 9, 68-73.
- Mays, S.A. (2002).** Asymmetry in metacarpal cortical bone in a collection of British post-mediaeval human skeletons. *Journal of Archaeological Science* 29, 435-441.

- Meadows Jantz, L. et Jantz, R.L. (1999).** Secular change in long bone length and proportion in the United States, 1800-1970. *American Journal of Physical Anthropology* 110, 57-67.
- Morlan, R.E. (1994).** Bison bone fragmentation and survivorship: a comparative method. *Journal of Archaeological Science* 21, 797-807.
- Mueller, W.H. et Martorell, R. (1988).** Reliability and accuracy of measurement. In T.G. Lohman, A.F. Roche, & R. Martorell, *Anthropometric standardisation reference manual*. Illinois: Human kinetics books champaign, p. 83-86.
- Münzel, S.C. (1988).** Quantitative analysis and archaeological site interpretation. *Archaeozoologia* 2, 93-110.
- Murail, P., Bruzek, J., Houët, F., Cunha, E. (2005).** DSP: a tool for probabilistic sex diagnosis using worldwide variation in hip-bone measurements. *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* 17, 167-176.
- Nichol, R.K., et Wild, C.J. (1984).** "Numbers of Individuals" in faunal analysis: the decay of fish bone in Archaeological Sites. *Journal of Archaeological Science* 11, 35-51.
- Olivier, G. (1960).** *Pratique anthropologique*. Paris, 130p.
- Olivier, G., Aaron, C., Fully, G., Tissier, G. (1978).** News estimations of stature and cranial capacity in modern man. *Journal of Human Evolution* 7, 513-518.
- Orchard, T.J. (2005).** The use of statistical size estimations in Minimum Number Calculations. *International Journal of Osteoarchaeology* 15, 351-359.
- Palmer, A.R. et Strobeck, C. (1986).** Fluctuating asymmetry: measurement, analysis, patterns. *Annual Review of Ecology and Systematics* 17, 391-421.

- Plochocki, J.H. (2002a).** Directional bilateral asymmetry in human sacral morphology. *International Journal of Osteoarchaeology* 12, 349-355.
- Plochocki, J.H. (2002b).** Directional asymmetry in joint surface size in a Mississippian sample. *American Journal of Physical Anthropology* 34, 125-126.
- Plochocki, J.H. (2004).** Bilateral variation in limb articular surface dimensions. *American Journal of Human Biology* 16, 328-333.
- Poplin, F. (1976).** A propos du nombre de reste et du nombre d'individus dans les échantillons d'ossements. *Cahiers du Centre de Recherches Préhistoriques*, 61-74.
- Purdue, J.R. (1987).** Estimation of body weight of white-tailed deer (*odocoileus virginianus*) from bone size. *Journal of Ethnobiology* 7, 1-12.
- R Development Core Team. (2005).** R: A language and environment for statistical computing.
- Raxter, M., Auerbach, B.M., Ruff, C.B. (2006).** Revision of the Fully technique for estimating statures. *American Journal of Physical Anthropology* 130, 374-384.
- Raxter, M., Ruff, C.B., Auerbach, B.M. (2007).** Technical note: revised Fully stature estimation technique. *American Journal of Physical Anthropology* 133, 817-818.
- Raxter, M., Ruff, C.B., Azab, A., Erfan, M., Soliman, M., El-Sawaf, A. (2008).** Stature estimation in ancient Egyptians: a new technique based on anatomical reconstruction of stature. *American Journal of Physical Anthropology* 136, 147-155.
- Reitz, E.J., Quitmyer, I.R., Hale, H.S., Scudder, S.J., Wing, E.S. (1987).** Application of allometry to zooarchaeology. *American Antiquity* 52, 304-317.
- Ringrose, T.J. (1993).** Bone counts and Statistics: a critique. *Journal of Archaeological Science* 20, 121-157.

- Roy, T.A., Ruff, C.B., Plato, C.C. (1994).** Hand dominance and bilateral asymmetry in the structure of the second metacarpal. *American Journal of Physical Anthropology* 94, 203-211.
- Russel, M.D. (1987).** Bone breakage in the Krapina collection. *American Journal of Physical Anthropology* 72, 373-379.
- Ryan, I. et Bidmos, M.A. (2007).** Skeletal height from measurements of the skull in indigenous South Africans. *Forensic Science International* 167, 16-21.
- Sansilbano-Collilieux, M., et Morello, R. (1996).** Méthodes d'évaluation des asymétries des membres: application à une population archéologique (Saint-Martin-de-Cognac, VIIe-XVe siècles). *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* 8, 451-463.
- Saporta, G. (2006).** La régression simple. *Probabilités, analyse des données et statistique*: Edition TECHNIP, p. 387-405.
- Schell, L.M., Johnston, F.E., Smith, D.R., Paolone, A.M. (1985).** Directional asymmetry of body dimensions among white adolescents. *American Journal of Physical Anthropology* 67, 317-322.
- Schmitt, A. (2005).** Une nouvelle méthode pour estimer l'âge au décès des adultes à partir de la surface sacro-pelvienne iliaque. *Bulletins et Mémoires de la Société d'Anthropologie de Paris* 17, 1-13.
- Schweich, M. et Knüsel, C. (2003).** Bio-cultural effects in medieval populations. *Economics and Human Biology* 1, 367-377.
- Shotwell, J.A. (1955).** An approach to the paleoecology of mammals. *Ecology* 36, 327-337.
- Shotwell, J.A. (1958).** Inter-community relationships in Hemphillian (Mid-Pliocene) mammals. *Ecology* 39, 271-282.

