
SOMMAIRE

Éditorial par T. Bourgoïn	4
Journée SFS du 29 Janvier 2002 « Systématique et Grands Projets Internationaux »	5
Fauna Europaea : les espèces animales d'Europe en une seule liste sur le web par C. Basire, N. Bailly, D. Goujet & P. Bouchet	6
Programme européen d'accès transnational aux infrastructures de recherche : Colparsyst et ses partenaires	8
Journées annuelles SFS Octobre 2002 « Développement et Évolution »	9
Thèses et H.D.R.	10
Vient de paraître	12
☐ « Phylogenetic trees made easy » par P. Tassy	
Annonces de Congrès et Réunions	13
Biosystema : bon de commande	14
Demande d'adhésion SFS	15
Appel à cotisation 2002	16



Dans le précédent numéro du bulletin, j'avais souhaité attirer l'attention sur des visions trop étriquées de la systématique, tantôt autour d'une approche purement intellectuelle déconnectée des attentes sociétales, tantôt réduite à la vision très appauvrie d'une taxinomie prestation de service ...

À ce propos, et dans un article récemment publié dans *Nature* (2 mai 2002, 417 :17-19), Charles J. Godfray analyse le devenir de la taxinomie qui passerait par le WEB. Si je partage sans hésitation avec l'auteur l'idée que l'informatique - et son réseau mondial - fournit désormais un outil incomparable de diffusion de l'information et que cette information taxinomique s'y prête même particulièrement bien, le contexte où l'auteur replace la Taxinomie me semble par contre désastreux.

Quant au fond, on y lira tout d'abord que « la taxinomie ne génère pas en elle-même de nouvelles idées, ni ne teste d'hypothèse ! » ... elle se situerait ainsi en amont de l'activité scientifique, réduite à un aspect technique et de service pour « permettre l'accès à de nouveaux champs de recherche ».

La description d'une nouvelle espèce n'a rien d'une activité de routine comme séquencer un gène. C'est avant tout la *proposition d'une hypothèse* que l'espèce nouvelle décrite est plus apparentée aux espèces du genre dans lequel elle est placée qu'avec toute autre espèce. Le descripteur se base pour cela sur la connaissance du groupe acquise par une étude de biologie comparée approfondie. C'est une véritable démarche scientifique où l'hypothèse est *testable* et *validée par la répétition des observations* subséquentes jusqu'à l'éventuelle mise en synonymie du taxon décrit. C'est par ailleurs la création de *nouvelles connaissances* sur la biodiversité : la découverte d'une association inédite d'états de caractères biologiques qui ont servi à décrire et reconnaître le nouveau taxon et la connaissance de nouveaux états de caractères. Enfin, cette description génère de nouvelles idées et informations sur la répartition du genre et la plus grande complexité d'évolution de l'unité taxinomique qu'il représente. Bref tout le contraire de ce que nous livre C. J. Godfray.

On récolte sans doute ici le fruit amer d'une certaine complaisance à l'égard de la

publication d'articles de taxinomie dont la teneur n'approche que de loin ce que l'on est en droit d'attendre d'un article scientifique : description de quelques lignes ou imprécise, sans étude comparée préalable sérieuse, illustration absente ou réduite à une extrémité d'édéage par exemple, types gardés en collection particulière non/ou difficilement accessibles, article publié dans des revues obscures limitant la diffusion de l'information, sans comité de lecture, ... Las ... La publication de résultats taxinomiques est une *démarche scientifique* à part entière et tout autant que l'auteur, elle engage la responsabilité des directeurs de publication qui doivent veiller à la qualité des articles qu'ils acceptent.

C. J. Godfray souligne également plus loin que les objectifs de la taxinomie généralement avancés sont utopiques, ou non pertinents, et ne sont pas clairement affichés. Il insiste sur la monotonie et l'insipidité des catalogues systématiques et leur faible valeur en eux-mêmes pour les non-spécialistes. Lorsque j'en ai besoin, j'avoue personnellement prendre bien peu de plaisir et de temps à essayer de comprendre les développements d'un article de statistique ou de biochimie pour me concentrer plutôt sur ses conclusions. Mais à chacun son métier ! Celui de taxinomiste est celui d'un véritable chercheur avec ses règles, ses forces et ses faiblesses, mais peu importe si les résultats ne sont pas aussi « sexy » que le souhaiteraient certains si ils sont accessibles.

Quant à la forme, il y aurait aussi à dire, et je vous laisse le soin d'apprécier les propositions évoquées pour une nouvelle « taxinomie unitaire ». Rassurez-vous rien de vraiment nouveau ... juste un nouvel habillage (plus sexy ...) du travail habituel d'un bon systématicien tel qu'il se fait depuis toujours. La seule différence apparaît dans le traitement de la synonymie qui deviendrait désormais une anecdote historique si elle date d'avant le nouveau système proposé. D'après l'auteur, il n'y aurait pas de problèmes si les unités taxinomiques étaient divisées ou réunies par la suite, puisque l'on ne retient que la dernière synthèse publiée et accessible sur le WEB.

Pourtant cette différence est de taille car c'est sur la synonymie que repose tout le système. C'est la clé qui permet de trier et relier ensemble de manière raisonnée et ordonnée

des informations biologiques dispersées dans l'espace et dans le temps au fur et à mesure des progrès de la Systématique. À chaque spécimen et à chaque taxon est associée une quantité d'information biologique inimaginable. La taxinomie permet d'y avoir accès avec un recul de plus de 250 ans et selon un chemin, peut-être encombré de synonymies, mais néanmoins unique. Certes ce n'est pas parfait et cela reste perfectible, mais pour une approche informatisée de la Systématique – ce qui est une bonne idée et certainement le défi à relever pour la taxinomie -, on relira avec plus de profit le Biosystema 14 (1996) qui reprenait les Journées de la SFS qu'organisait J. Lebbe en 1995.

