



BULLETIN DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

Publication éditée par la Société Française de Systématique
1994 - n° 13

SOMMAIRE

- Editorial par Daniel GOUJET	3
- Compte-rendu de l'assemblée générale du 12 septembre 1994 à Paris	
- Rapport moral, par Daniel GOUJET	4
- Compte-rendu de l'assemblée générale, par Thierry BOURGOIN	4
- Rapport financier, par Odile PONCY	5
- L'appel à propositions de recherches en systématiques, premier bilan par Simon TILLIER	7
- Composition du bureau de la SFS pour l'exercice 1994-1995	10
- Limites et précautions méthodologiques des phylogénies moléculaires, par Guillaume LECOINTRE	11
- Actualité de la Systématique	
- Treizième meeting de la Willi Hennig Society : "Biodiversity and Phylogeny", Copenhague, 23-26 Août 1994, par Véronique BARRIEL & Guillaume LECOINTRE	18
- Le Réseau Européen : "SYSTEMATIC BIOLOGY", par Simon TILLIER	22
- Analyses d'ouvrages	
- "Systematics and the fossil record ; documenting evolutionary patterns"	22
- "Le livre de la vie"	23
- "Encyclopédie Larousse de la Nature "	23
- Informations diverses	
- Information : PICG 328, 'Microvertébrés Paléozoïques'	24
- Utilisation de collections de tissus à des fins d'étude en Biologie et Systématique Evolutive	25
- PHYLIP (PHYLogeny Inference Package)	28
- Biosystema 12 : 'PhylSyst : logiciel de reconstruction phylogénétique'	28
- EuroLOOP, Workshop II, Amsterdam 1995	29
- Publications du Secretariat de la Faune et de la Flore	25
- Bulletin d'adhésion à la SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE	35
- Bulletin de commande pour les BIOSYSTEMA	36

Comité de rédaction :

Le président : Daniel GOUJET, les vice-présidents : Jean-Pierre Hugot, Pascal TASSY, le secrétaire général : Thierry BOURGOIN, la trésorière : Odile PONCY, le secrétaire général adjoint : Hervé LELIÈVRE, la trésorière adjointe : Christiane DENYS, et les membres du Conseil d'Administration : Denise BELLAN-SANTINI, Michel CHAUVET, Pierre DARLU, Pierre DELEPORTE, Serge GOFAS, Philippe GRANDCOLAS, Jacques LEBBE, Nicole LÉGER, Loïc MATILE, Simon TILLIER.

ÉDITORIAL

Biodiversité...

Ce terme occupe aujourd'hui une place grandissante dans les rapports officiels et dans les média. Mais sommes-nous vraiment certains que sous ce vocable tous les "décideurs" entendent la même chose ?

Le concept de biodiversité est à la fois vague et précis : tout ce qui est structurellement commun à l'ensemble du vivant ne saurait en faire partie, mais tout ce qui témoigne des différences et se rapporte à l'étude et à l'exploitation de ces différences est l'essence même du thème. Ne cherchons pas à en réduire le champ. La tendance qui consiste à délimiter des domaines étroits dans cette thématique ne peut qu'affaiblir en divisant alors même que la tâche qui nous attend est exaltante : faire le point en cette fin de siècle sur l'état du monde naturel, organiser le savoir en fonction des nouvelles approches et des technologies de pointe, afin d'assurer à la fois la sauvegarde et une exploitation raisonnable de la diversité naturelle.

Au coeur même du dispositif, la systématique est irremplaçable. Peu importe que certains considèrent qu'il ne s'agisse que d'une "technique". Accordons leur qu'ils parlent de ce qu'ils ignorent. On croirait entendre les remarques adressées naguère à l'encontre de l'informatique. Il est vrai que la systématique a de très nombreuses retombées à tous les niveaux de la connaissance et de l'information biologique. Faut-il le regretter ? Ce que certains interprètent comme une "tare" ne serait-il pas au contraire une force ?

Comme moyen d'action, le programme "Systematics Agenda 2000", dans lequel nous sommes investis, se met en place à l'échelon mondial. Il place notre discipline au coeur de la mise en valeur de la biodiversité. Nous avons traduit en Français le document qui expose ce projet global et d'autres ont suivi notre exemple ; il existe désormais en Portugais, en Espagnol et même en Coréen.

La SFS en tant que partenaire dans cette initiative internationale a poursuivi son action envers une salutaire réflexion dans la communauté des biologistes. Notre discipline est en danger, mais son image se renforce.

Les collègues reconnaissent que nous avons un rôle important à jouer et que nous sommes capables de le jouer. J'en prendrai pour exemple la confiance qui s'est exprimée en demandant à la SFS de coordonner un groupe de réflexion sur les Bases et Banques de données en Systématique dans le cadre du programme français Biodiversitas dirigé par R. BARBAULT. Dans le paysage international, ce domaine, à l'interface entre les techniques contemporaines de diffusion de l'information et les sources des données, est crucial car de nombreux problèmes se posent, liés à la nature des données elles-mêmes. Il est actuellement foisonnant du fait d'initiatives multiples, difficile à décrypter. Grâce au financement (50KF) que nous a assuré R. BARBAULT nous avons pu nous mettre au travail. Notre action ne sera pas de régenter un domaine où l'innovation est une composante essentielle mais de faire connaître les initiatives et, par l'information sur les succès et les essais infructueux, faire en sorte que des doublons ou des erreurs soient évitées.

Autre initiative importante, l'enquête sur vos projets futurs. L'analyse de vos réponses a été faite par S. TILLIER qui en a fait un compte-rendu pour ce bulletin. Il est clair que la communauté des systématiciens français que vous êtes est loin de l'image véhiculée par une mythologie dépassée.

Cette image archaïque se fissure d'autant plus que grâce aux initiatives européennes qui se concrétiseront au cours de l'année qui vient - par exemple lors de la réunion européenne de Leiden au printemps prochain - nous pensons que la discipline verra son rôle prioritaire reconnu à l'échelon européen. Les retombées nationales suivront.

Voici qui nous promet une bonne année. Un souhait que je tiens à vous exprimer au nom de tous les membres du bureau.

Daniel Goujet
Président de la SFS

COMPTE-RENDU DE L'ASSEMBLÉE GÉNÉRALE DU 12 SEPTEMBRE 1994, À PARIS.

RAPPORT MORAL

Chers amis et collègues,

La SFS fête ses dix ans d'existence. Ce furent dix années passionnantes pour notre discipline.

En 1984, rappelez vous, un certain nombre d'entre nous avait interrogé la communauté des systématiciens français pour savoir s'il était opportun de se lancer dans l'aventure ou, plutôt, de créer une société qui, à la différence des sociétés savantes existantes, réunirait, par delà les champs disciplinaires, tous ceux qui pensaient que les systématiciens devaient parler d'une même voix et mettre en commun leurs expériences et leurs interrogations. C'est ainsi que s'est créé ce forum, autour d'idées variées, parfois contradictoires mais qui ont toujours pu s'exprimer. Cette société a reflété au niveau français les débats qui se manifestaient au plan international et nous nous sommes toujours efforcés de lier des contacts très étroits avec les sociétés étrangères poursuivant le même but que nous, donner à la systématique sa place au coeur des sciences biologiques.

Après dix ans d'existence, elle compte 620 membres actifs et nous avons un certain nombre de membres étrangers notamment de Suisse, d'Italie et d'Espagne. Notre impact s'est étendu vers l'Est non par la participation de collègues mais par la traduction du texte de notre premier Biosystema "Introduction à la Systématique Zoologique".

L'activité du conseil de la SFS s'est maintenue et accrue même au cours de cette année en passant de 8 à 11 réunions, soit environ une par mois. Cette augmentation de notre rythme de travail est bien sûr le reflet des deux réunions que nous avons organisées cette année : la présentation de SA 2000 le 15 Avril à l'Académie des Sciences et les journées de la société prolongée par celle consacrée aux résultats de l'activité des centres de biosystématique.

La présentation de SA 2000 a été un succès pour notre société mais aussi pour l'ensemble de la discipline. L'accueil que nous a réservé le secrétaire perpétuel François Gros à l'Académie des Sciences a été à la hauteur du projet. Cette réunion a été largement reprise par les médias

(journaux et télévision). Il est clair que la relance de la systématique à laquelle nous travaillons depuis dix ans a trouvé là un second souffle incontestablement relayé par les nouvelles préoccupations politiques internationales autour du thème de la biodiversité.

Cependant, face aux pays anglo-saxons et à ceux de l'Europe du Nord, la France reste en retard pour la systématique. Par bonheur l'environnement international, dans un contexte de communication accru, fait que les décideurs ne peuvent ignorer les avancées qui font de la recherche sur la biodiversité un enjeu non seulement scientifique mais aussi économique. Il n'est pas en notre pouvoir de décider quelles seront les priorités mais nous devons néanmoins nous manifester le plus efficacement possible afin de ne pas se retrouver à la remorque des nations qui ont compris que la science ne pouvait être pilotée administrativement avec toutes les lourdeurs et le blocage des initiatives et de la créativité que cela entraîne. Nous attendons que les actes, en terme d'emploi pour les jeunes systématiciens de talent - et il en existe beaucoup - et en terme de financement de projets soient à la hauteur des bonnes intentions affichées ces derniers mois.

La systématique est une science multiforme qui appelle bien souvent des coopérations pluridisciplinaires (entre spécialistes de groupes variés, avec des écologistes, des informaticiens etc...) or, malgré les volontés affirmées sur le papier par les responsables des grands organismes de recherche, c'est là que les initiatives buttent, car ces projets sont, par définition, difficilement classables pour des experts qui n'ont pas encore compris les enjeux ou qui protègent leur fonds de commerce. La SFS a toujours oeuvré pour que notre discipline ait sa place à part entière et que ce soient les systématiciens eux-mêmes qui parlent en leur nom.

Dans cet esprit, Robert Barbault, qui dirige le programme Diversitas France, nous a demandé de mettre sur pied un comité de réflexion sur certains aspects systématiques de ce programme international. C'est afin de travailler avec des données réelles et récentes que nous vous avons demandé de nous faire parvenir vos propositions de projets de recherche. A ce jour, plus de 120

réponses nous sont parvenues. C'est bien plus que nous ne l'espérons. Environ 365 personnes sont impliquées dans ces projets, sans compter les collaborations estimées de certains programmes pour l'établissement de faunes (250 participants estimés pour la faune d'ITALIE, par exemple). Tous les projets concernent plusieurs aspects de la systématique mais un rapide tri en fonction du thème dominant fait apparaître 50 projets orientés plutôt vers des inventaires, 41 vers la recherche de phylogénies, et 29 divers impliquent de la méthodologie, des bases de données etc... Fort de cette information, nous allons mettre sur pied un comité de réflexion qui, à partir de ces données pourra définir les champs de recherche à promouvoir.

A propos de Biosystema, nous publions cette année deux fascicules. Le Biosystema 11 est la publication des principales conférences de la réunion de l'an passé : "Systematique et phylogénie". vous y trouverez en particulier les communications de nos collègues étrangers traduites en français.

Le biosystema 12 est une innovation avec la publication d'un logiciel de reconstruction phylogénétique "PhylSyst", logiciel produit à partir d'un algorithme élaboré par notre regretté collègue Bernard Sigwalt.

Notre activité internationale s'est en outre dirigée vers la commission internationale de Nomenclature Zoologique. La nouvelle version

du Code de Nomenclature, qui devait être discutée à Paris au début Septembre, a pris du retard et ne sera pas prête cette année. Nous avons cependant transmis, comme cela avait été prévu la somme nécessaire à la publication de la version française du Code, obtenue grâce à l'action de nos collègues A. Dubois et P. Bouchet auprès de haut comité de la Langue Française.

Enfin, pour terminer ce rapport moral, je tiens à remercier en votre nom tous les membres du bureau qui ont appuyé Thierry Bourgoïn dans sa tâche. En votre nom je tiens également à remercier Patrick Blandin, Directeur de la grande Galerie, qui a mis à notre disposition ces locaux. Ils se sont révélés un peu petits pour le grand nombre d'entre vous qui se sont déplacés, mais notre manifestation devait être abritée par un tel lieu au coeur de la biodiversité et la systématique. Vous avez élu de nouveaux membres à notre conseil. C'est à cela que l'on mesure la vitalité de notre société. Nous avons des options différentes, nous travaillons dans des domaines très variés mais les systématiciens demeurent unis. C'est un point essentiel car, malgré les percées déjà obtenues, il reste encore beaucoup à faire pour assurer la relève et la permanence de notre discipline au sein de la biologie de demain.

Daniel Goujet,
Président 1993-1994

COMPTE-RENDU DE L'ASSEMBLÉE GÉNÉRALE

A L'ORDRE DU JOUR

Élections du président et du secrétaire de séance, de 2 scrutateurs pour les votes - rapports moral et financier - désignation de 2 vérificateurs des comptes pour l'assemblée générale 1995 - résultat des élections pour le renouvellement du conseil de la SFS - vie de la société.

ASSEMBLÉE GÉNÉRALE

L'assemblée générale se tient dans le cadre des Journées de la Société Française de Systématique, 12-14 septembre 1994. La séance est ouverte à 12 h 05. Daniel GOUJET et Thierry BOURGOIN sont respectivement élus président et secrétaire de séance à l'unanimité. Christiane DENYS, Nicole BALLY et Philippe JANVIER sont élus à l'unanimité scrutateurs pour les votes. Soixante cinq membres sont présents.

- Daniel GOUJET, président sortant, lit le rapport moral qui est approuvé à l'unanimité.
- Philippe JANVIER, commissaire aux comptes 1993-94 avec Richard CLOUTIER, présente le rapport financier élaboré par Odile PONCY, trésorière sortante. Ce rapport est approuvé à l'unanimité.
- Pascal TASSY et Jean-François VOISIN sont élus commissaires aux comptes pour l'année 1994, à l'unanimité.

ELECTIONS

Les résultats des élections pour le renouvellement du Conseil sont proclamés. Six postes peuvent être pourvus. Selon les statuts le Conseil se compose de 12 à 18 membres. Pour être élus les candidats doivent recueillir plus de 50 % des voix exprimées.

Votants: 178. Nul: 1.
Ont obtenus et sont élus:

Daniel GOUJET, MNHN-Paléontologie, 160 voix,
Jean-Pierre HUGOT, MNHN-Helminthologie, 152 voix,
Philippe GRANDCOLAS, RENNES, Ecologie, 144 voix,
Pierre DARLU, PARIS VI, Ecologie, 141 voix,
Serge GOFAS, MNHN, Biologie des Invertébrés marins, 135 voix,
Nicole LÉGER, Reims, Parasitologie, 129 voix.

Jean DOEUNFF (106 voix), Guy DURIEUX (90 voix), Yves LEMOIGNE (90 voix), Jean-François VOISIN (82 voix) et Michel MUNIER (62 voix) ne sont pas élus.

VIE DE LA SOCIÉTÉ

A la demande de Daniel GOUJET, Alain GUILLE expose l'organisation des différents programmes français autour du thème Biodiversité. Il rappelle en particulier le faible financement de Diversitas

tout en faisant remarquer qu'il existe différentes initiatives propres aux ministères qui peuvent être concernées par la Biodiversité : la Biodiversité est une notion qui recouvre beaucoup de préoccupations différentes. Il note en particulier qu'au niveau européen on se trouve particulièrement gêné par cette dispersion française. Simon TILLIER évoque à ce propos le Réseau européen de Systématique Biologique qui vient de se mettre en place.

Michel CHAUVET présente le dernier livre publié par le Bureau des Ressources génétiques "Stratégie mondiale de la Biodiversité".

