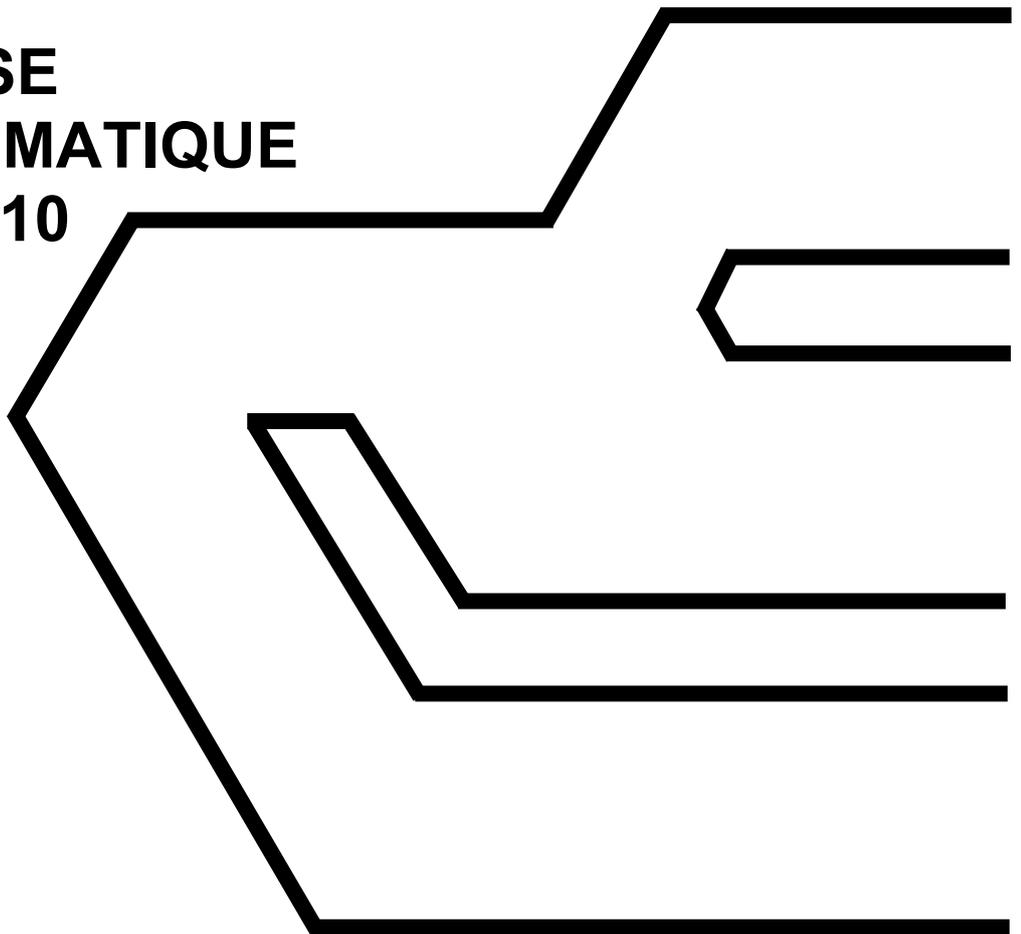


**BULLETIN DE LA
SOCIÉTÉ
FRANÇAISE
DE SYSTÉMATIQUE**
Janvier 2010

N°43



SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

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

 **Adresse postale : Secrétariat SFS, MNHN, Case postale n°53, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05**

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

Conseil de la Société Française de Systématique 2009-2010

Président :	Valéry MALÉCOT
Vice-Président :	Pierre DELEPORTE
Secrétaires :	Christine ROLLARD & Jean-Yves DUBUISSON
Trésorier :	Christophe DAUGERON
Trésorière adjointe :	Odile PONCY
Responsable Bulletin & Responsable <i>Biosystema</i> :	Véronique BARRIEL
Responsable site WEB :	Régine VIGNES-LEBBE

Conseillers : Thierry BOURGOIN, Jacques CABARET, Philippe GRANDCOLAS, Jean-François SILVAIN

Président : Valéry MALÉCOT

UMR 1259 GENHORT, AGROCAMPUS OUEST / INHP - INRA - Univ-Angers
2 rue Le Nôtre, 49045 Angers
Tél. : 02.41.22.55.79 - valery.malecot@agrocampus-ouest.fr

Secrétaires : Christine ROLLARD

MNHN, Dépt. Systématique & Évolution - USM Taxonomie et collections
Case Postale 53, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 35 75 - chroll@mnhn.fr

Jean-Yves DUBUISSON

MNHN, UMR 7207 - CR2P
Case Postale 48, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 80 62 - jdubuis@snv.jussieu.fr

Trésorier : Christophe DAUGERON

MNHN, Dépt. Systématique & Évolution - UMR 5202 CNRS
Case Postale 50, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 54 82 - daugeron@mnhn.fr

Bulletin de la Société Française de Systématique

Directeur de la publication : V. Malécot

Rédacteur en chef : V. Barriel

Réalisation et Composition : V. Barriel

Impression : Imprimerie Launay, Paris

SOMMAIRE

Éditorial par V. Malécot.....	4
Assemblée générale du 06 Octobre 2009	6
<input type="checkbox"/> Compte rendu de l'Assemblée Générale par C. Rollard	6
<input type="checkbox"/> Rapport moral par V. Malécot.....	7
<input type="checkbox"/> Bilan financier 2008 par C. D'Haese	8
Liste des membres du Conseil 2009-2010	10
Journées annuelles SFS 2009 « L'arbre du vivant existe-t-il ? »	11
<input type="checkbox"/> Compte rendu des Journées par R. Vignes-Lebbe	11
Journée de printemps « Systématique exotique » 12 mars 2010	12
BioSyst.EU	13
<input type="checkbox"/> Compte rendu de la 1 ^{ère} conférence par V. Malécot & R. Vignes-Lebbe.....	13
<input type="checkbox"/> Memorandum of Understanding	14
Claude Lévi-Strauss et la Cladistique par P. Darlu.....	15
Thèses et H.D.R.	17
Vient de paraître	26
<input type="checkbox"/> « Comparative Biogeography » par R. Zaragüeta i Bagils	26
Annonces de congrès	27
Biosystema : bon de commande	28
Demande d'adhésion SFS	29
Appel à cotisation 2010	30

2010, année de la biodiversité...

L'année 2010 a été déclarée année internationale de la biodiversité par l'assemblée générale des Nations Unies¹. Après l'anniversaire des 250 ans du décès d'Adanson (en 2006), initiateur selon certains de la taxinomie numérique, puis de celui du tricentenaire des naissances de Buffon et Linné (en 2007) et enfin celui du bicentenaire de la naissance de Darwin (en 2009), encore une fois la connaissance de la diversité des organismes vivants devrait être à l'honneur. Mais et la systématique dans tout cela ? Si l'on reprend la définition courante de la discipline, la systématique c'est « l'étude scientifique de la diversité et des différences entre organismes, ainsi que des diverses relations qui existent entre eux » (Heywood 1976). La systématique est fondamentale dans l'étude de la diversité. En effet, c'est en pratiquant cette discipline que les éléments constitutifs de certains niveaux de la biodiversité (à savoir, les taxons, et en particulier les espèces) sont ajoutés à notre connaissance du monde. D'un autre côté, les pouvoirs publics imaginent qu'il est possible de disposer d'une liste exhaustive, immuable des organismes vivants sur un territoire donné (ou éventuellement de leurs noms). Mais, y compris dans des régions réputées bien « explorées » comme l'Europe, des programmes de grande ampleur (comme l'ATBI = M [All Taxa Biodiversity Inventories + Monitoring] des parcs du Mercantour et Alpi Maritime) ou des travaux approfondis sur un groupe (deux espèces nouvelles de Sorbiers formants des arbres pouvant atteindre 12 à 15 m de haut ont été décrites en France en début d'année 2009, et dans le même genre 14 espèces ont été décrites au Royaume Uni en cette même année), montrent que notre connaissance est encore loin d'être exhaustive. Et il faut tenir compte de la réévaluation des données antérieures (y compris certaines oubliées depuis des dizaines d'années) à l'aube des techniques nouvelles, voire même des seules techniques classiques. De plus, on résume souvent la systématique à cette reconnaissance des espèces, qui est effectivement indispensable pour dresser des inventaires, mais c'est oublier bien d'autres aspects tournant autour de l'organisation, de l'histoire et de l'origine des organismes vivants.

À l'inverse, avec la démultiplication des métiers liés à la systématique (voir le texte du groupe « Systématique et Taxinomie » dans le document de réflexion stratégique de la commission scientifique de l'IFB²), certains chercheurs, se revendiquant comme étudiant la biodiversité, pratiquent la systématique sans le savoir, ou sans le revendiquer, s'affirmant plutôt phylogénéticiens, biologistes de l'évolution, biologistes de la conservation ou généticiens des populations. C'est la capacité de synthèse de toutes ces disciplines, et de bien d'autres, qui fait la qualité d'un systématicien ; ne revendiquer ou ne pratiquer que l'une ou l'autre c'est limiter la connaissance du vivant que tous revendiquent.

Entre toutes ces facettes, quelle place pour la systématique et les systématiciens dans l'étude de la biodiversité et dans l'année qui lui est dédiée ? Dès le 12 mars, la journée de printemps intitulée « Systématique exotique » montrera comment les théories et techniques développées dans le cadre de la systématique des organismes vivants sont utilisées sur des objets bien éloignés du monde vivant. Voilà plusieurs années qu'il n'y avait pas eu de journée de printemps, celle de cette année afficheront l'ouverture de la Société. Puis, cet automne, les journées annuelles, qui reviendront à Paris, s'interrogeront sur la place de la Systématique dans la Biodiversité. Un joueur de Scrabble expérimenté notera qu'il n'y a que quatre lettres communes à ces deux mots, à savoir e, i, s et t (accentuation non comprise), alors qu'à chaque fois, il faut neuf lettres distinctes pour former ces mots (a, e, i, m, q, s, t, u et y pour systématique et b, d, e, i, o, r, s, t et v pour biodiversité). Compte tenu du fait que ces quatre lettres, e, i, s et t sont respectivement les 1^{ère}, 4^{ème}, 2^{ème} et 5^{ème} lettres en terme de fréquence dans un corpus de textes en langue française (le corpus de Thomas Tempé), le nombre de termes qui peuvent entrer en concurrence pour associer systématique et biodiversité est particulièrement élevé. Heureusement, l'association entre disciplines ne relève pas du jeu de scrabble, mais du jeu des acteurs, qui respecte des règles qui respecte des règles on ne peut plus complexes,

nous l'aborderons dont cet automne de manière plus approfondie.

Sur ce, au nom de la société et en mon nom propre, je vous souhaite une excellente année 2010, couronnée de réussites, de bonheurs et de joies tant personnels que professionnels, et bien entendu riche en systématique (d'un point de vue professionnel uniquement, bien entendu).

Valéry MALÉCOT,
Président de la SFS

¹ C'est aussi l'année internationale du rapprochement des cultures, l'année de l'Afrique en France, l'année croisée France-Russie, et l'année européenne de la lutte contre la pauvreté et l'exclusion sociale, parmi d'autres.

² accessible ici :

http://www.fondationbiodiversite.fr/Documents_files/Bilan%20CS%20IFB.pdf



ASSEMBLÉE GÉNÉRALE DU 06 Octobre 2009

☐ COMPTE RENDU DE L'ASSEMBLÉE GÉNÉRALE DU 06 OCTOBRE 2009

Ordre du jour

- Élection du Bureau
- Rapport moral du Président
- Rapport financier
- Vérificateurs aux comptes pour 2010
- Résultat des élections pour le renouvellement du conseil
- Prochaines journées de la SFS
- Biosystema
- Visibilité de la Société
- Prix Jacques Lebbe
- Questions diverses

Assemblée générale

L'Assemblée générale débute à 17h45 avec 15 participants.

Le quorum n'étant pas atteint, l'AG ordinaire est close et l'AG extraordinaire est ouverte.

Élections du bureau de l'A.G.

Valéry Malécot, président de la SFS est désigné comme président de séance. Christine Rollard, secrétaire générale de la SFS assure le secrétariat de séance. Cette motion est approuvée à l'unanimité.

Rapport moral du Président

Valéry Malécot présente son rapport moral (ci-joint). Après discussion, le rapport est approuvé à l'unanimité.

Rapport financier

Cyrille D'Haese, trésorier de la SFS, présente son rapport financier (ci-joint) vérifié par les commissaires aux comptes (Nicole Léger et Guillaume Lecointre en remplacement d'Odile Poncy, désignée lors de l'AG 2008 mais membre invité du conseil par la suite).

Il est important de noter une baisse des transactions par rapport aux années précédentes. Le bilan global est positif avec un solde de 2761,66 euros, mais les perspectives montrent un équilibre financier fragile car les dépenses à

venir pour l'impression en cours des 2 numéros de Biosystema associées aux dépenses des journées 2009, laisseront certainement les caisses « vides ».

Le problème des cotisations parfois difficiles à récupérer et de nombreuses radiations pour non paiement sont à noter... Il est envisagé une relance plus marquée en direction des membres pour le paiement des cotisations.

La vente des Biosystema sera à dynamiser, notamment sur un stand propre lors de réunions d'autres sociétés savantes.

