

LA CLASSIFICATION DU VIVANT

ANNEXE 1 – Histoire des Classifications



Module 4 FB3 - Mémoire

SOMMAIRE

1	L’histoire des classifications ou le poids de l’héritage.	2
1.1	La classification et l’origine du vivant, de l’Antiquité à jusqu’au 18 ^{ème} siècle :.....	3
1.1.1	Le précurseur de la microbiologie :.....	4
1.1.2	La génération spontanée contre le créationnisme :	4
1.2	La classification et l’origine du vivant au 18 ^{ème} siècle :	5
1.2.1	La classification Linnéenne :.....	5
1.2.2	L’échelle des Etres :	7
1.2.3	Anatomie comparée, les prémices du <i>transformisme</i> :	7
1.2.4	Le principe de subordination :.....	9
1.3	La classification et l’origine du vivant au 19 ^{ème} siècle :	10
1.3.1	Une nouvelle science, la « Biologie », et théorie du transformisme :.....	10
1.3.2	Anatomie comparée et paléontologie :	13
1.3.3	La théorie des analogues, le principe des connexions :	17
1.3.4	Embryologie, la théorie des feuilletés :.....	19
1.3.5	La théorie de l’évolution – La sélection naturelle :	20
1.3.6	La classification après Darwin- fin du 19 ^{ème} siècle :.....	24
1.3.7	Les prémices de la génétique fin 19 ^{ème} :.....	27
1.4	La classification et l’origine du vivant au 20 ^{ème} siècle :	29
1.4.1	La théorie synthétique de l’évolution – 1 ^{ère} moitié du 20 ^{ème} siècle :	29
1.4.2	Les classifications « évolutionnistes » ou la systématique éclectique :	30
1.4.3	La systématique phylogénétique :	31
1.4.4	La systématique phénétique :	Erreur ! Signet non défini.
1.4.5	Les méthodes probabilistes :	Erreur ! Signet non défini.

1. L’HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS OU LE POIDS DE L’HERITAGE.

Les classifications du vivant qui ont vu le jour depuis l'Antiquité ont répondu à des besoins différents, dépendant à la fois des objectifs des hommes établissant ces classifications, de leur perception du monde et aussi des technologies dont ils disposaient.

Une classification relève donc non seulement d'une démarche scientifique, mais aussi de pensées philosophiques. De ce fait, son histoire est jalonnée de nombreux débats, controverses, et surtout de profonds changements. Et ça n’arrête jamais...

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

1.1 La classification et l'origine du vivant, de l'Antiquité à jusqu'au 18^{ème} siècle :

Dès l'Antiquité, l'homme voulut comprendre le monde vivant dans lequel il évoluait. Il chercha à décrire et catégoriser les objets qui l'entouraient par rapport à lui et il en fit une classification reflétant l'ordre de l'Univers. Selon la théorie de l'époque, les espèces sont apparues telles qu'elles, selon les temps géologiques, et ne peuvent pas se transformer au cours des temps : c'est le *fixisme*.

Cette classification, connue sous le nom de *Scala Naturæ*, littéralement « échelle de la nature », distingue le monde minéral du monde vivant. Elle organise le vivant d'une manière linéaire et continue, allant du plus simple au plus abouti.

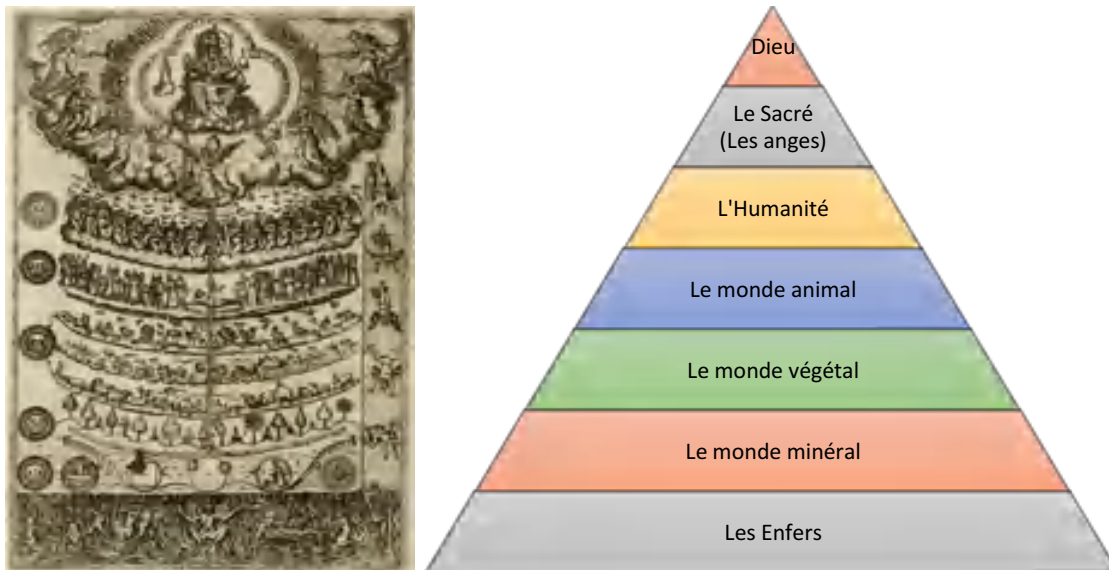
Mais le *fixisme*, en tant que tel, ne se préoccupe pas de l'origine du vivant.

Amorcée par Aristote, cette classification prendra une dimension théologique au Moyen Age, et sera particulièrement en vogue à l'époque de la Renaissance.

En effet, à partir du fixisme, et de l'interprétation symbolique de la Bible, notamment de la Genèse, naît la théorie du *Créationnisme*. Cette théorie stipule que le Monde, et en particulier les espèces animales, a été créé par Dieu.

Les classifications « fixistes créationnistes » restituent donc un ordre « Naturel » qui n'est autre que celui voulu par le créateur à l'origine du monde et dans lequel les êtres vivants sont immuables.

Cette idée d'une « échelle de la Nature » ou « Echelle des Etres » restera profondément ancrée dans la pensée occidentale jusqu'au 19^{ème} siècle.



Dessin de la *Scala Naturæ* par Didacus Valades, *Rhetorica Christiana* (1579). Source Wikipédia

Les espèces ayant été créées une bonne fois pour toutes par le Créateur, la taxonomie ou taxinomie, la science qui décrit les organismes vivants et les regroupe en entités appelées taxons, s'en trouve simplifiée.

C'est d'ailleurs l'époque des classifications dites « utilitaires », car on ne se préoccupe pas de l'origine des espèces.

En effet, au 16^{ème} siècle, les botanistes sont les premiers à se préoccuper de méthodes de classification afin de connaître et mémoriser les plantes médicinales en particulier, sans pour autant remettre en cause cette « Echelle des Etres ».

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Les connaissances en botaniques progressent et s'accumulent. De fait, chaque naturaliste y va de ses propres critères qui peuvent être alphabétiques, morphologiques, physiologiques, pour créer une classification.

La nécessité de mettre en place des règles et des principes rigoureux devient inévitable. Mais, il va falloir attendre près de 2 siècles pour que cette méthode voie le jour.

1.1.1 Le précurseur de la microbiologie :

Toujours à cette époque, le microscope est inventé et un commerçant et savant néerlandais, Antoni Van Leeuwenhoek, drapier de son état, en fit de remarquables améliorations. Ses appareils, dont il fabrique lui-même les lentilles, peuvent grossir jusqu'à 300 fois. Destinés, sans doute dans un premier temps, à vérifier la qualité des étoffes, il en détourne l'usage pour observer de très nombreux et variés micro-organismes vivants.

