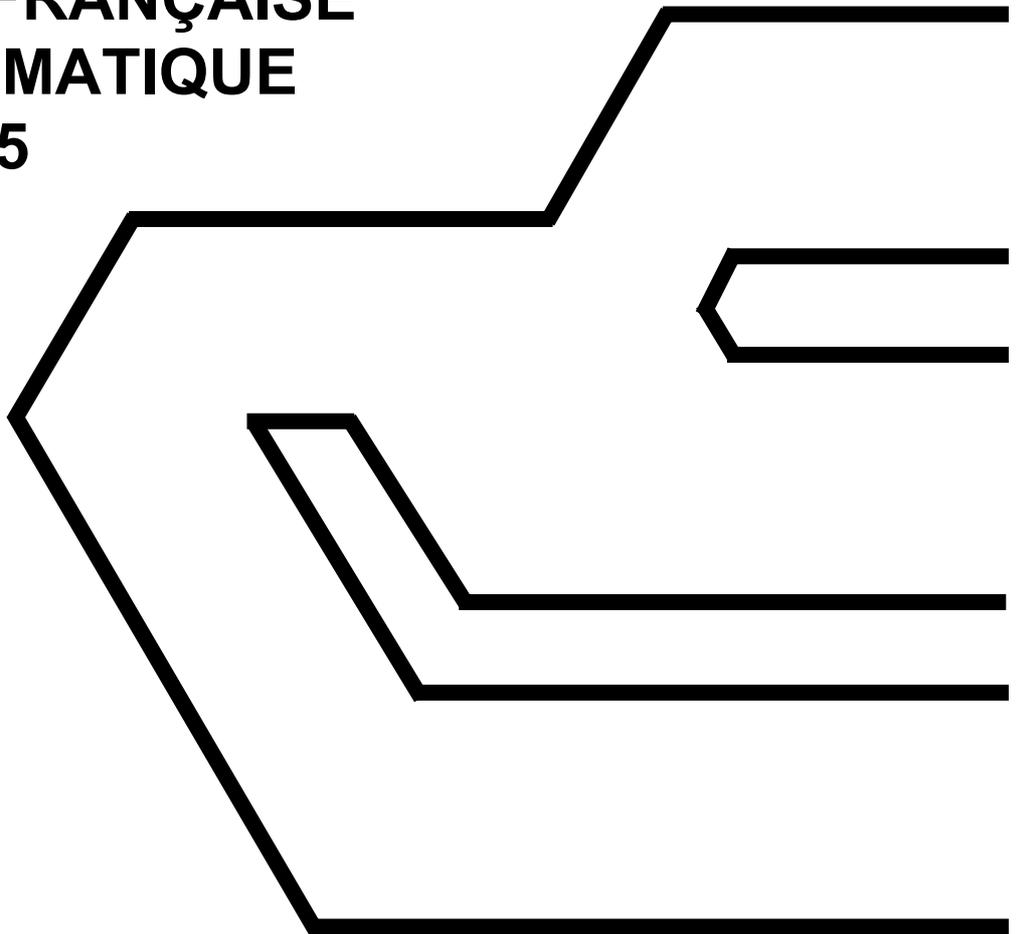


**BULLETIN DE LA
SOCIÉTÉ FRANÇAISE
DE SYSTÉMATIQUE**
Juillet 2005

N°34



SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

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

 **Adresse postale : Secrétariat SFS, MNHN, Case postale n°39, 75231 Paris Cedex 05**

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

Conseil de la Société Française de Systématique 2004-2005

Président :	Jean-François SILVAIN
Vice-Président :	Pascal TASSY
Secrétaire générale :	Joëlle DUPONT
Secrétaire adjointe :	Odile PONCY
Trésorier :	Cyrille D'HAESE
Vice-Trésorier :	Cyril GALLUT
Responsables Bulletin :	Daniel GOUJET Véronique BARRIEL
Biosystema :	Nicole LÉGER Régine VIGNES-LEBBE
Responsables site WEB :	Régis DEBRUYNE Guillaume SAUVENAY

Conseillers : Denise BELLAN-SANTINI, Alice CIBOIS, Pierre DARLU, Jean-Noël LABAT, Hervé LE GUYADER, Valéry MALECOT, Marie-France ROQUEBERT

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 - silvain@pge.cnrs-gif.fr

Secrétaire générale : Joëlle DUPONT
MNHN, Dept. Systématique & Évolution - Cryptogamie
12 rue Buffon, 75005 Paris
Tél. : 01 40 79 31 90 - jdupont@mnhn.fr

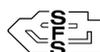
Trésorier : Cyrille D'HAESE
MNHN, FRE 2695 CNRS « Origine, Structure et Évolution de la Biodiversité »
Dept. Systématique & Évolution - Entomologie
45 rue Buffon, 75005 Paris
Tel. : 01 40 79 57 36 - dhaese@mnhn.fr

Bulletin de la Société Française de Systématique

Directeur de la publication : J.-F. Silvain
Rédacteurs en chef : D. Goujet & V. Barriol
Réalisation et Composition : D. Goujet & V. Barriol
Impression : Imprimerie Launay, Paris

SOMMAIRE

Éditorial par J.-F. Silvain	4
Journées annuelles SFS Novembre 2005	5
Prix Jacques Lebbe.....	6
Renouvellement des membres du conseil de la SFS	7
Journées SFS Mars 2005 « L'enseignement de la systématique » (résumés).....	7
<input type="checkbox"/> Introduction par H. Le Guyader	8
<input type="checkbox"/> La Systématique et le passage DEA-LMD par P. Tassy.....	8
<input type="checkbox"/> L'enseignement de la Systématique dans la nouvelle Licence par J.-Y. Dubuisson.....	9
<input type="checkbox"/> L'enseignement de la Systématique aux préparations aux concours... par C. Reeb	9
<input type="checkbox"/> Introduction dans les programmes de T.S. de la notion de parenté... par B. Calvino	10
<input type="checkbox"/> L'enseignement actuel de la Systématique au Collège par G. Guillot.....	10
<input type="checkbox"/> Le nouvel enseignement de la classification à l'école primaire par M.-L. Le Louarn-Bonnet	11
<input type="checkbox"/> L'enseignement de la Systématique au Lycée par M. Dupuis	12
<input type="checkbox"/> L'enseignement de la Systématique dans les formations d'ingénieurs par V. Malécot.....	13
<input type="checkbox"/> L'enseignement de la Systématique dans les formations de pharmacie par J. Depaquit & N. Léger	14
Journées SFS Mars 2005 « L'enseignement de la systématique » (textes complets)	15
<input type="checkbox"/> L'enseignement actuel de la Systématique au Collège par G. Guillot.....	15
<input type="checkbox"/> L'enseignement de la Systématique au Lycée par M. Dupuis	18
Ernst Mayr (1904-2005) par P. Tassy.....	22
Points de vue : Dites oui au Phylocode par M. Laurin	25
Vient de paraître	31
<input type="checkbox"/> « Parsimony, Phylogenetics and Genomics » de V.A. Albert (Ed) par P. Tassy.....	31
<input type="checkbox"/> « Histoire d'une question anatomique ;... » de S. Schmitt par D. Goujet.....	32
Annonces de congrès	33
<input type="checkbox"/> Développement et Phylogénie des Arthropodes.....	33
Thèses et H.D.R.....	33
Comité National des Sciences Biologiques.....	34
Synthesis	34
Biosystema 23 : le dernier né !	36
Publicité : il y en a encore.....	37
Biosystema : bon de commande.....	38
Demande d'adhésion SFS	39
Appel à cotisation 2005.....	40



Biodiversité. Que nous nous définissions comme des taxonomistes, des systématiens ou des biosystématiciens, que nous soyons de fervents défenseurs de l'utilité des caractères morphologiques ou des adorateurs des substitutions nucléotidiques, que nous gardions une vieille tendresse pour PAUP ou adorions POY, ou trompions les deux avec MrBayes, la biodiversité, sa description, la compréhension de sa mise en place et de sa dynamique, sa préservation, sont au cœur de nos activités. Nous en étions conscients, mais aujourd'hui il semble que d'autres le soient aussi, ce qui constitue un progrès. Au début de l'année, politiques, décideurs de tout poils, journalistes, et scientifiques, avaient abondamment discuté de biodiversité à l'UNESCO et dans quelques palais nationaux. Des sous avaient été promis, notamment aux chercheurs français. Pour une fois ces promesses ont été tenues et notre communauté s'est retrouvée début juin devant, non pas la manne céleste chère à d'autres types d'écrits que les nôtres, mais devant la porte d'entrée du couloir conduisant à une véritable manne financière s'élevant à des millions d'euros. L'appel d'offre Biodiversité de l'ANR venait de paraître et, chose extraordinaire, il pouvait être question de taxonomie et de systématique. La ruée fut terrible ! des groupes, souvent sympatriques et intriqués, se formèrent et parfois s'opposèrent autour de projets perçus comme concurrents, les téléphones rugirent devant les noms d'oiseaux échangés, des projets furent fusionnés autoritairement puis, avant même que la colle qui devait les lier ne soit sortie du tube, séparés définitivement. Une fois de plus la communauté se querellait, mais le temps était compté, la date fatidique du 1^{er} juillet arrivait et un passionnant travail d'expression de la diversité conceptuelle et méthodologique de la communauté des systématiens prise dans son acceptation la plus large a finalement eu lieu. Comme toujours il y aura des gagnants, ceux qui auront les sous, et des perdants, qui eux attendront un autre appel d'offre, et des aigres persisteront. Ceci étant, au simple vu des deux projets « taxonomie et systématique », issu du célèbre « hot-spot » intellectuel délimité par les rues Cuvier, Jussieu et Buffon, auxquels j'ai eu le plaisir de participer à des degrés divers,

et par-delà les implications financières, je pense que l'exercice aura été passionnant et utile. Je sors personnellement de cette expérience avec une connaissance renouvelée et beaucoup plus exhaustive de notre potentiel de recherche dans le domaine. Je ne sais pas quel type de restitution le comité de l'ANR en charge de l'appel d'offre biodiversité a prévu, mais ce serait très intéressant de disposer de l'intégralité des propositions qui auront été faites dans le cadre de cet appel d'offre. Un tel document constituerait une remarquable photographie de la manière dont les scientifiques voient l'étude de la biodiversité en 2005. En cela, un tel document constituerait aussi un pendant utile aux conclusions du colloque de l'UNESCO.

Plus modestement, les efforts un peu frénétiques, déployés par plusieurs d'entre nous au cours de ces 30 jours terribles vont aussi être utiles à la préparation des journées annuelles de la SFS qui, comme vous le savez, sont consacrées à « Systématique et crise de la biodiversité » (il y a des mots auxquels on ne peut échapper !). Comme nous le disons dans le document d'annonce de ces journées, nous allons essayer, une fois encore, de montrer que les systématiens sont au cœur de l'étude de la crise actuelle de la biodiversité, qu'ils ont des propositions à faire et qu'il faut les écouter.

Je terminerai cet éditorial en rappelant que notre société est une société vivante. Vivante tout d'abord parce qu'elle renouvelle année après année ses conseillers. Cette année encore plusieurs d'entre nous vont « sortir », atteint non par la limite d'âge, mais par l'impossibilité de se représenter plus de deux fois de suite au conseil. D'autres vont donc rentrer et occuper des fonctions utiles, et indispensables, dans le conseil. Pensez-y. Pour ma part je vais clore un cycle personnel puisque je fais partie des sortants de l'année. Je commence donc à accumuler quelques mouchoirs, car ce ne sera pas facile de se retrouver, même temporairement, en dehors d'un conseil de la SFS qui reste un lieu passionnant d'échanges, libres et fructueux.

Jean-François SILVAIN
Président de la SFS

JOURNÉES ANNUELLES SFS NOVEMBRE 2005 : « LES SYSTÉMATIENS ET LA CRISE DE LA BIODIVERSITÉ »

Les journées annuelles de la SFS intitulées « Les systématiens et la crise de la Biodiversité » se tiendront les 7, 8 et 9 novembre à l'IRD, Institut de Recherche pour le Développement, 213, rue La Fayette, Paris 10^{ème}.

Le programme prévisionnel, susceptible d'être modifié, est le suivant :

Lundi 7 novembre

Accueil des participants à partir de 13h30

14h-4h15 : Accueil IRD

14h15-14h30 : Exposé introductif SFS

Thème 1 – Définition des concepts de crise.

14h30-15h : Les crises naturelles – Crises anciennes.

15h-15h30 : Les crises naturelles – Crises tertiaires et quaternaires.

15h30-16h Pause

16h-16h30 : Les crises anthropiques anciennes.

16h30-17h : La crise anthropique contemporaine.

17h-17h30 : Les espèces envahissantes, un facteur d'accroissement de la crise.

17h30-18h : Discussion générale sur les concepts de crise.

Mardi 8 novembre

Thème 2 – Exploration de la biodiversité – état des lieux

Les grands fronts actuels de l'exploration et de la description de la biodiversité

9h-9h30 : Découverte de nouveaux écosystèmes - Milieux marins

9h30-10h : Découverte de nouveaux écosystèmes - Milieux terrestres

10h-10h30 : Exploration taxonomique – Champignons.

10h30-10h50 Pause

10h50-11h20 : Exploration ciblée de biotopes particuliers – Exemple des insectes.

11h20-12h30 : Assemblée générale de la SFS.

12h30-14h30 : Buffet dans le hall de réception de l'IRD.

14h30-15h : Recherche de la situation à T0 – Exemple de la Baie de Morlaix.

15h-15h30 : Biodiversité européenne, analyse des lacunes.

15h30-16h : Les découvertes marquantes des dernières années.

16h-16h20 Pause

16h20-18h : Présentation des travaux des étudiants et du lauréat du prix Jacques Lebbe 2004.

Mercredi 9 novembre

Thème 3 – Stratégies et méthodologies

9h-9h30 : Définition des stratégies

Méthodologies et nouveaux outils

9h30-10h : Les indicateurs de la biodiversité.

10h-10h20 : Méthodologie d'inventaires.

10h20-10h40 : Nomenclature et conservation de la biodiversité.

10h40-11h Pause

11h-11h20 : Les unités taxonomiques pertinentes pour la conservation de la biodiversité.

11h20-11h40 : Collections anciennes / collections nouvelles.

11h40-12h10 : Le rôle des bases de données.

Déjeuner

13h45-14h15 : L'apport des nouvelles technologies - L'ADN et l'émergence d'une faunistique moléculaire, concepts et méthodes.

14h15-14h45 : Les projets code-barre



Thème 4 – Crise de l'étude de la biodiversité

14h45-15h15 : Extinction des taxonomistes, besoin de recrutement et d'évaluation.

15h15-15h45 : Besoins de recrutement et vivier pour les experts de la connaissance des faunes et des flores.

15h45-16h15 : Les contraintes de l'accès au terrain et aux taxons – Aspect juridique, sociologique et politique.

16h15-16h30 : Pré requis pour une coopération de la taxonomie et de la conservation.

16h30-17h30 : Table ronde finale : Le rôle des systématiciens face à la crise de la biodiversité.

Attention : Les étudiants intéressés par les questions de biodiversité sont invités à présenter des communications courtes (10 minutes), accompagnées ou non de posters, sur leurs travaux de recherche.

Les titres devront être envoyés au secrétariat de la SFS (jdupont@mnhn.fr) avant la fin septembre.

Le conseil de la SFS

PRIX « JACQUES LEBBE » de la S.F.S.

Prix Jacques LEBBE

Vous avez soutenu un mémoire de DEA en 2004, ce prix vous intéresse !

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 précédente d'un DEA, (prochainement donc d'un Master 2) dans cette spécialité. La préférence ira aux candidats ayant développé des aspects méthodologiques informatibles.

Ce prix est destiné chaque année à un mémoire 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 maître de stage.

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 **15 septembre 2005**, date limite, le formulaire ci-dessous dûment rempli (et/ou une version électronique PDF), accompagné d'un exemplaire du mémoire et d'un CV.

Formulaire-type (1 page) à retourner au Secrétariat de la SFS (*Secrétariat de la SFS, MNHN Case Postale 39, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05*)

Prix Jacques Lebbe

Nom : Prénom :

Adresse :

Titre du mémoire :

Situation actuelle :

RENOUVELLEMENT DES MEMBRES DU CONSEIL DE LA SFS

Lors de l'Assemblée Générale du 8 novembre 2005, il faudra renouveler 7 membres du conseil. Voici quelques informations :

Rappel des membres actuels :

Jean-François Silvain (Président)
Pascal Tassy (Vice-président)
Joëlle Dupont (Secrétaire générale)
Cyrille d'Haese (Trésorier)
Cyril Gallut (Trésorier adjoint)
Odile Poncy (Secrétaire adjointe)
Véronique Barriel (Bulletin)
Daniel Goujet (Bulletin)
Nicole Léger (Biosystema)
Régine Vignes-Lebbe (Biosystema)
Régis Debruyne (Site Web)
Denise Bellan-Santini (Conseiller)
Alice Cibois (Conseiller)
Pierre Darlu (Conseiller)
Jean-Noël Labat (Conseiller)
Hervé Le Guyader (Conseiller)
Valéry Malécot (Conseiller)
Marie-France Roquebert (Conseiller)

Les membres sortant cette année sont :

Jean-Noël Labat – Non rééligible
Odile Poncy – Non rééligible
Jean-François Silvain – Non rééligible
Alice Cibois – Rééligible
Pierre Darlu – Rééligible
Nicole Léger – Rééligible
Marie-France Roquebert – Rééligible

Appel à candidature

*La candidature doit être accompagnée d'une déclaration d'intention succincte (pas plus de 10 lignes) afin que les électeurs puissent se prononcer en connaissance de cause.
(A renvoyer avant le 30 septembre au Secrétariat de la SFS, MNHN Case Postale 39, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05)*

Je suis candidat(e) aux élections pour le renouvellement partiel du Conseil de la Société Française de Systématique.