Un dernier mot enfin sur ce que je crois être un rêve de biologiste trop pressé. Dans 20 ans, il suffira sans doute de connaître une séquence de gène pour reconnaître une espèce déjà décrite, mais certainement pas pour décrire une nouvelle espèce. Une séquence autapomorphe nous permettra de caractériser une entité biologique, mais jamais ne nous

indiquera que l'espèce est nouvelle. Ce n'est qu'une fois l'espèce décrite que l'on pourra dire si la séquence est de valeur spécifique.

Comme beaucoup, C. J. Godfray voit la taxinomie comme une activité limitée à une simple collecte de données, des noms déconnectés de toute signification évolutive. Un nom de taxon représente cependant bien plus, c'est une donnée abstraite, déjà interprétée, intégrant tout un savoir déjà ordonné et organisé. La conséquence fondamentale en est l'organisation de la recherche. En biologie générale, elle s'opère selon le schéma bien classique : une bonne problématique puis un bon modèle. Fille de la biologie comparée, la démarche scientifique en Systématique est totalement inversée : **c'est la bonne connaissance du groupe, le modèle, qui génère la bonne problématique.**

Thierry BOURGOIN

JOURNÉE SFS « Systématique et grands projets internationaux » du 29 Janvier 2002

La SFS a organisé une journée de conférences « Systématique et Grands Projets Internationaux » le 29 janvier 2002 qui s'est tenue au Muséum National d'Histoire Naturelle (Paris).

Le thème de la matinée « **Cadrage institutionnel et politique, programmes existants** » a fait l'objet de 4 interventions :

1) Initiative taxinomique mondiale : sa place dans la Convention sur la Diversité Biologique (Convention de Rio), relation avec le GBIF (système mondial d'information sur la biodiversité), Diversitas (Systematics Agenda 2000), UNEP. par **S. Tillier**

2) Organisations et programmes d'ambition mondiale : tous taxons (Catalogue of Life, Species 2000, ITIS, OBIS-CoML, ASI, Tree of Life, ...) et exemples par taxons (Fishbase, Species Plantarum Project, ...). par **N. Bailly**

3) La systématique dans le PCRDT européen. par **M. Sharman** (Commission européenne)

4) Programmes européens d'organisation des données taxinomiques (FaunaEuropaea,

Euro+med PlantBase, ERMS, ENHSIN, EuroCat, ENBI, BIOCASE).

par **D. Goujet, P. Bouchet** et **N. Bailly**.

Le thème de l'après-midi « **Réflexion et prospective** » proposait 3 interventions et une table ronde :

1) La systématique à l'Institut Français de la Biodiversité. par **P. Bouchet**

2) Place des institutions taxinomiques, le CETAF (Consortium of European Taxonomic Facilities).

par **W. Los** (Zoological Museum of Amsterdam)

3) Les collections d'histoire naturelle, infrastructures de la recherche mondiale.

par **D. Goujet**

4) Table ronde : La scène changeante des collections, des inventaires et de la systématique. Animation **P. Bouchet**

Un lien sera prochainement disponible sur le site WEB de la SFS (<http://sfs.snv.jussieu.fr>)







FAUNA EUROPAEA : les espèces animales d'Europe en une seule liste sur le web

La Conférence des Nations Unies sur l'Environnement et le Développement Durable (Rio de Janeiro, 1992), a abouti à la signature de la Convention sur la Diversité Biologique par de nombreux pays. La Communauté Européenne, également signataire, a reconnu les lacunes au niveau des connaissances sur sa propre biodiversité. Suivant la mise en place de sa Stratégie pour la Biodiversité (*European Community Biodiversity Strategy*), elle intégrait la biodiversité dans le 5^{ème} Programme Cadre de Recherche (5^{ème} PCRDT). Fauna Europaea (FaEu) est un des projets financés dans ce cadre.

Le but principal est de fournir un service public mis en œuvre sur le web qui proposera une liste unique des noms valides et acceptés des espèces animales (Metazoa) terrestres et d'eau douce d'Europe, et leur répartition par pays. Après une estimation de 100 000 espèces réparties sur les 69 unités géopolitiques concernées au démarrage du projet, ce nombre estimé est de 120 000 à mi-parcours. FaEu ne finance pas les travaux de bases de la taxonomie, *i.e.*, nouveaux inventaires, descriptions d'espèces, révisions, ni les phylogénies. Il en résultera un état de l'art sur la taxonomie en Europe à partir des informations déjà publiées, montrant les lacunes dans les connaissances et les expertises. Ce système d'information permettra la mise à jour des données, et les rendra accessibles à une large gamme d'utilisateurs.

Le projet initial, qui comportait 32 institutions partenaires, principalement des muséums et des universités, s'est récemment étendu avec 11 institutions des pays en voie d'accession à l'Union Européenne (pays est-européens, Chypre et Malte).

Fauna Europaea contribue à l'un des principaux thèmes de la stratégie : identifier et cataloguer les composants de la biodiversité en Europe.

Le projet ERMS (*European Register of Marine Species*, www.erms.biol.soton.ac.uk) a permis de publier la liste des espèces européennes marines fin 2001.