Il décrit ainsi pour la première fois, en 1676, ce que nous appelons aujourd'hui les *protozoaires*, notamment les *ciliés*. La Royal Society, à qui il adressera ses observations sous forme de lettres pendant plus de 40 ans, les nommera *animalcula*. En 1677, il découvre des *animalcules* très nombreux dans du sperme : les spermatozoïdes.

Il observera également que le ver du vinaigre, un nématode, *Turbatrix aceti*, est vivipare.

Ses observations pertinentes le feront s'opposer à la théorie de la génération spontanée.

Commerçant de son état et ignorant tout du latin (ses lettres doivent être traduites), ses observations sont accueillies avec émerveillement, mais sont aussi reçues avec scepticisme par les scientifiques de l'époque. Elles pouvaient aller à l'encontre des thèses développées par les savants de l'époque.

Ses travaux resteront dans l'ombre.

1.1.2 La génération spontanée contre le créationnisme :

Cette théorie selon laquelle les êtres vivants pouvaient apparaître spontanément à partir de matières inanimées, est très ancienne. Aristote en faisait déjà état dans ses écrits. Elle est basée sur des observations courantes.



Ainsi, les souris pouvaient naître d'une chemise imprégnée de sueur et d'un peu de blé ; les mouches naissaient de la viande...

Plus sérieusement, les observations réalisées au microscope font penser que les micro-organismes, microbes et levures, sont produits d'une génération spontanée.

Mais, cette théorie s'affrontait avec celle du Créationnisme car cela voulait dire que la Nature pouvait spontanément s'organiser pour donner l'existence à une forme de vie. Ce n'était plus l'œuvre du Créateur.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Il faudra attendre le 19^{ème} siècle et les expériences de Louis Pasteur, en 1863, pour que cette théorie soit réfutée. Aujourd'hui, elle a perdu tout crédit scientifique, y compris dans le cadre des recherches sur l'origine de la vie sur Terre.

1.2 La classification et l'origine du vivant au 18^{ème} siècle :

Malgré des avancées sur les méthodes, les classifications du 18^{ème} restent essentiellement fixistes et créationnistes. Elles restent en outre profondément anthropocentriques.

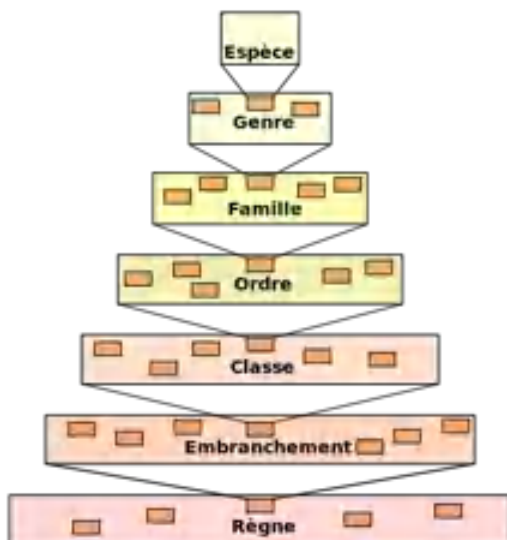
Malgré quelques prémices, les classifications de cette époque rendent compte de l'ordre de la nature, l'Ordre Naturel, tel qu'il a été créé à l'origine par le Créateur. Les préoccupations des scientifiques n'ont pas encore changé, le cahier des charges est resté le même : il s'agit au travers de la classification de rendre intelligible le plan du Créateur.

1.2.1 La classification Linnéenne :



Carl Von Linné en 1775 - Source Wikipédia

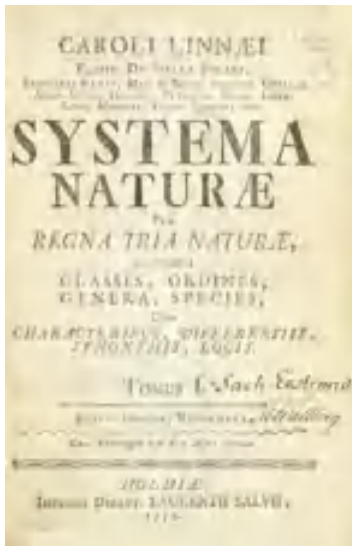
C'est Carl Von Linné (1707-1778), médecin naturaliste suédois, qui introduira, le premier, une véritable démarche scientifique.



Passionné de botanique, il conçoit une classification des plantes basée sur l'observation de critères de ressemblance, notamment les organes sexuels des plantes (pistils et étamines). Il l'assortit d'une hiérarchisation selon 7 niveaux : le règne, l'embranchement, la classe, l'ordre, la famille, le genre, et l'espèce.

Ses travaux sont consignés dans l'ouvrage *Systema Naturae* dont la première publication date de 1735. Il n'aura de cesse d'améliorer et d'élargir son système. Il distinguera 3 règnes : le règne minéral, végétal et animal, dans un système fixiste et créationniste.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS



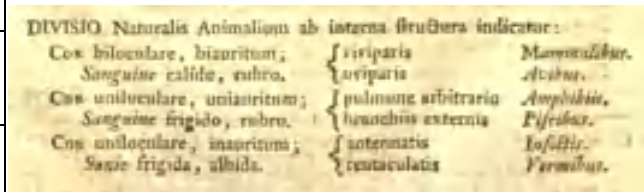
Extrait Systema Naturae – Source Biodiversity Heritage Library

Dans la 10^{ème} édition de son ouvrage *Systema Naturae*, publiée en 1758, il propose une classification aboutie pour les plantes et les animaux, qui sera reconnue par la plupart des naturalistes. Son influence s'exerce à travers tous les continents.

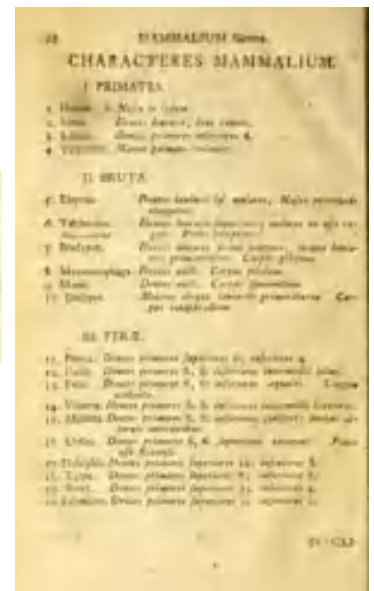
Pour chaque espèce, il met en place une désignation binominale, issue de cette nomenclature hiérarchique : le *Genre* et l'*espèce*, permettant ainsi de désigner précisément chaque espèce.

Les caractères utilisés pour classer les animaux sont liés aux organes essentiels à la vie ... Mais aucune relation entre espèces n'est établie.

Classification proposée par Linné	
Mammifères (<i>Mammalibus</i>)	Cœur 4 cavités Sang chaud et rouge Vivipare
Oiseaux (<i>Avibus</i>)	Cœur 4 cavités Sang chaud et rouge Ovipare
Amphibiens (<i>Amphibiis</i>)	Cœur 2 cavités Sang froid et rouge Respiration pulmonaire
Poissons (<i>Piscibus</i>)	Cœur 2 cavités Sang froid et rouge Respiration branchiales
Insectes (<i>Insectis</i>)	Cœur 1 cavité Sanie froide et blanche (en place de sang) Téguments articulés
Vers (<i>Vermibus</i>)	Cœur 1 cavité Sanie froide et blanche (en place de sang) Téguments incrustés et nus



Extraits Systema Naturae – Source Biodiversity Heritage Library



A partir de spécimens de végétaux et d'animaux qu'il rassemble ou qu'on lui expédie du monde entier, il identifiera près de 6 000 espèces végétales et 4 400 animales.

C'est le point de départ de la classification moderne, mais seule la désignation binominale est toujours en vigueur aujourd'hui, plus de 250 ans après...