Nom

Prénom

Adresse

.....

E-mail :

Déclaration d'intention.....

Signature

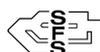
JOURNÉES SFS DES 23-24 MARS 2005 « L'ENSEIGNEMENT DE LA SYSTÉMATIQUE »

La réunion de printemps de la SFS « L'Enseignement de la Systématique » organisée conjointement par Hervé Le Guyader, Valéry Malécot et Régine Vignes, a remporté un très vif succès !

Vous êtes très nombreux à avoir demandé les résumés des interventions et/ou les coordonnées des intervenants.

Le conseil de la SFS a donc décidé de mettre dans ce bulletin les résumés des conférences des intervenants.

Par ailleurs, deux conférenciers, Gérard Guillot et Monique Dupuis, ont accepté de publier dans le bulletin de la SFS le texte de leur intervention. Les organisateurs de ces journées et le conseil de la SFS les en remercie tout particulièrement. Merci également à Marie-Laure Le Louarn-Bonnet pour les illustrations insérées dans son résumé.



Introduction

Hervé Le Guyader

Université Pierre et Marie Curie (Paris 6),
UMR CNRS 7138

Systématique, Adaptation, Evolution
Bâtiment A, 4^{ème} étage, case 5,
7 quai Saint Bernard

75252 Paris Cedex 05 France

herve.le-guyader@snv.jussieu.fr

Ces dernières années ont vu de grands progrès de l'enseignement de la systématique. Dans certaines universités, ce qui est enseigné actuellement en DEUG, l'était il y a cinq ans seulement dans quelques DEAs.

Le changement du programme de préparation au concours de l'agrégation a eu son effet salutaire ; d'une part, la cladistique doit être enseignée dans toutes les universités, d'autre part les futurs enseignants du secondaire se voient obligatoirement « teintés » de systématique phylogénétique.

Mais ne nous y trompons pas ; l'enseignement est passé dans le secondaire car vu comme « scientifique », en raison du raisonnement cladistique et de la phylogénie moléculaire.

Voyons-nous alors surgir deux problèmes majeurs :

- la confusion entre systématique phylogénétique et phylogénie moléculaire est courante ;
- les techniques de reconstruction sont privilégiées par rapport aux classifications dont elles sont les résultats.

Ainsi tout n'est pas terminé dans ce combat pour l'enseignement de la systématique. Tout n'est pas encore gagné, et l'un des éléments les plus importants concerne ce qui est diffusé aux lycées, collèges et écoles primaires. Il fallait faire un bilan, et voir sur l'ensemble des cursus quels sont les acquis et où il faut cibler le travail futur.

Enfin, il convient de vérifier que l'enseignement de la systématique phylogénétique est bien un prétexte intéressant pour parler d'évolution, qui reste le cœur de la biologie évolutive. Il est clair que, de ce point de vue, il y a encore des résistances.

La Systématique et le passage DEA-LMD.

Pascal Tassy

Muséum national d'Histoire naturelle,
Dépt. Histoire de la Terre,
Unité Paléobiodiversité (USM203-UMR5143),
cp 38, 8 rue Buffon 75005 Paris
ptassy@mnhn.fr

En France comme ailleurs (mais en France peut-être plus qu'ailleurs)

l'enseignement de la systématique a été sinistré selon un processus bien connu sur lequel on ne reviendra pas. Cependant, grâce aux progrès méthodologiques, notamment en matière de phylogénétique, la systématique a pu réintégrer, discrètement, l'enseignement supérieur. Elle l'a fait au moment, où, par ailleurs, à la suite du sommet de Rio, la recherche en biodiversité se retrouvait sous les feux de l'actualité. Aujourd'hui, la réforme Licence-Master-Doctorat (LMD), dite « du master » mais qui ne concerne pas que le « M » de « LMD », implique, en théorie, un changement considérable dans les mœurs de l'enseignement universitaire. En prenant un cas d'espèce, l'exemple parisien de l'université Pierre-et-Marie-Curie et du Muséum national d'histoire naturelle, j'analyse les effets de cette réforme sur l'enseignement de la systématique. À la rentrée 2004-2005 le master prenait son envol des deux côtés de la rue Cuvier. Jusqu'alors, depuis la rentrée 1995-1996, la systématique était enseignée en tant que telle à l'Université Pierre-et-Marie-Curie en 2^e cycle. Il s'agissait de l'option « Biodiversité, systématique et évolution » de la maîtrise de « Biologie des Populations et des Ecosystèmes » (BPE). D'autre part, en 3^e cycle, deux DEA ressortissaient, chacun à sa manière, à la recherche en biodiversité. Le DEA « Systématique Animale et Végétale » basé au Muséum national d'Histoire naturelle et le DEA « Biodiversité : génétique, histoire, mécanismes de l'évolution » basé à l'Université Pierre-et-Marie-Curie. Aujourd'hui, une spécialité de master commune aux deux établissements – dite en habilitation partagée – concrétise le renouveau de l'enseignement en systématique. Il s'agit de « Systématique, Evolution, Paléontologie : connaissance et gestion durable de la biodiversité (SEP) », faisant partie à la fois du master « Evolution, Patrimoine Naturel et Sociétés » du Muséum et de la mention « Sciences de l'Univers, Écologie, Environnement (SDUEE) » du master de « Sciences et Technologie » de l'Université Pierre-et-Marie-Curie. Les étudiants ainsi formés de façon cohérente sur deux années seront-ils mieux armés pour devenir systématiciens ? Répondre à cette question dépasse l'avis que l'on peut avoir sur le contenu de cet enseignement. Le fond du problème réside, en effet, dans le « D » de la réforme LMD, aspect qui se heurte à la fois au centralisme du pilotage de la recherche en France et aux politiques d'établissements. Avant-hier une École Doctorale était la réunion de différents DEA et, d'une certaine manière, une réelle responsabilité pesait sur les épaules d'un responsable de DEA. Hier

une École Doctorale devenait le rassemblement de différentes Équipes d'Accueil agréées par le Ministère. Aujourd'hui, l'École Doctorale, découplée et découpée du master, est la réunion d'unités mixtes de recherche, contractualisées, dont l'activité correspond à la recherche que le Ministère de tutelle veut développer. Cette référence finale à la tutelle suffit à illustrer la nature du destin des étudiants systématiseurs dans notre pays.

L'enseignement de la Systématique dans la nouvelle Licence.

Jean-Yves Dubuisson

Paléodiversité, systématique et évolution des Embryophytes, UMR 5143.

Université Pierre et Marie Curie

12 rue Cuvier

75005 Paris, France

jdubuis@snv.jussieu.fr

Quel que soit le niveau d'intégration dans lequel l'étudiant en biologie se spécialisera (de la molécule à l'écosystème), les connaissances sur la diversité du vivant à l'échelle de l'organisme et du taxon semblent des pré-requis qui doivent, en plus d'être acquis au lycée, au moins être enseignés dès les premières années universitaires. Avant la réforme LMD, Le DEUG se devait, avant les Licences de spécialisation, de dispenser un enseignement généraliste où la systématique devait avoir toute sa place. Quand la systématique était préservée (ou avait su résister à la biologie cellulaire) au sein de modules de biologie des organismes qui privilégiaient l'aspect fonctionnel et physiologique, elle intégrait encore trop peu, voire pas du tout, la dimension phylogénétique et était trop souvent descriptive. Quant aux enseignements traitant de l'épistémologie, des méthodes de la systématique et/ou incluant les données fossiles, ils étaient souvent marginalisés ou réservés aux étudiants en Sciences de la Terre. En 2001, à l'UPMC, la création de l'UE « Diversité du Vivant » en 1^{ère} année de DEUG a fourni une nouvelle « jeunesse » à la discipline, et sous l'influence de certains enseignants, la dimension phylogénétique a été introduite dans certaines UEs de 2^{ème} année et de la Licence de Biologie des Organismes. La mise en place de la nouvelle Licence qui regroupe les 3 premières années universitaires s'est traduite par une re-organisation importante et majeure des formations de base et de leur contenu, dont auraient pu ou du profiter les enseignements incluant la systématique. Or ceux-ci sont encore moins visibles et moins présents qu'avant 2001 au moins à

l'UPMC. L'UE « Diversité du Vivant » a vu ses horaires réduits de moitié, et la biologie des organismes a du se trouver difficilement une place au milieu des enseignements de biologie cellulaire et moléculaire, biochimie, physiologie, neurobiologie, génétique humaine, etc., qui apparaissent finalement comme les grands gagnants de la réforme. Il est également regrettable de voir que les enseignements de biologie des organismes privilégient encore à nouveau et même plus l'aspect physiologique et fonctionnelle (pour se mettre au niveau des autres disciplines ?) au détriment du cadre taxinomique et historique. Ainsi en biologie végétale, la botanique et la floristique n'est développée que dans une UE optionnelle de 3^{ème} année en même temps que des UEs de zoologie et d'écologie, ce qui ne permet plus aux étudiants d'acquérir une formation naturaliste complète. Dans certaines filières (ou parcours), dont celles susceptibles de mener aux concours des professions de l'enseignement, certains groupes taxinomiques comme les algues et les champignons n'auront fait l'objet sur 3 ans que de quelques heures (?) de cours, une séance de TD et une séance de TP (le tout la première année), voire n'auront pas été traités. La Licence nouvelle formulée à l'UPMC à l'instar de la recherche française se décline biomédicale.

L'enseignement de la Systématique aux préparations aux concours de recrutement des enseignants du second degré en Biologie-Géologie, Capes et Agrégation SVSTU.

Catherine Reeb,

PRAG, préparation à l'agrégation SVSTU,
Université Pierre et Marie Curie.

Catherine.reeb@snv.jussieu.fr

Après avoir présenté les modalités des concours de recrutement des enseignants du secondaire, les exigences de leurs programmes, centrées sur la systématique et l'évolution, seront abordées. L'année de préparation à ces concours devrait être une phase de synthèse s'appuyant sur les notions et les concepts acquis en biologie et en sciences de la Terre pendant les trois ou quatre années universitaires antérieures. Les réponses apportées par les préparations aux concours doivent s'appuyer sur les programmes, mais aussi sur la réalité des connaissances acquises par les étudiants. Nous sommes encore dans une phase transitoire marquée par l'hétérogénéité des enseignements dispensés en systématique pendant les années précédentes : si une minorité d'étudiants aborde la préparation à l'agrégation riche d'une courte

initiation à la systématique phylogénétique, la plupart la découvre en début d'année. Ces futurs enseignants doivent donc souvent repenser leur manière d'envisager les relations entre organismes. Seule la connaissance des grandes lignées est exigée, comme les clades formant les Embryophytes, précisés au niveau des premiers nœuds pour les Filicophytes ou les Angiospermes, par exemple. Cependant, nous insistons sur la vision dynamique et évolutive de cette classification, privilégiant la compréhension des mécanismes (notamment le traitement des caractères) et leur implication sur l'établissement de la classification, à l'apprentissage d'arbres figés. Il reste à attendre les générations à venir qui reçoivent dès la première année de licence un enseignement en phylogénie, afin d'en assurer une transmission encore plus efficace et solide aux élèves du secondaire.

Introduction dans les programmes de Terminale S de la notion de parenté et de phylogénèse : une approche de la Systématique à propos de la lignée humaine.

Bernard Calvino

Professeur de Physiologie
Laboratoire de Neurobiologie
UMR CNRS 7637

ESPCI, 10 rue Vauquelin 75005 Paris

En classe de seconde, l'objectif général du thème « Cellule, ADN et unité du vivant » était de dégager la notion d'origine commune des espèces vivantes, confortant l'idée de l'évolution déjà introduite au collège. Les études portant sur les différents niveaux d'organisation permettent d'établir que les similitudes anatomiques des Vertébrés s'inscrivent dans un plan d'organisation commun mis en place suivant un programme génétiquement déterminé.

En classe de première S, la relation entre gènes et protéines a été approfondie. L'universalité des modalités d'expression des gènes et du code génétique a été soulignée, renforçant ainsi l'idée d'origine commune des êtres vivants.

En classe de terminale S, on cherche à établir des relations de parenté plus précises entre les Vertébrés actuels et fossiles. On peut ainsi élaborer une méthodologie pour classer les vertébrés et les rassembler par familles dans une perspective phylogénétique à partir de critères multiples et objectifs. La place de l'Homme dans le règne animal et l'état actuel des idées sur l'évolution de la lignée humaine peuvent ainsi être abordés.

En ce qui concerne le contenu scientifique, l'objectif est de s'en tenir aux connaissances les plus fondamentales. Le parti est donc pris de privilégier le qualitatif sur le quantitatif. Le plus important en ce qui concerne cette partie du programme est de faire comprendre à l'élève que le but de la démarche « classification-phylogénèse » est la recherche de l'ancêtre commun et non pas du chaînon manquant !

L'enseignement actuel de la Systématique au Collège.

Gérard Guillot

professeur agrégé

Collège Pierre Mendès France, Riom (63)

En collège, les notions liées à la systématique ont vraiment fait leur entrée dans les programmes à partir de 1996. Cette introduction se faisait alors selon deux temps forts :

- en 6^{ème} avec les notions d'espèce, de classification du vivant, reprises et renforcées dans la continuité des programmes du primaire avec en plus l'idée d'unité du monde vivant autour de la cellule ;

- en 4^{ème}, l'évolution et la mise en évidence de filiations s'intégraient dans le chapitre « Histoire de la vie, histoire de la Terre » de la partie Géologie du programme.

Le libellé des programmes d'alors restait imprégné de la vision ancienne de la classification avec, entre autres, une proposition de classification basée sur la dichotomie avec/sans (vertébrés *versus* invertébrés ; plantes à fleurs *versus* plantes sans fleurs) et la persistance de la confusion entre clé dichotomique d'identification et l'usage de la classification.

Or, à partir de la rentrée 2005, de nouveaux programmes de 6^{ème} vont entrer en application (suivis de ceux de 4^{ème} en 2007). Globalement, l'ossature des programmes a peu changé et les notions sont conservées. Par contre, de profondes modifications ont été opérées dans le libellé des notions et des propositions d'activités, prenant en compte une approche résolument phylogénétique.

La comparaison des anciens et des nouveaux programmes constitue donc un bon miroir qui reflète l'évolution des esprits dans ce domaine. Nous pouvons aussi le mettre en parallèle avec les représentations prégnantes d'une grande majorité d'enseignants, formés à « l'ancienne école » ; celles-ci risquent de perdurer bien au-delà de la mise en œuvre de ces nouveaux programmes et vont parasiter ou entrer en conflit avec une bonne explicitation de ces notions chez les enfants. Un gros

effort de formation continue reste donc à accomplir en ce domaine, appuyé par la forte demande de nombre de professeurs de collège « déboussolés » devant cette nouvelle approche. Il importe donc de recenser toutes les difficultés rencontrées par les enseignants pour leur proposer des outils leur permettant d'effectuer eux-mêmes la « révolution phylogénétique ».

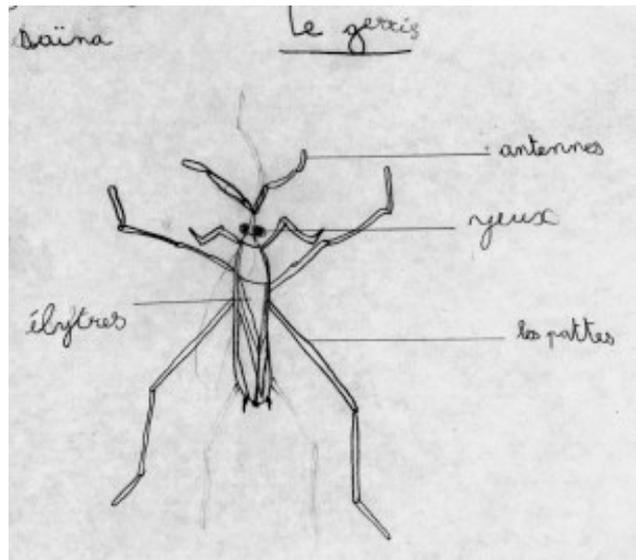
Le nouvel enseignement de la classification à l'école primaire : utiliser la classification pour parler d'évolution.

Marie-Laure Le Louarn-Bonnet

École Pierre Brossolette, Les Mureaux
(Résumé illustré)

On peut distinguer, tout au long de la scolarité primaire, trois niveaux d'apprentissage visant à construire la notion de classification du vivant.

Le premier niveau se situe au stade de l'observation et de l'identification. Pour classer des êtres vivants, les élèves doivent pouvoir comparer leurs attributs (présence de pattes, d'antennes, etc.). Ce qui veut dire qu'ils doivent apprendre à observer puis nommer ce qu'ils observent. Cela se fait dès les premières années de l'école maternelle. L'observation amène les enfants à établir des comparaisons et à s'interroger : les ailes de la chauve-souris ressemblent-elles aux ailes de l'oiseau ou du papillon ? De quoi sont-elles faites ? Une coquille est-ce comme une carapace ? L'escargot a-t-il des cornes ? L'observation s'accompagne dans nos classes d'un travail sur le dessin d'observation, la réalisation de planches anatomiques simples ou la constitution de fiches d'identité des espèces étudiées.



