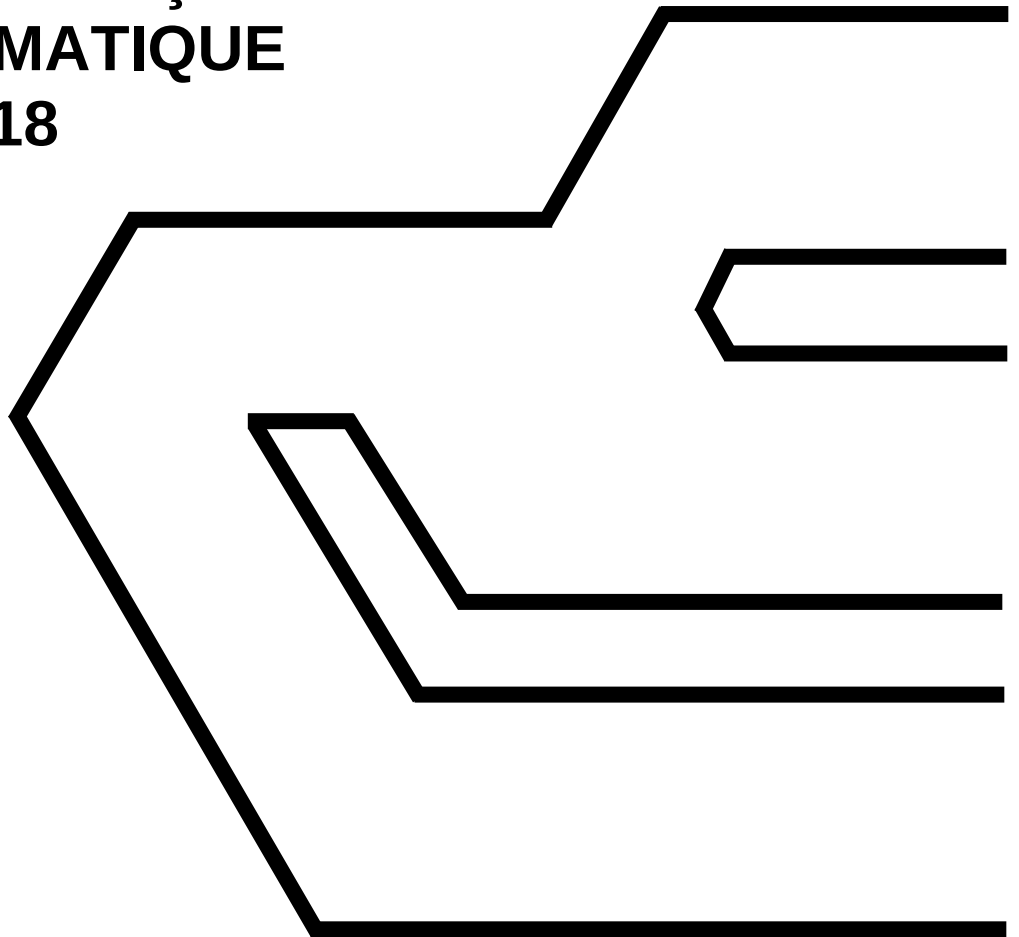


**BULLETIN DE LA
SOCIÉTÉ FRANÇAISE
DE SYSTÉMATIQUE**
Janvier 2018

N°57



SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

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

 **Adresse postale : Secrétariat SFS, R. VIGNES-LEBBE, UPMC, Case postale n°48, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05**

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

Conseil de la Société Française de Systématique 2018

Président :	Patrick MARTIN
Vice-Président :	Pascal TASSY
Secrétaire général :	Régine VIGNES-LEBBE
Secrétaire adjoint :	Véronique BARRIEL
Trésorière :	Véronique BARRIEL
Trésorier adjoint :	Marc TESTÉ
Responsable site WEB :	Valentin RINEAU
Responsables communication :	Paul ZAHARIAS, Mathieu FAURE-BRAC
Responsable Bulletin et Biosystema :	Guillaume COUSIN

Conseillers : Guillaume LECOINTRE, Malcolm SANDERS

Président : Patrick MARTIN

Institut royal des Sciences naturelles de Belgique – Biologie des eaux douces
29 rue Vautier, B-1000 Bruxelles, Belgique
Tél. : +32/2/627.43.17 – patrick.martin@sciencesnaturelles.be

Secrétaire : Régine VIGNES-LEBBE

UPMC, ISYEB, UMR 7205
Case Postale 48, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 80 61 – regine.vignes_lebbe@upmc.fr

Trésorière : Véronique BARRIEL

MNHN, CR2P, UMR 7207
Case Postale 38, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 31 71 – veronique.barriel@mnhn.fr

Bulletin de la Société Française de Systématique

Directeur de la publication : P. Martin

Rédacteur en chef : G. Cousin

Réalisation et Composition : G. Cousin

SOMMAIRE

Éditorial	4
Assemblée générale du 26 Octobre 2017	5
☐ Compte-rendu de l'Assemblée Générale	5
☐ Rapport moral 2016-2017	6
☐ Bilan financier 2016	9
Compte-rendu des Journées annuelles de la SFS 2017 « Méthodes Phylogénétiques Comparatives : comment parler du <i>process</i> à partir du <i>pattern</i> ? »	10
Liste des membres du conseil de la SFS 2018	14
Prix Jacques Lebbe 2016	15
☐ Artemis Korniliou.....	15
☐ Mathilde Scheiffler	16
Annonce de Congrès	18
☐ 5 th Young Natural History scientists Meeting	18
☐ International Palaeontological Congress 5	18
Thèses & HDR	19
☐ Séverine Fourdrilis (thèse)	19
☐ Marie Verheye (thèse)	21
☐ Rémi Allemand (thèse)	22
☐ Valentin Rineau (thèse)	23
☐ Charlène Selva (thèse)	24
☐ Lucie Bauret (thèse)	26
☐ Malcolm Sanders (thèse)	27
Opinions & Lectures	28
☐ Aubert, D. (2017) <i>A simple parsimony-based approach to assess ancestor-descendant relationships</i> (par Paul Chatelain)	28
Informations	30
Les Editions matériologiques et les Biosystema	31
Adhésions 2018	33
Cotisations 2018	34



Sans vouloir se complaire dans un optimisme béat ou faire preuve de contentement naïf, force est de constater que l'évolution de notre société, ces derniers mois, présente plusieurs motifs de satisfaction.

Les journées annuelles de la Systématique 2017 ont été organisées dans le magnifique cadre de l'Observatoire océanologique de Banyuls-sur-mer. En cela, nous avons suivi votre désir d'organiser ces journées hors de la région parisienne, ainsi que vous l'aviez exprimé dans le questionnaire que nous vous avons soumis dans le bulletin 55.

Celles-ci ont été un franc succès avec la participation d'une cinquantaine de personnes, dont plusieurs extérieurs à la société, ce qui nous a permis d'accueillir huit nouveaux membres durant ces journées. Bienvenue à eux ! Dans ce numéro, vous trouverez le compte rendu particulièrement imagé qu'en a donné le « camarade » Jérémie Bardin.

Consécutivement à ces journées, nous avons procédé au renouvellement du Conseil de la SFS. Il est constitué actuellement de 11 membres et nous saluons le retour de deux « anciens » parmi celui-ci : Régine Vignes-Lebbe et Guillaume Lecointre. En tant que Président, je suis particulièrement satisfait de l'équipe du Conseil, qui représente, pour moi, l'équilibre idéal entre le dynamisme de la jeunesse et l'expérience des anciens (sans rien perdre, pour ces derniers, de leur dynamisme... Prendre de la bouteille n'implique pas d'y renoncer – au dynamisme, j'entends).

La première réunion du nouveau Conseil a été riche d'un ordre du jour chargé, qui définit autant de chantiers auxquels nous allons nous atteler dans les mois qui suivent.

Parmi ceux-ci, une importante décision a été d'organiser, à l'avenir, les Journées annuelles de la Systématique au printemps, au lieu de la période automnale traditionnelle. Il a, en effet, été constaté que cette période n'est souvent pas favorable, tant pour les enseignants-chercheurs que pour les étudiants, en raison des nombreuses soutenances de thèse et autres charges d'enseignement. Nous envisageons d'organiser les prochaines journées à... Toulouse, dans son Muséum

d'Histoire naturelle, durant la première quinzaine d'avril 2019, sur la thématique « Systématique et Temps ».

Afin de faire la transition en douceur, il a été décidé de conserver une journée automnale de la Systématique en 2018, laquelle sera organisée en octobre prochain, à Paris, sur le thème « Jeunes systématiciens ». Résolument tournée vers les jeunes systématiciens « étudiants », celle-ci devrait leur offrir une tribune dont ils hésitent souvent à prendre possession.

Un autre chantier important est l'exploitation du questionnaire, dont les résultats ont été publiés dans le Bulletin No 56 par Guillaume Cousin, afin que vos commentaires et suggestions ne restent pas lettre morte. C'est ainsi, par exemple, qu'à la demande de certains, nous envisageons de donner plus la parole aux philosophes et historiens des sciences, via l'organisation de journées communes avec l'IHPST ou d'autres sociétés d'histoire des sciences.

Nous souhaitons également redynamiser la publication des Biosystemas qu'un grand nombre d'entre vous trouvent très intéressants, et, notamment, relancer le chantier de la réédition des anciens volumes, en partenariat avec les Editions Matériologiques qui proposent déjà trois rééditions à son catalogue.

Voilà donc un bref aperçu de quelques chantiers sur lesquels travaille le conseil mais n'oubliez pas qu'une société vit d'abord par et pour ses membres. Aussi, toutes les idées ou contributions de votre part sont les bienvenues, ne fût-ce que pour le bulletin (compte rendus de congrès, fiche de lecture, avis sur un article, chronique pour texte libre, etc.).

Le Conseil et moi-même vous souhaitons une bonne lecture de ce bulletin, ainsi qu'une excellente année 2018 !

Patrick MARTIN

Président de la SFS



Compte-rendu de l'Assemblée Générale du 26 Octobre 2017

L'AG commence à 10h précise et compte 24 présents dont 23 sont membres de la Société. Le quorum n'étant pas réuni, une session extraordinaire est invoquée. Patrick Martin préside cette séance, Jérémie Bardin est secrétaire de séance.

Rapport moral

Le rapport moral 2016-2017 (p.6) est présenté par le président de la SFS, Patrick Martin. Il est approuvé à l'unanimité.

Bilan financier

Véronique Barriel, trésorière a présenté le bilan financier 2016-2017 qui s'avère être celui d'Olivier Montreuil fraîchement démissionné. Véronique a été vérificatrice aux comptes. Le point essentiel de ce bilan est la faible rentrée d'argent des cotisations.

En effet seulement 33 cotisations avaient été réglées avant la prise de fonction de Véronique Barriel. En conséquence, elle a lancé une campagne de rappel. Une large majorité des membres contactés ont régularisé leur situation, d'autres se reconnaissant inactifs depuis très longtemps, ont préféré quitter la société. Un fichier mis-à-jour des adhérents sera disponible très prochainement. Les journées précédentes ont rapportées davantage qu'elles n'ont coûtées.

Véronique nous rappelle les frais principaux : postaux, bulletin de la SFS, déplacements, maintien du site E-systematica. La réimpression d'anciens numéros de Biosystema a coûté une somme importante et le retour sur investissement se fera dans l'avenir. Le quitus et le bilan financier sont approuvés à l'unanimité.

Prix Jacques Lebbe

Le président a ensuite décerné le prix Jacques Lebbe. Le jury reconnaît que les quatre candidats ont présenté des travaux de très bonne qualité. Deux mémoires ont cependant retenus l'attention du jury en raison de leur originalité.