Aux questions posées sur le devenir des programmes envoyés suite à l'appel à proposition de recherche de la SFS, Thierry BOURGOIN souligne que ce sera l'objet d'un futur comité, la SFS, pour sa part, fera le bilan des propositions reçues dans le prochain bulletin.

Thierry BOURGOIN
Secrétaire Général 1993-1994

RAPPORT FINANCIER DE LA S.F.S. POUR LA PÉRIODE DU 1ER JANVIER 1992 AU 31 DÉCEMBRE 1993

31.XII. 1992 Solde CCP : 11.466,25
Livret C.E. : 83.698,00

	RECETTES	DÉPENSES
Cotisations	45.350,00	-
Journées SFS 1993	38.855,00	24.797,63
Dépot-vente livres	-	18.900,00
Achat livres	-	4.778,99
Vente Biosystema	-	36.210,00
Dons & Divers	4.507,70	-
Frais postaux	-	5.68,60
Reprographie	-	46.278,50
Voyages	-	2.200,00
Equipement informatique	-	7.116,51
Divers fonctionnement	-	4.521,94
Versement L.C.E.	20.000,00	-
Total	108.712,17	145.372,17
Bilan		- 36.660,00

31.XII. 1993 Solde CCP : 92.509,61
Livret C.E. : 71.014,89
(versement ICZN le 31 déc. 1993 : 50 000)

Odile PONCY
Trésorière 1992-1993

L' APPEL A PROPOSITIONS DE RECHERCHE EN SYSTÉMATIQUE DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

L'appel de la Société, lancé en mai, a deux objectifs : l'évaluation des forces de recherche en systématique, quasiment impossible dans un système de fonctionnement de la recherche où notre discipline n'est pas identifiée en tant que telle ; et l'évaluation des moyens qui permettraient aux forces existantes d'exercer leur activité dans des conditions et avec des résultats satisfaisants. Ces données, synthétisées ici, permettent dans un premier temps aux membres du conseil de la société de mieux représenter aux décideurs les besoins et le potentiel réel de la systématique en France, sous la forme de propositions d'actions.

Cette initiative a été un succès, puisque le secrétariat de la société a reçu en tout 143 réponses. Cent vingt-et-une d'entre elles, impliquant au total environ 350 chercheurs statutaires ou allocataires de recherche, émanent de chercheurs professionnels ou d'enseignants-chercheurs (85%). Les résultats de l'enquête sont donc probablement significatifs du potentiel de recherche professionnelle en systématique au niveau national, bien que de toute évidence les chercheurs appartenant à des unités de recherche relativement bien pourvues aient peu ou pas répondu.

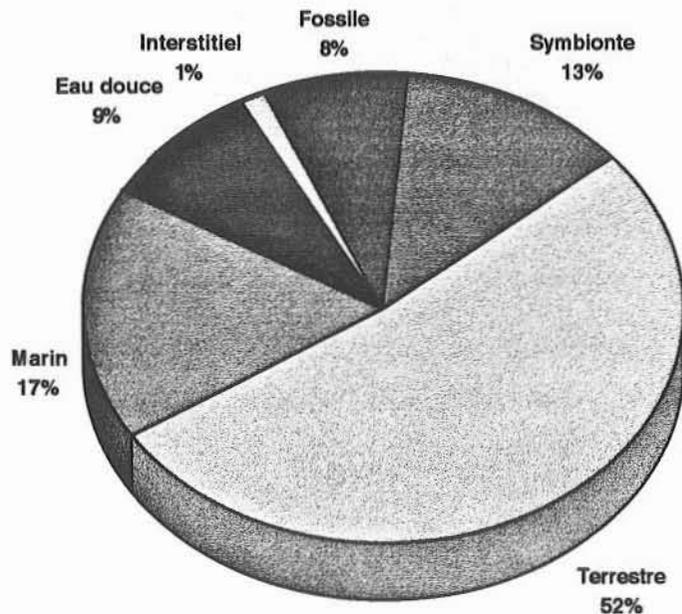
Où sont les systématiciens?

De ces 121 réponses, 54 émanent des universités (dont 24 de formations associées au CNRS), et 42 émanent du Muséum national d'Histoire naturelle (dont 17 de formations associées au CNRS). Les autres proposant appartiennent à l'INRA (11), à l'ORSTOM (6), à des formations propres du CNRS (4), à l'IFREMER (3), au CIRAD (2) et à l'EPHE (2). Cinquante-quatre propositions (44%) incluent une collaboration avec des chercheurs appartenant à un autre organisme français que celui du proposant, et cinquante-six (46%) impliquent une collaboration internationale : 24 avec des pays européens, 14 avec l'Afrique y compris l'Afrique du nord et Madagascar, 4 avec l'Amérique du Nord, 4 avec l'Amérique du Sud, 5 avec l'Asie, 2 avec l'Australie.

Quels sont les taxons étudiés?

- Répartition par milieu (fig.1)

Terrestre :	75	Marin :	25
Symbiote :	18	Eau douce :	13
Interstitiel :	2	Fossile :	11



- Répartition taxinomique
(fig. 2)

Metazoaires, 79 :

Tous métazoaires : 5

Arthropoda : 37, dont :

3 Acari,

7 Crustacea

18 Hexapoda

(dont 2 Collembola)

Vertébrés : 19, dont :

5 tous vertébrés

5 Mammifères

3 "Reptiles"

2 Amphibiens

3 "Poissons"

1 Oiseaux

Tuniciers : 1

Echinodermes : 1

Brachiopodes : 1

Phoronida : 1

Mollusca : 5

Annelida : 2

Nematoda : 3

Platyhelminthes : 1

Cnidaria : 1

Porifera : 2

Métaphytes, 30 :

Toutes plantes : 12

Angiospermes : 10

Gymnospermes : 1

Algues : 1

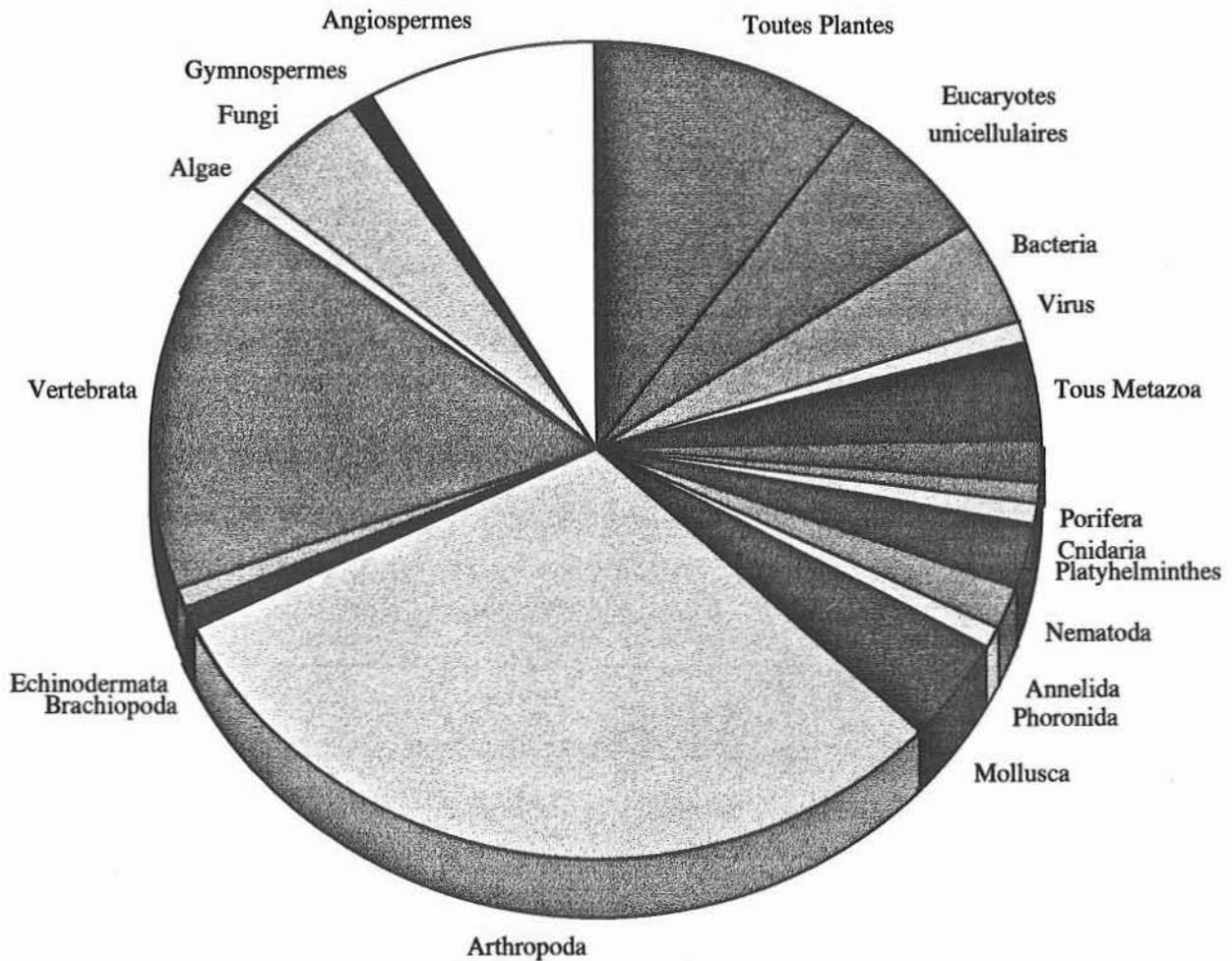
Fungi : 6

Eucaryotes unicellulaires : 7

Procaryotes, 6 :

Bacteria : 5

Virus : 1



Les missions de SA 2000

Par rapport aux missions de Systematic Agenda 2000, les projets dont l'inventaire est l'objectif principal sont la majorité : 74 (61%), dont dix-neuf impliquent secondairement la reconstruction des phylogénies, huit mettent en oeuvre des techniques moléculaires, et quatre seulement font appel explicitement à des moyens informatiques originaux. Neuf programmes seulement proposent l'inventaire d'une partie de la faune ou de la flore de France, et parmi ceux-ci un seul projet manifeste une volonté d'exhaustivité (Mollusques marins). Les six flores tropicales éditées en France (par le Muséum) représentent un cas particulier par la longueur du programme proposé, de dix à vingt-cinq ans - durée que les réalisations antérieures permettent de juger tout à fait réaliste.

Trente sept projets (30%) ont pour objectif principal la production de classifications prédictives et l'analyse de l'évolution par la reconstruction phylogénétique. Vingt-deux de ceux-ci sont fondés sur l'utilisation de techniques moléculaires, contre dix fondés sur l'utilisation exclusive des caractères morphologiques; neuf affichent explicitement un objectif biogéographique.

Neuf projets seulement ont pour objectif principal l'organisation et la mise à disposition des connaissances taxinomiques par des moyens informatiques, mais aucun n'envisage les moyens de distribution (le Secrétariat Faune et Flore n'a pas répondu). Seuls quelques projets (flores, faunes marines profondes) prennent en compte les coûts de publication sur papier. Il convient enfin de remarquer que aucun projet ne prend en compte le coût de la gestion matérielle des collections engendrées par les projets de recherche.

Moyens demandés

Les demandes en personnel sont assez peu nombreuses : en tout 18 chercheurs et 12 IATOS, soit moins de 10% du personnel statutaire impliqué dans les projets.

Les demandes financières sont précisées dans 112 projets, dont la durée est également précisée dans 57 cas (un certain nombre de ceux qui n'expriment pas de demande financière précisent que les moyens de leur projet sont disponibles, et il en va évidemment de même pour la plupart de ceux, connus de moi-même, qui n'ont pas répondu du tout). Flores exceptées, ces demandes représentent au total 12,3 MF pour une durée

moyenne de 2,8 années, ce qui correspond à une demande financière moyenne approximative de 40KF/an pendant trois ans. Les projets d'inventaire exhaustif (Mollusques marins et Flores) ont un coût annuel estimé à peu près double, soit de l'ordre de 80KF/an auquel doit être ajouté le coût de publication (ca. 70KF/fascicule pour les flores). Les flores se distinguent par la durée des projets (10 à 25 ans).

Quelques conclusions et propositions qui n'engagent que leur auteur

Si l'on admet la sur-représentation anthropocentrique traditionnelle des Vertébrés, on n'observe que peu de distorsions majeures entre la répartition des projets par milieux et par taxons et la richesse spécifique estimée de ceux-ci. Le milieu marin est légèrement sous-représenté. La sous-représentation importante des Arthropodes est inévitable, et l'absence de groupes mineurs n'apparaît pas particulièrement préoccupante dans la mesure où il est hors de question qu'une communauté de 350 chercheurs révise l'ensemble du monde vivant ; peut-être même, compte tenu des moyens en personnel limités au niveau national, les projets sont-ils encore trop dispersés pour une efficacité maximale. La sur-représentation relative des Angiospermes (350.000 espèces vs. plusieurs millions d'espèces d'insectes) est justifiée par leur importance écologique et économique. Les groupes notablement sous-représentés par rapport à leur richesse estimée sont avant tout les algues (1 projet !), et peut-être les Nématodes et les Acariens ; il est de plus difficile de se faire une opinion sur les besoins en ce qui concerne les champignons et les procaryotes.

Les moyens financiers demandés apparaissent éminemment raisonnables, et le coût moyen des demandes hors personnel et infrastructures (40KF/an) est si proche de ce qu'il apparaît réaliste d'obtenir qu'on peut se demander s'il ne traduit pas le professionnalisme des demandeurs plus que les besoins réels. En tout état de cause, considérant qu'il est hors de question de satisfaire toutes les demandes et que des projets engagés, tels que les Services communs de Biosystématique, doivent être poursuivis, on peut estimer qu'un budget de fonctionnement de l'ordre de 5MF/an serait prêt de saturer nos possibilités de développer des programmes de recherche en systématique. Les moyens en personnels demandés sont, à mon avis, trop modestes, notamment en ne prenant pas en compte les problèmes de formation et les problèmes de gestion des banques de données, y compris les

collections; car si les moyens en personnel demandés permettent de mener à bien les projets limités envisagés, il faut aussi prévoir au-delà le maintien des compétences par une vingtaine d'allocations de recherche par an, ainsi que la gestion des collections et des données.

Quelques projets mis à part (faunes marines profondes, Nouvelle-Calédonie ...) les projets d'inventaire apparaissent très peu coordonnés, alors que le potentiel existe pour des regroupements importants, de plus de dix chercheurs, sur la Guyane, l'Afrique tropicale, Madagascar et l'Asie du sud-est ; mais pour cela il est indispensable que chacun accepte d'adapter son projet à une finalité acceptable par tous, et avant tout par les bailleurs de moyen (à commencer par nos tutelles respectives). La quasi-absence de projet sur la faune et la flore de France est aussi étonnante que préoccupante, compte tenu des besoins de gestion de l'environnement au niveau national et européen: si un début de structure de gestion des inventaires existe avec le Secrétariat Faune et Flore, il va de soi que celui-ci n'est en lui-même pas producteur de données primaires, ni gestionnaire de collections d'objets. Les données devraient lui être apportées par la communauté scientifique si celle-ci veut éviter de voir le terrain occupé par des non-scientifiques ; mais compte tenu de l'absence d'intérêt apparent de notre communauté, il est clair qu'un effort incitatif important est nécessaire.

Alors que les chercheurs français semblent prendre en compte le problème de la production de classifications prédictives et que le message de la phylogénétique moderne semble reçu, il est également préoccupant de voir aussi peu de projets prendre en compte l'organisation et la diffusion des connaissances systématiques. L'importance de la maîtrise des connaissances taxinomiques pour la gestion de la biodiversité a été maintes fois soulignées, depuis la convention de Rio jusqu'aux réunions de notre société, et nous devons absolument nous préoccuper de cet aspect de notre production ; faute de quoi nous

pouvons craindre : d'une part, l'exploitation de nos résultats par d'autres qui en apparaîtront les producteurs vis-à-vis de la société sans bénéfice en retour pour nous-même ; d'autre part, et plus gravement, la disparition progressive de la systématique en France, faute d'une visibilité qui convaincrat les politiques et les acteurs économiques de son utilité.