L'assemblée, après avoir voté le quitus au trésorier, approuve le rapport financier à l'unanimité (sous réserve, l'un des commissaires aux comptes n'ayant pas eu tous les documents avant l'AG).

Vérificateurs aux comptes pour 2010

Deux vérificateurs aux comptes sont nommés pour l'année 2010. Il s'agit de Guillaume Lecointre et Cyrille d'Haese.

Résultat des élections pour le renouvellement du conseil

Quatre candidats s'étaient déclarés pour le renouvellement de 3 membres sortants du Conseil. Rappel : pour être élu, les candidats doivent recueillir plus de 50% des voix exprimées.

Les résultats de l'élection sont les suivants pour 29 votants (29 suffrages exprimés dont 12 par correspondance) :

- Christophe Daugeron, 28 voix, élu,
- Odile Poncy, 28 voix, élue,
- Christine Rollard, 29 voix, (ré-)élue,
- Jean-François Silvain, 28 voix, élu

Le Conseil d'Administration de la SFS comportera donc 12 membres.

Prochaines journées de la SFS

Plusieurs thématiques avaient été proposées l'année dernière pour les journées annuelles de la SFS et n'avaient pas été retenues : « La systématique en France, enseignement, recherche. Qui fait quoi ? », « Systématique des Procaryotes », « Systématique et Ecologie », « Biologie de la Conservation ».

De nouvelles propositions sont faites lors de l'AG autour du thème « La systématique va-t-elle disparaître ? » ou « La conservation de la

systématique ? » ou encore « La biodiversité va-t-elle tuer la systématique ? ». Ce thème général semble avoir retenu l'attention des participants. Le titre, la composition de l'équipe d'organisation et la finalisation seront discutés lors du prochain conseil.

La possibilité de refaire une journée de printemps où seraient présentés les deux nouveaux Biosystema à paraître (numéros 26 et 27) est envisagée. Deux propositions sont faites, l'une par Nicole Léger intitulée « La systématique pour les nuls » en direction plus particulièrement des étudiants en biologie et l'autre de Guillaume Lecointre et Pierre Darlu sur le thème « La systématique exotique ou la systématique s'exporte-t-elle ? ». La première proposition semble difficile à organiser notamment à cause du public visé. La deuxième proposition pourrait être mise en place assez facilement et une date est proposée (2 mars 2010). L'annonce sera faite dans le prochain bulletin dont la sortie est prévue pour janvier 2010 ce qui implique de disposer des informations pour mi-décembre.

Le lieu évoqué pour ces deux manifestations (journée de printemps et journées annuelles) serait Paris.

Biosystema

Une intervention de Pierre Deleporte annonce que le Biosystema 26 coordonné par Thierry Bourgoïn est quasiment prêt et que le Biosystema 27, qu'il coordonne, également (un article reste à finaliser). Il suggère qu'une petite équipe ou tout du moins un binôme puisse travailler ensemble dans la phase de finalisation qui pose souvent des problèmes. Il faut songer à formaliser la procédure et prendre contact avec M. Millet (qui met en page les numéros de Biosystema depuis plusieurs années) pour connaître son cahier des charges. Une meilleure gestion entre le ou les coordinateurs et l'imprimeur doit être faite. Ce point sera discuté lors du prochain conseil.

Visibilité de la Société

Il est nécessaire de faire connaître la SFS de manière plus importante par le biais d'affiches et d'annonces des journées à venir sur les listes de diffusions que nous sommes nombreux à utiliser.

Prix Jacques Lebbe

Cette année, le prix Jacques Lebbe n'a pas été décerné car aucune candidature n'a été reçue. Cela est vraiment regrettable ! N'y a-t-il vraiment aucun mémoire de master 2 soutenu en 2009 qui aurait pu être proposé ?

Questions diverses

EDIT

Guillaume Lecointre s'étonne qu'il n'y ait pas un soutien marqué de la part de la SFS.

Ouverture de la Société

Il est important de rappeler que deux membres du conseil sont également membres de la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité (FRB). Il s'agit de Jean François Silvain (Président du conseil scientifique) et de Thierry Bourgoïn (membre du conseil scientifique).

Site WEB

Le site WEB est dorénavant régulièrement tenu à jour par sa responsable Régine Vignes-Lebbe. L'idée d'enregistrer certaines conférences (adaptées à un large public) lors des journées et de les mettre sur le site de la société est évoqué ?

L'ordre du jour étant épuisé, la séance est levée à 19h15.

Christine ROLLARD
Secrétaire de séance

▣ RAPPORT MORAL 2008-2009

Présenté par le Président de la SFS, Valéry MALÉCOT

Chers collègues, chers amis,

La Société Française de Systématique compte aujourd'hui 257 membres à jour de leur cotisation. Depuis 2000, une politique stricte de mise à jour du fichier des cotisations est tenue, conduisant à la radiation des personnes n'ayant pas cotisé depuis 3 ans. Cette année, le nombre de radiation atteint un niveau jamais vu depuis trois ans, avec plus de 100 radiations. Cela s'explique par la mise en œuvre de la politique stricte de radiation qui, tous les trois ans peu conduire à une baisse brutale des effectifs. D'autres raisons sont également à invoquer, les départs en retraite, des non recrutements, mais aussi la non adhésion de jeunes recrutés malgré un appel, envoyé par Pascal Tassy aux chefs de département du MNHN. Par ailleurs, la dispersion de la systématique en de nombreuses sous disciplines peut conduire certains à ne plus se revendiquer systématiciens, mais biologistes de l'évolution ou phylogénéticiens...



Depuis la dernière assemblée générale, le conseil s'est réuni 6 fois, les 15/12/2008, 2/02/2009, 27/03/2009, 19/05/2009, 24/06/2009 et 16/10/2009. De manière assez classique c'est la gestions de journées annuelles et des volumes de Biosystema qui a occupé une bonne part des discussions. Le bilan financier est sain, malgré parfois des difficultés à contacter le trésorier.

Deux Biosystema sont en fin de gestation, divers contre-temps ayant empêché leur impression à temps pour les journées. Il s'agit du Biosystema dédié aux collections (journées 2007), et du Biosystema « Systématique et comportement » (journées 2008). L'impression de ces deux volumes ne saurait tarder.

Les deux Bulletins traditionnels ont été élaborés avec l'efficacité habituelle de la responsable du bulletin. Toutefois, l'envoi du bulletin de juillet a été tardif par rapport à la date affichée.

Le site web, a eut une mise à jour plus régulière, grâce à Régine Vignes-Lebbe, qui au minimum l'a mis à jour avant chaque réunion du conseil.

En complément des activités classiques, la société a participé à la première conférence inter-associations européennes de systématique (Federation of European Biological Systematic Societies – Biosyst.Eu). Cette conférence, qui s'est déroulée courant août à Leiden sous l'intitulé Systematics 2009 a réuni une grande assemblée, avec des membres des diverses sociétés de systématique (peut-être avec une majorité d'allemands et de hollandais). Le principe devrait se renouveler d'ici trois ans.

Les journées annuelles 2009 ont été orchestrées par Pascal Tassy, Nicole Léger et moi-même. Nous nous chargeons de récupérer les communications pour la préparation du Biosystema qui sera dédié à ces journées, et nous remercions les auteurs qui, pour certains, nous ont déjà fait parvenir leur textes. Depuis bien longtemps les journées n'avaient pas quitté Paris, c'est fait cette année avec un accueil à Angers dans les locaux du centre d'Angers d'AGROCAMPUS OUEST

Divers thèmes ont été proposés en 2008, je ne fais que les rappeler ici afin de susciter la discussion : La systématique en France, enseignement, recherche ; Systématique des Procaroyotes ; Systématique et Ecologie ; Biologie de la Conservation.

Deux lauréates ont reçu le prix Jacques LEBBE en 2008, Jeanne ROPARS et Élise TANCOIGNE. Les résumés de leurs mémoires ont été présentés dans le bulletin n° 41.

Enfin, le conseil remercie chaleureusement ses membres sortants, en particulier notre trésorier qui, depuis 2003 (6 ans) assurait le suivi de la trésorerie de manière bien régulière et qui, chaque année, a amélioré sa maîtrise de la chose. Tous nos remerciements vont aussi à Pascal Tassy qui en tant que conseiller s'est largement exprimé sur les points abordés lors des divers conseils. Nous souhaitons aussi, d'ores et déjà, la bienvenue aux nouveaux membres du Conseil qui montreront, nous l'espérons, un dynamisme essentiel à l'activité du conseil et de la société.

Valéry MALÉCOT

▣ BILAN FINANCIER 2008

Comme celui de 2007 (- 530,79 euros), le bilan financier de 2008 est négatif (- 999,34). Les dépenses de reprographiques expliquent principalement cet état de fait : le coût (3 204,11 euros) est deux fois plus important comparé à l'année 2007 (1 516,94 euros).

Les recettes apportées par les cotisations semblent en baisse (1 540,00 euros) par rapport à celles relativement stables de 2007 (3 878,00 euros), de 2006 (3 917,78 euros) et de 2004 (3 832,70 euros). En réalité, pour des raisons de calendrier, une grande partie des cotisations de 2008 ont été traitées début 2009 et n'apparaissent donc pas dans ce bilan.

Les ventes des Biosystema sont en baisse notable par rapport aux années précédentes avec 108,00 euros contre 328,00, 1 269,75, 2 617, 1 455 et 1 381,60 euros en 2007, 2006, 2005, 2004 et 2003 respectivement. Là encore, une grande partie des Biosystema achetés lors des journées d'octobre 2008 ont été traités début 2009 comme c'est le cas de la majorité des recettes/dépenses liées aux journées 2008.

Les frais postaux sont en positif en raison du remboursement d'un trop plein perçu par la poste.

Près de la moitié des recettes viennent de la liquidation des comptes « SFS African small Mammals » et « SFS Hennig 86 » avec + 1 545,36 euros.

On observe globalement une baisse des transactions avec un total des dépenses en baisse de près de 2 000 euros par rapport à 2007 (mais du même ordre que 2006). Les recettes sont elles aussi en baisse par rapport à celle de 2007 et 2006 (en baisse d'environ 2 400 euros).

Bilan Financier pour l'année 2008

Les chiffres pour 2007 apparaissent entre parenthèses

	Recettes	Dépenses
Cotisations	1 540,00 (3 878,00)	
Journées SFS 2007	20,00 (1 450,00)	44,40 (2827,82)
Ventes Biosystema	108,00 (328,00)	
Liquidation comptes	1 545,36	
Frais postaux		(647,69)
Reprographie et imprimerie		3 204,11 (1 516,94)
Voyages (hors journées)		200,40 (521,70)
Assurance (MAIF)		180,50 (327,14)
Frais de compte		8,00 (6,50)
Prix J. Lebbe 2008		600,00 (300,00)
Divers		31,90 (39,00)
Total	3 269,97 € (5 656,00)	4 269,31 € (6 186,79)

Bilan : - 999,34 Euros (530,79)

Compte Courant :

Solde du CCP au 10/01/2008 : 3 743,82 euros

Solde du CCP au 30/12/2008 : **2 744,48 euros**

Livret A :

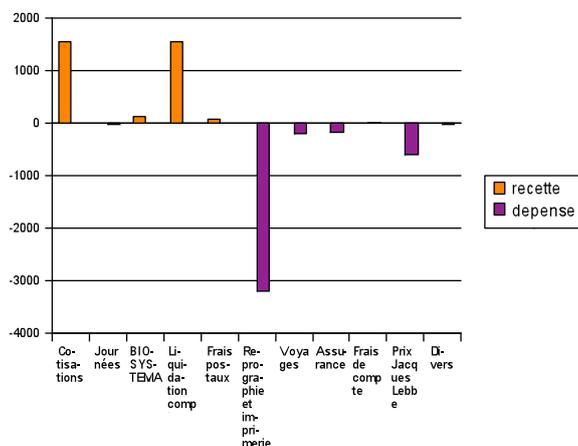
Solde au 18/01/2008 : 16,59 €

Solde au 19/01/2009 : 17,18 €

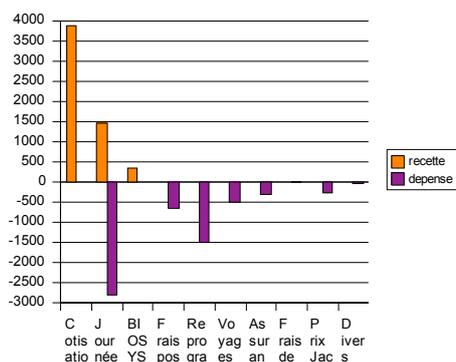
Solde global au 30/12/2008 : 2 761,66 euros

