



Journées d'automne 2014 de la SFS

L'Arbre du Vivant, 30 ans de Systématique

26 - 28 novembre 2014
Grand amphithéâtre d'entomologie
Muséum National d'Histoire Naturelle
75005 Paris

PROGRAMME

Mercredi 26 novembre

- 09h15 Accueil des participants
09h45 Introduction aux journées – Thierry Bourgoin + Daniel Goujet (MNHN)

L'arbre de la vie : Métazoaires (1^{ère} partie)

- 10h00 (26-1) Donald Davesne et Guillaume Lecointre (UMR 7207 ; UMR 7205 CNRS-MNHN-UPMC-EPHE). **La phylogénie des téléostéens.**
10h30 (26-2) Michel Laurin (CR2P, CNRS/MNHN/UPMC). **Origine des lissamphibiens: une revue avec emphase sur les données évo-dévo.**
11h00 (26-3) Lucas J. Legendre et al. (UPMC). **Palaeohistological evidence for ancestral endothermy in archosaurs.**
11h30 (26-4) Armand de Ricqlès (UPMC). **L'origine des oiseaux, hier et aujourd'hui : petit retour historique sur un changement de paradigme.**

L'arbre de la vie : communications libres

- 12h00 (26-5) Pierre Pénicaud (MNHN), **Conception et réalisation d'une exposition permanente consacrée à l'arbre du vivant.**
12h30 (26-6) Thibaut de Meulemeester (Naturalis, Pays-Bas). **Morphometrics in bee paleontology, challenges and new technologies**
13h00 Déjeuner libre
14h30 (26-7) Alice Cibois et Jérôme Fuchs (MHN, Suisse ; MNHN). **Phylogénie des oiseaux.**
15h00 (26-8) Pascal Tassy (MNHN),. **La phylogénie des proboscidiens (Mammalia) ; une question de méthode.**
15h30 (26-9) Valéry Zeitoun (CNRS-UPMC-MNHN). **Are Palaeoanthropologists in a better position than others to ignore the rules? A review.**
16h00 Pause

L'arbre de la vie : Plantae

- 16h30 (26-10) Valéry Malécot (Agrocampus Ouest-INRA-Université d'Angers). **30 ans de phylogénie des végétaux.**
17h00 (26-11) Laetitia Carrive (Université Paris Sud). **Perianth evolution in Magnoliidae (Angiospermae): is there a link between phyllotaxis and fusion?**

- 17h30 Marc Silberstein (Editions Matériologiques) et Pascal Tassy (MNHN). Présentation des rééditions de la revue « Biosystema » et du nouveau numéro 29/2014 : Tassy P. & Martin S. Fischer. **Analyse cladistique : le débat Mayr-Hennig de 1974.**
- 17h45 fin de la 1ère journée

Jeudi 27 novembre

L'arbre de la vie : aspects théoriques et méthodologiques de la systématique

- 09h00 (27-1) David Dumoulin Kervran (Univ. Sorbonne Nouvelle IHEAL/CREDA) et Guillaume Ollivier (INRA, UR Ecodéveloppement). **Comment peut-on être systématicien ? Faire exister une communauté scientifique : le cas français dans la dynamique internationale.**
- 09h30 (27-2) Pierre Deleporte (UMR 6552 CNRS-Université de Rennes 1). **Phylogénie et systématique phylogénétique : ce que c'est, ce que ce n'est pas, et quels sont les postulats requis ?**
- 10h00 (27-3) Guillaume Lecointre (MNHN). **Une typologie des arbres du vivant.**
- 10h30 Pause
- 11h00 (27-4) Marie Fisler (MNHN). **La métaphore de l'arbre pour l'Histoire des sciences naturelles.**
- 11h30 (27-5) Valentin Rineau, René Zaragüeta (UPMC). **L'arbre qui montre la forêt.**
- 12h00 (27-6) René Zaragüeta (UPMC). **Les deux biogéographies.**
- 12h30 (27-7) Mário de Pinna (Univ. São Paulo, Brésil). **Homoplasy, phylogenetic information and hierarchical correlation.**
- 13h00 Déjeuner libre – clôture du vote pour le renouvellement du conseil.
- 14h30 Table ronde : « **Où en est la phylogénétique 30 ans après ?** ». Donald Davesne, Mario de Pinna, Cyrille D'Haese, Hervé Sauquet, Pascal Tassy, Régine Vignes ; modérateur : René Zaragüeta.
- 16h30 Pause
- 17h00 Assemblée Générale de la SFS.

Vendredi 28 novembre

L'arbre de la vie : Eucaryotes et Métazoaires (2^{ème} partie)

- 09h00 (28-1) David Moreira (ESE, Univ. Paris Sud). **Phylogénie des eucaryotes.**
- 09h30 (28-2) Nicolas Bakkouche et Katrine Worsaae (Université de Copenhague, Danemark). **Filling the gaps, at the limits of cryptozoology: Gastrotricha, Micrognathozoa and Lobatocerebrum.**
- 10h00 (28-3) Isabelle Rouget et al. (UPMC). **La phylogénie des Ammonoïdés.**
- 10h30 Remise du prix Jacques Lebbe
- 10h40 Pause
- 11h00 (28-4) Patrick Martin (IRSNB, Belgique). **L'arbre de la vie : classification phylogénétique des Annélides.**
- 11h30 (28-5) Cyrille D'Haese (MNHN). **Démêler la phylogénie des Hexapodes.**
- 12h00 (28-6) Stéphane Boucher et Anne-Marie Dutrillaux (MNHN). **Solidité d'hypothèses de phylogénie, malgré des critères externes perturbants. Exemple des stratégies adaptatives révélées chez des Coléoptères Passalides des Antilles.**
- 12h30 (28-7) Jacek Szwedó (Univ. Gdansk, Pologne). **256 years of research on 330 million of years of the Hemiptera stories.**
- 13h00 Clôture des journées et buffet

Résumés des communications

(26-1) La phylogénie des téléostéens

Donald Davesne (a, b) et Guillaume Lecointre (b)

