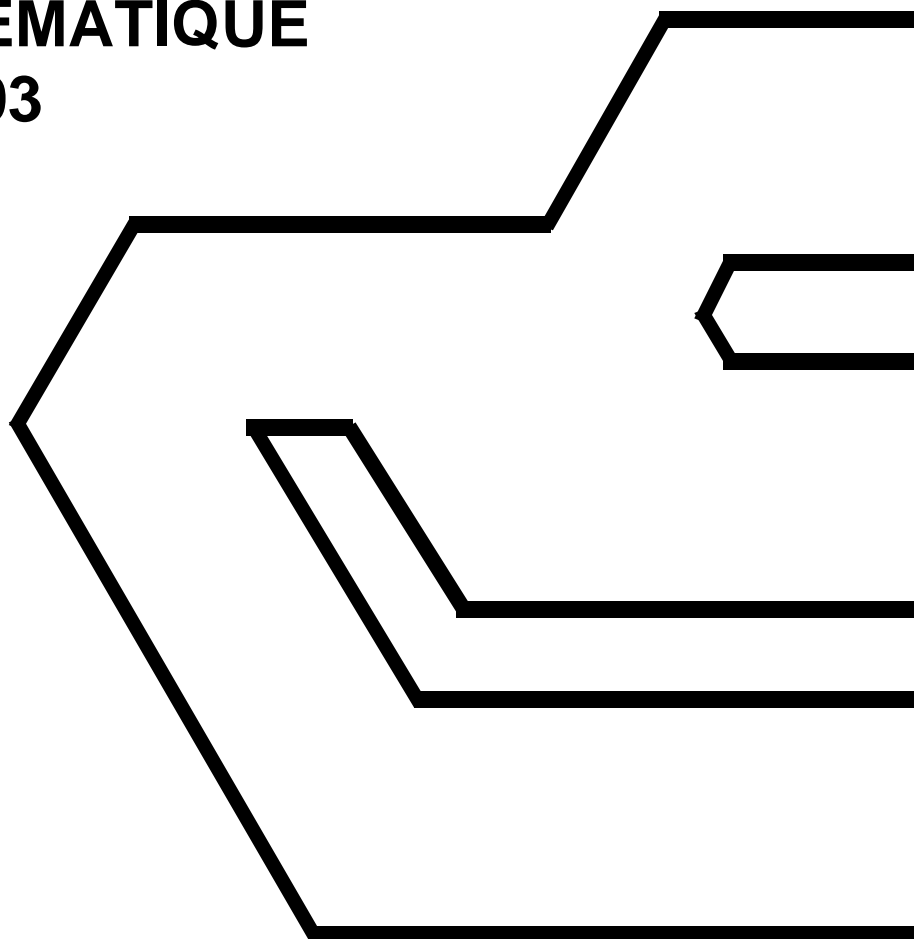


**BULLETIN DE LA  
SOCIÉTÉ FRANÇAISE  
DE SYSTÉMATIQUE**  
Juillet 2003

**N°30**



# SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

Siège Social - M.N.H.N., 57 rue Cuvier, 75005 Paris



**Adresse postale : Secrétariat, 12 rue Buffon, 75231 Paris Cedex 05**



**Site WEB : <http://sfs.snv.jussieu.fr>**

## Conseil de la Société Française de Systématique 2000-2001

Président :	Thierry BOURGOIN
Vice-Président :	Jean-François SILVAIN
Secrétaire générale :	Joëlle DUPONT
Secrétaire adjointe :	Odile PONCY
Trésorier :	Guillaume LECOINTRE
Vice-Trésorier :	Jean-Noël LABAT
Responsables Bulletin- :	Daniel GOUJET
	Nicole LEGER
Biosystema :	Hervé LELIEVRE
Responsable site WEB :	Jean MARIAUX

Conseillers : Nicolas BAILLY, Odile BAIN, Alice CIBOIS, Pierre DARLU, Christiane DENYS, Mireille GAYET, Jean-Pierre HUGOT, Marie-France ROQUEBERT

Président : Thierry BOURGOIN

Muséum National d'Histoire Naturelle – Laboratoire d'Entomologie  
43 Rue Buffon - 75005 Paris  
Tél. : 01 40 79 33 96 / Fax : 01 40 79 3699  
E-Mail : bourgoin@mnhn.fr

Secrétaire générale : Joëlle DUPONT

Muséum National d'Histoire Naturelle - Cryptogamie  
12 Rue Buffon - 75005 Paris  
Tél. : 01 40 79 31 90 / Fax : 01 40 79 35 94  
E-Mail : jdupont@mnhn.fr

Trésorier : Guillaume LECOINTRE

Muséum National d'Histoire Naturelle - Ichtyologie  
43 Rue Cuvier - 75005 Paris  
Tél. : 01 40 79 37 51/ Fax : 01 40 79 37 71  
E-Mail : lecointr@mnhn.fr

## Bulletin de la Société Française de Systématique

Directeur de la publication : T. Bourgoin  
Rédacteur en chef : D. Goujet  
Réalisation et Composition : D. Goujet et Nicole LEGER  
Impression : Imprimerie Launay, Paris



<b>Éditorial</b> par T. Bourgoïn .....	<b>4</b>
<b>Liste des membres du Conseil 2003 de la SFS</b> .....	<b>5</b>
<b>Journée d'information du 21 Mars 2003 : “ Accès aux ressources systématiques ”</b> ...	<b>7</b>
<b>Journées SFS 2003 : « Pertinence et avenir des méthodes d'analyse en phylogénie moléculaire »</b> .....	<b>10</b>
<b>Prix Jacques Lebbe</b> .....	<b>11</b>
<b>Thèses et H.D.R.</b> .....	<b>12</b>
<b>Analyses d'ouvrages</b> .....	<b>17</b>
<b>Annonces de Congrès</b> .....	<b>17</b>
<b>Comité National des Sciences Biologiques : bourses pour congrès</b> .....	<b>21</b>
<b>Biosystema : bon de commande</b> .....	<b>23</b>
<b>Demande d'adhésion SFS</b> .....	<b>24</b>
<b>Appel à cotisation 2003</b> .....	<b>25</b>
<b>Liste Biosystema</b> .....	<b>26</b>



### Editorial

Lorsqu'elle est possible, l'approche moléculaire en Systématique est à juste titre incontournable. Encore faut-il s'en emparer avec rigueur et réalisme. J'avais déjà dénoncé dans l'éditorial du bulletin précédent la proposition d'un 'Système Taxonomique Moléculaire' qui défendait l'idée de réduire la description d'une espèce à un bout de séquence nucléotidique. Les réactions se sont succédé dans *Trends in Ecology and Evolution*, et je vous y renvoie.

**PLUS ENCORE QUE LA TAXONOMIE, LA PHYLOGÉNIE N'ÉCHAPPE PAS NON PLUS AU RAZ-DE-MARÉE MOLÉCULAIRE. IL FAUT DIRE QUE LES ATOUTS D'UNE ANALYSE PHYLOGÉNÉTIQUE SUR BASE MOLÉCULAIRE NE MANQUENT PAS :**

- Un grand nombre de caractères 'prêts à l'emploi' délivrés par des techniques de séquençage de plus en plus abordables, rapides et fiables,
- Des hypothèses d'homologie primaire automatiquement formulées grâce à des logiciels d'alignement aux multiples paramètres,
- Des arbres phylogénétiques construits par des programmes qui rivalisent de possibilités d'analyse, assorties de batteries de tests statistiques.

Bref, on n'a plus qu'à faire son marché parmi taxons, caractères et programmes informatiques et ...hop voilà un article fin prêt pour une revue à facteur d'impact d'autant plus élevé que les techniques d'analyses seront sophistiquées!

Sommes-nous en train de vivre une nouvelle révolution de la Systématique : après celle des concepts de la cladistique, celle de l'analyse phylogénétique informatisée ?

Sans aucun doute, l'outil informatique apporte à la Systématique une puissance de traitement exceptionnelle, sans commune mesure avec les possibilités d'il n'y a même pas 20 ans. Mais on tend de plus en plus à confondre traitement des données et analyse phylogénétique, qui,

généralement, se limite à confronter l'arbre consensus de différents programmes avec l'arbre morphologique. Pour ma part je reste souvent bien perplexe devant de tels exercices qui trouvent pourtant leur place dans les meilleures revues. Alors, pêle-mêle, voici quelques questions relevées au cours de publications consultées ces derniers mois :

Quel est le sens biologique d'une procédure d'optimisation directe (optimisation d'alignement) dans l'alignement des séquences ? Quelle est la réalité biologique d'une branche soutenue avec un bootstrap de 86 ou une branche avec un indice de Bremer de 4 ? Quelle est la signification biologique d'un arbre consensus d'une analyse mélangeant les approches NJ, cladistique, maximum de vraisemblance et bayésienne ? Plus subtil sans doute, que signifie un arbre consensus de résultats obtenus par maximum de vraisemblance ou inférence bayésienne, et testés selon différents modèles ? ...

Je vous laisse le soin de méditer ces quelques questions. Je soulignerais cependant que n'importe quel biologiste alpha est capable de séquencer, de faire tourner ces programmes et d'analyser les résultats en les comparant avec la dernière phylogénie parue. On trouve là sans doute la justification que la systématique ne serait pas une science, mais une simple méthode plus ou moins sophistiquée au service de l'étude de la Biodiversité. Mais que valent réellement ces résultats pour un systématicien ?

Je ne crois pas que le vrai systématicien se risquerait à comparer sérieusement un arbre de distance et un arbre cladistique dont les concepts sous-jacents s'opposent totalement, et encore moins à les regrouper sous un même arbre consensus. Faut-il aussi rappeler qu'un résultat en Systématique est bien plus qu'une simple topologie mais une série de taxons identifiés, regroupés sur un arbre PLUS la liste des synapomorphies aux nœuds. Une topologie est une réponse in-



complète et trompeuse, car à une topologie donnée peut correspondre différents jeux de répartition des synapomorphies.

Par ailleurs, et à moins de faire ce que j'ai pris l'habitude d'appeler de la 'phylogénie exploratoire', j'ai aussi du mal à comprendre pourquoi un systématicien dont l'objectif est d'inférer une phylogénie se priverait de caractères établis pour 'voir' si la branche qui le porte reste vérifiée ; en d'autres termes sur quelle réalité biologique le bootstrap repose-t-il ? ... Un meilleur test serait tout simplement d'ajouter un nouveau taxon avec son propre jeu de caractères et de voir si la topologie de l'arbre et la répartition des synapomorphies est conservée. Combien de phylogénies publiées ne résisterait pas à ce simple test ?