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

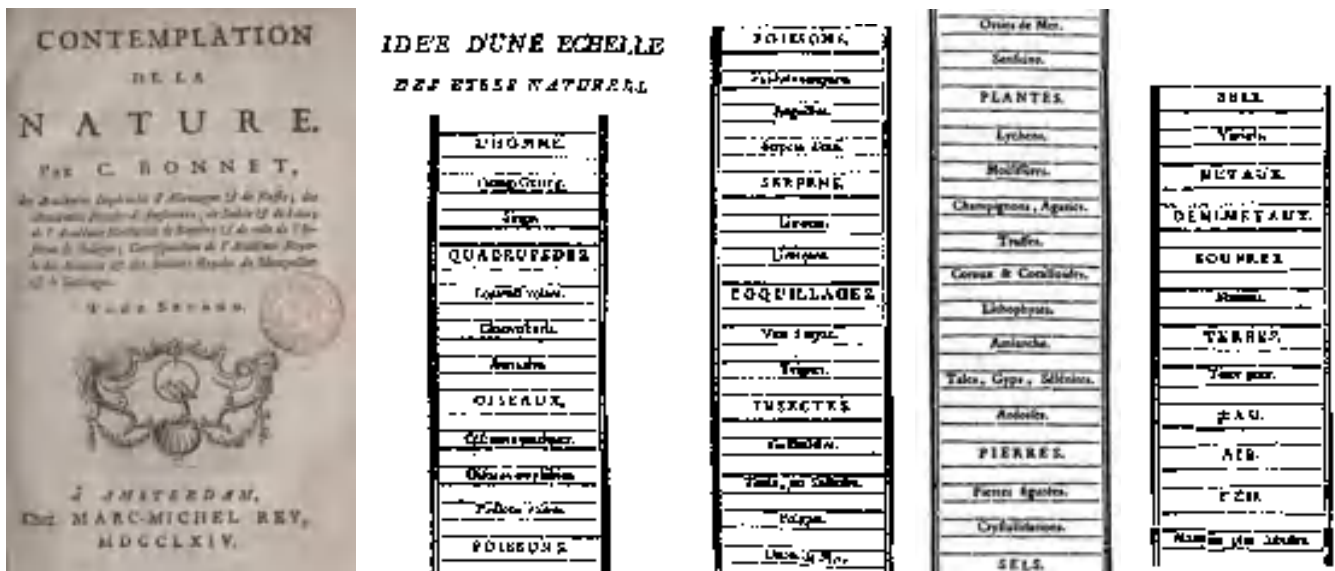
1.2.2 L'échelle des Etres :



Portrait Charles Bonnet – Source Wikipédia

Charles Bonnet, naturaliste genevois, propose, à propos de la reproduction, une théorie sur la préexistence de germes. Pour lui, la production d'un nouvel être vivant est due à l'évolution d'un germe préexistant. Mais ces germes auraient été créés lors de la Genèse. Ainsi cette théorie ne va pas à l'encontre des idées fortes de l'époque.

Il réaffirme l'Echelle des Etres dans son ouvrage « *Contemplation de la Nature* » en 1764.



Extraits de *Contemplation de la Nature* et - « Échelle des êtres » de Charles Bonnet – Source Biodiversity Heritage Library.

1.2.3 Anatomie comparée, les prémices du transformisme :



Portrait de Buffon par François-Hubert Drouais (1753) - Source Wikipédia

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Le Comte de Buffon, naturaliste français, est célèbre pour son œuvre *L'Histoire Naturelle Générale et Particulière* publiée, dès 1749, en 36 volumes jusqu'à sa mort. Huit autres volumes seront encore publiés après sa mort.

Buffon n'est pas un classificateur. Il décrit chaque animal dans une fiche détaillée avec précisions à la fois morphologiques et anatomiques. Près de 2000 fiches sont ainsi établies.



Extraits de « *Histoire Naturelle générale et particulière* » - Source Biodiversity Heritage Library.

Il s'oppose à la classification linnéenne dont il juge artificiels, les différents niveaux construits à partir de critères arbitrairement choisis. Pour lui, « La nature ne connaît que des individus ». Il introduit quand même une hiérarchie qui va de l'homme vers l'animal et de l'animal vers le végétal.

Ayant recours à l'anatomie comparée, il suggère également que les êtres vivants sont constitués autour d'un même plan d'organisation.

Pour Buffon, il y a une unité du monde vivant, mais il n'en explique pas l'origine. Animaux et végétaux ont toutefois la capacité de se reproduire et il énonce pour la première fois le principe de l'interfécondité de l'espèce animale.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

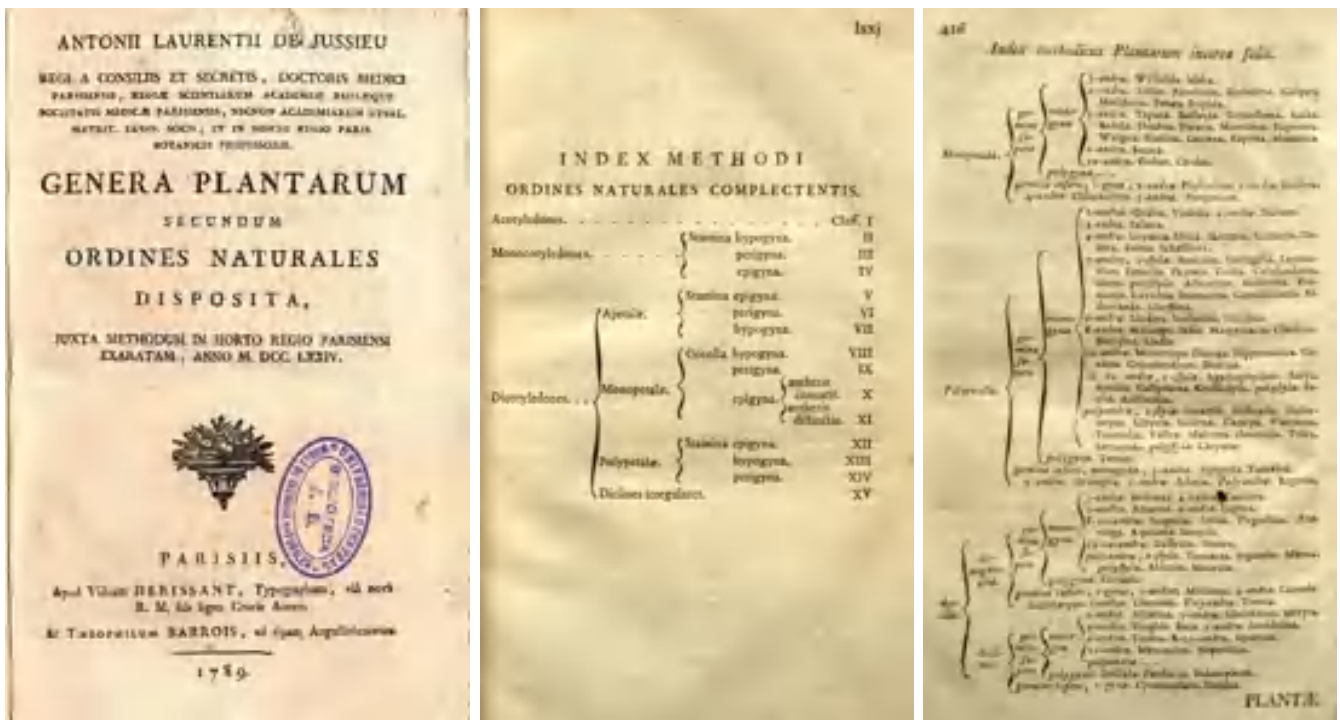
Il admet également qu'une forme se modifie selon le principe de « dégénération ». C'est l'Homme et le climat qui sont responsables de la dégénérescence d'une espèce en modifiant son développement et sa nature. Il s'appuie en cela sur la transformation des espèces sauvages au profit de l'homme. En ce sens, il est le précurseur du *transformisme*.