Artemis Korniliou a produit le travail le plus original, sans ambiguïté le plus en accord avec l'esprit initial du prix Jacques Lebbe. et Mathilde Scheifler a présenté un mémoire très maîtrisé et rigoureux, de présentation très soignée et professionnelle (pp.15-17).

Ne sachant les départager, le jury a décidé de mettre ces candidats ex-aequo, et de partager le prix entre eux deux. Les deux candidats reçoivent également une adhésion de trois ans à la SFS. Elles reçoivent donc toutes deux le prix Jacques Lebbe.

Questions diverses

Patrick Martin a été contacté par la Société Suisse de Systématique qui propose à la SFS de rassembler nos journées et les leurs. Le Conseil qui en a déjà discuté donne un avis positif à un détail près, celui de la langue utilisée. Les journées de la SSS se déroulent en anglais. Plusieurs membres s'accordent à dire que les journées de la SFS sont un des seuls congrès de langue française permettant donc aux francophones de s'exprimer avec toutes les nuances nécessaires à une discussion scientifique riche.

Un consensus émerge suite à la discussion de l'assemblée : proposition sera faite à la SSS de faire nos journées ensemble en 2019 avec les diapositives des présentations en anglais et de laisser la langue orale libre. Cette proposition est acceptée à 16 contre 2 (1 abstention).

Morgane Bonadè et Jérémie Bardin se présentent et sont acceptés comme vérificateurs aux comptes.

Enfin, les journées de la SFS 2018 sont évoquées. La thématique « le temps en systématique » se dégage et l'assemblée s'accorde à dire qu'elle préfère organiser les prochaines journées hors de Paris pour faciliter l'immersion des participants.

La séance est levée.

Jérémie BARDIN

Rapport moral 2016-2017

Chers Collègues, chers Amis,

Pour commencer ce rapport moral, je souhaiterais remercier le Conseil de sa confiance en nommant, pour la première fois de son histoire, je pense, un président non français, quoique francophone et qui s'exprime avec un accent bizarre et avec moins d'envolées lyriques que ce à quoi les présidents précédents vous avaient habitué...

Tout en étant un grand honneur de présider une société qui a plus de trente ans d'âge, je mesure également la responsabilité qui est la mienne.

Je ne vous cacherai pas que la société a connu, l'année dernière, des moments difficiles, avec certaines démissions de fonction, au point que j'en suis venu à douter de la volonté de certains à vouloir conserver une société de systématique française. Et pourtant, il existe un espace pour une société telle que la nôtre, ainsi qu'en témoigne les autres sociétés de systématique existant en Europe, comme la « Systematics Association » anglaise ou la « Gesellschaft für Biologische Systematik » allemande, pour ne citer que celles-ci.

Partant de ce constat, et estimant que ce serait une honte, pour un pays comme la France, et la francophonie en général, de ne plus avoir une société de systématique, j'ai décidé de me représenter au Conseil de la SFS dans le souci de contribuer au redressement de la société avec les autres bonnes volontés qui ne manquent pas. Et je dois avouer qu'avec l'investissement de quelques anciens, toujours fidèles et dévoués, et l'implication de plusieurs jeunes étudiants en thèse, un vent de renouveau souffle sur le Conseil de la SFS et, partant, sur la société.

C'est ainsi que c'est peut-être la première fois que les Journées de la Systématique ont été organisées de façon si professionnelle et ce, par notre jeune trio composé de Paul Zaharias, Marc Testé et Lucas Legendre. Ceci est de bon augure pour la suite, même si nous ne pouvons pas toujours faire reposer l'organisation des journées sur les mêmes épaules. Je ne vous cache pas que ces journées organisées Paris « extra muros » permettent d'échapper aux coûts exorbitants des salles parisiennes. Mais c'est également, et

surtout, l'occasion d'aller vers nos membres en province et de dynamiser la formule des journées. On peut dire qu'à cet égard, c'est un succès, avec près de 50 participants aux journées 2017 alors qu'elles sont organisées dans un lieu qui, pour un Parisien, apparaît un peu comme une « Gallica finis terrae ».

Passons maintenant en revue les différents points qui ont émaillé la vie de notre société.

Le Conseil

Le Conseil s'est réuni à cinq reprises depuis la dernière assemblée générale (9 décembre, avec la mise en place du nouveau Conseil, 3 mars, 25 avril, 27 juin et 29 septembre). En raison des remous qui ont accompagné la fin de l'exercice 2015-2016, j'ai été contraint, en tant que Vice-Président, à l'époque, à organiser les élections pour le renouvellement du bureau après l'assemblée générale tenue pendant les Journées de la systématique de 2016.

Le nouveau bureau n'a pu être mis en place qu'assez tardivement, lors de la réunion du Conseil. Cela a eu certaines implications, ainsi que nous allons le voir. Je peux vous assurer que le conseil n'a pas chômé, cette année, avec des ordres du jour de réunion chargés et plusieurs dossiers qui ont été suivis avec assiduité.

BioSystEU 2017

C'est le point douloureux de mon mandat. Nous n'avons pas participé au troisième congrès de la Fédération des Sociétés européennes de Systématique (tenu en Suède et organisé par la « Systematics Swedish Association »), malgré notre engagement pour un symposium sur le thème « Dark taxonomy: are taxonomists still useful in the 21st century? ».

A notre décharge, il s'est avéré que les modalités d'organisation des symposiums de chaque société n'étaient pas claires et avaient changé par rapport au second congrès du BioSystEU, en 2013. Ces changements n'ont été signalés que tardivement. Il est ainsi apparu que chaque société était responsable de l'invitation de 1 à 2 « keynote speakers » pour le symposium qu'elle organisait. Compte tenu

des délais, du surcoût engendré, à charge de la société, et tenant en compte le fait que la société sortait d'une période difficile, il a été décidé, au Conseil, de ne pas participer au congrès de BioSystEU plutôt que d'y mal participer.

Compte tenu également de la période à laquelle le congrès a eu lieu, il ne s'est trouvé aucun membre du Conseil pour représenter la SFS, ce qui est regrettable. C'est un point qu'il faudra absolument régler pour le prochain congrès BioSystEU qui devrait avoir lieu en 2020.

YNHM 2017

Pour information, la SFS a parrainé la session « Systématique » du YNHM 2017 (« Young Natural History scientists Meeting ») et acheté 2 exemplaires de l'ouvrage « Evolution: a visual record » pour le prix de la meilleure communication et du meilleur poster.

Les élections 2016-2017

Sur un Conseil de 18 membres en 2016, nous avions 8 membres sortants. A la suite de la démission d'Olivier Montreuil de sa fonction de trésorier, le Conseil était réduit à 9 membres avant les élections. Seuls deux candidats se sont présentés, Véronique Barriel et moi-même, et nous avons tous deux été élus. Le Conseil pour l'année 2016-2017 était donc constitué de 11 membres.

Pour cette année, 5 membres sortants sont rééligibles mais seulement 2 membres se représentent, Pascal Tassy et Valentin Rineau. Trois nouveaux candidats se présentent à vos suffrages, un nouveau venu, Mathieu Faure-Brac, et deux anciens de la SFS, dont nous saluons le retour : Guillaume Lecointre et Régine Vignes-Lebbe.

A l'heure où je vous présente ce rapport moral, je peux dire que le nouveau Conseil sera reconduit avec le même nombre de membres, ce qui est rassurant, même si on peut regretter des conseils plus fournis, compte tenu des tâches auxquelles la Société aimerait s'atteler dans les prochains mois. Il est réconfortant de constater que le Conseil est relativement équilibré entre ses membres les plus anciens et les plus jeunes, ce qui est, selon moi, la garantie que nos actions seront orientées à la satisfaction du plus grand nombre.

Les effectifs

Il n'est un secret pour personne que le nombre d'adhérents n'est plus ce que la SFS a pu connaître par le passé. Notre trésorière, Véronique Barriel, est en train d'effectuer un important effort de mise à jour du fichier des membres et de régularisation des cotisations (échéance prévue pour fin 2017).

A l'heure actuelle, la situation est la suivante : tenant compte des démissions et des décès, on dénombre 185 membres mais seulement 90 sont à jour de leur cotisation ou en cours de régularisation. Est-ce suffisant pour constater que la société est en crise, comme le suggérait notre ancienne présidente, Sophie Nadot dans son rapport moral de 2015 ?

Il faut continuer à défendre notre discipline, raison même de l'existence de cette société mais, force est de constater que, si on se limite à cette partie de la systématique qui traite uniquement de la taxonomie, le nombre de taxonomistes est en décroissance constante.

Et ce n'est pas une constatation valable uniquement pour la France mais qui est observable de façon globale. Il est possible également que le mode de fonctionnement de la société ne répond plus aux attentes de membres potentiels de façon satisfaisante.

Pour cette raison, Guillaume Cousin a été en charge de confectionner un questionnaire pour sonder vos attentes. Celui-ci a fourni des réponses intéressantes qui vous ont été résumées dans le dernier bulletin.

Vos réponses constituent un matériel important qui nous servira, dans les prochains mois, à orienter nos actions futures.

Biosystema

Depuis la mise en place du partenariat avec les Editions Matériologiques en 2013, 5 numéros ont été publiés au format électronique (3 rééditions et 2 nouveaux numéros). La réédition des anciens numéros s'est avérée plus délicate que prévue en raison des formats de fichier utilisés et de la documentation iconographique existante.

La vente des Biosystema n'est pas bonne et les nouveaux numéros se font attendre.

Afin de promouvoir leur vente, la SFS a fait l'acquisition de plusieurs volumes au format papier, destinés à être proposés à la vente lors des journées et lors de manifestations autour de la systématique.

Cependant, il est crucial de relancer la tradition de l'édition de Biosystema consécutifs aux Journées de la Systématique, raison pour laquelle un appel pressant est lancé à contribution pour les Journées 2017. Le thème abordé cette année se prête à merveille pour un numéro spécial mais, comme toujours, il y va de la bonne volonté de chacun pour que cet objectif soit un succès.

E-systematica

L'encyclopédie en ligne « E-systematica » était un autre chantier important pour l'exercice 2016-2017. Pour rappel, ce projet a été élaboré par Paul Zaharias et un petit groupe d'étudiants membres de la SFS, pour développer la communication de la systématique dans la communauté scientifique francophone.

Le site web est fonctionnel et abrite déjà trois articles, tous écrits par Pascal Tassy. Il est maintenant en attente d'autres contributions, volontaires ou sollicitées. C'est un projet que la SFS estime pertinent et auquel elle tient mais qui dépend aussi de votre implication pour que ce soit une réussite. Je profite donc de l'occasion pour relancer un appel aux bonnes volontés.

Prix Jacques Lebbe

Nous avons reçu quatre masters, candidats au prix Jacques Lebbe, cette année : Artemis Korniliou, Kévin Le Verger, Olivia Plateau et Mathilde Scheifler. On peut noter qu'à l'image des masters d'aujourd'hui, la plupart ne développent plus guère d'analyse critique méthodologique. Cependant, ils restent, une fois encore, d'excellente qualité et le prix sera remis tout à l'heure.

Finances

Enfin, pour ce qui concerne les finances, notre trésorière a dû faire face à de nombreuses tracasseries administratives pour obtenir le changement de signature rendu nécessaire par le changement de trésorier. La situation est, enfin, en voie de régularisation.

Véronique a également effectué un important travail de régularisation des cotisations non réglées, ainsi que certains d'entre vous ont pu s'en rendre compte. Elle va vous présenter dans quelques instants son rapport financier mais, d'ores et déjà, on peut considérer l'état actuel de la trésorerie comme « en équilibre ».