La méthode de parcimonie cladistique n'est sans doute qu'un cas particulier des méthodes de maximum de vraisemblance, mais elle ne correspond pas à n'importe quel modèle ; il est minimaliste ! Quel est l'objectif recherché lorsque que l'on fait varier les modèles d'évolution dans de tels traitements ? Qu'apportent-ils comme réponse concrète à la recherche du systématicien ?

L'évolution est unique, il n'y a que deux propositions possibles : une branche est vraie ou simplement sans réalité. De plus à chacun des composants de l'évolution, depuis les gènes jusqu'aux éco-systèmes, s'appliquent des contraintes qui leur sont propres, génétiques, temporelles et spatiales, qui sont autant de modèles différents ? Que signifie alors pour un

systématicien que sous tel modèle un nœud est vrai à 95% ?

Voilà autant de questions auxquelles je pense que nous, systématiciens, ferions bien de réfléchir afin d'être beaucoup plus critique quant aux résultats éphémères qui s'affichent dans les publications aujourd'hui.

J'aimerais conclure sur un message qui me semble essentiel à faire passer. En aucun cas la maîtrise des techniques sophistiquées de traitement des données n'assure la qualité de l'analyse des résultats qui s'en suit si, au départ, les moyens mis en œuvre sont inadaptés au regard des questions soulevées. Être systématicien ne s'improvise pas sans une formation aux concepts qui sous-tendent aujourd'hui cette discipline. La systématique est une discipline à part entière, non pas une technicité ! Ce que semblent avoir oublié bien des biologistes.

Je pense que nous aurons l'occasion de revenir sur tous ces points et bien d'autres lors des prochaines journées qu'organise notre société autour du thème " Pertinence et Avenir des méthodes d'analyses en phylogénie moléculaire". Nul doute que vous serez nombreux à y participer et que les débats seront des plus intéressants. Je vous donne donc rendez-vous au mois de novembre prochain.

**Thierry Bourgoïn**  
Président de la SFS

---

## **LISTE DES MEMBRES DU CONSEIL DE LA SFS**

---

### Président

**Thierry BOURGOIN**  
Muséum national d'Histoire naturelle  
Entomologie  
45, rue Buffon - 75 005 Paris  
Tél : 01 40 79 33 96 - Fax : 01 40 79 36 99  
bourgoïn@mnhn.fr

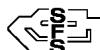
### Vice-Président

**Jean-François SILVAIN**  
IRD c/o CNRS

Population, Génétique et Évolution  
Bat. 13, BP 1, 91198 Gif-sur-Yvette Cedex  
Tél : 01 69 82 37 38 - Fax : 01 69 07 04 21  
silvain@pge.cnrs.gif.fr

### Secrétaire générale

**Joëlle DUPONT**  
Muséum national d'Histoire naturelle  
Cryptogamie  
12 rue Buffon, 75005 Paris  
Tél : 01 40 79 31 90 - Fax : 01 40 79 35 94  
jdupont@mnhn.fr



### Secrétaire adjointe

#### **Odile PONCY**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Phanérogamie  
16 rue Buffon, 75005 Paris  
Tél : 01 40 79 33 79 - Fax : 01 40 79 33 42  
poncy@mnhn.fr

### Trésorier

#### **Guillaume LECOINTRE**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Ichtyologie Générale & Appliquée  
43 rue Cuvier, 75005 Paris  
Tél : 01 40 79 37 51 - Fax : 01 40 79 37 71  
lecointr@mnhn.fr

### Vice-Trésorier

#### **Jean-Noël LABAT**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Phanérogamie  
16, rue Buffon, 75005 Paris  
Tél.: 01 40 79 33 81 - Fax : 01 40 79 33 42  
labat@mnhn.fr

### Responsables Biosystema et Bulletin

#### **Daniel GOUJET**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Paléontologie  
8 rue Buffon, 75005 Paris  
Tél: 01 40 79 30 16 - Fax: 01 40 79 35 80  
goujet@mnhn.fr

#### **Nicole LEGER**

63 Avenue Pierre Semard  
94210 La Varenne Saint-Hilaire  
Tél: 01 48 83 72 39 Fax: 01 48 86 58 55  
nicleger@wanadoo.fr

### Responsables Biosystema

#### **Hervé LELIÈVRE**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Paléontologie  
8 Rue Buffon, 75005 Paris  
Tel : 01 40 79 30 26 - Fax : 01 40 79 35 80  
lelievre@mnhn.fr

### Responsable Site WEB

#### **Jean MARIAUX**

Musée d'Histoire Naturelle  
CP 6434  
CH-1211 Genève 6 (SUISSE)  
Tél : 41 22 418 63 43 - Fax : 41 22 418 63 01  
jean.mariaux@mhn.ville-ge.ch

### Conseillers

#### **Odile BAIN**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Parasitologie comparée et modèles expérimentaux. U 445 INSERM.  
61 rue Buffon, 75005 Paris  
Tél : 01 40 79 34 97 - Fax : 01 40 79 34 99  
bain@mnhn.fr

#### **Nicolas BAILLY**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Ichtyologie Générale & Appliquée  
43 rue Cuvier, 75005 Paris  
Tél: 01 40 79 37 63 - Fax: 01 40 79 37 71  
bailly@mnhn.fr

#### **Alice CIBOIS**

Musée d'Histoire Naturelle  
CP 6434  
CH-1211 Genève 6 (SUISSE)  
Tél:+41 22 418 63 02 - Fax: 41 22 418 63 01  
alice.cibois@mhn.ville-ge.ch

#### **Pierre DARLU**

INSERM Unité 535 Génétique épidémiologique et structure des populations humaines  
Bât. INSERM G. Pincus  
80 Rue du Gal.Leclerc  
94276- Le Kremlin-Bicêtre-Ceddex  
Tel:01 49 59 53 40 - Fax: 01 49 59 53 31  
darlu@kb.inserm.fr

#### **Christiane DENYS**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Zoologie Mammifères & Oiseaux  
55 Rue Buffon, 75005 Paris  
Tél 01 40 79 30 85 - Fax : 01 40 79 30 63  
denys@mnhn.fr

#### **Mireille GAYET**

Université Claude Bernard, Lyon 1  
Sciences de la Terre  
27-43, boulevard du 11 novembre  
69622 Villeurbanne cedex  
Tel : 04 72 44 83 98 - Fax : 04 72 44 84 36  
gayet@univ-lyon1.fr

#### **Jean-Pierre HUGOT**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Zoologie Mammifères –Oiseaux  
55 Rue Buffon, 75005 Paris  
Tél : 01 40 79 30 63 - Fax : 01 40 79 35 05  
hugot@mnhn.fr

#### **Marie France ROQUEBERT**

Muséum national d'Histoire naturelle  
Cryptogamie  
12 rue Buffon, 75005 Paris  
Tél : 01 40 79 31 94 - Fax : 01 40 79 35 94  
roqueber@mnhn.fr



---

## JOURNÉE D'INFORMATION DU 21 MARS 2003

---

### □ ACCÈS AUX RESSOURCES TAXONOMIQUES – IMPORTANCE DE LEUR INFORMATISATION

#### Journée de la Société Française de Systématique, Auditorium de la Grande Galerie de l'Évolution (MNHN) Paris, 21 mars 2003

Comme nous en avons pris l'habitude depuis quelques années, une journée SFS a eu lieu le 21 mars 2003. Le thème retenu était: "Accès aux ressources taxonomiques – importance de leur informatisation" dans le cadre du colloque organisé du 19 au 21 mars 2003 par le Nœud National français (situé au MNHN) du projet européen BioCASE (*A Biological Collection Access Service for Europe*; [www.biocase.org](http://www.biocase.org)). Il faut entendre par ressources taxonomiques les collections mortes et vivantes d'organismes (y compris tissus) et les bases de données d'inventaires et d'observations (voir ci-après dans ce volume une présentation de BioCASE).

Le but de cette journée est d'abord de montrer pourquoi il est important que les ressources taxonomiques soient informatisées, en particulier les collections. Des développements récents de l'utilisation des informations afférentes aux spécimens de collection et des données d'inventaires et d'observations seront montrés à partir des travaux présentés lors du dernier symposium du *Taxonomic Database Working Group* (TDWG; [www.tdwg.org](http://www.tdwg.org)). Les limites scientifiques de telles utilisations seront discutées.

Ensuite a été présenté le projet européen BioCASE, le futur portail web des collections européennes.

Enfin, après la présentation de quelques réseaux de collections présents ou en cours de structuration en France, une table ronde discutera de l'effort français en la matière et comment les Nœuds Nationaux BioCASE et GBIF (*Global Biodiversity Information Facility*; [www.gbif.org](http://www.gbif.org)), en particulier par la participation au projet européen ENBI (*European Network for Biodiversity Information*; [www.faunaeur.org/enbi/info.html](http://www.faunaeur.org/enbi/info.html)) peuvent contribuer à la coordination de ces différents réseaux, sans doute avec l'aide des ministères concernés, et à leur intégration internationale.

Le programme, encore provisoire, est le suivant (ces deux demi-journées seront entrecoupées chacune d'une pause café) :

9h30 : Début de l'enregistrement 10h : Début des interventions Importance de l'informatisation des ressources taxonomiques Bases scientifiques de cette informatisation Utilisation des données : récents développements Limites d'exploitation des informations 12h30 : pause déjeuner (libre) 14h : Reprise des interventions Présentation de BioCASE Présentations de réseaux français 16h : Table ronde : intégration internationale de l'effort français 17h45 : Conclusions (fermeture de l'auditorium à 18h).
---

#### Lieu et date

La journée a eu lieu dans l' <b>Auditorium de la Grande Galerie de l'Évolution, au Muséum National d'Histoire Naturelle</b> (36, rue Geoffroy Saint-Hilaire, 75005 Paris. Métros Jussieu ou Austerlitz), <b>le 21 mars 2003.</b>
--

En prélude à cette journée, a eu lieu le 19 après-midi une discussion plus technique sur les difficultés de l'informatisation des collections ouverte à tous dans le cadre des réunions base de données initiées au MNHN par A. Dettai, et le 20, une journée plus pratique sur invitation concernant la collaboration entre les détenteurs de ressources taxonomiques, les réseaux déjà constitués et le Nœud National BioCASE.