Pour toutes ces raisons, ses relations avec les savants de son époque sont difficiles. La Faculté de Théologie de Paris, la Sorbonne, condamna à 2 reprises, en 1751 et 1779, son ouvrage, *l'Histoire naturelle*, sous le double prétexte qu'elle contredit le récit de la Genèse et qu'elle explique la formation des espèces, sans le secours de Dieu.

Mais ses travaux seront repris plus tard, par d'autres naturalistes en particulier Jean-Baptiste Lamarck.

1.2.4 Le principe de subordination :

Au cours de la seconde moitié de ce 18^{ème} siècle, le botaniste Antoine Laurent Jussieu (1748-1836), en reprenant la méthode de classification naturelle des plantes proposée par son oncle Bernard de Jussieu (1699-1777), énonça « *le principe de subordination des caractères* » dans son ouvrage *Genera Plantarum* de 1789.



Extraits de « *Genera Plantarum* » - Source Biodiversity Heritage Library.

Selon ce principe, un caractère (critère de ressemblance entre espèces) peut primer sur un autre : un caractère constant équivaut à plusieurs caractères variables. Ainsi Antoine-Laurent Jussieu, en distinguant les caractères *uniformes*, tirés d'organes essentiels, les caractères *presque uniformes*, tirés d'organes non essentiels et les caractères *semi-uniformes*, c'est-à-dire constants ou variables, tirés de n'importe quel organe va permettre de distinguer les caractères pour délimiter les genres, les familles, les ordres...

La classification qui en découle, propose alors des groupes emboîtés : un ordre inclut des familles, qui incluent des genres, qui incluent des espèces, chacun des groupes ainsi formé étant défini par des caractères constants dans le groupe, mais variables entre groupes d'un même niveau.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Il décrit ainsi dans son livre 1754 genres qu'il répartit dans cent familles dont beaucoup sont toujours en usage aujourd'hui.

Cette méthode de classification entre en compétition avec celle de Linné. Il s'en suivra une réelle confusion au sein des botanistes.

1.3 La classification et l'origine du vivant au 19^{ème} siècle :

C'est le siècle où l'anatomie comparée, l'embryologie et la paléontologie vont prendre un essor considérable sous la houlette de scientifiques comme Geoffroy de Saint Hilaire, Georges Cuvier et Karl Von Baer.

Ces disciplines scientifiques vont permettre de nombreuses découvertes de plus en plus pertinentes au cours du siècle et vont fortement influencer les classifications.

1.3.1 Une nouvelle science, la « Biologie », et théorie du transformisme :



Jean-Baptiste de Lamarck – Source Wikipédia

Dès le début du XIXe, en 1802, Jean-Baptiste de Lamarck, naturaliste français, « inventa » le mot de biologie. Il est le fondateur de la biologie en tant que *science* des êtres des vivants.

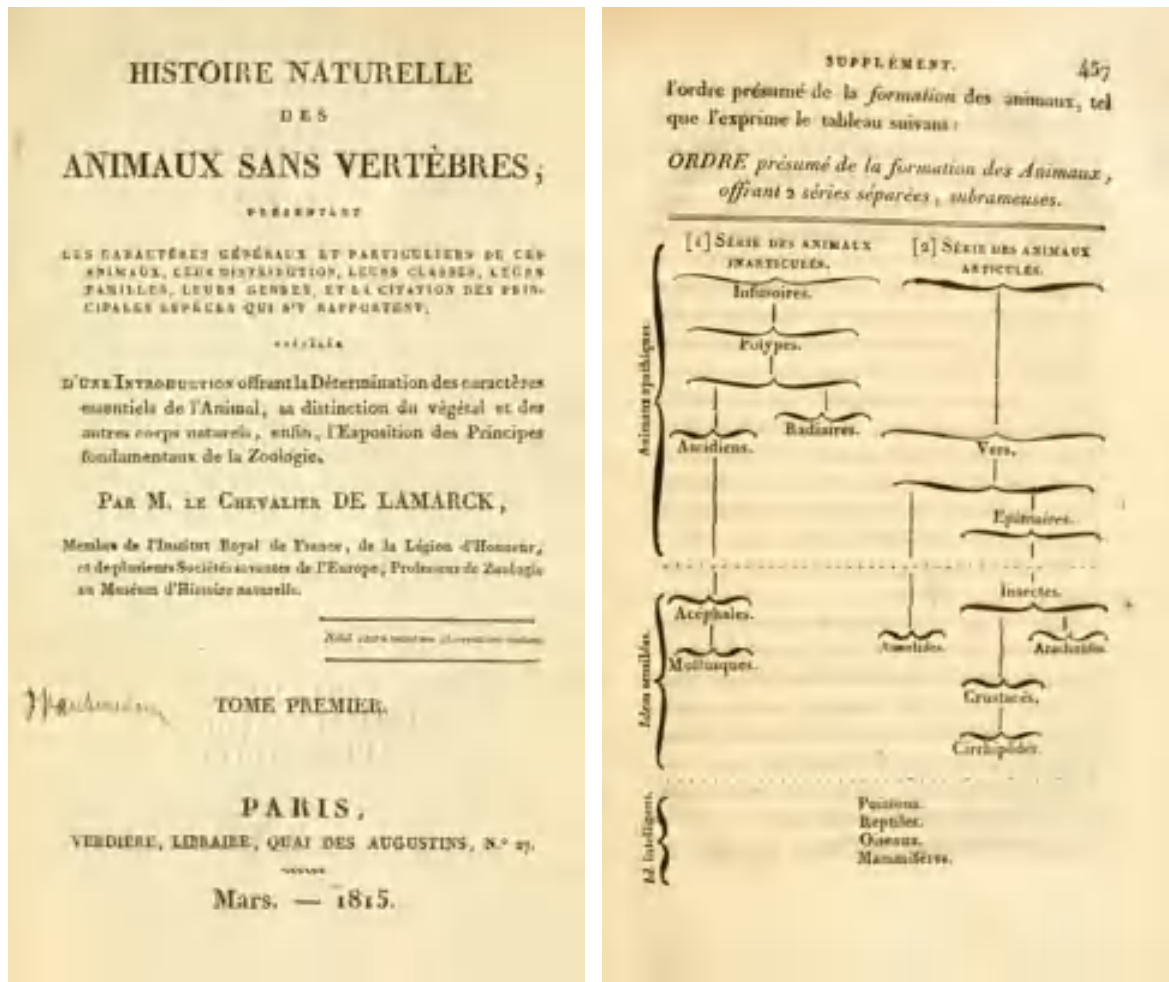
Dès 1794, il a été le premier à différencier les animaux selon 2 plans d'organisations généraux : les vertébrés et les invertébrés.

Dans son ouvrage *Philosophie zoologique*, paru en 1809, il proposera la classification des animaux selon un ordre allant du plus compliqué au plus simple, tout en se demandant s'il ne fallait pas aller de l'organisme du plus simple au plus compliqué.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Dans ce même ouvrage au chapitre VII, il expose sa théorie de transformation des espèces.

Plus tard en 1815, dans l'ouvrage « *Histoire naturelle des animaux sans vertèbres* », il représente pour la première fois sous la forme d'un arbre, l'ordre présumé de la formation des animaux. Cette représentation des êtres vivants est totalement inédite par rapport à l'échelle linéaire des êtres de Charles Bonnet.



Extraits de « *Histoire naturelle des animaux sans vertèbres* » - Source Biodiversity Heritage Library.