Patrick MARTIN

Président de la SFS

*Le Conseil de la Société française de Systématique
vous présente ses Meilleurs voeux et vous souhaite une*

**BONNE
ANNEE 2018** 

Bilan financier 2016

	RECETTES	DÉPENSES
Cotisations	660,00	
Journées	1933,00	972,00
Frais postaux		89,60
Frais déplacements conseil		632,00
Assurance (MAIF)		108,78
Frais gestion du CCP		41,50
1 et 1 Internet		7,14
Biosystema	277,00	305,60
Prix J. Lebbe (2015 & 2016)		600,00
Frais Divers		52,00
Ouvrages YNHM		122,00
Impression Bulletin (Launay)		264,22
TOTAL	2870 € (1900)*	3194,84 € (654,73)*

*(chiffres 2015)

BILAN : - 324,84 euros

Compte courant:

Solde du CCP au 8 janvier 2016 : 3976,93 euros
Solde du CCP au 10 janvier 2017 : **3898,41 euros**

Livret A:

Livret A au 8 janvier 2016 : 19,20 euros
Livret A au 10 janvier 2017 : **19,34 euros**

Solde global au 9 janvier 2017: 3917,75 euros

Olivier Montreuil, Trésorier 2016

(V. Barriel, vérificateur aux comptes 2016)



Compte rendu des Journées annuelles de la SFS 2017

Méthodes Phylogénétiques Comparatives : comment parler du *process* à partir du *pattern* ?

Patrons ou processus : faut-il encore choisir son camp camarade ?

Pendant des décennies, il fallait faire ce choix, on était patron ou processus dans les reconstructions phylogénétiques ou dans les scénarios évolutifs. Morphologie ou stratigraphie, duquel accepter les promesses ?

En 1979, on était à la gauche ou à la droite d'un amphi à Harvard. On était à la Willy Hennig Society ou à la Society of Systematic Biology. Bref, on se revendiquait poppérien ou statisticien. Mais qui allait pouvoir construire un pont entre ces positions apparemment irréconciliables ? Qui pouvait marier Euler et ses diagrammes, Pearson et ses histogrammes.

Et bien figurez-vous que ce messie unificateur se révèle être le scientifique le plus cité des Journées 2017 de la Société Française de Systématique qui ont réveillé cette classique et passionnante dualité. Ce Gandhi de la biologie, c'est (pas du tout évidemment) : Felsenstein.

A ces mots j'imagine déjà le visage crispé de certains collègues ayant déjà ouvert un mail « reply to all », sélectionnant gras, souligné, rouge, surligné en vert pour clamer que Joe, de son surnom, ne pouvait représenter le porteur d'une théorie M unifiant pattern et process en biologie.

Pourtant, c'est bien lui qui formalisa en 1985 la nécessité de prendre en compte l'histoire évolutive commune des taxons que nous comparons et proposa la première solution avec les contrastes indépendants. De cette première pierre naquirent les méthodes de phylogénie comparative qui utilisent la structure des phylogénies (des patterns) et des modèles d'évolution des caractères (des processus) pour prendre en compte la part de covariance entre organismes due à leur histoire commune.

Quel destin plus naturel pour un type prénommé Joseph par ses parents en l'honneur d'un célèbre dirigeant communiste que d'unifier les foules ? Alors, Joseph Stalsentein, unificateur patterno-processiste ou dictateur statistico-probabiliste ? Patrons et processus sont-ils unifiables ? Ces journées furent une belle occasion de se poser la question. Que les ayatollahs de chaque bord tremblent, il semblerait que l'union rassemble.

Ces journées ont été organisées par six mains de maîtres, celles de Paul Zaharias, Marc Testé et Lucas Legendre. Nous avons été accueillis à l'Observatoire océanologique de Banyuls-sur-Mer, ce qui a ravi les participants.

En effet le cadre idyllique : soleil, mer, Banyuls grand cru, amphithéâtre confortable, gargantuesques repas ont été propices aux discussions parfois jusqu'au petit matin. Notons qu'Yves Desdevises a été le facilitateur principal de l'accueil à l'observatoire et son implication dans l'organisation de ces journées a été cruciale. Seule ombre au tableau : un microphone capricieux poussant un petit systédiablotin à scander : « A Arago, z'ont des beaux bateaux mais pas de bon micro ».

Une cinquantaine de participants étaient présents, certainement attirés par les méthodes de phylogénie comparative qui sont aujourd'hui incontournables en sciences de l'évolution.

Première journée, dédiée aux méthodes de phylogénies comparatives.

Yves Desdevises réalise une introduction historique et assez exhaustive des PCM (Phylogenetic Comparative Methods), de leurs champs d'actions, avantages et inconvénients.

Ensuite **Lucas Legendre** cherche à savoir s'il y a une relation entre le type de vol et la quantité d'ostéones secondaires (le remaniement Haversien). Il discute également de son expérience vis-à-vis des PCM, du clivage entre développeurs et utilisateurs et de l'inertie importante du développement de ces méthodes dans la communauté des paléontologues.

Ces deux premières conférences constituent deux beaux efforts de vulgarisation des PCM et de l'approche statistique en général.

Pascal Tassy propose un regard sur le débat pattern/process par le prisme de trois grands noms : Darwin, Gaudry et Kovalevski. Des révélations : Darwin dit que la propriété d'ascendance commune doit être utilisée pour faire des groupes, il y avait donc déjà un peu de monophylie dans l'air.

Les figures de Gaudry laissent à penser qu'il préfère la morphologie à la stratigraphie pour mettre de l'ordre dans la diversité du passé. Gaudry voit les mosaïques d'état de caractères mais décide d'utiliser les états ancestraux plutôt que dérivés. Pascal Tassy nous révèle ainsi la face structuraliste de ces auteurs qu'on considère généralement être des théoriciens des processus de l'évolution.

Emmanuel Paradis, créateur et principal développeur de APE (logiciel R) nous a présenté la success story de ce package. En effet, R est maintenant une des principales plateformes d'analyse de données et APE est LE package incontournable qui permet de gérer les arbres phylogénétiques et les données relatives à l'étude de l'évolution.

En quelques chiffres, APE c'est aujourd'hui des citations dans plus de 600 journaux différents, 204 packages R qui en dépendent, environ 22 000 utilisateurs. Emmanuel nous a présenté les développements de la dernière version : nouveaux formats lus, réseaux, optimisations, parallélisation des bootstraps, aide à la recherche de fichiers...

Enfin, je mentionnerai ce nombre édifiant : la lecture en 16 secondes de 3 milliards de paires de bases. Ce temps record est à mettre en parallèle des 4 minutes 26 sec qu'il a fallu à 3 biologistes pour passer de cette présentation power point à la suivante...

Julien Clavel rebondit avec 2 packages R développant de nouveaux modèles d'évolution. L'un implémente des modèles d'interactions entre environnement et évolution de traits morphologiques continus. Le second package *mvmorph* permet de tirer avantage des données morphométriques multivariées et de la vraisemblance pénalisée avec différents modèles (Brownien, OU, ACDC...).

Enfin, cette journée dédiée aux PCM se termine par deux cas pratiques. **Laetitia Carrive** tente de reconstruire les caractéristiques ancestrales du périanthe des Ranunculales qui regroupent boutons d'or, aconits, pavots... Elle a d'abord produit une phylogénie moléculaire. Ensuite, elle s'est posé la question de la sélection du modèle.

Lorsqu'on prend en compte toutes les combinaisons possibles de modèles (taux de transition impossibles, symétriques...), le nombre de modèles augmente très vite, même pour des caractères à peu d'états. La procédure de Reversible Jump MCMC permet d'explorer de manière automatique l'espace des modèles pour sélectionner le plus vraisemblable.

Charline Pinna travaille sur la transparence des ailes de Lépidoptères. Certains patterns de coloration sont portés par des papillons toxiques. D'autres espèces acquièrent des patterns proches et évitent ainsi la prédation. Ces papillons aux patterns semblables forment un cercle mimétique, on parle de mimétisme Mullérien. Charline a également mis en relief différentes manières qu'ont les papillons de rendre une zone transparente (« poil » à la place d'écailles, écailles relevés...).

Une anova phylogénétique révèle que ces différents types de transparence ne produisent pas la même clarté mesurée. Egalement la clarté n'est pas convergente dans les différents cercles mimétiques. Charline et son équipe tentent maintenant de montrer un gradient de détectabilité en utilisant de faux papillons et en exploitant l'ordre des trouvailles par des mésanges en milieu contrôlé.



Seconde journée, réservée aux communications libres :

Une extraordinaire diversité de sujets a été abordée.

D'abord, **Ricardo Araùjo** s'est fait l'ambassadeur de Catalano et de sa méthode de traitement des données de morphométrie géométrique en phylogénétique implémenté dans le logiciel TNT. Après avoir rappelé le fonctionnement de l'algorithme, il montre comment effectuer une analyse de A à Z et présente un exemple sur les plésiosaures. La discussion se porte sur les problèmes d'effet Pinocchio et de surpondération des régions les plus échantillonnées.

Nicolas Bekkouche nous offre un instant naturaliste sur les peu connus gastrotiches. Atteints du syndrome cténaire, on s'intéresse beaucoup à leur position phylogénétique dans l'arbre du vivant mais peu à la diversité et aux relations à l'intérieur du clade. Son remarquable travail d'anatomie comparé à l'aide de la microscopie confocale avec marquage fluorescent lui permet de proposer de potentielles synapomorphies des gastrotiches et d'apporter des éclairages inédits sur la diversité et la plasticité des caractères de ce groupe.

Marc Testé étudie la civilisation des mayas présente en Amérique du Sud entre 3000 ans et l'arrivée des colons. Il cherche à comprendre les liens entre leur dynamique démographique et l'environnement. Malheureusement, il ne retrouve dans les

sédiments ni pollens, ni charbons, ni aucuns des proxys classiques de reconstruction paléoenvironnementale. Il se tourne alors vers les phytolithes, des biominéralisations siliceuses végétales peu connues.

L'enjeu est de relier les morphologies des phytolithes aux taxons qui les ont formés. Le manque de bibliographie sur les représentants d'Amérique centrale pousse Marc à entreprendre la constitution d'une référence. Il sélectionne différents environnements et tente de les relier aux différentes morphologies phytolithiques. Les résultats provisoires sont encourageants et permettront sans doute de préciser la nomenclature et de rendre l'outil opérant.

Nous effectuons par la suite une plongée théorique dans le problème de codage de caractères énoncé par Pleijel en 1995. Pour rappel : une structure peut être absente ou présente, elle peut être ronde ou carrée, elle peut être noire ou hachurée. Alors ? Comment on code ça ?

Valentin Rineau nous a présenté des généralités sur le codage hiérarchique des caractères, les avantages concernant les données manquantes ou la prise en compte du nombre de taxons porteurs des états. La représentation du cas Pleijel 1995 mène à une structure classificatoire dont les classes se recoupent, il propose donc d'utiliser l'analyse en sous-arbre de paralogie, c'est-à-dire traiter séparément les sous-arbres produits par chaque côté des nœuds paralogues impliquant la redondance de taxons.

Alexandre Mille et **Pascal Tassy** nous offre un moment d'histoire muséologique, celui d'*Archéobélodon*, un spécimen de la galerie du MNHN. Son histoire se mêle à celle des galeries, de la chaire de paléontologie, de grands noms comme Cuvier, Laurillard et Lartet. *Archéobélodon* est un proboscidiien à 4 défenses et les protagonistes de l'histoire chercheront à savoir si les défenses supérieures pointaient vers le haut ou vers le bas. Ces questionnements leur permettent une discussion sur les concepts de mosaïque de caractères ou hétérobathmie. La réponse se trouve chez tous les bons libraires.

Lucas Torres explore les duplications de portions d'ADN mitochondrial chez les Procariiformes. Il nous a également présenté certains problèmes méthodologiques liés à l'amplification préférentielle d'une des copies.