Gaël Lancelot & Nicolas Bailly (avec le Conseil de la SFS)  
Noeud National, projet BioCASE  
[biocase@mnhn.fr](mailto:biocase@mnhn.fr) / 01 40 79 37 43

#### COMPTE RENDU DE LA JOURNÉE DU 21 MARS 2003

La SFS a organisée une journée de conférences "Informatisation et accès aux ressources taxinomiques" à l'auditorium de la Grande Galerie de l'Évolution le 21 Mars 2003. Cette journée faisait suite à une réunion du réseau



européen BioCASE qui a eu lieu au Muséum National d'Histoire Naturelle le 20 Mars 2003. Après l'ouverture de la journée par Thierry Bourgoïn (SFS), la session commence par une série de présentations introductives sur l'informatisation et les bases de données taxinomiques.

Simon Tillier (MNHN) rappelle l'importance de l'informatisation des collections, qui devient un outil indispensable pour les scientifiques de par l'augmentation du nombre d'objets étudiés, mais aussi pour la société dans le cadre de la conservation de la biodiversité : il donne comme exemple le projet mondial GBIF, (*Global Biodiversity Information Facility*).

Régine Vigne (LIS, Paris VI) fait une présentation détaillée des bases scientifiques de l'informatisation, précisant des concepts tels que la définition de l'information et les différents systèmes de bases de données.

Nicolas Bailly (MNHN) présente ensuite les récents développements de l'utilisation des bases de données. Il donne quelques exemples tirés du dernier meeting du TDWG, *Taxonomic Database Working Group*, comme l'utilisation de la distribution géographique des spécimens conservés dans les musées pour faire des hypothèses sur la répartition potentielle d'une espèce. Les limites de ce genre d'études sont discutées : au niveau de l'échantillonnage (sa complétude, les moyens utilisés pour le réaliser), ainsi qu'au niveau de la qualité même des données.

La conférence de Gaël Lancelot (MNHN) permet d'entrer dans le vif du sujet, à savoir le projet européen BioCASE, *a Biodiversity Collection Access Service for Europe*, dont le but est de mettre en place une interface web intégrant toutes les bases de données de collections en Europe. Le terme collection tel qu'il est compris par BioCASE est vaste : spécimens préservés par les musées, animaux et plantes vivants possédés par les parcs et jardins, cultures de tissus, de micro-organismes, et enfin rapports d'observations et d'inventaires sur le terrain. Il existe donc une grande diversité des données, qui se reflète par une grande diversité des institutions hôtes. L'objectif est de rendre accessible ces informations au plus grand nombre. Plusieurs institutions européennes participent à ce projet, notamment le MNHN qui est chargé de centraliser les informations sur les bases de données en France (un Noeud National, dans le jargon de BioCASE). Une présentation détaillée du projet et des

partenaires impliqués peut être trouvée sur le site internet du projet ([www.biocase.org](http://www.biocase.org)).

La matinée est close par Nicolas Bailly qui présente en quelques mots les derniers développements du groupe ABCD, *Access to Biological Collection Data*, à propos de l'établissement d'un standard pour l'informatisation des données : quelle doit être la limitation des champs que l'on peut interroger, comment structurer la réponse d'une requête, comme gérer la pérennité du serveur etc.

La suite de la journée est constituée de présentations de bases de données réalisées en France.

Jean-Pierre Porcher (Conseil Supérieur de la Pêche) présente dans un premier temps son institution, puis la base de données qui est gérée par celle-ci. Il montre comment un échantillonnage standardisé sur l'ensemble du territoire a été mis en place et a permis de développer un indice de qualité des peuplements ichtyologiques du réseau hydrographique français.

Monique Vianey-Liaud (Université Montpellier 2) présente la diversité des collections préservées dans les différents instituts de recherche du campus de Montpellier. Regroupées sous un service commun, ces collections vont faire l'objet d'un recensement complet, avec comme objectif l'intégration des banques de données réalisées au projet BioCASE.

La Fédération Nationale des Conservatoires Botaniques est à son tour présentée par Daniel Malengreau (FNCB) qui en résume les principales missions : connaissance et préservation de la flore et des milieux naturels, information et expertise pour les pouvoirs publics, sensibilisation du grand public. La conservation *in situ* de la chflore nécessitant des données sur la répartition des taxa, des réseaux de botanistes (le plus souvent amateurs) ont été mis en place. L'harmonisation des millions de données récoltées est en cours pour la création d'une base nationale.

Gilles Cheylan (Musée d'Histoire Naturelle d'Aix en Provence) fait une présentation des musées d'histoire naturelle de province : plus de 15 millions de spécimens sont conservés dans les 58 musées recensés (c'est sans compter les musées "mixtes" qui contiennent aussi, mais pas exclusivement, des collections d'objets d'histoire naturelle). L'informatisation des collections concerne pour le moment une trentaine de musées, et le pourcentage d'objets saisis est très inégal selon les groupes : de quelques % pour les invertébrés, qui constituent la moitié du nom-





bre total de spécimens conservés, à près de 70% pour les collections contenant peu d'objets, comme les instruments scientifiques.

A un niveau international, les botanistes francophones se sont réunis en un réseau, Tela-Botanica, présenté ici par Alexandre Granier (T-B). A partir de l'idée d'un inventaire des herbiers français, un réseau de correspondants locaux s'est constitué sur la base d'un système de saisie décentralisée : une plate-forme web ([www.tela-botanica.org](http://www.tela-botanica.org)) permet à chaque correspondant et à ses rédacteurs agréés de saisir les données d'une collection locale. La base de donnée a été conçue pour être compatible avec le format BioCASE, et les données qu'elle contient pourront ainsi être basculées sur le serveur européen.

Marie-France Roquebert (MNHN) présente ensuite les bases de données existantes sur les cultures de micro-organismes, qui existent au niveau national (Bureau des Ressources Génétiques, [www.brg.prd.fr](http://www.brg.prd.fr)), européen (CABRI, *Common Access to Biological Resources and Information*, [www.cabri.org](http://www.cabri.org)) et mondial (WDCM, *World Data Centre for Micro-organism*, <http://wdcn.nig.ac.jp>). Selon les cas, on peut obtenir des informations sur les collections (des *méta-données*), ou bien les informations sur les objets conservés dans les collections.

La base de données de l'Institut français de recherche pour l'exploitation de la mer, présenté par Marie-Claire Fabri (IFREMER), regroupe les données sur les êtres vivants, leur milieux et leur relations, collectées lors de campagnes en mer, plongées ou mouillages. L'institut a développé un certain nombre d'outils informatiques spécifiques pour l'acquisition des données lors des différentes étapes de recherche (en mer et au laboratoire).

Maïté Delmas (MNHN) présente les réseaux des jardins botaniques, qui existent au niveau national (L'Association des Parcs Botaniques de France) ou international (BGCI, *Botanic Gardens Conservation International*, [www.bgci.org.uk](http://www.bgci.org.uk)). Ce dernier comprend plusieurs bases de données, édite des normes et diffuse des logiciels pour aider à

l'informatisation des collections. Un CD-rom des méta-données sur les jardins est disponible.

La dernière intervention est une présentation des parcs zoologiques français par Jean-Jacques Boisard (Parc Zoologique de Sigean). Il explique que les collections d'animaux vivants se tournent de plus en plus vers la conservation d'espèces rares ou menacées, en plus de la sensibilisation du public à la conservation de la biodiversité. Du point de vue de l'informatisation, les parcs zoologiques français connaissent des limitations d'ordre administratif qui font qu'aucune de leur données n'est informatisées à l'heure actuelle. Au niveau international, la base de données ISIS, *International Species Information System* ([www.isis.org](http://www.isis.org)) donne accès à un grand nombre d'information sur les parcs zoologiques.

La discussion qui clôt cette journée reprend les thèmes et problèmes évoqués par différents intervenants, comme la nécessité de référentiels taxinomiques pour l'informatisation, le contrôle de qualité des données récoltées par les réseaux (indispensables) d'amateurs, le lien à faire entre les différentes base de données existantes et le problème de la redondance de l'information, et enfin la gestion de sites internet en plusieurs langues. On aurait aussi pu souligner l'utilisation parfois abusive des sigles et autres acronymes, que les oreilles des non initiés avaient parfois du mal à décrypter...

En conclusion, les organisateurs se félicitent de la qualité des interventions qui furent extrêmement instructives sur le niveau de l'informatisation des collections en France, déplorant toutefois la taille un peu réduite de l'audience : une confusion a peut être été faite entre cette journée SFS et la réunion BioCASE de la veille. Cependant, la diversité des bases de données présentées est le reflet de l'activité importante en ce qui concerne l'informatisation des collections en France, ainsi que de son implication dans les projets internationaux.

Alice CIBOIS



---

# JOURNÉES SFS: PERTINENCE ET AVENIR DES MÉTHODES D'ANALYSE EN PHYLOGÉNIE MOLECULAIRE

---

3, 4 et 5 Novembre 2003  
Amphi Verniquet, Muséum National d'Histoire Naturelle

Les journées de la SFS se tiendront à l'automne 2003 dans l'amphithéâtre Verniquet du Muséum. Les 3, 4 et 5 novembre (matinée seulement). L'amphithéâtre Verniquet (ou Grand Amphithéâtre) du Muséum a fait l'objet d'une restauration et d'une réfection complètes. Il pourra accueillir dans des conditions optimales une audience beaucoup plus large que l'auditorium de la Grande Galerie dont la capacité est limitée à 125 personnes. Nous espérons une assistance nombreuse pour

venir débattre avec nous des développements récents des méthodes en phylogénie et, même si le titre semble limiter le champ d'investigation aux méthodes d'analyse en phylogénie moléculaire, les morphologistes, confrontés de plus en plus à des formalismes empruntés aux molécularistes, sont eux aussi directement concernés. Ces emprunts sont-ils légitimes ou non? c'est une question qui doit être débattue. Les intervenants nous apporteront leur éclairage et leurs propositions.