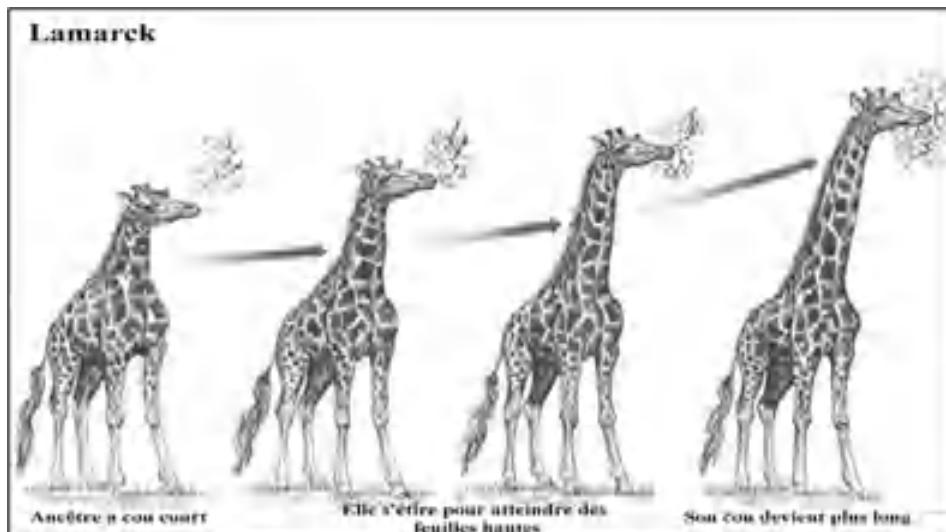
Pour Jean-Baptiste de Lamarck, l'idée d'évolution des espèces est une nécessité pour comprendre la présence des êtres vivants complexes et diversifiés. En effet, il considère que les êtres vivants les plus simples, les « infusoires », apparaissent par génération spontanée. À partir de là, se forment alors, au fil des générations, des organismes de plus en plus complexes avec de nouveaux organes. C'est donc qu'il y a bien eu évolution du plus simple vers le plus compliqué.

Sa théorie du transformisme, s'appuie sur 2 principes :

- L'usage ou le non usage d'un organe entraîne sa transformation. Il pense que les circonstances du milieu interagissent sur les habitudes des êtres vivants qui, en réponse à cette interaction, modifient leurs organes en les développant ou les atrophiant ; c'est la « *théorie de l'usage ou du non-usage des parties* ».
- Ces modifications acquises par les parents sont transmises à leurs enfants ; c'est la « *transmission des caractères acquis* »

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Pour illustrer sa théorie, Jean-Baptiste de Lamarck utilisera l'exemple, désormais célèbre, de l'allongement du cou de la girafe.



Mais cette théorie du transformisme reste très minoritaire en ce début de siècle devant le fixisme et le créationnisme.

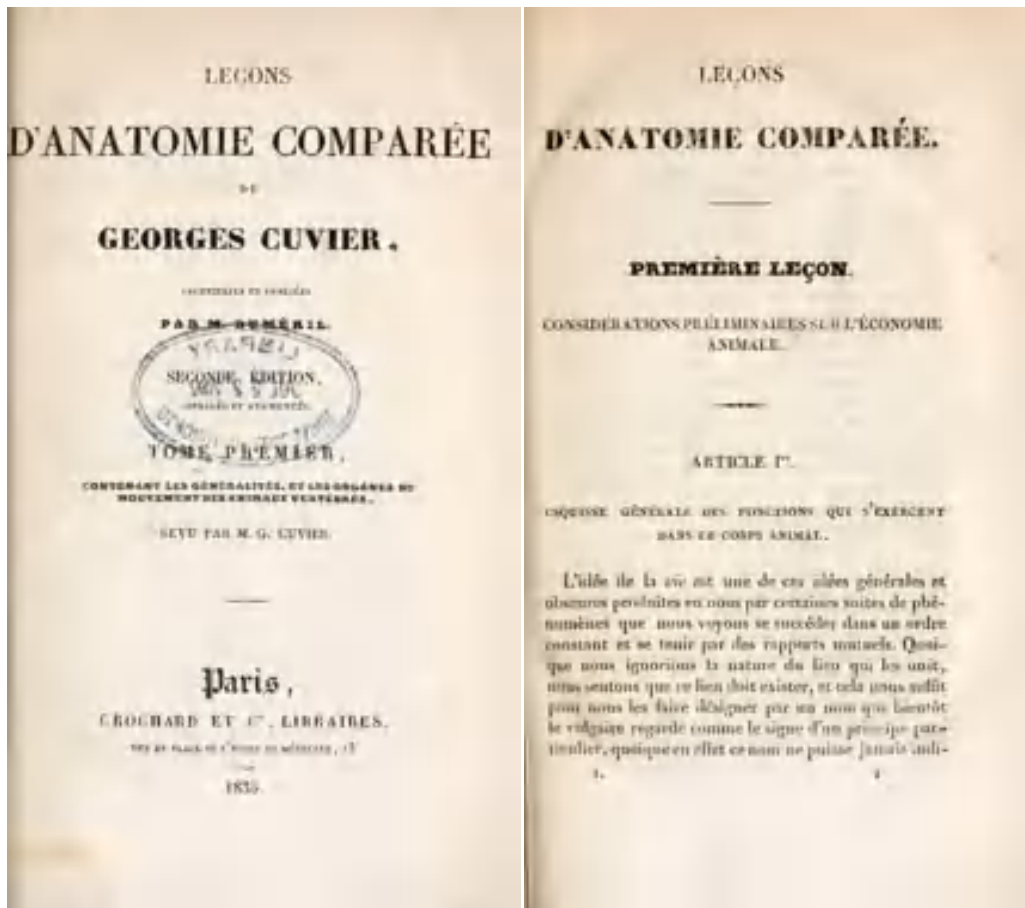
1.3.2 Anatomie comparée et paléontologie :



Buste de Georges Cuvier au musée Cuvier à Montbéliard

C'est à partir des travaux de Georges Cuvier que l'anatomie comparée et la paléontologie, notamment celle des Vertébrés, se sont affirmées comme des disciplines véritablement scientifiques.

Il établit le principe qu'il existe entre tous les organes d'un même animal une subordination telle que, de la connaissance d'un seul organe, on peut déduire celle de tous les autres. C'est ce qu'il appela la loi de la corrélation des formes et fit de l'anatomie comparée la science des lois de l'organisation animale.