Patrick Martin se lance quant à lui dans l'étude des eaux sous terraines du Bénin qui révèlent bien plus de diversité qu'attendu. Il compte barcoder toute cette diversité pour créer une référence et envisage que l'on puisse utiliser cette diversité et ses variations comme indicateur de la qualité de l'eau.

Fabrice Teletchea vante les bienfaits de la systématique en aquaculture en montrant qu'au-delà de faire des boîtes et de leur donner des noms, ces notions lui confèrent une certaine rigueur dans l'utilisation des mots et des concepts. Cela lui a par exemple permis de mettre de l'ordre dans la notion d'espèce domestiqué en proposant 5 niveaux de domestication. Les questions ont évidemment tourné autour de la table et Fabrice nous rassura sur la consommation de saumons qui ne présente aucun danger.

Petit retour sur les PCM avec **Donald Davesne** et la reconstruction de l'histoire de l'acellularité osseuse chez les téléostéens. Les ostéocytes ont été perdus plusieurs fois et réapparaissent aux moins deux fois. Donald tentera par la suite de tester des hypothèses adaptatives comme par exemple un lien avec l'endothermie.

Enfin, la dernière conférence prend de la hauteur, **Diane Dabir** nous présente une métaanalyse de la pratique en phylogénétique dans le master Systématique, Evolution, Paléontologie (UPMC-MNHN). Elle a compilé depuis 2004, un certain nombre de variables comme par exemple le type de données utilisé ou encore le critère d'optimalité. Une représentation graphique en réseau est obtenue avec le logiciel Gephi. Ces premiers résultats permettent de voir des tendances attendues, une base de données complète permettra de fournir une vision synthétique de notre pratique et constituerait un outil de choix pour les rapports HCERES et autres évaluations.

Le lendemain **Yves Desdevisse** et **Lucas Legendre** proposèrent une initiation aux méthodes de phylogénies comparatives sur les logiciels Mesquite et R.

L'assemblée générale s'est tenue de 10h à 12h ce même jour.

Le public de ces journées avait le bonheur de voir à chaque fin de journée la levée du rideau de l'amphithéâtre qui, à travers son immense baie vitrée, laissait l'esprit vagabonder sur le port de Banyuls.

Jérémye BARDIN





LISTE DES MEMBRES



Le Conseil d'Administration 2018 de la SFS comporte **11 membres**.

Président

Patrick MARTIN

Institut royal des Sciences naturelles de Belgique - Biologie des Eaux douces
29, rue Vautier
B-1000 Bruxelles, Belgique
Tél. : +32/2/627.43.17
Patrick.Martin@sciencesnaturelles.be

Vice-président

Pascal TASSY

Muséum national d'Histoire naturelle
CR2P, UMR 7207
pascal.tassy@mnhn.fr

Secrétaire

Régine VIGNES-LEBBE

Université Pierre et Marie Curie
Laboratoire Informatique et Systématique
ISYEB, UMR 7205.
CP 48, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 80 61 –
regine.vignes_lebbe@upmc.fr

Trésorière et Secrétaire adjointe

Véronique BARRIEL

Muséum national d'Histoire naturelle
CR2P, UMR 7207
CP 38, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05
Tél. : 01 40 79 31 71
veronique.barriel@mnhn.fr

Trésorier adjoint

Marc TESTÉ

Université Pierre et Marie Curie
Doctorant
marc.teste@lgp.cnrs.fr

Responsables communication

Paul ZAHARIAS

Muséum national d'Histoire naturelle
Doctorant ISYEB, UMR 7205
paul.zaharias@edu.mnhn.fr

Mathieu FAURE-BRAC

Muséum national d'Histoire naturelle
Etudiant Master 2, ISTEP UMR 7193
faurebrac.mathieu@gmail.com

Responsable site WEB

Valentin RINEAU

Université Pierre et Marie Curie
ATER CR2P, UMR 7207
4 Place Jussieu, Case 104, 75005 Paris
valentin.rineau@upmc.fr

Responsable Bulletin et Biosystema

Guillaume COUSIN

Université Pierre et Marie Curie,
Doctorant CR2P, UMR 7207
cousin_guillaume@sfr.fr

Conseillers

Guillaume LECOINTRE

Muséum national d'Histoire naturelle
ISYEB, UMR 7205
& Présidence du MNHN
CP 24, 57 rue Cuvier 75005 PARIS
Tél : 01 40 79 37 51
guillaume.lecointre@mnhn.fr

Malcolm SANDERS

Université Pierre et Marie Curie,
ATER UMR 7205 ISYEB
Msanders@edu.mnhn.fr



Artemis Korniliou

Lauréate du prix Jacques Lebbe 2017

Biogéographie diachronique : une approche cladistique

Mémoire de Master M2 « Systématique, Evolution, Paléontologie » ; février-mai 2017

Encadrants : **René Zaragüeta i Bagils & Bouziane Khalloufi**

Résumé :

En biogéographie historique, l'utilisation du temps dans le cadre d'analyses diachroniques a toujours été considérée comme problématique. Dans ce type d'analyse, les relations entre aires biogéographiques sont inférées à partir de taxons d'âges différents, mais il n'existe actuellement aucun développement théorique ou méthodologique permettant de la rendre opérationnelle. Seules des analyses synchroniques, fondées sur des taxons d'âge contemporains, sont proposées dans la littérature.

Dans un premier temps, nous établissons un parallèle entre biogéographie cladistique et systématique, tout en les différenciant de la phylogéographie. Nous démontrons que dans un cadre cladistique formel, l'analyse diachronique est possible, si la distinction entre aire géographique et aire biogéographique est levée.

Nous appliquons finalement nos propositions théoriques à un exemple empirique portant sur les relations entre des aires biogéographiques supposées issues de la fragmentation du Gondwana. A partir des distributions de taxons fossiles et actuels en Afrique, en Amérique du Sud et en Océanie, une analyse biogéographique est effectuée selon une approche 3ia, grâce à des logiciels de cladistique (LisBeth et PAUP).

Le consensus strict obtenu après une recherche exacte est relativement peu résolu mais permet tout de même d'associer quelques événements vicariants relatifs à la séparation de l'Afrique, Tasmanie et Amérique du Sud, au Crétacé. La corrélation entre l'histoire géologique du Gondwana et le pattern des relations entre les aires biogéographiques étudiées est discutée, pour tester une calibration temporelle des événements de vicariance et de spéciation allopatrique.

Présentation :



Le monde vivant ainsi que son évolution me passionnent depuis mon enfance. Après une licence de biologie, j'ai alors intégré le master Systématique Evolution Paléontologie où j'ai eu l'opportunité de découvrir la biogéographie historique.

Il s'agit d'un domaine de recherche de pointe, d'une part en raison de son cadre théorique très élégant et original, et d'autre part grâce à ses différentes méthodologies mises en valeur à travers plusieurs disciplines comme la systématique, l'écologie, la géographie et la géologie.

Cette discipline a pour objectif l'étude des relations de degré de parenté entre aires biogéographiques, de la même façon que la systématique cladistique a pour objectif l'étude des relations de degré de parenté entre taxons.

Néanmoins, contrairement à la systématique où les analyses phylogénétiques mélangeant des taxons éteints et actuels sont largement pratiquées, les analyses équivalentes en biogéographie, dites alors diachroniques (mélangeant des aires d'âges différents), ont été évitées dans la littérature scientifique. Au contraire, seules des analyses synchroniques (avec des aires toutes contemporaines) sont réalisées.

En systématique pourtant, le traitement séparé des données en fonction de leur âge nous prive d'informations essentielles afin de mieux comprendre le puzzle de la vie sur Terre, en termes de relations. Les analyses diachroniques en biogéographie sont ainsi aussi importantes qu'en systématique.

Pendant mon stage de master 2 au Muséum national d'Histoire naturelle, j'ai eu

l'occasion de travailler sur ce problème de diachronisme / synchronisme. La méthode phylogénétique qui m'a aidée à l'aborder est celle de l'analyse à trois éléments.

À l'issue de ce stage j'ai pu démontrer que dans le cadre de la théorie cladistique, des analyses diachroniques peuvent en effet être menées et qu'alors, le problème lié au temps géologique qui persistait depuis longtemps a pu être surmonté dans un premier temps.

Actuellement je continue le travail de recherche, en tant que bénévole au sein de l'équipe Laboratoire Informatique & Systématique (LIS), concernant d'autres problématiques cruciales en biogéographie historique, comme par exemple le développement d'une taxonomie et d'une nomenclature cohérentes.

Sur cette voie de recherche, l'obtention d'un financement pour une formation doctorale me permettrait de contribuer à ces problématiques via des applications à l'aide des méthodes de reconstruction phylogénétique, ce qui me spécialiserait dans ce domaine captivant.

Mathilde Scheifler

Lauréate du prix Jacques Lebbe 2017

A la recherche de patrons cophylogénétiques au sein d'une association symbiotique mutualiste impliquant les Soritinae (Foraminifera, Milioda) et le genre *Symbiodinium* (Dinophyta, Suessiales)

Mémoire de Master M2 « Systématique, Evolution, Paléontologie » ; février-mai 2017

Encadrants : **Yves Desdevises & Laure Guillou**

Résumé :

Les associations symbiotiques mutualistes sont définies comme des relations à bénéfices réciproques entre un hôte et un (ou plusieurs) symbiontes. Elles sont présentes à la fois en milieu terrestre et en milieu aquatique.

Au sein de ce dernier, une symbiose mutualiste existe entre une sous famille de foraminifères, les Soritinae, et un genre de dinoflagellés, les *Symbiodinium*. Selon diverses études, il semblerait que seules certaines espèces de *Symbiodinium* soient retrouvées au sein des Soritinae : il existerait donc une spécificité de la part des symbiontes à choisir leurs hôtes.

Les phylogénies de ces deux groupes taxonomiques ont été réalisées à partir de l'ADNr 18S pour les Soritinae et la région ITS2 pour les *Symbiodinium*.

L'objectif principal de ce travail est d'étudier la cospéciation entre ces deux groupes. Une estimation de datation moléculaire utilisant des points de calibration fossiles suggère que l'émergence et la diversification de ces deux groupes est concomitante.

Cependant, le grand nombre de souches rendait nécessaire de définir en leur sein les espèces potentielles. Cela a été réalisé à l'aide de trois techniques de délimitation d'espèces. Pour tester l'hypothèse de cospéciation, nous avons appliqué deux types d'analyses cophylogénétiques sur nos jeux de données : les méthodes mesurant la congruence globale entre les deux phylogénies et les méthodes cherchant à reconstruire des scénarios évolutifs.

Ces analyses nous montrent que, dans le cas seulement d'une méthode de délimitation, les phylogénies des hôtes et des symbiontes sont globalement congruentes, sans qu'il soit possible de proposer un scénario cophylogénétique clair.

Une analyse plus fine indique la présence de congruences localisées, suggérant que certains clades d'hôtes et de symbiontes s'associent exclusivement entre eux. Ce travail indique que l'histoire évolutive conjointe des *Symbiodinium* et des Soritinae est complexe.



Hansen et al. 2009



<http://www.foraminifera.eu> (photo à droite)

Présentation :

J'ai commencé une thèse le 1er octobre 2017 à l'Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer dans l'équipe INTERMED (INTERActions Marines Evolution et aDaptation) dirigé par Yves Desdevises. Je travaille sur une association constituée de poissons téléostéens du Golfe du Lion et de leurs ectoparasites plathelminthes monogènes.

Les larves de monogènes sont généralement très spécifiques de leurs hôtes et elles les repèrent grâce à des stimuli chimiques émis par le mucus de ces hôtes. La production de molécules contenues dans le mucus serait au moins en partie produite par des microorganismes, présents dans ce mucus.