Le second niveau est celui de la construction d'outils logico-mathématiques, permettant d'organiser la pensée. À une mise en ordre peut correspondre toute une gamme de procédures : tri, rangement, classification. Ces procédures constituent des outils d'organisation de la pensée, outils essentiels puisqu'ils permettent d'accéder à l'abstraction et à l'organisation du raisonnement logique. Chacune de ces procédures a ses objectifs propres. Les élèves s'approprient ces procédures, également investies dans d'autres domaines d'activités, et en font un usage critique. Des investigations sont menées plus particulièrement sur les classifications afin d'en éprouver les limites : sur quels critères allons-nous classer ? Pour dire quoi sur les êtres classés ? Que nous apprennent ces différentes classifications ?





Le troisième niveau est celui de l'apprentissage, à proprement parler, de la classification scientifique. Si les deux premiers temps d'apprentissages sont indispensables à l'approche de la classification scientifique, son étude ne s'amorce réellement qu'en fin de cycle 2 (CE1) et elle est approfondie au cycle 3 (CE2, CM1 et CM2) en préalable à l'étude de la notion d'évolution du vivant.

La recherche de classification n'est donc pas sous-tendue, dans un premier temps, par la théorie de l'Évolution comme cela sera le cas par la suite. Par conséquent, les collections proposées sont minutieusement contrôlées ce qui permet d'une part de ne pas mettre les élèves face à l'homoplasie, qui n'est pas gérable sans le cadre théorique et sans la chaîne des procédures qui vont de la matrice au choix d'un arbre, d'autre part de s'assurer qu'ils déboucheront sur un seul système d'ensembles emboîtés. Leur classification se fonde sur l'observation d'attributs partagés par les espèces dont la collection est composée. Seuls les caractères d'ordre anatomique, essentiellement externes, vont être pris en compte. Seront regroupés dans un même ensemble les organismes partageant les mêmes attributs morphologiques. Ils aboutissent ainsi à des ensembles emboîtés dans lesquels peuvent s'insérer de nouvelles espèces.

Les élèves proposent une classification puis s'interrogent sur l'origine des ressemblances qui ont amené les regroupements. C'est à partir de ce nouveau questionnement que pourront être appréhendés la notion de transmission de caractères par voie héréditaire, leur modification, les notions d'ancêtre commun et de parenté entre les êtres vivants. C'est alors, dans ce second temps, que la théorie qui définit le cahier des charges de la classification est abordée. La distinction entre phylogénie et généalogie s'opère, sans que le mot phylogénie soit utilisé : ne pouvant

consulter un état civil des animaux qui permettrait de savoir « qui descend de qui ? », nous nous en tenons à la recherche de « qui est plus proche de qui ? », ce qui correspond à une reconstitution partielle de la généalogie. Dans une telle reconstitution, l'ancêtre commun ne peut être identifié, il est hypothétique, il correspond à un puzzle de caractères sans image précise.



Enfin, on peut choisir de donner, aux élèves, un fossile à placer dans une classification qu'ils ont déjà obtenue ; ou encore un exemplaire problématique, porteur d'homoplasie, par exemple une chauve-souris. Dans le premier cas, ils utilisent correctement la classification phylogénétique en plaçant le fossile en bout de branche sur la base de ce qu'il possède. Dans le second cas, ils placent la chauve-souris dans le groupe avec lequel elle partage le plus d'attributs.

En conclusion, l'approche initialement a-théorique de la classification en primaire permet de 1.) Fonder la classification sur l'observation d'attributs, et ainsi de quitter les anciennes classifications anthropocentrées, cadres méthodologiquement obsolètes et leurs groupes privatifs (« invertébrés ») ; 2.) Quitter l'essentialisme du rapport entre les mots et les choses ; 3.) Rattraper la théorie de l'évolution dans un second temps ; 4.) Comprendre comment on classe les fossiles et illustrer des cas de convergence évolutive.

L'enseignement de la Systématique au Lycée.

Monique Dupuis

Professeur de SVT Lycée

Lycée Grand Air, La Baule

Attachée à l'INRP, Responsable d'une équipe ERTE INRP/ENS sur l'actualisation des connaissances des enseignants SVT

Alors que le terme de classification, au sens systématique du terme, fait son apparition dans les nouveaux programmes de 6^e applicables à la rentrée 2005, et que l'évolution constitue le fil directeur des programmes de SVT au lycée, un bilan sur l'enseignement de la systématique s'impose.

L'historique de l'enseignement de l'évolution au lycée depuis 20 ans permet de constater que l'on est passé peu à peu, au fil des différents programmes et en ce qui concerne la systématique, de l'aspect description et dénomination des êtres vivants à la composante classification de cette discipline scientifique.

Ainsi, l'une des grandes nouveautés des programmes de 1995 était de proposer de reconstituer l'histoire de la vie par la recherche de parentés entre les êtres vivants. Cependant, faute d'un cadre théorique suffisamment rigoureux, cet enseignement a rapidement fait partie des « allègements de programme », et donc mis de côté.

Dans les programmes actuels (programmes rentrés en vigueur en lycée de 2000 à 2002), l'évolution tient une place privilégiée, de la seconde à la terminale S. Ainsi, en Terminale S, le programme commence par la recherche des parentés entre les êtres vivants à partir de données anatomiques, morphologiques et moléculaires, en appliquant notamment l'un des principes du cladisme (la parenté traduite par le partage de nouveautés évolutives, d'homologies). Les principes sont appliqués ensuite pour situer l'homme au sein des êtres vivants et étudier la lignée humaine.

Cependant, des notions importantes ne figurent pas au programme, comme la parcimonie, ou encore la spéciation, créant ainsi des obstacles à la maîtrise de cet enseignement par les professeurs et les élèves.

Dans le domaine de l'enseignement de la systématique au lycée, deux problèmes se posent, l'un lié aux concepts à maîtriser, et l'autre lié à l'instrumentalisation possible et disponible.

Alors que le thème de l'évolution motive la plupart des enseignants, son enseignement est souvent perçu comme difficile, et les manuels scolaires sont bien souvent les seules références utilisées ! À propos de ces manuels, il n'est qu'à feuilleter les pages concernant l'évolution et les relations de parenté, pour constater une grande diversité d'approche selon les auteurs, et un spécialiste de systématique y relèvera bien souvent des erreurs....

En ce qui concerne l'instrumentalisation, un seul logiciel conçu pour cet enseignement est actuellement disponible (le logiciel Phylo-

gène). Cependant, c'est un logiciel « ouvert », qui exploite des bases de données anatomiques, morphologiques et moléculaires sur les êtres vivants, et qui nécessite donc pour être correctement utilisé par les enseignants, une maîtrise correcte des concepts sous-jacents. Des observations sur son utilisation en séances de classe au lycée, ou encore en formation d'enseignants, sont particulièrement intéressantes pour cibler les problèmes rencontrés dans l'enseignement de la systématique.

L'enseignement de la systématique est maintenant bien implanté dans les lycées, et depuis suffisamment longtemps pour que les problèmes qu'il pose soient identifiés et des solutions proposées.

L'enseignement de la Systématique dans les formations d'ingénieur et de classes préparatoires.

Valéry Malécot

(Résumé augmenté)

UMR A 462 SAGAH, Institut National d'Horticulture, 2 rue le Nôtre, 49045 Angers Cedex 01.

Parallèlement au système universitaire, l'enseignement supérieur en France comprend un système dit « des grandes écoles » qui forme essentiellement des ingénieurs. Deux schémas de cursus existent pour les étudiants dans ce système :

- deux ans de classes préparatoires puis trois ans dans une école, avec un concours pour permettre l'entrée dans l'école d'ingénieur,
- ou cinq ans dans une école, le concours d'entrée étant ouvert après le baccalauréat.

Dans le domaine des sciences de la vie, ce sont les formations assurées par des établissements relevant du ministère chargé de l'agriculture qui sont les plus nombreuses, en particulier les écoles d'ingénieurs agronomes. Ces établissements, tels que l'ENGREF, l'INAPG, l'ENSA Montpellier, l'ENSA Rennes, l'ENITA Bordeaux, l'ENITA Clermont-Ferrand ou l'ENSHAP, recrutent essentiellement sur concours ouvert aux étudiants des classes préparatoires dites BPCST (Biologie, Physique, Chimie, Sciences de la Terre), ou directement après le baccalauréat (cas de l'INSFA à Rennes et de l'ENIHP à Angers). Les classes préparatoires BPCST correspondent, pour leur part, à deux années de formation assurées dans une quarantaine de Lycées français qui sélectionnent leurs élèves sur dossier, et ont un programme d'enseignement commun.



Les enseignements de la systématique dans ces formations vont varier selon le niveau (classe préparatoire, grande école), mais aussi selon la finalité de la formation (agronomie, sciences vétérinaires, foresterie, horticulture). Pendant les classes préparatoires (ou pendant les deux premières années d'une école en cinq ans), l'enseignement de la systématique correspond essentiellement à des outils d'identification et de comparaison des organismes dans les disciplines de la botanique et de la zoologie, et il intègre depuis peu une dimension évolutive (la phylogénie a été intégrée dans les programmes de BPCST en 2003). En écoles d'ingénieurs agronomes, la systématique conserve sa dimension d'outil d'identification appliqué à certains domaines bien particuliers (malherbologie, bactériologie, organismes pathogènes, parasitologie, mycologie, virologie...). La systématique, et plus particulièrement l'un de ses résultats : la classification, sert de fil directeur dans les enseignements qui intègrent une grande diversité d'organismes. Ce n'est que secondairement qu'elle est présentée comme une discipline autonome, avec ses propres concepts. Dans cette dernière orientation, certains établissements sont partenaires de la formation de niveau Master consacrée à la systématique (Master Sciences et Technologie - Mention Sciences de l'Univers, Environnement, Écologie dont certaines spécialités sont co-habitées entre les universités de Paris VI, Paris XI, l'ENS de Paris, l'INAPG et le MNHN). D'autres établissements proposent des modules optionnels de deux semaines en 2^{ème} ou 3^{ème} année d'école d'ingénieur, comme à l'ENSA de Montpellier avec un module intitulé « Bases en systématique et phylogénie ».

De manière assez globale, en écoles d'ingénieurs, c'est d'abord l'aspect outil d'identification qui est développé est enseigné dans ces écoles d'ingénieur. L'objectif, pour les futurs ingénieurs étant de pouvoir reconnaître qui une mauvaise herbe, qui un pathogène, qui une bactérie utile en génie biologique. C'est ainsi une dimension pratique qui est développée avec des applications de la systématique à des domaines assez diversifiés tels que la sélection variétale, la conservation de la diversité génétique (toutes deux nécessitant des connaissances sur la variabilité des organismes), mais aussi la protection des organismes ou la propriété intellectuelle. Du point de vue des concepts, ceux-ci peuvent être abordés en cours, en particulier les concepts d'espèce, la phylogénie (en tant que

« nouvelle méthode de classification ») ou la nomenclature. Dans quelques établissements, ils sont développés dans certains enseignements (entomologie à Montpellier, botanique à la FIF (Formation des Ingénieurs Forestiers), l'ENGREF, ou l'ENIHP.

Au delà de l'enseignement, certaines équipes de recherche de ces grandes écoles développent des thématiques incluant des travaux de systématique (ENGREF, Agrocampus Rennes...). Les grandes écoles encadrent également des thèses de doctorat dont certaines intègrent de manière implicite ou explicite une dimension systématique. C'est le cas en particulier de thèses de doctorat réalisées en collaboration avec l'Institut National de Recherche Agronomique (INRA) qui abordent la diversité des organismes élevés, cultivés ou pathogènes.

L'enseignement de la Systématique dans les formations de pharmacie.

Jérôme Depaquit¹ & Nicole Léger²

1. Faculté de Pharmacie de Reims
jerome.depaquit@univ-reims.fr
2. 63, avenue Pierre Sémard 94210 La Varenne Saint Hilaire
nicoleger@wanadoo.fr

Nous avons mené une enquête destinée à connaître l'état de l'enseignement de la Systématique dans les 24 Facultés de Pharmacie de France. Nous avons contacté, via des associations d'enseignement, nos collègues des disciplines intéressées : botanique, organisation animale, parasitologie et microbiologie (bactériologie et virologie).

Le questionnaire simple visait à proposer des mots-clés nous permettant de cibler la place de la systématique enseignée et son contenu.

Le taux de retour très faible semble signaler un certain désintérêt des responsables d'enseignement à quelques exceptions près.

Parmi les quelques réponses reçues, il ressort que la systématique est enseignée surtout comme un outil d'identification (diagnostic). L'approche évolutionniste du monde vivant étant rarement développée.

Néanmoins, devant la menace de suppression du cours d'organisation animale, les responsables de cet enseignement ont écrit un argumentaire pour essayer de sauver l'enseignement de la discipline dans les études pharmaceutiques.

JOURNÉES SFS DES 23-24 MARS 2005 « L'ENSEIGNEMENT DE LA SYSTÉMATIQUE » suite !

Voici donc le texte des conférences de Gérard Guillot et Monique Dupuis.

□ L'enseignement actuel de la Systématique au Collège.

Gérard GUILLOT, professeur agrégé
Collège Pierre Mendès France, Riom (63)

Introduction

La systématique et les notions attachées à celle-ci ont vraiment fait leur entrée dans les programmes de Collège en 1996 avec des notions telles que l'espèce, la classification du vivant et l'évolution. Deux temps forts sont consacrés à ces notions : en 6^{ème} avec le chapitre intitulé « Diversité, parentés et unité des êtres vivants » et en 4^{ème} avec le chapitre intitulé « Histoire de la Terre, histoire de la vie ». Ici, nous n'aborderons que le premier aspect, plus directement lié à la systématique.

Une analyse de ces programmes toujours en application actuellement révèle cependant une approche très traditionnelle et ancienne de la classification sans considérations phylogénétiques.

À partir de la rentrée de septembre 2005, de nouveaux programmes entreront en application en 6^{ème}, puis sur les autres niveaux au cours des trois années suivantes. Le contenu global de ces nouveaux programmes diffère assez peu de celui des anciens : il s'agit plus d'une simplification et d'une réactualisation. Les chapitres concernant la systématique, en 6^{ème} notamment, ont par contre subi de profonds remaniements prenant en compte une conception évolutive de la classification.

La comparaison de ces nouveaux programmes avec les anciens programmes nous servira donc de fil conducteur et de « miroir » de l'évolution des esprits par rapport à ces questions dans l'enseignement en Collège.

Le Collège reste le lieu critique pour la diffusion de ces concepts innovants et de fortes résistances sont à craindre de la part du monde enseignant, formé pour l'essentiel à « l'ancienne école ».

Diversité, parentés et unités des êtres vivants (en classe de 6^{ème})

1. Le cadre et les objectifs

- Le contexte

La classe de 6^{ème} est désormais considérée comme le cycle de consolidation dont un des objectifs majeurs est la mise à niveau d'élèves n'ayant pas suivi tous les mêmes enseignements dans le Primaire. Néanmoins, depuis la réforme de l'enseignement des Sciences au Primaire, il est désormais considéré que les programmes de biologie ont été effectivement traités en Primaire (voir intervention de M-L. Le Louarn-Bonnet). Les nouveaux programmes de 6^{ème} s'appuient sur les acquis du primaire : la découverte de la diversité du monde vivant, la recherche de critères de classification sommaire, une première approche d'une classification scientifique, la notion d'espèce et d'unité du monde vivant et enfin, la notion d'évolution.

- Place dans la progression (voir tableau 1) Objectifs scientifiques

- approche par milieu,
- saisir toute occasion d'identifier et de classer,
- classer selon les critères de la classification évolutive : la classification actuellement retenue par les scientifiques, qui traduit l'histoire évolutive, les relations de parenté entre les êtres vivants.

Objectifs éducatifs

- identifier les espèces protégées ; préserver la biodiversité du milieu.

Tableau 1 : Place du chapitre diversité, parentés et unité des êtres vivants dans la progression.

On remarquera d'abord que le titre du chapitre reste inchangé.

Dans les anciens programmes, ce chapitre était intégré dans la découverte de l'environnement local ; désormais, il est traité comme *une partie transversale*, devant être abordée au fur et à mesure des « rencontres » et des observations et identifications d'êtres vivants.

Le volume horaire a été élargi à 7 heures.



Tableau 1

	Anciens programmes 1996-2005	Nouveaux programmes 2005- ...
Place dans la progression	Partie I : Notre environnement I-1 Les caractéristiques de notre environnement I-2 <i>Diversité, parentés et unité des êtres vivants</i> Partie II : L'organisation du monde vivant II-1 Le peuplement d'un milieu II-2 Les relations alimentaires Partie III : Des pratiques au service de l'alimentation humaine de l'environnement	Caractéristiques de l'environnement proche et répartition des êtres vivants Le peuplement d'un milieu Origine de la matière des êtres vivants Des pratiques au service de l'alimentation humaine <i>Partie transversale : Diversité, parentés et unité des êtres vivants</i>
Horaire alloué	15 heures pour la partie I soit 3-4 heures pour le chapitre DPU	7 heures à répartir sur toute l'année

2. La notion d'espèce

La définition reste inchangée.

Tableau 2

LA NOTION D'ESPÈCE	
Anciens programmes 6 ^{ème}	Nouveaux programmes 6 ^{ème}
Une même espèce regroupe, sous le même nom, des êtres vivants qui se ressemblent et peuvent provenir les uns des autres.	Une même espèce regroupe, sous le même nom, des êtres vivants qui se ressemblent et peuvent se reproduire entre eux.
Critère de ressemblance Critère d'interfécondité	

Nouveaux programmes de 3^{ème} Diversité et unité des êtres humains

Chaque individu présente les caractères de l'espèce avec des variations qui lui sont propres. C'est le résultat de l'expression de son patrimoine génétique et de l'influence des conditions de vie.

Chaque individu issu de la reproduction sexuée possède un programme génétique qui contribue à le rendre unique.

Tableau 2 : La notion d'espèce dans les programmes de Collège.