Cyrille D'HAESE
Trésorier de la SFS

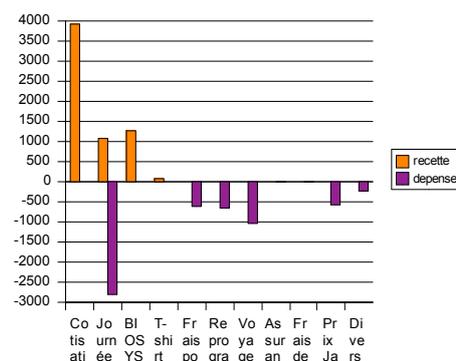
Bilan Financier 2008



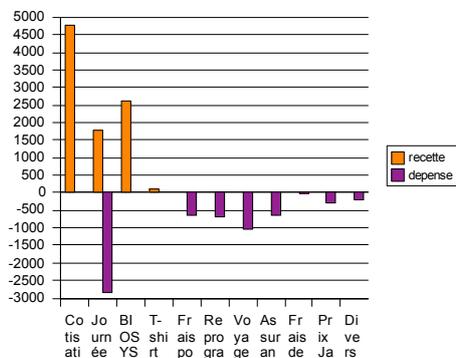
Bilan Financier 2007



Bilan Financier 2006



Bilan Financier 2005



LISTE DES MEMBRES DU CONSEIL 2009-2010 DE LA SFS

Président

Valéry MALÉCOT

UMR 1259 GENHORT
AGROCAMPUS OUEST / INHP - INRA - Univ-
Angers
2 rue Le Nôtre, 49045 Angers
Tél : 02.41.22.55.79 - Fax : 02.41.22.54.78
valery.malecot@agrocampus-ouest.fr

Vice-Président

Pierre DELEPORTE

CNRS UMR 6552
Station Biologique de Paimpont
35380 Paimpont
Tél. : 02 99 61 81 63 - Fax. : 02 99 61 81 88
pierre.deleporte@univ-rennes1.fr

Secrétaires

Christine ROLLARD

Muséum national d'Histoire naturelle
USM Taxonomie et collections (61 rue Buffon)
Dept. Systématique et Évolution
Case Postale 53, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 35 75 - Fax : 01 40 79 38 63
chroll@mnhn.fr

Jean-Yves DUBUISSON

MNHN Bâtiment de Géologie (43, rue Buffon)
UMR 7207 - CR2P
Case Postale 48, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 80 62
jdubuis@snv.jussieu.fr

Trésorier

Christophe DAUGERON

Muséum national d'Histoire naturelle
UMR 5202 CNRS « Origine, structure, évolution
de la biodiversité » (45 rue Buffon)
Dépt. Systématique et Évolution
Case Postale 50, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 54 82
daugeron@mnhn.fr

Trésorière adjointe

Odile PONCY

Muséum national d'Histoire naturelle
USM Taxonomie et collections
Dept. Systématique & Évolution
57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 33 78
poncy@mnhn.fr

Responsable Bulletin & Responsable Biosystema

Véronique BARRIEL

Muséum national d'Histoire naturelle
Dept. Histoire de la Terre - UMR 7207 - CR2P
(8 rue Buffon)
Case Postale 38, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 31 71 - Fax : 01 40 79 35 80
barriel@mnhn.fr

Responsable Site WEB

Régine VIGNES-LEBBE

MNHN Bâtiment de Géologie (43, rue Buffon)
UMR 7207 - CR2P
Case Postale 48, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 80 61
regine.vignes_lebbe@upmc.fr

Conseillers

Thierry BOURGOIN

Muséum national d'Histoire naturelle
USM 0601 « Origine, structure et évolution de la
biodiversité »
Dépt. Systématique et Évolution -
Case Postale 50, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 33 96
bourgoin@mnhn.fr

Jacques CABARET

INRA - BASE
37380 Nouzilly
Tél. : 02 47 42 77 68
Jacques.Cabaret@tours.inra.fr

Philippe GRANDCOLAS

Muséum national d'Histoire naturelle
UMR 5202 CNRS « Origine, structure, évolution
de la biodiversité » (45 rue Buffon)
Dépt. Systématique et Évolution
Case Postale 50, 57 rue Cuvier, 75231 Paris
Cedex 05
Tél. : 01 40 79 38 48 – Fax : 01 40 79 56 79
pg@mnhn.fr

Jean-François SILVAIN

IRD « Biodiversité et évolution des complexes
plantes – insectes ravageurs - antagonistes »
(R072)
c/o CNRS, Lab. Évolution, Génomes et Spécia-
tion
Bat. 13, BP1, 91198 Gif-sur-Yvette cedex
Tél. : 01 69 82 37 38 – Fax : 01 69 82 37 36
silvain@legs.cnrs-gif.fr

JOURNÉES ANNUELLES 2009 : « L'arbre du vivant existe-t-il ? »

▣ COMPTE RENDU DES JOURNÉES

Les journées annuelles 2009 de la Société Française de Systématique avaient pour thème : « l'arbre du vivant existe-t-il ? ». Et pour ces deux journées, la SFS s'est mise au vert, accueillie en Anjou par l'Institut National d'Horticulture et de Paysage grâce à Valéry Malécot. L'éloignement de la capitale ne s'était pas produit depuis plus de 10 ans et n'a pas empêché une bonne participation sur les deux journées (56 participants) ainsi que la venue d'une quinzaine d'étudiants en systématique (master et doctorants).

Pour plonger dans le thème, le président de la Société a ouvert les journées par des photographies aussi superbes que surprenantes où chacun a pu s'étonner des malices de la nature nous révélant des végétaux à la fois arbres et réseaux.

« La métaphore de l'arbre engendre des malentendus dans l'interprétation des figures arborées, anciennes ou modernes » débute Guillaume Lecointre, suivi par Pascal Tassy qui commentera l'arbre publié par le paléontologue allemand Bronn en 1858. L'arbre est d'abord analysé en tant que structure de graphe, connexe, sans cycle, et ses propriétés mathématiques discutées par rapport aux concepts de généalogie théorique et de phylogénie. Et si la phylogénie permet d'exprimer des degrés relatifs d'apparentement et de trouver les solutions aux hypothèses d'homologies primaires qui avaient été initialement formulées dans la matrice alors des méthodes basées sur des degrés de similitude globale ne peuvent aboutir à des phylogénies.

C'est ensuite à Philippe Lopez que revient la conférence introduisant les réseaux. Les pro-

cessus évolutifs sous jacents tels que les transferts horizontaux conduisent à proposer des représentations plus générales que les arbres : arbres augmentés, réseau d'arbres, réseau de génomes, réseau de métagénomes... et par là même à de nouvelles lectures des nœuds, des branches et de leur longueur, des parentés, des homoplasies, des processus, des ancêtres, et à de nouveau indices de comparaison de réseaux. L'apport de ces structures est argumenté par Eric Baptiste : les réseaux permettent de ne pas représenter que des groupes frères mais aussi des partenaires génétiques, et de revenir ainsi aux processus à l'origine de « qui partage quoi avec qui ». Philippe Gambette décrit alors les méthodes de construction de réseaux, avant la discussion arbre/réseau proposée par Pierre Darlu, faisant à la fois le point des solutions mais aussi des questions apportées par l'utilisation de ces nouvelles structures : place de la racine, interprétation des longueur de branches, évaluation et test d'hypothèse ; discussion arbre/réseau qui sera poursuivie par François-Joseph Lapointe, de l'Université De Montréal, au niveau des comparaisons et combinaisons des réseaux.

La première journée se termine par deux exemples d'évolution particulièrement complexe : « Les endosymbioses, des réticulations dans l'arbre du vivant » par Marc-André Selosse ; « Les Arbovirus » par Christophe Nicolas Peyrefitte.

La seconde journée s'accompagne de discussions plus animées que la veille après les exposés théoriques et formels du matin : Pierre Deleporte sur l'existence matérielle ou conceptuelle de l'arbre du vivant, Stéphane Prin sur le rapport phylogénie/classification et René Zargüeta i Bagils sur la notion d'ancêtre en analyse cladistique. Ainsi les questions reviennent sur la nature des objets d'étude de la systématique



(UTO, individus, taxon, clade), la nature des classifications (« naturelle », « Unique », « phylogénétique »), la nature des inférences...

Enfin la théorie cède une nouvelle fois la place aux exemples concrets. Dans le domaine horticole, les hybrides interspécifiques sont fréquents. Connaître ou confirmer la parenté de ces hybrides interspécifiques est parfois nécessaire pour clarifier l'origine du matériel ou pour retracer l'histoire évolutive ou horticole d'un groupe explique Valéry Malécot. Pour étudier l'histoire évolutive des parasites, ici acariens ectoparasites (Acari ; Mesostigmata ; Dermanyssus) Lise Roy expose un travail combinant outils de la cladistique et de la génétique des populations utilisant des séquences d'ADN mitochondrial et nucléaire. Autre association, les symbioses mycorhiziennes : Christine Strullu-Derrien présente la plus ancienne mycorrhize fossile, découverte sur du matériel Carbonifère dans un gisement de Cordaites (gymnosperme basale).

La jeune génération n'est pas en reste. Anaïs Grand effectue le dernier exposé de ces journées, sur son travail de master 1 : après une analyse bibliographique précise des propositions de Farris et Archie, cette jeune étudiante en Systématique propose une nouvelle représentation de l'indice de rétention, sous forme d'un rapport de distances. Adrien Perrard expose un poster sur son travail de master 2 soit la

« Phylogénie du genre *Vespa* (Hymenoptera : Vespidae) à partir de données morphologiques et moléculaires ». Le second poster (présenté par V. Leignel) de ces journées 2009 concerne un travail de systématique avec redescription morphologique et moléculaire d'une espèce d'*Ostertagia* (Trichostrongylidae), nématode parasite de ruminants.

En concluant ces journées, le président de la SFS en souligne le caractère particulièrement diversifié des présentations. On y a vu des exposés théoriques, formels, ou appliqués. On y a exposé comment comparer des méthodes pour construire des réseaux, et comment comparer des réseaux. On y a réfléchi sur les concepts de base de la systématique : qu'est-ce qu'un taxon ? que représente un arbre phylogénétique ? qu'infère-t-on aux nœuds internes ? qu'expriment exactement nos indices comme l'indice de rétention ?... On y a parlé de réseaux bactériens, de symbioses, d'hybrides interspécifiques, de co-évolution... Des journées 2009 pleinement dédiées à la recherche en Systématique, moléculaire et morphologique, en montrant la diversité d'approches et de problématique.

Régine VIGNES-LEBBE

JOURNÉE DE PRINTEMPS « Systématique exotique » 12 mars 2010

La journée de printemps de la SFS fait son retour. Elle se tiendra le 12 mars 2010 dans l'amphithéâtre de Paléontologie - Anatomie comparée du Muséum national d'Histoire naturelle (Paris 5).

Le thème de cette journées, coordonnée par **Pierre Darlu** et **Guillaume Lecointre** est « **Systématique exotique** », en voici le programme provisoire :

9h-9h30 : Accueil et introduction

9h30-10h10 : **Michel Guiraud** (Laboratoire de Minéralogie et Cosmochimie, MNHN)
« Systématique minéralogique »

10h10-10h50 : **Jean-Léo Léonard** (Laboratoire de Phonétique et Phonologie, CNRS/Sorbonne-Nouvelle) & **Clément Vulin** (AgroParisTech)

« Application de la cladistique aux langues mésoaméricaines »

10h50-11h20 : Pause

11h20-12h00 : **Caroline Macé** (Griekse Studies, Katholieke Universiteit Leuven) & **Philippe Baret** (Unité de Génétique, Université catholique de Louvain)

« Palinodies : Essais et erreurs dans l'application de la phylogénétique au classement des manuscrits ».

12h00-12h40 : **Pascal Chareille** (Histoire médiévale, université de Tours) & **Pierre Darlu** (UMR Eco-Anthropologie et Ethnobiologie, CNRS)

« Anthroponymie, Histoire des populations et Phylogénie. Exemples du IX^e siècle à nos jours ».

12h40-14h30 : Repas libre

14h30-15h10 : **Guillaume Lecointre** (Département Systématique et Évolution, MNHN)
« Arbres et voies métaboliques ».

15h10-15h50 : **Marc Le Pouliquen** (IUP Génie mécanique et productique, Université de Bretagne Occidentale)
« Phylogénétique et philologie, le cas de manuscrits sanskrits ».

15h50-16h20 : Pause

16h20-17h00 : **Sylvie Le Bomin** (Département Homme-Nature-Société, MNHN)

« Systématique et phylogénie musicales pour la reconstruction de l'histoire des populations de tradition orale d'Afrique centrale ».

17h00-17h20 : Conclusions

Contacts :

Pierre Darlu : pierre.darlu@inserm.fr

Guillaume Lecointre : lecointr@mnhn.fr

L'inscription à cette journée est gratuite mais il est nécessaire de vous pré-inscrire en envoyant un courrier au secrétariat ou un message aux deux secrétaires de la SFS, Christine Rollard (chroll&mnhn.fr) et Jean-Yves Dubuisson (jdubuis@snv.jussieu.fr).

BioSyst.EU

☐ Compte rendu de la première conférence de BioSyst.EU (Leiden, 10-14 août 2009)

C'est du 10 au 14 août 2009 qu'a eu lieu, à Leiden au Pays-Bas, la première conférence de Biosyst.Eu, la fédération des sociétés européennes de systématique biologique. Cette fédération rassemble toutes les sociétés de systématique européennes, à savoir : la Systematics Association (SA) pour le Royaume-Uni, la Swiss Systematics Society (SSS) pour la Suisse, la Gesellschaft für Biologische Systematik (GfBS) pour l'Allemagne, le Network of Biological Systematics (NOBIS Austria) pour l'Autriche et notre propre société (SFS) pour la France.