## Programme provisoire

### PARTIE I -

MÉTHODES NON PROBABILISTES : PERTINENCE ET AVENIR - *T. Bourgoin*. MNHN Systématique et Evolution

- Le statut de la parcimonie - *G. Lecointre MNHN*
- Les principes de l'optimisation directe - *C. d'Haese*. CNRS-MNHN Systématique et Evolution.
- L'indel, un caractère pas comme les autres - *V. Barriel*. MNHN Histoire de la Terre.
- Alignement et reconnaissance des caractères : le problème des gènes non codants - *T. Bourgoin*. MNHN Systématique et Evolution.
- Robustesse des phylogénies moléculaires : un test qualitatif dans le cas des gènes non codants - *D. Ouvrard*. MNHN Systématique et Evolution.

PARTIE II – LES MÉTHODES PROBABILISTES, MAXIMUM DE VRAISEMBLANCE ET MÉTHODES BAYESIENNES : POTENTIELS ET CONTRAINTES - *A. Cibois & J.-F. Silvain*

- Parcimonie ou maximum de vraisemblance : mieux considérer les postulats pour en finir avec une querelle de sourds." - *P. Deleporte*, CNRS, Station biologique de Paimpont
- Avantages et limites des phylogénies en Maximum de vraisemblance avec des grands jeux de données - *D. Casane*, CNRS-PGE, Gif-sur-Yvette
- Bayesian phylogenetic inference and character mapping - *J. Bollback*, University of California
- Inférences bayésiennes en phylogénie moléculaire: vers des modèles hétérogènes - *N. Lartillot*, Université de Montréal
- Les approches probabilistes en phylogénie moléculaire : des forêts d'arbres jusqu'aux échelles de temps - *E. Douzery*, Institut des Sciences de l'Evolution, Montpellier
- Une méthode rapide pour l'inférence phylogénétique au sens du maximum de vraisemblance - *O. Gascuel*, LIRMM, Montpellier

PARTIE III - SYNTHÈSE DES APPROCHES – *P. Darlu*

- Le Genre *Bruchidius* (Coleoptera : Bruchidae) est-il monophylétique ? Apport des méthodes de parcimonie, maximum de vraisemblance et inférence bayésienne - *G. Kergoat*, IRD & CNRS-PGE, Gif-sur-Yvette.



---

# **PRIX “ JACQUES LEBBE ” DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE**

---

## **Prix Jacques Lebbe**

La SFS a créé à partir de 2001 un prix dédié à la mémoire de Jacques Lebbe. Ce prix, destiné à récompenser et soutenir des étudiants en Systématique, titulaires dans l'année 2001 d'un **DEA** dans cette spécialité.

La préférence ira aux candidats ayant développé des aspects méthodologiques liés à l'informatique.

Ce prix est destiné chaque année à un DEA soutenu l'année précédente, par un jury composé de 6 personnes : 3 membres permanents (le président de la SFS, Régine Vignes-Lebbe et Pascal Tassy) et 3 membres choisis par le président (2 membres du conseil et un membre extérieur).

Les candidats sont identifiés par deux moyens :

- soit acte volontaire de candidature ;

- soit proposition par le conseil ou par l'un ou partie des membres de la SFS ou encore par le directeur du DEA ou le maître de stage.

La diffusion de ce prix se fera sur le site de la SFS, dans le bulletin et vers les directeurs de DEA.

La remise du prix a lieu au cours des journées de la SFS.

Le lauréat recevra une somme de 300€, une adhésion d'un an à la SFS, s'il n'en est pas membre, et une série des Biosystema.

Les candidats sont priés d'adresser au secrétariat de la SFS, au plus tard le 30 juin 2004, date limite, le formulaire ci-dessous dûment rempli (et/ou une version électronique PDF), accompagné d'un exemplaire du mémoire et d'un CV.

\*\*\*\*\*

### *Prix Jacques Lebbe*

FORMULAIRE à retourner au Secrétariat de la SFS :  
Société Française de Systématique, Secrétariat, 12 rue Buffon, 75005 Paris

NOM : PRÉNOM :

ADRESSE :

TITRE DU MÉMOIRE :

SITUATION ACTUELLE :



---

## THÈSES ET HDR

---

### □ TESTS MORPHOLOGIQUE ET MOLÉCULAIRE DES HYPOTHÈSES DE PHYLOGÉNIE DES CLUPEOMORPHA (TELEOSTEI)

René ZARAGUETA y BAGILS

#### Département Histoire de la Terre

Paleobiodiversité et Paléoenvironnement

**Thèse de doctorat** (Muséum National d'Histoire naturelle)

Date de soutenance : 20 Décembre 2002

Directeur de thèse : Pr Daniel GOUJET

Directeur scientifique: Dr Hervé LELIEVRE

La notion de caractère utilisée en analyse cladistique est vague et propre à chaque systématicien. La formalisation du caractère proposée ici distingue la génération des conjectures d'homologie de leur validation et évacue les relations d'ancêtre à descendant et le raisonnement abductif. L'analyse à trois taxons maximise l'homologie ainsi formalisée, la sévérité du test de congruence et la précision de la méthode.

L'indice de rétention, seule mesure d'ajustement pertinente, est utilisé dans deux applications originales. NoiseSnapper permet la détection du bruit en analyse cladistique en fixant le seuil d'ajustement à partir duquel le contenu explicatif des caractères est nul. La deuxième application concerne le problème de l'ajustement des cladogrammes à la stratigraphie. Les indices existants sont réfutés et une nouvelle mesure d'ajustement hiérarchique est proposée, le HIFI (Hierarchical Fit Index). Un troisième développement est l'application de l'analyse de saturation aux données morphologiques, qui permet de détecter des artéfacts d'attraction de longues branches et d'optimisation des données manquantes. Dans une deuxième partie de ce travail, les résultats méthodologiques obtenus sont appliqués aux hypothèses de phylogénie des Clupeomorpha. Le test moléculaire montre que les Clupeomorpha constituent le groupe frère des Ostariophysi et propose une redéfinition des Protacanthopterygii, avec une relation de groupe frère entre les ésocoïdes et les salmonidés. Le test morphologique, qui inclut un grand nombre de taxons fossiles, permet de résoudre les relations entre les clades les plus inclusifs de Clupeomorpha et de redéfinir les Ellimmichthyiformes.

Mots-clés

Cladistique ; caractère ; homologie ; analyse à trois taxons ; test ; NoiseSnapper ; HIFI ; Clupeomorpha ; Ellimmichthyiformes ; Otocephala ; Protacanthopterygii ; saturation ; données manquantes

### □ PHYLOGÉNIE DES BRACHYTHORACI (VERTEBRATA, PLACODERMI) ET AJUSTEMENT DE LA PHYLOGÉNIE À LA STRATIGRAPHIE. LES SITES DU DÉVONIEN TERMINAL, LA CARACTÉRISATION DE LEUR MILIEU DE DÉPÔT PAR L'ANALYSE DE SIMILITUDE DE LEUR ICHTHYOFAUNE.

Hervé LELIÈVRE

HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Discipline : SCIENCES NATURELLES

Date de présentation: 12 Décembre 2002

Les questions auxquelles la systématique est confrontée sont celles de la reconstitution historique et de la représentation évolutive du passé. La paléontologie porte en elle une dualité qui se reflète dans les buts qu'elles se proposent d'atteindre et qui ont un rapport étroit avec la phylogénie. Pour certains paléontologues, dont je suis, la nature des fossiles est biologique, pour d'autres elle sera avant tout géologique. L'un des buts de cette habilitation a été de confronter le point de vue d'un systématicien à celui d'un biostratigraphe face à la reconstitution historique du passé. Les Placodermes sont le groupe zoologique qui a servi de support pour développer ces idées. Ils sont connus uniquement à l'état fossile, depuis le Silurien supérieur (-420 ma) jusqu'à la fin du Dévonien (-360 ma), et représentent le groupe frère des autres Gnathostomes (Chondrichthyens, Actinoptérygiens, Acanthodiens et Sarcoptérygiens). Une analyse phylogénétique informatisée des Brachythoraci, l'un des clades de Placodermes, est proposée. Ce clade constitue le groupe le plus diversifié et le plus abondant de Placodermes pendant le Dévonien.

Cette analyse phylogénétique sert de support à une réflexion sur les rapports entre la stratigraphie et la phylogénie. C'est une question vive qui est débattue puisqu'elle fait intervenir



l'étude de la diversité biologique, sa mise en place ; mais elle implique surtout sa dimension temporelle donc la paléontologie. L'aspect qui a retenu notre réflexion est celui des rapports à définir entre stratigraphie et systématique phylogénétique. En d'autres termes : peut-on forger l'espoir de trouver une corrélation positive entre l'ordre d'apparition temporelle impliquée par les données fossiles et une hypothèse phylogénétique (cladogramme, ou branchement hiérarchique de taxa) ? L'écueil principal que recouvre cette question revient à ajuster des données de nature différente - hiérarchiques (le cladogramme) sur des données linéaires (le temps). Cet ajustement n'avait jusqu'ici reçu aucune solution satisfaisante (Benton 1994, Fischer 1992, Wills 1999, Siddall 1998). Pour la première fois une hiérarchisation du temps est proposée, un nouvel indice d'ajustement de la phylogénie à la stratigraphie utilisant l'indice de rétention (indice de mesure de l'information contenue dans des données hiérarchiques) mesure l'ajustement de la phylogénie à la stratigraphie, le seul qui ait un sens puisque la phylogénie est une hypothèse et la stratigraphie est considérée comme une donnée "exacte".

Enfin dans un autre domaine, celui du paléoenvironnement, la question de l'identification des milieux de dépôt des Vieux Grès Rouges du Dévonien supérieur est abordée à partir des assemblages fauniques de vertébrés inférieurs (Placodermes, Actinoptérygiens, Chondrichthyens, Acanthodiens et Sarcoptérygiens) pour 39 localités du Famennien. La méthode utilisée est phénétique puisque la question posée concerne la ressemblance générale qui peut rapprocher des localités d'âge comparable à partir de leur contenu ichthyologique. L'intérêt de cette analyse réside dans l'importance que revêt l'identification paléoenvironnementale de localités appartenant aux Vieux Grès Rouges en l'absence d'invertébrés répertoriés dans leur spectre faunique. Sur cette évidence négative, l'environnement de dépôt de ces localités est depuis longtemps considéré comme d'eau douce. Or les résultats de l'analyse de distance montrent qu'il n'existe pas d'assemblage d'eau douce, et que les localités à Tétrapodes du Dévonien auraient un environnement de dépôt marin restreint. Pour l'avenir, ces conclusions pourraient être étayées par des données tirées de l'analyse géochimique des isotopes des os dermiques de vertébrés conservés dans ces localités famenniennes.