1. Le travail au sein du projet

Le résultat attendu à la fin du projet est une base de données centrale des noms scientifiques acceptés, accessible dans les pages web de Fauna Europaea (www.faunaeur.org) par requête ou par navigation. Des données additionnelles seront sélectionnées et reliées via le web pour illustrer l'interopérabilité entre bases de données sur la biodiversité, interopérabilité dont le nœud central est un catalogue de noms (voir le GBIF, *Global Biodiversity Information Facility*, www.gbif.org). En particulier, un lien sera établi avec la base EUNIS développée et maintenue au Centre thématique Européen pour la protection de la Nature et la Biodiversité de l'Agence Européenne pour l'Environnement, centre qui est hébergé au MNHN. Cette base fournit les statuts de protection des espèces européennes menacées.

Vu le nombre important de données, l'inégalité de leur qualité, et la dispersion des sources d'information en Europe, l'avancement du projet dépend de la contribution de nombreux spécialistes (plus de 400 de 33 pays, dont une soixantaine ont la responsabilité de fournir des listes par taxons de rang élevé).

1.1. La ligne de travail

La première étape a été de développer les standards, les protocoles, la portée et les limites du projet. Les grands principes établis sont les suivants :

- Les noms doivent suivre le Code International de Nomenclature Zoologique.
- Les frontières géographiques sont celles des standards ISO (*International Organization for Standardization*, www.iso.org) et TDWG (*Taxonomic Database Working Group*, www.tdwg.org).
- Les listes doivent être établies en respectant la hiérarchie taxonomique fixée par le projet.
- Pour faciliter les transferts de données entre les opérateurs, et lors du dernier transfert dans la base centrale, des outils informatiques seront créés.
- La validation sera réalisée en partie par des contrôles semi-automatiques de cohérence

des données, et en partie par l'organisation d'ateliers régionaux et thématiques.

- La base de données centrale sera construite sur un modèle relationnel.
- Les interfaces d'utilisation tiendront compte de la nature instable des données, et des besoins des utilisateurs.

1.2. Le modèle de travail

1.2.1. Les listes de noms

Contrairement au projet jumeau pour la flore Euro+Med PlantBase (www.euromed.org.uk) qui pouvait s'appuyer sur Flora Europaea un programme existant depuis longtemps, Fauna Europaea ne peut reprendre que quelques listes déjà existantes, comme des faunes régionales ou nationales, des atlas, etc. ; une grande partie des listes est à créer *de novo*. De plus, les listes faunistiques déjà existantes peuvent être contradictoires quand elles se recoupent.

Des spécialistes taxonomiques ont été choisis pour être des *Groups Coordinators* (GC), c'est-à-dire des spécialistes d'un groupe taxonomique ; 62 groupes ont été retenus pour découper la hiérarchie, qui, en fonction des spécialités, ne sont pas forcément monophylétiques. Les GC sont financés pour produire les listes de noms d'espèces et leur répartition par pays (5 EUR par espèce) en respectant les principes énoncés ci-dessus. Ils peuvent être aidés par des *Taxonomic Specialists* (TS) qu'ils choisissent dans leur communauté taxonomique et qu'ils peuvent financer à leur tour. Une fois la liste achevée, ils la transmettent au *Taxonomic Coordinator* (TC), qui la transfère au *Validation Coordinator* (VC). Ce processus peut s'effectuer en deux cycles, livraison des données taxonomiques, puis des données faunistiques.

1.2.2. La validation

Le but de la validation n'est pas de vérifier la nomenclature et la taxonomie. Son objectif est d'être sûr que la plus grande partie des spécialistes taxonomiques a pu s'exprimer, même sans faire partie des spécialistes initialement impliqués dans le projet. Notamment, tous les bons spécialistes de leur faune locale doivent trouver un forum pour mettre en évidence leurs connaissances, les listes, les monographies et les faunes locales, la littérature grise, les inventaires, etc., pour qu'elles soient prise en compte par les GC et les TS. Les projets européens sont des projets

consensuels, et plus encore dans notre domaine, aucun membre de notre communauté scientifique ne doit se sentir exclus, y compris les « amateurs éclairés ».

Plusieurs ateliers régionaux et thématiques tenteront de rassembler les spécialistes locaux pendant deux ou trois jours pour, de notre côté, présenter le projet, et du leur, présenter les ressources taxonomiques locales et spécifiques. Ainsi, le rôle du *Validation Coordinator* consiste à créer et favoriser les liens entre des connaissances faunistiques locales et des connaissances taxonomiques globales. De plus, des listes pourront être comparées avec des listes de références internationales.

Ces ateliers permettront aussi d'identifier les lacunes dans les connaissances et le manque de spécialistes. Un document rédigé en fin du projet fera la liste de toutes ces lacunes. Il sera envoyé à la Commission Européenne pour qu'elle inscrive dans de futurs programmes cadres le financement de la taxonomie de base, c'est-à-dire les descriptions de nouvelles espèces et les révisions.

2. Détails administratifs et de gestion

Le projet Fauna Europaea durera quatre ans entre le 1^{er} mars 2000 et le 29 février 2004. Les quatre principaux partenaires sont le *Zoological Museum of Amsterdam* (ZMA), coordinateur, le *Zoological Museum, University of Copenhagen* (ZMUC), le *Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris* (MNHN), le *Museum and Institute of Zoology of the Polish Academy of Sciences, Warsaw* (MIZPAN). Ils constituent le *Management Committee*. Un *Project Bureau* a été créé dans chacune de ces institutions ; il a en charge la gestion quotidienne du projet. Six *Advisory Teams* peuvent être réunies et consultées sur les sujets spécifiques suivants : les besoins des utilisateurs, la diffusion et l'exploitation des données, la géographie, la validation et l'analyse des lacunes, les structures taxonomiques et la mise en œuvre informatique. Le *Management Committee*, le *Project Bureau*, et les présidents des six *Advisory Teams* constituent le *Steering Committee*, auquel sont invités des représentants de Euro+Med PlantBase.