La nouveauté relative porte sur l'accent mis sur l'identification des espèces avec une compétence à développer : utiliser une clé dichotomique pour déterminer un être vivant.

- le problème du critère de ressemblance

Deux critères classiques sont mis en avant : le critère de ressemblance et celui d'interfécondité. Le premier critère représente un risque de dérive potentielle vers une dogmatisation excessive. En effet, la plupart des enseignants insistent avant tout sur ce critère « pratique » ; or, on sait que le fondement même de l'espèce est sa variabilité ! Les futurs nouveaux programmes de 3^{ème}, à propos de l'espèce humaine, attirent l'attention sur ce point (doc. 2). Il conviendra alors de généraliser aux autres espèces vivantes.

- le problème du nom des espèces

Aucune directive ne figure dans le programme à cet égard. Il nous semble important d'introduire des noms vernaculaires le plus souvent possible et surtout, de leur affecter un statut d'espèce en privilégiant les binômes. Ex : le moineau domestique ; la primevère officinale ; le rat noir ; l'escargot de Bourgogne.

Un gros effort reste à fournir dans ce domaine y compris dans les manuels scolaires.

Il faut en finir avec ces affirmations généralistes vides de sens « la coccinelle se nourrit de pucerons » (il existe des centaines d'espèces différentes dont des espèces végé-

tariennes !); l'hirondelle niche dans les fermes (vrai pour l'hirondelle de cheminée mais pas pour l'hirondelle de fenêtre ou l'hirondelle de rivage). L'enjeu est considérable en liaison avec l'Éducation à l'Environnement et au Développement Durable en ce qui concerne les problèmes liés à la biodiversité et à la protection des espèces menacées. Comment peut-on comprendre les enjeux si on ne sait pas qu'il existe « des » espèces différentes.

3 La classification du vivant

- les résistances du passé !

Le contenu des anciens programmes toujours en application constitue un excellent révélateur de la résistance à la diffusion d'une classification évolutive.

Tableau 3 : La classification dans les anciens programmes de 6^{ème}

On retrouve là les représentations erronées classiques : les groupes « sans » (invertébrés, plantes sans fleurs), les groupes poly ou paraphylétiques (poissons, reptiles, crustacés,...) ; on parle d'une classification (parmi d'autres !) et de divers critères. Enfin, on incite à classer en utilisant une clé dichotomique, confusion classique entre identifier et classer. Évidemment, ces représentations se retrouvent intégralement dans les manuels scolaires avec les classifications présentées sous forme de clé dichotomique. On peut dire que ce document constitue un excellent outil de travail en formation pour faire dégager toutes les erreurs circulant sur l'enseignement de la classification.

Tableau 3

Notions-Contenus	Compétences- exemples d'activités
Les êtres vivants d'espèces différentes peuvent être groupés selon divers critères.	Classer les êtres vivants recueillis ou observés : - selon des critères que l'on a choisis - selon les critères servant à la classification Utiliser une clé dichotomique pour situer des êtres vivants dans la classification, ou les identifier.
Certains de ces critères permettent de situer les êtres vivants dans une classification. On peut ainsi reconnaître : - des animaux vertébrés : poissons, batraciens, reptiles, oiseaux, mammifères - des animaux invertébrés : mollusques, vers, arthropodes (insectes, arachnides, crustacés, myriapodes), échinodermes - des végétaux à fleurs - des végétaux sans fleurs : fougères, mousses, algues, lichens, champignons	

- la nouvelle version

Heureusement, les nouveaux programmes prennent pleinement en compte une approche évolutive et rectifient les erreurs de l'ancien programme.

Tableau 4 : La classification du vivant dans les nouveaux programmes de 6^{ème}.

Ces nouveaux programmes s'appuient sur les acquis du Primaire : il conviendra donc que soit effectivement enseigné en Primaire cet aspect de l'enseignement des Sciences. Par contre, on notera une contradiction : en Primaire, on va jusqu'à la notion d'évolution alors qu'en 6^{ème}, on « s'interdit » de l'évoquer

(bien que l'on parle de parentés). Ceci risque d'enlever une partie du sens des activités associées à cette partie du programme : l'intérêt est de découvrir l'information qu'apporte la classification sur le vivant et non pas de plaquer la classification évolutive.

- les difficultés et résistances à venir

Le problème majeur à la mise en œuvre de ce nouveau programme est que la majorité des enseignants a été formée à l'ancienne version ; beaucoup d'enseignants de collège n'ont jamais entendu parler de classification phylogénétique. Un très gros effort de formation sera donc à fournir dans cette direction et nous observons d'ores et déjà de fortes de-



mandes de la part d'enseignants désemparés devant cette « nouveauté ».

Parmi les réactions que nous avons déjà pu noter à l'occasion de contacts ou de stages :

- « on se complique pour rien : les critères sont compliqués alors que avant c'était bien plus facile » (de gros efforts de simplification sont effectivement à réaliser et notamment en ce qui concerne les végétaux)

- « je ne comprends pas le sens » (expliquer le sens de la classification évolutive est fondamental pour que son enseignement ait lui-même du sens)

- « alors, tous les groupes sont à jeter : les oiseaux, les reptiles, les mammifères, ça

n'existe plus ! » (attitude inverse qui traduit le manque de formation)

- « les clés dichotomiques, c'était bien pratique » (expliquer à quoi servent les clés dichotomiques).

Ces quelques réactions traduisent bien le malaise général et l'urgence de mise en place de formations adaptées. De toutes façons, on risque d'observer pendant au moins une décennie un « chevauchement » des deux classifications, la classification phylogénétique n'étant qu'un « plus » imposé par le programme. La révolution phylogénétique reste bien à faire en Collège !

Tableau 4

<p>Les êtres vivants diffèrent par un certain nombre de critères qui permettent de les classer.</p> <p>Des critères définis par les scientifiques permettent de situer des êtres vivants d'espèces différentes dans la classification actuelle.</p> <p>Les êtres vivants sont classés en groupes emboîtés définis uniquement à partir des critères qu'ils possèdent en commun.</p>	<p>Replacer un être vivant de l'environnement proche dans la classification actuelle.</p> <p>Classer un être vivant à partir des critères de cette classification.</p>	<p>Repérage dès les premières sorties dans le collège d'êtres vivants qui se ressemblent.</p> <p>Comparaison d'organismes et regroupement en fonction des caractères qu'ils partagent (et non de ceux qu'ils ne possèdent pas).</p> <p>Constitution de groupes emboîtés (par exemple : regrouper des vertébrés possédant des poils, des vertébrés possédant des pattes et constater que tous ceux qui ont des poils, ont aussi des pattes mais pas l'inverse).</p> <p>Positionnement dans la classification actuelle d'un être vivant rencontré dans le milieu.</p>
<p>La clé dichotomique est réservée à identifier des espèces</p>		

☐ L'enseignement actuel de la Systématique au Lycée.

Monique Dupuis

Professeur de SVT Lycée
Lycée Grand Air, La Baule
Attachée à l'INRP, Responsable d'une équipe ERTE INRP/ENS sur l'actualisation des connaissances des enseignants SVT

La place de la systématique dans les programmes de SVT lycée – l'évaluation au BAC – les principales difficultés liées à l'énoncé des programmes.

1. Un rappel de l'évolution des programmes

Alors que l'évolution de la vie est depuis longtemps dans les programmes de SVT de lycée, ce n'est qu'en 1995 que l'on voit apparaître clairement l'établissement des relations de parenté entre les êtres vivants : on essaie de reconstituer l'histoire de la vie par la recherche des parentés entre les êtres vivants – les arbres de parenté sont introduits.

Cependant, les principes de construction de ces arbres restent flous, de sorte que se mêlent phénogrammes et cladogrammes, arbres établis selon des données moléculaires

(avec indications de distances dont ne connaît pas la signification précise) et arbres établis par une méthode cladistique. On peut alors regretter ce manque de cadre théorique, qui perturbe finalement beaucoup les enseignants et amène à des erreurs d'interprétation.

2. Les programmes actuels et leur analyse succincte

Aujourd'hui, depuis les programmes de 2002, l'évolution est le fil conducteur de l'enseignement de la biologie.

En classe de seconde, les similitudes constatées aux différents niveaux d'organisation (cellule, molécule d'ADN, disposition des gènes homéotiques chez les arthropodes et les mammifères, organismes) conduisent à la *notion d'origine commune des espèces*.

Ce programme, et celui de 4^e, serviront de base à l'étude de l'évolution dans les classes suivantes.

En classe de 1^{ère} L (où il y a un enseignement scientifique SVT/physique-chimie à raison d'une heure trente par semaine) et de 1^{ère} S (où il n'y a qu'un enseignement de SVT), seule *l'évolution humaine* est au programme, et en tant que dossier optionnel. Ce thème est rarement choisi par les enseignants. En fin de 1^{ère} L et ES, une épreuve anticipée du Bac porte sur cet enseignement scientifique. Il consiste surtout à l'analyse de documents qu'il faut interpréter grâce à ses connaissances.

Ce thème a pour objectif de montrer que la parenté entre les êtres vivants est le fruit d'une longue histoire jalonnée d'innovations génétiques issues de restructurations des génomes.

Extraits des programmes :

* « ... par la prise en compte des caractères homologues et de l'état ancestral ou dérivé de ces caractères, on peut construire des relations de parenté entre les êtres vivants ... chaque espèce est issue d'une longue suite de générations au cours de laquelle les caractères qui la définissent sont apparus à différentes périodes dans l'histoire de la terre. Ainsi, l'homme est un eucaryote, un vertébré, un amniote, un mammifère, un primate, un hominoïde et un homininé ».

* « Les données moléculaires confortent l'idée que c'est avec le chimpanzé que l'homme partage l'ancêtre commun le plus récent. Cet ancêtre commun n'est pas un chimpanzé ni un homme. Il devait posséder des caractères

appartenant à la fois à l'homme et au chimpanzé »

Les relations de parentés sont établies à partir de méthodes (cladistique et phénétique) clairement explicitées, même si elles ne sont pas nommées ainsi. La méthode cladistique n'est appliquée qu'aux données anatomiques et morphologiques ; les relations de parenté à partir de données moléculaires sont basées sur l'utilisation d'une méthode phénétique.

Les notions d'état dérivé et d'état ancestral sont introduites et utilisées, sans que soit toutefois citée la notion d'extra-groupe, ce qui pose des problèmes (voir commentaire Terminale S).

Il est question d'une succession de générations, sans que soit précisée la notion d'espèce ou de genre. Cela aussi peut prêter à confusion.

La notion d'ancêtre commun est précisée, et celle de dernier ancêtre commun évoquée, sans que ce terme soit toutefois utilisé. Cela aussi peut entraîner des difficultés d'interprétation des arbres...

En classe de Terminale S, le programme commence par l'évolution.

Extrait de programme : « *Parentés entre êtres vivants actuels et fossiles – Phylogénèse – Evolution* ».

* *La recherche de parenté chez les vertébrés – L'établissement de phylogénies*

L'établissement de relations de parenté entre les vertébrés actuels s'effectue par comparaison de caractères homologues (embryonnaires, morphologiques, anatomiques et moléculaires). Les comparaisons macroscopiques prennent en compte l'état ancestral et l'état dérivé des caractères.

Seul le partage d'états dérivés des caractères témoigne d'une étroite parenté. Ces relations de parenté contribuent à construire des arbres phylogénétiques. Les ancêtres communs représentés sur les arbres phylogénétiques sont hypothétiques, définis par l'ensemble des caractères dérivés partagés par des espèces qui leur sont postérieures ; ils ne correspondent pas à des espèces fossiles précises.

Une espèce fossile ne peut être considérée comme la forme ancestrale à partir de laquelle se sont différenciées les espèces postérieures.

* *La lignée humaine – la place de l'Homme dans le règne animal.*

L'Homme est un eucaryote, un vertébré, un tétrapode, un amniote, un mammifère, un primate, un hominoïde, un hominidé, un homininé : ces caractères sont apparus succes-



sivement à différentes périodes de l'histoire de la vie.

L'Homme partage un ancêtre commun récent avec le Chimpanzé et le Gorille. Cet ancêtre commun n'est ni un Chimpanzé (ou un Gorille) ni un Homme.

La divergence de la lignée des chimpanzés et de la lignée humaine peut être située il y a 7 à 10 Ma.

La méthode cladistique est abordée, sans être citée en tant que telle, mais sans le principe de parcimonie. Ce programme est beaucoup plus explicite que par le passé, et le vocabulaire est simplifié.

On peut cependant regretter que la notion d'extra-groupe ne soit pas au programme, alors que les notions d'état dérivé et ancestral le sont (les états d'un caractère n'étant polarisés et ordonnés que sur le principe paléontologique). On pourrait pourtant introduire facilement ce concept d'extra-groupe en parlant par exemple de référent extérieur ; les difficultés rencontrées par les enseignants et les élèves en ce qui concerne ces notions seraient alors sûrement beaucoup moins importantes (en effet, beaucoup d'enseignants et d'élèves ont du mal à envisager qu'un même état puisse être ancestral ou dérivé, selon l'échantillonnage que l'on choisit).

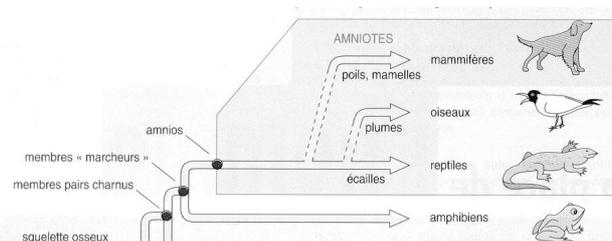
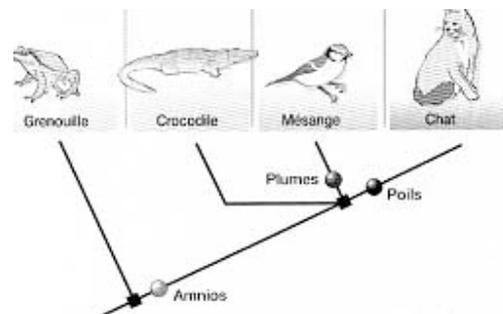
De même, la notion de spéciation n'est pas abordée, ce qui pose problème à de nombreux enseignants et élèves pour préciser la signification des branches d'un arbre (succession d'espèces ? de populations ? de genre ?...).

D'autre part, la distinction n'est pas faite entre un cladogramme et un arbre comportant une échelle de temps et racontant l'histoire évolutive.

La place des fossiles est toujours un problème, surtout à cause de la formulation de la phrase du programme : « Une espèce fossile ne peut être considérée comme la forme ancestrale à partir de laquelle se sont différenciées les espèces postérieures ». En effet, il aurait peut être fallu préciser « une espèce fossile ne peut être considérée comme la forme ancestrale à partir de laquelle se sont différenciées des espèces postérieures actuelles et connues ». L'idée étant de faire comprendre que cette espèce fossile est peut être l'ancêtre de quelques espèces actuelles, mais nous n'avons pas les moyens de savoir laquelle (ou lesquelles) au sein de la faune ou de la flore actuelle.

Enfin, les notions d'ancêtre commun et de dernier ancêtre commun ne sont pas toujours claires pour tout le monde, en raison notamment de la variété des illustrations selon

les manuels scolaires ou les articles scientifiques. Un exemple :



Dans le premier cas, les derniers ancêtres communs sont différenciés des ancêtres ayant acquis une nouveauté évolutive ; dans le second exemple, les deux sont confondus. Pour un scientifique, bien sûr il n'y a aucun problème ! Mais pour les élèves et pour certains enseignants c'est source de confusion : en effet, on retrouve ensuite dans les copies des innovations évolutives aux nœuds, mais valables en fait pour une seule branche, ce qui est une erreur (par exemple, on retrouve « poils » au niveau du nœud Crocodile/Mésange/Chat)...

Les autres difficultés rencontrées par les enseignants et les élèves

* Des difficultés à différencier clades et grades, notamment à propos des Vertébrés (discussion au sujet des Poissons et des Reptiles), et surtout discussions pour savoir si l'on peut toujours utiliser ces termes avec les élèves, s'il faut présenter ces exemples ou non ...

* Des difficultés liées à l'absence de formation initiale dans ce domaine, ou à une formation un peu ancienne et non basée sur les principes appliqués aujourd'hui (cladistique, ...) ; la persistance de représentations initiales erronées est ainsi un obstacle à l'appropriation des concepts nécessaires.

* D'autre part, beaucoup d'enseignants ont l'impression de ne pas maîtriser ce do-

maine, et notamment les notions qui y sont liées (homologie, ...) ; l'impression d'un domaine difficile avec un vocabulaire complexe (apomorphies, synapomorphies, homoplasie ...). Ainsi, la notion d'homologie pose beaucoup de problèmes.... Soit elle est utilisée de façon abusive, soit les enseignants se plongent dans les notions d'homologies primaires et secondaires et cela devient vite complexe. Il est à noter que dans les programmes de Tle S il n'est plus question d'homologies que pour les données moléculaires, dans un probable souci d'éviter les confusions autour de ce mot...

Pourtant cette complexité peut être facilement évitée. Mais il est vrai que les articles et dossiers disponibles sur ce sujet emploient souvent un vocabulaire spécialisé. Il est intéressant de noter à ce sujet les réactions des collègues lors des formations pédagogiques dans ce domaine : alors qu'ils arrivent souvent avec un à priori de difficulté, lorsqu'ils découvrent que les principes d'établissement des parenté sont en fait très simples, et facilement énonçables sans vocabulaire trop complexes, ils réagissent très positivement.

L'évaluation au Bac S, L et ES

* Une évaluation qui porte sur les connaissances et les savoir-faire

* En ce qui concerne les cladogrammes, il ne peut être demandé aux élèves de la construire, mais simplement de le lire ou de le justifier.