La conférence Biosyst.EU était aussi l'occasion pour la Systematics Association de faire sa septième conférence bisannuelle, et pour la GfBS d'organiser ses 11èmes journées annuelles. Sur quatre jours effectifs de congrès ce sont six symposias, 20 sessions, et près de 280 communications qui ont été présentées. Plus de 270 participants ont participé à cette conférence. Ils provenaient des divers pays mentionnés plus haut, mais aussi de Hollande, Belgique et de quelques autres, parfois bien éloignés. Du point de vue de l'organisation, c'est l'herbier national des Pays-Bas (antenne de Leiden) et Naturalis, le muséum national

d'histoire naturelle de Hollande, qui ont assuré la logistique, le congrès se déroulant pour sa part dans les murs (assez modernes) de l'hôpital universitaire de Leiden (le LUMC). Ce dernier lieu nous ayant valu quelques consignes en terme de prévention de la grippe A, et même une réunion qui y était spécifiquement dédié (mais heureusement réservées au personnel de l'hôpital).

Il est toujours compliqué de rendre compte d'un congrès à sessions en parallèle (au minimum trois dans le cas de Biosyst.Eu) puisque les thématiques de recherche personnelles conduisent à choisir l'une ou l'autre des sessions. C'était d'autant plus vrai à Leiden puisque les salles n'étaient pas toutes à proximité les unes des autres, et que les durées d'exposés n'étaient pas les même entre symposium et sessions, voir même entre symposias. Au final, il n'était possible de changer que sur un créneau le matin, et un l'après-midi, au moment des pauses cafés.

De nombreux exposés ont ainsi abordé l'étude de la phylogénie de tel ou tel groupe à partir de données moléculaires, et les interprétations morphologiques ou biogéographiques qui pouvaient en être tirées. Les méthodes de datation sur des arbres phylogénétiques ont aussi été largement appliquées sur tel ou tel groupe. L'évolution des fleurs (symétrie) et celle de la pollinisation ont pour leur part fait l'objet de deux symposia, mais aussi de diverses communi-



tions lors de sessions. L'évolution des micro-organismes n'a pas été en reste avec un symposia et divers exposés. De même la phylogénie des Eucaryotes a été longuement abordée dans un symposium, où éponges, onychophores et autres ont été diversement étudiés. En bref tout systématicien aurait pu y trouver une communication sur un groupe taxonomiquement proche de celui qu'il étudie. Sur les méthodologies utilisables en systématique, il y avait aussi de quoi trouver des idées, que ce soit des expériences de création de sites web dédiés à un groupe d'organismes, ou sur les diverses méthodes de reconstruction de super-arbres. De plus un workshop a été dédié à la conservation à long-terme de l'ADN. Les divers projets européens en cours (EDIT, SYNTHESYS, KeyToNature) ont aussi eu leurs exposés. Chaque société avait en charge une ou plusieurs thématiques ; la SFS organisa celle sur l'application des technologies informatiques : identification, nouvelles communautés collaboratives, flores électroniques, algorithmes sur données moléculaires. Parmi les exposés introductifs, je signalerai celui de Sebastian Shimeld qui a largement évoqué des analyses évolutives non pas seulement sur quelques gènes mais sur des génomes complets grâce aux développements en bioinformatique et en séquenceurs. L'exposé de Henning Scholz a été l'occasion de préciser le planning de lancement et l'organisation de la partie européenne de la Biodiversity Heritage Library. Les collections ont été moins abordées, si ce n'est par une réunion dédiée à la préparation de programmes d'urgence (incendie, inondation, tempête...), dans les musées d'histoire naturelle. En guise de tentative de résumé de tout ceci : une diversité aussi grande que celle des organismes étudiés par les participants, et une très bonne occasion de recueillir idées, méthodes et références.

Un moment assez particulier fut celui du repas de congrès, dans un restaurant appelé « La France », apparemment un ancien cabaret reconverti en restaurant chargé de l'imaginaire hollandais sur la France. Les estomacs avaient le choix entre divers « restaurants » intitulés « bar de la plage », « le grill », « la crêperie » qui servaient des plats supposés français mais dont les recettes originales avaient du être légèrement modifiées : une soupe à l'oignon avec des pommes de terre, une soupe à la tomate avec carottes et petits légumes, des crêpes sucrées-salées où le manieur de crêpière avait une technique sensiblement différente de celle pratiquée en Bretagne. Bref, une soirée où, sous couvert d'un supposé restaurant français, on en apprenait plus sur

on en apprenait plus sur l'imaginaire hollandais que sur la cuisine française...

Enfin, en dehors des seuls exposés et du repas de congrès, ce fut l'occasion pour les diverses sociétés de systématique de signer un Memorandum of Understanding qui est présenté dans ce bulletin (ci-dessous). De la réflexion attenante à cette signature, vous pouvez déjà noter que l'événement se renouvèlera dans quatre ans (soit en Suède, soit en Autriche), et que tous les membres des sociétés adhérentes, peuvent bénéficier d'un abonnement à prix réduit à Organism Diversity & Evolution (le journal de la GfBS).

**Valéry MALÉCOT &
Régine VIGNES-LEBBE**

▣ MEMORANDUM OF UNDERSTANDING



Memorandum of Understanding
BioSyst.EU: the Federation of Biological
Systematics Societies in Europe

Research in the fields of taxonomy and systematics is the basis for all aspects of biological research and for the conservation of biodiversity. In view of the global biodiversity crisis and the lack of taxonomic expertise, international cooperation is necessary to arouse awareness, to improve our knowledge about the global species richness, its function and threat. To coordinate European research, BioSyst.EU (www.biosyst.eu) was founded at the Natural History Museum Vienna on 3 October 2006 by representatives of the Systematics Association (UK), Société Française de Systématique (F), Gesellschaft für Biologische Systematik (D), Swiss Systematics Society (CH); the Network of Biological Systematics Austria (A) joined in 2007; the Swedish Systematics Association (S) joined in 2009.

During the first joint BioSyst.Eu Congress at Leiden, Netherlands, representatives of all above members agreed this Memorandum of Understanding to provide a European platform to:

1. hold joint meetings on a regular basis;

2. promote research, teaching, and training in all areas of systematic biology, including phylogenetic, taxonomic, and biodiversity research;

3. encourage collaboration and interchange among researchers, both individually and through their respective societies and institutions;

4. coordinate national and international efforts without infringing on the autonomy of the member societies;

5. encourage formation of additional national systematic societies, while continuing to represent systematists in countries still lacking formal societies;

6. increase the profile and funding of systematic biology in the European parliament.

BioSyst.EU represents European scientists dealing with topics of systematic biology. It considers itself as a collaborative counterpart to

the Consortium of European Taxonomic Facilities (CETAF) where European Natural History Institutions have joined, whereas in BioSyst.EU individual scientists are to be represented via their national or regional societies.

Leiden, 14 August 2009

SystAss (Richard Bateman, Juliet Brodie)

SFS (Valery Malecot)

GfBS (Regine Jahn, Wolfgang Wägele, Gerhard Haszprunar)

SSS (Jean Mariaux, Reto Nyffeler, Seraina Klopstein)

NOBIS (Dominique Zimmermann, Peter Comes, Helmut Sattmann)

SSA (Bengt Oxelman)

Note : Alessandro Minelli attended for the potential Italian Systematic Society

CLAUDE LÉVI-STRAUSS et la Cladistique

La Société Française de Systématique pourrait légitimement joindre sa voix à toutes celles qui se sont élevées pour rendre hommage à Claude Lévi-Strauss. Pour le faire de manière savante, ou simplement honnête, sans doute serait-il nécessaire d'entreprendre une lecture exhaustive et analytique de ses œuvres maitresses et en extraire les possibles analogies ou contradictions entre sa méthode de mise en évidence de structures et les raisonnements propre à la systématique.

En attendant la réalisation d'un tel travail qui s'impose, signalons que Claude Lévi-Strauss fut, dès 1983, un ardent défenseur des méthodes cladistiques, à une époque où elles recevaient un accueil plutôt critique de bien des biologistes et où elles restaient ignorée de la plupart des spécialistes en sciences humaines...

Dans l'extrait suivant, tiré de son article intitulé « Histoire et Ethnologie » paru dans la revue « Annales – Économies, Sociétés, Civilisations » (1983, 38(6) : 1217–1231) accessible en ligne dans sa totalité sur le site de Persée (<http://persee.fr>), Claude Lévi-Strauss souligne l'intérêt de pratiquer la méthode cladistique pour des questions de « classification » et de « généalogie ». Il insiste également sur la nécessité d'identifier les caractères dérivés partagés pour faire de l'ethno-histoire mais refuse de

reconstruire une généalogie à partir de caractères primitifs. Cependant, il se démarque clairement des cladistes en ce sens qu'il considère les caractères primitifs partagés comme un témoignage de ces invariants culturels dont il a recherché obstinément la trace.

Pierre DARLU

« Les sciences humaines s'intéresseraient avec profit à des problèmes qui se posent actuellement aux sciences naturelles, non en vue d'embrayer, si j'ose dire, les conduites culturelles des hommes sur leur nature animale à la façon des sociobiologistes, mais parce que les discussions en cours soulèvent des questions d'une portée philosophique concernant les rapports entre la notion de classification et celle de généalogie. »

Il est remarquable que cette nouvelle systématique des espèces vivantes ou disparues, dénommée cladistique, puisse être interprétée, alternativement et parfois simultanément, comme une méthode pour déterminer un ordre de succession dans le temps d'espèces plus ou moins directement apparentées, ou bien comme une typologie indifférente à la recherche des souches. Dans ce dernier cas, la formulation de procédures rigoureuses pour définir des grou-

pes, établir entre eux un ordre hiérarchique, des relations d'emboîtement et d'inclusion, offrirait une valeur heuristique non seulement en biologie, mais dans tout champ d'étude où l'on observe des relations comparables à des homologues.

Quelles leçons nos disciplines peuvent-elles donc tirer de la cladistique ? J'en aperçois au moins deux.

En premier lieu, la cladistique part du principe que la présence, dans deux espèces, de caractères primitifs communs n'implique pas qu'elles soient proches parentes. La possession commune de cinq doigts n'autorise pas à rapprocher l'homme de la tortue et de la salamandre. Il s'agit d'un caractère primitif que posséderont probablement tous les vertébrés terrestres ; quelques espèces l'ont conservé, d'autres l'ont perdu : tel le cheval dont, malgré son doigt unique, l'homme est plus proche que de n'importe quel batracien ou reptile.

Le principe vaut pour les sciences humaines. Ainsi, un ethnologue n'aurait pas le droit de rapprocher sur un arbre généalogique des sociétés qui pratiquent l'échange des sœurs. Cette forme très rudimentaire d'échange matrimonial, si elle n'est pas expressément prohibée, peut apparaître ou réapparaître dans n'importe quelle société, de la plus « primitive » à la plus « civilisée » ; on l'observe à l'occasion dans la nôtre. De même pour le mariage des cousins, dont Françoise Zonabend a montré qu'il refait son apparition à la campagne, dans la France contemporaine. Les communications rendues plus faciles grâce à l'automobile réintègrent dans le cercle des connaissances des collatéraux qui s'étaient perdus de vue depuis longtemps. La vieille politique matrimoniale qui voulait que « les mariages se renchaînent » retrouve ainsi une vitalité. Mais cela n'autorise pas à faire de la société rurale française une proche parente des Nambikwara.

En revanche, la cladistique se fonde sur la présence de caractères évolués communs pour rapprocher sur un même arbre des espèces très différentes par l'anatomie, la physiologie, le comportement biologique ou l'adaptation au milieu. Les oiseaux seront placés plus près des crocodiles que des animaux au sang chaud ; le phoque, plus près de la belette et de la loutre, l'otarie, plus près du chien et de l'ours, qu'en dépit de ressemblances superficielles qui les faisaient classer ensemble comme Pinnipèdes, ces deux animaux ne sont près l'un de l'autre. De même, enfin, le gorille et le chimpanzé sont plus proches de l'homme que de l'orang-outang, de sorte que la catégorie dite des

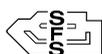
« grands singes » n'a plus de place dans la nomenclature.

L'ancienne systématique répertoriait les espèces actuelles ou fossiles afin de les ordonner toutes en série évolutive. Elle voyait en chacune un prédécesseur direct ou un témoin survivant d'une autre espèce, concevant donc les rapports entre espèces sur le modèle de celui entre ancêtre et descendant. À cette optique généalogique, la cladistique substitue une optique des relations collatérales : elle dispose les espèces dans des rapports de fraternité ou de cousinage. Or, mettre toutes les espèces, actuelles ou fossiles, sur le même rang - ce qu'à leur façon, pour les sociétés, font aussi les ethnologues - dispense d'assigner le rôle d'ancêtre commun à aucune : dans un cladogramme, il n'y a pas de place obligée pour des espèces ancestrales ; elles deviennent des conditions qu'on pose a posteriori si l'on tient absolument à lire une généalogie derrière une classification.

Toutefois, une difficulté résulte de la multiplicité des critères entre lesquels il faut choisir pour constituer les espèces en fratries. Retiendra-t-on les traits morphologiques, les modes de reproduction, le nombre des chromosomes, les acides nucléiques, les chaînes d'hémoglobine, d'autres encore ? À chaque critère, ou ensemble de critères, correspondront des arbres ou cladogrammes différents. Des préférences subjectives joueront, entre lesquelles le principe d'économie ne permet pas toujours de trancher.