□ **SYSTÉMATIQUE ET PHYLOGÉNIE DU GENRE GENETTA ET DES ÉNIGMATIQUES « GENET-LIKE TAXA » PRIONODON, POIANA ET OSBORNICTIS (CARNIVORA, VIVERRIDAE) : CARACTÉRISATION DE LA SOUS-FAMILLE DES VIVERRINAE ET ETUDE DES PATRONS DE DIVERSIFICATION AU SEIN DU CONTINENT AFRICAIN**

Philippe GAUBERT

**Département Systématique et Evolution** Unité Origine, Structure et Évolution de la Biodiversité  
Laboratoire de Zoologie: Mammifères & Oiseaux  
**Thèse de doctorat** (Muséum National d'Histoire naturelle)

Date de soutenance : 12 Juin 2003

Directeur de thèse : Pr Michel TRANIER

Directeur scientifique: Dr Géraldine VERON

La sous-famille des Viverrinae (Carnivora, Feliformia, Viverridae), qui demeure un taxon à la systématique confuse, est représentative de l'imbroglie taxinomique constitué par le « groupe poubelle » que sont les Viverridae. Les Viverrinae sont constitués d'espèces aux morphotypes très hétéroclites : les civettes terrestres, massives et digitigrades (*Civettictis*, *Viverra* et *Viverricula*), les genettes, plus petites, d'apparence plus élancées, et semi-digitigrades (*Genetta*), et un ensemble de taxons à la morphologie atypique, les « Genet-like taxa » (*Prionodon*, *Poiana* et *Osbornictis*). Jusqu'à présent, la taxinomie et la phylogénie du groupe n'avaient pas été abordées de façon exhaustive, et les relations de parenté entre les genettes, africaines, et les énigmatiques « Genet-like taxa », afro-asiatiques, restaient très controversées. Les données fossiles relatives à ces taxons demeurent en outre inexistantes ou très rares, et limitées au registre Pliocène.

Notre travail a porté sur la clarification des délimitations interspécifiques au sein des Viverrinae, et plus particulièrement au sein du genre *Genetta*, et sur la position des genres *Prionodon*, *Poiana* et *Osbornictis* par rapport aux genettes, dans le contexte de la phylogénie des Viverridae. Pour répondre à l'ensemble des questions relatives à la systématique et la biogéographie du groupe, des supports de diverse nature ont été utilisés, puis comparés et / ou combinés : morphologie (caractères discrets), biogéographie (aires de répartition) et séquences nucléotidiques (gène du cytochrome *b* [cytb] et intron I de la transthyrétine [TR-i-I]). Afin d'établir la phylogénie moléculaire des Viverrinae dans un cadre taxinomique le plus exhaustif possible, nous avons également utilisé, en complément des échantillons frais, du matériel de collection.



Nos investigations ont permis de redéfinir la sous-famille des Viverrinae, en excluant les linsangs asiatiques (*Prionodon* spp.), ces derniers étant groupe-frère des Felidae (position fortement soutenue par TR-i-I), et en y discriminant deux tribus aux synapomorphies morphologiques fortes : les Viverrini (civettes terrestres) et les Genettini (*Poiana* + *Genetta*). Les analyses basées sur les données moléculaires incluent la genette aquatique (*Osbornictis piscivora*) dans le clade des genettes, le genre *Osbornictis* Allen, 1919 devant ainsi être mis en synonymie avec le genre *Genetta* G. Cuvier, 1816. Elles supportent également de façon très soutenue la position des linsangs africains (*Poiana* spp.) en tant que groupe-frère des genettes. Les limites interspécifiques au sein du genre *Genetta* ont pu être clarifiées grâce à la combinaison des trois types de support, et nous avons pu proposer une classification réactualisée délimitant 16 espèces, incluant la nouvelle espèce *Genetta bourloni* Gaubert, 2003.

Les patrons phylogénétiques obtenus ont permis de jeter une nouvelle lumière sur l'évolution morphologique des « premiers » féliniformes (comme le genre *Paleoprionodon*, de l'Oligocène) ainsi que sur la labilité de caractères considérés comme diagnostiques et la forte homoplasie véhiculée par les caractères morphologiques, aussi bien en ce qui concerne les taxons anciennement regroupés au sein des Viverridae que le genre *Genetta*. Nos estimations d'aires ancestrales et de temps de divergence aboutissent à considérer une origine asiatique des Viverridae, tels que nouvellement définis, aux alentours de 23 Ma. Toutefois, elles ne permettent pas de clarifier l'origine géographique de la sous-famille des Viverrinae, estimée apparaître vers 21 Ma. Nos estimations datent l'origine du genre *Genetta* aux environs de 8 Ma, soit à une période bien antérieure à ce que pouvait laisser supposer le registre fossile. L'ancêtre des genettes semble être de type « *Poiana*-like », et nous suggérons que la première phase de diversification du genre se soit effectuée en majorité au sein de la forêt tropicale africaine sur environ 4 Ma. Toutefois, l'histoire évolutive des genettes semble avoir été influencée par un ensemble complexe de facteurs, et ne s'accorde qu'en partie à un modèle de spéciation écologique.

La sous-famille des Viverrinae, de par le fait qu'elle regroupe un ensemble de morphotypes hétéroclites (y compris au sein même du genre *Genetta*), paraît avoir subi d'importants taux d'extinction de ses lignées et / ou être caractérisée par une labilité morphologique remarquable.

## □ LE GROUPE « PALAEOCHELYS SENSU LATO MAUREMYS » DANS LE CONTEXTE SYSTÉMATIQUE DES TESTUDINOIDEA AQUATIQUES DU TERTIAIRE D'EUROPE OCCIDENTALE. APPORTS À LA BIOSTRATIGRAPHIE ET À LA PALÉOBIOGÉOGRAPHIE

Sophie HERVET

Département Histoire de la Terre

Paleobiodiversité et Paleoenvironnement

Thèse de doctorat (Muséum National d'Histoire naturelle)

Date de soutenance : 1<sup>er</sup> Juillet 2003

Directeur de thèse : Dr. F. de LAPPARENT

Parmi les Testudinoidea (*sensu* Gaffney & Meylan, 1988 ; Chelonii, Chelomacryptodira) aquatiques du Tertiaire d'Europe occidentale, le groupe « *Palaeochelys sensu lato* – *Mauremys* » est défini ainsi que celui des « Ptychogasteridae », ces groupes sont replacées dans leur contexte paléobiogéographique. Les taxons du complexe « *Palaeochelys sensu lato* – *Mauremys* » auparavant rapportés à *Ocadia*, *Palaeochelys*, *Clemmys*, *Emys*... sont redéfinis, de nouveaux taxons sont décrits ainsi que de nouveaux taxons de « Ptychogasteridae ». Le cadre systématique et phylogénétique des Testudinoidea est étudié, les différentes phylogénies proposées (Hirayama, 1985 ; Gaffney & Meylan, 1988) sont critiquées, des hypothèses sont envisagées. Deux analyses de parcimonie sont effectuées avec 30 taxons terminaux du groupe « *Palaeochelys sensu lato* – *Mauremys* » et deux extra-groupes (*Platysternon megacephalum* et *Elkemys australis*) ; 54 caractères anatomiques de la carapace sont décrits. Une hypothèse alternative de relations phylogénétiques (non informatisée) est proposée à l'issue des résultats obtenus pour ce groupe. Un catalogue actualisé des gisements tertiaires français à chéloniens est donné. La répartition biostratigraphique et paléobiogéographique des différents groupes de chéloniens continentaux est étudiée montrant l'intérêt paléoenvironnemental et paléoécologique de ceux-ci et leurs limites biostratigraphiques.

**Mots-clés :** *Palaeochelys*, *Mauremys*, Ptychogasteridae, Tertiaire, Europe, Biostratigraphie.

## □ HISTOIRE, CLASSIFICATION ET PHYLOGÉNIE DES OLACACEAE BROWN (SANTALALES)

Valéry MALÉCOT

Laboratoire de Paléobotanique et Paléoécologie. UPMC

Thèse de doctorat de l'Université de Paris VI, Pierre-et-Marie Curie



Date de soutenance : 29 novembre 2002,  
Directeur de thèse : Denise PONS

La famille tropicale des Olacaceae Brown fait partie de l'ordre des Santalales auquel appartiennent la majorité des Angiospermes hémiparasites ligneuses. Bien que ces plantes possèdent des pigments chlorophylliens elles détournent des éléments nutritifs d'autres plantes par l'intermédiaire de suçoirs (haustoriums) fixés aux racines ou aux branches de ces dernières. Cette thèse s'articule en trois grandes parties d'égale importance. I- Après avoir fait une mise au point des connaissances actuelles de la famille dans tous les domaines (diverses classifications depuis le 17<sup>ème</sup> siècle, morphologie, palynologie, anatomie, usages, phytochimie, phylogénie...), une étude taxonomique et nomenclaturale de la famille et tout particulièrement pour les espèces africaines et malgaches, a été réalisée. Pour se faire, plus de 600 références bibliographiques ont été recensées et analysées. II- Utilisant à la fois les caractères macro-morphologiques, palynologiques, anatomiques, d'une part, et les séquences des gènes nucléaires 18S et 26S, et chloroplastiques *matK* et *rbcL* d'autre part, des analyses systématiques et phylogénétiques de la famille ont été effectuées. Pour les données moléculaires, plusieurs méthodes de reconstruction phylogénétique ont été utilisées : maximum de parcimonie, maximum de vraisemblance, et reconstruction bayésienne. L'ensemble des résultats obtenus montre que les Olacaceae sont scindées en deux grands clades distincts, l'un regroupant les taxons autotrophes, l'autre les hémiparasites. De plus, une nouvelle classification de la famille, en sous-familles et tribus est proposée et plusieurs hypothèses ont été avancées pour expliquer les corrélations entre le taux d'évolution des caractères morphologiques et moléculaires liés à l'apparition du parasitisme. La diversité des Olacaceae pourrait s'expliquer par des phénomènes de spéciation en relation avec l'isolement des populations par suite de la variation des caractères morphologiques floraux et du mode de dispersion des graines, des variations climatiques, des mouvements orographiques... III- Par ailleurs, un essai d'histoire biogéographique et historique de la famille a été réalisé. Ainsi, la révision du pollen fossile tout à fait original de la tribu des Anacoloseae, permet de suggérer une hypothèse sur la migration de ces Olacaceae hémiparasites actuellement pan-tropicales depuis le Maestrichtien. Utilisant la méthode d'analyse NPRS d'estimation des taux d'évolution moléculaire, la comparaison des âges de divergence estimés avec ceux issus des données paléobotaniques montre que les grands événements géodyna-

miques et paléoclimatiques mondiaux conditionnent la répartition spatio-temporelle et la phylogénie des Olacaceae. Le refroidissement climatique survenu entre le Paléocène et l'Éocène conduit à une topologie similaire dans différentes tribus de la famille, où les taxons américains sont groupes frères d'un clade de taxons afro-asiatiques, lui-même divisé en deux clades géographiques. Des événements de dispersion à longue distance entre l'Amérique du Sud et l'Afrique ou entre l'Afrique et l'Asie, survenus au cours de l'Oligocène, ont également pu être mis en évidence. En outre, une explication de l'apparition de l'hémiparasitisme racinaire dans l'ordre des Santalales a été proposée et les conséquences de cette apparition sur la morphologie et la diversification des Santalales ont également été abordées.