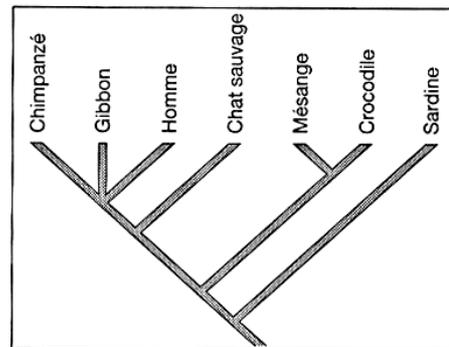
* Un exemple de sujet au Bac S : « Relations de parenté au sein des Vertébrés » (Amérique du sud, novembre 2003) – Justifiez les relations de parenté exprimées dans l'arbre phylogénétique à partir de l'exploitation de la matrice taxons/caractères qui a permis d'établir cet arbre.

Document

a. Matrice taxons/caractères de quelques vertébrés actuels

	Doigts	Allaitement	Ongles/Griffes	Placenta
Chat sauvage	Présent	Oui	Griffes	Présent
Chimpanzé	Présent	Oui	Ongles plats	Présent
Crocodile	Présent	Non	Griffes	Absent
Gibbon	Présent	Oui	Ongles plats	Présent
Homme	Présent	Oui	Ongles plats	Présent
Mésange	Présent	Non	Griffes	Absent
Sardine	Absent	Non	Aucun	Absent

b. Arbre phylogénétique obtenu à partir de la matrice



En conclusion, ce domaine intéresse les enseignants et les élèves, et tous les efforts de communication de la part des scientifiques et des formateurs dans ce domaine depuis la mise en place de ces nouveaux programmes commencent à porter leurs fruits, surtout s'ils sont accompagnés de suggestions de pistes pédagogiques, et de propositions d'utilisation d'outils pour mener les TP (logiciels, notamment le logiciel Phylogène*, en complémentarité des observations des pièces anatomiques bien évidemment, ...).



Ernst Mayr (1904-2005), théoricien de la systématique

Réduire l'œuvre de Ernst Mayr à la systématique théorique est, avouons-le d'entrée, une outrecuidance. Cette part, néanmoins, intéresse fortement les lecteurs du Bulletin, toutes spécialités confondues. En effet, comme tout théoricien, Mayr, systématiste évolutionniste, ne s'adresse pas à ses collègues ornithologistes, il s'adresse à tous les systématistes. Mayr a toujours vu la systématique de l'espèce et celle des taxons de rang supérieur de façon très contrastée.

En tant que co-fondateur de la théorie synthétique, la réflexion systématique de Mayr s'organise autour de l'espèce, vue à la fois comme la catégorie de base du système et comme l'unité réelle du monde vivant, indépendante de l'observateur. Selon une telle perspective, les espèces existeraient sur la planète quand bien même il n'y aurait pas de systématiste pour les étudier. Le critère d'interfécondité – et de barrière d'interfécondité – est le fondement du concept biologique de l'espèce. Il n'est sans doute pas exagéré d'affirmer que la spéciation, liée au concept d'espèce à reproduction sexuée et assimilée au modèle canonique de la spéciation allopatrique, est, pour Mayr, le moteur de l'évolution. Même si Mayr n'a jamais écrit formellement que l'évolution c'est la spéciation, il n'a pas moins fondé son œuvre – y compris systématique – sur les notions d'espèce et de population. De la sorte, de même que pour Darwin, la question de la descendance avec modification se résout dans celle de l'origine des espèces, de même, pour Mayr, l'évolutionnisme s'intéresse à l'espèce et à sa composition.

Dans cette matière, quelques œuvres phares de Mayr jalonnent sa longue carrière : *Systematics and the origin of species* (1942), *Animal species and evolution* (1963), *Principles of Systematic Zoology* (1969), *Populations, Species, and Evolution* (1970 ; traduit en français en 1974), *Principles of Systematic Zoology Second Edition* (1991, écrit avec P. D. Ashlock). A quoi j'ajouterai un ouvrage collectif (Wheeler & Meier eds., 2000) sur les concepts de l'espèce, un « must » pour tout amateur de la question, où l'on peut lire la

pensée la plus aboutie, ferme et définitive, pourrait-on dire, de Mayr sur le sujet (Mayr (2000a, b c). Dans cet ouvrage qui clôt le 20^e siècle, un joli symbole, Mayr laisse clairement à penser que la notion même d'espèce est liée à la reproduction sexuée : « The asexual "species" are simply not the same as the biological species » (où le terme espèce est bien écrit entre guillemets), avant de conclure : « Let me repeat, since this is often misunderstood, that species taxa are multidimensional, but the nondimensional situation is required to determine the crucial biological properties of the species concept. » (Mayr 2000c : 166).

Pour Mayr, en effet, les critères qui permettent de ranger des organismes dans la catégorie espèces sont déconnectés du concept biologique de l'espèce. Ces critères, des sortes de recettes, on les trouvera dans leur forme achevée dans Mayr & Ashlock (1991 : 100-105). Car si Mayr s'intéresse à l'espèce biologique et à son évolution, il ne reconnaît pas moins la nécessité de définir des espèces, c'est-à-dire les reconnaître en tant que taxon classifié dans la catégorie espèce.

On le sait, la systématique dépasse la catégorie espèce. C'est même en la dépassant que nous rentrons de plein pied dans la classification. Sur ce plan, Mayr fut l'ardent promoteur de la systématique dite évolutionniste, en compagnie, notamment, de George Gaylord Simpson.

À cet égard, je ne suis pas loin de penser qu'Ernst Mayr n'a jamais cru à la réalité d'une quelconque construction historique. Le concept biologique de l'espèce est un concept a-historique : il fonctionne au temps *t*, c'est un concept « horizontal ». La conception de Mayr de la classification dans son ensemble, est, d'une certaine manière, également horizontale. Les taxons de rang supérieur n'existent pas – c'est-à-dire n'existent pas en dehors du travail du systématiste. Pourtant Mayr aurait refusé d'admettre une affirmation telle que : l'évolution n'existe pas en dehors des travaux des évolutionnistes. Bien au contraire, l'évolution s'impose au systématiste. Or, comment s'imposerait-elle sans sa dimension historique, la dimension phylogénétique ? Là se trouve le paradoxe de la pensée de Mayr en termes de systématique. Mayr n'a jamais cessé de ferrailer contre la systématique

que phylogénétique de Hennig et contre les cladistes. Mayr alla même jusqu'à inventer le terme « clade » pour dénommer les groupes monophylétiques des cladistes, au prétexte que « clade » est darwinien mais pas « groupe monophylétique ». Dans la même perspective, il inventa le néologisme de « cladification » pour caractériser la façon purement généalogique de voir les taxons, façon qui lui a toujours paru absurde (Mayr, 1997, 1998).

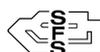
La phrase-clé qui résume cette attitude, je la trouve dans le livre de 1970 (*Populations, Species, and Evolution*, traduit en 1974) : alors qu'« il est trompeur et sans signification de définir l'espèce de façon essentialiste », Mayr précise qu'« une définition essentialiste et typologique est satisfaisante au niveau des taxa supérieurs » (Mayr, 1974a : 15). Je me refuse à croire que cela ait été écrit par inadvertance. Nous n'avons donc qu'à admettre que les taxons de rang supérieur sont ce que les systématiciens veulent bien qu'ils soient. Pas des hypothèses historiques, généalogiques, non, des constructions typologiques. Dans le même livre, il est néanmoins affirmé que « les espèces les plus étroitement apparentées se combinent en genres, les groupes de genres apparentés en sous-familles et famille, et celles-ci en ordres, classes et phyla ». (Mayr, 1974a : 397). Ici pointe, indiscutablement, la dimension phylogénétique des taxons, ce que Darwin appelait, parfois, le degré de consanguinité, bref le lien phylogénétique. Mayr, en tant qu'évolutionniste, a besoin d'immerger sa systématique dans la dimension de la parenté, sauf à se voir qualifier de typologiste, anathème qu'il a lui-même toujours lancé aux non-évolutionnistes. Mais c'est pour conclure abruptement : « Notre délimitation d'un taxon supérieur et son assignation dans la hiérarchie ont une grande composante arbitraire » (Mayr, 1974a : 397). Il est bien écrit « délimitation », et pas seulement catégorisation. Autrement dit, « l'étroite parenté » ne se révèle qu'arbitrairement. La solution du grade fut le compromis. Dans la systématique évolutionniste, des groupes typologiques, postulés comme n'étant pas des unités de descendance, deviennent des groupes à dimension évolutive dès lors qu'ils permettent de tenir un discours écologico-adaptatif – les notions de zone adaptative, de degré général d'évolution. De fait, le grade permet d'émettre des généralisations évolutives, qui n'en sont pas pour autant des généralisations phylogénétiques.

La reconstruction phylogénétique a toujours été pour Mayr un aspect de la recherche évolutionniste mais ni plus ni moins

(moins, même) important que la recherche des divergences adaptatives, à la source de la reconnaissance des grades. D'où une hostilité inébranlable à la systématique cladistique. Le fameux débat de 1974 entre Mayr (1974b) et Hennig (1974 ; traduction en anglais : Hennig 1975) vaut d'être lu et relu. Il témoigne de deux visions opposées de la systématique, défendues par deux évolutionnistes incontestables. Jusqu'au bout Mayr aura été l'avocat des groupes paraphylétiques (qu'au demeurant il a toujours continué de qualifier de monophylétiques). Tout au plus concéda-t-il aux systématiciens la liberté de s'intéresser aux constructions phylogénétiques (Mayr 1998 : 160) : « Cependant, si l'on s'intéresse seulement à la phylogenèse, il est légitime de s'adresser au système de Hennig. En d'autres termes, la cladification de Hennig comme la classification darwinienne traditionnelle sont toutes deux légitimes, mais ont des applications distinctes et répondent à des buts très différents ». On appréciera le « seulement » ; l'écho de l'anticipation darwinienne : « nos classifications en viendront à être des généalogies » sonne curieusement après une telle affirmation.

On me permettra ici un souvenir personnel. Lorsque je préparai la publication de *L'Ordre et la Diversité du Vivant* (Tassy coord. 1986) j'entretins une correspondance avec Ernst Mayr. J'avais traduit sa contribution : Mayr ne s'inquiétait évidemment nullement du jeune cladiste plein d'enthousiasme que j'étais alors. Il apprécia cette traduction comme parfaitement conforme à ce qu'il avait voulu exprimer. Cette expérience fut un bel exemple de confrontation d'idées contradictoires et, en même temps, de confiance réciproque. Pour Mayr, le concept de monophylie au sens de Hennig aboutissait inéluctablement à donner aux taxons une compréhension hors du sens commun, comme par exemple, classier dans le taxon *Mammalia* tout synapside, quel que soit son âge et son degré de divergence. Le premier caractère mammalien rencontré dans l'histoire ne permettait pas d'identifier l'espèce qui le porte comme un mammifère. Raisonner autrement était donc « absurde », tout simplement.

Je vois là la force du contexte social. Que pensent les autres biologistes des systématiciens et de leurs productions ? La classification est un outil pour tout le monde, si les systématiciens donnent aux mots courants des sens abscons, c'en est fait de la communication. Même si un tel concept « absurde » des *Mammalia* est rencontré dans la littérature, il n'est pas dominant, y compris dans la littérature cladistique. A l'inverse, si les Synap-



sida ne risquent pas d'être qualifiés d'absurdes par Mayr, c'est que, de par leur technicité, ils échappent au sens commun : cette notion d'absurdité n'a évidemment rien d'épistémologique. Le grand public ne connaît pas les Synapsida, ces derniers ont donc le droit d'être monophylétiques en incluant des espèces qui remontent jusqu'au Carbonifère. En plus, le caractère est dans le nom, un avantage incomparable pour la communication entre initiés ! Pour Mayr, la connaissance de la phylogénie ne doit pas passer par l'abandon des classifications courantes et des termes quotidiens : « Si intéressant que soit un cladogramme pour les études phylogénétiques, il contrevient à pratiquement tous les principes de la classification traditionnelle » (Mayr 1998 : 158). Bref, Mayr est clair sur ce point : une classification qui exprimerait la phylogénie ne serait qu'une classification partielle, reliée à un seul aspect de l'évolution et, par conséquent, non usuelle.

Mayr appela de ses vœux une synthèse entre les approches classificatoires contradictoires, entre parenté et divergence. La synthèse étant impossible (les totalités de descendance ne sont pas nécessairement des unités adaptatives et inversement), le choix s'est imposé. Et, pour beaucoup, le choix ne fut pas celui de la divergence mais celui de la parenté et donc de la classification cladistique. Mayr n'a jamais reconnu les raisons de ce choix.

Aujourd'hui, cependant, la lecture de la littérature phylogénétique montre qu'il arrive fréquemment que des taxons de rang supérieur soient nommés indépendamment de toute notion d'homologie. Ici, peut-être, Mayr et Hennig auraient pu se rencontrer dans une opposition commune à l'abandon de l'homologie. Aujourd'hui, en effet, des taxons de rang supérieur peuvent être reconnus et nommés à partir de la topologie (voir le Phylo-Code) même si celle-ci est construite à l'aide de méthodes ignorant la partition homologie/homoplasie. De fait, la systématique moléculaire a donné un terrible coup de vieux aux débats des années 1970. Mayr et Hennig appartiennent tous deux désormais à l'histoire des sciences. Mais si l'un tient plus de place que l'autre dans la littérature évolutionniste c'est indiscutablement Ernst Mayr. Force est de constater qu'on peut parler d'évolution sans parler de phylogénie – ce que je regrette un peu, beaucoup, on s'en doute – : l'index du dernier livre de S. J. Gould *The Structure of Evolutionary Theory* (2002) ne renvoie pas

une seule fois à Hennig, mais trente-huit fois à Mayr.

Références

- Gould S. J. 2002 *The structure of evolutionary theory*. Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge.
- Hennig W. 1974a *Kritische Bemerkungen zur Frage "Cladistic analysis or cladistic classification?"* Z. f. zool. Systematik u. Evolutionsforschung, 12 : 279-294.
- Hennig W. 1975 "Cladistic analysis or cladistic classification?": A reply to Ernst Mayr. *Systematic Zoology*, 24 : 244-256.
- Mayr E. 1942 *Systematics and the origin of species*. Columbia University Press, New York.
- Mayr E. 1963 *Animal species and evolution*. Harvard University Press, Cambridge.
- Mayr E. 1969 *Principles of Systematic Zoology*, McGraw-Hill, New York.
- Mayr E. 1970 *Populations, Species, and Evolution*. Harvard University Press, Cambridge.
- Mayr E. 1974a *Populations, espèces et évolution*. Hermann, Paris.
- Mayr E. 1974b *Cladistic analysis or cladistic classification?* Z. f. zool. Systematik u. Evolutionsforschung, 12 : 94-128.
- Mayr E. 1997 *This is biology*. Belknap Press of Harvard University Press.
- Mayr E. 1998 *Qu'est-ce que la biologie ?* Fayard, Paris.
- Mayr E. 2000a *The biological species concept*. In Wheeler & Meier (eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*, Columbia University Press, New York, 17-29.
- Mayr E. 2000b *A critique from the biological species concept perspective: what is a species, and what is not?* In Wheeler & Meier (eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*, Columbia University Press, New York, 93-100.
- Mayr E. 2000c *A defense of the biological species concept*. In Wheeler & Meier (eds.), *Species Concepts and Phylogenetic Theory*, Columbia University Press, New York 161-166.
- Mayr E. & P. D. Ashlock 1991 *Principles of Systematic Zoology*, Second Edition, McGraw-Hill, Inc., New York
- Tassy P. coord. 1986 *L'Ordre et la diversité du vivant*. Fayard/Fondation Diderot, Paris.
- Wheeler Q. D. & R. Meier (eds.) 2000 *Species Concepts and Phylogenetic Theory*, Columbia University Press, New York.

Pascal TASSY

DITES OUI AU PHYLOCODE*par***Michel LAURIN**

Chercheur CNRS

Secrétaire de l' « International Society for Phylogenetic Nomenclature »

Membre du « Committee for Phylogenetic Nomenclature »

Équipe « Ostéohistologie comparée » FRE CNRS 2696,

Case 7077, Université Paris 7, 75005 Paris, France.

Tel. (0)1 44 27 36 92, Fax. (0)1 44 27 56 53, E-mail : laurin@ccr.jussieu.fr

Les adeptes et opposants de la Nomenclature Phylogénétique et du PhyloCode ont récemment présenté leurs points de vue dans le bulletin de la SFS (Pleijel, 2000 ; Lobl, 2001 ; Bertrand et Pleijel, 2003 ; Wenzel, Nixon et Cuccodoro, 2004). Je tenterai de démontrer, dans les quelques pages qui suivent, que les attaques de Wenzel et al. (2004) contre le PhyloCode sont injustifiées. De nombreuses présentations et discussions du PhyloCode et de la Nomenclature Phylogénétique ont déjà été publiées (Laurin, 2001 ; Pleijel et Rouse, 2003 ; Laurin et Anderson, 2004 ; Laurin et Cantino, 2004 ; Pleijel et Härlin, 2004 ; etc.), alors la discussion ci-dessous ne reprendra que quelques-uns des nombreux problèmes soulevés par Wenzel et al. (2004). Ci-dessous, j'appellerai « codes Linnéens » tous les codes actuellement en vigueur (Zoologique, Botanique et Bactériologique) tout en étant conscient que ces codes ne sont pas entièrement conformes aux idées prônées par Linné (qui n'utilisait pas de types, par exemple). L'expression anglaise « rank-based codes » est sans doute plus justifiée, mais je n'en connais pas de traduction française.