(a) Centre de Recherche sur la Paléobiodiversité et les Paléoenvironnements, UMR 7207 CNRS/MNHN/UPMC, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris, France

(b) Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité, UMR 7205 CNRS/MNHN/UPMC/EPHE, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris, France

Avec près de 30 000 espèces actuelles connues, les téléostéens concentrent à eux seuls la moitié de la diversité spécifique des vertébrés. Peut-être en raison de cette ampleur, la systématique du groupe est restée sommaire jusqu'à l'avènement de la systématique phylogénétique. Dans les années 1960-70, les téléostéens ont fait office de « laboratoire » de la méthodologie cladistique chez les vertébrés. Ainsi, dans les années 1990, une idée générale de la phylogénie des téléostéens s'était dégagée. Néanmoins, des zones d'ombres ont persisté, en particulier au sein du « buisson terminal » des acanthomorphes (téléostéens à nageoires épineuses), qui représentent presque les deux tiers des téléostéens.

L'avènement de la phylogénie moléculaire dans les années 2000 a donné un nouveau souffle à la systématique téléostéenne. De nombreuses relations inattendues ont été proposées, puis corroborées par des jeux de données divers.

Nous présenterons l'état des lieux de la phylogénie à grande échelle des téléostéens. Quelques zones de l'arbre sont encore mal résolues, comme la base de l'arbre des eutélostéens et des acanthomorphes. Parallèlement, des données anatomiques nouvelles, provenant par exemple des fossiles et des tissus « mous », permettent de corroborer certaines relations soutenues jusque-là uniquement par les données moléculaires. Nous donnerons quelques exemples de ces développements récents.

Mots clés : Acanthomorpha ; Actinopterygii ; phylogénie ; Teleostei

(26-2) Origine des lissamphibiens : une revue avec emphase sur les données evo-devo

Michel Laurin

Sorbonne Universités, CR2P, CNRS/MNHN/UPMC (U. Paris 6), Paris

Jusqu'à très récemment, trois hypothèses principales expliquant l'origine des amphibiens actuels (anoures, urodèles et gymnophiones) coexistaient dans la littérature. Celle stipulant une origine unique au sein des temnospondyles (« Hypothèse Temnospondyle ») prévaut depuis longtemps. Une autre hypothèse ancienne, mais récemment abandonnée par pratiquement tous ses adeptes, stipule une origine multiple, à la fois au sein des temnospondyles (pour les anoures, et dans les versions récentes, les urodèles) et au sein des lépospondyles (pour les gymnophiones, et dans les versions anciennes, les urodèles); c'est l'hypothèse de la polyphylie. La troisième hypothèse, la plus récente, stipule une origine unique au sein des lépospondyles; c'est « l'Hypothèse Lépospondyle ». Divers types de données ont été utilisées pour tenter de départager les hypothèses: morphologiques, moléculaires (par l'intermédiaire de datations) et développementales (par des séquences d'ossifications). Quelques articles ont prétendu que les séquences d'ossification crâniennes du temnospondyle Permo-Carbonifère (300 Ma) Apateon soutenaient la polyphylie. Des réanalyses plus récentes de ces données démontrent qu'il n'en est rien; elles ne départagent pas les hypothèses. Par contre, un jeu de données étendu et de nouvelles méthodes analytiques démontrent que ces données soutiennent « l'Hypothèse Lépospondyle ».

Mots clés : amphibiens; evo-devo, hétérochronie, Paléozoïque, lépospondyles

(26-3) Palaeohistological evidence for ancestral endothermy in archosaurs

Lucas J. Legendre (a,b), Guillaume Guénard (c), Jennifer Botha-Brink (d) et Jorge Cubo (a,b)

(a) Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, UMR 7193, Institut des Sciences de la Terre Paris (iSTeP), F-75005, Paris, France.

(b) CNRS, UMR 7193, Institut des Sciences de la Terre Paris (iSTeP), F-75005, Paris, France.

(c) Département de sciences biologiques, Université de Montréal, CP 6128, Succursale Centre-Ville, Montréal, QC H3C 3J7, Canada.

(d) Karoo Palaeontology, National Museum, Bloemfontein 9300, South Africa, and Department of Zoology and Entomology, University of the Free State, Bloemfontein 9300, South Africa.

Archosaurs are a clade of vertebrates that includes birds, crocodiles, and numerous fossil groups. This clade has been a matter of debate among paleontologists for decades concerning the evolution of thermometabolism in its different lineages. The classical hypothesis considers that only modern birds are truly endotherms (i.e. able to produce their own body heat), whereas all other archosaurs are ectotherms (i.e. relying entirely on the external environment to maintain their body at a high temperature). Bone histology allows the study of several traits linked to thermometabolism, otherwise impossible to estimate on fossil specimens. However, no quantitative estimation of metabolic rate has ever been performed on fossils using bone histological features.

Here we performed statistical predictive modeling in a phylogenetic context using a sample of extant and extinct vertebrates and a set of bone histological features in order to estimate metabolic rates of fossil archosauromorphs. We used the recently published method called Phylogenetic Eigenvector Maps (PEM) to express phylogenetic relationships between species in our sample as independent variables in our models.

Our results show that Mesozoic theropod dinosaurs exhibit metabolic rates very close to those found in modern birds, that archosaurs share an ancestral metabolic rate significantly higher than that of extant ectotherms, and that this derived high metabolic rate was acquired at a much more inclusive level of the phylogenetic tree, among non-archosaurian archosauromorphs. This implies that the last common ancestor of archosaurs was likely an endotherm, and that modern crocodiles became secondarily ectothermic. These preliminary results may be the first step to a better comprehension of metabolic strategies in fossils, and we hope the use of this methodology in several other clades with larger samples will improve our understanding of evolution of metabolic rate in vertebrates.