En conclusion, cette analyse m'amène à proposer les lignes d'action traduites par les propositions suivantes, qui me semblent réalistes dans le contexte français et européen:

- création d'un budget récurrent de l'ordre de 5MF/an, en plus des moyens actuels, pour le développement de projets de recherche en systématique, dans le cadre des programmes sur la biodiversité ; ce budget pourrait être réparti en 40% pour les actions d'inventaire, 30% pour la production de classifications prédictives et notamment les services communs de biosystématique, et 30% pour l'organisation, la gestion et la diffusion des données.
- affectation de vingt allocations de recherche par an dans le même cadre.
- profil en systématique des nombreux emplois de chercheurs et enseignants-chercheurs zoologistes et botanistes libérés par départ en retraite dans les prochaines années.
- forte action incitative pour l'inventaire de la faune et de la flore françaises, dans un cadre européen.
- forte action incitative pour la gestion des données et des collections, avec priorité à la diffusion des données de la systématique par tous les moyens que permet la technologie moderne.

Simon TILLIER
MNHN-BIM & Malacologie

COMPOSITION DU BUREAU DE LA SFS POUR L'EXERCICE 1994-1995

Lors de sa réunion du 30 septembre 1994, le conseil de la SFS élit à l'unanimité le bureau suivant pour l'exercice 1994-1995 :

Président : Daniel GOUJET
Vice-présidents : Jean-Pierre Hugot, Pascal TASSY
Secrétaire général : Thierry BOURGOIN
Trésorière : Odile PONCY
Secrétaire général adjoint-Biosystème : Hervé LELIÈVRE
Trésorière adjointe : Christiane DENYS

LIMITES ET PRECAUTIONS METHODOLOGIQUES DES PHYLOGENIES MOLECULAIRES

Suite à l'introduction générale que l'on m'a demandé de faire pour la journée des services de Systématique moléculaire, qui s'est tenue le 14 Septembre 1994 à l'occasion des dix ans de la Société Française de Systématique, plusieurs collègues m'ont suggéré de reproduire dans ce bulletin un transparent humoristique. Il ne peut figurer ici sans commentaires. En effet, j'ai parfois un peu forcé le trait afin de stimuler la réflexion : il convient donc d'en nuancer quelques aspects caricaturaux. Par ailleurs, ce texte n'est pas le résumé de mon intervention, il n'en contient que certains éléments.

Un collègue de Montpellier dit un jour, lors d'un symposium : "les phylogénies moléculaires, ça roule !". Il semblait ignorer les pièges et les problèmes irrésolus liés à cette pratique de la Biologie comparative. J'ai donc voulu résumer celle-ci (la voiture), en restant sur un plan très général, et soulever quelques problèmes qui pouvait l'empêcher de rouler (les clous). Mais voyons d'abord le véhicule.

LE CARBURANT

Le carburant est constitué par les séquences brutes (acides nucléiques ou acides aminés), qui peuvent être exploitées de différentes manières. Ainsi on peut distinguer deux grands types de combustion du carburant : d'une part les *données structurales*, et d'autre part les *mesures d'interactions entre molécules*.

Les *données structurales* sont des structures moléculaires identifiées : il s'agit de la séquence d'un gène ou d'une protéine donnée, chaîne dont le séquençage a permis d'identifier chacun des maillons. Les séquences font fonctionner le moteur.

LE MOTEUR

L'alignement des séquences obtenues chez différentes entités biologiques (espèces, sous-espèces, populations, etc.) pose l'hypothèse d'homologie primaire (de Pinna, 1991). Il s'agit à la fois du moteur, de la transmission, et de la direction du véhicule. Si l'alignement change, le véhicule nous emmènera vers d'autres horizons phylogénétiques. Poursuivant cette analogie, signalons qu'il s'agit du premier véhicule dans lequel nous n'avons pas à tenir le volant nous-mêmes, du moins pas directement. Tout est dans

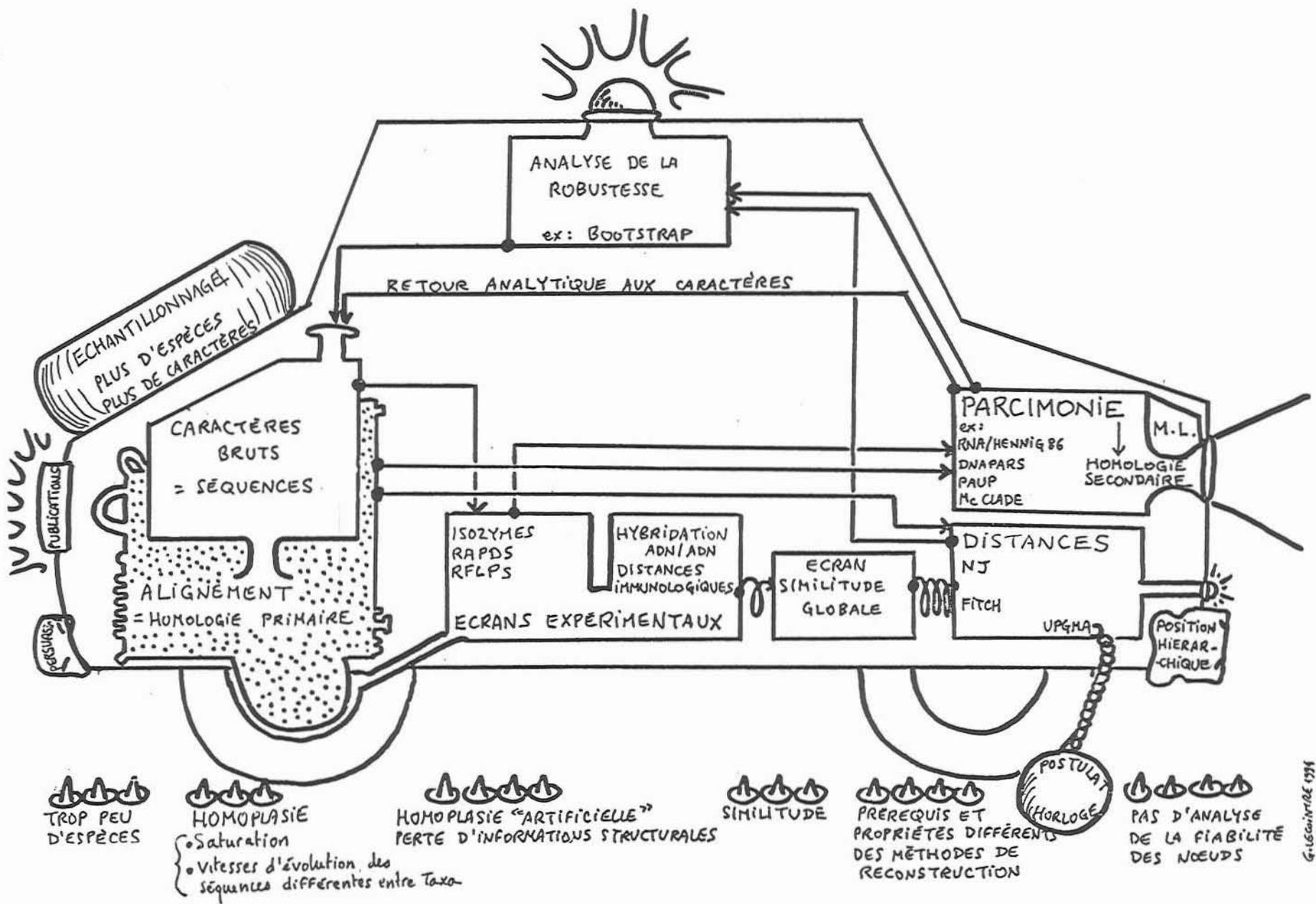
ce dernier mot, qui nous renvoie au vieux débat qui consiste à savoir si les scientifiques trouvent ce qu'ils ont plus ou moins consciemment décidé de trouver ou s'ils explorent des contrées de la connaissance réellement inconnues et imprévisibles (Gould, 1985). Mais revenons à l'alignement. Sur une séquence seule, c'est à dire non alignée, le caractère se confond avec son état. Sur une séquence alignée avec d'autres, le site (la position dans la séquence) est traité comme un caractère dont les états sont les différents nucléotides ou acides aminés trouvés à cette position. Chacun des caractères étant identifié, celui qui se soucie autant de l'évolution de ces caractères que du résultat phylogénétique qu'ils fournissent pourra rester de bout en bout en prise directe avec ceux-ci. Ceci n'est pas possible si l'on utilise l'autre type de combustion du carburant.

LES MESURES D'INTERACTION ENTRE MOLECULES ET SES ECRANS EXPERIMENTAUX

Les *mesures d'interactions entre molécules* constituent le second type de combustion et correspondent à une exploitation/consommation indirecte du carburant. Il s'agit de mesurer expérimentalement la force d'interaction entre deux molécules appartenant à deux organismes différents. La mesure expérimentale de cette force donne une *distance* entre les deux espèces. Ce qui lie deux espèces ne sont plus des caractères identifiables mais une abstraction traduisant un *indice de similitude globale*.

Techniques aboutissant à des distances expérimentales

La technique d'hybridation des ADN monocaténaires postule que la température de dissociation de l'hétéroduplex (ADN simple brin d'une espèce hybridé à l'ADN simple brin d'une autre espèce) est une mesure de la similitude globale entre séquences uniques de deux génomes. Les techniques immunologiques postulent que la force du complexe anticorps d'une espèce-antigène d'une autre espèce est une mesure de la similitude moléculaire entre deux espèces. Ici, "l'écran expérimental" signifie que l'on est loin de l'identification des structures responsables des interactions mesurées.



TROP PEU D'ESPÈCES

HOMOPLASIE
 • Saturation
 • vitesses d'évolution des séquences différentes entre Taxa

HOMOPLASIE "ARTIFICIELLE"
 PERTE D'INFORMATIONS STRUCTURALES

SIMILITUDE

PREREQUIS ET PROPRIÉTÉS DIFFÉRENTS DES MÉTHODES DE RECONSTRUCTION

PAS D'ANALYSE DE LA FIABILITÉ DES NOEUDS

1994 30/11/09 11:19

Techniques fournissant des caractères discrets

D'autres types de données fournissent des variants moléculaires discrets identifiables à partir d'interactions entre molécules, et ne conduisent pas nécessairement au traitement de distances. L'étude des isozymes (variants électro-phorétiques d'une protéine donnée) consiste à détecter des mutations dans la séquence d'une enzyme à travers les variations de sa charge électrique. Bien entendu, on est loin de détecter tous les changements (seulement un tiers selon Lewontin, 1986). Les variants d'amplifiats obtenus par les "Random Amplification of Polymorphic DNA" résultent de l'hybridation d'un cocktail de sondes donné sur des génomes que l'on veut comparer. Des différences de profils traduisent des différences dans les séquences-cibles. L'exploitation phylogénétique de ces données est discutable, dans la mesure où un fragment amplifié d'une taille donnée trouvé chez deux taxa ne signifie pas homologie des séquences contenues. Cette réserve est d'autant plus justifiée que le nombre de fragments amplifiés est grand (ce qui est presque toujours le cas). Le "Restriction Fragment Length Polymorphism" se réalise selon le même principe, à savoir que le changement d'un profil de restriction d'un taxon à l'autre traduit une ou des différence(s) dans la séquence-cible de certaines enzymes de restriction. Dans tous les cas, l'information n'est pas tirée de la structure ultime du matériel génétique, mais d'un reflet de ces structures situé à un niveau d'intégration supérieur, fourni par l'action d'un agent révélateur (champ électrique, enzyme de restriction, cocktail de sondes). L'imperfection de cet agent tient à son niveau d'intégration : il ne nous permet pas de détecter toutes les différences génétiques entre taxa, et il peut éventuellement produire des artefacts. C'est ce que j'appelle un peu abusivement "homoplasie artificielle", car elle résulte de l'imperfection des outils. Par exemple, les distances obtenues à partir d'hybridation des ADN monocaténares ou les distances immunologiques peuvent ne pas être symétriques (dAB différent de dBA). En revanche, quelle que soit l'efficacité de la technique de séquençage, les nucléotides d'une séquence convenablement vérifiée ne peuvent être autres que ce qu'ils sont. Ce truisme signifie que l'homoplasie trouvée n'est pas du type précédent. Elle est en revanche liée à l'échantillonnage taxinomique, à la vitesse d'évolution de la molécule qui peut être inadéquate au problème posé ("saturation"), ou à des différences de taux d'évolution des séquences entre taxa.

LES FEUX AVANT

Les mesures expérimentales de la similitude (hybridation des ADN monocaténares, distances immunologiques) ont un écran obligatoire supplémentaire, celui de la similitude globale, responsable de presque 30 ans de polémiques entre phénéticiens et cladistes. Les autres techniques, fournissant des caractères discrets, tout comme les séquences alignées, peuvent faire l'objet d'un traitement phylogénétique par une méthode de parcimonie, par une méthode dite du "maximum de vraisemblance" (ML), ou par une technique de distances. Ces dernières ont déjà fait l'objet de nombreuses critiques quant à leur utilisation à des fins phylogénétiques. En cela, elles éclairent nos horizons phylogénétiques autant que des feux de position peuvent le faire.

En revanche, la méthode de parcimonie, par la possibilité du retour au caractère, possède les capacités des pleins phares. Vous souriez : je vous avais prévenu, cette caricature est quelque peu abusive. En pratique, sur de nombreuses bases de données, un logiciel de distances comme Neighbor Joining fournit des résultats comparables à ceux de la parcimonie. Mais chacun trouvera ce qu'il veut dans le mot "comparable". Les distances seront ici surtout critiquées du point de vue du retour analytique aux caractères.

En effet, une procédure de parcimonie permet de révéler les synapomorphies aux noeuds, c'est-à-dire l'homologie secondaire de de Pinna (1991). Elles sont les seules homologies valides. Les distances ne le permettent pas. Du moins pas directement. En effet, des collègues de mauvaise foi (ils se reconnaîtront) argueront que l'on peut toujours plaquer les états des caractères dans un arbre de distances. Par ce moyen, on récupère des "synapomorphies" aux noeuds de l'arbre.

Premièrement, on ne voit plus l'utilité de passer par une procédure de distances si l'on s'intéresse aux caractères. Cependant, les mêmes collègues vanteront un gain de temps-calcul non négligeable. Ce prétexte n'est plus valable depuis l'existence du nouveau logiciel de James Farris, RNA (distribué pour la France par Daniel Goujet) dont la rapidité d'exécution dépasse celle de tous les logiciels de parcimonie préexistants.

Deuxièmement, une telle procédure est vicieuse : il faudrait interpréter l'évolution des caractères (sites) à partir d'une topologie qui ne les a pas pris en compte individuellement pour son établissement (lecture "verticale" des séquences),

mais qui se serait servi de la similitude globale (lecture "horizontale" des séquences : une distance pour chaque couple de taxa). Or, compte tenu du fait que les logiciels de parcimonie et de distances ne donnent pas tout-à-fait les mêmes arbres à partir d'une même base de données (voir ci-dessous), une telle procédure conduirait à interpréter l'évolution des sites (lecture verticale des séquences) selon une topologie dont les artefacts sont dûs en partie à une lecture horizontale (la similitude globale), et surtout, une topologie différente de celle qui aurait été directement obtenue par procédure de parcimonie. Ainsi, par ce moyen, un changement d'état se trouverait plaqué à un noeud de l'arbre de distances sans pouvoir provoquer l'apparition de ce même noeud dans un arbre de parcimonie.