Les tenants de l'analyse structurale se reconnaissent dans cette problématique. Eux aussi rencontrent ce genre de difficultés et sont souvent en butte aux mêmes critiques. Aussi savent-ils gré à la cladistique d'avoir, sur un terrain plus ferme que le leur, ouvert une voie moyenne entre l'ordre de la structure et celui de l'événement. Une systématique bien comprise trace des réseaux figurant des rapports possibles entre ses objets. Elle ne se pose pas la question de savoir lesquels de ces itinéraires furent empruntés, ni même si l'itinéraire vrai, différent de tous ceux qu'on imagine, ne mit pas bout à bout des fragments provenant de plusieurs. Loin de tourner le dos à l'histoire, l'analyse structurale lui soumet une liste de cheminements concevables, entre lesquels l'histoire seule pourra déterminer celui ou ceux effectivement suivis.

Depuis son apparition il y a une quinzaine d'années, la cladistique reste âprement discutée. Je songe d'autant moins à m'immiscer dans ces débats de spécialistes que si l'ethnologue peut adhérer au même programme, il le suivrait à rebours. La cladistique écarte les caractères



dits primitifs ; elle construit ses groupes « frères » en retenant les seuls caractères qu'elle appelle dérivés ou évolués. Nous aussi prenons en considération les caractères évolués des sociétés que nous étudions, mais nous savons qu'on procédant de la sorte, nous faisons de l'ethno-histoire ou, tout simplement, de l'histoire. Notre tâche particulière consiste à repérer, dans des espèces sociales très différentes, la persistance ou la résurgence de propriétés simples, correspondant aux caractères primitifs des cladistes, non pour les écarter, mais pour les retenir. La raison de ce retournement est simple. Les biologistes connaissent les caractères primitifs des espèces vivantes; ils savent, par exemple, qu'observés au niveau moléculaire, les processus physico-chimiques sont partout les mêmes. Moins avancés, nous sommes encore à la

recherche des mécanismes élémentaires qui opèrent à l'identique, quel que soit le degré de complexité de chaque organisation ; et quand nous croyons les atteindre, c'est sur eux que nous concentrons l'attention.

Mais, pas plus que les cladistes, nous n'acceptons qu'à partir de ces caractères primitifs on puisse dresser une généalogie, ni qu'entre les sociétés qui les présentent doive exister une proche parenté. Nous voyons plutôt dans ces caractères autant de manifestations d'un fonds commun à l'ensemble des sociétés humaines, et dont la persistance ou la renaissance sporadique atteste que ce fonds commun, parfois latent, est néanmoins bien réel. »

Claude Lévi-Strauss
(1908-2009)

THÈSES et H.D.R.

□ **L'évolution de la mycohétérotrophie chez les orchidées.**

Mélanie ROY

Thèse de doctorat (Université Montpellier II)

Date de soutenance : 29 mai 2009

Directeur de thèse : Marc-André Sélosse

Les plantes mycohétérotrophes sont non chlorophylliennes et reçoivent leur matière organique de leurs champignons mycorrhiziens (en symbiose avec leurs racines). Chez les orchidées, la mycohétérotrophie est apparu indépendamment 20 fois. Toutes les orchidées chlorophylliennes sont plus ou moins spécifiquement associées à des champignons mycorrhiziens, connus comme saprophytes, tandis que les espèces mycohétérotrophes actuellement connues sont spécifiquement associées à des champignons mycorrhiziens des arbres. Les considérations évolutives sur les changements de partenaires mycorrhiziens liés à la mycohétérotrophie ne sont pour l'instant fondées que sur des orchidées tempérées, alors que la majorité des mycohétérotrophes sont tropicales. Ce travail étudie des genres mycohétérotrophes à la fois tempérés et tropicaux, dans deux sous-tribus, les Nerviliées (*Epipogium*) et les Neottiées (*Cephalanthera* et *Aphyllorchis*), afin de déterminer l'identité, l'écologie et la spécificité de leurs partenaires mycorrhiziens dans un même contexte phylogénétique. Tandis que les

Nerviliées n'ont pas les mêmes partenaires selon la latitude, les Neottiées tropicales ont des hôtes similaires aux Neottiées tempérées. Cependant, les Neottiées tropicales révèlent des associations non spécifiques, fait nouveau pour les mycohétérotrophes, qui souligne un fonctionnement différent de la mycohétérotrophie dans ces écosystèmes. Par ailleurs, les Neottiées présentent des espèces chlorophylliennes où apparaissent ponctuellement des individus complètement albinos et viables, sans doutes mycohétérotrophes. Ce travail montre que ce phénomène est rare et contre-sélectionné : leur budget carboné réduit, la physiologie de leurs feuilles, et leur absence de pigments les rendent plus sensibles au stress hydrique, aux pathogènes et aux herbivores, et diminuent leur capacité à former des fruits. La comparaison de la valeur sélective des albinos et des individus chlorophylliens dans deux environnements différents souligne que les environnements sombres et humides sont plus favorables à la fixation de la mycohétérotrophie. Ce travail permet non seulement de mieux connaître l'écologie de ces orchidées forestières chlorophylliennes mais aussi de mieux comprendre l'évolution des mycohétérotrophes en relation avec leurs champignons mycorrhiziens et selon les régions climatiques.

□ **Étude cytogénétique et moléculaire de *Bos frontalis*, *Muntiacus vuquangensis***



et *Pseudoryx nghetinhensis* (Mammalia, Ruminantia) de la Cordillère Annamitique : implications pour leur conservation.

Trung Thanh NGUYEN

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 29 septembre 2009

Directeur de thèse : Vitaly Volobouev

La cordillère annamitique est un massif montagneux situé en Asie du Sud-Est, au Laos, Vietnam et Cambodge. Les oscillations climatiques au cours du Plio-pléistocène ont eu pour conséquence la formation de refuges isolés, les Annamites présentent une biodiversité particulièrement riche et sont largement reconnus comme un des centres d'endémisme pour les plantes et les animaux en Indochine. Depuis la fin des années 1990, les découvertes et les redécouvertes d'une série de grands mammifères et de vertébrés dans les Annamites ont souligné l'importance considérable de cette région pour la conservation de la biodiversité. Cependant, ces populations de grands mammifères, particulièrement celles de ruminant, diminuent radicalement, principalement en raison de la surexploitation de la forêt et donc de la destruction de l'habitat. L'isolement de petites populations dans les habitats fragmentés augmentera le risque d'extinction d'espèces. À l'heure actuelle, toutes les données disponibles, bien que fragmentaires, soulignent la nécessité d'élaborer de manière urgente des stratégies de conservation spécifiques et des plans de gestion appropriés. Dans ce contexte, notre étude a été conduite avec l'objectif de fournir des informations génétiques et cytogénétiques, non disponibles jusqu'à présent pour la plupart des espèces de la chaîne Annamitique, afin d'aider à la réalisation de projets de conservation. Nous avons choisi d'étudier trois espèces de ruminants fortement menacées : le saola (*Pseudoryx nghetinhensis*), le muntjac géant (*Muntiacus vuquangensis*) et le gaur (*Bos frontalis*). L'utilisation des approches cytogénétiques et moléculaires nous ont permis de parvenir à une meilleure compréhension de leurs affinités phylogénétiques, de leurs profils d'évolution chromosomique, et de diversité génétique de la population dans le cas du gaur *B. frontalis*. Une partie du travail a été consacrée à l'analyse des anomalies chromosomiques au cours du développement *in vitro* des embryons saola obtenus par transfert nucléaire de noyaux somatiques (SCNT).

La carte cytogénétique du Saola a été réalisée par différents types de marquages chromosomiques G et C et Ag-NOR, ainsi que par hybridation fluorescente *in situ* - FISH - avec des sondes télémétriques et 28S. Ces données ont été comparées à celles de 16 autres taxons afin de déterminer la position phylogénétique du Saola au sein de la famille des Bovidae. Contrairement aux études moléculaires précédentes, nos résultats suggèrent que le Saola appartient à la sous-tribu des Bubalina, qui contient aussi les genres *Bubalus* et *Syncerus*.

Le caryotype du muntjac géant (*M. vuquangensis*) a été caractérisé et comparé à 6 autres espèces de la tribu des Muntiacini. L'analyse phylogénétique des données cytogénétiques, en accord avec l'analyse des séquences du génome mitochondrial complet, nous a permis de mettre en évidence l'étroite parenté entre *M. vuquangensis* et *M. reevesi* (muntjac de Chine). Par ailleurs, les résultats révèlent des taux de remaniements cytogénétiques très variables au sein du genre *Muntiacus*, ce qui suggère fortement que la spéciation au sein du clade du muntjac indien *M. muntjak* a eu lieu par des réarrangements chromosomiques sous-dominants.

Une analyse utilisant 130 marqueurs microsattellites a été réalisée sur le gaur sauvage (*Bos frontalis*) afin d'évaluer la diversité génétique de la population présente au Vietnam. Les résultats indiquent une forte portion d'individus homozygotes dans la population, menant à un coefficient de consanguinité positif. Les résultats de cette étude suggèrent un besoin urgent pour une analyse plus détaillée de la diversité génétique des populations de gaur ainsi que pour l'élaboration d'une stratégie de gestion de ces populations.

En conclusion, les résultats cytogénétiques et moléculaires obtenus au cours de ce travail nous ont permis de dégager des grandes lignes directrices pour les politiques de conservation, non seulement pour les trois espèces étudiées mais également pour la conservation *ex situ* des autres espèces menacées ou en voie d'extinction de la cordillère Annamitique.

□ Phylogénie et biogéographie des morphotypes du complexe Laurencia (Ceramiales, Rhodophyta).

Julie MARTIN-LESCANNE

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 16 octobre 2009

Directeur de thèse : Bruno de Reviers

Au sein des Rhodomelaceae, le complexe *Laurencia* contient actuellement plus de 200 espèces très largement distribuées dans le monde et il présente un intérêt écologique mais aussi économique. Il a subi de nombreux remaniements taxonomiques essentiellement basés sur des caractères morpho-anatomiques. Une révision systématique incluant les résultats de phylogénies moléculaires, apparaissait nécessaire, tant pour évaluer la diversité spécifique que pour résoudre les relations phylogénétiques.

Dans le cadre de cette thèse, l'histoire taxonomique compliquée du complexe *Laurencia* a été synthétisée et les résultats des analyses phylogénétiques ont permis de contribuer à l'établissement d'une nouvelle classification. Nos analyses moléculaires, basées sur les séquences de trois marqueurs (rbcL, espaceur de la RubisCO et CO1) et sur un échantillonnage taxonomique représentatif des genres du complexe, nous ont permis de caractériser jusqu'à huit groupes monophylétiques, bien soutenus et présentant une divergence génétique similaire. Quatre de ces groupes correspondent aux quatre genres jusqu'alors reconnus : *Osmundea*, *Chondrophycus*, *Laurencia* et *Palisada*. En ce qui concerne les quatre autres groupes, la première lignée est constituée par des spécimens identifiés comme *Palisada poiteaui*, l'espèce type du sous-genre *Yuzurua*. La conclusion logique a donc été de proposer l'élévation de ce sous-genre au rang de genre. Une deuxième lignée est constituée par des spécimens de *Laurencia flexilis* et un nouveau genre, *Ohelopapa*, a été proposé afin d'accommoder cette espèce. La troisième lignée est constituée par des spécimens de *L. marilzae* provenant des Canaries et d'un spécimen non encore identifié provenant de Méditerranée. Le nom provisoire « groupe Marilzae » a été proposé pour ce taxon. Enfin, la quatrième lignée est constituée de deux spécimens de Méditerranée récoltés à Banyuls et dont malheureusement l'identification n'a pu être réalisée sur le matériel d'herbier. Avant de pouvoir proposer deux nouveaux genres pour le groupe Marilzae et celui de Banyuls, il sera nécessaire de compléter l'étude morpho-anatomique par l'observation de spécimens frais et fertiles. En outre, notre étude s'est focalisée sur l'estimation de la biodiversité en Nouvelle-Calédonie, au moyen du « code barre ADN », et a conduit à quadrupler le nombre d'espèces présentes.

Si la présente étude n'a pas permis de démêler définitivement tous les liens de parenté

au sein du complexe *Laurencia*, elle est suffisamment prometteuse pour permettre de prédire que l'augmentation, à la fois, du nombre de taxons représentatifs, et de nouveaux marqueurs génétiques, permettra sans nul doute d'atteindre cet objectif. Par ailleurs, les résultats de notre étude sur la diversité spécifique laissent présager que seule une étude coordonnée à l'échelle internationale, mettant en œuvre un échantillonnage intensif couplé à des méthodes de taxonomie moléculaire standardisées permettrait de mieux délimiter les frontières spécifiques et révélerait probablement une diversité spécifique bien supérieure à celle actuellement reconnue au sein du complexe.

□ Étude morpho-fonctionnelle de la main des dinosaures sauropodomorphes : implications évolutives et apport de l'analyse en éléments finis.