- Shrout, P.E. et Fleiss, J.L. (1979).** Intraclass correlations: uses in assessing rater reliability. *Psychological Bulletin* 86, 420-428.
- Signoli, M. (2006).** *Etude anthropologique de crises démographiques en contexte épidémique. Aspects paléo- et bio-démographiques de la peste en Provence*, 156p.
- Signoli, M., Tzortzis, S., Bizot, B., Ardagna, Y., Rigeade, C., Seguy, I. (2007).** Discovery of a 17th Century Plague Cemetery (Puy-Saint-Pierre, Hautes-Alpes, France). In M. Signoli, D. Cheve, P. Adalian, G. Boëtsch, O. Dutour, *La peste: entre épidémies et sociétés*. Marseille: Firenze University Press, p. 115-119.
- Simmons, T., Jantz, R.L., Bass, W.M. (1990).** Stature estimation from fragmentary femora: a revision of the Steele method. *Journal of Forensic Science* 35, 275-280.
- Sobotta (1977).** *Atlas d'anatomie humaine (régions, ostéologie, ligaments et articulations, myologie)*. Sous la direction de : Gouazé, A., Buamann, J.A., Dhem, A.. Paris : Edition Maloine S.A.
- Steele, D.G. et McKern, T.W. (1969).** A method for assessment of maximum long bone length and living stature from fragmentary long bones. *American Journal of Physical Anthropology* 31, 215-228.
- Steele, J. et Mays, S. (1995).** Handness and directional asymmetry in the long bones of the human upper limb. *International Journal of Osteoarchaeology* 5, 39-49.
- Todd, L.C. et Rapson, D.J. (1988).** Long bone fragmentation and interpretation of faunal assemblages: approaches to comparative analysis. *Journal of Archaeological Science* 15, 307-325.
- Trotter, M. et Gleser, G. (1952).** Estimation of stature from long bones of american whites and negroes. *American Journal of Physical Anthropology*, 463-514.

Trotter, M., et Gleser, G. (1958). A re-evaluation of estimation of stature based on measurements of stature taken during life and of long bones after death. *American Journal of Physical Anthropology*, 79-123.

Turner, A. et Fieller, N.R.J. (1985). Considerations of minimum numbers: a response to Horton. *Journal of Archaeological Science* 12, 477-483.

Tzortzis, S. (2003). Martigues (Bouches-du-Rhône), le charnier des Capucins de Ferrières. Chronique des fouilles médiévales et modernes en France. *Archéologie médiévale* 32, 309-310.

Tzortzis, S. et Signoli, M. (2009). Les tranchées des Capucins de Ferrières (Martigues, Bouches-du-Rhône, France). Un charnier de l'épidémie de peste de 1720 à 1722. *C.R. Palevol*.

Uerpmann, H.-P. (1973). Animal bone finds and economic archaeology: a critical study of "osteological" method. *World Archaeology* 4, 307-322.

Vercellotti, G., Agnew, A., Justus, H., Sciulli, P. (2009). Stature estimation in an early medieval (XI-XII c.) Polish population: testing the accuracy of regression equations in a bioarcheological sample. *American Journal of Physical Anthropology* 140, 135-142.

Villena i Mota, N. (1997). Hiérarchie et fiabilité des liaisons ostéologiques (par symétrie et par contiguïté articulaire) dans l'étude des sépultures anciennes. *Anthropologie, Université de Bordeaux I*, 259p.

Watson, J.P.N. (1979). The estimation of the relative frequencies of mammalian species: Khirokitia 1972. *Journal of Archaeological Science* 6, 127-137.

White, T.E. (1953a). A method of calculating the dietary percentage of various food animals utilized by Aboriginal peoples. *American Antiquity* 18, 396-398.

White, T.E. (1953b). Observations on the butchering technique of some Aboriginal peoples No.2. *American Antiquity* 19, 160-164.


Wild, C.J. et Nichol, R.K. (1983). Estimation of the original Number of Individuals from paired bone counts using estimators of the Krantz type. *Journal of Field Archaeology* 10, 337-344.

Willey, P., Galloway, A., Snyder, L. (1997). Bone mineral density and survival of elements and element portions in the bones of the Crow Creek massacre victims. *American Journal of Physical Anthropology* 104, 513-528.

10

Annexes

Annexe 1 : Articles concernant la découverte des os sur le site du *Mucem* paru dans *La Provence*



Publié sur *La Provence* (<http://www.laprovence.com>)

Des squelettes vont-ils bloquer le chantier du Mucem ?

Par O.B.
Créé le 14/05/2010 07:15

Des ossements ont été découverts sur le chantier du futur musée des civilisations et de la Méditerranée, actuellement en cours sur le J4 à Marseille. Ils se trouvaient à cinq mètres de profondeur et ont été exhumés par une pelleteuse. Alertée, la police a confié un échantillon de ces ossements à l'unité de médecine légale de la faculté de médecine. Les premières analyses montrent qu'ils ont **plus de 10 ans**. Difficile en revanche pour l'heure de savoir s'ils proviennent d'un charnier de pestiférés de 1720 ou de plus loin dans le temps. La décision d'interrompre ou non le chantier du Mucem sera prise dans les prochains jours. Actuellement, une zone de **50 m2 est placée sous contrôle**.

Plus d'informations aujourd'hui dans La Provence (Marseille).

URL source: <http://www.laprovence.com/actu/region-en-direct/des-squelettes-vont-ils-bloquer-le-chantier-du-mucem>

Figure 1 : Article du 14/05/2010

Le mystère des ossements découverts sous le Mucem

Par L.Lé.
Créé le 14/05/2010 15:32

Nouveau rebondissement dans l'histoire déjà mouvementée du chantier marseillais du futur Musée des civilisations d'Europe et de la Méditerranée (Mucem). Mardi, des ossements, crânes et fémurs essentiellement, ont été découverts "à cinq mètres de profondeur, dans les dents des pelleteuses". "Une partie est allée à la décharge avant qu'on ne s'en rende compte, raconte Tilman Reichert, chef de chantier. On a alors prévenu la police, qui a demandé une expertise."