Parce que la lecture des données est fondamentalement différente, distribuer les états de caractères sur une topologie obtenue à partir de distances n'a pas de sens. Une analyse phylogénétique saine, c'est-à-dire transparente, considère de bout en bout les caractères (les sites) individuellement. En matière d'analyse de l'évolution des caractères utilisant un arbre préexistant ("character mapping"), *ce n'est pas la nature des caractères qui a de l'importance, l'est la philosophie qui sous-tend l'arbre de référence.* Une approche philosophique cohérente de la phylogénie consiste à plaquer des caractères (quelle que soit leur nature) sur un arbre qui résulte de la congruence directe de caractères, et non de distances. Ainsi, on plaquera des caractères morphologiques sur une phylogénie moléculaire obtenue par parcimonie, mais on ne plaquera aucun type de caractère sur un arbre de distances.

"Les méthodes de parcimonie doivent être préférées chaque fois que cela est possible" : Tassy (1991) souligne que cette recommandation fut faite par Walter Fitch lui-même, l'un des auteurs de méthodes de distances les plus connus. Effectivement, on évitera tant que possible d'utiliser le concept de distances, pour les raisons évoquées plus haut, mais aussi parce que l'on considère, du point de vue de l'Histoire de la Biologie comparative, que l'analyse hennigienne des caractères est un indéniable progrès par rapport à l'utilisation de la similitude globale. Cette attitude intellectuelle a donc des fondements techniques, historiques et scientifiques (Hull, 1988 ; Tassy, 1991), et ne résulte pas d'un "refus de l'abstraction", comme certains veulent trop facilement le croire.

DE CEUX QUI ROULENT EN FEUX DE POSITION

Je me suis souvent demandé pourquoi les "molécularistes" utilisaient encore tant de logiciels de distances, tandis que ceux-ci ont complètement disparu des analyses phylogénétiques à partir de caractères morphologiques. Le défaut du morphologiste, encore aujourd'hui et surtout en France, serait plutôt de ne pas produire d'analyse cladistique, c'est-à-dire de travailler encore au "feeling" (poids des hypothèses inconnu du lecteur, pas de matrice de données, aucun test accessible, Science d'autorité). Le défaut du moléculariste est d'utiliser encore trop les distances, c'est-à-dire ses feux de position pour avancer dans le brouillard.

La première raison pourrait être historique : les premières phylogénies moléculaires sont apparues dans la seconde moitié des années soixante, époque de "contestation phénétique" (Tassy, 1991) où celle-ci était déjà passée de la théorie (Sokal et Sneath, 1963) à la pratique algorithmique. La seconde raison pourrait tenir à la nature des caractères. Un caractère morphologique est à un tel niveau d'intégration qu'il offre un intérêt en soi. L'arbre le plus parcimonieux révèle le sens de la transformation de ses différents états, donne son degré de labilité (convergences, réversions...). C'est déjà apprendre beaucoup sur son mode d'évolution ! L'arbre le plus parcimonieux donne le même type d'information pour les caractères moléculaires, mais on s'intéresse moins à l'évolution de ces derniers, sans doute en raison de leur pauvreté structurale. En effet, le changement d'une guanine en adénine à une position donnée de la séquence de telle(s) espèce(s) ne nous offre rien de plus que le simple témoignage d'une parenté, en absence d'informations provenant d'un autre niveau d'intégration. Ainsi, la majorité des phylogénies moléculaires ne produisent pas de retour au caractère. Ceci est regrettable car la structure secondaire et/ou tertiaire d'une molécule influence l'évolution de sa séquence linéaire, et le retour au caractère peut nous éclairer sur les modalités d'évolution de ces structures. De telles études serviraient à établir des règles de pondération de certains types de mutations. Ce secteur est encore insuffisamment exploré. En somme, le retour analytique sur les caractères moléculaires est loin d'être inintéressant, d'où l'utilité d'employer les meilleurs outils pour le produire, c'est-à-dire une procédure de parcimonie.

LE GYROPHARE

L'analyse de la robustesse des phylogénies moléculaires est le gyrophare du véhicule : elle sert à être bien vu (dans tous les sens du terme).

Avec les phares, elle contribue à l'éclairage des zones inconnues explorées. Prenons le cas du bootstrap (Felsenstein, 1985), qui est très utilisé. Cette procédure tente, à travers un rééchantillonnage avec remise des caractères, de limiter l'aspect arbitraire de l'échantillonnage d'une base de données, mais surtout de fournir pour chaque noeud de l'arbre un indicateur de robustesse. Plus les synapomorphies pour un noeud donné sont nombreuses, plus elles auront de chances d'être tirées lors des rééchantillonnages, et plus le noeud apparaîtra parmi les multiples arbres obtenus des multiples bases de données rééchantillonnées. Le résultat est présenté sous forme d'un arbre de consensus majoritaire, où chaque noeud est doté de son pourcentage d'apparition parmi ces multiples arbres.

Beaucoup considèrent que le simple nombre de synapomorphies soutenant un noeud est déjà en soi un indicateur de sa robustesse. Pierre Darlu a montré (données soumises pour publication) qu'il existait une relation asymétrique entre nombre de synapomorphies ("longueur de branche") et valeur de bootstrap. En effet, si un grand nombre de synapomorphies pour un noeud se traduit toujours par une forte valeur de bootstrap (et heureusement !), en revanche une forte valeur de bootstrap ne correspond pas nécessairement à un grand nombre de synapomorphies au noeud concerné. Reste à explorer précisément le facteur responsable de l'existence d'une forte valeur de bootstrap en absence d'un nombre "proportionné" de synapomorphies. Ici encore, celui qui reste attaché à l'analyse des caractères n'est pas sensible à l'argument statistique du bootstrap et préfère analyser la robustesse en termes de nombre de synapomorphies. Le bootstrap ne lui semblera pas utile, et même pernicieux puisqu'il n'y a pas de relation symétrique nombre de synapomorphies/valeur de bootstrap. On trouve dans cette catégorie la grande majorité des morphologistes (cladistes), pour des raisons déjà évoquées.

Celui qui s'intéresse plus aux propriétés statistiques de son inférence qu'aux caractères (cas des "molécularistes") préférera un indicateur de robustesse chiffré, jugé alors plus pratique, surtout lorsqu'il s'agit par la suite de tester/comparer des robustesses. Quelle que soit

la forme sous laquelle on la produit, l'analyse de la robustesse d'une phylogénie est capitale car elle évite les faux conflits phylogénétiques. Il y a réellement conflit lorsque deux bases de données aboutissent à deux noeuds contradictoires robustes.

LES RISQUES DE CREVAISON

Le réductionnisme des échantillons

Trop peu d'espèces conduit à des phylogénies fausses et fortement soutenues par les valeurs de bootstrap. Ceci a été entrevu dans Lecointre *et al.* (1993) et clairement démontré par Philippe et Douzery (1994). Il se trouve que les arbres à 4 espèces sont excessivement sensibles à l'artefact d'attraction des branches longues. La moindre différence de taux de mutations entre deux séquences comparées provoque un appariement robuste des deux taxa aux taux les plus proches, et ceci bien entendu n'a rien à voir avec la parenté. Ainsi, des topologies contradictoires sont soutenues avec de très fortes valeurs de bootstrap selon les espèces que l'on a choisi pour représenter chacun des 4 taxa. Ajouter beaucoup d'espèces à un échantillonnage moléculaire fait le plus souvent chuter les valeurs de bootstrap (Sanderson, 1989 ; Stock *et al.*, 1991a, b). Cependant, Hervé Philippe (données soumises pour publication) montre que l'ajout d'espèces ne fait pas nécessairement chuter les valeurs de bootstrap si les données sont "filtrées", c'est-à-dire que les sites susceptibles d'être saturés en mutations sont ôtés (troisième position des codons pour les gènes codants).

L'homoplasie

L'homoplasie est présente dans toutes les bases de données et il serait illusoire de prétendre s'en affranchir. On ne peut que la gérer ou en limiter les effets ("filtre" précédent). Elle peut être due à la vitesse inadéquate de mutation de certains sites par rapport à l'âge des noeuds inférés, d'où "saturation" en mutations. L'identité de deux nucléotides ou acides aminés n'est plus le reflet d'une parenté mais le retour par hasard à un même état pour les espèces en présence. Elle peut être due également à de trop grandes différences entre taux de mutations des taxa comparés. Il y a aussi l'homoplasie "artificielle" provenant de la déformation du "signal" phylogénétique par les écrans expérimentaux cités plus haut, c'est-à-dire provenant du masquage des structures par des mesures d'interactions entre molécules.

Les prérequis et propriétés des méthodes de reconstruction

Un autre risque réside dans les propriétés différentes entre méthodes de reconstruction, ou par l'ignorance des prérequis de ces méthodes. Par exemple, les méthodes de distances sont connues pour répartir les effets de l'homoplasie de manière plus uniforme dans les arbres tandis que les méthodes de parcimonie "réagissent" plus localement, c'est-à-dire montrent des topologies aberrantes très localisées. En quelque sorte, les distances "diluent" mieux les effets de l'homoplasie sur la topologie. Un autre écueil réside dans l'ignorance des présupposés exigés par une méthode donnée. Il m'est encore récemment arrivé de voir la méthode "UPGMA" utilisée sans aucune information au sujet du tempo d'évolution des caractères exploités. Le postulat de l'horloge moléculaire pèse d'autant plus lourd que cette hypothèse est de plus en plus souvent infirmée (Li, 1993) et sert aujourd'hui plus en tant qu'outil heuristique (en tant qu'hypothèse nulle) qu'autre chose. Si l'on veut absolument passer par des distances, il vaut mieux utiliser NJ, qui ne requiert rien quant au rythme d'évolution des caractères.

COMMENT EVITER QUELQUES CLOUS

Les règles suivantes, dès le départ, permettront d'éviter quelques clous. Premièrement, au début du programme phylogénétique, si aucune séquence du gène d'intérêt n'est disponible, il faut mener une étude-pilote. Il s'agit de séquencer un minimum d'espèces dans les lignées les plus extrêmes de l'ingroup (lignée la plus précoce, puis une autre), et de préférence deux par lignée. La comparaison des séquences montrera le niveau de variabilité des sites et donc leur aptitude à fournir des états discriminants à l'intérieur de l'ingroup. Ce "conseil" peut paraître trivial, mais on a vu encore récemment des personnes apprendre après deux ans de séquençage intensif que leur base de données était saturée en mutations et que rien ne pouvait être résolu. Deuxièmement, on utilisera une procédure de parcimonie. Par la suite, on gardera à l'esprit que robustesse n'est pas synonyme de fiabilité. Il faudra se méfier des arbres à 4 espèces même s'ils sont robustes, et éviter tout bonnement de chercher à les produire, donc utiliser plus (bien plus) de 4 espèces pour répondre à une question. Il faut utiliser plusieurs extra-groupes inclusifs en même temps. Enfin, lorsque cela est possible, il faut tenter de filtrer les données.

LES ROUES DE SECOURS

La plupart des ces crevaisons peuvent être réparées grâce aux roues de secours. Les meilleures sont une augmentation conjointe du nombre de taxa et du nombre de caractères. Si vous voulez constituer une telle base de données de séquences, vous devez être riche et avoir de la main d'oeuvre. En effet, le séquençage est coûteux en temps et en argent, et la publimanie envahissante fait pression. Faire au plus court, c'est-à-dire séquencer "court" pour un minimum d'espèces conduirait à une irrésolution probable. Bien entendu, tout dépend ici du contenu en homoplasie de la base de données (en d'autres termes, de la bonne ou mauvaise congruence de ses caractères). Séquencer court un gène de qualité identique pour beaucoup d'espèces conduirait à une irrésolution certaine. Séquencer très long pour le minimum d'espèces (4 espèces) fournit des phylogénies qui peuvent être robustes mais pas fiables, en raison de l'artefact d'attraction des branches longues. En somme, lorsque l'on pose la question: "faut-il mieux séquencer plus d'espèces ou plus long ?", la réponse serait: "les deux".

Mais une réponse qui correspondrait mieux aux attentes de l'interlocuteur serait -pour l'instant- qu'il vaut mieux commencer par séquencer beaucoup d'espèces, puis allonger ensuite les séquences en fonction de la robustesse de certains noeuds, choisis à l'aide d'outils informatiques adéquats (Philippe, 1993; Lecointre *et al.*, 1993; 1994). En effet, ces auteurs proposent une solution pragmatique pour la gestion des deux paramètres d'échantillonnage "longueur des séquences" et "nombre d'espèces". Le premier conseil est de ne pas chercher à tout résoudre lorsqu'on lance un programme phylogénétique. Il faut le lancer avec le maximum d'espèces disponibles, ce qui améliorera la fiabilité de la phylogénie obtenue mais pas nécessairement sa robustesse, en tout cas pas celle de tous ses noeuds. Il faut donc s'attendre à trouver et accepter de faibles valeurs de bootstrap, ou des valeurs moyennes. Le second conseil serait de pratiquer (à l'aide de MUST, Philippe, 1993) le jackknife de sites (par exemple comme dans Lecointre *et al.*, 1994) et d'obtenir les diagrammes des valeurs de bootstrap en fonction du nombre de sites informatifs, qui permettront de repérer les noeuds dits "prometteurs". En effet, parce que l'analyse de la robustesse est plus fine par ce moyen qu'avec les simples valeurs de bootstrap reposant sur l'ensemble des données, on pourra détecter des noeud dont la valeur de bootstrap est inférieure à 95%, mais qui pourront devenir robustes avec plus de séquences. Un

certain nombre de ces noeuds prometteurs pourront déjà être considérés comme robustes. A l'aide des mêmes outils, on pourra éventuellement pratiquer l'inférence du nombre de nucléotides requis pour la résolution d'un certain nombre de noeuds prometteurs. Alors, laissant de côté les noeuds dont une robustesse acceptable demanderait un effort de séquençage irréalisable, on pourra allonger les séquences de chaque espèce en fonction de ce que nécessitent un nombre limité de noeuds prometteurs. Cette dernière étape ne peut être jugée nécessaire qu'au cas par cas.

CONCLUSION

Sans prétendre avoir survolé l'exhaustivité des problèmes, j'ai tenté avec la plus parfaite partialité d'exposer au non-moléculiste quelques points de discussion actuellement ouverts en phylogénie moléculaire, et qui m'intéressent plus particulièrement (par exemple, à propos de l'utilisation du bootstrap ou de la pertinence des

échantillonnages taxinomiques). J'ai aussi soulevé des points de non-discussion -je devrais dire des dialogues de sourds-, concernant l'utilisation des distances. Il s'agit de vieilles discussions récurrentes, mais le sujet est fondamental : comme le signale Tassy (1991), il touche l'éternel problème de la définition de la ressemblance, "depuis la perception des problèmes par Darwin et la découverte des moyens de les résoudre par Hennig". Il me reste à vous souhaiter bonne route. Encore quelques petits conseils avant de partir : que vous rouliez, selon vos crédits, en Twingo ou en Jaguar, il faut mettre le carburant adéquat et ne jamais tenter de "gonfler" le moteur. En d'autres termes, alignez vos séquences avec objectivité (sans considérer les taxa auxquels elles appartiennent). Enfin, on ne sait vraiment jusqu'où on peut aller qu'en sachant avec quel matériel on roule : il ne faut plus considérer le véhicule comme une boîte magique.