Mots clés : archosaur; phylogenetic comparative methods; metabolism; bone histology

(26-4) L'origine des oiseaux, hier et aujourd'hui : petit retour historique sur un changement de paradigme

Armand de Ricqlès

Université Pierre et Marie Curie, Campus Jussieu, Paris

Bien qu'une "relation de parenté" entre oiseaux et "reptiles" ait été admise sur des bases anatomiques dès le XIX^{ème} siècle, la nature de ces relations est demeurée assez confuse pendant les deux premiers tiers du XX^{ème} siècle, au moins. La toute puissance du concept Linnéen des grandes Classes de vertébrés a jugulé les esprits de telle sorte qu'en dépit de la description d'*Archaeopteryx* dès 1859 ce fossile a été simplement considéré comme un « missing link » entre Classes, « moitié reptile, moitié oiseau ». Le développement de la connaissance des dinosaures dès les années 1870 avait bien suggéré qu'ils étaient, parmi les reptiles, les plus étroitement apparentés aux oiseaux mais cette idée fut largement abandonnée à partir des années 1920.

Le changement complet d'interprétation intervenu à partir des années 1970 sur cette question ne résulte pas, curieusement, de nouvelles découvertes sur le terrain (celles-ci ne sont venues qu'après!) mais bien d'une remise en cause radicale des principes et modes de pensée de la systématique, intervenue avec l'analyse phylogénétique (cladistique). A l'heure actuelle, il est clair

que les oiseaux sont un groupe de dinosaures théropodes modifiés par diverses adaptations au vol. On passera brièvement en revue diverses étapes et composantes intervenues dans ce changement de paradigme.

(26-5) Conception et réalisation d'une exposition permanente consacrée à l'arbre du vivant

Pierre Pénicaud

Conservateur en chef du patrimoine scientifique, technique et naturel, Directeur-adjoint du Département des Galeries, Muséum national d'Histoire naturelle
Muséum d'histoire naturelle Henri-Lecoq, Ville de Clermont-Ferrand

Cette proposition de présentation orale ne concerne pas un sujet de recherche mais la réalisation d'un projet de diffusion de la culture scientifique.

En 2007, l'équipe scientifique du muséum Henri-Lecoq dont j'étais alors le directeur décide de consacrer une salle des présentations permanentes à la classification phylogénétique du vivant. Pourquoi et comment réalise-t-on un tel projet muséographique dans le contexte d'un muséum d'histoire naturelle en région aux moyens relativement limités ? Mon exposé consistera :

- à replacer ce projet dans le contexte local du musée (présentation du musée, inscription de celui-ci dans le projet scientifique et culturel de l'établissement) ;
- à expliquer la méthodologie et les choix adoptés lors de la conception du projet (comité scientifique, réflexion muséographique, pédagogique, scénographique, sélection des espèces et des spécimens, écriture et validation des textes, graphisme) et sa réalisation ;
- à présenter la salle réalisée ; à présenter le bilan financier, la réception par le public et les difficultés et solutions envisagées.

Mots clés : Muséum, collections, exposition, méthodologie, pédagogie

(26-6) Morphometrics in bee paleontology, challenges and new technologies

Thibaut de Meulemeester

Naturalis Biodiversity Center, Darwinweg 2, 2300RA Leiden, Pays-Bas

Paleontology cannot be considered as an old fashion science. Far from the picture of a paleontologist swamped in a collection of stones, paleontology integrates up-to-date visualization technologies, modern analyses, and shows direct application in different fields in biology. Techniques have been developed during the last decades to allow integration of fossils in evolutionary scenarios (e.g. through phylogeny calibration), but also to overcome limits from analyses based on general morphology. Indeed, taxonomic assignment of fossils can be difficult and dubious because descriptions are often based on a limited number of discrete visible morphological characters. Morphometric analyses can help to assign fossil specimens to current groups, especially when structures such as insect wings provide easily identifiable landmarks that are often observable in the fossil specimens. The recent developments in bee paleontology based on wing geometric morphometrics are presented. In order to propose robust taxonomic hypotheses, similarity of the wing shape of fossils with extant taxa has been assessed. The majority of bee tribes have been sampled allowing assessment of morphological affinities at different taxonomical levels, from families to genera. Amber fossils are analyzed by CT-Scan permitting 3D reconstruction of wings and internal organs. After retro-deformation, even deformed wings can be compared. Next challenges are to improve ancestral shape reconstruction, and to develop more powerful methods for placing fossils along the phylogeny. Paleontological studies are essential to have a clear understanding of the phylogeny, evolution and tempo of diversification and extinction of the living organisms.

(26-7) Phylogénie des oiseaux

Alice Cibois (a) et Jérôme Fuchs (b)

(a) Muséum d'histoire naturelle, Dpt. De Mammalogie et d'Ornithologie, CP 6434, CH 1211 Genève, Suisse

(b) Muséum National d'Histoire Naturelle, Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, UMR 7205, 55 rue Buffon, C.P. 51, 75005 Paris, France.

S'il on juge par le nombre d'espèces relativement modeste (seulement 10'000), et le fait que très peu de nouveaux taxons découverts chaque année, les oiseaux (Classe Aves) peuvent être considérés comme l'un des groupes les plus connus et étudiés. Cependant, la bonne connaissance taxonomique de cet ensemble n'est pas synonyme d'une phylogénie entièrement résolue. Ainsi, une grande partie de l'arbre des oiseaux reste toujours une polytomie même si les nombreuses études moléculaires récentes ont apporté des éléments convergents sur les relations entre certains ordres. La divergence basale entre Palaeognathes (autruches et alliés/tinamous) et Neognathes (tous les autres oiseaux) semble bien établie. De même qu'au sein des Neognathes, la séparation entre Galloanseres (Galliformes et Anseriformes) et le reste des espèces (Neoaves) est acceptée de manière unanime. Peu de relations entre ordres sont cependant bien soutenues au sein des Neoaves. Certaines relations phylogénétiques suggérées par les études moléculaires sont parfois surprenantes du point de vue de la morphologie divergente des groupes (par exemple le clade grèbes/flamants). Dans d'autres cas, c'est une convergence phénotypique qui est mise en évidence par la génétique (par exemple la polyphyly des rapaces diurnes - faucons, aigles et vautours du Nouveau Monde). La monophylie des Passériformes, qui inclut près de la moitié des espèces actuelles d'oiseaux, est soutenue par des caractères morphologiques et moléculaires.