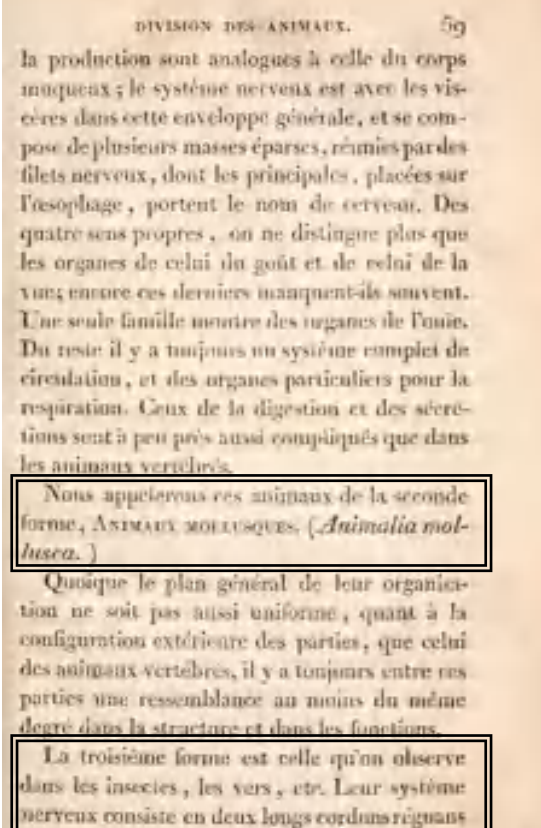
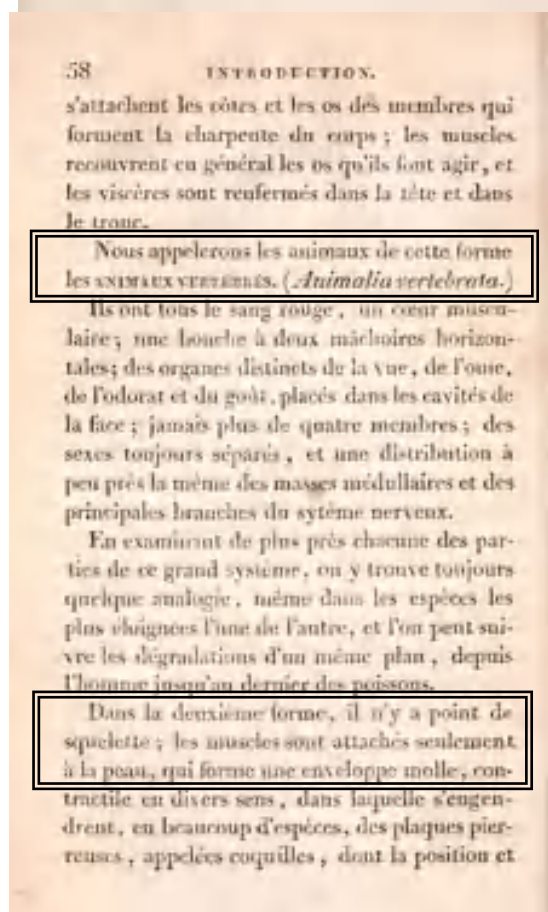
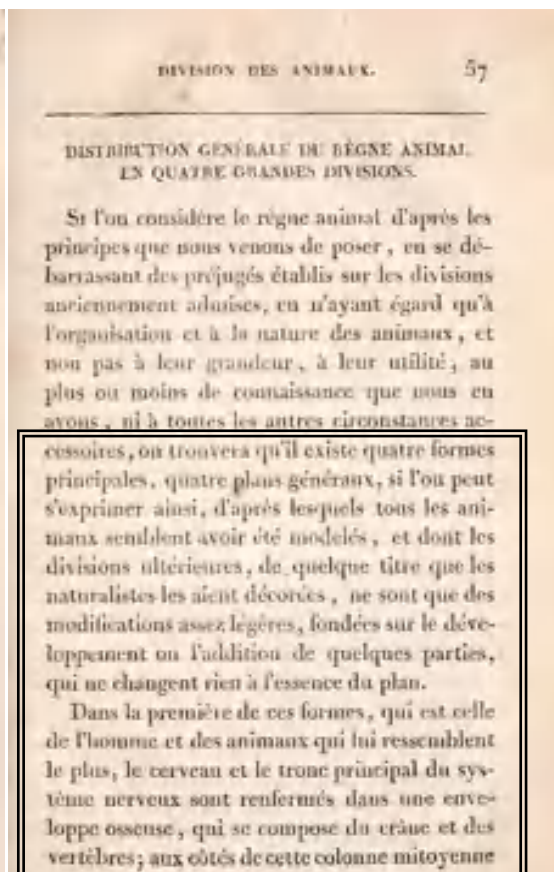
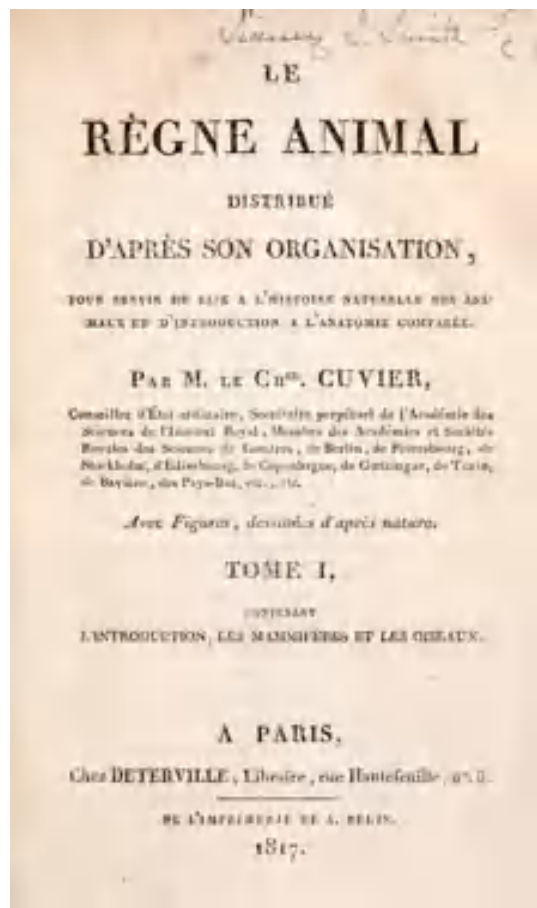


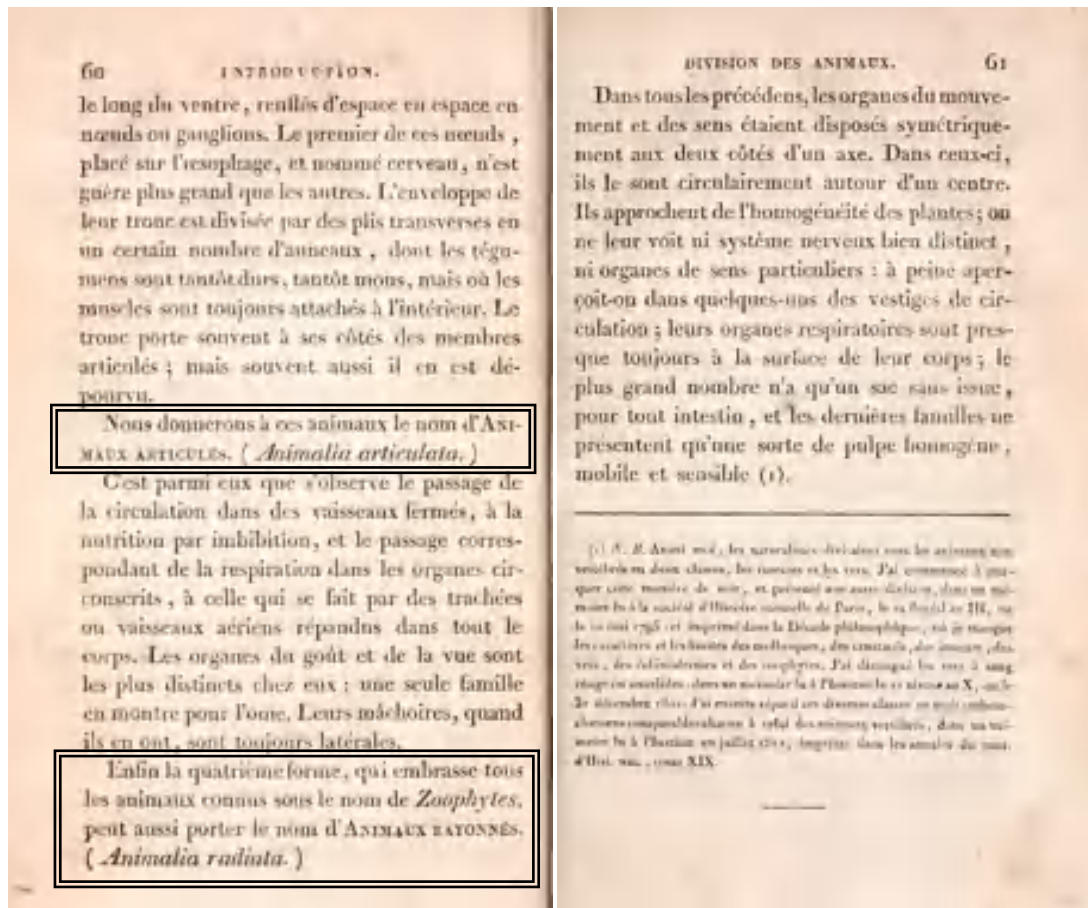
Extraits de « *Leçons d'anatomie comparée* » 1835 - Source Biodiversity Heritage Library.