REFERENCES

- de PINNA, M.C. 1991. Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. *Cladistics* 7: 367-394.
- FELSENSTEIN J., 1985. - Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39 (4): 783-791.
- GOULD, S.J. 1985. La malmesure de l'Homme. Grasset.
- HULL D., 1988. Science as a process: an evolutionary account of the social and conceptual development of Science. The University of Chicago Press. 586 p.
- LECOINTRE G., PHILIPPE H., LE H.L.V. and H. LE GUYADER, 1993. Species sampling has a major impact on phylogenetic inference. *Molecular phylogenetics and Evolution*, 2 (3): 205-224.
- LECOINTRE G., PHILIPPE H., LE H.L.V. and H. LE GUYADER, 1994. How many nucleotides are required to resolve a phylogenetic problem ? The use of a new statistical method applicable to available sequences. *Molecular phylogenetics and Evolution*, 3 (4) In Press.
- LEWONTIN, R.C. 1986. Population genetics. *Annu. Rev. Genet.* 19: 81-102.
- LI, W., 1993. So, what about the molecular clock hypothesis ? *Current Opinion in Genetics and Development*, 3: 896-901.
- PHILIPPE, H. 1993. MUST : a computer package of Management Utilities for Sequences and Trees. *Nucleic Acids Res.* 21 (22): 5264-5272.
- PHILIPPE H. and DOUZERY, E. 1994. The pitfalls of molecular phylogeny based on four species as illustrated by the Cetacea/Artiodactyla relationships. *Journal of Mammal Evolution*. In press.
- SANDERSON, M.J. 1989. Confidence limits on phylogenies : the bootstrap revisited. *Cladistics*, 5 : 113-129.
- SOKAL, R. & SNEATH, P.H. 1963. Principles of numerical taxonomy. W.H. Freeman, San Francisco.
- STOCK, D.W., GIBBONS, J.K., and WHITT, G.S. 1991b. Strengths and limitations of molecular sequence comparisons for inferring the phylogeny of the major groups of fishes. *J. Fish. Biol.* 39 (supplement A) : 225-236.
- STOCK, D.W., MOBERG, K.D., MAXSON, L.R., and WHITT, G.S. 1991a. A phylogenetic Analysis of the 18S ribosomal RNA sequence of the coelacanth *Latimeria chalumnae*. *Environmental Biology of Fishes* 32, 99-117.
- TASSY, P. 1991. L'arbre à remonter le temps. Christian Bourgeois Editeur. Paris.

Guillaume LECOINTRE
MNHN-GDR 1005, Systématique moléculaire

**TREIZIEME MEETING DE LA WILLI HENNIG SOCIETY
"BIODIVERSITY AND PHYLOGENY"
COPENHAGUE, 23-26 Aout 1994**

C'est sous un ciel d'été que la capitale danoise abrita cette année le treizième meeting de la Willi Hennig Society, organisé par N. ANDERSEN, N. BONDE, H. ENGHOF, M. HANSEN, N. KRISTENSEN, C. NIELSEN, N. SCHARFF, T. PAPE, O. SEBERG, à l'institut August Krogh et au Musée de Zoologie de l'Université de Copenhague. Les principaux thèmes des sessions se sont succédé dans l'ordre suivant : The history of cladistics - Science as an international process, Phylogeny of the Invertebrates, Molecular and morphological Systematics - total evidence in phylogeny reconstruction ?, Computer software workshop, Biogeography and biodiversity of Wallacea and adjacent areas, Cladistics and paleobiology, Biogeography and biodiversity of afro-montane biotas.

Le premier thème "*The history of cladistics*" comportait plusieurs interventions décrivant l'état du cladisme dans divers pays, en termes de recherche, d'enseignement mais également de diffusion des connaissances. N. KRISTENSEN, en parlant du rôle de la Scandinavie dans son ensemble dans la diffusion des idées cladistes, semblait vouloir récupérer les mérites d'un Lars BRUNDIN qui ne fut pas danois mais suédois. J. FARRIS s'est contenté de critiquer une fois de plus le livre de David HULL (1988). R. WILLMANN nous a rappelé qu'au pays de HENNIG, la cladistique était loin de l'état de développement auquel on pourrait s'attendre, malgré la publication de quelques bons ouvrages. D. GOUJET et P. TASSY, en nous éclairant sur les débuts du cladisme en France, ont rappelé les rôles respectifs et opposés de R. HOFFSTETTER et de J.P. LEHMANN. D. de SOUZA AMORIM et N. PAPAVERO ont fait un exposé très intéressant sur l'introduction et le développement de cette méthode sur le continent sud-américain dès les années 1978-1981. Une réelle volonté politique impliquant le "Programa Nacional de Zoologica" brésilien et le comité national brésilien de recherche permit d'attribuer à l'enseignement de la cladistique un nombre d'heures très important (contrairement à la situation française où l'on juge que 3 heures maximum de cladistique pour une année de DEA suffisent à la formation théorique des futurs systématiciens). En plus de ce facteur, il faut ajouter la traduction précoce en espagnol du maître-livre de HENNIG, et les nombreux doctorants sud-américains effectuant leur thèse aux Etats-Unis. La situation en Chine

fut décrite par D. HUANG comme proche de zéro mais ne demandant qu'à s'étendre. Il faut tout de même signaler le rôle des paléontologistes chinois, notamment ZHANG et ZHOU, qui, en 1983, ont traduit dans leur langue plusieurs textes fondamentaux, reprenant l'idée mise en pratique par D. GOUJET et L. MATILE en 1978. Déplorant la mauvaise circulation de l'information scientifique dans ce pays, il finit par nous encourager à lui (leur) envoyer des tirés-à-part.

Il y a de quoi sourire à la vue du titre du second thème "*Phylogeny of the Invertebrates*", figurant dans un meeting de la Willi Hennig Society. Les présentations sur la phylogénie des Métazoaires, de données morphologiques ou moléculaires, aboutirent à des résultats tous contradictoires. Ceci a amusé C. PATTERSON, qui a suggéré aux intervenants de rester dans un coin pour réfléchir, et qu'ils ne soient autorisés à sortir de la salle que lorsqu'ils se seront mis d'accord sur une phylogénie des Métazoaires. Notons au passage les phylogénies moléculaires de D. EERNISSE (ARNr 18S), qui auraient fait plaisir à notre collègue Hervé PHILIPPE, car comportant plus de 100 espèces, et dans lesquelles nous devons nous convaincre de l'existence du nouveau clade des Eutrochozoa (Annélides, Pogonophores, Sipunculides, Echiurides et Mollusques). Cet exercice fut bien difficile : les branches internodales étaient trop courtes pour que la démonstration soit convaincante.

Un des points qui a suscité le plus de discussion fut celui du "principe of total evidence" abordé avec le troisième thème "*Molecular and morphological systematics*". La congruence des arbres issus de matrices de données de natures différentes et les conflits "morphologie/molécules" classiquement présentés déclenchèrent de vives discussions entre partisans des "consensus d'arbres" et les défenseurs du "total evidence". La première communication, celle de A. KLUGE, a clairement résumé les fondements et les enjeux de l'application d'un tel principe. Il a rappelé les travaux de BARRETT *et al.* (1991), qui critiquent fermement, à divers titres, la pratique du consensus d'arbres provenant de bases de données de natures différentes. Ces auteurs plaident pour le remplacement du consensus d'arbres précédent par l'arbre le plus parcimonieux obtenu à partir de toutes les données, ou le consensus des arbres

équiparcimonieux ainsi obtenus. Si la réunion de toutes les données met en évidence les problèmes de pondération des caractères, le consensus d'arbres n'évite pas ce problème : BARRET *et al.* (1991) signalent que la pratique du consensus correspond à une pondération implicite des caractères. Ils montrent également de manière convaincante que le consensus d'arbres peut contredire la topologie de l'arbre le plus parcimonieux obtenu à partir de toutes les données. A. KLUGE et J. OLSEN ont rappelé que la congruence des caractères est plus importante que la congruence des arbres, point sur lequel tous sont tombés d'accord.

Sur les 10 communications de cette session, 8 s'appuyaient sur des exemples concrets aussi bien dans le "monde végétal" (Chromophytes, Chlorophytes, Monocotylédones, Rubiaceae, et Fabaceae) qu'"animal" (Papillons, *Limnoporus* et Dipneustes). Les types de données mis en concurrence et/ou en congruence étaient le plus souvent morphologiques *versus* moléculaires. Cependant, certaines interventions, comme celle de T. VORRE-GRONTVED ou encore celle de C. ASMUSSEN et A. LISTON, mettaient en évidence les conflits entre données de séquences de gènes différents. J. L. OLSEN a également résumé de belle façon les problèmes pratiques liés au "total evidence" avec l'exemple des Chlorophytes et l'utilisation d'un jeu de données morphologiques (10 caractères) et un jeu moléculaire (251 sites informatifs de l'ADN ribosomique 18S pour 14 espèces). L'analyse indépendante puis simultanée des données (où un poids de 25 est affecté aux données morphologiques afin de contrebalancer la différence du nombre de caractères) montrent que chacun des types de données peut permettre la résolution de parties distinctes de l'arbre.

Ainsi, lors du meeting, il est apparu que beaucoup de chercheurs éprouvent des difficultés à mettre en application le "principe of total evidence", et cela pour deux raisons. Premièrement, il est difficile de justifier une pondération des caractères, face au problème du nombre de caractères moléculaires par rapport au nombre de caractères morphologiques. Deuxièmement, il reste un malaise général pour bon nombre de chercheurs à mélanger de tels caractères, sans qu'ils puissent argumenter de manière convaincante leurs réticences. Selon eux, les caractères moléculaires constituant le dernier niveau d'intégration, et compte tenu de leur pauvreté structurale, il n'y aurait pas d'information supplémentaire disponible pour tester *a posteriori* leur évolution dans l'arbre obtenu, qui soit *extérieure à l'inférence elle-même*; comme c'est le cas des caractères

morphologiques. Ainsi, selon C. NIELSEN, N. BONDE, les caractères moléculaires et morphologiques, parce qu'ils ne sont pas du même niveau d'intégration, ne suivraient pas à certains égards les "mêmes règles du jeu". En fait, lorsque l'on dispose de la structure secondaire d'une molécule, celle-ci fournit des informations structurales extérieures à l'analyse nécessaires, autorisant alors ce type de retour au caractère. Comme le précise A. KLUGE, il n'y a aucune donnée biologique objective qui interdise de mettre caractères moléculaires et morphologiques dans une même matrice. De plus, une telle pratique augmente le pouvoir résolutif d'une base de données puisque ces deux types de caractères ont toutes les chances d'avoir évolué indépendamment les uns des autres. On peut rappeler, comme l'a fait G. NELSON dans son dernier article traitant de l'homologie et distribué durant le meeting, qu'il ne saurait y avoir de hiérarchie qualitative des classes de données. Enfin, on admettra avec HILLIS (1987) que "Conflicts among morphological or among molecular studies are probably as common as real conflicts between morphological and molecular studies". Sans nier les difficiles problèmes de pondération à gérer, on peut conclure que les opposants à A. KLUGE et W. WHEELER n'ont pas encore d'arguments convaincants, qui correspondent à une prise de position philosophique et qui puissent s'appuyer sur une démonstration, qualités que l'on trouve chez ces défenseurs du "principe of total evidence".

Le workshop des logiciels incluait les interventions de R. PAGE (COMPONENT 2.0.), W. WHEELER (MALINGN), P. GOLOBOFF (PEE WEE et NONA), C. HUMPHRIES *et al.* (WORLDMAP), J. FARRIS (RNA) et J. HOEGH et P. JENSEN. Signalons que J. FARRIS nous a surpris à deux titres. La première surprise fut qu'il réussit visiblement à surmonter sa répulsion en programmant un algorithme de bootstrap. La seconde surprise fut la vitesse d'exécution dudit algorithme. Sur un PC standard 386, à partir d'une matrice de 17 caractères et 8 taxa, un bootstrap de 10 000 répliques dure 7 secondes. D. GOUJET distribue désormais RNA et HENNIG86 pour la France. WORLDMAP est un outil synthétique de mesure de la biodiversité, selon des aires plaquées sur une carte géographique. Les synthèses peuvent s'effectuer par zones et/ou par taxa. Les critères de l'analyse et de la répartition de la biodiversité prennent notamment en compte la position phylogénétique d'un taxon donné et sa rareté (locale ou générale). C'est un outil qui doit à terme servir à la gestion de la biodiversité, par exemple à la définition de zones du globe à protéger en priorité.

La session "*Cladistics and paleobiology*" a traité de problèmes aussi divers qu'intéressants. P. Forey a rappelé le rôle important des fossiles dans la reconstruction phylogénétique. Partant d'une analyse bibliographique en paléontologie pour l'année 1993, P. TASSY s'est efforcé de comprendre pourquoi la paléobiologie et la cladistique se rencontrent aussi peu, et en explore les raisons scientifiques et sociales. Le monde des paléontologues est encore principalement constitué de géologues, pour lesquels les données fondamentales sont celles de la stratigraphie, et pour qui la parcimonie n'est qu'une procédure logique parmi d'autres. La paléobiologie, avec sa composante paléoécologiste et son attrait pour l'étude des processus de l'évolution, est plus sensible aux données continues, notamment stratigraphiques, qui démontreraient un changement graduel, qu'aux "patterns". L'utilité d'un cladogramme pour l'étude des processus n'est pourtant plus à démontrer. La cladistique est présente en paléontologie des Vertébrés, où la plupart des chercheurs sont plus anatomistes que géologues, et travaillent sur des caractères discrets. D. RASSKIN-GUTMAN et A. BUSCALIONI ont montré comment l'analyse de la forme à l'aide d'un logiciel graphique original de morphométrie, D'ARCYGRAPH, sur des bassins de Théropodes, pouvait tester la qualité du changement morphologique d'une structure par rapport à une phylogénie donnée, obtenue à partir de caractères indépendants. Ces auteurs sont alors en mesure de décomposer le changement morphologique en constituants purement géométriques et constituants d'une autre nature qui, eux, peuvent être reliés à des causes fonctionnelles et/ou ontogéniques/morphogénétiques connues. En amont de l'étape de polarisation des caractères, l'analyse morphométrique peut également conduire à l'identification de caractères, ou du moins à l'affinement de leur perception.

Les deux thèmes biogéographiques "*Biogeography and biodiversity of Wallacea and adjacent areas*" (10 communications) et "*Biogeography and biodiversity of afro-montane biotas*" (6 communications) se sont chacun illustrés par la diversité des taxa analysés selon une même aire. La comparaison des conclusions a débouché sur des discussions stimulantes.