Dans l'introduction de leur article, Wenzel et al. (2004) déplorent que les nombreuses critiques du PhyloCode (par exemple celles publiées dans les 7 articles de *The Botanical Review* 69(1), 2003) soient restées sans réponse (lorsqu'ils écrivirent leur article). Sans prétendre avoir lu tous les articles sur la question (car il s'en publie maintenant dans de nombreuses revues et pays), je pense que si la plupart de ces critiques n'ont pas encore reçu de réponses, c'est simplement qu'elles sont pour la plupart sans fondement ou parce que les réponses à ces arguments ont déjà été publiées. Après de nombreux échanges de critiques et réponses sur le PhyloCode et

la Nomenclature Phylogénétique (Lee, 1999 ; Cantino, 2000 ; Nixon et Carpenter, 2000 ; Brochu et Sumrall, 2001 ; Laurin, 2001 ; Lobl, 2001 ; Dyke, 2002 ; Bertrand et Pleijel, 2003 ; Carpenter, 2003 ; Nixon et al., 2003 ; Barkley et al., 2004 ; Cantino, 2004 ; Jørgensen, 2004 ; Laurin, in press ; etc.), plusieurs des systématiciens les plus impliqués dans le projet PhyloCode sont un peu las et ne souhaitent pas réitérer des arguments déjà présentés ou évidents. Lorsque j'ai récemment consulté Philip Cantino à ce sujet, il a déclaré (communication personnelle du 4/3/2005) : « The time has come to implement the PhyloCode and try it out. If it works well, all the critiques and rebuttals will be irrelevant and soon forgotten. As we say in English, the proof of the pudding is in the eating. ». Les lecteurs pourront facilement déterminer si les critiques de Wenzel et al. (2004) sont fondées à la lecture de ce qui suit. Chaque section (ci-dessous) débute par une citation problématique de Wenzel et al. (2004), à laquelle je tente de répondre.

« *Le PhyloCode ne traite en aucune manière la catégorie espèce* ». Ceci est vrai de la portion du PhyloCode qui sera initialement inaugurée, qui gèrera les noms de clades, et qui s'intitulera probablement « CladeCode ». Cependant, il a été prévu depuis la première version du PhyloCode (mise sur le web en avril 2000) qu'il gèrerait d'une manière ou d'une autre les noms d'espèces. Initialement, il était prévu que des règles gouvernant les noms d'espèces seraient ajoutées au PhyloCode (voir la première page de la préface du PhyloCode). Lors du congrès à Paris, il a été décidé qu'un « SpeciesCode » serait préparé pour gérer les noms d'espèces (Laurin et Cantino, 2004). Un



code séparé pour les espèces nous apparaît plus judicieux car dans de nombreux cas, les espèces ne sont pas des clades. De plus, le grand nombre de concepts d'espèces rend la conception d'un code pour les espèces relativement complexe. Les deux codes pourront être utilisés ensemble, ou seulement un (CladeCode ou SpeciesCode) pourra être utilisé, conjointement avec les codes Linnéens existants. Ce choix appartiendra à l'utilisateur. Par exemple, on pourrait envisager d'utiliser le CladeCode pour les taxons supraspécifiques et les codes Linnéens pour les espèces et taxons infra-spécifiques, ou le SpeciesCode pour les espèces et les codes Linnéens pour les taxons supra-spécifiques, ou le CladeCode et SpeciesCode pour l'ensemble des taxons, ou bien évidemment les codes Linnéens pour l'ensemble des taxons.

« Il n'y a plus de type, et il est impossible de savoir ce qu'il faut faire avec les épithètes spécifiques quand la délimitation des espèces auxquelles ils doivent être attribués est controversée. ». Dans le PhyloCode (pour les clades), il y a au moins deux « spécifiers » par taxons, contrairement à ce que requièrent les codes existants (un seul type par taxon). Les « spécifiers » sont des spécimens, espèces, ou caractères qui servent, par l'intermédiaire d'une phylogénie de référence, de délimiter les taxons (ce qu'aucun des codes Linnéens ne fait). Les « spécifiers » peuvent être internes (ils font partie du taxon) ou externes (ils n'en font pas partie), alors ils ne correspondent pas tout à fait aux types des codes Linnéens, mais ils permettent (toujours par l'intermédiaire d'une phylogénie de référence) d'attacher des noms à des clades, alors les types de la nomenclature linnéenne ne permettent d'attacher des noms qu'à ces mêmes types.

La version initiale du PhyloCode ne gèrera probablement pas les espèces (car le CladeCode devrait être inauguré en 2006, mais le SpeciesCode ne sera vraisemblablement pas prêt à cette date). Ceci est d'ailleurs expliqué dans la préface du PhyloCode (Cantino et de Queiroz, 2004), même si des décisions prises lors du « First International Phylogenetic Nomenclature Meeting » ont un peu changé les perspectives de développement du PhyloCode. Par exemple, au lieu d'avoir un seul code pour les clades et espèces (ce qui était initialement prévu), deux codes coexisteront, comme expliqué ci-dessus (Laurin et Cantino, 2004). Il est trop tôt pour savoir comment le SpeciesCode gèrera les problèmes d'ambiguïté dans la délimitation des espèces, mais il simplifiera au moins la nomen-

clature en stabilisant le nom des espèces. La solution envisagée (pour le SpeciesCode) est de ne retenir comme nom d'espèce que l'épithète spécifique, le nom de l'auteur ayant érigé cette espèce, et la date de publication (Dayrat et al., 2004). Par exemple, l'espèce *Seymouria baylorensis*, érigée par Broili en 1904 deviendrait baylorensis Broili 1904. Dans les cas où cette information ne résulterait pas en un nom unique et non ambigu (car certains épithètes spécifiques sont très communs, comme *californiensis*), la page de la publication et éventuellement une lettre (a, b, etc.) peuvent être ajoutées. Évidemment, la référence complète de l'article dans lequel l'espèce a été décrite devra apparaître dans l'article qui définira ce nom dans le contexte du SpeciesCode. Notez qu'une adresse de clade peut être ajoutée pour transmettre de l'information sur les affinités présumées de l'espèce (par exemple, *Seymouria baylorensis* Broili 1904 ou *Stegocephali Seymouria baylorensis* 1904, etc.), mais cette adresse ne ferait pas partie du nom de l'espèce et pourrait évidemment changer avec la phylogénie de référence, sans pour autant changer le nom de l'espèce. Ce système est plus avantageux que le nom binomial car ce dernier change lorsque l'espèce passe d'un genre ou sous-genre à un autre. Les espèces, sous le CladeCode, seront également définies à l'aide de types, comme sous les codes Linnéens. Finalement, il faut bien noter qu'en attendant que le SpeciesCode entre en vigueur, ce sont par défaut les codes linnéens qui continuent à gérer les taxons de rang spécifique.

« De fait, les concepteurs du PhyloCode se défont de ces problèmes élémentaires [concernant l'espèce] et néanmoins fondamentaux sur le code actuel. Ils en prophétisent une hypothétique résolution, semblant ignorer que de toute évidence, ce sont les principes mêmes sur lesquels le PhyloCode est échafaudé qui sont inapplicables aux rangs espèce. ». Nous sommes bien au courant des problèmes qui entourent l'espèce, d'où la décision de créer un code spécifiquement pour cette catégorie. La définition de l'espèce qui figure dans le glossaire du PhyloCode « A segment of a population-level lineage that is separate from other such lineage segments as indicated by one or more of various possible criteria (e.g., distinguishability, reproductive isolation, monophyly, etc.). » indique bien que les espèces ne sont pas forcément des clades. Néanmoins, Wenzel et al. (2004) ont raison sur un point : le SpeciesCode n'éliminera probablement pas l'ambiguïté de la délimitation des espèces. Cependant, ceci

résulte sans doute en grande partie de la diversité des concepts et des définitions de l'espèce (Ghiselin, 1987 ; Templeton, 1989 ; Wiley, 2002). Je doute qu'une manière unique de délimiter clairement les espèces puisse être trouvée avant que les biologistes s'entendent sur ce qu'est une espèce. Ce problème de nomenclature bien réel reflète donc avant tout un problème conceptuel, et je ne crois pas que les adeptes du PhyloCode prétendent résoudre ce problème.

« En contrepartie, le document qui sert de référence au PhyloCode (issu du premier « workshop » sur le PhyloCode) ne propose pas moins de treize différentes manières de composer des noms spécifiques, dont certaines sont essentiellement les mêmes que les binoms en usage dans la taxinomie moderne. Si les promoteurs du PhyloCode ne peuvent pas appliquer leur système au niveau espèce, qui est la base sur laquelle repose tous les noms de rang supérieur, alors comment peuvent-ils prétendre qu'il est plus stable et meilleur que le système actuel ? » Il ne faut pas confondre un document résultant d'une discussion de groupe qui a été publié pour faciliter la poursuite d'une réflexion centrée autour du problème de la nature binomiale des noms spécifiques dans les codes Linnéens, et le PhyloCode, qui est un code de nomenclature. Si le PhyloCode ne peut proposer qu'une solution au problème de la forme que prendront les noms des espèces (la solution qui a été provisoirement choisie a été évoquée ci-dessus), il fallait bien discuter de ce problème avant de prendre une décision si importante.

« Dans les journaux pour le grand public, les promoteurs du PhyloCode le présentent comme supérieur au code de nomenclature actuel sous prétexte que lui seul permettrait d'appliquer rigoureusement le principe de monophylie dans la nomenclature. » La différence importante entre PhyloCode et les codes Linnéens est que le premier ne permet que des taxons monophylétiques (sauf au niveau spécifique ; voir ci-dessus), alors que les codes Linnéens permettent la reconnaissance de taxons mono-, para- et polyphylétiques. Je laisse au lecteur le soin de décider quel code est supérieur sur ce point. Je ne pense pas que les adeptes du PhyloCode aient nié qu'on puisse ériger des taxons monophylétiques dans le cadre des codes Linnéens ; ceci est évidemment possible, mais comme ce n'est pas requis par les codes Linnéens, de nombreux taxons régis par ces codes ne sont pas monophylétiques. Il n'est pas impossible que certains journalistes aient

déformé les propos d'un partisan du PhyloCode à ce sujet, mais nous ne pouvons pas être tenus responsables de telles interprétations. Néanmoins, si de telles revendications ont été formulées, je conviens qu'elles sont fausses. En l'absence d'une seule citation par Wenzel et al. (2004) montrant un tel exemple, je ne peux rien ajouter de plus.

« Par contre, sous le PhyloCode, un nom utilisé pour un groupe non-monophylétique doit continuer à être appliqué, même si les taxons terminaux qui le constituent doivent être profondément remaniés. » Un nom régi par le PhyloCode réfère forcément à un groupe monophylétique (toujours avec l'exception des noms de rang espèce). Wenzel et al. (2004) utilisent ensuite l'exemple du taxon *Haematothermia* (érigé par Owen) pour tenter de démontrer que l'application du PhyloCode résulterait en une instabilité de la classification. Pour répondre à leur argument, je dois premièrement rappeler que ce taxon incluait originellement les oiseaux et les mammifères, qui sont homéothermes, et excluait les autres amniotes actuels, qui sont ectothermes (tortues, lépidosauriens et crocodiliens). Effectivement, si *Haematothermia* était défini de la manière suivante « le plus petit clade qui inclut *Homo sapiens* Linné 1758 et *Passer domesticus* Linné 1758 », son contenu, sous la plupart des phylogénies récentes, serait le même que celui du taxon *Amniota*, et les deux taxons (*Haematothermia* et *Amniota*) seraient synonymes. En théorie, le premier des deux noms qui aurait été défini sous le PhyloCode aurait priorité. Comme le PhyloCode n'est pas encore en vigueur, aucun nom n'est pour l'instant considéré comme établi sous ce code, et je doute fort que le taxon *Haematothermia* soit défini avant le taxon *Amniota* puisque tous les systématiciens savent que le second est monophylétique mais que le premier réfère à deux clades (oiseaux et mammifères) qui ne sont pas étroitement apparentés. Cependant, une telle situation pourrait effectivement se produire dans des groupes chez lesquels la phylogénie n'a pas encore été intensivement étudiée. Ceci serait-il un problème incontournable ? Non, car il y a deux solutions à ce problème, dans le cadre du PhyloCode. Premièrement, les auteurs peuvent utiliser des « qualifying clauses », qui limitent les contextes phylogénétiques dans lesquels le nom et sa définition sont applicables (voir article 11.9 du PhyloCode). Par exemple, si un auteur pensait, malgré l'opinion contraire de la majorité, que *Haematothermia* était un taxon monophylétique, il pourrait ajouter, après sa défini-



tion, que ce nom de taxon ne s'applique pas si le taxon inclut *Lacerta agilis* Linné 1758 (ou *Testudo graeca* Linné 1758, ou *Crocodylus niloticus* Linné 1758, ou encore mieux, n'importe laquelle des trois espèces). Ainsi, le nom *Haematothermia* serait valide sous certaines phylogénies, et invalide sous d'autres. Ce système possède donc une certaine flexibilité, tout en excluant la possibilité (souvent exploitée par les systématiciens travaillant dans le cadre de la Nomenclature Linnéenne) de proposer de nouveaux noms pour les mêmes clades, ou d'utiliser un même nom pour plusieurs clades. Néanmoins, si l'auteur ayant érigé le taxon *Haematothermia* n'utilisait pas de « qualifying clauses » et qu'il définissait le nom *Haematothermia* avant que le nom *Amniota* soit défini (dans le contexte du PhyloCode), *Haematothermia* aurait priorité, ce qui nécessiterait l'utilisation de la seconde solution prévue par le PhyloCode (voir articles 12.2, 13.3, 14.2 et 15 et les notes 12.2.1 et 13.1.2 du PhyloCode), à savoir la définition d'un synonyme ou homonyme (plus récent) et une demande au « Committee for Phylogenetic Nomenclature » que ce synonyme (ou homonyme) soit conservé (avec suppression du nom ayant priorité, ici *Haematothermia*). Le « Committee for Phylogenetic Nomenclature », qui sera bientôt constitué, jouera donc un rôle équivalent à celui de l'actuelle Commission de Nomenclature Zoologique.

Finalement, notez que la priorité sous le PhyloCode est établie par la date de publication de la définition phylogénétique du nom de taxon, plutôt que par la date de publication du nom taxon, dans le cas où le nom existait avant l'avènement du PhyloCode ; ainsi, *Amniota* et *Haematothermia* ont été érigés la même année (1866) par Haeckel et Owen, mais ce qui déterminerait la priorité sous le PhyloCode, c'est uniquement la date de publication d'une définition phylogénétique valide (selon ce code) de ces noms (le premier à être défini a priorité).

« Selon la méthodologie du PhyloCode, nous redéfinirions alors *Haematothermia* pour inclure les espèces placées entre les ancêtres des oiseaux et des mammifères. » Cette citation concerne l'exemple explicité dans le paragraphe précédent. Sous le PhyloCode, lorsque la phylogénie change, la définition des noms des taxons ne change pas, seul le contenu des taxons change. Les conséquences de tels changements ont déjà été explorées ci-dessus.

« Il est bon d'avoir des rangs afin que tout le monde puisse s'accorder sur quelque chose.

Les promoteurs du PhyloCode prétendent que les niveaux sont inutiles, ou sont des véhicules de désinformation. Leur argument est que certains chercheurs, tels des écologistes, pourraient mal utiliser les rangs pour effectuer des comparaisons inappropriées (par exemple comparer le nombre de genres présents dans deux différentes régions). Un tel argument s'apparente à demander le bannissement des outils tranchants sous prétexte que certains ne savent pas utiliser correctement un couteau de cuisine. » Ce passage mineur très gravement, selon moi, la gravité du problème de la désinformation véhiculée par les rangs. Ce ne sont pas seulement les écologistes qui utilisent mal les rangs, mais même les systématiciens qui étudient la biodiversité et qui devraient donc être les mieux informés sur ce problème ! Ceci est facile à prouver à l'aide d'exemples : Un livre par Valentine (2004) s'intitule « On the Origin of Phyla » (voir Raff, 2004, pour une revue ; quelqu'un veut-il écrire « On the Origin of Classes » ou « On the Origin of Orders » ?) ; Erwin *et al.* (1987) comparent le patron d'apparition des phyla, classes et ordres au cours des temps géologiques et semblent s'étonner que les phyla apparaissent un peu avant les classes, et que les classes apparaissent un peu avant les ordres (n'y a-t-il pas une relation avec la hiérarchie des rangs Linnéens, tout simplement ?) ; Benton (1985, 1986, 1991), Maxwell (1992), Hewzulla *et al.* (1999), Fara (2000) et d'autres trop nombreux pour tous les énumérer analysent également l'évolution de la biodiversité à l'aide du nombre de familles ; Raup et Jablonski (1993), Peters et Foote (2002) et de nombreux autres systématiciens travaillent au niveau du genre... Finalement, dans un article intitulé « Taxonomic level as a determinant of the shape of the phanerozoic marine biodiversity curve », Lane et Benton (2003) étudient l'évolution de la biodiversité au niveau des ordres, des familles et des genres pour inférer l'évolution du nombre d'espèces, ce qui implique forcément qu'ils pensent que ces niveaux taxonomiques ont une réalité objective. Lane et Benton (2003 : 266) donnent même une définition (ou description ?) des genres et familles : « Each consists of a set of species specialized for a particular mode of life or niche. » Je me demande si les systématiciens qui ont érigé ou révisé ces genres ou familles étaient au courant... Et quelle est alors la différence entre les deux niveaux (générique et familial) ? Tous ces exemples sont tirés de travaux de systématiciens. Finalement, il faut noter que puisque même de nombreux opposants du PhyloCode acceptent l'argument que les rangs sont subjectifs, s'accorder sur la

position des taxons dans la hiérarchie Linnéenne n'est que pure convention et est dénué d'intérêt scientifique.