Quarante-quatre autres institutions sont partenaires du projet.

Remarque : Les pays européens candidats à la Communauté Européenne (appelés les NAS pour *Newly Associated States*), ont été intégrés récemment dans le



projet, dans le but principal d'améliorer le processus de validation dans ces pays peu représentés parmi les spécialistes initialement impliqués dans le projet. Ils permettront de compléter les connaissances faunistiques de ces pays (inventaires, littérature, listes, etc.), et d'améliorer la qualité des informations par la participation de nouveaux spécialistes. Le MIZPAN est le coordinateur de ces pays.

Les quatre principaux partenaires se sont ainsi répartis le travail :

1) Gestion du projet et de la mise en œuvre informatique : ZMA.

2) Collecte des données taxonomiques et faunistiques : ZMUC.

3) Validation et analyse des lacunes : MNHN.

4) Informations et données spécifiques aux pays NAS : MIZPAN.

3. Conclusion

Le succès du projet est très dépendant de la coopération entre les spécialistes européens. Pour éviter des divergences possibles entre les opinions scientifiques des spécialistes, le projet sépare le travail de collecte des données et de validation.

La Stratégie pour la Biodiversité de la Communauté Européenne a clairement établi l'intérêt et la nécessité de connaître les composants de la biodiversité européenne. En particulier, disposer d'une liste complète des espèces est un enjeu majeur pour faciliter les

décisions politiques et économiques relatives à l'exploitation, la gestion et la conservation de la biodiversité. Car toutes les informations sur les espèces sont accessibles au travers des noms, que ces informations soient biologiques, écologiques, économiques ou réglementaires.

La multiplicité des sources entraînant la prise en compte de nombreux synonymes était un frein aux activités liées à la biodiversité. Les projets tels que Fauna Europaea, European Register of Marine Species, et Euro+Med PlantBase contribuent à ce qu'un nom et toutes les informations qui lui sont rattachées, désigne la même espèce sur tout le territoire européen.

par **C. Basire, N. Bailly, D. Goujet & P. Bouchet**

En résumé :

- 4 ans** du 1er mars 2000 au 29 février 2004.
- 4 principaux contractants** : ZMA, ZMUC, MNHN, MIZPAN.
- Entrée des NAS** dans le projet en **février 2002**.
- Coordinateur** : ZMA (Wouter Los).
- 43 institutions partenaires**.
- <http://www.faunaeur.org>**
- Près de 4 M d'Euros ; les listes elles-mêmes sont rémunérées à 5 Euros par espèce.**
- Steering Committee** = Management Committee + Project Bureau + Advisory Teams Chairpersons

PROGRAMME EUROPÉEN D'ACCÈS TRANSNATIONAL AUX INFRASTRUCTURES DE RECHERCHE : COLPARSYST et ses partenaires

Dans le cadre du programme Améliorer le Potentiel Humain - Accès aux Infrastructures de Recherche, la Commission Européenne a retenu le Muséum National d'Histoire Naturelle (MNHN) comme partenaire. Sont ainsi financées les visites de chercheurs européens dont le projet comporte une utilisation de courte durée (jusqu'à 1 mois) des collections et des instruments du MNHN. Les frais de transport et de séjour (dans une limite journalière prédéfinie) couvriront les dépenses lors du séjour à Paris. Ce programme couvre la période du 1er avril 2002 au 30 juin 2004 et fait l'objet

de 4 appels d'offres sur une base semestrielle. Consultez la page d'Informations Générales.

Si vous connaissez des collègues étrangers des pays de l'Europe des 15 ou des pays de l'Est (à l'exception de la Russie, l'Ukraine, le Belarus et l'ex-Yougoslavie) mais aussi d'Israël, de Norvège ou d'Islande, qui souhaitent présenter une demande de soutien financier pour une visite, veuillez leur signaler le site internet (**<http://mnhn.fr/colparsyst/>**) où ils trouveront tous les renseignements bilingues pour remplir le formulaire de demande.

PROCHAIN APPEL D'OFFRE : 30 septembre 2002

COLPARSYST 6 partenaires européens. Si, en tant que citoyens français, vous ne pouvez bénéficier du financement européen pour venir à Paris, en revanche, si vous devez conduire un programme dans un des six muséums retenus par la Commission Européenne comme Infrastructure de recherche, vous pouvez faire une demande auprès de ces muséums.

Vous pouvez ainsi bénéficier du programme IHP-ARI pour utiliser les collections de nos partenaires européens aux sites suivants :

Natural History Museum (NHM), London : Sys-Resource =>
www.nhm.ac.uk/science/rco/sysresource

Zoological Museum, University of Copenhagen (ZMUC) : COBICE =>
www.zmuc.dk/commonweb/COBICE.htm

Museo Nacional de Ciencias Naturales and the Real Jardín Botánico, Madrid : Biod-Iberia =>
www.museociencias.com or www.rjb.csic.es
Naturhistoriska Riksmuseet (NRM), Stockholm : High Latitude => www.nrm.se/highlat

Royal Belgian Institute for Natural Sciences, Bruxelles : ABC => www.naturalsciences.be

Pour connaître toutes les opportunités de financement de recherche, vous pouvez consulter le site suivant :

<http://www.researchresearch.com/>

et insistez auprès de vos organismes pour qu'ils s'abonnent à ce site qui répertorie toutes les offres de financement pour tous les programmes dans le monde, en Europe, et même en France. Vous serez surpris de certaines annonces qui laissent à penser que nos organismes de recherche sont des agences de moyens, ce qui est parfaitement illusoire quand on connaît les modes d'attribution des fonds !