Quelques "contributed papers" méritent d'être signalés. M. MICKEVICH et M. de PINNA, étudient l'impact sur l'inférence phylogénétique de la distribution des états de caractères chez l'extragroupe lorsque celui-ci est constitué de plusieurs taxons. Comment choisir l'état plésiomorphe d'un caractère pour l'"ingroup"

lorsque les états a et b sont présents chez plusieurs extra-groupes ? Les différentes possibilités de polarisation sont envisagées en fonction 1) de la distribution de ces états au sein des extragroupes et 2) de la position relative des extragroupes. Cette communication a montré les difficultés, dans certains cas, de l'utilisation du critère de comparaison extra-groupe et comment en éviter les pièges. De l'aveu de MICKEVICH, une telle discussion sur la distribution de 2 états (a et b) de caractères ne manquerait pas de surprendre ses lecteurs habituels... F. RONQUIST, du département d'entomologie du Musée suédois d'Histoire Naturelle, s'est attelé à l'impact de stratégies d'échantillonnage des taxa sur la reconstruction phylogénétique, à partir de données simulées. Il compare différentes stratégies d'échantillonnage dans leur capacité à retrouver l'"arbre vrai", par procédure de parcimonie. La place manque ici pour détailler les paramètres qui varient. Signalons que l'auteur se déclare surpris des bons résultats obtenus en échantillonnant seulement "quelques exemplaires" (2-3) par taxon à représenter. Ajouter plus de taxa n'augmente les scores de succès que dans certaines conditions assez restrictives, et peu même les faire baisser. S'il doit y avoir une limitation dans l'acquisition des données, l'auteur recommande de ne pas échantillonner au delà de ces quelques exemplaires par taxon mais en revanche d'accumuler plus de caractères (bien que ce dernier paramètre ne soit pas analysé). Comme signalé dans plusieurs travaux antérieurs (par exemple HUELSENBECK, 1991 ; LECOINTRE, 1994), l'auteur recommande d'après ses simulations d'échantillonner les branches précoces des taxa d'intérêt, et si possible les deux exemplaires les plus "divergents". Cette simulation peut surprendre par la pauvreté des états autorisés pour les caractères, qui sont seulement 0 et 1. Cependant, on imagine qu'elle puisse correspondre à des données réelles dont le codage aurait suivi les règles de la "three item analysis" de G. NELSON. M. MICKEVICH a présenté les fondements scientifiques de la "United States Marine Biodiversity Database". Pour la première fois peut-être, une base de données de Systématique est structurée par des cladogrammes. Le degré de connaissances et leur fiabilité sont indiqués pour une branche par un code couleur qui est celui de la circulation routière. Ces couleurs s'appliquent aux espèces comme aux taxa de plus haut rang. La couleur verte signale les noms de taxa et l'information scientifique qui lui est associée comme fiables pour des études ultérieures, voire pour le choix de modèles biologiques. Les taxa jaunes sont ceux qui demandent des précautions. Les taxa rouges sont ceux qui ne sont peut-être pas valides, c'est-à-dire qui demandent une révision. Les études

traditionnellement menées sur des taxa valides (par exemple sur l'évolution, l'écologie, ou l'utilisation d'espèces modèles) ne doivent pas être entreprises pour le moment sur les taxa rouges. N. PLATNICK a comparé les performances de l'approche standard de la reconstruction phylogénétique d'une part, et de la "three item analysis" d'autre part. En dépit de la supériorité théorique de la seconde sur la première, l'étude empirique de PLATNICK montre que les deux approches diffèrent peu dans leur capacité à retrouver des résultats congruents à partir de deux bases de données de nature différentes pour les mêmes taxa. M. SHARKEY a présenté une nouvelle méthode pour ordonner et polariser *a posteriori* les caractères à états multiples. Pour chaque noeud interne, les différents états possibles d'un caractère sont associés à des "probabilités", en partant des noeuds terminaux. Des indices sont ensuite exprimés dans une table de transition de transformation d'un état en un autre, afin de définir une série de transformation du caractère pour le cladogramme obtenu. Pour chaque caractère à états multiples, traité initialement non ordonné, on obtient donc une série ordonnée qui est réintroduite dans la matrice pour effectuer une nouvelle analyse de parcimonie, dont le résultat pourra être différent. Cette méthode permet de lever des incertitudes sur l'état d'un caractère à certains noeuds. Elle pourra être utilisée conjointement à celle du TSA dans le cas de caractères multiples complexes.

A l'occasion de ce symposium, 17 posters furent également présentés dont 3 français (S. NADOT et al., J. MINET, et V. BARRIEL)

Références

- BARRETT, M., DONOGHUE, M. J. and SOBER, E. 1991. Against consensus. *Syst. Zool.* 40 (4) : 486-493.
- DUPUIS, C. 1978. Permanence et actualité de la Systématique : la "Systématique phylogénétique" de W. Hennig (Historique, discussion, choix de références). Cahiers des Naturalistes. Bull. N. P. n. s. 34 (1) : 1-69.
- HILLIS, D. M. 1987. Molecular versus morphological approaches to systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 18: 23-42.
- HUELSENBECK, J. P. 1991. When are fossils better than extant taxa in phylogenetic analysis ? *Syst. Zool.* 40 (4): 458-469.
- HULL, D. 1988. Science as a process: an evolutionary account of the social and conceptual development of Science. The University of Chicago Press. 586 p.
- LECOINTRE, G. 1994. Aspects historiques et heuristiques de l'Ichtyologie systématique. *Cybiurn* 18 (4), sous presse.

Le dîner du meeting s'est tenu au restaurant "Pafuglen", dans l'enceinte du parc d'attractions de Tivoli. C. PATTERSON, armé de sa bouteille de gin "Gordon" à 47° (visiblement satisfait d'avoir pu se procurer en duty free ce carburant interdit en Angleterre), a fait un discours humoristique dans lequel il a porté pas moins d'une vingtaine de toast à divers personnages et concepts. Signalons un hommage aux historiens du cladisme avec toast porté à C. DUPUIS (1978), pour son histoire "brève et objective" de la cladistique, en opposition à celle de D. HULL (1988), "longue et subjective". D'autres toasts furent portés à N. BONDE, L. BRUNDIN, L. CROIZAT, J. FARRIS, W. HENNIG, E. MAYR, K. POPPER, D. ROSEN, W. WHEELER, etc., au matérialisme biologique (où les français de l'auditoire portèrent un toast à DIDEROT !), et un "à bas la hiérarchie !" pour le moins paradoxal pour un cladiste.

Au cours de ce dîner, le prix DONN ROSEN, qui récompense la meilleure communication d'étudiant, fut remis par J. FARRIS à M.J. BAYLY de l'Ecole de Botanique de l'Université de Melbourne pour sa communication intitulée "Cladistic biogeography of *Eriostemon* (Rutacea) in Australia". Dix communications, dont certaines excellentes, étaient en compétition pour ce prix.

A la sortie du dîner, D. GOUJET et M. MICKEVICH ont fait une démonstration publique de valse sous des applaudissements fournis et mérités !

LE RÉSEAU EUROPÉEN "SYSTEMATIC BIOLOGY"

Créé en juin 1994, "Systematic Biology" est un réseau de la Fondation Européenne de la Science (European Science Foundation, ESF), qui est une association de 55 organismes de recherche européens, rattachée au Conseil de l'Europe et dont le siège est à Strasbourg.

Ce réseau dispose d'un budget d'environ 200 KF par an pendant trois ans pour coordonner l'activité et promouvoir les échanges entre chercheurs européens en systématique.

Son activité est coordonnée par un Coordination Committee dont les membres sont les suivants: Chairman, S. BLACKMORE (Natural History Museum, London); Secretary, Nicola DONLON (Natural History Museum, London); P. ALBERCH (Museo de Ciencias naturales, Madrid); K. BREMER (Uppsala University); B. OLLGARD (Botanisk Institut, Aarhus); G. PINNA (Museo Civico di Storia Naturale, Milan); P. TROJAN (Museum and Institute of Zoology, Varsovie); S. TILLIER (Muséum national d'Histoire naturelle, Paris); M. TURKAY (Forschungsinstitut Senckenberg, Frankfurt); M. Vinckx (Université de Gand); R. WEHNER (Université de Zurich); N. PETERSEN (ESF).

Les activités prévues prévues comportent:

- Edition d'une Newsletter et mise en place d'un réseau sur Internet. Coordinateur: S. BLACKMORE : email : s.b@nhm.ic.ac.uk

- Workshop "Information Processing, Standard and Method in Systematics", organisé par ETI, 1996 ;
- Workshop "Systematics Agenda 2000, the Challenge of Europe" organisé par la Linnean Society of London et le Rijksherbarium de Leiden , mai 1995 (voir éditorial de Daniel GOUJET) ;
- Workshop "Molecules and Morphology in Systematics", organisé par S. TILLIER, Paris, 1996 ;
- Workshop " New Advances in Systematic Analysis", 1997.

Un premier séminaire sur invitations et réunissant une dizaine de chercheurs européens, dont quatre français, et autant de chercheurs américains, a été organisé en novembre par David WILLIAMS (Natural History Museum, London) sur le thème "Molecular and Classical Systematics", avec le soutien et l'hospitalité de la Fondation des Treilles, dans le Var. Malgré l'intitulé, on y a surtout discuté de méthodes de traitement des données moléculaires et des résultats correspondants.

Contactez le secrétariat de la Société ou moi-même pour plus d'informations.

Simon TILLIER
E-mail : tillier@mnhn.fr

ANALYSES D'OUVRAGES

SYSTEMATICS AND THE FOSSIL RECORD ; DOCUMENTING EVOLUTIONARY PATTERNS

par B. SMITH, Blackwell Scientific Publications, Oxford, 223 p., 1994.

Le livre d'Andrew SMITH peut être qualifié de manuel de paléontologie cladistique. C'est m'ême le premier du genre puisque l'ouvrage de SCHOCH (1986) - malgré son titre - traitait plus de systématique phylogénétique en général que de paléontologie. Dès l'introduction le but de l'ouvrage est clairement défini. L'auteur souligne qu'un aspect important de la paléontologie est de montrer comment la biodiversité a changé au

cours du temps géologique. Ce faisant, le paléontologue analyse les facteurs locaux qui agissent sur les populations et les facteurs extrinsèques de grande amplitude qui jouent un rôle sur l'histoire de la vie sur la terre (variation du niveau des mers, tectonique des plaques, fluctuations climatique, impacts d'objets extra-terrestres ect.). Ce travail permet la construction de scénarios évolutifs où sont mises en évidence des périodes d'émergences et d'extinctions, avec comme corollaire l'étude de taux d'évolutions, de radiations adaptatives et de tout ce que l'auteur dénomme 'patterns' évolutifs. Or, pour Andrew SMITH, toutes ces recherches évolutionnistes typiquement paléontologiques doivent être fondées sur une analyse cladistique préalable des données.

La démonstration s'étend sur six chapitres intitulés : l'espèce et les archives fossiles, l'analyse cladistique et les fossiles, les taxons de rang supérieur, la nature des données biostratigraphiques, la construction des arbres évolutifs, les 'patterns' tirés des archives fossiles. Elle est nourrie de très nombreux exemples empruntés aux vertébrés et aux invertébrés (l'auteur est lui-même spécialiste d'échinodermes) de telle sorte que le lecteur qui aime le concret - c'est le cas des paléontologues en général - n'est jamais perdu au milieu de modèles théoriques et de généralisations abstraites. Le fil conducteur de 'systematics and the fossil record' est tout simplement que la paléontologie, loin d'être étrangère à la cladistique, en est en réalité profondément imprégnée tandis que la cladistique, si elle doit servir à comprendre l'histoire de la vie sur terre, ne peut ignorer les données paléontologiques. Quiconque lira ce livre en conclura qu'il n'existe pas, en paléontologie, de description 'neutre', que tout n'a de sens que dans une perspective comparative et historique et, par conséquent, que tout ne peut être que chargé d'hypothèse phylogénétique.

Il est peu de concepts qui ne soient pas controversés en matière d'évolutionnisme et de phylogénétique. On peut s'attendre à ce que bien des affirmations, interprétations, options et choix de l'auteur soient objets de discussions et de critique. A ce titre, le chapitre le moins convaincant est sans doute celui consacré à l'espèce. Mais, aujourd'hui, qui peut prétendre entraîner l'unanimité en matière de réflexion sur la définition de l'espèce et sur ses critères de reconnaissance ?

LE LIVRE DE LA VIE

par S.J. GOULD, (sous la direction de), 1993, édit. Seuil, 256 pp., 290 FRF (env. 42 ECU)

ENCYCLOPÉDIE LAROUSSE DE LA NATURE

1992-93, édit. Larousse, 2 vols : 331 + 370 pp., 513 FRF en grande surface (env. 73 ECU)

Voici en langue française deux ouvrages remarquables par leur thème et son traitement. Thème encyclopédique : la nature, la vie. Son origine sur la 'planète de la vie', la nôtre, son évolution, ère par ère, jusqu'à l'homme, seigneur oblige. Présentation de la planète porteuse, des paysages dans leurs climats, des milieux naturels, de leur gestion des problèmes de protection des environnements naturels, des fonctions

Le livre se clôt de façon bien modeste : 'Mon espoir, écrit Andrew SMITH, est que ce livre soit un encouragement à construire plus d'arbres phylogénétiques dans le but de mieux comprendre les 'patterns' et processus évolutifs. Si l'ambition de l'auteur est en réalité plus vaste - écrire le livre de la paléontologie à l'aube de l'an 2000, pas moins - j'estimerai que le pari est également tenu. Ce livre ne ressemble en effet à aucun autre manuel de paléontologie. Dépasionnée et pédagogique il démontre preuves à l'appui - si besoin était - qu'il n'est nul divorce entre paléontologie et cladistique et que les concepts les plus fondamentaux de la paléontologie ne sont pas étrangers à la sphère des idées cladistiques (même ceux réputés en être les plus éloignés, comme les principes de la biostratigraphie). Ce livre, hautement recommandable à tous points de vue, se doit de figurer dans toute bibliothèque paléontologique, et plus généralement, de systématique.

RÉFÉRENCES

Schoch R. M. 1986 Phylogeny reconstruction in paleontology. Van Nostrand Reinhold, New York.

Pascal Tassy

Laboratoire de Paléontologie des Vertébrés
Université P. & M. Curie
4 place Jussieu, F- 75252, Paris Cedex 05

biologiques, des thèmes majeurs de la théorie évolutionniste, constituent les grands chapitres du volume 1 de Larousse. La biodiversité est le thème du volume 2 de Larousse, des virus et bactéries aux mammifères. Remarquable leçon de systématique, règne par règne, classe par classe, ... famille par famille ! L'évolution est traitée en introduction de ce volume ; elle constitue le thème essentiel de l'ouvrage dirigé par S.J. GOULD, au Seuil. Dans ce dernier livre, la vie évolue par grandes étapes d'acquisition des nouveautés anatomique depuis ses 'fondations océaniques' précambriennes jusqu'à la 'victoire par forfait' des homéothermes (mammifères et oiseaux). Bien entendu, le dernier chapitre est celui de l'Homme. Le premier par contre est consacré, ce qui est original, à une histoire de la science des 'reconstructions du passé' par S. J. GOULD.

En somme, une somme ou plutôt trois sommes bigrement intéressantes pour soi-même mais aussi pour enseigner aux enfants, petits et grands. Les ouvrages sont truffés de belles images mais également de nombreux graphiques et tableaux. Les présentations sont didactiques. Les encarts abordent nombre de thèmes modernes, parfois marginaux, toujours vivants (si j'ose dire).

Un seul regret, et de taille : les deux volumes Larousse, rédigés par une équipe impressionnante de spécialistes français, nous offrent une vision désuète de la phylogénie et de la classification. On nous y afflige encore de ces 'diagrammes-bulles' censés figurer les relations phylogénétiques des êtres vivants sauf, pages 51 et 86 du volume 2 à propos de 'l'évolution des méthodes' en classification et en systématique (cladogramme des arthropodes et des métaphytes respectivement). Ce traitement amène bien entendu une classification conservatrice où l'on ne distingue pas bien les six grands règnes désormais reconnus (Archéobactéries, Eubactéries, Protoctistes, Fungi, Métaphytes, Métazoaires). Ceci contraste avec la présentation, dans l'ouvrage dirigé par GOULD, de la phylogénie de l'ensemble du monde vivant sur un mode cladistique, où chaque grande division est abordée successivement et sert de fil directeur au récit : phylogénie de la vie, des 'plantes', des

'invertébrés', des 'poissons', etc. jusqu'aux hominidés (au sens moderne = gorille + chimpanzés + homme + orang-outan + formes fossiles apparentées). Chaque schéma, fondé sur les résultats récents des études d'anatomomorphologie et de biologie moléculaire, est replacé dans son cadre stratigraphique.

Ce contraste est frappant entre d'un côté un ouvrage collectif français et de l'autre un ouvrage collectif rédigé par des auteurs américano-britanniques. On a vraiment l'impression de deux 'écoles' différentes qui nous renvoient à la querelle si bien décrite dans la thèse de G. Laurent il y a tout juste dix ans.