Florent GOUSSARD

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 22 octobre 2009

Directeur de thèse : Philippe Taquet

Une étude du carpe des tétrapodes actuels et fossiles est entreprise et débouche sur un scénario évolutif en trois étapes impliquant une réduction de la condition primitive à quatre centrale du temnospondyle *Eryops* en une structure à un centralia unique chez les Sauria (Crocodylia+Saurischia). A la lumière de ces données, une révision du registre fossile des Sauropodomorpha aboutit à la réinterprétation du carpe de nombreux taxons. La redécouverte du spécimen de Manary-Abo (Madagascar) cf. *Lapparentosaurus madagascariensis* dans les collections du Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris est notamment l'occasion de redécrire la première occurrence d'un carpe à trois rangées chez un sauropode. Replacées dans un contexte évolutif, l'ensemble des réinterprétations présentées dans ce travail permettent de mettre en évidence une tendance à la réduction du poignet depuis les Prosauropoda jusqu'aux Titanosauria. Trois hypothèses sont proposées pour expliquer ce phénomène : taphonomique (biais de préservation, d'identification), ontogénétique (biais d'ossification) et fonctionnelle (réduction de la mobilité de l'autopode en lien avec le support du poids).

La première étude fonctionnelle détaillée de l'autopode des sauropodomorphes est également proposée. Une analyse en éléments finis de l'arrangement métacarpien du prosauropode

Plateosaurus, du Gravisauria basal *Tazoudasaurus* et de l'eusauropode de Manary-Abo cf. *Lapparentosaurus madagascariensis* est réalisée. Pour la première fois sont mises en évidence les conséquences fonctionnelles de l'arrangement métacarpien semi-tubulaire caractéristique des sauropodes dérivés. Ces résultats confirment l'hypothèse d'une structure entaxonique de la main, au moins chez *Lapparentosaurus madagascariensis*, et sont confrontés au registre paléochronologique. L'étude d'une série de croissance partielle du métacarpien IV de ce taxon suggère également une relation étroite entre l'ontogénie et la mise en place de l'arrangement métacarpien semi-tubulaire. Les résultats obtenus selon le même protocole chez *Plateosaurus* et *Tazoudasaurus* permettent quant à eux de préciser les conséquences fonctionnelles du passage d'une posture quadrupède facultative à quadrupède obligatoire.

Finalement, l'ensemble des résultats obtenus sur le carpe et l'arrangement métacarpien des sauropodomorphes permet de préciser les modalités fonctionnelles de mise en place de la transition posturale observée dans ce groupe. Une nouvelle définition est également proposée concernant le terme de « graviporteur », basée sur le réexamen de la séquence d'apparition des caractères morphologiques liés au support du poids.

□ Analyse intra-cerne de quelques espèces d'arbres : paramètres individuels, spécifiques et climatiques.

Anaïs BOURA

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 23 octobre 2009

Directeur de thèse : Dario de Franceschi

Le bois est un excellent indicateur de l'environnement dans lequel l'arbre a poussé. Chez la plupart des espèces, l'activité cambiale n'est pas constante au cours de l'année et les structures anatomiques, tels les cernes d'accroissement, enregistrent lors de leur mise en place les événements physiques et météorologiques. Cette étude, à l'interface de plusieurs disciplines, est centrée sur l'étude de la variabilité inter- et intra-spécifique du bois et la recherche de nouveaux marqueurs - climatiques et environnementaux - enregistrés au cœur de sa structure anatomique. La taille de la fenêtre temporelle durant laquelle l'environnement influence le bois a été explorée chez trois espèces tempérées (*Castanea sativa*, *Fagus sylvatica*

et *Corylus avellana*). Les résultats confirment l'existence de différents patterns de formation du bois liés, au moins en partie, aux grands types de porosité du bois. Au delà des différences causées par la variabilité intraspécifique et l'éloignement géographique entre les stations d'échantillonnage, plusieurs décalages entre activité cambiale et phénologie ont pu être mis en évidence. Dix sept caractères anatomiques du bois ont, par la suite été mesurés, sur 1358 cernes prélevés sur cinq espèces (*Alnus glutinosa*, *Castanea sativa*, *Fagus sylvatica*, *Prunus avium* et *Pinus sylvestris*), principalement le long d'un gradient géographique du nord de l'Espagne au nord de la France. Cet important jeu de données, basé sur deux groupes de variables liées respectivement à la productivité et à la porosité, a permis de mettre en évidence des effets « stations », « arbres » et dans une moindre mesure un effet « années » sur la variabilité anatomique du bois. Des analyses statistiques ont, par la suite, permis de proposer des scénarios de réponse aux événements météorologiques et au climat global pour les différentes espèces. Les variations inter et intraspécifique du bois au sein du groupe des Dombeyoideae (*Dombeya*, *Ruizia*, *Trochetia*) des Mascareignes ont fait l'objet d'un deuxième volet de ce travail. Des biais, liés à d'autres facteurs environnementaux et biologiques, dans l'interprétation de la relation bois/climat ont été soulignés en milieu tempéré comme en milieu tropical. Enfin, ces derniers résultats, ont, pu être mis à profit dans le ré-examen de matériel fossile de *Castanoxylon* dans un essai de reconstruction paléo-climatique et paléo-environnementale.

□ Co-évolution des Nématodes parasites et de leurs hôte Caméléons : exemple des *Rhabdias pulmonaires* (*Rhabdiasidae*).

Nathaly LHERMITTE-VALLARINO

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 23 octobre 2009

Directeurs de thèse : Odile Bain et Ivan Ineich

Les *Rhabdias* (*Rhabdiasidae*) constituent un groupe parasitaire primitif de Nématodes (clade IV) caractérisé par la persistance d'une phase libre adulte hétérogonique qui produit des larves infectantes, toutes de sexe femelle. Chez l'hôte, ces larves atteignent les poumons et deviennent des adultes qui pondent des larves de stade 1, expulsées à l'extérieur par la voie

digestive. Le spectre d'hôtes est limité aux Vertébrés terrestres à sang froid, Lissamphibia et quelques groupes d'Ophidia et Sauria (Squamata); l'aire de répartition comprend l'ensemble des régions tropicales et tempérées. L'étude est centrée sur les *Rhabdias* de Chamaeleonidae, avec les deux questions principales suivantes :
1. Quelle est l'ampleur de la diversité spécifique ?

2. Le groupe monophylétique des Chamaeleonidae a-t-il une seule acquisition historique de *Rhabdias*, suivie d'une évolution uniquement au sein de cette famille ?

Matériel et méthodes. Les matériels proviennent de collectes de terrain, de saisies douanières et des collections du MNHN. Les régions géographiques concernées sont principalement des « hot-spots » de biodiversité : chaîne volcanique du Cameroun (Projet Biodiversité : Iles Forestières Africaines; ANR), Burundi, Tanzanie et Madagascar ; des matériels du Sénégal et du Togo sont aussi examinés. Les analyses ont été morphologiques, biologiques (coprocultures pour obtenir la phase libre du cycle ; examen du contenu des ovaires et oviductes des femelles parasites) et moléculaires (séquençage des gènes *cox1*, 12S ADNr et 28S ADNr).

Les données acquises et leurs analyses.

1. En 2004, pour plus de 150 espèces de Chamaeleonidae, deux espèces de *Rhabdias* étaient décrites, respectivement en 1916 et 1961 : *R. chamaeleonis* en Afrique de l'Est et *R. gemellipara* à Madagascar. Actuellement, douze espèces supplémentaires ont été décrites, cinq en Afrique de l'Est, trois au Cameroun, et cinq à Madagascar. Il est montré qu'une des espèces est parthénogénétique alors que chez les autres, une zone particulière des ovaires, située à 250-1200 µm de l'apex, produit des spermatozoïdes durant tout le stade adulte mais de façon intermittente et non synchrone pour les deux ovaires. Les hôtes sont les Caméléons du genre *Triceros* et les Caméléons nains des genres *Rhampholeon* et *Rieppeleon*, en Afrique équatoriale, les *Calumma* et le genre primitif *Brookesia* à Madagascar. Aucun *Rhabdias* n'est à présent connu chez *Chamaeleo* spp., qui vit dans des régions moins humides, peu favorable à la survie des larves infectantes. Les caractères morphologiques diagnostics se révèlent nombreux, papilles sensorielles de la tête, bouche, capsule buccale (sa taille varie à peine durant la croissance de l'adulte), œsophage, vésicule cuticulaire du corps, etc. Les analyses moléculaires, réalisées sur quatre espèces africaines et une malgache, confirment les identifications morphologiques. On constate ainsi que (i) le même

Rhabdias peut être hébergé par deux espèces sympatriques de Caméléons ; (ii) une espèce de Caméléon peut être parasitée par deux espèces congénères de *Rhabdias* ; (iii) quatre espèces semblent être vicariantes deux à deux entre le Burundi et le Cameroun et deux perforent les poumons ; (iv) un cas d'espèce cryptique est discuté.

2. Une clé d'identification des *Rhabdias* de Chamaeleonidae est établie.

3. Aux deux espèces parasites d'Anoures qui étaient connues en région éthiopienne, trois parasites de Bufonidae et Arthroleptidae sont ajoutés pour l'Afrique, et un de Mantellidae pour Madagascar. Ces espèces se distinguent des parasites des Chamaeleonidae par les petits diamètres de leur bouche et de la capsule buccale et, en outre, par la larve infectante : extrémité caudale pointue et simple (état plésiomorphe) ou arrondie et avec petites perles chez les Chamaeleonidae (état dérivé).

4. Une analyse cladistique est faite avec 15 espèces de *Rhabdias* d'Ophidiens, Anoures et Chamaeleonidae et trois autres Rhabdiasidae, *Pneumonema*, *Chabirenia* et *Entomelas*, un *Strongyloides* étant l'extra-groupe ; les *Rhabdias* de Chamaeleonidae sont groupés. Les analyses moléculaires donnent des résultats plus complexes, avec une ou deux espèces parasites de Chamaeleonidae placées parmi des parasites d'Anoures.

□ La « pachyostose » des squamates du Crétacé supérieur : implications phylogénétiques, morphofonctionnelles et paléoécologiques.

Alexandra HOUSSAYE

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 24 novembre 2009

Directeur de thèse : Nathalie Bardet

La « pachyostose » est une spécialisation osseuse souvent rencontrée chez les amniotes adaptés secondairement à des environnements aquatiques peu profonds. Le but de cette étude est de décrire sa distribution au sein des squamates et d'inférer des implications morphofonctionnelles, paléoenvironnementales et phylogénétiques pour les formes marines du Crétacé supérieur. L'analyse microanatomique et histologique d'un large échantillon de vertèbres de squamates actuels et fossiles a mis en lumière la complexité de la « pachyostose » et la difficulté à déterminer des critères objectifs pour identifier les différents patrons de cette spéciali-



sation. La synthèse de la distribution de cette spécialisation chez les amniotes secondairement adaptés à une vie aquatique et l'étude de données provenant de la recherche en sciences naturelles et en médecine ont permis de discuter les mécanismes impliqués au niveau cellulaire et le possible déterminisme de cette spécialisation, qui reposerait sur des composantes à la fois génétiques et épigénétiques. Les différents résultats suggèrent que l'utilisation du caractère « pachyostose » devrait être évitée dans de larges analyses phylogénétiques (où il est clairement dépourvu de signification phylogénétique), bien qu'il puisse toujours être utilisé dans des analyses de plus petite échelle (e.g. au sein des squamates). Réciproquement, l'utilisation des caractères microanatomiques est considérée judicieuse dans les descriptions et diagnostics. Cette étude au sein des squamates propose, à partir d'interprétations morphofonctionnelles — et notamment des implications de cette spécialisation dans le contrôle de la flottabilité, de l'assiette corporelle et de la contrainte de Carrier — des hypothèses paléoécologiques relatives au milieu de vie des formes marines du Crétacé supérieur. Tandis que les ophidiomorphes non-ophidiens, les mosasaurioïdes plésio-pelviens et les pachyophiidés montrant de la « pachyostose » sont tenus pour des animaux nageant lentement à de faibles profondeurs dans des environnements marins peu profonds, les ophidiomorphes non-ophidiens dépourvus de cette spécialisation sont considérés comme de lents nageurs de surface. Réciproquement, les mosasaurioïdes hydro-pelviens, qui sont également dépourvus de cette spécialisation, sont considérés comme des nageurs actifs vivant dans des eaux de profondeur variable (selon les taxons).

□ Les microvertébrés du site d'occupation humaine d'El Hahroua 2 (Pléistocène supérieur – holocène, Maroc) : systématique, évolution, taphonomie et paléoécologie.

Emmanuelle STOETZEL

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 26 novembre 2009

Directeur de thèse : Christiane Denys

Les restes de microvertébrés découverts en contexte archéologique peuvent apporter d'importantes informations sur l'évolution de la biodiversité et des paléoenvironnements d'une région, ainsi que sur la mise en place des dé-

pôts archéologiques. Cependant, les études spécifiquement consacrées aux microvertébrés fossiles d'Afrique du Nord sont encore rares, particulièrement en ce qui concerne la fin du Quaternaire. La grotte d'El Harhoura 2 se situe dans la région de Rabat-Témara (Maroc), zone géographique d'intérêt majeur pour la connaissance de la Préhistoire de l'Afrique du Nord. Cette grotte a fait l'objet de plusieurs occupations humaines depuis le début du Pléistocène supérieur jusqu'à l'Holocène moyen, correspondant aux cultures du Paléolithique moyen (Atérien), supérieur (Ibéromaurusien) et du Néolithique. Ce site a également livré une abondante microfaune, ce qui nous a permis de réaliser la première étude considérant à la fois les Rongeurs, les Insectivores, les Amphibiens et les Reptiles avec une triple approche systématique, taphonomique et paléoécologique pour un site archéologique maghrébin. Une trentaine d'espèces ont été déterminées (au moins 10 Micromammifères, 6 Amphibiens et 13 Reptiles) à partir d'un matériel constitué de plus de 35 000 ossements déterminables. L'analyse taphonomique montre que la principale cause d'accumulation des os de microvertébrés est la prédation (avec l'intervention de plusieurs types de prédateurs tout au long de la stratigraphie), et qu'aucun transport par l'eau n'est intervenu. Les dépôts semblent peu perturbés, si ce n'est par des bioturbations localisées (racines, terriers), et les biais taphonomiques apparaissent faibles. Nous avons ainsi tenté des reconstitutions paléoenvironnementales à l'aide de plusieurs indices paléoécologiques. Les microfaunes d'El Harhoura 2 ont enregistré une alternance de phases arides et humides au cours du Pléistocène supérieur et de l'Holocène, accompagnée d'une ouverture/fermeture du milieu, et d'une réduction/extension des points d'eau à proximité du site. Certaines limites dans nos résultats et interprétations, principalement dues à un manque de référentiels taxonomiques, écologiques et taphonomiques pour l'Afrique du Nord, sont également discutées.