En se fondant sur leur organisation interne, Georges Cuvier établira ainsi quatre grands groupes d'animaux, quatre organisations complètement distinctes et originales, sans relations possibles entre elles :

- Les Rayonnés (« infusoires », éponges, cnidaires, échinodermes...),
- Les Mollusques, « ...dont le canal digestif est placé sur le système nerveux... »
- Les Articulés (les arthropodes, les annélides)
- Les Vertébrés, « dont le système nerveux est placé sur le canal digestif... ».

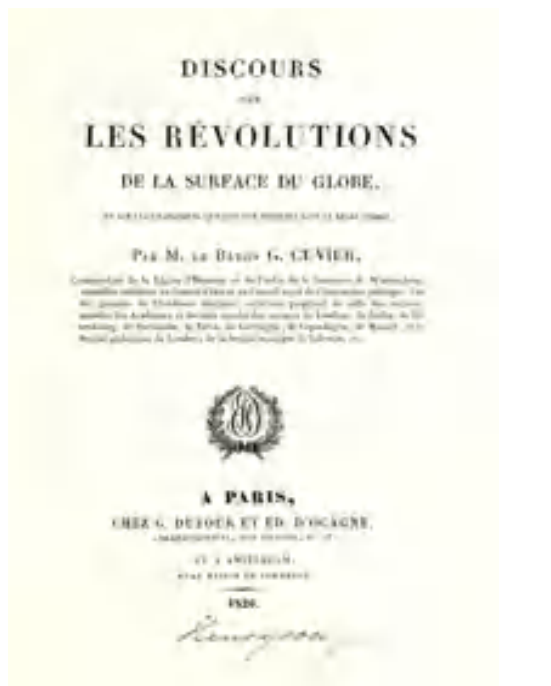
Il décrit ces quatre grands groupes dans son ouvrage « *Le règne animal distribué d'après son organisation* » en 1817.





Extraits de « Le règne animal distribué d'après son organisation » - Source Biodiversity Heritage Library.

Dans le même temps, l'expertise anatomique de Cuvier lui permet de démontrer que certains squelettes fossiles, notamment des vertébrés, ne correspondaient à aucun animal vivant.



Extrait de « Discours sur les révolutions de la surface du globe » 1826 - Source Biodiversity Heritage Library.

Profondément fixiste et créationniste, il expliqua leur existence passée en évoquant des extinctions majeures causées par des catastrophes de type inondation ou séismes, qu'il appela « révolutions du Globe », la Terre étant ensuite repeuplée par une nouvelle création ou des migrations. Cette vision « catastrophique » trouve aujourd'hui un écho particulier dans la notion actuelle de crise écologique (extinctions massives) et est désormais compatible avec la théorie de l'évolution.

Mais à l'époque toute idée d'évolution était fortement combattue.

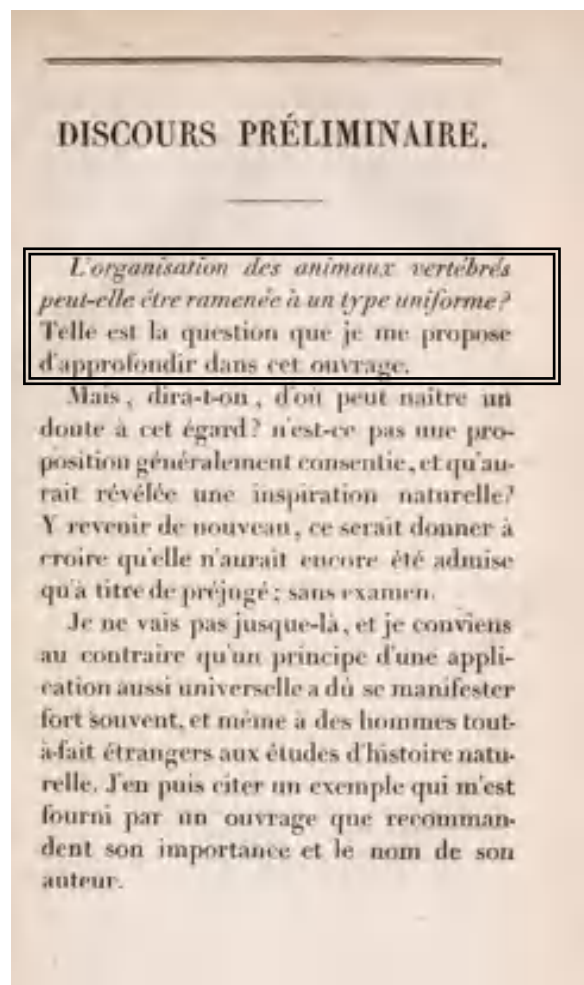
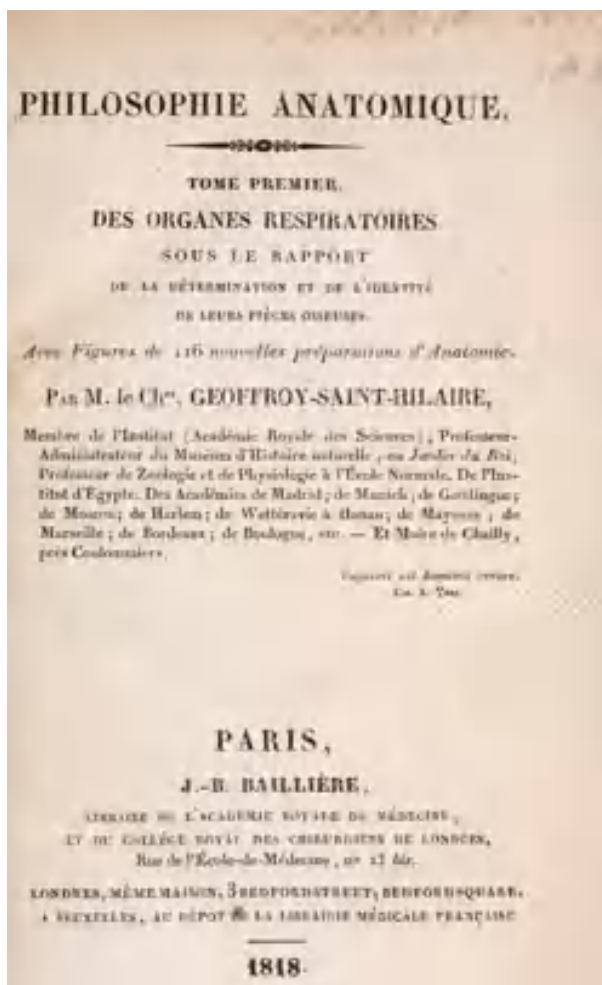
1.3.3 La théorie des analogues, le principe des connexions :