Ceci dit, 'ça fait quand même du bien par où qu'ça passe' d'avoir à se mettre sous les yeux de tels ouvrages traitant de systématique, d'évolution, de paléontologie, etc., bref d'histoire naturelle, en cette année de grand lancement de Systematics Agenda 2000.

Alain Blicek
Université des Sciences et Technologies de Lille
Sciences de la Terre - CNRS, URA 1365
F-59655 Villeneuve d'Ascq cedex

INFORMATION : PICG 328 'Microvertébrés Paléozoïques'

Le programme International de Corrélation Géologique (PICG) n° 328 de l'Union Internationale des Sciences Géologiques (UISG/UNESCO) a pour objets l'étude des microrestes de vertébrés paléozoïques (ichthyolithes : écailles, dents, épines, os isolés, denticules branchiaux, lépidotriches, etc.), leur chronologie (datations relatives par biostratigraphie) et la corrélation des séries sédimentaires marines à 'microvertébrés' (type : calcaires à Conodontes) et non-marines (type : les Vieux Grès Rouges dévoniens proparte). Malgré son titre très géologique, ce programme a pour objet premier le systématique des microrestes de Vertébrés du Paléozoïque, de l'Ordovicien au Permien, soit entre - 510 et - 250 millions d'années [Ma] (durée concernée = 260 Ma). Clarifier la systématique, la nomenclature, les relations de parenté des divers taxons rencontrés constitue le lot quotidien de ses membres participants. Le PICG 328 a débuté officiellement en Juin 1991 au cours du VII^e Congrès International sur les Premiers Vertébrés (Miguasha, Québec). Il prendra fin en Décembre 1995, après son dernier meeting tenu au cours du

VIII^e Congrès International sur les Premiers Vertébrés et les Vertébrés Inférieurs (Paris, MNHN, 4-9 Septembre, réunion en salle; Nord France - Sud Belgique, 9-15 Septembre, sortie sur le terrain).

Le rapport d'activité 1994 du PICG 328 fait état de 250 publications parues depuis trois ans de la part de ses membres actifs (en 1994 : 69 parues, 94 sous presse). Le Groupe Français du programme réunit actuellement sept personnes réparties sur deux URA du CNRS : l'URA 1365 à l'Université des Sciences et Technologies de Lille, à Villeneuve d'Ascq (A. BLIECK, R. CLOUTIER, C. DERYCKE), et l'URA 12 au Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris (D. GOUJET, P. JANVIER, H. LELIÈVRE, C. POPLIN). C'est lui qui organise le congrès de 1995. Ses travaux portent sur tous les taxons monophylétiques de rang supérieur de 'poissons' paléozoïques, 'agnathes' et Gnathostomes : Hétérostracés, Ostéostracés, Galéaspides, Anaspides, Lamproies, Thélodontes, Placodermes, Chondrichthyens, Acanthodiens, Actinoptérygiens, Sarcoptérygiens (sarcop. au sens

moderne incluant les Tétrapodes, les Amphibiens aux Mammifères). Le groupe oeuvre sur le terrain de l'Amérique du Sud (Bolivie, Brésil) à l'Asie (Vietnam, Arabie Saoudite, Turquie, Chine) en passant par l'Amérique du Nord (Canada, USA), l'Europe (France, Belgique, GB, Espagne, Allemagne, etc.) et l'Afrique du Nord (Maroc).

Une des dernières actions systématiques porte sur les 'Microrestes de Vertébrés du Paléozoïque supérieur de la Manche au Rhin : biodiversité, biostratigraphie, biogéographie' (C. DERYCKE, thèse de doctorat, 1994). Elle recense 146 espèces (nommées ou laissées en nomenclature ouverte) de Gnathostomes (Chondrichthyens, Acanthodiens, Actinoptérygiens et Sarcoptérygiens), entre le Dévonien supérieur

(Frasnien) et le Carbonifère (Namurien) du Boulonnais et de l'Ardenne belge.

La question d'un projet successeur du 328 a été posée à Moscou en Juillet 1994, au cours de sa réunion annuelle. Plusieurs propositions ont été avancées dont deux semblent être préférées : soit un programme portant sur les microfossiles phosphatés du Paléozoïque (Vertébrés et Conodontes), soit un programme sur les microvertébrés du Mésozoïque. La décision pourrait être prise à Paris en 1995.

A. BLIECK pour S. TURNER & A. B.
(co-leaders PICG 328; USTL : Sciences de la Terre, F-59655 Villeneuve d'Ascq Cedex)
et le Groupe Français du PICG 328.

UTILISATION DE COLLECTIONS DE TISSUS À DES FINS D'ÉTUDE EN BIOLOGIE ET SYSTÉMATIQUE ÉVOLUTIVES.

Cher Collègue,

Dans le cadre d'un projet de la CEE intitulé "Genetic bank systems and guidelines" dont nous nous occupons entre septembre 1994 et septembre 1995, un de nos objectifs est d'identifier les institutions, laboratoires et scientifiques impliqués dans la création, la gestion ou l'utilisation de collections de tissus à des fins d'étude en **Biologie et Systématique Evolutives**.

Ces collections représentent en effet un matériel scientifique précieux dans le cadre des études de plus en plus nombreuses réalisées sur ces thèmes grâce aux méthodes de génétique et biologie moléculaire modernes. Les idées générales du projet sont d'optimiser à l'échelle européenne la gestion de ces collections, l'obtention de matériels biologiques nouveaux, et leur utilisation rationnelle et organisée dans les travaux de recherche.

Les informations réunies à partir des réponses au questionnaire ci-joint vont nous permettre de produire une liste détaillée des collections de tissus existant en Europe, en vue de la préparation d'un rapport le plus complet possible à la CEE. Ce rapport décrira la situation actuelle quant à l'état et l'organisation des collections de tissus en Europe, et examinera les besoins et les possibilités relatives à la création d'un réseau informatisé européen unissant les institutions concernées.

Cette liste ainsi que toute autre information sur

l'avancement du projet seront distribués à tous ceux ayant exprimé un intérêt à cette entreprise. N'hésitez pas à distribuer des copies du questionnaire ci-après à toute personne, laboratoire ou institution qui pourrait être concerné et n'aurait pas été contacté.

Du fait du temps relativement court qui nous est accordé pour réaliser ce projet, nous vous demandons de bien vouloir répondre à ce questionnaire d'ici au **15 février 1995**.

N'hésitez pas à nous contacter pour des informations complémentaires, et d'avance merci pour votre collaboration.

Dr. Vitaly Volobouev, Coordinateur
Institut Curie, Section de Biologie
26, rue d'Ulm,
75231 PARIS Cédex 05 - France
Tel.: 33 (1) 40 51 66 32
Fax : 33 (1) 40 51 66 74

En cas de réponse par courrier électronique, merci de préciser "genetic questionnaire" dans la ligne "sujet" et d'envoyer votre réponse à l'adresse suivante:

BNDEP@BIOANI . ALCALA . ES

Les réponses par courrier peuvent être également envoyées à:

Dr. Gonzalo Pérez Suarez
Dpto. de Biología Animal
Universidad de Alcalá de Henares
28871 Alcalá de Henares,
Madrid - Spain

QUESTIONNAIRE

1. Responsable de la collection

Nom :

Prénom :

Institution :

Laboratoire :

Adresse :

Ville :

Code postal :

Pays :

Téléphone :

Fax :

E-mail :

2. Matériel conservé dans votre collection de tissus :

a. Cellules en culture cryopréservées

a-1. "normales"

a-2. transformées

b. Tissus cryopréservés

c. Tissus congelés directement

d. Tissus en alcool

e. Autres (merci de préciser) :

3. Dans le cas de cellules et tissus vivants cryopréservés, effectuez vous un contrôle de qualité ?

Si oui, merci de préciser :

4. Utilisation(s) de votre collection de tissus :

a. Systématique moléculaire

b. Cytogénétique

c. Biologie de population

d. Cytotoxicologie

e. Cryobiologie

f. Biologie de la conservation

g. Etudes environnementales

h. Autres (merci de préciser)

5. Taille de votre collection :

a. Nombre d'échantillons :

b. Nombre de spécimens :

c. Nombre d'espèces :

6. Groupes taxonomiques représentés dans votre collection :

a. Mammifères

b. Oiseaux

c. Reptiles

d. Amphibiens

e. Poissons

f. Arthropodes

g. Autres invertébrés (merci de préciser) :

h. Autres (merci de préciser) :

7. Régions géographiques représentées :

a. Europe

b. Asie

c. Afrique

d. Australie

e. Amérique du Nord

f. Amérique du Sud

g. Autres :

8. Origine du matériel :

a. Votre propre travail de terrain

b. Jardins zoologiques

c. Autres scientifiques ou collections

d. Sources commerciales

e. Autres (merci de préciser) :

9. Quel est le degré de précision taxonomique associé à votre matériel ?

- a. Très bon (tous les échantillons déterminés à l'espèce/sous-espèce)
 - b. Bon (certains échantillons non identifiés à l'espèce)
 - c. Irrégulier
 - d. Autres (merci de préciser) :
-
-

10. Où sont conservés (si ils le sont) les spécimens de références correspondant à votre matériel :

.....

.....

.....

11. La gestion de votre collection est-elle :

- a. Manuelle
 - b. Informatisée
- (précisez sous quel software/système) :

.....

.....

.....

12. Bénéficiez-vous d'une aide financière pour votre collection :

- a. Dotation individuelle
- b. Crédits institutionnels
 - b.1. National/Regional
 - b.2. Universitaire
- c. Fonds privés
- d. Autres (merci de préciser) :

.....

.....

.....

13. Etes-vous intégrés à un réseau informatisé ?; Si oui, de quel type ?

.....

.....

14. Seriez-vous intéressés à être intégrés à un réseau européen de manière à avoir accès à d'autres collections pour échanges et collaborations?

- a. oui
- b. non

15. A votre avis, la création d'un tel réseau est-elle nécessaire pour améliorer la collaboration internationale ?

- a. oui
- b. non

16. Aimeriez-vous recevoir copie d'une liste des collections de tissus en Europe et être informés de l'avancement de ce projet.

- a. oui
- b. non

17. Connaissez-vous d'autres détenteurs de collections similaires en Europe, qui pourraient être intéressés à intégrer un programme européen de "Banque de ressources génétiques" ? :

.....

Si oui, pouvez-vous les informer de ce projet, ou nous transmettre leurs coordonnées ?

Nom :

Adresse :

.....

Téléphone :

Fax :



PHYLIP (PHYLogeny Inference Package)

PHYLIP (PHYLogeny Inference Package) est un ensemble de programmes pour inférer des phylogénies. Il est dû à Joe FELSENSTEIN (University of Washington, Seattle). Il contient 31 programmes utilisant différents algorithmes et s'appliquant à plusieurs types de données :

- programmes de parcimonie, de compatibilité, de maximum de vraisemblance, d'invariants et adaptés à des données moléculaires ;
- programmes (moindres carrés, neighbor-joining, maximum de vraisemblance) calculant et utilisant des matrices de distances ;
- programmes de compatibilité et de parcimonie pour des données binaires ;
- programmes de factorisation des caractères, de dessins d'arbre, de consensus, d'enracinement, de bootstrap ...
- Tous les programmes sont abondamment documentés.

Cet ensemble de programmes est écrit en C (version 3.5c) ou en Pascal (version 3.5p). Certains de ces programmes sont interactifs. Les sources et les exécutables (PCDOS, Windows, Unix, Mac) sont disponibles, gratuitement, par "anonymous ftp" sur le réseau internet. Se

connecter sur :

evolution.genetics.washington.edu

ou 128.95.12.41, répondre « anonymous » à la demande de login et donner votre nom de réseau à la demande de password, puis changer de directory par « cd pub » et suivre les instructions dans le fichier README.

Si vous préférez avoir les programmes sur disquettes, demander directement à Joe Felsenstein, ou, plus facilement pour lui, à quelqu'un pouvant effectuer un ftp ou possédant déjà Phylip (par exemple Pierre DARLU, tel : (1) 44 27 50 56). Mais, dans tous les cas, n'oubliez pas de signaler à Joe Felsenstein que vous possédez un exemplaire de Phylip. Son adresse :

Joe Felsenstein,
Department of Genetics, SK-59,
University of Washington
Seattle, Washington 98195 U.S.A.
e-mail : joe@evolution.genetics.washington.edu
Phone : (206) 543 0150

A propos du Biosystema 12 : PHYLSYST : LOGICIEL DE RECONSTRUCTION PHYLOGÉNÉTIQUE

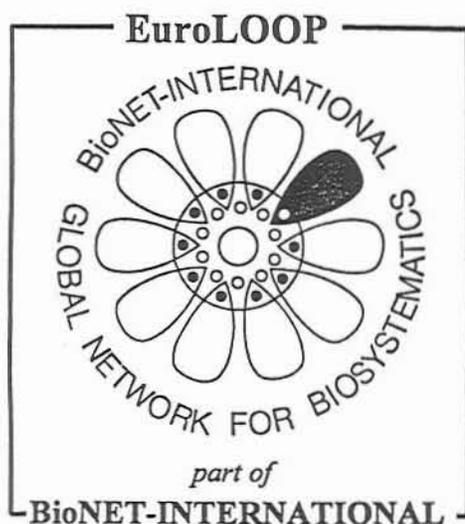
Annoncé en septembre dernier lors des Journées de notre société, nous n'avions pas été en mesure de présenter le dernier numéro de Biosystema. Pourtant il était prêt ! ... certains d'entre vous ont même pu faire tourner le programme avec Isabelle BICHINDARITZ lors des séances de démonstration. Un problème d'impression de dernière minute nous a malheureusement pris de court.

Parallèlement, la société réfléchissait depuis deux ans déjà pour améliorer notre revue. Ceci a conduit le conseil à repousser la publication du Biosystema 12 afin qu'il puisse bénéficier des améliorations que nous souhaitons. C'est

maintenant chose faite : la collection Biosystema, dans un nouveau format et une présentation plus rigoureuse, se pare également d'une couverture plus attrayante. Petit à petit, tous les anciens numéros seront réédités au nouveau format.

Le dernier numéro, Biosystema 12 : PHYLSYST, Logiciel de reconstruction phylogénétique, par I. Bichindaritz, S. Potter & B. Sigwalt †, 1994, est donc disponible. Surtout n'oubliez pas de préciser sous quel environnement (Apple ou IBM compatible) vous souhaitez recevoir le programme qui accompagne la revue.

Announcement of
EuroLOOP
WORKSHOP II
Amsterdam
27-30 March 1995



First Circular

Background

EuroLOOP was established at the First Workshop hosted by its elected Network Coordinating Institute (NECI), namely the Koninklijk Museum Voor Midden-Afrika at Tervuren, Belgium in June 1994. Its Founder Members include representatives from the following 22 countries: Belgium, Bulgaria, Croatia, Denmark, England, Finland, France, Germany, Hungary, Ireland, Italy, Lithuania, The Netherlands, Norway, Poland, Portugal, Scotland, Slovenia, Spain, Sweden, Switzerland and Wales, and from the International Institutes of Entomology, Mycology and Parasitology of the UK-based CAB INTERNATIONAL. Membership is free.

Purpose

EW II provides an opportunity to: extend membership; re-affirm EuroLOOP's Charter and objectives; direct resolutions to governments and the international community; devise collaborative programmes and proposals for core and donor funding; delegate responsibilities and set the general agenda for EuroLOOP's development and the strategy for achieving its objectives.