□ *ORIGINE, PHYLOGÉNIE, EVOLUTION MORPHOLOGIQUE ET HISTOIRE BIOGÉOGRAPHIQUE DES MYRISTICACEAE (ANGIOSPERMES : MAGNOLIALES)*

Hervé SAUQUET  
Département Systématique et Evolution Muséum National d'Histoire Naturelle  
Thèse de doctorat du Muséum  
Date de soutenance : 13 Juin 2003  
Directeur de thèse: **Annick LE THOMAS (Ecole Pratique des Hautes Etudes)**

L'ordre des Magnoliales est constitué d'environ 3000 espèces tropicales à tempérées d'Angiospermes ligneuses réparties en six familles : les Annonaceae, les Magnoliaceae, les Myristicaceae et trois familles monogénériques, les Degeneriaceae, les Eupomatiaceae et les Himantandraceae. Elles ont longtemps été considérées comme le groupe le plus primitif d'Angiospermes. Bien que les progrès récents de la phylogénie des Angiospermes aient montré qu'elles sont étroitement apparentées aux Laurales, aux Winterales et sans doute aux Piperales, les Magnoliales continuent de jouer un rôle essentiel dans l'étude de la diversification des premières Angiospermes. Regroupant près de 500 espèces exclusivement tropicales, les Myristicaceae représentent après les Annonaceae la plus vaste famille de l'ordre mais n'ont jamais été étudiées dans une perspective phylogénétique. Cette thèse est consacrée d'une part à préciser l'origine des Myristicaceae en reconstruisant une hypothèse phylogénétique solide pour les Magnoliales et en discutant ses implications morphologiques. D'autre part, ce travail vise à clarifier les relations entre les 21 genres de Myristicaceae et en examiner les implications pour l'évolution morphologique et l'histoire biogéographique de la famille.



Pour réaliser ces objectifs, une grande matrice morphologique (115 caractères) et douze jeux de données moléculaires (séquences nouvelles de sept locus chloroplastiques variables : *ndhF*, parties 5' et 3' de l'intron *trnK*, *matK*, *trnT-trnL*, intron *trnL* et *trnL-trnF*; et données publiées de cinq locus plus conservés appartenant à trois génomes : *atpB*, *rbcL*, 18S rDNA, *atp1* et *matR*; plus de 14000 nucléotides alignés au total) ont été assemblés. À partir d'analyses séparées et combinées de tous ces jeux de données, les relations au sein des Magnoliales et des Myristicaceae ont été reconstruites simultanément, en utilisant les Laurales, les Winterales et les Piperales comme groupes extérieurs. En dépit d'un conflit apparent entre les jeux de données, les analyses combinées de parcimonie et de maximum de vraisemblance ont convergé vers une topologie entièrement résolue et bien soutenue à l'échelle des Magnoliales, en accord avec les études moléculaires antérieures de plus large échelle sauf pour la position des Magnoliaceae : Myristicaceae + [Magnoliaceae + [[*Degeneria* + *Galbulimima*] + [*Eupomatia* + Annonaceae]]]. En revanche, la résolution des relations au sein des Myristicaceae s'est montrée difficile et incomplète, en raison du niveau très bas de divergence moléculaire entre les membres de la famille et de la branche très longue qui conduit à celle-ci. Cependant, les résultats obtenus indiquent très clairement que le genre malgache *Mauloutchia*, que l'on croyait diverger à la base de la famille, est en réalité étroitement apparenté à quatre autres genres avec lesquels il forme un clade afro-malgache.

Ces résultats impliquent que plusieurs traits supposés plésiomorphes des Magnoliales sont les synapomorphies des Magnoliineae (groupe-frère des Myristicaceae) ou du clade de quatre

familles qui diverge après les Magnoliaceae. De même, la position dérivée de *Mauloutchia* au sein des Myristicaceae contredit un certain nombre d'hypothèses antérieures sur la polarité de transformation des caractères dans la famille. Ces implications ont été examinées en particulier dans le contexte de deux études morphologiques réalisées à partir de nouvelles observations au MEB, concentrées sur les caractères de l'androcée et du pollen chez les Myristicaceae. Par ailleurs, la phylogénie préliminaire obtenue pour la famille suggère un scénario biogéographique possible qui suppose une origine gondwanienne puis l'expansion de la distribution de la famille pendant la fragmentation du Gondwana au cours du Crétacé et au début du Tertiaire. La comparaison des dates de divergence estimées à partir de trois méthodes différentes révèle que le niveau particulièrement bas de divergence moléculaire trouvé dans la famille ne contredit pas nécessairement un âge ancien et pourrait être expliqué de façon simple par un ralentissement marqué de l'évolution moléculaire dans la lignée.

Du point de vue méthodologique, ce travail souligne la complémentarité des données morphologiques et moléculaires et le besoin d'études phylogénétiques concentrées sur un groupe particulier pour tester, préciser et discuter correctement les résultats qui émergent des études de plus large échelle. Il illustre également la prudence nécessaire qu'il convient d'observer avec les résultats phylogénétiques issus de l'analyse d'un nombre trop restreint de caractères tels que ceux des études à un seul gène. Cependant, la comparaison analytique des analyses séparées est essentielle pour mieux comprendre les sources de conflit et de soutien des branches dans les analyses combinées.

---

## ANALYSES D'OUVRAGES

---

□ **L'ÉTONNANTE HISTOIRE DES NOMS DES MAMMIFÈRES.** (illustrations de François Bois-rond), Robert Laffont, 486 p., 2003  
Henriette Walter et Pierre Avenas

Vous rentrez d'une mission de terrain dans le sud-ouest de la France... vous êtes à la Gare Matabiau, à Toulouse... avant le départ du train vous vous baladez dans le point de vente « Relay-Hachette »... parmi les piles des best-sellers habituels, la victoire de Chirac un an après, le nouveau Patricia Cornwell, le dernier Connelly, un livre inattendu attire votre attention, *L'Étonnante histoire des noms des mammi-*

*fères*. Un bouquin de systématique chez Robert Laffont ?

Le livre est en réalité, comme son titre l'indique, un plaisant traité de linguistique mammalienne écrit par deux aficionados des Mammalia, Henriette Walter, linguiste, et Pierre Avenas, chimiste. Le lecteur est invité à se plonger dans les ramifications des différents noms et dérivés attribués à 300 mammifères (la plupart actuels mais il y a quelques fossiles). La promenade au sein des grandes langues européennes est fort érudite. Le plaisir de la lecture est grand et jamais contrarié par quelques approximations ou erreurs (par exemple p.154 l'affirmation qu'il ne





reste plus que quelques représentants sauvages du cheval de Przewalski, alors que les derniers spécimens ont disparu de leur vallée de Mongolie dans les années 1970 ; ou bien celle que l'on a abandonné le nom de genre *Mastodon* au profit de *Mammot* car le premier aurait été donné à un coléoptère : en fait, plus simplement, *Mastodon* a été créé en 1814 et *Mammot* en 1799).

Que manque-t-il donc dans ce livre pour être un ouvrage de systématique ? Principalement le fait que le nom scientifique ne soit pas toujours donné (même s'il l'est le plus souvent) et parce que le nom de l'auteur du nom scientifique et sa date manquent et donc le contexte socio-

historique. Cela nous prive d'une mise en perspective entre les cultures scientifique et populaire. Le dernier chapitre intitulé « épilogue » (p.433-441) aborde d'ailleurs la question de la construction des noms scientifiques et montre qu'il s'en est fallu de peu que l'ouvrage soit complet.

A lire en tout cas, notamment si vous voulez savoir ce qui lie Spip, le compagnon de Spirou et Fantasio, les forêts de chêne et Nicolas Fouquet, le surintendant des finances de Louis XIV.

Pascal TASSY

---

## ANNONCE DE CONGRÈS

---

### □ XVII INTERNATIONAL BOTANICAL CONGRESS, VIENNA, AUSTRIA, EUROPE.

18 - 23 July 2005

NOMENCLATURE SECTION

13 - 16 July 2005

<http://www.abc2005.ac.at>

e-mail: [office@abc2005.ac.at](mailto:office@abc2005.ac.at)

#### First Circular

##### General Information

The XVII International Botanical Congress (XVII IBC) takes place 2005 in Vienna, Austria. It is being organized by the IBC Organizing Committee, the Society for the Advancement of Plant Sciences and the Vienna Medical Academy, with support from many societies related to Plant Sciences, as well as universities, research institutions, and private sponsors. The XVII IBC is held under the auspices of the International Association of Botanical and Mycological Societies (IABMS) of the International Union of Biological Sciences (IUBS).

Purpose The XVII IBC, like all its precursors, will be a major convention of scientists from around the world. The XVII IBC will be a centennial meeting, 100 years after the 2<sup>nd</sup> modern IBC Vienna in 1905.

Registration Registration is open to any person interested in any field related to plant biology. Payment of the registration fee allows entrance to all sessions, exhibitions and receptions; it will also include receipt of all congress documents and abstract publications. Reduced fees will apply to students and to scientists from developing countries.

Congress Site The Austria Center Vienna is a large and attractive building with all modern facilities to support large international meetings.