L'objectif de cette thèse est de comprendre le rôle des bactéries du mucus externe de téléostéens dans la spécificité de leurs ectoparasites monogènes.



5th Young Natural History scientists Meeting

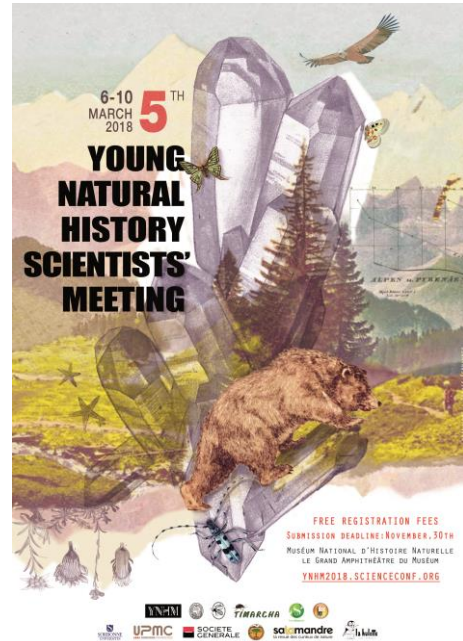
La 5^{ème} édition du YNHM, congrès de jeunes naturalistes organisé par le Bureau des doctorants et Etudiants du Muséum (BDEM), Timarcha (association de jeunes naturalistes), et Symbiose 6 (association des jeunes biologistes de l'UPMC), se tiendra de nouveau au Muséum national d'Histoire naturelle du 6 au 10 mars 2018.

L'ensemble des communications, oraux et posters, en anglais, sera assuré par des étudiants de master, des doctorants et des post-doctorants du monde entier.

Les soumissions sont closes mais il est toujours possible de s'inscrire pour assister aux sessions. La session « Systematics, Evolution and Comparative Anatomy » se tiendra le mardi 6 mars à partir de 14h et sera officiellement parrainée par la SFS.

Pour plus d'information, nous vous invitons à visiter le site officiel :

<https://ynhm2018.sciencesconf.org/>



5th International Palaeontological Congress

L'*international palaeontological congress*, a lieu tous les quatre ans à travers le monde (2002 en Australie, 2006 en Chine, 2010 au Royaume-Uni, 2014 en Argentine).

C'est la France qui a été choisie pour accueillir la 5^{ème} édition de ce congrès majeur de paléontologie, qui se déroulera du **9 au 13 Juillet 2018**.

Pour toute information supplémentaire, rendez-vous sur la page officielle du congrès :

<https://ipc5.sciencesconf.org>





Séverine FOURDRILIS

Thèse

Hyperdiversité de l'ADN mitochondrial et génétique des populations chez la littorine *Melarhaphé neritoides* (Mollusca : Gastropoda)

ULB, IRSNB

Date de soutenance : 28 Juin 2017

Encadrants : Patrick MARDULYN & Thierry BACKELJAN

Cette thèse de doctorat étudie l'évolution de l'ADN mitochondrial (mt) chez le mollusque *Melarhaphé neritoides*. Les travaux de recherche ont permis de quantifier la diversité génétique de l'ADN mt, et d'élucider les forces évolutives façonnant l'évolution de la mitochondrie.

L'ADN mt de *M. neritoides* montre un remarquable degré de polymorphisme nucléotidique neutre ($\pi_{syn} = 6.8 \%$), appelé hyperdiversité au-delà du seuil de 5 %. Cette hyperdiversité reflète la variabilité génétique naturelle, et la borne supérieure de la gamme de valeurs qu'elle peut prendre au sein de l'espèce, et non une variabilité expérimentale lors des amplifications en chaîne de l'ADN par polymérase.

Les recherches ont révélé qu'un taux de mutation extrêmement élevé ($\mu = 5.8 \times 10^{-5}$ par site par an au locus COI), 1000 fois supérieur aux taux rencontrés chez d'autres métazoaires, est probablement la force évolutive majeure générant l'hyperdiversité mitochondriale. En outre, l'hyperdiversité mitochondriale semble plus courante dans de nombreux phyla et plus fréquemment liée à un μ élevé, qu'actuellement appréciée.

La sélection naturelle est une 2^{ème} force influençant l'hyperdiversité mitochondriale. Au niveau intraspécifique, l'évolution de la variation

nucléotidique chez les gènes 16S, COI et Cytb n'est pas neutre, mais sous sélection positive. Au niveau interspécifique, la comparaison entre quatre espèces de littorines a montré que tous les gènes codants du mitogénome sont sous forte sélection purificatrice, de sorte que très peu de changements nucléotidiques induisent des changements d'acides aminés.

La taille efficace de la population de *M. neritoides* estimée en Atlantique Nord-Est sur base des temps de coalescence est étonnement petite ($N_e = 1303$) pour une espèce à dispersion planctonique, probablement biaisée par l'influence de la sélection. En effet, la sélection accélère la fixation des mutations au fil du temps et réduit la diversité globale, et de ce fait, N_e est estimée à partir d'un plus petit nombre d'ascendants. Pour cette raison, N_e n'est pas un indicateur fiable d'hyperdiversité mitochondriale.

La migration est une 3^{ème} force, qui homogénéise le pool génétique de l'espèce au moyen de flux de gènes élevés, majoritairement vers l'Est, et résulte en un taux élevé de connectivité génétique et une panmixie sur tout l'Atlantique Nord-Est.

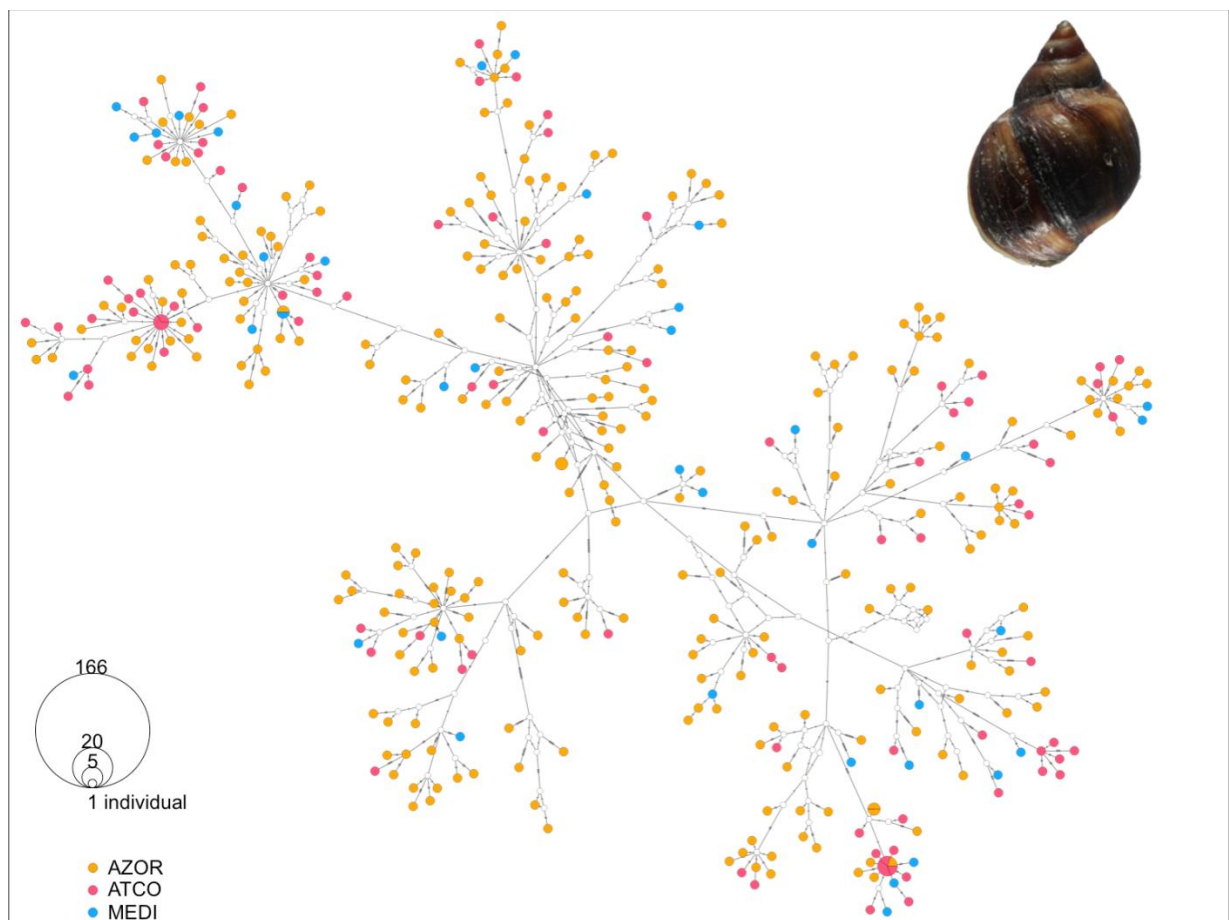
La dérive génétique, 4^{ème} force, est insuffisante chez *M. neritoides* pour baisser le taux de diversité mitochondriale, et les populations ne montrent par conséquent aucune différenciation génétique.

Les travaux de recherche ont également mis en lumière un écueil important relatif à l'usage de marqueurs mt hyperdiverses, également applicable aux marqueurs microsatellites dont la variabilité est très élevée.

De tels marqueurs peuvent mener à des interprétations erronées des statistiques de différenciation génétique et des patterns de connectivité, dû à la sous-représentation des haplotypes partagés causée par un μ élevé. Premièrement, D_{EST} peut atteindre une valeur maximale de 1 sans pour autant traduire une différenciation génétique en termes de fixation des haplotypes ($D_{EST} = 1 \neq \phi_{ST} = 1$), mais ne refléter qu'une différenciation en termes de manque d'haplotypes partagés.

Enfin, le signal de flux de gènes est masqué dans la structure en buisson d'un réseau d'haplotypes.

L'intégralité de la thèse est accessible à l'url <http://hdl.handle.net/2013/ULB-DIPOT:oai:dipot.ulb.ac.be:2013/252992>



Pattern en buisson représentatif d'un réseau d'haplotypes construit à partir d'ADN mitochondrial hyperdiverse, ici les fragments des gènes 16S, COI et Cytb chez Melarhaphe neritoides. L'origine géographique des haplotypes en Atlantique Nord-Est est codée par 3 couleurs : AZOR, Archipel des Açores – jaune ; ATCO, Façade Atlantique Nord-Est – rose ; MEDI, Mer Méditerranée – bleu. La taille des cercles est proportionnelle au nombre d'individus par haplotype. Très peu d'haplotypes partagés sont observés (1 %), face à une majorité d'haplotypes uniques (99 %).

Marie VERHEYE

Thèse

Systematics, phylogeography and historical biogeography of Eusiroidea (Crustacea, Amphipoda) from the Southern Ocean, with a special focus on the families Epimeriidae and Iphimediidae

Lieu : Salle de Séminaire ISV, Louvain-la-Neuve

Date de soutenance : 28 Août 2017

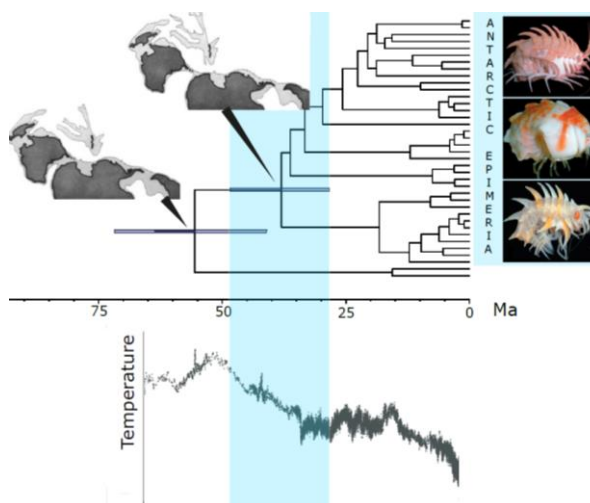
Encadrants : Jérôme MALLEFET & Cédric d'UDEKEM d'ACQZ

Du fait de l'isolement physique et des conditions environnementales extrêmes du plateau continental antarctique, la faune marine benthique de cette région présente de hauts degrés d'endémisme. Elle serait composée à la fois de descendants d'ancêtres gondwaniens, mais également de colonisateurs plus récents.