Objectives

EW II as a pan-European forum and donor interface will:-

- Through its Charter and resolutions alert the EU, and national and federal governments to the present biosystematic impediment to sustainable agricultural development and use of biodiversity within Europe and in aid-recipient countries, and recommend effective actions through EuroLOOP to remove this critical constraint.
- Devise and implement an inventory of EuroLOOP's biosystematic resources and capabilities on offer, through donor-funded programmes, for developing country LOOPS of BioNET-INTERNATIONAL.

- Devise and implement collaborative programmes (core and donor-funded), to enhance EuroLOOP's resources and deliver new knowledge and technologies needed by agricultural and biodiversity practitioners in Europe and the developed world.

Programme

This will include:-

- Perspectives of developing country needs.
- Review of EuroLOOP's resources, deficiencies and needs within its disciplinary remit.
- Devising strategies for satisfying needs and enhancing resources.
- Drafting collaborative programmes for government and donor funding.

Location & Registration Fee

EW II is kindly hosted by the Institute of Systematics and Population Biology of the University of Amsterdam, Netherlands.

The registration fee for the Workshop is Dfl. 250.00 including documentation and the Workshop *Proceedings*. Accommodation and meals will be available at reasonable rates.

EuroLOOP has no funds of its own to sponsor delegates, but TECSEC will assist representatives of countries in Eastern Europe to obtain donor funding if necessary.

Preparation

To make full use of opportunity and time at Plenary and Workshop Sessions, delegates are urged to consult in advance with colleagues and collaborators to facilitate the presentation of proposals and work programmes based on desirable consensus. The pre-Workshop distribution of proposals etc. to delegates, will be possible through the EuroLOOP Coordinating Institute at Tervuren.

EW II 1995, Response Form

Name:

.....

Postal address:

.....

.....

.....

.....

.....

Country:

Telephone:

Fax:

E-Mail:

Please complete both sides of the form and return to:

Dr. Eliane de Coninck
EuroLOOP NECI
Koninklijk Museum Voor Midden-Afrika
Leuvense Steenweg
B-3080 Tervuren
BELGIUM

Tel: +32-2-769 5386/5360/5373

Fax: +32-2-767 0242

I wish to contribute to Workshops on:

Arthropods

Group:.....

Nematodes

Group:.....

Molluscs

Group:.....

Other Invertebrates

Group:.....

Microorganisms

Group:.....

Information and Communication Services

Training in biosystematics

Rehabilitation of Collections

Development of New Technologies

I will present or contribute to a review of biosystematics in the country, and discipline indicated below:

.....

I would like to receive further mailings about EW II 1995

I would like to receive an information pack about BioNET-INTERNATIONAL

EuroLOOP is a voluntary but formal association of centres of excellence of 22 European countries forming a network under the umbrella of the global BioNET-INTERNATIONAL network for biosystematics of Invertebrates and Microorganisms.

EuroLOOP aims to mobilise and pool expertise and resources and through collaborative activities develop a comprehensive source of biosystematic information, expertise and technology to support developing-country LOOPS of BioNET-INTERNATIONAL and, through donor-funded programmes, make this available to developing countries.

EuroLOOP will provide the Directorates-General of the European Union, and the national and federal governments of Europe and governments of countries in receipt of European aid with the best possible biosystematic advice and services within its remit.

EuroLOOP will sustain an effective lobby within the EU and national and federal governments of Europe to ensure requisite investment by them in the biosystematic institutions of Europe to support national, bilateral and multilateral aid programmes for the conservation and wise use of the environment and biodiversity

**EuroLOOP
providing the
BIOSYSTEMATIC BACKUP
FOR BIODIVERSITY**

PUBLICATIONS DU SECRETARIAT DE LA FAUNE ET DE LA FLORE
Muséum National d'Histoire Naturelle - Paris, France

BON DE COMMANDE
(cocher les titres souhaités)

N°FASCICULE SERIE INVENTAIRES DE FAUNE ET DE FLORE	AUTEUR TITRE	ANNEE DE PARUTION NOMBRE DE PAGES	ETAT des STOCKS	PRIX UNITAIRE	PORT
n° 1	J.-P. LUMARET Atlas des Coléoptères Scarabeides Laparosticti de France.	1990 (420 p.)		100	30
n° 2	J. LE DUCHAT D'AUBIGNY Bibliographie des inventaires faunistiques de France (1758-1979) Myriapodes.	1980 (21 p.)	ÉPUISÉ*		
n° 3 à 8	J. LE DUCHAT D'AUBIGNY Bibliographie des inventaires faunistiques de France ; (1758-1979) Insectes I : Nevroptéroïdes, Mécoptères Trichoptères, Odonatoptères, Ephéméroptères, Plecoptères	1980 (92 p.)	ÉPUISÉ*		
n° 9 à 13	J. LE DUCHAT D'AUBIGNY Bibliographie des inventaires faunistiques de France ; (1758-1979) Arachnides sauf Acariens.	1980 (96 p.)	ÉPUISÉ*		
n° 14	Ph. BOUCHER / V. HEROS. Bibliographie des inventaires faunistiques de France ; (1758-1980) Mollusques.	1981 (100 p.)	ÉPUISÉ*		
n° 15	J. LE DUCHAT D'AUBIGNY Bibliographie des inventaires faunistiques de France ; Insectes II : Lepidoptères	1982 (89 p.)	ÉPUISÉ*		
n° 16	J. SAPALY Atlas de la Flore du Cantal.	1982 (278 p.)	stock limité	80	25
n° 17,18	G.H. PARENT Bibliographie de l'Herpétofaune Française.	1983 (432 p.)		100	30
n° 19 à 23	F. de BEAUFORT (coord., édit.) et coll. Livre Rouge des Espèces Menacées ; tome 1 : Vertébrés.	1983 (236 p.)	ÉPUISÉ	réed. prévue 1994	sous autre forme
n° 24	F. de BEAUFORT (coord., édit.) Espèces menacées et exploitées dans le monde ; Guide pratique pour leur connaissance et leur identification.	1984 (546 p.)	stock limité	200	40
n° 25 voir 39, 40,42	B. EHANNO Les Hétéroptères Mirides. Tome I : les secteurs biogéographiques.	1983 (604 p.)		100	30
n° 26	E. DUBROCA Bibliographie des zones humides de France.	1985 (140 p.)		60	20
n° 27	P. de RUFFRAY / H. BRISSE / M. HOFF / G. GRANDJOUAN La Banque de données phytosociologiques de l'Institut de Botanique de Strasbourg. Description, premier bilan.	1985 (144 p.)	stock limité	60	20
n° 28	M.-C. SAINT GIRONS Bibliographie des Mammifères du Paléarctique Occidental (1850-1980).	1986 (440 p.)	stock limité	100	30
n° 29	J. DUBOIS / P. YESOU et coll. Inventaire des espèces d'oiseaux occasionnelles en France.	1987 (204 p.)	ÉPUISÉ	Voir vol. 1	hors collect.

* photocopies sur demande 30F + 20F de port

n° 18	G. CREMERS / J.-J. de GRANVILLE / M. HOFF Les plantes "endémiques" de Guyane française	1994 (38 p.)	30	15
n° 19	D. BELLAN-SANTINI / C. POIZAT / J.-Cl. LACAZE Les biocoenoses marines de Méditerranée synthèse, menaces et perspectives	(1994) (248 p.)	100	25
hors numérotation	P. NOËL Atlas des Crustacés Décapodes de France (Espèces marines et d'eaux saumâtres) Etat d'avancement au 28-06-1993	1993 (96 p.)	30	20
HORS COLLECTIONS	J. CASTANET / R. GUYETANT (coord.) et coll. Atlas des Amphibiens et Reptiles de France <i>Société Herpétologique de France</i>	1989 (191 p.)	150	25
n° 1	P.J. DUBOIS / P. YESOU et coll. Les Oiseaux rares <i>Editions Chabaud</i>	1991 (366 p.)	195	25
n° 2	D. YEATMAN-BERTHELOT / G. JARRY Atlas des Oiseaux de France en Hiver <i>Société Ornithologique de France</i>	1991 (575 p.)	350	35
n° 3	M. DUQUET / H. MAURIN (dir.) Inventaire de la Faune de France <i>MNHN/Nathan</i>	1992 (415 p.)	360	40
n° 4	Y. MULLER Bibliographie d'ornithologie française, 1945-1965 <i>SFF/MNHN, SEO, SOF</i>	1992 (260 p.)	200	30
n° 5	E. CHAS Atlas de la Flore des Hautes-Alpes <i>CBNAG/CENPAS/PN Ecrins</i>	1994 (816 p.)	230	35
n° 6	H. MAURIN (dir.) / P. KEITH (coll.) Inventaire de la Faune menacée en France <i>MNHN / NATHAN / WWF FRANCE</i>	(1994) (176 p.)	250	35

ATTENTION, reporter ici le montant total de la commande : _____ F

REGLEMENT à effectuer à l'ordre de : Monsieur l'Agent Comptable du M.N.H.N. - CCP. PARIS 9061 14 M
Le règlement doit être impérativement adressé par courrier au Secrétariat de la Faune et de la Flore. / M.N.H.N. avec indication des références (N° Bon de commande ou Paiement, date) au :

Secrétariat de la Faune et de la Flore - Muséum National d'Histoire Naturelle.
57, rue Cuvier - 75231 PARIS cedex 05. FRANCE
Tél : (1) 40-79-32-74 Fax : (1) 43-36-13-39

Pour les règlements provenant de l'Étranger, un chèque ne sera accepté que s'il est rédigé en Francs français sur une banque française, ou sur une banque étrangère ayant un correspondant en France, ou sous forme d'un mandat International adressé au S.F.F.

For orders from countries other than France, the payment by bank cheques will only be accepted in French francs against a French bank or against a foreign bank having a French correspondent or by an International money ordered in the name of Secrétariat de la Faune et de la Flore.

_____ 0 _____

Autres parutions prévues en 1994 :

- Nouvel atlas des oiseaux nicheurs de France : 1985 - 1989 (Société Ornithologique de France).
- Livre rouge de la flore menacée de France (SFF-MNHN / ME-DNP / CBN).



DEMANDE D'ADHÉSION

Extrait des Statuts :

Article 2 - La Société Française de Systématique se donne pour but de promouvoir l'étude scientifique des organismes dans leur diversité, de leur évolution dans l'espace et le temps et des classifications traduisant leurs rapports mutuels. Elle veillera à :

- faciliter les rapports entre les systématiciens de toutes spécialités de la biologie et de la paléontologie,
- encourager les échanges d'information et la diffusion des connaissances sur la systématique,
- promouvoir la systématique dans ses aspects théoriques et pratiques au sein de la recherche et de l'enseignement,
- représenter la systématique auprès des pouvoirs publics et des organismes nationaux et internationaux, publics et privés.

Article 5 - L'admission a lieu sur le parrainage d'un membre : elle est soumise à l'approbation du Conseil.

**REPLIR LE QUESTIONNAIRE EN LETTRES CAPITALES SVP.
LA COTISATION ANNUELLE EST FIXÉE A 100,00 F PAYABLES
PAR CHÈQUE BANCAIRE OU CCP A L'ORDRE DE LA SOCIÉTÉ.**

(20,00 F seront automatiquement reversés à SIBIOS dont les adhérents à la SFS, sont membres de droit).

SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE DEMANDE D'ADHÉSION

Société Française de Systématique - Secrétariat, 45, rue Buffon, F-75005 Paris
Tél. : 40.79.33.96 ; Fax. : 40.79.36.99 ; Cour. électr. : bourgoin@mnhn.fr
CCP 7-367-80 D PARIS

NOM : _____ PRENOMS : _____

DATE DE NAISSANCE : _____

ADRESSE PERSONNELLE : _____

ADRESSE PROFESSIONNELLE : _____

TITRE ET FONCTION : _____

SPECIALITÉ ET CENTRE D'INTERET : _____

PARRAIN : _____

TEL. PROF : _____ TEL. PERS : _____

FAX : _____ COURIER ELECTRONIQUE : _____

**SOCIETE FRANCAISE DE SYSTEMATIQUE
BULLETIN DE COMMANDE**

NOM : PRENOM :

ADRESSE :

Je commande les BIOSYSTEMA dont j'ai coché les noms ci-dessous,

(⇒ Biosystema 12, Environnement Apple ou IBM)

au prix TTC : (..... F) (France, Etranger) 150 FF (franco de port);
membres SFS : 100 FF (franco de port)

et je joins pour leur paiement un chèque d'un montant de : (..... F).

Les commandes doivent être adressées à :

Mr Hervé Lelièvre, MNHN-Paléontologie, 8, rue Buffon, 75005 - Paris.
Tél. : 40.79.30.26 ; Fax. : 40.79.36.99 ; Cour. électr. : lelièvre@mnhn.fr
CCP 7-367-80 D PARIS

PUBLICATIONS DE LA SOCIETE FRANCAISE DE SYSTEMATIQUE

Biosystema 1 - INTRODUCTION A LA SYSTÉMATIQUE ZOOLOGIQUE - CONCEPTS, PRINCIPES, MÉTHODES,
par L. Matile, P. Tassy & D. Goujet. 1987.

Biosystema 2 - SYSTÉMATIQUE CLADISTIQUE - QUELQUES TEXTES FONDAMENTAUX, GLOSSAIRE
Traduction et adaptation, par D. Goujet, L. Matile, P. Janvier & J.P. Hugot. 1988.

Biosystema 3 - LA SYSTÉMATIQUE ET L'ÉVOLUTION DE LAMARCK AUX THÉORICIENS MODERNES,
par S. Lovtrup. 1988.

Biosystema 4 - L'ANALYSE CLADISTIQUE : PROBLÈME ET SOLUTIONS HEURISTIQUES INFORMATISÉES,
par M. D'Udekem-Gevers. 1990.

Biosystema 5 - LES "INTROUVABLES" DE J. B. LAMARCK,
DISCOURS D'OUVERTURE DU COURS DE ZOOLOGIE ET ARTICLES DU DICTIONNAIRE D'HISTOIRE NATURELLE,
Edition préparée par D. Goujet. 1990.

Biosystema 6 - SYSTÉMATIQUE & ÉCOLOGIE,
par R. Barbault; Cl. Combes, F. Renaud & N. Le Brun; A. Dubois. Edition préparée par J. P. Hugot. 1991.

Biosystema 7 - SYSTÉMATIQUE & BIOGÉOGRAPHIE HISTORIQUE - TEXTES HISTORIQUES & MÉTHODOLOGIQUES,
Traduction et adaptation, par Ph. Janvier, L. Matile & Th. Bourgoïn. 1991.

Biosystema 8 - SYSTÉMATIQUE & SOCIÉTÉ,
Edition coordonnée par G. Pasteur. 1993.

Biosystema 9 - LES MONOCOTYLÉDONES,
par J. Mathez. 1993

Biosystema 10 - SYSTÉMATIQUE BOTANIQUE: PROBLÈMES ACTUELS,
Edition coordonnée par O. Poncy. 1993.

Biosystema 11 - SYSTÉMATIQUE & PHYLOGÉNIE (MODÈLES D'ÉVOLUTION BIOLOGIQUE),
Edition coordonnée par P. Tassy et H. Lelièvre. 1994.

Biosystema 12 - PHYLSYST : LOGICIEL DE RECONSTRUCTION PHYLOGÉNÉTIQUE,
par I. Bichindaritz, S. Potter & B. Sigwalt †. 1994. Environnement Apple et/ou IBM.

SYSTÉMATIQUE AGENDA 2000, RELEVÉ DE LA BIOSPHÈRE.

UNE INITIATIVE UNIVERSELLE POUR DÉCRIRE ET CLASSER LES ESPÈCES DE LA PLANÈTE.

(Traduction française du document américain Systematic Agenda 2000 - Participation aux frais d'envoi et de tirage : 20 ff)