La surprise est totale, puisque les travaux se déroulent sur une zone de remblais, l'esplanade du fort Saint-Jean ayant été gagnée sur la mer à la manière d'un polder, à la fin du XIXe siècle. La zone n'a donc a priori pas de raison de receler des vestiges archéologiques. Pour l'anecdote, Jean-Claude Gaudin, sénateur-maire de Marseille, avait même déclaré lors d'une conférence de presse en 2009 : "En principe, ce n'est pas là qu'on devrait rencontrer les tibias de Jules César... On les a déjà trouvés partout ailleurs !" Les ossements sont aujourd'hui en cours d'expertise, et la décision d'interrompre ou non le chantier sera prise dans les jours qui viennent. Du côté du cabinet d'architecture Rudy Ricciotti, on affiche cependant une certaine sérénité. "La découverte peut avoir des conséquences sur le calendrier du chantier, mais la zone des ossements est très localisée, elle s'étend sur 50 m², cela ne nous empêche pas de continuer à travailler, affirme Rudy Ricciotti. Je trouve très beau qu'on trouve une trace de vie de civilisations qui remontent avant les Grecs - si l'information se confirme - pour un musée des civilisations !"

La découverte de ces ossements a étonné jusque dans l'environnement immédiat du chantier du futur musée. Alain Bourdy, président de la société des Amis du Mucem, affirmait hier: "Personne au Mucem n'a été informé de quoi que ce soit". Penchant plutôt pour "un canular bien orchestré par les opposants au projet". Idem dans les milieux politiques où personne n'avait pris connaissance de cette information. Sans doute parce que le chantier de ce futur musée, pièce majeure dans le dispositif de Marseille-Provence capitale européenne de la Culture en 2013, est géré par l'établissement public de maîtrise d'ouvrage des travaux culturels (Emoc), qui dépend du ministère de la Culture.

O.B., M-E.B. et P.M.

"Potentiellement archéologiques"

Réquisitionné par la police qui, au début de cette découverte, avait ouvert une procédure judiciaire (aujourd'hui stoppée), le Dr Pascal Adalian, maître de conférence en anthropologie à la faculté de médecine de Marseille (Université de la Méditerranée, U2), a expertisé un échantillon de ces ossements, avec le Dr Michel Signoli, responsable de l'unité de recherche UMR 6578 "anthropologie bioculturelle" (U2, CNRS, Établissement français du sang). "Ces ossements sont potentiellement de nature archéologique", explique le Dr Adalian, se refusant pour l'heure à donner une datation plus précise. "Ce dont on est sûr, c'est qu'ils ont plus de 10 ans. Mais impossible pour l'instant d'affirmer s'ils datent d'il y a 60 ans, s'ils proviennent d'un charnier de pestiférés de 1720, comme on en a découvert un récemment au pied de La Major, ou s'il s'agit d'une zone de réduction d'un ancien cimetière. Ces ossements nous ont été apportés dans la salle d'autopsie de l'unité de médecine légale, nous devons maintenant aller sur place pour analyser les sédiments". Les deux anthropologues devraient donc se rendre sur le chantier du Mucem dès ce matin.

Figure 2 : Deuxième article du 14/05/2010

Après la découverte d'ossements, incertitudes pour le chantier du Mucem

Par O.B./L.Lé.

Créé le 15/05/2010 09:03

Après la découverte d'ossements humains, mardi dernier, sous le chantier du futur Musée des civilisations d'Europe et de la Méditerranée, à Marseille, l'incertitude plane désormais sur la suite des travaux. Vont-ils être interrompus? Partiellement ou dans leur globalité? Brièvement ou plus longuement?

Hier après-midi, à l'Établissement public de maîtrise d'ouvrage des travaux culturels (Émoc, qui dépend du ministère de la Culture), on avançait avec une grande prudence: *"Nous ne savons pas comment cela va pouvoir se passer. Tout dépendra de l'enquête en cours et du résultat qui en découlera. Tout le périmètre du chantier n'est pas concerné par cette découverte. Le chantier pourra peut-être être partiellement maintenu. Nous sommes pour l'heure dans l'inconnu..."* La décision dépendra en fait de la datation des os retrouvés sur le site.

Les docteurs Adalian et Signoli, anthropologues de l'unité de recherche UMR 6578 "anthropologie bioculturelle" (Université de la Méditerranée et CNRS) sont allés sur le chantier du Mucem hier matin. *"Nous confirmons qu'il s'agit bien d'ossements anciens, mais sans pouvoir être plus précis sur leur datation"*, expliquait alors le Dr Adalian, qui a pu *"collecter une caisse d'ossements épars en surface déterrés par les pelleteuses"*. Pour autant, les deux anthropologues, réquisitionnés au départ par la police, ne devraient pas poursuivre l'expertise, la Drac (le ministère de la Culture donc), reprenant l'affaire.

Figure 3 : Article du 15/05/2010

Marseille : le chantier du Mucem ne sera pas perturbé

Par O.B.

Créé le 18/05/2010 07:40

[Et Aussi](#)

Url:

<http://www.laprovence.com/article/region/le-mystere-des-ossements-decouverts-sous-le-mucem>

Titre:

Le mystère des ossements découverts sous le Mucem

Une affaire classée. Les ossements humains, trouvés il y a une semaine sur le site marseillais du futur musée des civilisations d'Europe et de la Méditerranée, ne troubleront pas le cours des travaux. *"Ces os trouvés n'ont pas d'histoire avec le lieu où ils ont été découverts, explique Xavier Delestre, conservateur régional de l'Archéologie à la Drac. Ils ne sont pas davantage en connexion les uns avec les autres, on a trouvé un fémur à côté d'un crâne, il s'agit de restes humains jetés là avec les remblais d'époque contemporaine. Ils ne sont donc porteurs d'aucun sens scientifique, il n'y a aucune raison de bloquer le chantier ni de diligenter une opération d'archéologie préventive".*

Pour Xavier Delestre qui rappelle que le rôle de l'archéologie est de faire la part entre *"le fondamental, l'intéressant et l'anecdotique"*, ces vestiges qui n'ont pas été trouvés *"dans leur contexte premier"* ne valent pas la mobilisation *"de chercheurs et de moyens"* maintenant que la piste de leur relation avec un crime a été écartée.