JOURNÉES ANNUELLES SFS OCTOBRE 2002 « DÉVELOPPEMENT ET ÉVOLUTION »

La SFS a choisi pour thème de ses journées annuelles 2002 « Développement et Évolution ». La réunion se tiendra les 17 et 18 octobre 2002 à Paris (Campus Jussieu, Université Pierre & Marie Curie).

Le programme prévisionnel des journées est le suivant :

Journée du 17 octobre : « Paléontologie et Développement ».

Journée d'hommage au Professeur **André Adoutte**, organisée en commun par la Société Française de Systématique (SFS), la Société Française de Biologie du Développement (SFBD), la Société d'Histoire et Epistémologie des Sciences de la Vie (SHESVIE) et l'Association Paléontologique Française (APF).

Avec le concours du CNRS, des Universités Paris 6 et Paris 7, de L'institut Jacques Monod et du Collège de France (Chaire de Biologie historique et Evolutionnisme).

9h00. *Armand de Ricqlès*. Ouverture de la journée.

9h15. *Jaqueline Godet* ou *Nicole Le Douarin*. Hommage à André Adoutte.

Première session scientifique. Président : **Armand de Ricqlès**.

9h45. *Andy Knoll*. (Harvard). Embryos and other phosphatized early fossils in the context of Proterozoic physical and ecological environments.

10h30. *Stephan Bengtson* (Stockholm). Early metazoans diversification - false starts, environmental hardships and final success.

11h15-11h30. Pause

11h30. *Phil Donoghue*. (Birmingham). On chordates, conodonts and skeletons : some problems and progress on issues of Vertebrates origins.

12h15-14h. Déjeuner libre.



Deuxième session scientifique. Président : **Jean -Antoine Lepesant**

14h. *Laure Bonnaud, Sidney Delgado, Marc Girondot and J.Y. Sire.* (Paris, Orsay) Biologie moléculaire et histoire évolutive précoce d'une protéine spécifique du squelette minéralisé : l'amélogénine.

(Molecular biology and the early evolutionary history of a vertebrate skeleton protein : the case of amelogenin).

14h30. *Daniel Goujet* (Paris). L'apparentement entre les rameaux basaux de Gnathostomes et le problème de l'origine des Osteichthyens : où en sommes nous ?

(Basal interrelationships among gnathostomes and the issue of Osteichthyans origins : where are we ?).

15h15. *Mary Schweitzer.* (Bozeman). Beside « fossil DNA » : some current molecular and biochemical approaches on Mesozoic Vertebrates Paleontology.

16h-16h30. PAUSE.

16h30. *Stéphane Schmitt et Jean Deutsch* (Paris). Histoire du concept d'Homologie (History of the Homology concept).

17h15-17h45. Discussion générale.
Modérateur : *Charles Galperin.*

18h : Assemblée générale de la SFS.

20h : Buffet, MNHN, Paris.

Journée du 18 octobre : « Systématique et Développement ».

Première session. Président : **Guillaume Balavoine.**

9h00. *Detlev Arendt (EMBL, Heidelberg). C*

9h30. *Benjamin Prud'homme (CGM, Gif-sur-Yvette).*

10h00. *Michael Manuel (Biol. Développement, Paris 6).*

10h30-10h45. Pause

10h45. *Eric Queinnec (Biol. Développement, Paris 6).*

11h15. *Jean-Michel Gibert (Dept of Zoology, Univ. Cambridge).*

11h45. *Marianne Felix (Institut Jacques Monod, Paris).*

12h15-14h00. Déjeuner libre.

Deuxième session. Président : **Jean Deutsch.**

14h. *Sylvie Mazan (IBAIC, Orsay).*

14h30. *Marika Kapsimali (University College, Londres).*

15h00. *Lionel Christiaen (INAF, Gif-sur-Yvette).*

15h30-15h45. Pause.

15h45-17h30. **Table ronde** : « Gènes de développement et homologie »

animée par *Philippe Vernier (INAF, Gif)*, *Jean-Stéphane Joly (INAF, Gif)*, *Guillaume Lecointre (MNHN)*, *Guillaume Balavoine (CGM, Gif)* et *Jean Deutsch (Biol. Dév., Paris 6)*.

THÈSES et H.D.R.

□ INTÉRÊTS ET CONSÉQUENCES D'UNE APPROCHE PHYLOGÉNÉTIQUE POUR LA COMPRÉHENSION DE L'ÉVOLUTION DES POISSONS PLATS (TELEOSTEI : PLEURONECTIFORMES).

Bruno CHANET

Institut Universitaire Européen de la Mer,
Université de Bretagne Occidentale, pl.
N. Copernic, Technopôle Brest-Iroise, Plouzané.
HDR (Université de Bretagne Occidentale)
Date de soutenance : 5 avril 2002

L'étude des relations de parenté entre poissons plats a constitué jusqu'à ce jour l'axe

central de la recherche menée depuis près de 11 années. Déterminer la phylogénie de ces animaux revient à dresser un schéma de l'évolution du groupe et la connaissance que l'on peut avoir de celle-ci constitue un point de départ pour des travaux de biologie au sens le plus large qui soit. En effet, l'analyse phylogénétique fournit des reconstructions historiques indispensables à la biologie de l'évolution. D'une part, ces reconstitutions peuvent être confrontées aux scénarios évolutifs, de l'autre, elles peuvent également suggérer des scénarios évolutifs et aider à orienter les études de processus. L'essentiel des travaux personnels réalisés à ce jour répondent à la première approche : reconstituer les étapes de l'évolution des Pleuronectiformes.