Mots clés : Aves, Phylogénies moléculaires, caractères morphologiques

(26-8) La phylogénie des proboscidiens (Mammalia) ; une question de méthode

Pascal Tassy

Muséum national d'Histoire naturelle, département Histoire de la Terre, UMR7207 (CNRS MNHN UPMC), CP 38, 57 rue Cuvier 75231 Paris Cedex 05,

La phylogénie des proboscidiens peut-être abordée selon deux sources de caractères relevant du domaine des molécules et de celui de la morphologie. Sur le plan moléculaire l'échantillonnage taxinomique est maigre, jusqu'à 6 espèces actuellement. Sur le plan morphologique on reconnaît à peu près 170 espèces depuis 60 millions d'années environ. De ce point de vue paléontologique on montre que l'histoire de la phylogénie des proboscidiens, depuis 1866, se confond avec l'histoire des méthodes phylogénétiques en général.

Mots clés : phylogénie, morphologie molécules méthodes

(26-9) Are Palaeoanthropologists in a better position than others to ignore the rules? A review.

Valéry Zeitoun

UMR 7207 (CR2P), CNRS-Upmc-Mnhn, Sorbonne universités

The conflation and misinterpretation of data, as well as the propagation of half-informed, sensational analyses imply that a palaeoanthropological consensus exists for what essentially amounts to the repetition of conjecture. Following the example of those who considered humans to be outside the animal kingdom, should we now consider palaeoanthropologists to be extraneous to the realm of science?

In the 1960s, palaeoanthropological works focusing on Hominidae taxonomy and nomenclature echoed the former works of Dozhansky (1944) and Mayr (1950). However, nowadays the palaeoanthropological discourse resembles a phylogenetical discussion where palaeoanthropologists no longer appear to use phylogenetical tools and methods, or even to follow systematic rules. This phenomenon was first described by Bonde (1981), whereas the cladist school of thought began to influence some palaeoanthropologists in the 1970s. At that time, debates on diagnoses founded on the total morphological pattern were replaced by discussions on the value and the polarity of the observed traits. In this way, authors were influenced by cladistics proposing lists of specifically human characteristics based on their discussion of exclusive derived characters, then provided presentations of cladograms. Nevertheless, discussions focusing on the lack of unequivocal results due to the different processing of OTUs or characteristics in palaeoanthropology, and the methods dealing with the variability and overrepresentation or redundancy of some traits led to objections. These were initially addressed by Tassy (1996) but subsequently largely ignored or misunderstood by palaeoanthropologists. Finally, in palaeoanthropology, cladistics was almost totally abandoned with the revival of the classic evolutionary systematic and the development of phenetics.

Let us conclude with the recent question asked by Bonde (2014): "Is it really impossible to convey such simple and logical biological methodology (cladistics) to anthropologists – or don't they care?"

Mots clés : Human fossil-cladistics

(26-10) 30 ans de phylogénie des végétaux

Valéry Malécot

UMR1345 IRHS, Agrocampus Ouest-INRA-Université d'Angers, Angers, France

En trente ans, la classification des végétaux a subi de profondes modifications, qu'il s'agisse de la nécessaire reprise de la notion de végétal ou de plante, ou des changements chez les gymnospermes, les angiospermes ou même pour certaines familles de ces dernières. Même à des niveaux taxinomiques plus fins, des modifications sont nécessaires. Plus globalement, les critères de classification ont évolué de manière marquée conduisant ainsi à la re-délimitation de nombreux groupes à tous les rangs de la classification. Qu'avaient ces groupes en commun ? Pour l'essentiel, ce sont ce que certains auteurs ont appelé ironiquement des « botanical-rubbish », fourre-tout créé par défaut, ou plus exactement ce qui reste, une fois que des groupes homogènes en ont été distingués. Divers exemples seront illustrés, en prenant en compte la dimension historique et les conséquences des changements de règles de classification.

Mots clés : phylogénie, classification, délimitation, végétaux

(26-11) Perianth evolution in Magnoliidae (Angiospermae): is there a link between phyllotaxis and fusion?

Laetitia Carrive (a), Julien Massoni (a), Hervé Sauquet (a)

(a) Laboratoire Écologie, Systématique et Évolution (UMR 8079), Université Paris-Sud

Magnoliidae are a clade of flowering plants comprising 10,000 species with particularly diverse floral morphology. There is a hypothesis in the literature of a correlation between perianth phyllotaxis and fusion of the perianth parts, and it is thought that a spiral phyllotaxis prevents the tepals to fuse. To address this question, we performed model-based, quantitative comparative analyses to study the evolution of phyllotaxis and fusion of floral organs in a phylogenetic framework, for the first time in this group. Bayesian inferences and parsimony methods were used to infer relationships among 60 species of Magnoliidae (plus 23 outgroups) based on a novel molecular data set that includes the chloroplast genes *matK* and *rbcL*. Ancestral states and transition rates were estimated with maximum

likelihood and Bayesian approaches. Our results show that fusion and phyllotaxis of perianth parts are indeed correlated and that fusion seems to be gained irreversibly, unlike spiral phyllotaxis which is inferred to have been gained and lost several times. Thus the hypothesis of a correlation is confirmed by the comparative methods. These results also highlight the value of Bayesian inference, which can integrate several sources of uncertainty (about relationships, branch lengths, model selection, and parameters estimation) and can explore a large number of possible models.

Mots clés : Magnoliidae; perianth; comparative analyses; Bayesian; correlation

(27-1) Comment peut-on être systématicien ? Faire exister une communauté scientifique : le cas français dans la dynamique internationale

David Dumoulin Kervran (a) et Guillaume Ollivier (b)

(a) Univ. Sorbonne Nouvelle IHEAL/CREDA)

(b) INRA, UR Ecodéveloppement)

La systématique est une discipline ancienne - et elle a connu une profonde rénovation interne puis une certaine reconnaissance publique depuis 30 ans. Pourtant, peu de scientifiques se reconnaissent « systématicien ». Comment analyser la définition des frontières disciplinaires ?