« À cet aspect s'ajouteraient des changements potentiels massifs et répétés du contenu de chaque nom de groupe. » Sous les codes Linnéens, les taxons ne sont pas délimités, ce qui permet aux systématiciens, en pratique, de proposer un nombre presque illimité de classifications pour les mêmes taxons, et puisque les codes Linnéens (spécialement le code Zoologique) n'appliquent pas le principe de priorité et l'utilisation de types au-dessus du rang suprafamilial, les homonymes et synonymes foisonnent jusqu'à ce que les noms perdent tout leur sens (Rowe et Gauthier, 1992 ; Laurin, 2001). Par contre, sous le PhyloCode, chaque nom n'aura qu'un seul sens dans un contexte phylogénétique donné, ce qui réduit grandement l'instabilité taxonomique potentielle. En fait, le PhyloCode élimine les sources subjectives d'instabilité taxonomique (les préférences personnelles des systématiciens) pour ne retenir que la flexibilité permettant d'incorporer les progrès de notre compréhension des phylogénies. Il faut finalement noter que lorsque la phylogénie change, la classification ne change pas seulement sous le PhyloCode, mais également sous les codes Linnéens, car autrement, des taxons précédemment monophylétiques deviennent forcément paraphylétiques. Donc, la prétendue instabilité des classifications sous le PhyloCode affecte aussi les codes Linnéens et reflète simplement le souhait maintenant majoritaire des systématiciens de ne reconnaître que des taxons monophylétiques.

« Mais, puisque les groupes nommés sont censé être monophylétiques..., leur niveau formel comporte néanmoins une information substantielle. Quand quelqu'un énumère les familles de mouches et leurs synapomorphies, on indique en même temps que chacun de ces groupes est distinct, qu'ils sont mutuellement exclusifs, et que leurs caractères distinctifs leur sont propres. » Cet argument tiendrait si les codes Linnéens ne permettaient la reconnaissance que de taxons monophylétiques, mais comme nous le savons tous, ceci n'est pas le cas (le raisonnement repose sur une hypothèse de départ erronée). On peut évidemment ériger des classifications Linnéennes qui ne contiennent que des taxons monophylétiques et dans lesquelles les taxons de même niveau seraient mutuellement exclusifs, mais comme ceci n'est pas requis par les codes Linnéens, les contre-

exemples abondent. En voici un, tiré de Benton (1997), dans lequel je n'ai retenu qu'un minimum de taxons pour aller à l'essentiel, tout en respectant la classification originelle de Benton (je n'ai pas traduit les noms de catégories Linnéennes) :

Class Osteichthyes
 Subclass Sarcopterygii
 Infraclass Rhipidistia
Superclass Tetrapoda
 Class Amphibia*
 Subclass Reptiliomorpha*
 Series Amniota
Class Reptilia
 Subclass Diapsida*
 Infraclass Archosauromorpha*
 Division Archosauria
 Subdivision Ornithodira
 Superorder Dinosauria
 Order Saurischia
 Suborder Theropoda
 Infraorder Tetanurae
 Division Maniraptora*
Class Aves

Dans cet exemple pittoresque (mais aucunement exceptionnel), les cas d'inversion de la hiérarchie Linnéenne (nécessaire pour respecter les rangs traditionnellement attribués aux taxons) sont en caractères gras, et les autres exemples de taxons inclus dans d'autres taxons de rang égal ou supérieur sont signalés par une astérisque. Par exemple, l'infraclasse Archosauromorpha est signalée par une astérisque car elle fait partie de l'infraclasse Rhipidistia. Je laisse au lecteur le soin de juger si les rangs attribués à ces taxons sont de l'information ou de la désinformation sur la hiérarchie (entendue ici comme hiérarchie phylogénétique reflétant l'ordre des cladogenèses). Il faut tout de même reconnaître que si on souhaitait réviser en profondeur les classifications dans un cadre Linnéen, il serait en principe concevable de changer les rangs pour qu'ils reflètent la hiérarchie, mais ceci résulterait en des classifications si étranges que je doute fort que cette solution soit préférable à l'abandon des rangs. Pour commencer seulement le raisonnement, imaginez qu'on parte de la classe Osteichthyes et qu'on procède vers les taxons terminaux en donnant toujours des rangs inférieurs aux sous-clades d'origine plus récente. En réexaminant la classification de Benton (1997) partiellement reproduite ci-dessus, et qui ignore elle-même de nombreuses dichotomies, le lecteur pourra facilement se convaincre qu'en arrivant aux taxons Mammalia et Aves, on ne pourrait pas attribuer un rang supérieur à celui de la famille (encore que cette solution nécessiterait l'invention de nombreux rangs



entre classe et famille). Imaginez le taxon Mammalia et Avida, qu'il faudrait renommer car il n'y a pas de genres-types *Mammalia* ou *Avida*... Bref, je doute fort qu'on puisse trouver une solution pratique pour transmettre de l'information objective à l'aide des rangs Linnéens.

Pour résumer, j'invite tous les lecteurs à lire le PhyloCode, plutôt que de se fier à des critiques souvent assez peu informatives. Les adeptes du PhyloCode sont prêts à modifier ce code pour l'améliorer et nous sommes intéressés par toutes les remarques qui pourraient nous aider. Nous savons bien que ce code n'est pas parfait et, comme les codes Linnéens, il évoluera pour s'adapter aux besoins des systématiciens ; il n'en tient qu'à vous de participer à son développement. Certaines disciplines (par exemple, l'entomologie, mais ce n'est pas la seule) ne sont pas représentées dans les divers comités de la société qui développe le PhyloCode ; nous serions intéressés à ce qu'ils se joignent à nous.

Je remercie Yann Bertrand, Kevin Padian et Pascal Tassy pour de nombreuses remarques constructives qui m'ont permis d'améliorer cet article et Philip Cantino pour avoir relu une portion de ce texte et pour sa communication personnelle ; les erreurs qui pourraient subsister dans ce texte sont néanmoins mon entière responsabilité.

Références

- Barkley T. M., P. DePriest, V. Funk, R. W. Kiger, W. J. Kress, & G. Moore. 2004. Linnean nomenclature in the 21st Century: a report from a workshop on interating traditional nomenclature and phylogenetic classification. *Taxon* 53 : 153-158.
- Benton M. J. 1985. Mass extinction among non-marine tetrapods. *Nature* 316 : 811-814.
- Benton M. J. 1986. More than one event in the late Triassic mass extinction. *Nature* 321 : 857-861.
- Benton M. J. 1991. What really happened in the Late Triassic? *Historical Biology. An International Journal of Paleobiology* 5 : 263-278.
- Benton M. J. 1997. *Vertebrate palaeontology*. Blackwell Science Ltd., London, 452 pp.
- Bertrand Y. & F. Pleijel. 2003. Nomenclature phylogénétique : une réponse. *Bulletin de la Société française de Systématique* 29 : 24-27.
- Brochu C. A. & C. D. Sumrall. 2001. Phylogenetic Nomenclature and Paleontology. *Journal of Paleontology* 75 : 754-757.
- Cantino P. D. 2000. Phylogenetic nomenclature: addressing some concerns. *Taxon* 49 : 85-93.
- Cantino P. D. 2004. Classifying species versus naming clades. *Taxon* 53 : 795-798.
- Cantino P. D. & K. de Queiroz. "PhyloCode: a phylogenetic code of biological nomenclature." <http://www.ohiou.edu/phylocode/preface.html>
- Carpenter J. M. 2003. Critique of Pure Folly. *The Botanical Review* 69 : 79-92.
- Dayrat B., C. Schandler, & K. D. Angielczyk. 2004. Suggestions for a new species nomenclature. *Taxon* 53 : 485-491.
- Dyke G. J. 2002. Should paleontologists use "Phylogenetic" nomenclature? *Journal of Paleontology* 76 : 793-796.
- Erwin D. H., J. W. Valentine, & J. J. Sepkoski. 1987. A comparative study of diversification events: the early Paleozoic versus the Mesozoic. *Evolution* 41 : 1177-1186.
- Fara E. 2000. Diversity of Callovian-Ypresian (Middle Jurassic-Eocene) tetrapod families and selectivity of extinctions at the K/T boundary. *Géobios* 33 : 387-396.
- Ghiselin M. T. 1987. Species concepts, individuality, and objectivity. *Biology and Philosophy* 2 : 127-143.
- Hewzulla D., M. C. Boulter, M. J. Benton, & J. M. Halley. 1999. Evolutionary patterns from mass originations and mass extinctions. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 354 : 463-469.
- Jørgensen P. M. 2004. Rankless names in the Code? *Taxon* 53 : 162.
- Lane A. & M. J. Benton. 2003. Taxonomic level as a determinant of the shape of the phanerozoic marine biodiversity curve. *The American Naturalist* 162 : 265-276.
- Laurin M. 2001. L'utilisation de la taxonomie phylogénétique en paléontologie : avantages et inconvénients. *Biosystema* 19 : 197-211.
- Laurin M. In press. The advantages of Phylogenetic nomenclature over Linnean nomenclature. In *I nomi degli animali (Animal Names)*, edited by A. Minelli, G. Ortalli, & G. Sanga, Istituto Veneto di Scienze, Lettere ed Arti, 41 pages, 12 figures.
- Laurin M. & J. S. Anderson. 2004. Meaning of the Name Tetrapoda in the Scientific Literature: An Exchange. *Systematic Biology* 53 : 68-80.
- Laurin M. & P. D. Cantino. 2004. First international phylogenetic nomenclature meeting: a report. *Zoologica Scripta* 33 : 475-479.
- Lee M. S. Y. 1999. Stability of higher taxa in phylogenetic nomenclature—some comments on Moore (1998). *Zoologica Scripta* 28 : 361-366.

- Lobl I. 2001. Les Nomenclatures « Linnéenne » et « phylogénétique », et d'autres problèmes artificiels. *Bulletin de la Société française de Systématique* 26 : 16-21.
- Maxwell W. D. 1992. Permian and Early Triassic extinction of non-marine tetrapods. *Palaeontology* 35 : 571-583.
- Nixon K. C. & J. M. Carpenter. 2000. On the other "Phylogenetic Systematics". *Cladistics* 16 : 298-318.
- Nixon K. C., J. M. Carpenter, & D. W. Stevenson. 2003. The PhyloCode is fatally flawed, and the "Linnean" System can easily be fixed. *The Botanical Review* 69 : 111-120.
- Peters S. E. & M. Foote. 2002. Determinants of extinction in the fossil record. *Nature* 416 : 420-424.
- Pleijel F. 2000. Nomenclature linnéenne et nomenclature phylogénétique. *Bulletin de la Société française de Systématique* 24 : 25-28.
- Pleijel F. & M. Härlin. 2004. Phylogenetic nomenclature is compatible with diverse philosophical perspectives. *Zoological Scripta* 33 : 587-591.
- Pleijel F. & G. W. Rouse. 2003. Ceci n'est pas une pipe ; names, clades and phylogenetic nomenclature. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research* 41 : 162-174.
- Raff R. A. 2004. Book review: All the body plans that lay ahead: A review of *On the Origin of Phyla* by James W. Valentine. *Evolution & Development* 6 : 459-461.
- Raup D. M. & D. Jablonski. 1993. Geography of End-Cretaceous marine bivalve extinctions. *Science* 260 : 971-973.
- Rowe T. & J. Gauthier. 1992. Ancestry, paleontology, and definition of the name Mammalia. *Systematic Biology* 41 : 372-378.
- Templeton A. R. 1989. The meaning of species and speciation: a genetic perspective; pp. 3-27 in D. Otte and J. A. Endler (ed.), *Speciation and its consequences*. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Valentine J. W. 2004. *On the Origin of Phyla*. University of Chicago Press, Chicago, 608 pp.
- Wenzel J. W., K. C. Nixon, & G. Cuccodoro. 2004. Dites non au PhyloCode. *Bulletin de la Société Française de Systématique* 31 : 19-23.
- Wiley E. O. 2002. On species and speciation with reference to the fishes. *Fish and Fisheries* 3 : 161-170.

VIENT DE PARAÎTRE

▣ PARSIMONY, PHYLOGENETICS AND GENOMICS.

Victor A. ALBERT (Ed.), Oxford University Press, Oxford, ix + 229 p. (2005).

« Parsimony and phylogenetics in the genomic age », « Parsimony and Bayesian phylogenetics » : voilà bien des titres d'articles qui devraient attirer plus d'un lecteur, chercheur ou étudiant ! De fait, la lecture de *Parsimony, phylogenetics and genomics* est assez roborative. Cet ouvrage collectif dirigé par Victor Albert rassemble onze contributions de dix-huit auteurs, issues d'une réunion de la Willi Hennig Society.

Rien qu'à la lecture du titre du livre et de son sommaire on comprend que ce livre s'adresse à de nombreux publics. Phylogénéticiens systématiseurs (comme Ward Wheeler), phylogénéticiens mathématiciens (comme Mike Steele), théoriciens de la parcimonie (comme Pablo Goloboff), philosophes des sciences (comme Elliott Sober) sont de la partie (que les autres auteurs me pardonnent de

ne pas les citer !). Les membres de la Société Française de Systématique seront, je crois, satisfaits de lire un ouvrage qui fait le point sur les méthodes de parcimonie dans le contexte des méthodes phylogénétiques actuelles, au moment où les phylogénies moléculaires semblent toutes devoir n'être reconstruites qu'au moyen d'approches probabilistes. À ce sujet, la lecture des six contributions formant les trois chapitres intitulés « parsimony, character analysis, and optimization of sequence characters » (pp. 55-116), « computational limits of parsimony analysis: from historical aspects to competition with fast model-based approaches » (pp. 117-159) et « mathematical attributes of parsimony » (pp. 161-178) est chaudement conseillée. J'ai bien aimé l'article de Brent Mishler « the logic of the data matrix in phylogenetic analysis » et le développement qui l'amène à conclure (p. 70) : « In the future, my prediction is that more-careful selection of characters for particular questions (i.e. more careful and rigorous construction of the data matrix) will lead to less emphasis on the need for modifications to equally weighted parsimo-



ny ». Quant aux liens entre parcimonie et vraisemblance, ils sont notamment abordés dans les contributions tout à fait recommandables de Sober : « Parsimony and presuppositions » - éminemment lisible - et de Steel & Penny : « Maximum parsimony and the phylogenetic information in multistate characters » - pour matheux.

Victor Albert dédie ce livre à Steve Farris, figure marquante de la phylogénétique, qualifiée de « controversial » et à propos de laquelle il écrit : « Like it or not, debate, duel, divide, and conquer is one approach to science » (p. v). Que cela ne vous effraye pas. On ne tire que des bénéfices de ce volume, par ailleurs exigeant et paisible !

Pascal TASSY

□ HISTOIRE D'UNE QUESTION ANATOMIQUE ; LA RÉPÉTITION DES PARTIES.

Stéphane SCHMITT, Muséum National d'Histoire Naturelle Archives, Paris, 700 p. (2004).

En publiant sa thèse, Stéphane Schmitt nous fait un cadeau de choix. En effet, la question traitée n'avait pas été abordée depuis 1926 avec la publication de l'ouvrage d'Edward Russell « Forme et fonction ». Sous un titre qui pourrait paraître ésotérique, l'auteur nous brosse un tableau encyclopédique d'une des questions centrales de la biologie comparative : l'homologie, dans tous les sens du terme (homologie primaire, homologie secondaire, homologie sérielle etc...). Tout y passe. Au cours des 700 pages, Schmitt présente et analyse l'évolution des idées depuis Kant et Von Schelling vers 1780 jusqu'à nos jours en montrant la permanence du questionnement : que veut dire la segmentation, l'existence de patterns répétitifs reconnaissables sous des aspects variées ? Il s'y attache des concepts majeurs de la biologie et de la systématique comme les archétypes issus de la Naturphilosophie d'Oken et Goethe jusqu'à l'homologie dont le concept se modifiera fondamentalement d'un contexte fixiste vers l'évolutionnisme. L'ouvrage, qui privilégie à juste titre le XIX^{ème} siècle, aboutit aux questions contemporaines de l'évo-dévo avec les gènes et complexes homéotiques, car il ne faut pas oublier que dans ce domaine aussi, la morphologie est toujours au centre de l'analyse comme révélateur de l'action des gènes.

Même si le cœur du livre traite de l'homologie chez les animaux, Schmitt n'oublie pas les plantes chez qui les parties répétées, feuilles, composants des fleurs etc... ont également suscité une littérature du plus grand intérêt. L'auteur y consacre un chapitre en montrant chez les botanistes les mêmes préoccupations que celles des zoologistes.

L'approche retenue par Stéphane Schmitt est essentiellement chronologique et ce choix est particulièrement judicieux. Il s'en justifie dans le préambule en arguant que les problématiques contemporaines s'enracinent dans l'histoire : La question « Qu'est-ce qui construit un organisme ? » est l'interrogation fondamentale du biologiste. Chaque époque cherche sa réponse en fonction des connaissances acquises, autrement dit la construction de la réponse se fait par essais et erreurs comme l'a si bien exprimé Popper. Les idées nouvelles ne peuvent naître que d'une interrogation sur les problèmes non résolus dans le contexte qui précédait.