Successivement conduit en étudiant les poissons plats fossiles en référence aux organismes actuels, la recherche en cours s'intéresse aux relations de parenté entre poissons plats de la famille du turbot (*Scophthalmus maximus*, Linnaeus, 1758) et de la cardine (*Lepidorhombus whiffiagonis*, Walbaum, 1792) : les Scophthalmidae. Cette dernière approche a été utilement complétée par l'étude du développement post-larvaire chez ces animaux. Ces travaux ont permis de résoudre des problèmes d'homologie et de corroborer la monophylie de certains groupes au moyen d'arguments ontogéniques. Depuis peu, la seconde étape de ce travail est enclenchée : elle consiste à s'interroger sur la présence de certaines caractéristiques de ces organismes en s'appuyant sur les arbres reconstruits. Cette démarche a permis de s'interroger sur les différences dans la durée de la métamorphose chez les poissons plats, sur la répartition géographique de certains groupes, sur la présence de caractéristiques écologiques chez certains animaux.

Les poissons plats sont des poissons de grand intérêt économique, toute approche permettant de mieux comprendre leur biologie est un élément important dans le cadre d'une gestion raisonnée des ressources marines. Jusqu'à ce jour, ces travaux ont été principalement fondés sur des données morpho-anatomiques et des prolongements, que l'on peut espérer fructueux, peuvent être envisagés au moyen des techniques de cytogénétique et de biologie moléculaire. À coup sûr, l'étude comparée de la structure des chromosomes et des séquences d'acides nucléiques permettraient une nouvelle donne, un nouvel éclairage afin de mieux comprendre l'évolution des poissons plats.

▣ ÉTUDE SYSTÉMATIQUE, CLADISTIQUE ET BIOGÉOGRAPHIQUE DES BAETIDAE (EPHEMEROPTERA) DE MADAGASCAR.

Jean-Luc GATTOLLIAT

Musée cantonal de zoologie, Lausanne & Université de Lausanne, Faculté des Sciences, Institut d'Ecologie.

Thèse de doctorat

Date de soutenance : 17 juin 2002

Directeur de thèse : Dr Michel SARTORI
(Musée cantonal de zoologie, Lausanne)

Les Ephéméroptères constituent un ordre très archaïque d'insectes ailés, comprenant un nombre réduit d'espèces (actuellement environ 2500 espèces). Les larves sont aquatiques ; la durée de ce stade est en général d'une année. Le stade adulte est par contre extrêmement bref : de quelques heures à quelques jours. La fonction quasi unique de ce stade est la reproduction.

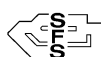
Par sa superficie, Madagascar est la quatrième île du monde. Elle est située dans la partie Ouest de l'Océan Indien à plus de 300 km de la côte africaine. Madagascar faisait partie du super-continent Gondwana. Elle s'est séparée de l'Afrique (-165 M.A.), puis à migrer vers le Sud (-125 M.A.) avant de se détacher du sous-continent indien (-65 M.A.).

La connaissance des Ephéméroptères malgaches était, jusqu'à très récemment, extrêmement limitée. Grâce au programme *Biodiversité et biotypologie des eaux continentales malgaches*, lancé conjointement par l'ORSTOM (actuel IRD, France) et le CNRE (Madagascar), un inventaire à large échelle de la macrofaune benthique malgache a été entrepris. La systématique de plusieurs familles d'Ephéméroptères (Tricorythidae, Polymitarcyidae, Palingeniidae, ...), ainsi que d'autres groupes d'invertébrés (Trichoptères, Simuliidae, macrocrustacés) a fait l'objet d'études approfondies. La présente étude consiste un des volets de ce programme.

Jusqu'au milieu des années nonante, seules quatre espèces valides appartenant à trois genres différents étaient décrites à Madagascar. En 6 ans, ce ne sont pas moins de 25 articles qui sont consacrés à la systématique des Baetidae, permettant de décrire 50 espèces et 8 genres nouveaux. La faune malgache des Baetidae compte actuellement 22 genres et 54 espèces. Malgré sa taille, Madagascar possède une richesse, tant générique que spécifique équivalente à celle d'un continent.

Notre connaissance des Baetidae est suffisamment avancée pour mener une étude cladistique et biogéographique. La reconstruction phylogénétique a permis de mettre en évidence cinq lignées principales à Madagascar et de préciser, pour chacune d'elles, les genres inclus et les caractères propres.

La faune des Baetidae malgaches présente un taux d'endémicité très élevé : 53 des 54 espèces et un tiers des genres sont endémiques. Elle montre des affinités extrêmement fortes avec la faune africaine, puisque 90% des genres présents à Madagascar ou en Afrique ont une répartition strictement restreinte à cette région. Les autres



composantes, notamment orientales et océaniques, sont négligeables ; ces régions n'ont en commun avec Madagascar qu'un nombre restreint de genres cosmopolites. Ces affinités sont en contradiction avec les données géologiques de la dislocation du Gondwana. Plusieurs explications peuvent être données pour résoudre cette contradiction. La plus vraisemblable est que le pouvoir de dispersion des Ephéméroptères, et des Baetidae en particulier, est nettement sous-estimé. L'étude des faunes des îles volcaniques récentes, telle que les Comores, démontre clairement que les Baetidae sont capables de dispersion sur une distance de plus de 300 km. Il est donc possible d'envisager une colonisation de Madagascar à partir de l'Afrique continentale postérieure à la séparation des deux plaques.