Cet article se centre sur la mobilisation des scientifiques qui veulent faire exister cette discipline en tant qu'identité et que principe d'organisation du travail scientifique. La première partie revient sur la trajectoire historique de cette communauté des systématiciens et sur la constitution d'une communauté épistémique dans le contexte international de la mobilisation des dernières décennies autour de la Biodiversité. La seconde se focalise sur le travail de mobilisation de la Société Française de Systématique à partir de 1984 qui permet littéralement à la discipline d'exister en France. La troisième livre un bilan contrasté de cette mobilisation française et souligne l'existence d'un cycle de mobilisation où les arènes internationales ont pris le relais.

On insistera surtout le rôle d'une société savante dans l'organisation disciplinaire et sur les dernières recherches de sciences sociales sur la systématique.

Mots clés : SFS, systématique, histoire, sociologie, identité professionnelle

(27-2) Phylogénie et systématique phylogénétique : ce que c'est, ce que ce n'est pas, et quels sont les postulats requis ?

Pierre Deleporte

UMR 6552 CNRS-Université de Rennes 1, Station Biologique, 35380 Paimpont, France.

Une classification utile facilite la communication, et répond au cahier des charges optimal pour un usage particulier. Il y a autant de classifications utiles que d'algorithmes imaginés par les classificateurs pour divers usages. La systématique phylogénétique peut convenir aux biologistes de l'évolution. Elle consiste à classer les organismes en classes naturelles définies par la « propriété historique » d'ascendance commune exclusive. Elle se distingue en cela des classifications purement 'structuralistes'. Les clades sont conçus comme tels (conceptualisme), et non pas « découverts » (bionominalisme) ; il faut éviter l'erreur de réification.

La classification phylogénétique nécessite l'établissement de la phylogénie, qui représente la succession des événements de spéciation, et qui constitue en cela une explication historique sommaire de la distribution des caractères dans les organismes (la matrice taxons x caractères). L'inférence d'une phylogénie expliquant la matrice nécessite la mise en œuvre d'un « algorithme à remonter le temps », c'est-à-dire d'une certaine notion du processus évolutif de transformation des caractères. C'est ce qu'on appelle le « modèle » d'évolution des caractères. Sans modèle du processus évolutif, pas de phylogénie logiquement possible. Et c'est toujours le point faible de

l'inférence phylogénétique. Les méthodes phylogénétiques diffèrent fondamentalement par les modèles mis en œuvre, plutôt que par les techniques d'optimisation. Mais que savons-nous des lois d'évolution des différents caractères dans les différentes lignées ? Le modèle classique « héritage avec modification » est nécessaire mais insuffisant. Chaque modèle comporte le choix des caractères pertinents, de l'algorithme et de la valeur des paramètres, et nécessiterait une justification biologique de tous ces choix. La recherche constante d'une amélioration de notre connaissance des processus évolutifs fait plus que jamais de la phylogénétique une science intégrative.

Mots clés : phylogénie – systématique – modèles – conceptualisme – bionominalisme

(27-3) Une typologie des arbres du vivant

Guillaume Lecointre

UMR 7205 ISYEB, CNRS-MNHN-UPMC-EPHE, Département systématique & Evolution, Muséum National d'Histoire Naturelle

Depuis deux siècles et demi des arbres sont dessinés pour exprimer des liens entre les êtres vivants. Une typologie sera proposée en fonction des concepts qui sont signifiés sur les liens et les concepts projetés aux noeuds. On en tirera 11 classes d'arbres, elle-mêmes classées selon quatre critères épistémologiques. Ce propos formalise le fait qu'on ne peut pas comparer n'importe quel arbre avec n'importe quel autre. Il précise aussi ce qu'on devrait appeler aujourd'hui une phylogénie.

Mots clés : Arbre, épistémologie, phylogénie, systématique

(27-4) La métaphore de l'arbre pour l'Histoire des sciences naturelles

Marie Fisler

Muséum National d'Histoire Naturelle

En Histoire des Sciences, on a pour habitude de former des « groupes » de penseurs : évolutionnistes, lamarckiens, darwiniens ou téléologiens. Mais ces catégories, amplement décrites, ne sont ni formalisées, ni transparentes. Il en était de même, dans le domaine de la systématique (science de la classification du vivant) avant les années 1960 : les groupes taxonomiques n'étaient pas non-plus formalisés. Mais l'apparition de méthodes comparatistes rigoureuses ont permis, en codant les ressemblances anatomiques, de fabriquer des classes emboîtées. Ces méthodes ont été réutilisées pour coder les ressemblances entre les arbres élaborés par différents auteurs en Histoire Naturelle. Nous avons ainsi comparé 233 arbres, produits entre 1555 et 2012. Cela produit un « arbre des arbres » : une représentation hiérarchique des idées partagées entre les auteurs. Il permet de retrouver formellement des catégories déjà connues, de découvrir des catégories nouvelles, et même de s'apercevoir que certaines catégories ne sont pas homogènes. Mais il permet également d'étudier les circulations des idées entre les auteurs et d'étudier les éventuelles controverses historiques.