Comment ces os ont-ils pu néanmoins être trouvés là? *"Dans les grands travaux du XIXe à Marseille, on a voulu aplanir de nombreux terrains. Or, quand on aplanit, on creuse. Peut-être a-t-on alors éventré un charnier de la peste et emporté des restes avec une terre dont on ne connaît pas le point de départ"*. Pour Xavier Delestre, la découverte de ces os ne sera qu'une anecdote dans l'histoire du chantier.

Figure 4 : Article du 18/05/2010

Annexe 2 : Résultats des différents tests de répétabilité et de reproductibilité

Coefficient de corrélation intra-classe

	Corrélation intra-classe ^a	Intervalle de confiance à 95%	
		Borne inférieure	Limite supérieure
Mesures uniques	1,000 ^b	1,000	1,000
Mesures moyennes	1,000 ^c	1,000	1,000

Modèle à effets mixtes à deux facteurs lorsque les effets sur les personnes sont aléatoires et les effets des mesures sont fixes.

a. Coefficients de corrélation intra-classe de type A utilisant une définition de cohérence absolue.

b. L'estimateur est identique, que l'effet d'interaction soit présent ou non.

c. Cette estimation est calculée en supposant que l'effet d'interaction est inexistant, puisqu'il ne peut pas être estimé autrement.

Résultat du coefficient de corrélation intra-classe pour la reproductibilité des mesures du groupe 1

Coefficient de corrélation intra-classe

	Corrélation intra-classe ^a	Intervalle de confiance à 95%	
		Borne inférieure	Limite supérieure
Mesures uniques	,997 ^b	,996	,997
Mesures moyennes	,998 ^c	,998	,999

Modèle à effets mixtes à deux facteurs lorsque les effets sur les personnes sont aléatoires et les effets des mesures sont fixes.

a. Coefficients de corrélation intra-classe de type A utilisant une définition de cohérence absolue.

b. L'estimateur est identique, que l'effet d'interaction soit présent ou non.

c. Cette estimation est calculée en supposant que l'effet d'interaction est inexistant, puisqu'il ne peut pas être estimé autrement.

Résultat du coefficient de corrélation intra-classe pour la reproductibilité des mesures du groupe 2

Coefficient de corrélation intra-classe

	Corrélation intra-classe ^a	Intervalle de confiance à 95%	
		Borne inférieure	Limite supérieure
Mesures uniques	,998 ^b	,996	,998
Mesures moyennes	,999 ^c	,998	,999

Modèle à effets mixtes à deux facteurs lorsque les effets sur les personnes sont aléatoires et les effets des mesures sont fixes.

a. Coefficients de corrélation intra-classe de type A utilisant une définition de cohérence absolue.

b. L'estimateur est identique, que l'effet d'interaction soit présent ou non.

c. Cette estimation est calculée en supposant que l'effet d'interaction est inexistant, puisqu'il ne peut pas être estimé autrement.

**Résultat du coefficient de corrélation intra-classe pour la
reproductibilité des mesures du groupe 3**

Coefficient de corrélation intra-classe

	Corrélation intra-classe ^a	Intervalle de confiance à 95%	
		Borne inférieure	Limite supérieure
Mesures uniques	1,000 ^b	1,000	1,000
Mesures moyennes	1,000 ^c	1,000	1,000

Modèle à effets mixtes à deux facteurs lorsque les effets sur les personnes sont aléatoires et les effets des mesures sont fixes.

a. Coefficients de corrélation intra-classe de type A utilisant une définition de cohérence absolue.

b. L'estimateur est identique, que l'effet d'interaction soit présent ou non.

c. Cette estimation est calculée en supposant que l'effet d'interaction est inexistant, puisqu'il ne peut pas être estimé autrement.

**Résultat du coefficient de corrélation intra-classe pour la
répétabilité des mesures du groupe 1**

Coefficient de corrélation intra-classe

	Corrélation intra-classe ^a	Intervalle de confiance à 95%	
		Borne inférieure	Limite supérieure
Mesures uniques	,998 ^b	,997	,999
Mesures moyennes	,999 ^c	,999	,999

Modèle à effets mixtes à deux facteurs lorsque les effets sur les personnes sont aléatoires et les effets des mesures sont fixes.

a. Coefficients de corrélation intra-classe de type A utilisant une définition de cohérence absolue.

b. L'estimateur est identique, que l'effet d'interaction soit présent ou non.

c. Cette estimation est calculée en supposant que l'effet d'interaction est inexistant, puisqu'il ne peut pas être estimé autrement.

**Résultat du coefficient de corrélation intra-classe pour la
répétabilité des mesures du groupe 3**

Annexe 3 : Statistiques descriptives pour l'ensemble des mesures biométriques

	Nombre de mesures	Moyenne	Ecart-type	Valeur minimale	5 ^{ème} percentile	25 ^{ème} percentile	50 ^{ème} percentile	75 ^{ème} percentile	95 ^{ème} percentile	Valeur maximale
OHX_G	103	150,65	14,00	123	130,1	140	148	163,5	174	177
OLX_G	161	97,02	7,99	80	84	91	98	103	109	120
OLE_G	150	130,79	10,66	107	114,45	123	131	138,75	147	159
OHG_G	323	36,38	3,67	27	31	34	36	39	43	47
OBG_G	318	26,08	2,89	20	22	24	26	28	31	35
CLX_G	262	140,09	11,42	117	122,05	131	139	149	158,95	168
CDX_G	246	11,87	1,63	8	9,25	11	12	13	14	17
CPM_G	261	34,95	4,50	26	28	31	35	38	43	47
HLX_G	299	304,17	20,08	261	272	289	304	320	334	362
HDX_G	298	20,87	2,13	15	18	19	21	22,75	24	26
HDW_G	298	17,13	2,11	12	14	16	17	18	21	22
HPW_G	380	58,88	5,70	47	50	54	58	63	69	75
HBE_G	368	57,68	5,36	47	50	53	57	62	66	72
Lep_G	287	45,90	3,89	37	40	43	45	48	53	58
Dtt_G	285	40,41	3,66	31	35	38	40	43	46,8	51
ULX_G	242	243,40	18,49	202	215	228,25	244	256	274,95	292
ULP_G	261	214,92	16,53	179	190	201	216	226	242	258
UDX_G	238	15,25	1,90	11	12,85	14	15	17	18	21
UDW_G	238	11,56	1,60	9	9	10	11	13	14	16
UTS_G	367	19,20	2,92	13	15	17	19	21	24	30
USS_G	366	22,50	3,14	15	18	20	22	24	28	35
UPW_G	266	35,53	3,85	26	29	33	35	38	42	48
RLX_G	283	224,55	17,35	182	198	211	225	237	253	275
RLP_G	290	215,57	17,35	171	189	201	216	228	244,55	269
RPW_G	304	39,67	4,29	30	33	37	40	43	47	54
RDX_G	271	14,89	1,77	10	12	14	15	16	18	19
RDW_G	271	10,67	1,25	8	9	10	11	12	13	14
PUM_G	150	73,13	4,76	62	65	70	73	77	80	82
SPU_G	191	26,58	3,92	18	20,5	23	27	29	33	38
DCOX_G	213	208,49	12,82	181	189,6	198	208	219	229,4	239
HMT_G	290	44,06	7,06	25	33	39	44	49	56,55	63
ISMM_G	228	107,20	7,83	89	94,35	101	107	112,25	120	129
SCOX_G	178	156,31	8,68	134	142,85	150	156,5	162	172	182
SS_G	329	69,76	5,74	54	61	66	70	74	79,6	91
SA_G	326	76,70	6,07	57	67	72	77	81	86	94