Les changements extrêmes de température tout au long de l'histoire climatique de la région antarctique ont mené à l'extinction de certaines lignées, tandis que d'autres ont pu s'adapter aux nouvelles conditions et se sont diversifiées. Par l'utilisation de méthodes de phylogénie moléculaire, cette thèse de doctorat vise à contribuer à la compréhension globale des processus évolutifs — extinctions, dispersions et diversifications *in situ* — qui ont façonné la biodiversité et les distributions géographiques actuelles de deux familles d'amphipodes, les Epimeriidae (genre *Epimeria*) et Iphimediidae.

Premièrement, la systématique de la superfamille incluant potentiellement ces deux familles modèles, Eusiroidea, est révisée. Ensuite, la diversité spécifique au sein du genre *Epimeria* est réévaluée par une combinaison de méthodes de délimitation d'espèces basées sur l'ADN et de descriptions morphologiques, pour ensuite redéfinir les distributions géographiques des espèces.

Finalement, l'origine des lignées antarctiques, d'éventuelles dispersions dans et en dehors d'Antarctique et les patterns de diversifications *in situ* au sein des deux familles modèles sont inférés sur base de phylogénies calibrées dans le temps.



Evolution d'un complexe d'espèces *Epimeria* en Antarctique

L'étude systématique des Eusiroidea démontre que des espèces appartenant à au moins 14 familles différentes, y compris les Epimeriidae et Iphimediidae, devraient être incluses dans une superfamille monophylétique. Cette étude démontre que la richesse spécifique au sein d'*Epimeria* est grandement sous-estimée. En effet, la plupart des espèces nominales seraient en réalité des complexes d'espèces pseudocryptiques à distribution géographique restreinte.

La monophylie des *Epimeria* antarctiques d'une part, et des Iphimediidae (sub-)antarctiques d'autre part, suggère que ces deux lignées ont évolué en isolement depuis leurs origines. Elles descendraient directement d'ancêtres gondwaniens et n'auraient donc pas colonisé la région antarctique après sa séparation des autres fragments du Gondwana.

De plus, la diversification initiale de ces deux clades serait liée au refroidissement progressif de la région antarctique.

**Etude microtomographique de l'endocrâne de reptiles marins
(Plesiosauria et Mosasauroida) du Turonien (Crétacé supérieur) du
Maroc : implications paléobiologiques et comportementales**

Lieu : **Amphithéâtre de paléontologie, MNHN,
Paris**

Date de soutenance : **21 novembre 2017**

Encadrantes : **Nathalie BARDET, Peggy
VINCENT & Alexandra HOUSSAYE**

En reflétant une image plus ou moins fidèle du cerveau, l'endocrâne permet d'accéder au système nerveux des espèces fossiles. À partir de spécimens exceptionnellement préservés de mosasaures (Squamata) et de plésiosaures (Sauropterygia), provenant des affleurements turoniens de Goulmima (sud du Maroc), ce travail a pour but de décrire pour la première fois en détail l'anatomie endocrânienne de ces deux grands clades de reptiles marins du Mésozoïque.

Cette étude a pour but d'inférer leurs capacités sensorielles permettant de comprendre leur cohabitation, leurs interactions et leur position au sein du réseau trophique. L'anatomie endocrânienne des squamates actuels, principalement des serpents mais aussi des varans et des amphibènes, presque inconnus jusqu'à présent, a également été étudiée à des fins comparatives afin d'analyser les relations forme-fonction associées aux endocrânes.

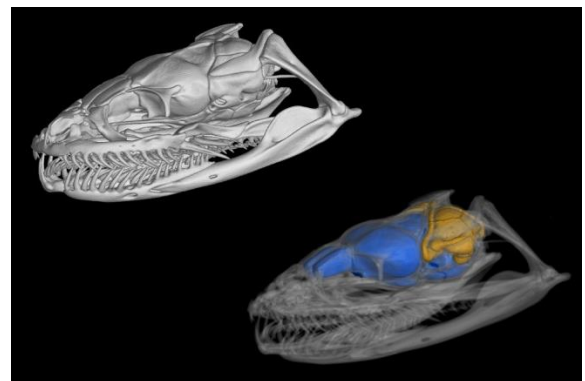
La variabilité morphologique de l'endocrâne chez les squamates actuels démontre un signal phylogénétique mais également écologique. De plus, la taille relative de chaque structure endocrânienne révèle des différences de vision et d'olfaction selon les espèces.

Parmi les taxons fossiles, la microtomographie a été utilisée pour reconstituer en détail la morphologie crânienne de trois nouveaux spécimens de plésiosaures.

Deux de ces spécimens ont été assignés à l'élasmosaure *Libonectes morgani* et le troisième à un polycotyliidé indéterminé. La morphologie 3D de l'endocrâne a été reconstruite pour ces spécimens ainsi que pour le mosasaure basal *Tethysaurus nopcsai*. La morphologie endocrânienne des plésiosaures diffère de celles retrouvées chez les vertébrés éteints et actuels.

En se basant sur la taille relative des structures composant leurs endocrânes, le mosasaure *Tethysaurus* et les plésiosaures semblent davantage utiliser la vision que l'olfaction pour interagir avec leur environnement.

Ces nouvelles données endocrâniennes, ajoutées aux informations déjà disponibles dans la littérature, suggèrent différents modes de locomotion et techniques de chasse, ce qui leur a probablement permis de coexister à Goulmima en tant que prédateurs.



Crâne, endocrâne et oreille interne de serpent

Valentin RINEAU

Thèse

Un nouveau regard cladistique sur l'anatomie comparée, la phylogénie, la systématique et la paléoécologie des rudistes (Bivalvia, Hippuritida)

Lieu : **Amphithéâtre de paléontologie, MNHN, Paris**

Date de soutenance : **29 novembre 2017**

Encadrant : **Loïc Villier**

Les rudistes bivalves forment un groupe monophylétique qui s'étend dans le registre fossile de 160 à 66 millions d'années. L'objectif de cette thèse est de porter un nouveau regard sur l'histoire évolutive de ce groupe dans le cadre de la théorie cladistique.

Dans une première partie sont posées les bases théoriques, méthodologiques et techniques de l'analyse à trois éléments. Le concept de triplet permet de proposer des arguments sur la pertinence des arbres consensus.

La méthode d'analyse à trois éléments est ensuite comparée à la méthode de parcimonie grâce à des arguments théoriques et

méthodologiques, ainsi que par des simulations basées sur des modèles d'évolution.

Dans une seconde partie, nous appliquons la théorie et la méthode à la reconstruction de l'histoire des rudistes. Le genre *Ichthyosarcolites* est révisé, et des analyses statistiques permettent de tester la pertinence des hypothèses d'homologie basées sur la forme de la coquille.

Les hypothèses d'homologie sont revues et de nouveaux caractères basés sur les myophores et les canaux palléaux sont formalisés pour l'ensemble des Hippuritida. La nouvelle phylogénie qui en découle est cohérente avec l'âge géologique et permet de raffiner l'histoire évolutive des rudistes au Crétacé.

L'étude de couches Cénomaniennes du Bassin Sud-Provençal (Var, France) nous permettent de faire un lien entre l'histoire de la diversification des rudistes et leur paléoécologie.



Reconstitution d'un récif de rudistes

Morphologie et fonction des canaux semi-circulaires de l'oreille interne des mammifères souterrains

Lieu : **Amphithéâtre de paléontologie, MNHN, Paris**

Date de soutenance : **30 novembre 2017**

Encadrants : **Stéphane PEIGNE, Sandrine LADEVEZE & Damien GERMAIN**

En paléontologie, déterminer l'écologie des animaux éteints est une aspiration constante pour comprendre l'évolution des espèces dans le temps. Toutefois, les fossiles, par leur nature et leur contexte, ne fournissent que des informations partielles quant à leur biologie et leur mode de vie.

L'essor des technologies de radiographie 3D, telles que la microtomographie à rayons X et la lumière synchrotron, permettent aujourd'hui d'accéder à de nouvelles structures anatomiques précédemment inaccessibles qui apportent des arguments clés pour inférer des modes de vies passés.

Par exemple, l'oreille interne, organe sensoriel qui gère l'équilibre, les mouvements de la tête et l'orientation spatiale, représente une structure anatomique cruciale pour reconstruire la façon dont les animaux vivaient.

Ainsi, dans la continuité des travaux d'Anatomie Comparée de Georges Cuvier et bénéficiant des techniques modernes, j'ai mis virtuellement à jour l'oreille interne et le crâne de la Sarigue de Montmartre, un spécimen historique du Muséum national d'Histoire naturelle.

L'étude de l'oreille interne et son lien avec la perception de l'environnement a mené à un résultat allant à l'encontre des études jusqu'alors publiées : la morphologie de l'oreille

interne ne peut pas être utilisée comme un proxy du mode de vie ou de la locomotion de l'animal. Le mode de vie de cet emblématique animal reste donc pour l'instant incertain.

Ce résultat singulier vis-à-vis des travaux précédents m'a incité à élargir mes investigations vers des écologies plus extrêmes, comme la vie sous terre, qui impliquent des paramètres physiques et environnementaux plus contraignants pour l'animal.

Je me suis intéressée aux mammifères souterrains (taupes) qui montrent des adaptations très poussées et acquises indépendamment dans cinq groupes (marsupiaux, xénarthres, eulipotyphles, afrothères, rongeurs).

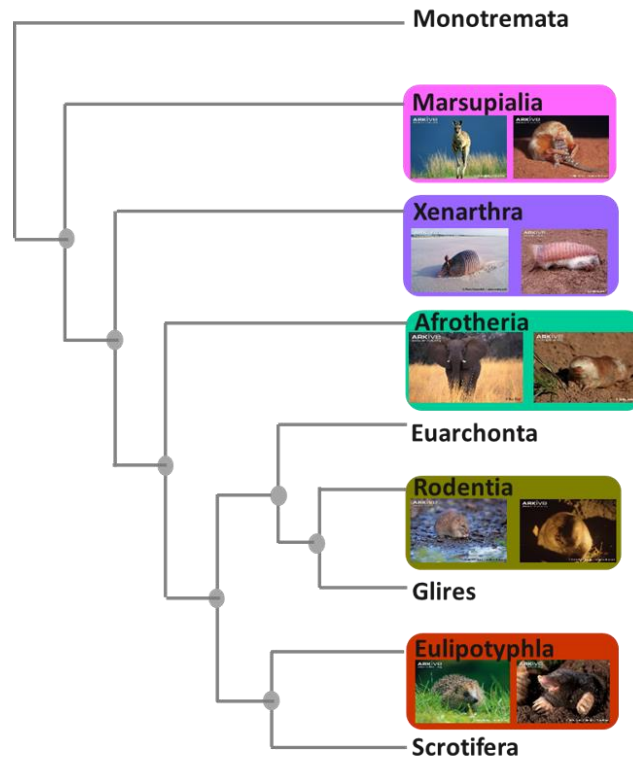
Les analyses statistiques de la morphologie de l'oreille interne montrent, contre toute attente, qu'il n'y a pas de caractéristiques anatomiques liées au mode de vie souterrain.