Mots clés : Arbre, Histoire des Sciences, Épistémologie, Formalisation, Méthodologie

(27-5) L'arbre qui montre la forêt

Valentin Rineau (a), René Zaragüeta (b)

(a) Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, UMR 7207 CR2P, F-75005 Paris, France

(b) Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, UMR 7205 ISYEB, F-75005 Paris, France

En analyse cladistique, heureux est le systématicien qui obtient un seul cladogramme comme résultat, un unique schéma d'argumentation phylogénétique pour expliquer la distribution de ses

caractères. En effet, un problème récurrent en cladistique est qu'une analyse phylogénétique unique peut aboutir à un nombre important de cladogrammes. Puisque ces arbres sont le résultat de la mise en congruence des caractères codés, il apparaît périlleux de trouver un critère particulier pour choisir l'un de ces arbres (arbres sources, par la suite). C'est dans ce contexte qu'interviennent les méthodes de consensus. Ces méthodes permettent d'unir tous les arbres sources d'une même analyse pour n'en produire qu'un seul, et que celui-ci synthétise leur parties communes de manière à ne garder que l'information véhiculée par tous les arbres sources. Cependant, une confusion manifeste peut s'observer dans la littérature des systématiciens en quête de la méthode optimale. Cette confusion se fait entre les arbres consensus et les arbres résumés ; ces derniers, au contraire des consensus, cherchent comme leur nom l'indique à résumer un ensemble d'arbre sources plutôt qu'à en extraire les parties communes. Un arbre résumé idéal devra par exemple permettre de par sa lecture de retrouver les arbres sources. Cette confusion entre ces deux types de méthodes n'a pas facilité la recherche dans ce domaine. Nous montrons ici, après avoir clarifié toutes les propriétés désirables dans les deux cas, pourquoi la recherche de « l'arbre résumé parfait » en analyse cladistique est une impasse. Pire, que de par le cahier des charges qui lui incombe, celui-ci ne peut logiquement pas exister. Partant de cette clarification, nous montrons que le portrait-robot d'un « consensus parfait » peut s'établir selon trois propriétés simples : rétention stricte de l'information, sensibilité et non-ambiguïté. Mieux, que ce « consensus parfait » existe déjà.

Mots clés : Arbres consensus, cladogrammes, cladistique, information phylogénétique.

(27-6) Les deux biogéographies

René Zaragüeta

Sorbonne Universités, UPMC Univ Paris 06, UMR 7205 CNRS-MNHN-UPMC-EPHE Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité, F-75005, Paris, France

La biogéographie présente deux particularités : il n'existe que très peu de laboratoires de biogéographie et presque pas de purs biogéographes. Au contraire, la biogéographie est pratiquée dans des laboratoires de systématique et les biogéographes sont, en général, des taxonomistes. Méthodologiquement, elle semble aussi faire appel à des théories et des méthodes diverses. Il est devenu habituel de considérer que ces méthodes, dérivant de postulats théoriques incompatibles, seraient pertinents à des échelles spatiales et temporelles différentes : les méthodes phylogéographiques étant adaptées à des échelles spatiotemporelles réduites, alors que les méthodes cladistiques seraient pertinentes pour des échelles faisant intervenir la tectonique de plaques et des processus à grande échelle.

Je montre ici que la raison pour laquelle il n'existe pas de discipline biogéographique est l'existence de deux biogéographies. Deux disciplines coexistent depuis le début de l'étude de la distribution géographique des taxons. La première tradition, très majoritairement pratiquée, remonte à Linné et est fondée, en dernier terme, sur une explication dont les sources se trouvent dans les mythes judéo-chrétiens. La deuxième, qui existe depuis des travaux de Candolle, est une tradition originale fondée sur la recherche d'une géographie botanique et zoologique.

D'un point de vue épistémologique, la recherche biogéographique répond à la vision de la dynamique scientifique proposée par Kuhn, avec des théories nomologiquement incommensurables, voire par Feyerabend, bien plus qu'à celle proposée par Popper. Or, seule la deuxième est justifiable et répond aux exigences poppériennes de testabilité minimale, unanimement acceptés comme critère de scientificité.

Six mois après la disparition de Fabrizio Cecca, seul et peut être dernier biogéographe travaillant en France, les fondements de ces deux traditions semblent toujours nécessiter d'une clarification.

Mots clés : Biogéographie, cladistique, Popper, Kuhn, Feyerabend, incommensurabilité, philosophie des sciences.

(27-7) Homoplasy, phylogenetic information and hierarchical correlation

Mário de Pinna

Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, Av. Nazaré 481, São Paulo-SP 04263-000, Brazil,
pinna@ib.usp.br

Traditionally, homoplasy is viewed as a simple function negatively correlated with phylogenetic information or accuracy. Such view has been challenged by the discovery that in some molecular data sets, removal of more homoplastic positions significantly decreases cladistic resolution. The corollary of that finding is that homoplasy, rather than mere noise, can actually increase phylogenetic signal. In this paper I explore the conceptual implications of that idea, focusing on the connection between homoplasy and information and the associated notion of hierarchical correlation. The conclusion is that homoplasy is a notion intrinsically more complex than traditionally seen and measured. Most of the effects relevant for cladistic analysis involve subtler properties derived from the interactions among characters and their relationships to homology of specific character-state transitions. Existing metrics for measuring homoplasy are not necessarily sensitive to such properties. Raw homoplasy ($s-m$) and its derivatives are only rough approximations to the phenomena that relate homoplasy and cladistic information and that most directly influence the recovery of "phylogenetic signal". New measures are proposed to express homoplasy in terms of hierarchical information. The implications for character weighting methods are discussed.

(28-1) L'origine des eucaryotes

David Moreira

Unité d'Ecologie, Systématique et Evolution. UMR 8079. Université Paris-Sud. Orsay

Les êtres vivants sont divisées aujourd'hui en trois grands groupes : les domaines Archaea, Bacteria et Eucarya. Les deux premiers sont des procaryotes (ne possédant pas de noyau) tandis que les eucaryotes se caractérisent par un noyau qui contient leur matériel génétique. Eucaryotes et procaryotes ont des caractéristiques morphologiques et ultra-structurelles très différentes, ce qui fait qu'il est très difficile d'imaginer le passage évolutif d'un type cellulaire vers l'autre (procaryote vers eucaryote). Ainsi, l'origine des eucaryotes et de leur complexité cellulaire reste l'une des grandes énigmes ouvertes en biologie. Dans cet exposé, je vais discuter les informations certaines connues à ce propos ainsi que les différentes hypothèses qui ont été proposées pour expliquer les questions encore non résolues sur cette transition évolutive majeure.