	Nombre de mesures	Moyenne	Ecart-type	Valeur minimale	5ème percentile	25ème percentile	50ème percentile	75ème percentile	95ème percentile	Valeur maximale
SIS_G	323	36,85	3,59	27	31	34	37	39	43	48
VEAC_G	322	53,49	4,35	42	47	51	53	56	61	65
FLP_G	334	425,81	27,95	355	380	405	426,5	445,75	473	498
FLX_G	334	430,81	28,04	360	385	410,25	431,5	450	476	503
FPM_G	331	83,62	6,77	64	73	79	83	88	94	104
FTM_G	332	25,96	2,12	20	23	24	26	27	29	32
FSM_G	332	27,23	2,69	21	23	25	27	29	32	35
FTS_G	452	31,41	2,57	23	27,55	30	31	33	36	39
FSS_G	453	27,31	2,84	20	23	25	27	29	32	35
FBE_G	336	75,38	5,37	60	67	71	75	79	84	90
Ed_G	362	57,99	4,02	48	52	55	58	61	65	69
RHX_G	323	40,28	3,33	32	35	38	40	43	46	50
RBX_G	324	42,01	3,43	34	37	40	42	44	47	52
TLX_G	370	350,11	24,79	282	313	330,25	348,5	368	394,55	422
TPW_G	397	71,38	6,33	55	62	67	71	76	82,2	90
TTN_G	482	23,24	2,53	17	20	21	23	25	28	31
TSN_G	482	30,56	3,36	22	25	28	30	33	36	39
TBE_G	377	70,69	4,89	59	63	67	70	75	78	83
TDX_G	363	27,56	2,83	21	23	26	28	30	32	36
TDW_G	363	20,23	1,96	15	17	19	20	21,5	23	26
Epmx_G	365	48,50	3,98	38	43	45	48	52	55	58
Edmax_G	390	37,82	2,87	31	33	36	38	40	43	46
Led_G	387	47,27	4,00	37	41,3	44	47	50	54	58
PLX_G	201	345,34	23,02	294	309	328	345	362	385	395
PPW_G	223	34,11	4,58	24	27,1	31	33	37	43	48
PDX_G	201	13,64	1,43	10	11	13	14	15	16	18
PDW_G	201	10,66	1,38	8	8	10	11	12	13	14
ALX_G	408	56,30	4,43	45	49	53	57	60	63	68
ABW_G	406	40,23	3,32	33	35	38	40	43	46	50
AHW_G	411	29,80	2,61	23	26	28	30	32	34	39
CAL_G	396	74,83	5,56	62	66	71	75	78,25	84	91
CHW_G	402	37,09	3,66	23	32	35	37	39	43	47
CBW_G	361	27,21	2,91	20	23	25	27	29	33	38
OHX_D	107	149,94	13,01	125	128,6	140	149	160	171	178
OLX_D	171	96,08	7,58	79	84	90,5	96	102	108,5	116

	Nombre de mesures	Moyenne	Ecart-type	Valeur minimale	5ème percentile	25ème percentile	50ème percentile	75ème percentile	95ème percentile	Valeur maximale
OLE_D	161	130,15	10,55	110	115	122	130	138	147	154
OHG_D	314	36,66	3,66	29	31	34	37	40	42,35	46
OBG_D	308	26,42	2,99	20	22	24	26	29	31	35
CLX_D	271	138,77	11,04	117	122	130	138	147	156,5	170
CDX_D	262	12,15	1,74	8	9	11	12	13	15	17
CPM_D	271	35,01	4,60	26	28,5	32	34	38	42,5	48
HILX_D	321	307,57	20,59	264	275	291	306	323	340	367
HDX_D	320	21,37	2,39	16	18	20	21	23	25	29
HDW_D	320	17,38	2,11	13	14	16	17	19	22	24
HPW_D	381	59,58	6,09	47	51	55	59	64	70	76
HBE_D	383	58,20	5,27	47	50	54	58	62	67	71
Lep_D	310	45,95	3,98	38	40	43	46	49	53	57
Dtt_D	305	40,51	3,68	30	35	38	41	43	46,8	50
ULX_D	257	245,55	17,54	210	217	232	246	259	274,2	295
ULP_D	281	217,23	15,55	185	194	205	218	229	242	261
UDX_D	249	15,51	1,89	12	13	14	15	17	19	23
UDW_D	249	11,82	1,53	9	10	11	12	13	14	17
UTS_D	368	19,14	2,68	12	15	17	19	21	24	31
USS_D	369	22,54	2,97	13	18	20	22	24	28	36
UPW_D	288	35,83	3,52	28	31	33	36	38	42	46
RLX_D	278	226,35	16,75	189	200,85	212	227	240	252	274
RLP_D	287	217,57	16,41	171	191,3	204	218	231	242	262
RPW_D	311	39,66	4,25	32	33	36	40	43	47	50
RDX_D	275	14,96	1,68	11	12	14	15	16	18	20
RDW_D	275	10,72	1,29	8	9	10	11	12	13	14
PUM_D	140	72,31	5,55	56	63,95	68,75	72	77	80	87
SPU_D	186	26,17	4,08	16	20,25	23	25,5	29	33,75	36
DCOX_D	217	208,05	12,74	173	189	199	206	217	229,2	238
HMT_D	271	41,72	6,85	27	32	37	41	46	54	60
ISMM_D	244	106,70	7,91	89	94,15	101	106	112	121	127
SCOX_D	185	156,81	8,30	134	142,2	151	157	163	170	179
SS_D	317	69,62	5,89	56	60	65	69	73	79,2	88
SA_D	312	75,61	6,09	56	66	71	75	80	86	92
SIS_D	302	36,68	3,79	27	31	34	37	39	43	50
VEAC_D	307	53,03	4,16	43	47	50	53	56	60	65