Toutefois, grâce à des données inédites des tissus mous de l'oreille interne issues de la lumière Synchrotron, j'ai pu calculer des paramètres fonctionnels qui traduisent les mouvements de la tête de l'animal. J'ai pu mettre en évidence que ces paramètres distinguent clairement les mammifères souterrains des non-souterrains, et que des morphologies différentes peuvent fournir les mêmes fonctions pour l'oreille interne.

Mon travail met en lumière une nouvelle adaptation convergente à l'échelle des mammifères : les taupes ont une plus grande sensibilité de détection des mouvements de la tête et donc une meilleure orientation spatiale, ce qui compense la perte de la vue.

La direction future de mes recherches sera d'appliquer ces résultats aux animaux fossiles. Replacés dans un contexte évolutif et temporel, mes travaux permettront de préciser

l'importance du mode de vie souterrain dans l'histoire des mammifères, en particulier au passage des grandes crises biologiques.



Reconstructions 3D d'oreilles internes de « taupes » actuelles

Lucie BAURET

Thèse

Dynamique de formation d'un point chaud de diversité : l'exemple des fougères de Madagascar

Lieu : **Amphithéâtre Rouelle, MNHN, Paris**
Date de soutenance : **05 décembre 2017**

Encadrants : **Marc-André SELOSSE, Germain ROUHAN & Myriam GAUDEL**

Madagascar est une île continentale de l'Océan Indien, au large de l'Afrique. C'est également un point chaud de biodiversité, hébergeant plus de 12 000 espèces de plantes vasculaires, dont plus de 600 espèces de fougères caractérisées par un endémisme dépassant les 45%. L'Afrique continentale n'héberge en comparaison que 800 espèces.

Comment peut-on expliquer une telle concentration de biodiversité à Madagascar ? Quelles sont les origines biogéographiques des fougères malgaches ? L'apport de nouvelles données et la littérature préexistante permettent de proposer ici des hypothèses sur l'histoire biogéographique des fougères de Madagascar.

Quatre groupes de fougères ont fait l'objet d'une étude biogéographique : les sous-familles de fougères grammitides et blechnoides, les genres *Rumohra* et *Lindsaea-Odontosoria*, ainsi qu'un genre de lycophytes, *Phlegmariurus*, représentant un réplica phylogénétique dans une autre lignée de plantes vasculaires à spores.

L'histoire biogéographique des lignées malgaches au sein de ces groupes a été reconstruite, à partir de phylogénies moléculaires mondiales complétées par les espèces malgaches, de datations moléculaires, ainsi que de l'estimation des aires ancestrales.

Bien que Madagascar soit d'origine ancienne, gondwanienne, les résultats des analyses biogéographiques montrent que les fougères et les lycophytes auraient colonisé Madagascar après son isolement, durant le Cénozoïque (< 66 Ma), depuis les néotropiques (Amérique du Sud), l'Afrique et l'Asie tropicale (au sens large, incluant l'Asie continentale et le sud-est asiatique jusqu'en Australasie).

En particulier, de nombreuses dispersions ont été observées à partir du Miocène (< 23 Ma). Ces résultats seraient expliqués par une combinaison d'événements au Cénozoïque (formation des forêts tropicales humides Malgaches, formation de courants éoliens permettant la dispersion par spores) et des préférences écologiques des fougères et des lycophytes pour les forêts tropicales humides d'altitude, s'étant formées à partir du Miocène dans les régions sources.



Moranopteris sp. nov. (crédits : L. Bauret)

Malcolm SANDERS

Thèse

Chronologie de la diversification des Bursidae (Gastropoda Tonnoidea)

Lieu : Auditorium de la Grande Galerie de l'Evolution, MNHN, Paris

Date de soutenance : 08 Décembre 2017

Encadrants : Michel LAURIN, Didier MERLE & Nicolas PUILLANDRE

Les Bursidae, Thiele, 1925 sont une petite famille de gastéropodes marins actuels (59 espèces actuelles) aux relations de parentés peu connues. De même, leur registre fossile restait jusqu'il y a peu très obscure, avec une origine pouvant varier entre l'Aptien (~ 125 Ma) et le Bartonien (~40 Ma).

Fortement ornementés et potentiellement porteurs de nombreux caractères conchiliologiques, les Bursidae sont un bon modèle pour confronter les données morphologiques et moléculaires.

Dans une première partie, tous les fossiles connus dans la littérature ont été réévalués afin de redéfinir les limites taxonomiques de la famille et fournir des points de calibration de bonne qualité pour pouvoir dater les arbres phylogénétiques. Cette révision a entraîné la description de deux nouveaux genres fossiles.

Une seconde partie a été consacrée aux approches moléculaires d'exploration de la biodiversité des Bursidae. La première à être mise en œuvre est celle de la taxonomie intégrative, basée sur le séquençage du gène *cox-1* et sur une analyse formalisée des caractères de la coquille. Elle a permis de réviser les limites d'espèces au sein de la famille, et en particulier au sein du genre *Dulcerana* (ancien complexe *Bursa granularis*).

Cette approche a été suivie d'une approche de reconstruction phylogénétique, basée en partie sur des mitogénomes complets, dans le but de clarifier les relations de parentés entre les taxons de Bursidae. Cette phylogénie a servi de base à l'élaboration d'une nouvelle

classification de la famille, avec la résurrection de cinq genres et la description d'un nouveau.

Une analyse phylogénétique datée utilisant 21 points de calibrations a ensuite été réalisée. Par comparaison avec les courbes climatiques, une corrélation des événements de diversification avec des périodes d'extrêmes thermiques a été mise en évidence.

Enfin, les caractères morpho-anatomiques (principalement liés à la coquille) ont été utilisés pour reconstruire une phylogénie de la famille. Même si elle ne contredit pas la phylogénie moléculaire, cette phylogénie s'est révélée peu résolue.

Une des particularités du travail effectué réside dans le dialogue permanent entre les approches morphologiques et moléculaires et entre l'étude des taxons fossiles et récents. A chaque étape du travail, les hypothèses taxonomiques issues des analyses moléculaires ont permises de réinterpréter les caractères morphologiques, notamment en modifiant les hypothèses d'homologies primaires.

Inversement, les approches morphologiques, notamment sur les fossiles, ont permis de renforcer les hypothèses issues des analyses moléculaires et de proposer une phylogénie datée basée sur une analyse robuste de la diversité des fossiles de Bursidae.



Coquilles de Bursidae



Lecture

Aubert, D. (2017) A simple parsimony-based approach to assess ancestor-descendant relationships.

Ukrainian Botanical Journal, 74 (2), 103–121.

par Paul CHATELAIN

Don Quichotte contre le vent

Paru cette année dans une revue moins connue que beaucoup d'autres, cet article de Damien Aubert, semble réveiller d'anciens débats de la systématique, pour de nouvelles perspectives.

Nous tenterons d'en résumer simplement les grandes lignes, en espérant par-là inciter les lecteurs du Bulletin à le consulter pour se forger leur propre opinion.

Le point de vue initial de l'article relève d'une insatisfaction ; à savoir : l'impossibilité de lire, telles quelles, des relations d'ancêtre-descendant sur un cladogramme. L'auteur distingue deux types de relations de parenté : les relations d'ancêtre-descendant (ADRs) et les relations de groupes frères (SGRs).

Les premières, jugées plus « réalistes » que les secondes – celles-ci désignées comme abstraites ou « fausses » en tant qu'elles introduisent (selon une certaine interprétation procédurale) une troisième espèce, non observée, ancêtre *ad hoc* virtuel [sic.].

Ce jeu ambigu sur l'ambiguïté des interprétations cladistiques contradictoires, soutenu par une interprétation particulière de la généalogie darwinienne, amène l'auteur à proposer une solution permettant de transformer ces patrons de branchements forcés ou artificiels (censés déformer l'image de l'évolution) en arbre phylogénétique véritable [sic.] : les caulogrammes ; et ce par l'identification des espèces ancestrales présentes dans l'échantillonnage taxonomique.

Parallèlement à cette procédure (analyse dite post-cladistique), une méthode bayésienne d'estimation de la fiabilité des

caractères est proposée : pour les cladogrammes et pour les caulogrammes.

Ce travail s'appuie sur celui de Richard Zander, et reprend pour application l'un de ses jeux de données sur le genre *Didymodon sensu lato* (Bryopsida, Pottiaceae). Toutes les étapes pour le réaliser sous le logiciel PAUP* sont explicitées.

Réinterprétation bayésianiste des valeurs de soutien (CI + Bremer).

Les longueurs de branches sont révisées en fonction de la fiabilité des caractères. Plus une branche contient de transformations labiles, plus elle sera courte ; autrement dit, la longueur ainsi considérée devient le degré de croyance conféré au nœud lui-même (exprimé en decibans, 13 dB correspondant à une probabilité de 0.952). Les branches considérées nulles (>13dB) sont effondrées.

Analyse post-cladistique (des cladogrammes au caulogramme) : reconstruction des ADRs.

La longueur de l'arbre, duquel a été supprimée une branche terminale (l'espèce concernée remplaçant ainsi le nœud interne immédiatement plus inclusif, qui la contenait), est comparée à celle du consensus strict effectué sur les arbres voisins (<13dB) de l'arbre le plus parcimonieux.

Si le score est amélioré, l'ADR n'est pas rejetée. Les ADRs (non rejetées) de coût minimal sont retenues. Ces dernières sont résumées graphiquement par un commagramme.

Conclusions et perspectives.

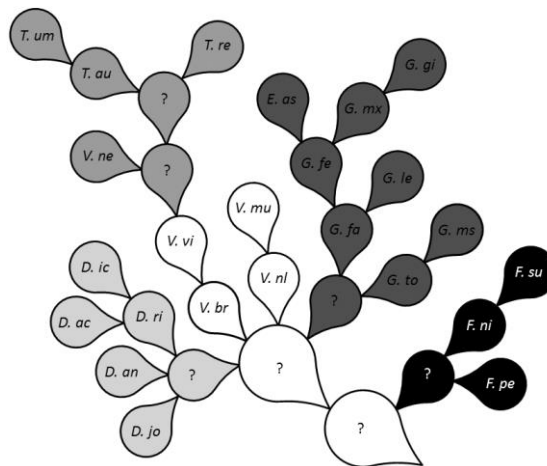
A partir de ces analyses (à 25 espèces actuelles et 42 caractères morphologiques), 10 espèces ancestrales présentes dans l'échantillonnage taxonomique sont identifiées (12 ADRs non rejetées).

En somme, le commagramme final se veut donc [par rapport au cladogramme] un résumé de l'évolution des espèces concernées, plus réaliste, fidèle au processus naturel de transformation, fondamental, véritable, précis, testable, utile, informatif, intuitif, post-cladistique (opérationnellement, méthodologiquement, théoriquement, épistémologiquement, philosophiquement) et aussi éclectique que possible, super-parcimonieux, bayes-compatible, et enfin prometteur.

L'auteur propose également certaines suggestions relatives à de futures analyses phylogénétiques, et parsème son propos de fermes prises de position sur différents aspects du *cladisme* [sic].

Avis personnel

Malgré une lecture amère (probablement due à une construction singulière et aux points de vue que nous ne partageons pas), nous ne saurions que la recommander !



Exemple de commagramme (Aubert 2017, Fig.6)

Si vous aussi vous souhaitez partager de récentes lectures ou exposer votre opinion sur une thématique liée à la systématique, n'hésitez pas à faire vivre cette rubrique en envoyant vos textes à Guillaume Cousin, à l'adresse suivante :

cousin_guillaume@sfr.fr



E-systematica est un projet participatif qui a pour but de répertorier dans une encyclopédie de référence les concepts fondamentaux de la systématique dans toute la diversité de ses courants de pensée.

Le projet est né de la volonté de la Société Française de Systématique de promouvoir l'étude scientifique des organismes et des taxons dans leur diversité, leur évolution dans l'espace et le temps et des classifications traduisant leurs relations mutuelles.