Duration of the XVII IBC:

Scientific Sessions and Ceremonies July 18 - 23 (Monday - Saturday) 2005. The Nomenclature Section will be held during July 13-16 (Wednesday - Saturday) 2005 at the UNI-Campus "Neues Hörsaalzentrum".

##### Congress highlights

The congress will convene at the Opening Session on Monday, 18 July 2005, with welcoming ceremonies and plenary lectures. The Scientific Program, and commercial and other exhibitions will take place from Monday through Saturday. Scientific events will end daily at 18:30 leaving evenings free for Society or social meetings, or for the many cultural events and attractions that Vienna has to offer.

The Scientific Program In the tradition of previous IBC Meetings, the Scientific Program of the XVII IBC will consist of Plenary Lectures, Symposia (consisting of oral and poster sessions), Society or Association Meetings, New Media Presentations, and Discussions and Workshops. All participants (plenary speakers excepted) will be limited to one oral or poster presentation.

Scientific Disciplinary Areas:

- Cell Biology and Molecular Genetics
- Genomics, Proteomics, Metabolomics
- Structure and Development including Functional Aspects
- Botanical Diversity, Systematics
- Population Biology
- Plant-/Eco- Physiology, Biogeogenic Cycles
- Phytochemistry (basic and applied)



- Ecology, Environment; Conservation Biology
- Human Society and Plant Sciences
- Natural Resources, Biotechnology, Economic Botany
- Knowledge sharing Databases, Bioinformatics, Electronic Communications, Education

Language:

The official language is English. No simultaneous translation will be provided.

Excursions Various pre-, mid- and post-Congress excursions will be offered. Collections The botanical collections in Austria are exceptionally rich. W and WU (Vienna), GJO and GZU (Graz, 150 km from Vienna) and LI (Linz, 180

km from Vienna) contain together 6,000,000 herbarium specimens including more than 500,000 types. Make use of the opportunity to visit these collections!

**Deadline for symposium proposals: 30 September 2003**

All prospective participants are invited to submit a proposal for a Symposium fitting within one of the Disciplinary Areas. Proposed symposia that bridge two or more disciplinary areas are also welcome and encouraged.

**All authors (oral contributions and posters) will have to supply abstracts, the deadline for which will be announced in the Second Circular.**

## □ PREMIER CONGRÈS INTER-NATIONAL DE NOMENCLATURE PHYLOGENETIQUE

Paris, 28 Juin-1<sup>er</sup> Juillet 2004

Le *Premier Congrès International de Nomenclature Phylogénétique* aura lieu au Muséum National d'Histoire Naturelle et au Collège de France, du 28 juin au 1<sup>er</sup> juillet 2004. Ce congrès devrait intéresser de nombreux biologistes car il s'agit de lancer un nouveau Code International de Nomenclature Biologique.

De nombreux systématiciens considèrent que les codes de nomenclature actuels (particulièrement ceux de nomenclature zoologique et botanique) sont peu adaptés à la systématique moderne, qui est intrinsèquement évolutionniste. Ceci n'est pas surprenant puisque les principes de base des codes actuels dérivent plus ou moins directement des travaux de Linné, publiés au milieu du 18<sup>ème</sup> siècle. Or, Linné, comme la plupart de ses contemporains, était fixiste et créationniste. Les codes en vigueur sont donc peu adaptés à la biologie moderne, dans laquelle l'évolution joue un rôle majeur. Malgré diverses révisions de ces codes, leur fonctionnement de base n'a pas beaucoup évolué depuis le code Strickland (le premier code), qui fut inauguré en 1843. Un nombre croissant de systématiciens a donc cherché une alternative à ces codes linnéens et ces recherches ont donné naissance à la Nomenclature Phylogénétique, puis à un Phylocode (accessible sur internet au <http://www.ohiou.edu/phylocode/>) qui formalise les résultats de ces réflexions. Le Phylocode diffère des codes actuels de nombreuses façons. Une différence particulièrement importante est que dans ce code, les noms de taxons sont définis par la phylogénie, les rangs absolus ne sont pas reconnus

et des règles de synonymie, d'homonymie et de priorité existent pour tous les noms de taxons. Par contraste, dans le code Zoologique, aucune règle ne s'applique au-delà du niveau supra-familial.

Il n'est pas possible d'exposer ici en détail le fonctionnement du Phylocode, mais quelques concepts de base peuvent être exposés. Trois grandes catégories de définitions de noms de taxons ont été proposées (Fig. 1):

- 1) Les définitions par noeud (« node-based » definitions en anglais). Elles se présentent sous la forme: le dernier ancêtre commun de A et B et tous ses descendants. (A et B, ainsi que toutes les entités nommées dans les définitions, doivent impérativement être des espèces ou leurs spécimens-types). Pour ceux qui préfèrent ne pas parler d'ancêtres, on peut les formuler sous cette forme: le plus petit clade qui inclut A et B. Dans les cas où A et B sont des espèces (ou leurs types) vivant actuellement, on peut parler de taxon apical (« crown-group » en anglais).
- 2) Les définitions par branche (« stem-based definitions » en anglais). Elles se présentent sous la forme: A et tous les organismes qui sont plus étroitement apparentés à A qu'à Z. On peut également formuler la définition ainsi: le plus grand clade qui inclut A mais pas Z.
- 3) Les définitions utilisant une apomorphie (« apomorphy-based definitions » en anglais). Elles se



présentent sous la forme : le premier membre du taxon X ayant possédé l'apomorphie M et tous ses descendants. On peut encore la formuler ainsi : le clade caractérisé par l'apomorphie M.

Selon le Phylocode, chaque nom ne peut avoir qu'une définition (les homonymes ne seront donc pas valides) et chaque définition ne peut être utilisée que pour un seul nom (les synonymes ne seront pas valides). Un strict principe de priorité déterminera, dans le cas où des homonymes ou synonymes auraient été publiés, quels noms et définitions seront valides. Pour faciliter le travail des révisions systématiques, une base de données librement accessible sur l'internet renfermera une liste exhaustive des noms de taxons et de leurs définitions. Ce système permet une bien plus grande clarté dans les discussions systématiques car dans le cadre de la systématique Linnéenne, de nombreux noms ont reçu des définitions variées et leur composition varie largement d'un auteur à l'autre, ou même d'une étude à l'autre d'un même auteur. De tels problèmes existent notamment dans le cas du taxon Mammalia, qui a eu des acceptions allant de Synapsida (le groupe total existant depuis le Carbonifère Supérieur) à Theria (qui n'existe que depuis le Crétacé), mais une confusion similaire affecte un très grand nombre de taxons.

Lors d'une réunion du « Phylocode Advisory Committee » qui s'est tenue à l'Université de Yale (New Haven, USA) en juillet 2002, il a été convenu que ce nouveau code serait inauguré lors d'un congrès international et de la

publication de l'acte de congrès qui suivra. Les noms et définitions de taxons publiés dans les Actes du congrès seront les premiers considérés comme établis sous ce nouveau code. Nous vous invitons tous cordialement à participer à ce congrès historique, qui aura lieu au Muséum National d'Histoire Naturelle et au Collège de France, du 28 juin au 1<sup>er</sup> juillet 2004. Nous prions les personnes intéressées à recevoir la circulaire à contacter M. L. par mél ([laurin@ccr.jussieu.fr](mailto:laurin@ccr.jussieu.fr)).

Nous espérons que ce congrès constituera un des hauts points de l'histoire de la Systématique. En effet, il marquera l'introduction du nouveau Code International de nomenclature biologique et marquera donc le changement le plus profond, au moins depuis Linné, dans la façon de concevoir les taxons et de les nommer.

Michel Laurin

Mél : [laurin@ccr.jussieu.fr](mailto:laurin@ccr.jussieu.fr)

Tel. 01 44 27 36 92

Fax. 01 44 27 56 53

Fredrik Pleijel

Mél. [pleijel@cimrs1.mnhn.fr](mailto:pleijel@cimrs1.mnhn.fr)

Tel. 01 40 79 31 12

Armand de Ricqlès

Mél. [ricqlès@ccr.jussieu.fr](mailto:ricqlès@ccr.jussieu.fr)

Tel. 01 44 27 31 25

Fax. 01 44 27 56 53



---

## COMITÉ NATIONAL DES SCIENCES BIOLOGIQUES : BOURSES POUR CONGRÈS

---

### COMITÉ NATIONAL DES SCIENCES BIOLOGIQUES

Présidence : Pr. Roland PERASSO  
Laboratoire de Biologie Cellulaire 4, Bât. 444  
Université Paris XI, Faculté des Sciences  
F-91405 ORSAY cedex.

Tél. : 01 69 15 72 91  
Fax : 01 69 15 68 03  
cnsb@bc4.u-psud.fr

---

### INFORMATIONS CONCERNANT LES BOURSES DE VOYAGE POUR CONGRÈS DE BIOLOGIE SE TENANT À L'ÉTRANGER.

*A lire et relire avant d'écrire ou de téléphoner.*

Le Comité des Sciences Biologiques (CNSB) est la section française de l'Union Internationale des Sciences Biologiques (UISB). Il fonctionne sous l'égide de l'Académie des Sciences, ainsi que d'autres Comités Scientifiques formant ainsi le COFUSI (Comité Français des Unions Scientifiques Internationales). Il est composé de membres de l'Académie des Sciences, du représentant de la France à l'IUSB, des présidents des sections concernées du CNRS, des délégués de plusieurs sociétés scientifiques.

L'une des fonctions du Comité est d'organiser la représentation française aux Congrès de Biologie se tenant à l'étranger. Le CNSB demande et gère la subvention annuelle du Ministère des Affaires Étrangères concernant les bourses de voyage pour ces congrès.

Pour être de la compétence du Comité, le Congrès doit avoir lieu hors de France, être international (les congrès de Sociétés Nationales accueillant des étrangers ne sont pas retenus) et relever de sa compétence. Sont exclus les congrès relevant d'autres Comités (adresse COFUSI, Académie des Sciences 23 Quai Conti, Paris) : Microbiologie, Physiologie, Biochimie, Biophysique, Nutrition et Alimentation, Psychologie. Sont aussi hors compétence : médecine, dentisterie, sciences appliquées.

Le congrès peut être retenu, mais la candidature individuelle refusée (ex affiliation du candidat à l'INRA, l'INSERM, l'ORSTOM, l'Institut Pasteur..., pas de participation ac-

tive au congrès, candidature **non confirmée au 15 Mars**)....