	Nombre de mesures	Moyenne	Ecart-type	Valeur minimale	5ème percentile	25ème percentile	50ème percentile	75ème percentile	95ème percentile	Valeur maximale
FLP_D	324	425,42	28,53	351	380	406	426	445	472,7	498
FLX_D	325	430,57	28,36	356	384,6	412	431	450	475,8	506
FPM_D	322	83,42	6,88	65	73	78	83	88	94,95	103
FTM_D	322	25,66	2,13	19	22,05	24	26	27	29	32
FSM_D	321	27,39	2,70	20	23	26	27	29	32	35
FTS_D	452	31,01	2,56	25	27	29	31	33	36	38
FSS_D	452	27,06	2,82	21	23	25	27	29	32	38
FBE_D	340	75,51	5,45	60	67	71,75	75	80	84,05	90
Ed_D	365	58,28	4,09	48	52	55	58	61	65,8	69
RHX_D	301	40,06	3,56	32	34	37	40	43	46	50
RBX_D	298	42,00	3,58	33	36	40	42	45	47	52
TLX_D	359	350,02	24,27	296	313	332	350	367	392	422
TPW_D	383	71,37	6,14	54	62	67	71	75	82	87
TTN_D	463	23,37	2,49	17	20	22	23	25	27	31
TSN_D	463	31,02	3,26	23	26	29	31	33	36	40
TBE_D	363	70,61	4,96	58	63	67	70	74	78	82
TDX_D	354	27,33	2,87	20	23	25	27	29	32	35
TDW_D	354	20,46	2,05	16	17	19	20	22	24	28
Epmx_D	352	48,59	4,06	38	43	45	48	52	56	58
Edmax_D	388	37,83	3,00	31	33	36	38	40	43	48
Led_D	374	47,61	3,83	38	42	45	48	50	54	57
PLX_D	200	343,07	23,44	274	312	325,75	343	359,25	385,05	407
PPW_D	226	33,92	4,82	21	27	31	33,5	37	43	48
PDX_D	199	13,69	1,52	10	11,9	13	14	15	16	19
PDW_D	199	10,70	1,31	8	9	10	11	11	13	15
ALX_D	421	56,36	4,51	46	49	53	56	60	64	68
ABW_D	423	40,14	3,28	32	35	38	40	42	45	49
AHW_D	426	30,30	2,51	21	26,25	28	30	32	34	37
CAL_D	380	74,74	5,67	60	66	71	75	79	84	92
CHW_D	380	37,38	3,58	26	32	35	37	40	43	49
CBW_D	347	27,31	2,87	19	23	26	27	29	32	36

Annexe 4 : Répartition du nombre d'erreurs entre variable à prédire et variable prédictive

Variable à prédire	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
OHX_G	347	1	0,29
OLX_G	566	0	0,00
OLE_G	490	0	0,00
OHG_G	1396	2	0,14
OBG_G	1269	8	0,63
CLX_G	1462	0	0,00
CDX_G	1218	1	0,08
CPM_G	1462	1	0,07
HLX_G	1307	14	1,07
HDX_G	1307	12	0,92
HDW_G	1307	8	0,61
HPW_G	1653	1	0,06
HBE_G	1685	6	0,36
Lep_G	1441	2	0,14
Dtt_G	1343	1	0,07
ULX_G	1206	4	0,33
ULP_G	1321	0	0,00
UDX_G	1115	2	0,18
UDW_G	1115	0	0,00
UTS_G	1481	12	0,81
USS_G	1579	12	0,76
UPW_G	1402	1	0,07
RLX_G	1192	18	1,51
RLP_G	1192	15	1,26
RPW_G	1206	0	0,00
RDX_G	1097	0	0,00
RDW_G	1097	0	0,00
PUM_G	975	0	0,00
SPU_G	1286	9	0,70
DCOX_G	1356	8	0,59
IIMT_G	1994	0	0,00
ISMM_G	1361	15	1,10
SCOX_G	1129	10	0,89
ILION_G	2179	3	0,14
SA_G	2081	0	0,00
SIS_G	2179	2	0,09
VEAC_G	2179	2	0,09

Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables sont celles à prédire (1^{ère} partie)

Variable à prédire	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
FLP_G	1942	23	1,18
FLX_G	1942	16	0,82
FPM_G	1942	1	0,05
FTM_G	1942	6	0,31
FSM_G	1942	1	0,05
FTS_G	2460	0	0,00
FSS_G	2460	0	0,00
FBE_G	2073	15	0,72
Ed_G	2038	14	0,69
RHX_G	1863	7	0,38
RBX_G	1865	12	0,64
TLX_G	1877	1	0,05
TPW_G	2150	8	0,37
TTN_G	2399	10	0,42
TSN_G	2399	1	0,04
TBE_G	2049	15	0,73
TDX_G	1877	11	0,59
TDW_G	1877	2	0,11
Epmax_G	1955	0	0,00
Edmax_G	2043	16	0,78
Led_G	1858	2	0,11
PLX_G	1092	6	0,55
PPW_G	1425	0	0,00
PDX_G	1092	0	0,00
PDW_G	1092	0	0,00
ALX_G	2195	6	0,27
ABW_G	2104	9	0,43
AHW_G	2195	21	0,96
CAL_G	2170	1	0,05
CHW_G	2265	2	0,09
CBW_G	1942	0	0,00

Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables sont celles à prédire (2^{ème} partie)

Variable à prédire	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
OHX_D	488	0	0,00
OLX_D	898	1	0,11
OLE_D	898	0	0,00
OHG_D	1619	5	0,31
OBG_D	1619	6	0,37
CLX_D	1498	0	0,00
CDX_D	1387	1	0,07
CPM_D	1498	2	0,13
HLX_D	1717	0	0,00
HDX_D	1626	5	0,31
HDW_D	1717	2	0,12
HPW_D	1985	4	0,20
HBE_D	1985	17	0,86
Lep_D	1794	12	0,67
Dtt_D	1697	9	0,53
ULX_D	1847	11	0,60
ULP_D	1946	7	0,36
UDX_D	1902	16	0,84
UDW_D	1902	3	0,16
UTS_D	1936	2	0,10
USS_D	1953	23	1,18
UPW_D	1946	17	0,87
RLX_D	1500	28	1,87
RLP_D	1598	27	1,69
RPW_D	1713	0	0,00
RDX_D	1543	0	0,00
RDW_D	1543	0	0,00
PUM_D	737	0	0,00
SPU_D	1071	3	0,28
DCOX_D	1220	10	0,82
IIMT_D	1549	0	0,00
ISMM_D	1785	8	0,45
SCOX_D	1251	5	0,40
ILION_D	1942	1	0,05
SA_D	1844	7	0,38
SIS_D	2030	4	0,20
VEAC_D	1877	9	0,48

Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables sont celles à prédire (3^{ème} partie)

Variable à prédire	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
FLP_D	1946	9	0,46
FLX_D	1978	21	1,06
FPM_D	1978	3	0,15
FTM_D	1978	1	0,05
FSM_D	1978	0	0,00
FTS_D	2269	1	0,04
FSS_D	2269	0	0,00
FBE_D	1912	15	0,78
Ed_D	1939	6	0,31
RHX_D	1863	7	0,38
RBX_D	1775	5	0,28
TLX_D	2052	5	0,24
TPW_D	2083	7	0,34
TTN_D	2276	10	0,44
TSN_D	2276	18	0,79
TBE_D	1814	8	0,44
TDX_D	2052	13	0,63
TDW_D	2052	2	0,10
Epmax_D	1807	0	0,00
Edmax_D	2114	8	0,38
Led_D	1870	12	0,64
PLX_D	988	3	0,30
PPW_D	1276	0	0,00
PDX_D	988	1	0,10
PDW_D	988	0	0,00
ALX_D	2427	3	0,12
ABW_D	2427	10	0,41
AHW_D	2343	1	0,04
CAL_D	2176	7	0,32
CHW_D	2176	6	0,28
CBW_D	1929	17	0,88

Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables sont celles à prédire (4^{ème} partie)

Variable prédictive	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
OHX_G	347	0	0,00
OLX_G	566	0	0,00
OLE_G	490	0	0,00
OHG_G	1396	5	0,36
OBG_G	1269	7	0,55
CLX_G	1462	1	0,07
CDX_G	1218	1	0,08
CPM_G	1462	1	0,07
HLX_G	1307	7	0,54
HDX_G	1307	2	0,15
HDW_G	1307	27	2,07
HPW_G	1653	11	0,67
HBE_G	1685	5	0,30
Lep_G	1441	14	0,97
Dtt_G	1343	1	0,07
ULX_G	1206	1	0,08
ULP_G	1321	0	0,00
UDX_G	1115	4	0,36
UDW_G	1115	0	0,00
UTS_G	1481	12	0,81
USS_G	1579	11	0,70
UPW_G	1402	4	0,29
RLX_G	1192	1	0,08
RLP_G	1192	1	0,08
RPW_G	1206	0	0,00
RDX_G	1097	1	0,09
RDW_G	1097	0	0,00
PUM_G	975	0	0,00
SPU_G	1286	9	0,70
DCOX_G	1356	5	0,37
IIMT_G	1994	0	0,00
ISMM_G	1361	4	0,29
SCOX_G	1129	2	0,18
ILION_G	2179	15	0,69
SA_G	2081	0	0,00
SIS_G	2179	3	0,14
VEAC_G	2179	1	0,05

**Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables servent de variable prédictive
(1^{ère} partie)**

Variable prédictive	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
FLP_G	1942	19	0,98
FLX_G	1942	19	0,98
FPM_G	1942	1	0,05
FTM_G	1942	2	0,10
FSM_G	1942	2	0,10
FTS_G	2460	0	0,00
FSS_G	2460	6	0,24
FBE_G	2073	16	0,77
Ed_G	2038	9	0,44
RHX_G	1863	14	0,75
RBX_G	1865	9	0,48
TLX_G	1877	2	0,11
TPW_G	2150	9	0,42
TTN_G	2399	9	0,38
TSN_G	2399	9	0,38
TBE_G	2049	23	1,12
TDX_G	1877	6	0,32
TDW_G	1877	6	0,32
Epmax_G	1955	2	0,10
Edmax_G	2043	20	0,98
Led_G	1858	11	0,59
PLX_G	1092	5	0,46
PPW_G	1425	3	0,21
PDX_G	1092	0	0,00
PDW_G	1092	2	0,18
ALX_G	2195	11	0,50
ABW_G	2104	8	0,38
AHW_G	2195	7	0,32
CAL_G	2170	6	0,28
CHW_G	2265	1	0,04
CBW_G	1942	0	0,00

**Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables servent de variable prédictive
(2^{ème} partie)**

Variable prédictive	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
OHX_D	488	0	0,00
OLX_D	898	0	0,00
OLE_D	898	4	0,45
OHG_D	1619	4	0,25
OBG_D	1619	5	0,31
CLX_D	1498	7	0,47
CDX_D	1387	0	0,00
CPM_D	1498	0	0,00
HLX_D	1717	1	0,06
HDX_D	1626	3	0,18
HDW_D	1717	10	0,58
HPW_D	1985	6	0,30
HBE_D	1985	12	0,60
Lep_D	1794	12	0,67
Dtt_D	1697	2	0,12
ULX_D	1847	7	0,38
ULP_D	1946	14	0,72
UDX_D	1902	21	1,10
UDW_D	1902	10	0,53
UTS_D	1936	10	0,52
USS_D	1953	3	0,15
UPW_D	1946	3	0,15
RLX_D	1500	6	0,40
RLP_D	1598	7	0,44
RPW_D	1713	4	0,23
RDX_D	1543	14	0,91
RDW_D	1543	1	0,06
PUM_D	737	0	0,00
SPU_D	1071	6	0,56
DCOX_D	1220	9	0,74
IIMT_D	1549	0	0,00
ISMM_D	1785	6	0,34
SCOX_D	1251	1	0,08
ILION_D	1942	14	0,72
SA_D	1844	1	0,05
SIS_D	2030	8	0,39
VEAC_D	1877	2	0,11

**Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables servent de variable prédictive
(3^{ème} partie)**

Variable prédictive	Nombre de réponses	Nombre d'erreurs	Pourcentage
FLP_D	1946	11	0,57
FLX_D	1978	12	0,61
FPM_D	1978	5	0,25
FTM_D	1978	5	0,25
FSM_D	1978	0	0,00
FTS_D	2269	4	0,18
FSS_D	2269	4	0,18
FBE_D	1912	26	1,36
Ed_D	1939	1	0,05
RHX_D	1863	12	0,64
RBX_D	1775	2	0,11
TLX_D	2052	4	0,19
TPW_D	2083	8	0,38
TTN_D	2276	5	0,22
TSN_D	2276	8	0,35
TBE_D	1814	13	0,72
TDX_D	2052	5	0,24
TDW_D	2052	3	0,15
Epmax_D	1807	2	0,11
Edmax_D	2114	5	0,24
Led_D	1870	13	0,70
PLX_D	988	4	0,40
PPW_D	1276	5	0,39
PDX_D	988	1	0,10
PDW_D	988	4	0,40
ALX_D	2427	8	0,33
ABW_D	2427	11	0,45
AHW_D	2343	3	0,13
CAL_D	2176	11	0,51
CHW_D	2176	11	0,51
CBW_D	1929	8	0,41

**Répartition du nombre d'erreurs lorsque les variables servent de variable prédictive
(4^{ème} partie)**

Une nouvelle méthode d'estimation du Nombre Minimum d'Individus (NMI) par une approche allométrique : le NMI par exclusions.

Applications aux collections ostéologiques de la région Provence-Alpes-Côte d'Azur.

Résumé

L'estimation du Nombre Minimum d'Individus (NMI) constitue une étape essentielle de l'étude des ensembles osseux, à la fois en contexte funéraire et médico-légal. En anthropologie funéraire, cette estimation va permettre d'affiner les profils paléodémographiques mais aussi de proposer de meilleures hypothèses quant à la gestion et l'utilisation de l'espace funéraire, tandis qu'en anthropologie médico-légale, elle revêt un intérêt majeur en vue de l'identification des victimes et des implications judiciaires qui en résultent.

Les méthodes actuellement connues permettant d'estimer le NMI possèdent certaines limites dépendantes de la subjectivité des critères utilisés. Considérant ces limites, nous proposons une nouvelle méthode mise en place *via* une approche biométrique basée sur le principe de l'allométrie. A partir d'une sélection de 136 mesures ostéométriques, nous avons calculé les paramètres de 18360 équations de régressions linéaires permettant d'obtenir la prédiction d'une mesure biométrique à partir d'une autre ainsi que les bornes de l'intervalle de prédiction individuelle à 99% associé.

Nous avons élaboré un outil informatique de tests itératifs permettant d'obtenir, à partir de l'exclusion très hautement probable d'appartenance des os à un même individu, une estimation du NMI.

Les résultats du NMI par exclusions obtenus dans diverses applications montrent que ce NMI se révèle être particulièrement performant dans de nombreux cas.

Au final, nous proposons une nouvelle méthode, objective et fiable, d'estimation du Nombre Minimum d'Individus - *le NMI par exclusions* - pouvant être utilisée aussi bien en contexte funéraire que dans un cadre médico-légal.

Mots clés

Nombre Minimum d'Individus ; allométrie ; régressions linéaires ; ostéométrie

A new method of estimation of the Minimum Number of Individuals (MNI) by an allometric approach: MNI by exclusions.

Applications to osteological collections of Provence-Alpes-Côte d'Azur.

Abstract

Estimation of the Minimum Number of Individuals (MNI) constitutes an essential stage of the study of commingled remains, both in physical and forensic anthropology. In physical anthropology, this estimation allow to improve paleodemographic profiles but also to propose better hypotheses as for the management and the use of the funeral space, whereas in forensic anthropology, it takes a major interest in identification procedures of victims and in the judicial involvement which result from it.

Nowadays used methods estimating the MNI possess certain limits dependent on the subjectivity of the used criteria. Considering these limits, we propose a new method organized through a biometric approach based on the allometric principle. From a selection of 136 osteometric measures, we calculated the parameters of 18360 equations of linear regressions allowing us to obtain the prediction of a biometric measure from another one as well as the borders of the interval of individual prediction at 99 %.

We elaborated a computer tool of iterative tests allowing to obtain, from the very highly likely exclusion from membership of bones in the same individual, an estimation of the MNI.

The results of the MNI by exclusions obtained in different applications show that this NMI is particularly successful in numerous cases.

In the final, we propose a new method, objective and reliable, of estimation of the Minimum Number of Individuals - the MNI by exclusions - useful as well in archaeological and forensic context.

Key words

Minimum Number of Individuals; allometry; linear regressions; osteometry