□ Phylogénie des Corallinales (Rhodophyta) et analyse de leur diversité génétique dans le Pacifique Sud.

Lucie BITTNER

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 1 décembre 2009

Directeurs de thèse : Claude Payri et Bruno de Reviers

Les Corallinales, algues rouges calcifiées, sont avec les coraux hermatypiques, des organismes fondateurs de l'écosystème corallien. Leur abondance et leur large répartition écologique et géographique en font un groupe d'intérêt particulier dans l'étude des milieux actuels et dans la reconstitution des paléo-environnements. Toutefois, leur étude est limitée par une alpha-taxonomie difficile et des techniques d'histologie lourdes. L'objectif de cette thèse a donc été de développer des outils moléculaires, d'une part pour réaliser des phylogénies moléculaires multi-marqueurs permettant de réévaluer les caractères morphologiques dans un contexte évolutif reposant sur des hypothèses testables, et d'autre part pour délimiter des « espèces » par la désignation d'unités évolutives distinctes grâce à l'analyse de la diversité génétique d'un marqueur moléculaire, comme habituellement proposé dans les études de type code barre. Ces études ont bénéficié d'un large échantillonnage de Corallinales du Pacifique Sud (Vanuatu, îles Fidji, Polynésie Française (Mooréa) et Nouvelle-Calédonie).

Dans une première partie, les résultats ont permis de redéfinir les frontières des Corallinales au sein des Corallinophycidae (Corallinales et Rhodogorgonales) à l'aide de séquences nucléaires (SSU, LSU, EF2). L'ordre des Sporolithales a été créé pour la famille des Sporolithaceae, constituant une troisième lignée au sein des Corallinophycidae, caractérisée par des tétraspores cruciées. Les relations phylogénétiques au sein des Corallinales ont ensuite été réévaluées à l'aide de quatre marqueurs moléculaires (SSU, LSU, CO1, psbA). La monophylie des deux familles actuellement reconnues au sein des Corallinales, les Corallinaceae et les Hapalidiaceae, a été confirmée, de même que la monophylie de trois des quatre sous-familles reconnues au sein des Corallinaceae (les Corallinoideae, les Lithophylloideae et les Metagoniolithoideae). La quatrième sous-famille de Corallinaceae en revanche, les Mastophoroideae, est apparue formée de quatre lignées distinctes. Pour établir la monophylie des Mastophoroideae, celle-ci a été restreinte aux genres *Mastophora*, *Metamastophora*, et, peut-être *Lithoporella*. Le genre *Hydrolithon* est aussi apparu non monophylétique, constitué d'une lignée contenant l'espèce type du genre, *H. reinboldii* et d'une autre lignée comprenant *H. onkodes* qui était auparavant l'espèce type du genre *Porolithon*. Le genre *Porolithon* a été rétabli, et il comprend des corallines au thalle monomère ayant des trichocytes disposées en rangées horizontales. De plus, les analyses phylogéni-

ques réalisées dans cette étude révèlent de la diversité cryptique chez plusieurs taxons, en particulier les genres *Mesophyllum* et *Neogoniolithon*.

Dans la deuxième partie, un grand nombre de Corallinales a été analysé (le nombre de Corallinales récoltées au cours de cette thèse s'élève à plus de 830 spécimens) dans l'optique d'essayer de trouver une méthode fiable pour évaluer la diversité réelle. Ces aspects sont essentiels pour la gestion et la conservation des écosystèmes. Deux marqueurs (la partie du gène CO1 traditionnellement recommandée comme code barre ADN et le gène psbA) ont été amplifiés et séquencés puis des méthodes de délimitation d'unités évolutives génétiques ont été utilisées afin d'estimer le nombre d'espèces de l'ensemble de notre échantillonnage. Deux méthodes publiées ont été utilisées, ainsi que deux méthodes supplémentaires, développées dans le cadre de cette thèse. En outre, des jeux de données simulées, ainsi que d'autres jeux de données d'algues rouges disponibles sur GenBank ont été étudiés. Le nombre de d'unités évolutives désignées varie en fonction de la méthode utilisée, en fonction du marqueur moléculaire étudié, et en fonction de la localité échantillonnée. Dans les rares cas où le même nombre d'unités évolutives est trouvé aussi bien avec le marqueur CO1 qu'avec le marqueur psbA, seuls 27,5% de ces unités présentent une composition identique. Ces résultats révèlent des propriétés de coalescence différentes entre le génome plastidial et le génome mitochondrial chez les Corallinales et posent le problème du choix arbitraire du marqueur lors d'une étude exploratoire de délimitation d'unités évolutives. De plus, une incongruence forte a été détectée entre les arbres de CO1 et de psbA, suggérant ainsi un événement d'hybridation ou de recombinaison. Des analyses supplémentaires ont montré que sur les histogrammes de fréquence de diversité génétique il semble possible de délimiter des unités évolutives distinctes à une échelle locale, mais qu'il ne s'agit que d'un artefact d'échantillonnage. Enfin, nos données mettent en évidence la capacité de dispersion sur de longues distances des Corallinales dans le Pacifique Sud (à plus de 6 300 kilomètres de distance, entre les îles Fidji et les Philippines).

Ce manuscrit de thèse s'achève par une réflexion générale sur la démarche des taxinomistes lors de leur exploration de la biodiversité en fonction des concepts espèces qu'ils emploient. De nouvelles perspectives de travail sont proposées pour les futures études sur les



Corallinales, incluant notamment des efforts particuliers de recherche sur les processus évolutifs à l'origine de la diversité de cette lignée.

▣ Variabilité morphologique et génétique des *Macrobrachium* (Crustacea, Decapoda, Palaemonidae) de l'Indo-ouest Pacifique : évolution des peuplements et applications à la gestion.

Gabrielle ZIMMERMAN

Thèse de doctorat (M.N.H.N.)

Date de soutenance : 4 décembre 2009

Directeur de thèse : Philippe Keith

Les eaux douces des milieux insulaires de l'Indo-ouest Pacifique hébergent des organismes amphihalins dont le cycle vital amphidrome est adapté aux conditions de ces milieux. Parmi eux, les crustacés décapodes du genre *Macrobrachium* comptent plus de 200 espèces réparties dans toute la zone intertropicale. Très sensibles à la qualité des eaux douces et à la surpêche, bon nombre de ces espèces sont aujourd'hui menacées. Rien n'est encore connu quant à leur variabilité morphologique, l'histoire évolutive de leur radiation, la structuration de leurs populations naturelles et leurs modalités de dispersion. Ces étapes constituent pourtant un pré-requis indispensable à la mise en place de mesures de gestion et de protection de ces organismes fragiles. Cette thèse a pour objectif d'explorer ces différents domaines.

Dans un premier temps, la variabilité morphologique et génétique des populations réunionnaises de *Macrobrachium* australe est explorée. Une forte relation entre la forme de cette espèce et son environnement est révélée, éventuellement due à un phénomène de plasticité phénotypique. Une seconde partie fait l'objet d'une étude de l'histoire évolutive des espèces de *Macrobrachium* de l'océan Indien et de l'ouest de l'océan Pacifique. Pour cela, des méthodes de phylogénie moléculaire sont mises en œuvre, basées sur le marqueur nucléaire 18S et le marqueur mitochondrial COI. Les résultats ont, entre autres, permis de révéler l'existence d'une espèce cryptique au sein de *Macrobrachium* australe. Dans un troisième chapitre, la structuration des populations de *M. australe* et *M. lar* entre certaines îles de l'océan Indien et de l'océan Pacifique est étudiée, afin de mettre en évidence leurs éventuels échanges larvaires. Les modalités de la phase marine sont également considérées ainsi que la dimension spatio-temporelle du retour en rivière des post-larves.

Une synthèse des connaissances obtenue dans chacun de ces chapitres est enfin proposée, intégrant leurs applications à la gestion et les perspectives envisagées.

▣ Impact de la sélection sur l'expression et la variabilité de séquence de gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes chez la carotte cultivée.

Jérémy CLOTAULT

Thèse de doctorat (Université d'Angers)

Date de soutenance : 8 décembre 2009

Directeur de thèse : Didier Peltier

La domestication puis la sélection de la carotte a abouti à une diversité de couleur des types variétaux cultivés associée à une grande variabilité de la teneur en caroténoïdes dans la racine. Les gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes sont donc susceptibles d'être impliqués dans les différences de teneur en caroténoïdes chez la carotte et d'avoir été la cible de la sélection au cours de l'amélioration variétale.

Les objectifs de cette thèse sont (i) de connaître le rôle des variations transcriptionnelles des gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes dans l'accumulation de caroténoïdes au cours du développement de racines de différentes couleurs, et (ii) de déterminer l'impact de la sélection et de l'histoire démographique de l'espèce, notamment la structuration génétique, sur la variabilité de séquence des gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes chez la carotte cultivée.

Le niveau de transcrits racinaires de huit gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes (PSY1, PSY2, PDS, ZDS1, ZDS2, LCYB1, LCYE, ZEP) a été mesuré par RT-PCR quantitative au cours du développement pour quatre cultivars à racine blanche, jaune, orange et rose. Le polymorphisme de portions de séquence de sept gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes (IPI, PDS, CRTISO, LCYB1, LCYE, CHXE, ZEP) et de trois séquences anonymes ainsi que le génotype de 17 microsatellites ont été obtenus pour 48 individus maximisant la diversité de la carotte cultivée.

Les gènes étudiés sont exprimés précocement au cours du développement de la racine de carotte et le niveau de transcrits s'accroît au fur et à mesure, en parallèle de l'accumulation des caroténoïdes. Les profils d'expression de ces gènes sont peu différents entre les types colorés, ne permettant pas d'expliquer l'accumulation différentielle de certains caroténoïdes. Les

gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes étudiés montrent une diversité nucléotidique élevée (1 SNP tous les 22 pb) mais présentent une absence de décroissance du déséquilibre de liaison sur 700-1000 pb. Le polymorphisme des gènes et des microsatellites montre une différenciation entre les individus issus de l'Occident et de l'Orient. Les gènes CRTISO, LCYE et LCYB1 présentent un excès de polymorphisme à l'échelle de l'espèce, ce qui suggère une sélection diversifiante. PDS présente un déficit de polymorphisme, ce qui suggère une sélection directionnelle ou négative. Les gènes LCYE et CHXE pourraient avoir subi un balayage sélectif lors de la sélection des types cultivés de couleur rose et orange, respectivement. Les gènes en fin de voie métabolique ont un taux d'évolution plus rapide que les gènes en début de voie, ce qui pourrait indiquer des différences de contrainte, selon la position des gènes le long de la voie.

L'ensemble de ces résultats montre que les variations alléliques, davantage que l'expression des gènes de la voie de biosynthèse des caroténoïdes, permettraient d'expliquer le déterminisme de la teneur en caroténoïdes chez la carotte. Les signatures de sélection mises en évidence seront validées par des approches de génétique d'association, à raisonner en fonction des résultats présentés sur la structuration de la diversité génétique et l'étendue du déséquilibre de liaison.

□ Détermination des répertoires d'effecteurs de type III chez *Xanthomonas* spp. et analyse de leur rôle dans la spécificité d'hôte.

Ahmed HAJRI

Thèse de doctorat (Université d'Angers)

Date de soutenance : 15 décembre 2009

Directeur de thèse : Charles Manceau

Le genre *Xanthomonas* est constitué de 27 espèces bactériennes toutes associées aux plantes. Chez les *Xanthomonas*, comme chez de nombreuses bactéries phytopathogènes, l'adaptation à l'hôte est très étroite et est dési-

gnée sous le terme « pathovar ». Un pathovar regroupe les souches responsables d'un même type de symptômes sur une même gamme d'hôtes. Notre hypothèse de base est que la spécificité d'hôte résulte de la confrontation entre un répertoire de gènes de colonisation de la bactérie et un répertoire de gènes de défense de la plante. Les gènes bactériens candidats sont les gènes codant les effecteurs de type III (ET3s) puisqu'ils peuvent élargir la gamme d'hôte des souches en supprimant les défenses de la plante, ou bien la restreindre lorsqu'ils sont reconnus par la plante.