(28-2) Filling the gaps, at the limits of cryptozoology: Gastrotricha, Micrognathozoa and Lobatocerebrum

Nicolas Bekkouché, Katrine Worsaae

Section de Biologie Marine, Département de Biology, Université de Copenhague, Copenhague, Danemark

The study of meiofauna, i.e. microscopic animals, brought the discovery of many new groups of Metazoa with unique combination of characters. Some meiofaunal groups are relatively well studied (e.g. Rotifera), while others, despite their cosmopolitan distribution are poorly understood (e.g. Gastrotricha, Kinorhyncha). Several groups have been described rather recently, during the 20th century (e.g. Gnathostomulida in 1956, Loricifera in 1983 and Micrognathozoa in 2000). Furthermore, some genera remain enigmatic and their position in the metazoan phylogeny is highly uncertain (e.g. *Diurodrilus*, *Lobatocerebrum*), and some of them have never been found back since their discovery (*Salinella*, *Jennaria*). The lack of knowledge about meiofauna is mainly due to the small size of those animals, and for some of them, their very elusive nature. However, the diversity of these organisms and the originality of their anatomy make them highly crucial for understanding the evolution of

Metazoa. Here we present and discuss the advancement of the research, comprising morphological studies with confocal microscopy, as well as the phylogenetic position of three taxa: I) Gastrotricha, which contains approximately 800 species and has a debated phylogenetic position. Formerly thought to be close to Ecdysozoa, they are today thought to belong to Lophotrochozoa, possibly as sister to Platyhelminthes. II) Micrognathozoa, with only one described species in 2000 and possessing an impressive jaw apparatus. It belongs to the clade Gnathifera including the jawed Gnathostomulida and Rotifera. III) *Lobatocerebrum*, originally described as an Annelida incertae sedis, some authors consider *Lobatocerebrum* a separate lineage. Due to its rareness it has escaped closer examination for 30 years. Finally we present some preliminary phylogenomic results including those three taxa and compare it with previous phylogenetic researches. These three examples warrant the need for more research on the phylogeny and morphology of meiofaunal animals to fully understand the evolution of Metazoa.

Mots clés : Meiofauna, Lophotrochozoa, Morphologie, Phylogénie

(28-3) La phylogénie des Ammonoïdés

Isabelle Rouget, Jérémie Bardin et Isabelle Kruta

UMR 7207, CR2P, Sorbonne Universités-MNHN-UPMC-CNRS, Paris

Les ammonoïdés constituent un groupe monophylétique de céphalopodes fossiles qui a émergé au Dévonien et s'est éteint à la fin du Crétacé. Durant plus de 320 millions d'années d'évolution, ce groupe a connu des périodes de forte diversification et des épisodes où il a presque failli disparaître. Le registre fossile des ammonoïdés est riche et l'on compte aujourd'hui entre 10 000 et 20 000 espèces. Actuellement il n'existe pas d'arbre phylogénétique bien formalisé incluant l'ensemble des groupes d'ammonoïdés. Les idées reçues sur l'analyse cladistique qui se sont répandues au sein de la communauté des ammonitologues ont largement contribué à freiner les avancées en matière de reconstruction phylogénétiques chez ce groupe. Durant la dernière décennie l'enjeu majeur fut de convaincre qu'appliquer l'analyse cladistique aux ammonites était une démarche possible et pertinente. Cet obstacle désormais dépassé, les clefs d'une meilleure reconstruction phylogénétique chez les ammonites sont à rechercher dans l'amélioration de la connaissance de leur paléobiologie pour établir des hypothèses d'homologie plus fiables, revoir les caractères classiques pour prendre en compte l'aspect morphogénétique de la coquille, explorer la microstructure des coquilles ou des autres pièces squelettiques pour identifier de nouveaux caractères, et développer des méthodologies pour mieux prendre en compte l'ontogenèse, les caractères continus et les dépendances entre traits morphologiques.

Mots clés : Phylogénie, Ammonites, cladistique

(28-4) L'arbre de la vie : classification phylogénétique des Annélides

Patrick Martin

Institut royal des Sciences naturelles, Taxonomie et Phylogénie, Bruxelles, Belgique

Les Annélides, ou vers segmentés, forment un groupe généralement considéré comme monophylétique, qui est traditionnellement divisé entre les Polychaeta et les Clitellata. Ils sont évolutivement anciens, écologiquement importants et extrêmement diversifiés en termes d'espèces et de plans d'organisation. Pour ces raisons, les Annélides ont toujours constitué l'un des problèmes majeurs dans la résolution de la phylogénie des Métazoaires. La révolution conceptuelle et méthodologique liée à l'analyse cladistique et surtout l'accès, via l'ADN, à une nouvelle classe de caractères ont bouleversé la classification des Annélides au cours des 40 dernières années. Tout récemment, le développement de la phylogénomique a permis, non seulement, de proposer une

phylogénie de base stable pour les Annélides mais, également, de résoudre les principaux problèmes liés à ce groupe, tels que la monophylie des Annélides, la composition taxinomique du groupe, le plan d'organisation de l'annélide ancestral, ou la nature mono- ou paraphylétique des Polychètes et des Oligochètes. Cette communication résume les connaissances les plus récentes sur la phylogénie et l'évolution d'un taxon dont l'extraordinaire diversité a peu d'équivalent parmi les Métazoaires.