Nous avons établi des scénarios retraçant l'histoire biogéographique de chacune des cinq lignées. Pour quatre d'entre elles, l'Afrique continentale est le centre d'origine. La cinquième lignée aurait une origine paléarctique ; l'Afrique représenterait un centre secondaire de spéciation. Ces lignées auraient secondairement colonisé Madagascar à partir de l'Afrique continentale.

Ce travail ouvre donc d'importantes perspectives. Il rend possible l'utilisation à un niveau générique, voire spécifique, des Baetidae pour des travaux de faunistique ou d'écologie, en particulier pour des études liées à la dégradation de la qualité de l'eau. Il devrait également pouvoir servir de base pour l'étude et la compréhension des phénomènes de dispersion et colonisation dans les îles et archipels de l'Ouest de l'Océan Indien.

VIENT DE PARAÎTRE

▣ PHYLOGENETIC TREES MADE EASY. A HOW-TO MANUAL FOR MOLECULAR BIOLOGISTS.

Barry G. Hall, Sinauer Associates, Inc, Sunderland, USA (2001)xii + 179 p.

Voici un manuel de construction phylogénétique tout à fait dans l'air du temps. Comment, en effet, se diriger aujourd'hui dans la jungle des logiciels et des options ? Comment déchiffrer ces notices qui ne semblent écrites que pour le concepteur du logiciel ? Dans un style décontracté Barry Hall a écrit un manuel pour un lecteur idéal qui serait un biologiste des molécules pas vraiment au courant des questions phylogénétiques mais devant construire un arbre pour une raison quelconque (ce n'est donc pas le membre de la SFS qui est visé ; mais, cela dit, qui d'entre nous ne se pose plus jamais de question devant une commande de son logiciel préféré ?). L'auteur lui-même avoue n'avoir eu aucun penchant pour ce sujet, avant de s'y mettre, par obligation, et avoir eu l'idée d'écrire le manuel qu'il aurait souhaité avoir pour débiter.

Cet ouvrage est subdivisé en six parties précédées d'une introduction et suivies de deux annexes. Les trois premières parties sont fondamentales : 1 : Créez un arbre !, 2 : Autres méthodes de création d'arbre (autres car la méthode choisie initialement est NJ), 3 :

Présentez et imprimez vos arbres. Les trois dernières sont des extensions de thèmes déjà abordés 4 : Améliorer l'alignement, 5 : L'usage de MrBayes pour reconstruire les séquences ancestrales d'ADN, et 6 : Gérer quelques problèmes habituels).

Globalement l'ouvrage est une introduction très attractive aux constructions d'arbres dans la mesure où il permet de faire ce qu'il faut faire en sachant qu'on le fait. Les très nombreuses figures et copies de fenêtres tirées de PAUP sont notamment une bénédiction pour l'utilisateur. L'intercalation systématique de tableaux « pour en savoir plus » est très judicieuse. L'introduction au logiciel probabiliste *MrBayes* dû à J. Huelsenbeck (logiciel qui a visiblement la faveur de Barry Hall) suscite un réel intérêt et il n'est pas douteux que la diffusion du logiciel bénéficiera du livre de Hall. Le cœur de l'ouvrage est concentré dans les sections 1 et 2 : les quarante premières pages sont consacrées aux problèmes d'alignement de séquences et les soixante-quinze suivantes abordent (presque) tous les aspects de la fabrication des arbres.

Le style est agréable, presque enjoué. Le ton modeste de Barry Hall est pour beaucoup dans le plaisir de le suivre. Sans caricaturer l'auteur on peut résumer son attitude par le pragmatisme : je cherche un résultat et voilà le meilleur moyen en termes de concepts (très peu), de puissance et de temps de calcul (beaucoup). Ainsi page 76 ce conseil à propos

du choix d'une méthode plutôt qu'une autre : si vous faites tourner votre matrice une nuit et que vous n'avez pas le résultat au petit-déjeuner alors il faut changer de méthode. Très souvent l'évaluation des différentes étapes du travail est plutôt subjective : Hall donne sa recette du « bon » alignement mais ne dit pas vraiment pourquoi il s'en satisfait. Hall préfère les méthodes probabilistes mais les modèles évolutifs fondamentaux qu'il envisage (Jukes et Cantor et Kimura deux-paramètres) sont très banals et non exclusifs du traitement en maximum de vraisemblance.

J'ai commencé ce commentaire en évoquant l'adéquation du livre à l'air du temps. En effet, il y a encore dix ans un tel livre aurait compté 80% de considérations conceptuelles et 20% d'informations pragmatiques. Aujourd'hui un livre comme *Phylogenetic Trees Made Easy* peut très bien n'introduire une (courte) discussion sur la notion d'homologie qu'à la page 149 après avoir introduit le mot page 7 à propos d'homologie entre séquences.

Pourtant l'impasse sur certains concepts peut aboutir à quelques ambiguïtés ou erreurs gênantes. L'enracinement des arbres, par exemple, fait l'objet de plusieurs pages (pp.48-57). Or l'exemple développé pp.115-122 laisse croire, sur le plan général, qu'une longue branche à l'intérieur d'un arbre est le critère « évident » d'enracinement (ici obtenu par midpoint) – autrement dit que deux clusters aux deux bouts d'une très longue branche sont forcément des clades – et que l'option par extra-groupe s'applique en d'autres circonstances

(p.120). Autre exemple : que faire avec plusieurs arbres parcimonieux ? On pourrait ironiser sur le choix préconisé : lorsque parmi les arbres de parcimonie obtenus l'un d'entre eux est identique à l'arbre de NJ, choisir celui-là. Plus gênant est ce qu'il est dit des arbres de consensus (que n'aime pas l'auteur). La longueur des branches de ces derniers serait impossible à obtenir, ce qui est erroné autant que la raison invoquée : on ne peut donner de longueur à des branches qui n'existent pas (pp.83-84). Or, le consensus illustre au contraire les branches communes à chacun des arbres, les seules qui « existent » pour reprendre la terminologie de l'auteur.