Pour tester notre hypothèse, nous avons tout d'abord déterminé les répertoires d'ET3s chez une collection de 132 souches de *X. axonopodis* représentatives de la diversité de 18 pathovars. Les résultats obtenus montrent que les répertoires d'ET3s combinent des ET3s ubiquistes et des ET3s variables qui ont probablement des rôles et des histoires évolutives différentes. Nos travaux ont permis de montrer l'existence d'une corrélation entre les répertoires d'ET3s et la structuration des souches en pathovars chez *X. axonopodis*. Chez les pathovars polyphylétiques, nos résultats suggèrent que les répertoires d'ET3s pourraient expliquer une convergence pathologique de souches éloignées phylogénétiquement. L'étude de la variabilité allélique de certains ET3s a permis d'identifier plusieurs réarrangements génétiques au sein de ces ET3s dont certains corrèlent avec la spécificité d'hôte des souches. Les analyses effectuées à partir de souches de *X. campestris*, *X. citris* et *X. oryzae* ont permis de confirmer les résultats obtenus chez *X. axonopodis*. Nos résultats supportent l'hypothèse « répertoire pour répertoire » comme base moléculaire de la spécificité d'hôte. Ces travaux fournissent des bases précieuses pour des analyses fonctionnelles pour mieux appréhender le rôle des ET3s dans la spécificité d'hôte des bactéries phytopathogènes.

Enfin, la caractérisation des répertoires d'ET3s chez les *Xanthomonas* a été exploitée pour mettre au point un nouvel outil moléculaire de détection, des souches de *X. axonopodis* pv. *phaseoli*.



VIENT DE PARAÎTRE

**□ COMPARATIVE BIOGEOGRAPHY.
Discovering and Classifying Biogeographical Patterns of a Dynamic Earth**

**Lynne R. PARENTI & Malte C. EBACH,
University of California Press, 312 p.,
2009, 31,34 euros.**

Il y a des disciplines qui sont intrinsèquement complexes, et la biogéographie en fait partie. D'abord, parce qu'elle n'a pas d'objets concrets en biogéographie. Il est donc impossible d'arbitrer des conflits entre différentes hypothèses en se référant à des simples observations, la source des hypothèses biogéographiques étant elle-même constituée d'hypothèses taxonomiques (phylogénétiques) et géographiques (distributions de taxons). Aussi, parce que c'est probablement la seule discipline scientifique qui ne dispose pas de laboratoires ou départements dédiés, ni de chercheurs qui se définissent uniquement comme des biogéographes. Finalement, parce qu'elle présente une diversité particulièrement étoffée d'approches diverses et souvent incompatibles en ce qui concerne les méthodes d'analyses mais aussi dans les buts à atteindre. Parenti et Ebach remarquent que, si on demande à un taxonomiste quels sont ses objets d'étude, il dira des spécimens et des taxons ; un systématicien répondra des clades (des groupes monophylétiques du moins) ; un biogéographe devrait répondre des aires... or il peut répondre des taxons, des processus, etc.

La tâche que Lynne Parenti et Malte Ebach se sont proposés d'accomplir avec leur « Comparative Biogeography » est d'autant plus compliquée qu'ils ont voulu faire une présentation de la biogéographie simple, accessible à des débutants, sans renoncer à défendre leurs propres points de vue. Ce qui revient à montrer leur désaccord avec une bonne proportion de ce qui se fait en biogéographie sans aller dans des discussions trop techniques ou théoriques.

Le livre est beau, très bien édité et joliment illustré. Il est divisé en trois parties, composées de chapitres commençant par un plan et comportant à la fin une liste des idées traitées et une bibliographie spécifique. Ces chapitres sont

assez indépendants, ils peuvent être consultés sans qu'il soit nécessaire de lire le livre du début jusqu'à la fin pour en comprendre un aspect.

La première partie est consacrée à l'histoire des idées et à la définition des concepts clés de la discipline. Ces sujets sont traités de manière très informelle.

La deuxième partie fait une présentation sommaire des méthodes courantes en biogéographie. Il commence par une discussion sur les processus responsables du pattern biogéographique et sur les exigences de certaines méthodes par rapport à ces processus. Les auteurs défendent une différence fondamentale entre les arbres d'aires/taxons et les aréogrammes (que je trouve personnellement curieuse), avant de présenter un bon échantillonnage de méthodes couramment utilisées en biogéographie. Ils défendent l'analyse cladistique dans sa version à trois éléments (que, personnellement, je trouve être un très bon choix !).

La troisième partie présente les apports à la biogéographie de la géologie mais aussi ses limites. Suit une application concrète à la biogéographie du sud-est asiatique. On critique souvent aux approches nouvelles ou minoritaires l'absence d'exemples concrets d'application. En voici un qui permet aux auteurs de discuter des résultats originaux. On peut regretter que les auteurs ne donnent pas leur opinion sur l'utilisation de phylogénies-source obtenues par des méthodes en contradiction avec la théorie utilisée pour classer les aires, mais la présentation simple choisie ne le permettait probablement pas.

Le livre finit avec un chapitre consacré aux perspectives de la recherche en biogéographie. On constate l'optimisme de Lynne Parenti et de Malte Ebach en ce qui concerne l'avenir de la recherche en biogéographie.

Comparative Biogeography est un livre qui, sans être un traité ou un manuel fondamental de biogéographie, est une bonne introduction à cette discipline pour des étudiants ou chercheurs ayant une bonne connaissance des méthodes de la systématique mais pas de la biogéographie. Je regrette un certain manque de rigueur et de précision dans ce livre, étant donné l'ampleur des concepts traités et l'ambition théorique des auteurs. On reste sur sa faim sur certains aspects.

Finalement, je me permets de remarquer que ce livre a utilisé Nelson05, le logiciel d'analyse à trois éléments développé au Laboratoire Informatique et Systématique de l'UPMC. Parenti et Ebach en font d'ailleurs référence à plusieurs reprises. Il ne s'agit pas de la première publication qui utilise notre logiciel, mais c'est la

première fois que son utilisation prend un rôle d'une certaine importance.

René ZARAGÜETA i BAGILS

ANNONCES DE CONGRÈS

□ 14th EVOLUTIONARY BIOLOGY MEETING, 21-24 SEPTEMBRE 2010, MARSEILLE (FRANCE).

Les thèmes suivants seront abordés :

- Evolutionary biology concepts and modelisations for biological annotation ;
- Biodiversity and Systematics ;
- Comparative genomics and post-genomics (at all taxonomic levels) ;
- Functional phylogeny ;
- Environment and biological évolution ;
- Origin of Life and exobiology ;
- Non-adaptative versus adaptative évolution ;
- The « minor » phyla: their usefulness in evolutionary biology knowledge.

Pour plus d'informations :
<http://sites.univ-provence.fr/evol-cgr>

Contact :
Axelle Pontarotti
egee@univ-provence.fr
Université de Provence
3 place Victor Hugo, case 19
13331 Marseille Cedex 03
France

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 :

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, Case Postale 53, 57 rue Cuvier,
75231 Paris Cedex 05**

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 À L'ORDRE DE LA SOCIÉTÉ (CCP 7-367-80 D PARIS).

✂

**SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE
DEMANDE D'ADHÉSION**

**☒ Société Française de Systématique, Secrétariat, Case Postale 53, 57 rue Cuvier,
75231 Paris Cedex 05**

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 2010

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 2010

Pour l'année 2010, le montant de la cotisation s'élève à **20 €**

- | | |
|--|-------------|
| 1. Je règle ce jour ma cotisation 2010 | 20 € |
| 2. Je souhaite recevoir le(s) <i>Biosystema</i> 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 :

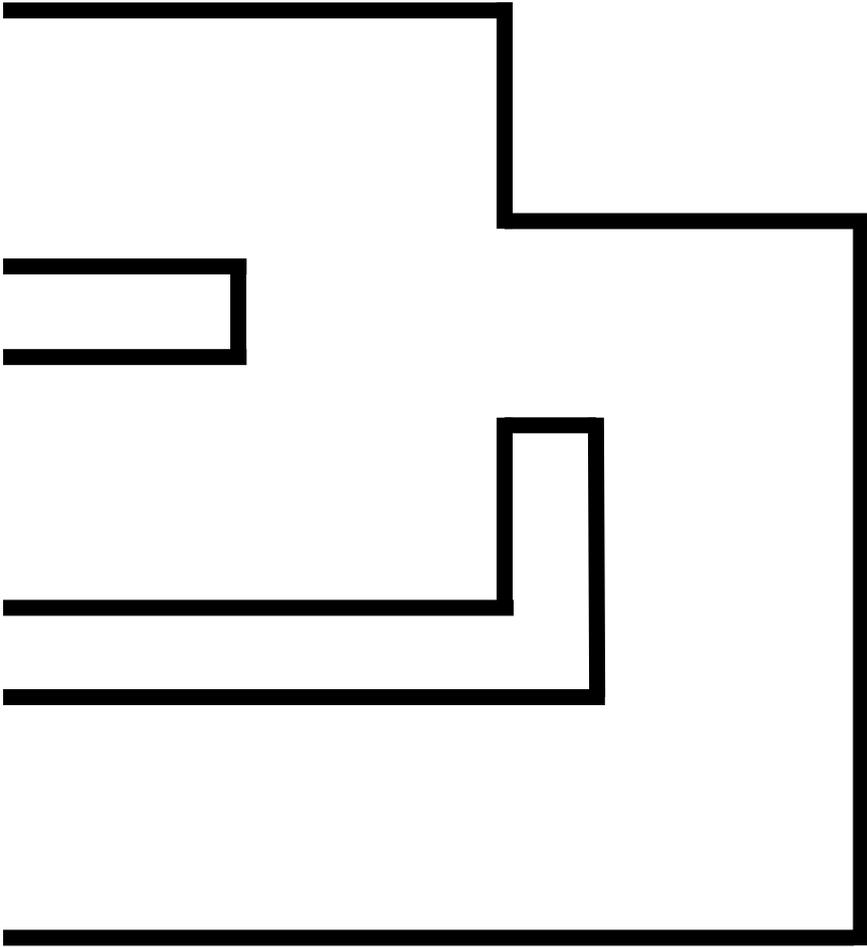
**☒ Société Française de Systématique, Secrétariat, Case Postale 53, 57 rue Cuvier,
75231 Paris Cedex 05**

(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. Réimpression 2004.
- Biosystema 2** : Systématique Cladistique : Quelques textes fondamentaux, Glossaire.
Traduction et adaptation de D. Goujet, L. Matile, P. Janvier & J.-P. Hugot, 1988. *Épuisé*.
- Biosystema 3** : La systématique et L'évolution, de Lamarck aux théoriciens modernes.
par S. Lovtrup, 1988. *Téléchargeable*.
- Biosystema 4** : L'analyse cladistique : problème et solutions heuristiques informatisées.
par M. D'Udekem-Gevers, 1990. (2 exemplaires).
- 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. *Épuisé*.
- Biosystema 6** : Systématique et Écologie.
Édition coordonnée par J.-P. Hugot, 1991 (réimpression 1997). *Téléchargeable*.
- Biosystema 7** : Systématique et Biogéographie historique : Textes historiques et méthodologiques.
Traduction et adaptation de Ph. Janvier, L. Matile & Th. Bourgoïn, 1991. *Téléchargeable*.
- 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. *Téléchargeable*.
- Biosystema 11** : Systématique et Phylogénie (Modèles d'évolution biologique).
Édition coordonnée par P. Tassy & H. Lelièvre, 1994 (réimpression 1998). *Épuisé*.
- Biosystema 12** : PHYLSYST : logiciel de reconstruction phylogénétique.
par I. Bichindaritz, S. Potter & B. Sigwalt †, 1994. *Épuisé*.
- Biosystema 13** : Systématique et Biodiversité.
Édition coordonnée par Th. Bourgoïn, 1995 (réimpression 1998). *Épuisé*.
- Biosystema 14** : Systématique et Informatique.
Édition coordonnée par J. Lebbe, 1996. *Épuisé. En réimpression*.
- Biosystema 15** : Systématique et Génétique.
Édition coordonnée par Ph. Grandcolas & J. Deutsch, 1997. *Épuisé. En réimpression*.
- 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. *Épuisé*.
- Biosystema 18** : Caractères
Édition coordonnée par V. Barriel & Th. Bourgoïn, 2000. *Épuisé. En réimpression*.
- Biosystema 19** : Systématique et Paléontologie.
Édition coordonnée par P. Tassy & A de Ricqlès, 2001.
- Biosystema 20** : Systématique et Biogéographie.
Édition coordonnée par P. Deleporte, J.-F. Silvain & J.P. Hugot, 2002. *Réimpression 2007*.
- Biosystema 21** : Les avancées de l'« Évo-dévo » et la Systématique.
Édition coordonnée par G. Balavoine, 2003.
- Biosystema 22** : Avenir et pertinence des méthodes d'analyse en phylogénie moléculaire.
Édition coordonnée par A. Cibois, T. Bourgoïn & J.-F. Silvain, 2004. *Réimpression 2008*.
- Biosystema 23** : Comment nommer les taxons de rang supérieur en Zoologie et en Botanique.
Édition coordonnée par A. Dubois, O. Poncy, V. Malécot & N. Léger, 2005.
- Biosystema 24** : Philosophie de la Systématique
Édition coordonnée par P. Deleporte & G. Lecointre, 2005.
- Biosystema 25** : Linnaeus - Systématique et Biodiversité
Édition coordonnée par M. Veuille, J.-M. Drouin, P. Deleporte et J.-F. Silvain, 2008.





ISSN 1240-3253