Mots clés : Annélides, phylogénie, évolution

(28-5) Démêler la phylogénie des Hexapodes

Cyrille A. D'Haese

ISYEB, UMR 7205 CNRS MNHN UPMC EPHE, Muséum national d'Histoire naturelle, Département Systématique et Evolution, CP 50 – Entomologie, 45 rue Buffon, 75005 Paris, France

De nombreux travaux, aussi bien d'un point de vue morphologique que moléculaire, ont été effectués sur les Hexapodes, les Arthropodes à 3 paires de pattes qui incluent les Insectes. Cependant, les relations phylogénétiques entre les Hexapodes primitivement aptères, les Hexapodes ailés (Ptérygotes) et le reste des Arthropodes restent âprement discutés. Les Hexapodes comprennent trois ordres d'entognathes (Collemboles, Protoures et Diploures), et trois groupes d'ectognathes : les Insectes au sens strict (Archeognathes, Zygentomes et Ptérygotes). Une fois compris que les Aptérygotes (Collemboles, Diploures, Protoures, Archéognathes et Zygentomes) étaient définis sur la base d'une symplésiomorphie (l'absence d'ailes), il a été considéré que les Hexapodes devaient être divisés en deux clades : les Entognathes et les Insectes au sens strict (= Ectognatha). La résolution des relations phylogénétiques entre les ordres d'entognathes Protoures, Collemboles et Diploures est controversé aussi bien du point de vue morphologique que moléculaire. Au sein des Insectes, les relations entre les Archéognathes, les Zygentomes et Ptérygotes sont mieux comprises, même si quelques doutes subsistent sur la monophylie des Zygentomes avec la position des Lepidotrichidae. La position au sein des Arthropodes, voire même la monophylie des Hexapodes est aussi l'objet d'interrogations. Le contexte des vues classiques sur la phylogénie interne des Hexapodes et leur position au sein des Arthropodes ainsi que les résultats plus récents seront discutés et un essai de synthèse sur les hypothèses les mieux corroborées sera présenté.

Mots clés : Phylogénie, Hexapodes, Arthropodes, Entognathes, Insectes

(28-6) Solidité d'hypothèses de phylogénie, malgré des critères externes perturbants. Exemple des stratégies adaptatives révélées chez des Coléoptères Passalides des Antilles

Stéphane Boucher, Bernard & Anne-Marie Dutrillaux

UMR 7205 OSEB, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris

Chez deux Coléoptères Passalides des Antilles, leur position phylogénétique est confortée par la démonstration des stratégies dont ils ont pu bénéficier pour atteindre leur(s) île(s) respective(s) et/ou y avoir évolué. Certaines apparences étaient en effet perturbantes pour des interprétations d'espèces "conventionnelles" et des schémas biogéographiques et écologiques de même ordre. L'ultra-convergence morfo-anatomique et la parthénogenèse fournissent des explications plausibles.

Mots clés : phylogénie, écologie, biogéographie, stratégies adaptatives, îles

(28-7) 256 years of research on 330 million of years of the Hemiptera stories

Jacek Szwedo

Department of Invertebrate Zoology and Parasitology, University of Gdańsk, 59, Wita Stwosza Street, PL80-308 Gdańsk, Poland; e-mail: jacek.szwedo@biol.ug.edu.pl

The oldest insects are supposed to be present in the late Devonian [1]. The Hemiptera belongs to the most ancient lineages within the Eumetabola (Paraneoptera + Holometabola), and can be dated back to 330 Ma [2,3]. The Hemiptera is the unbelievable diversified and successive group, with nearly 290 extant and extent families known, inhabiting all terrestrial and some marine habitats, being one of the Big Five insect orders. History of the Hemiptera modern classification started with Linnaeus, in 1758 [4]. Fossil dimension of the Hemiptera studies started soon after it [5]. Since its beginning the classification of the group brought troubles and taxonomic problems, as the Hemiptera defined by Linnaeus was a paraphyletic group. Following studies and discoveries resulted in treatment of the group as separate orders Heteroptera [6] and Homoptera [7]; this division was accepted for long years. However, the internal classifications and phylogenies for both classification units, as well as relationships of lineages comprised within were full of disputes and far from agreement, especially with inclusion of fossil data into interpretations [8]. Next step of unfinished and unresolved discussions comes with 'molecular revolution'. As result of them – the Homoptera disappeared as an independent order from classification, and Heteroptera became one of suborders within the Hemiptera. Accumulation of new data and interpretations resulted with recent state of knowledge, with six suborders within the Hemiptera, i.e. Paleorrhyncha, Sternorrhyncha, Fulgoromorpha, Cicadomorpha, Coleorrhyncha and Heteroptera [9]. But, their internal classification and content, questions of their monophyly, as well as relationships within and between them, are still full on unsolved mysteries and questions.

References:

- [1] Garrouste R, Clément G, Nel P, Engel MS, Grandcolas P, d'Haesse C, Lagebro L, Denayer J, Gueriau P, Lafaitte P, Olive S, Prestianni C, Nel A. 2012. A complete insect from the Late Devonian period . *Nature* 488, 82–85 doi:10.1038/nature11281
- [2] Nel A, Roques P, Nel P, Prokin AA, Bourgoin T, Prokop J, Szwedo J, Azar D, Desutter L, Wappler T, Garrouste R, Coty D, Huang D, Engel MS, Kirejtshuk AG. 2013. The earliest known holometabolous insects. *Nature* 503, 257–261 doi:10.1038/nature12629
- [3] Song N, Liang A-P. 2013. A preliminary molecular phylogeny of planthoppers (Hemiptera: Fulgoroidea) based on nuclear and mitochondrial DNA sequences. *PLoS ONE* 8(3), e58400 doi:10.1371/journal.pone.0058400
- [4] Linnaeus C. 1758. *Systema Naturae*.
- [5] Bloch ME. 1776. *Beytrag zur Naturgeschichte des Kopals*.
- [6] Latreille RA. 1810. *Considérations générales sur l'ordre naturel des animaux composant les classes des Crustacés, des Arachnides, et des Insectes*.
- [7] Leach WE. 1815. *The Edinburgh Encyclopaedia* 9, 57–172
- [8] Rohdendorf BB, Rasnitsyn AP. 1980. *Istoricheskoe razvite klassa nasekomykh*
- [9] Szwedo J, Bourgoin T, Lefebvre F. 2004. Fossil Planthoppers (Hemiptera: Fulgoromorpha) of the World. An annotated catalogue with notes on Hemiptera classification. Warsaw 2004, 199 pp + 8 pl.