#### Échéances :

- 15 Octobre : fin de collection des informations sur les congrès se tenant à l'étranger l'année suivante. La liste des congrès retenus est proposée au Ministère des Affaires Étrangères.

- 15 Mars de l'année du Congrès : fin de la réception des demandes avec confirmation des candidatures individuelles (fournir Nom, prénom, âge, fonction, coordonnées professionnelles. Titre, dates, lieu du congrès, photocopie du résumé de la présentation).

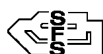
- Courant Mai : si la candidature est retenue, confirmation par le responsable du congrès (désigné par le CNSB).

Quand l'allocation a été versée par le Ministère, paiement par chèque adressé directement au bénéficiaire, qui en accuse réception et répond aux questionnaires éventuels.

Pour traiter ces dossiers, le Comité se réunit - une fois à l'automne afin de sélectionner les Congrès de l'année suivante pour lesquels une subvention sera demandée au Ministère (si nous connaissons déjà le nombre de candidatures, la demande est mieux ajustée)

- une fois au printemps, quand le montant de la subvention du Ministère est connue afin de la répartir entre les congrès retenus (en tenant compte des candidatures confirmées).

D'une façon générale tous les grands congrès de disciplines sont retenus, ainsi que des congrès de disciplines bien représentées en France. La sélection est plus délicate pour des congrès très spécialisés pour lesquels la candidature doit être motivée.



Pour éviter tout problème, respectez  
les deux échéances capitales du 15 octobre  
et du 15 mars

\*\*\*\*\*

**CONGRES DE BIOLOGIE SE TENANT A L'ÉTRANGER**  
(Une feuille par Congrès)

**Le Congrès doit être International, avoir lieu à l'étranger et relever de la compétence du Comité .**

**- Intitulé complet du Congrès** (ne pas utiliser de sigles) :

**- Périodicité du Congrès :**

**Lieu et Dates :**

**Joindre circulaires, programmes, lettres d'invitation...**

-----  
**Candidature individuelle.**

**Nom, prénom, âge et profession du candidat** (y compris doctorant) :

**Coordonnées professionnelles du candidat**

**Adresse :**

**Tél.**

**Fax :**

**e-mail :**

**Fournir dès que possible (avant le 15 mars) titre et résumé de l'intervention scientifique.**

**Indiquer brièvement (1/2 page à 1 page max) l'argumentation concernant votre candidature** (particulièrement nécessaire si votre demande concerne un congrès très spécialisé) :

**NB 1- N'oubliez pas les documents concernant le congrès.**

**NB 2- Si vous n'êtes plus candidat faites le savoir**

\*\*\*\*\*

**Nota bene**

Daniel GOUJET représente la SFS au sein du CNSB . Pour faciliter le travail de ce comité , faites moi connaître les congrès importants qui se dérouleront au cours de l'année 2004 afin que la SFS puisse les présenter pour la sélection. Nous sommes en compétition amicale avec d'autres sociétés savantes . Si vous avez l'intention d'aller à ces congrès, faites le savoir d'emblée. Vous pouvez envoyer les données relatives au congrès sur l'E-mail suivant : goujet@mnhn.fr



---

## **BIOSYSTEMA**

---

**BON DE COMMANDE (liste fournie en 3<sup>ème</sup> 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 : **25€** franco de port)  
(membres SFS : **18€** franco de port)

Tarif spécial réservé aux étudiants membres de la SFS **9€**.

et je joins pour leur paiement un chèque d'un montant de : .....€  
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 20€ 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 2003**



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 2003**

Pour l'année 2003, le montant de la cotisation s'élève à **20€**

- |   |            |
|---|------------|
| 1. Je règle ce jour ma cotisation 2003 .....          | <b>20€</b> |
| 2. Je souhaite recevoir le(s) " Biosystema " N° ..... | .....      |
| au prix de <b>18€</b> par exemplaire, soit .....      | €          |
| 3. Divers .....                                       | €          |
| <b>TOTAL</b> .....                                    | €          |

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)**





---

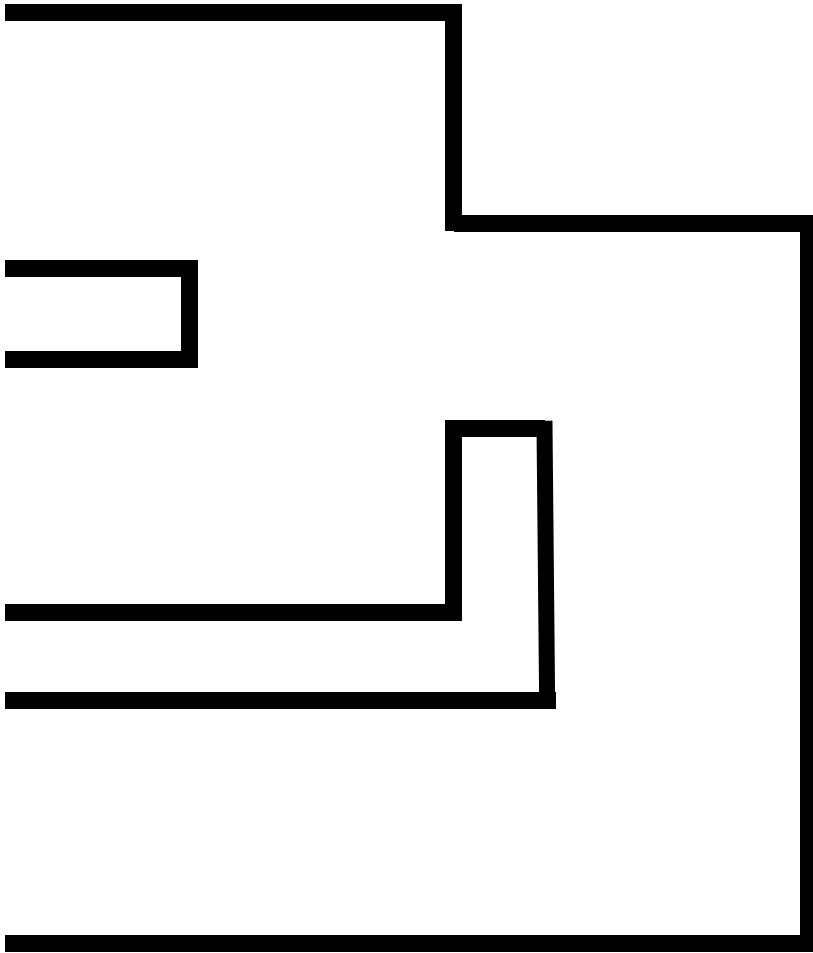
## **BIOSYSTEMA**

---

- Biosystema 1** : INTRODUCTION À LA SYSTÉMATIQUE ZOOLOGIQUE (Concepts, Principes, Méthodes).  
par L. Matile, P. Tassy & D. Goujet, 1987. En cours de réédition.
- Biosystema 2** : SYSTÉMATIQUE CLADISTIQUE : Quelques textes fondamentaux, Glossaire.  
Traduction et adaptation de D. Goujet, L. Matile, P. Janvier & J.-P. Hugot, 1988. En cours de réédition.
- 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. Épuisé.
- Biosystema 5** : LES " INTROUVABLES " DE J.B. LAMARCK : Discours d'ouverture du cours de zoologie et articles du Dictionnaire d'Histoire naturelle.  
Édition préparée par D. Goujet, 1990.
- Biosystema 6** : SYSTÉMATIQUE ET ÉCOLOGIE.  
Édition coordonnée par J.-P. Hugot, 1991 (réimpression 1997).
- Biosystema 7** : SYSTÉMATIQUE ET BIOGÉOGRAPHIE HISTORIQUE : Textes historiques et méthodologiques.  
Traduction et adaptation de Ph. Janvier, L. Matile & Th. Bourgoïn, 1991.
- Biosystema 8** : SYSTÉMATIQUE ET SOCIÉTÉ.  
Édition coordonnée par G. Pasteur, 1993.
- Biosystema 9** : LES MONOCOTYLÉDONES.  
par J. Mathez, 1993.
- Biosystema 10** : SYSTÉMATIQUE BOTANIQUE : PROBLÈMES ACTUELS.  
Édition coordonnée par O. Poncy, 1993. Épuisé.
- Biosystema 11** : SYSTÉMATIQUE ET PHYLOGÉNIE (MODÈLES D'ÉVOLUTION BIOLOGIQUE).  
Édition coordonnée par P. Tassy & H. Lelièvre, 1994 (réimpression 1998).
- Biosystema 12** : PHYLSYST : LOGICIEL DE RECONSTRUCTION PHYLOGÉNÉTIQUE.  
par I. Bichindaritz, S. Potter & B. Sigwalt †, 1994.
- Biosystema 13** : SYSTÉMATIQUE ET BIODIVERSITÉ.  
Édition coordonnée par Th. Bourgoïn, 1995 (réimpression 1998)
- Biosystema 14** : SYSTÉMATIQUE ET INFORMATIQUE.  
Édition coordonnée par J. Lebbe, 1996.
- Biosystema 15** : SYSTÉMATIQUE ET GÉNÉTIQUE.  
Édition coordonnée par Ph. Grandcolas & J. Deutsch, 1997.
- Biosystema 16** : PROFESSION : SYSTÉMATICIEN.  
Édition coordonnée par P. Deleporte, 1998.
- Biosystema 17** : BIODIVERSITÉ ET CONSERVATION : APPROCHES DE LA SYSTÉMATIQUE.  
Édition coordonnée par N. Boury-Esnault & D. Bellan-Santini, 1999.
- Biosystema 18** : CARACTÈRES  
Édition coordonnée par V. Barriol & Th. Bourgoïn, 2000.
- Biosystema 19** : SYSTÉMATIQUE ET PALÉONTOLOGIE.  
Édition coordonnée par P. Tassy & A. de Ricqlès, 2001.
- Biosystema 20** : SYSTÉMATIQUE ET BIOGÉOGRAPHIE.  
Édition coordonnée par P. Deleporte, J.F. Sylvain & J.P. Hugot 2002.

Également disponible au prix de 3 € : SYSTÉMATIQUE AGENDA 2000 (Relevé de la biosphère : une initiative universelle pour décrire et classer les espèces de la planète).  
Traduction française du document américain " Systematics Agenda 2000 ".





**ISSN 1240- 3253**