Bref, il est clair qu'un débutant saura s'en sortir après avoir bien digéré ce livre (s'en sortir = être capable de publier un arbre) mais je ne suis pas sûr qu'il aura parfaitement maîtrisé tous les enjeux liés à chaque étape du travail. Le pragmatisme a ses limites. Car si la phylogénétique est affaire de résultat, elle est aussi (d'abord ?) affaire de concepts, toujours débattus, encore et toujours. Et sans pour autant abonder dans les luttes entre chapelles qu'épingle avec humour Barry Hall (p. 69), on peut rappeler qu'aucun des concepts fondamentaux de la recherche phylogénétique n'est trivial même si la publication d'arbres semble être devenue une pratique biologique de routine.

Pascal TASSY

ANNONCES DE CONGRÈS ET RÉUNIONS

▣ PLANT SPECIES-LEVEL SYSTEMATICS: PATTERNS, PROCESSES AND NEW APPLICATIONS (LEIDEN, PAYS-BAS, 12-15 NOVEMBRE 2002)

Cette réunion est organisée par le National Herbarium of the Netherlands, l'International Association of Plant Taxonomists, The Linnean Society of London.

- Symposiums et workshops :

- # Plant species radiations
- # Molecular evolution in time and space
- # Multiple genomes: plant hybrids, polyploids and systematics
- # Identification and diagnostics

- Site internet :
<http://nationaalherbarium.nl/symposium2002/home.htm>
or by e-mail to
symposium2002@nhn.leidenuniv.nl



BON DE COMMANDE (liste fournie en 3^{ème} de couverture)



**SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE
BULLETIN DE COMMANDE BIOSYSTEMA**

NOM : PRÉNOM :

ADRESSE :
.....
.....

Je commande les BIOSYSTEMA numéros :

(pour Biosystema 12, précisez : Environnement Apple, IBM, ou Unix)

au prix TTC : € (France, Étranger : **23 euros** franco de port)
(membres SFS : **16 euros** franco de port)

Tarif spécial réservé aux étudiants membres de la SFS **7,50 euros**

et je joins pour leur paiement un chèque d'un montant de : **euros**
à l'ordre de la SFS (CCP7-367-80D PARIS)

Les commandes doivent être adressées à :

 **Société Française de Systématique, Secrétariat, 12 rue Buffon, 75005 Paris.**

LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

DEMANDE D'ADHÉSION

La Société Française de Systématique réunit les systématiciens ou les personnes intéressées par la Systématique et les informe en publiant un *Bulletin*. Elle convie ses membres à des colloques annuels transdisciplinaires, au cours desquels les systématiciens et d'autres scientifiques peuvent s'exprimer et débattre.

Extraits 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'informations 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 parrainage d'un membre ; elle est soumise à l'approbation du Conseil.

REEMPLIR LE QUESTIONNAIRE EN LETTRES CAPITALES S.V.P.

LA COTISATION ANNUELLE EST FIXÉE À 19 euros PAYABLES PAR CHÈQUE BANCAIRE OU CCP A L'ORDRE DE LA SOCIÉTÉ (CCP 7-367-80 D PARIS).

✂

SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE DEMANDE D'ADHÉSION

 **Société Française de Systématique, Secrétariat, 12 rue Buffon, 75005 Paris.**

NOM : PRÉNOMS :

DATE DE NAISSANCE :

ADRESSE PERSONNELLE :

.....

ADRESSE PROFESSIONNELLE :

.....

TITRE ET FONCTION :

SPÉCIALITÉ ET CENTRE D'INTÉRÊT :

.....

PARRAIN :

TEL. PROF. : TEL. PERS :

FAX : COURRIER ELECTR. :



LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

APPEL À COTISATION - ANNÉE 2002

Nous vous remercions de bien vouloir vous acquitter dès que possible de votre cotisation.

Le document ci-dessous pourra nous être retourné avec votre chèque, ou transmis comme bon de commande aux services financiers de l'organisme prenant en charge votre cotisation. Nous vous rappelons que, pour faciliter le suivi de la trésorerie, votre chèque doit être envoyé à notre secrétariat et non directement aux chèques postaux.

Nous avons le regret d'informer nos collègues non français que, compte tenu du montant prohibitif des prélèvements effectués au titre des frais de virements internationaux, nous sommes contraints de refuser certaines modalités de paiement, notamment les formules « Eurochèques ». Nous les prions de bien vouloir s'informer du montant des taxes en vigueur avant d'effectuer leur virement et de bien vouloir majorer leur paiement du montant de la taxe.

Le Bureau



SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE RENOUVELLEMENT DE COTISATION - ANNÉE 2002

Pour l'année 2002, le montant de la cotisation s'élève à **19 euros**

1. Je règle ce jour ma cotisation 2002 **19 euros**
2. Je souhaite recevoir le(s) « Biosystema » N°
au prix de 16 **euros** par exemplaire, soit **euros**
3. Divers **euros**

TOTALeuros

Nom Prénom Ville

Adresse complète (**seulement** en cas de changement à porter au fichier) :

.....
.....
.....
.....

Prière d'adresser votre règlement accompagné du présent document (complété par le nom du sociétaire concerné par ce règlement) à :

 **Société Française de Systématique, Secrétariat, 12 rue Buffon, 75005 Paris**

(CCP 7-367-80 D PARIS)