En tant qu'encyclopédie participative, e-systematica permet d'encourager les échanges d'informations et de faciliter les rapports entre systématiciens de toutes les spécialités des sciences naturelles.

Elle vise également à la diffusion des connaissances et à la promotion de la systématique dans ses aspects théoriques et pratiques au sein de la recherche et de l'enseignement.

Chaque article est rédigé par un expert, spécialiste du domaine traité.

Les objets des définitions de ces articles ne concernent que les concepts de la systématique (et non pas de descriptions de taxons ou de leur phylogénies).

Chaque concept (ex: espèce) peut se voir octroyer plusieurs articles rédigés par différents auteurs, ceci dans le but d'illustrer le plus fidèlement la richesse et la diversité des écoles de pensée en systématique.

E-systematica se fixe comme but de proposer des articles de référence adaptés à des professionnels et des étudiants travaillant dans le domaine de la systématique, ainsi qu'aux amateurs.

Toute entrée soumise doit donc être académique, rédigée de façon professionnelle, mais en même temps accessible au plus grand nombre.

Ce faisant, un résumé est imposé aux auteurs, permettant d'introduire le sujet par un ou deux paragraphe(s) simple(s), traitant des idées générales sur le sujet, de sorte que le lecteur puisse avoir une idée de ce qui va suivre.

Le texte peut ensuite naturellement se complexifier et s'adresser à des lecteurs plus expérimentés.

Retrouvez e-Systematica sur le site

<https://e-systematica.org>





Les Éditions Matériologiques (Publications en sciences, histoire et philosophie des sciences) ont vu le jour en 2010. Cette maison d'édition se consacre principalement à des ouvrages traitant de sciences et d'épistémologie, deux domaines indissociables. Les Éditions Matériologiques publient des œuvres scientifiques et philosophiques inscrites dans les courants de pensée qualifiés de naturaliste et de matérialiste.

L'ambition affichée par les Éditions Matériologiques est de proposer aux lecteurs des ouvrages de haut niveau, équivalents à ceux publiés par les éditeurs anglo-saxons bien connus des milieux de la recherche à la fois pour leur acuité... et leurs prix exorbitants, mais en s'affranchissant de l'obstacle de la langue anglaise et ce, à des prix décents. Tous les ouvrages (livres et revues) sont disponibles aussi bien en papier qu'en livres électroniques (eBook PDF et/ou ePub)

Je ne saurais trop vous conseiller de visiter leur nouveau site, encore plus clair, plus pratique, plus agréable à utiliser, et qui met davantage en valeur les livres et les revues.

Effectivement puisque depuis quelques années ce sont les **Éditions Matériologiques** qui publient les **Biosystema** et ont même entrepris la réédition des anciens numéros (dont plusieurs étaient épuisés).

Cinq *Biosystema* sont actuellement disponibles :

Biosystema n°30 (2015) « L'arbre du vivant, trente ans de systématique »

Sous la direction de Patrick Martin, Sophie Nadot & Christophe Daugeron
20 € papier (9,99 € eBook pdf)

Biosystema n°29 (2014) « Analyse cladistique : le débat Mayr-Hennig de 1974 »

Sous la direction de Martin S. Fischer & Pascal Tassy
16 € papier (9,99 € eBook pdf)

Biosystema n°27 (2010, réédition 2014)

« Systématique et comportement »

Sous la direction de Pierre Deleporte & Philippe Grandcolas

18 € papier (11,99 € eBook pdf)

Biosystema n°24 (2005, réédition 2014)

« Philosophie de la systématique »

Sous la direction de Pierre Deleporte & Guillaume Lecointre

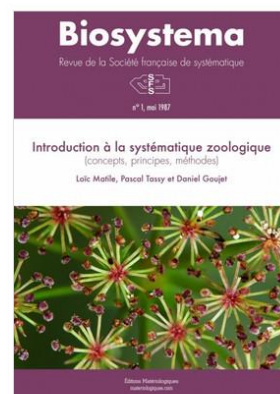
21 € papier (12,99 € eBook pdf)

Biosystema, n°1 (1987, réédition 2013)

« Introduction à la systématique zoologique »

16 € papier (9,99 € eBook pdf)

Site : www.materiologiques.com



Ajouter au panier



Ce volume de *Biosystema* est particulier. En effet, il est le trentième numéro d'une série entamée en 1987, c'est-à-dire il y a près de trente ans, et il consacre, précisément, les trente ans d'existence de la Société française de systématique.

Pour fêter cet anniversaire particulier, la SFS a articulé ses journées annuelles de novembre 2014 autour du thème de l'arbre du vivant, pris comme une métaphore décrivant les relations entre tous les êtres vivants sur Terre, dans un contexte évolutif. Par le biais de communications balayant l'ensemble du vivant, sous des angles très variés mais incluant presque toujours une approche phylogénétique, ces journées ont démontré, s'il en était besoin, le rôle central de la systématique dans la façon d'aborder l'histoire évolutive des organismes. Elles ont rassemblé un public nombreux et ont suscité des discussions animées, des débats parfois vifs autour des concepts associés à la systématique, mais, surtout, un enthousiasme bien présent.

Le présent volume entend partager et prolonger cet état d'esprit, en présentant une sélection des communications présentées au cours de ces journées. Le lecteur pourra apprécier les avancées, parfois spectaculaires, dans la connaissance de la phylogénie et/ou l'origine de taxons précis sur les trente dernières années.

Table des matières :

- Les trente ans de la Société française de systématique, par Patrick Martin, Sophie Nadot et Christophe Daugeron (7)
- Discours d'introduction aux Journées de la Société française de systématique, par Daniel Goujet (11)
- La phylogénie des téléostéens : un chantier des méthodes en systématique, par Donald Davesne et Guillaume Lecointre (13)
- L'origine des oiseaux, hier et aujourd'hui : petit retour historique sur un changement de paradigme, par Armand de Ricqlès (33)
- L'arbre du vivant : classification phylogénétique des Annélides, par Patrick Martin (49)
- Un aperçu de la phylogénie des oiseaux, par Alice Cibois et Jérôme Fuchs (69)
- La phylogénie des proboscidiens (Mammalia) ; une question de méthode, par Pascal Tassy (81)
- Phylogénie et classification : concepts, méthodologie générale et postulats requis, par Pierre Deleporte (99)
- « Arbori-culture » : une typologie des « arbres » dans la culture phylogénétique, par Guillaume Lecointre (113)
- Les deux biogéographies : biogéographie historique vs histoire géographique, par René Zaragüeta i Bagils (133)
- Les paléanthropologues sont-ils en meilleure position que les autres pour se permettre d'ignorer les règles de la systématique ? Un bref historique, par Valéry Zeitoun (155)
- Conception et réalisation d'une exposition permanente consacrée à l'arbre du vivant, par Pierre Pénicaud (173)

Prix livre papier : 20 €

Prix eBook PDF : 9,99 €

Un dossier de presse est disponible sur le site SFS.



ADHESION



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.

LA COTISATION ANNUELLE EST FIXÉE À 20 € PAYABLES PAR CHÈQUE BANCAIRE OU VIREMENT À L'ORDRE DE LA SOCIÉTÉ

DEMANDE D'ADHÉSION

Chèques à envoyer à la trésorière, Dr Véronique Barriel,
Case Postale 38, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05 (France)

Établissement : 20041 **Guichet :** 00001 **No de compte :** 0736780D020 **Clé RIB :** 28

IBAN : FR61 2004 1000 0107 3678 0D02 028

BIC : PSSTFRPPPAR

Titulaire : STE Française de Systématique, 57 rue Cuvier, 75005 Paris
Domiciliation : La Banque Postale – Centre de Paris, 75900 Paris cedex 15 France

NOM : PRÉNOMS :

DATE DE NAISSANCE :

ADRESSE PERSONNELLE :

ADRESSE PROFESSIONNELLE :

STATUT EN SYSTÉMATIQUE :

SPÉCIALITÉ ET CENTRE D'INTÉRÊT :

TEL. PROF. : TEL. PERS :

COURRIER ELECTR. :



COTISATION



Nous vous remercions de bien vouloir vous acquitter de votre cotisation 2018.

Pour l'année 2018, le montant de la cotisation s'élève à **20 €** payables par **chèque bancaire** ou **virement** à l'ordre de la Société Française de Systématique

CHEQUES

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 trésorerie 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.

✂

RENOUVELLEMENT DE COTISATION - ANNÉE 2018

Je règle ce jour ma cotisation (préciser l'année)..... **20 €**

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, Véronique Barriel, Case Postale 38, 57 rue Cuvier, 75231 Paris Cedex 05 (CCP 7-367-80 D PARIS)**

VIREMENTS

Coordonnées bancaires:

Établissement : 20041 **Guichet :** 00001

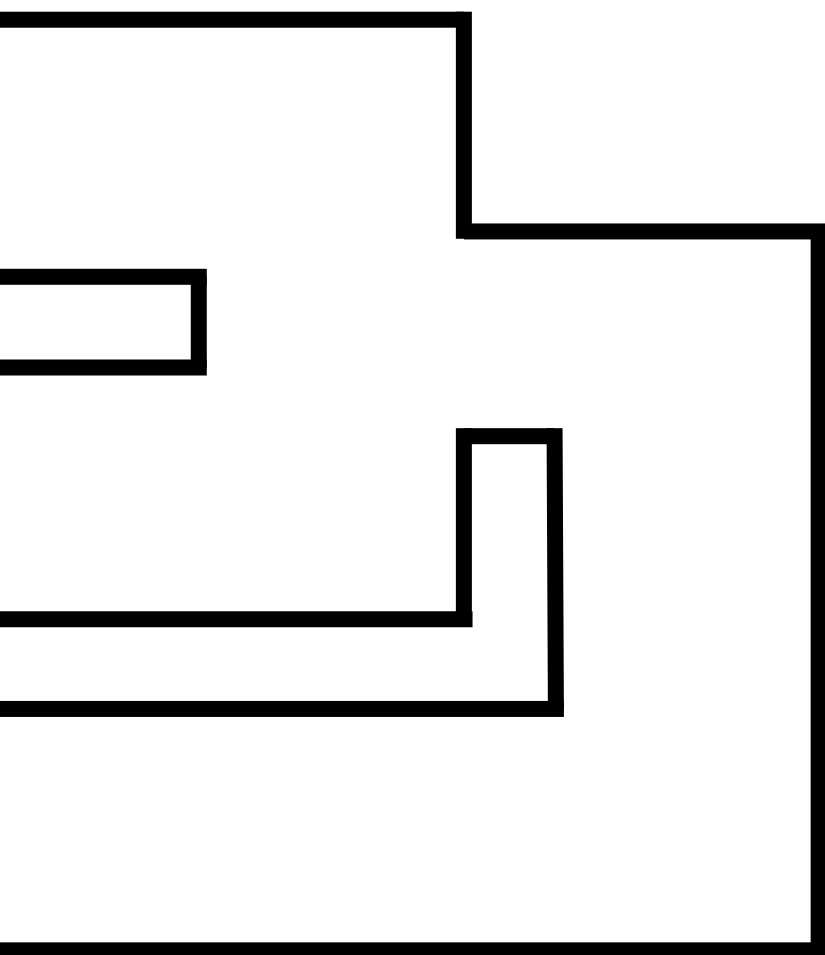
No de compte : 0736780D020 **Clé RIB :** 28

IBAN : FR61 2004 1000 0107 3678 0D02 028

BIC : PSSTRPPPAR

Titulaire : STE Française de Systématique, 57 rue Cuvier, 75005 Paris

Domiciliation : La Banque Postale – Centre de Paris, 75900 Paris cedex 15 France



ISSN 1240-3253