Comme biologiste et historien des sciences Schmitt a choisi de nous retracer une histoire intellectuelle plutôt qu'une relation des conflits et controverses qui sont souvent mis en avant par les historiens plus intéressés, comme Kuhn, par l'aspect sociologique de la science. Il fonde son analyse sur les textes publiés plutôt que sur les notes et manuscrits qui sont souvent privilégiés par l'historien. Il se justifie en rappelant que les publications, même si elles peuvent paraître moins spontanées que des notes manuscrites, sont aussi, qu'on le veuille ou non, l'expression sincère d'un auteur et non pas un ersatz. En reprenant les textes originaux, notamment la littérature allemande qu'il lit dans le texte, l'auteur a fait un travail remarquable. Il rappelle à bon escient que, trop souvent, les textes primaires, même les plus célèbres, sont cités à tort et à travers par des auteurs qui ne les ont pas lus mais se sont contentés de citations hors de leur contexte initial, dans des écrits secondaires. La lecture de ces textes dans leur version originale révèle des aspects méconnus et éclairants, d'autant plus que ce qui paraît important à une époque donnée peut se révéler accessoire ou obsolète avec le temps tandis que des remarques apparemment mineures ou secondaires ouvrent des pistes à la réflexion. Pour appuyer sa méthode, Schmitt insiste sur le souci d'éviter l'anachronisme. Mais cela est-il vraiment possible ? Je ne le crois pas. On peut éviter des erreurs d'interprétation importantes, mais on ne peut malheureusement pas l'éliminer totalement car les mots ont un sens contextuel et

celui-ci ne nous est pas totalement accessible sauf pour la période contemporaine.

Pour tous ceux qui s'intéressent aux questions centrales de la systématique, c'est-à-dire l'homologie, le fondement de la biologie comparative, l'ouvrage de Stéphane Schmitt est incontournable. Écrit dans une langue alerte et agréable, il replace les auteurs dans leur contexte. En analysant les interactions et les particularités qui se sont exprimées dans les différentes communautés nationales de savants, notamment au XIX^{ème} siècle, l'ouvrage se lit comme un roman et un choix très judicieux d'illustrations tirées des ouvrages de référence complète la lecture.

On notera que la « Naturphilosophie » allemande, caractéristique de l'époque roman-

tique occupe à juste titre une place centrale dans l'ouvrage. S'agit-il d'idées révolues ? Ayant assisté en 1977 et en 1992 à plusieurs interventions dans des congrès en Allemagne traitant de « Konstruktions Morphologie », j'en ai conclu que les idées de Goethe et la référence à l'archétype n'étaient pas mortes. D'ailleurs ne pointent-elles pas le bout de leur nez dans les approches en Evo-devo ?

En tous cas, lisez ce livre, il vous révélera la manière dont ont fonctionné nos anciens maîtres et aussi l'inconscient collectif qui flotte dans notre domaine ; vous y apprendrez bien des choses et vous y prendrez beaucoup de plaisir.

Daniel GOUJET

ANNONCES DE CONGRÈS

▣ DÉVELOPPEMENT ET PHYLOGÉNIE DES ARTHROPODES.

Colloque international « Développement et Phylogénie des Arthropodes »

Organisé à l'initiative de l'UFR des Sciences de la Vie (Université P et M Curie, Paris 6), de l'IFR de Biologie Intégrative (Université Paris 6 et CNRS), du Département Systématique et Évolution (Muséum National d'Histoire Naturelle), les 23 et 24 Septembre 2005 à la Grande Galerie de l'Évolution (MNHN).

Le thème du colloque ressortit de la discipline émergente de « Biologie et Génétique du Développement Évolutive ». Il s'agit de dégager, en prenant des exemples chez les Arthropodes, les rapports entre l'histoire évolutive des organismes (Phylogénie) et leur histoire ontogénétique (Développement). Quels sont (ou pourront être) les apports de la phylogénie à l'étude du développement, et réciproquement de la génétique du développement à la phylogénie ?

Date limite de dépôt des résumés le 8 Juillet 2005.

Orateurs invités :

David Cribbs (Toulouse, France) ; Wim Damen (Cologne, Allemagne) ; Jean Deutsch (Paris, France) ; Cyrille D'Haese (Paris, France) ; Ronald Jenner (Amsterdam, Pays-Bas) ; Michael Manuel (Paris, France) ; Alessandro Minelli (Padoue, Italie) ; Éric Quéinnec (Paris, France) ; Gerhard Scholtz (Berlin, Allemagne) ; Patricia Simpson (Cambridge, Grande-Bretagne) ; Angelika Stollewerk (Cambridge, Grande-Bretagne) ; Michel Veuille (Paris, France).

Renseignements et inscriptions à :

bonnevil@mnhn.fr

ou

jean.deutsch@snv.jussieu.fr

et à :

http://ifr-bi.snv.jussieu.fr/vie_ifr/Evo-devo2005/accueil_evodevo.html

http://ifr-bi.snv.jussieu.fr/vie_ifr/Evo-devo2005/accueil_evodevo.html>

THÈSES et H.D.R.

Vraiment aucune thèse ou HDR de systématique soutenues depuis janvier 2005 (date du dernier bulletin) ?



COMITÉ NATIONAL DES SCIENCES BIOLOGIQUES

Voici les informations concernant les bourses de voyages pour congrès se tenant à l'étranger *via* le Comité National des Sciences Biologiques. Nous vous rappelons que le congrès doit être international, avoir lieu à l'étranger et relever de la compétence du Comité.

ACADEMIE DES SCIENCES
COMITE NATIONAL DES SCIENCES
BIOLOGIQUES

Secrétaire général, R. PERASSO, Biologie Cellulaire 4, Bâtiment 444, Université Paris-Sud, 91405 Orsay cedex, tél. 01.69.15.72.91, cnsb@bc4.u-psud.fr

Quelques Congrès 2005 retenus

- GORDON + KEYSTONES + EMBO WORKSHOP
Du 01/01/05 au 31/12/05
- XVII International Botanical Congress
Vienne (Autriche), 17/07/05 - 23/07/05
- 6th International Crustacean Congress (ICC6)
Glasgow (UK), 18/07/05 - 23/07/05
- 13th International Congress of Myriapodology
Bergen, 24/07/04 - 29/07/04
- IX International Mammalogical Congress
Sapporo (Japon), 31/07/05 - 05/08/05
- IX International Congress of Ecology
Montréal (Canada), 07/08/05 - 12/08/05
- 12th International Congress of Protozoology
Guangzhou (Chine) 10/08/05 - 15/08/05
- 8^{ème} Congrès International de Phycologie
Durban, 13/08/05 - 19/08/05
- 10th Congress of the European Society for Evolutionary Biology
- 39th International Congress of the international Society for Applied Ethology
Sagamihara (Japon), 20/08/05 - 24/08/05
- Xth European Bat Research Symposium
Irlande, 21/08/05 - 26/08/05
- 15th International Society of Developmental Biologists Congress 2005
Sydney (Australie), 03/09/05 - 07/09/05
- ELSO
Dresden, 03/09/05 - 09/09/05
- 15th International Symposium on Ostracoda
Berlin (Allemagne) 12/09/05 - 15/09/05
- 1er International Franco-Quebecoises de Zoologie
Québec (Canada), 20/09/05 - 27/09/05
- X European Ecological Congress
Izmir (Turquie), 01/11/05 - 06/11/05
- 3rd International Symposium on Deep-Sea Corals
Miami, Floride (USA), 28/11/05 - 02/12/05.

SYNTHESIS : *Synthesis of Systematic Resources*

À l'initiative du Consortium des Institutions Taxonomiques Européennes, le CETAF, le Muséum national d'Histoire naturelle et 19 Muséums d'Histoire naturelle et jardins botaniques européens ont été lauréats des projets I3 (Initiative d'Infrastructures Intégrées) du 6^e programme cadre de la Communauté Européenne.

SYNTHESYS, est un programme doté par la l'Union Européenne de 13 millions d'euros sur 5 ans, Il est coordonné par le Natural History Museum de Londres. Il participe au

processus d'intégration qu'initie la communauté européenne des systématiens et s'adresse à la communauté scientifique en biosciences et géosciences, en particulier aux chercheurs travaillant dans le domaine de la biodiversité ainsi que la communauté œuvrant dans celui du développement durable.

SYNTHESYS :

Accès aux infrastructures (Transnational Access Facilities, TAFs)
Responsable MNHN : Daniel Goujet;

Contact E. Leoz (synth.fr@mnhn.fr)

SYNTHESYS permet aux chercheurs européens d'accéder aux collections des sciences de la vie et de la terre ainsi qu'aux équipements scientifiques et à l'expertise taxonomique dans 11 pays de la communauté, soit 20 centres de taxonomie dont la liste suit.

Dates des demandes

Prochains appels d'offre : date limite de dépôt des demandes :

Vendredi 16 Septembre 2005

Vendredi 17 Mars 2006

Vendredi 15 Septembre 2006

Vendredi 16 Mars 2007

Vendredi 14 Septembre 2007

Vendredi 14 Mars 2008

Contact :

Contactez <http://www.synthesys.info/>

pour une information plus complète et remplir votre demande en ligne.

Institutions participant à SYNTHESYS

Allemagne : DE-TAF Museum fur Naturkunde, DE, Botanischer Garten und Botanisches Museum, Berlin DE

Autriche : AT-TAF Naturhistorisches Museum, Wien, AT

Belgique : BE-TAF Royal Belgian Institute of Natural Sciences, BE Koninklijk Museum voor Midden-Afrika, Bruxelles, National Botanic Garden of Belgium, Meize BE

Danemark : DK-TAF The Natural History Museum of Denmark, Copenhagen DK

Espagne : ES-TAF Museo Nacional de Ciencias Naturales, ES, Real Jardín Botánico Naturales, Madrid ES

France : FR-TAF Museum National d'Histoire Naturelle, Paris FR

Hongrie : HU-TAF Hungarian Natural History Museum, Budapest HU

Pays-Bas : NL-TAF University van Amsterdam, NL, Nationaal Herbarium Nederland, Amsterdam NL, Centraalbureau voor Schimmelcultures, CBS, National Natural History Museum Naturalis, Leyden NL

Pologne : PL-TAF Museum and Institute of Zoology, Polish Academy of Sciences, Varsovie PL

Royaume Uni : GB-TAF Natural History Museum, GB, Royal Botanic Gardens, Kew, Londres GB, Royal Botanic Garden Edinburgh, GB

Suède : SE-TAF Naturhistoriska Riksmuseet, Stockholm, SE,

Pays éligibles

Autriche, Belgique, Danemark, Chypre, République Tchèque, Estonie, Finlande, France, Allemagne, Grèce, Hongrie, Irlande, Italie, Lettonie, Lituanie, Luxembourg, Malte, Pays-Bas, Pologne, Portugal, Slovaquie, Slovénie, Espagne, Suède, Royaume Uni plus les Pays Associés de l'EU : Suisse, Islande, Israël, Liechtenstein, Norvège et les Pays Candidats à l'entrée dans l'EU : Bulgarie, Roumanie et Turquie.



BIOSYSTEMA 23 : LE DERNIER-NÉ !

Le Biosystema 23 « Comment nommer les taxons de rang supérieur en zoologie et en botanique ? » est désormais disponible. Cet ouvrage coordonné par A. Dubois, O. Poncy, V. Malécot et N. Léger fait suite aux journées SFS printemps 2004. N'hésitez pas à

vous le procurez à l'aide du bon de commande situé à la fin de bulletin.

Pour vous convaincre, voici le sommaire du Biosystema 23 :

BIOSYSTEMA 23

Comment nommer les taxons de rang supérieur en zoologie et en botanique ?

Coordonné par A. Dubois, O. Poncy, V. Malécot et N. Léger

2005

Sommaire

Introduction	
Alain DUBOIS	3
Le mode de fonctionnement des systèmes nomenclatureaux en zoologie et botanique	
Annemarie OHLER	11
Les règles de la nomenclature familiale en zoologie	
Alain DUBOIS	17
Les taxons de rang supérieur dans le <i>Code international de nomenclature botanique</i>	
Odile PONCY, Valéry MALÉCOT, Frédéric TRONCHET et Marc PIGNAL	41
D'un <i>Code</i> à l'autre : quelques éléments de comparaison entre les nomenclatures botanique et zoologique	
Valéry MALÉCOT et Odile PONCY	55
Représentation du vivant, classification de la diversité et perversion des catégories nomenclatureaux	
Simon TILLIER	63
Le projet de « <i>Phylocode</i> » et la nomenclature des taxons supérieurs	
Fredrik PLEJEL	67
Propositions pour l'incorporation des nomina de taxons de rang supérieur dans le <i>Code international de nomenclature zoologique</i>	
Alain DUBOIS	73
Glossaire : termes de taxinomie et de nomenclature utilisés dans ce volume	
Alain DUBOIS et Valéry MALÉCOT	97
Index	105

PUBLICITÉ : IL Y EN A ENCORE...

A l'occasion de son vingtième anniversaire, la Société Française de Systématique édite un t-shirt collector. Pour le commander, au prix unique de 10 euros, adressez le bon de commande ci-dessous au secrétariat de la SFS.



Secrétariat de la Société, 12 rue Buffon - 75005 Paris
E-mail : jdupont@mnhn.fr - Fax : 01 40 79 35 94



NOM : _____ Prénom : _____

Adresse complète : _____

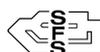
Téléphone : _____ e-mail : _____

Je souhaite commander le t-shirt du vingtième anniversaire de la SFS :

En exemplaire(s) de taille M En exemplaire(s) de taille XL.

Pour un montant total de x 10 euros = euros

que je règle par chèque bancaire à l'ordre de la Société Française de Systématique.



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 : **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.

**REPLIR 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. :

APPEL À COTISATION - ANNÉE 2005

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 2005

Pour l'année 2005, le montant de la cotisation s'élève à **20 €**

1. Je règle ce jour ma cotisation 2005.....	20 €
2. Je souhaite recevoir le(s) « Biosystema » N° au prix de 18 € par exemplaire, soit	€
3. Divers	€
TOTAL	€

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 :

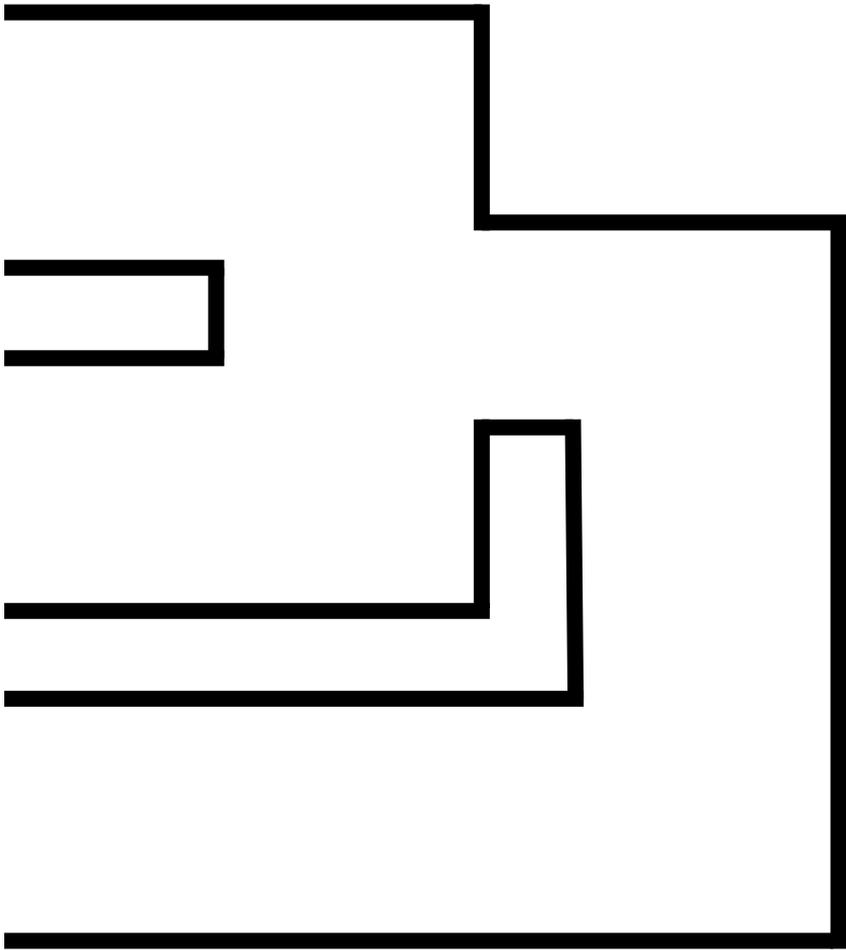
 **Société Française de Systématique, Secrétariat, 12 rue Buffon, 75005 Paris
(CCP 7-367-80 D PARIS)**

BIOSYSTEMA

- Biosystema 1** : INTRODUCTION À LA SYSTÉMATIQUE ZOOLOGIQUE (Concepts, Principes, Méthodes).
par L. Matile, P. Tassy & D. Goujet, 1987. Réédité 2004.
- 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. Barriel & Th. Bourgoïn, 2000.
- Biosystema 19** : SYSTEMATIQUE ET PALEONTOLOGIE.
Édition coordonnée par P. Tassy & A de Ricqlès, 2001.
- Biosystema 20** : SYSTEMATIQUE ET BIOGEOGRAPHIE.
Édition coordonnée par P. Deleporte, J.-F. Silvain & J.P. Hugot 2002.
- Biosystema 21** : LES AVANCÉS DE L'« EVO-DÉVO » ET LA SYSTÉMATIQUE.
Édition coordonnée par G. Balavoine 2003.
- Biosystema 22** : AVENIR ET PERTINENCE DES METHODES D'ANALYSE EN PHYLOGENIE MOLECULAIRE
Édition coordonnée par A. Cibois, T. Bourgoïn & J.-F. Silvain, 2004.

Également disponible au prix de 3 € : SYSTÉMATIQUE AGENDA 2000, traduction française du document américain « Systematics Agenda 2000 ».





ISSN 1240-3253