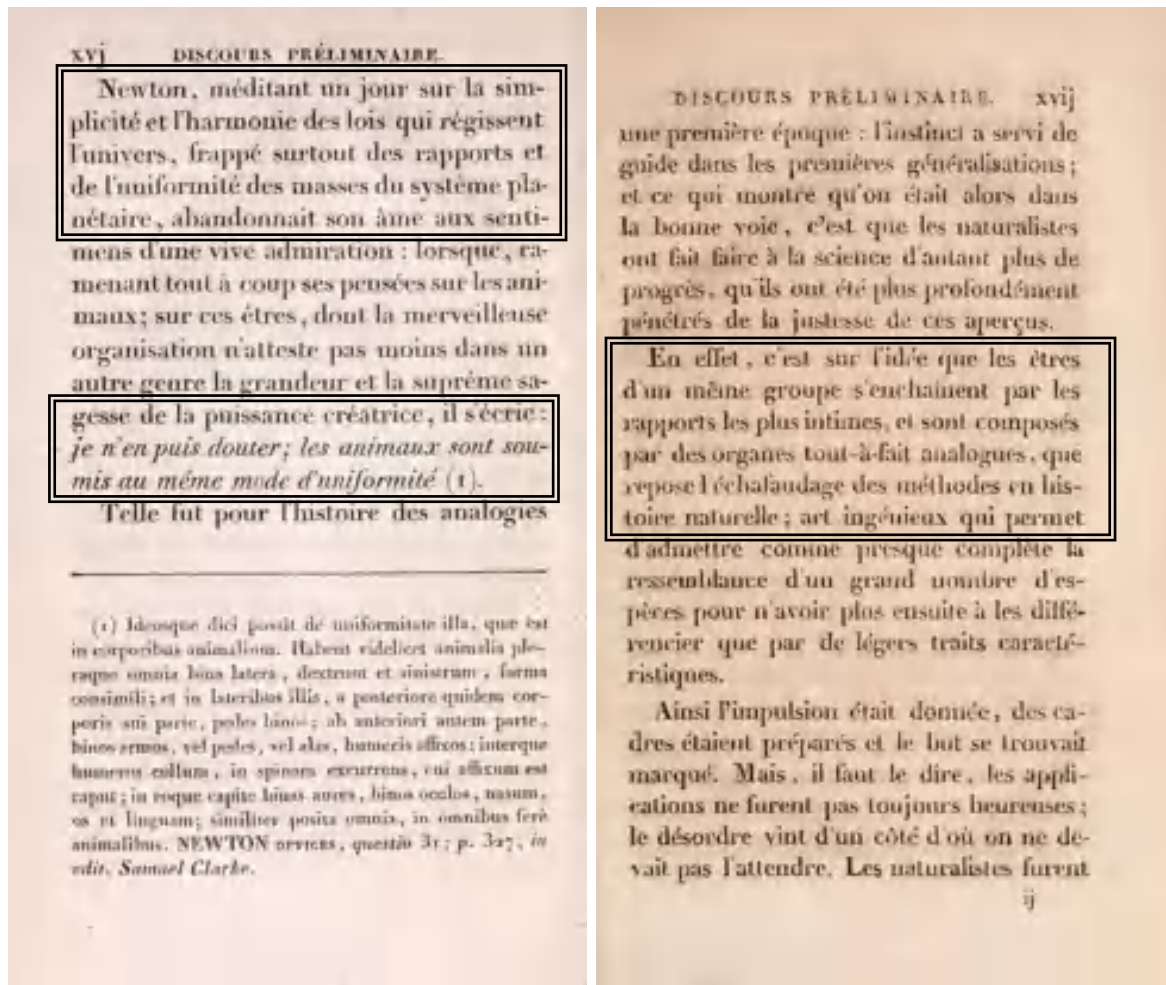


Gravure d'Étienne Geoffroy Saint-Hilaire, par Ambroise Tardieu. Source Wikipédia.

Toujours dans cette première moitié du 19^{ème}, Etienne Geoffroy de Saint Hilaire, naturaliste français, est convaincu de l'existence d'un plan d'organisation unique des êtres vivants.

Adeptes de l'anatomie comparée, il estime que tous les animaux sont formés des mêmes éléments, d'un nombre égal, avec les mêmes interconnexions même s'ils diffèrent en taille et en forme, la plupart demeurant dans un ordre constant.





Extraits de « *Philosophie anatomique* » - Source Biodiversity Heritage Library.

Dans son ouvrage « *Philosophie anatomique* » publié en 1818, il définit sa *théorie des analogues* selon trois principes :

- Le principe des connexions : les organes de même origine embryologique peuvent varier de forme et de fonction suivant les êtres. Le seul invariant reste la position relative c'est à dire la connexion des organes entre eux. Ce principe est à la source du concept d'homologie, à savoir, que sont homologues des organes qui ont la même situation (c'est-à-dire les mêmes connexions) dans un même plan d'organisation. Ce concept est à la base de la construction des arbres actuels.
- la loi de balancement des organes : lorsqu'un organe acquiert un grand développement c'est toujours aux dépens de l'importance d'un autre
- le principe d'affinité élective des éléments organiques ou affinité de soi pour soi : tendance à la soudure de certains os symétriques.

Ses idées quant à l'évolution s'apparentent au transformisme de Jean-Baptiste de Lamarck et le conduisent à affronter Georges Cuvier, résolument fixiste, dans un vif débat à l'Académie des Sciences en 1830, qui eut un retentissement médiatique considérable et qui reste connu comme « *la querelle des analogues* ».

L'état des connaissances d'alors ne permit pas à Geoffroy de Saint Hilaire de défendre sa théorie avec toute la précision voulue et le débat tourna en faveur de Georges Cuvier.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

1.3.4 Embryologie, la théorie des feuilletts :



Karl Ernst von Baer - 1840 – Source Wikipédia

Les origines de l'embryologie remontent à l'Antiquité. C'est Aristote qui, le premier, proposa une classification des animaux en espèces ovipares, vivipares et ovovivipares.

Jusqu'au 18^{ème}, il n'y avait pas de compréhension scientifique claire de l'embryologie. La théorie de la préformation qui voit l'embryon comme un être vivant « miniature » où tous les organes sont déjà présents, prévalait à l'époque.

Karl Ernst Von Baer, naturaliste russe d'origine allemande, fait en 1827, une découverte essentielle pour l'embryologie : il découvre l'ovule des mammifères, découverte majeure car jusque là, les connaissances sur les premières phases du développement des mammifères, et donc de l'homme, étaient assez vagues.



Source Biodiversity Heritage Library

Fort de cette découverte, il poursuit ses travaux sur le développement embryonnaire des vertébrés, embranchement comprenant aussi bien les poissons que les oiseaux, les reptiles ou les mammifères, découvrant ainsi les différents stades de la blastula et de la notochorde. Il décrit le développement de l'embryon à partir de feuilletts (ou couches) embryonnaires.

Il présenta le résultat de ses recherches dans son ouvrage *Über Entwicklungsgeschichte der Tiere* (Histoire du développement des animaux), publié en 1828, qui marque la fondation d'une nouvelle discipline scientifique : l'embryologie comparée.

Ses recherches sur les différentes étapes du développement de l'embryon le conduisent à formuler, une série de lois relatives à ce développement, connues sous le nom de Loi de Baer :

- les caractères généraux apparaissent avant les caractères particuliers (ainsi, un oiseau est d'abord un vertébré) ;
- les structures les moins générales naissent des plus générales (un appareil aussi compliqué que l'intestin n'est d'abord qu'un simple feuillet) ;
- au cours du développement, les animaux d'une certaine espèce s'écartent de plus en plus de ceux des autres espèces.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Ses travaux consolidèrent la théorie de l'épigenèse (les organes apparaissent progressivement) qui s'imposera alors à celle de la préformation (les organes sont préexistants dans l'œuf).

Ils consolidèrent aussi la classification des animaux de Georges Cuvier selon quatre plans d'organisation totalement distincts, mais avec une méthode et des critères différents : suivant leurs processus embryologiques, les animaux acquièrent des plans d'organisation qui leur sont propres.

Il y a :

- le type périphérique ou radié pour les Rayonnés,
- le type longitudinal pour les Articulés,
- le type massif pour les Mollusques,
- et le type vertébré.

Karl Ernst Von Baer s'opposera à la théorie de l'évolution. Toutefois, l'embryologie comparée va devenir incontournable pour la classification des êtres vivants.

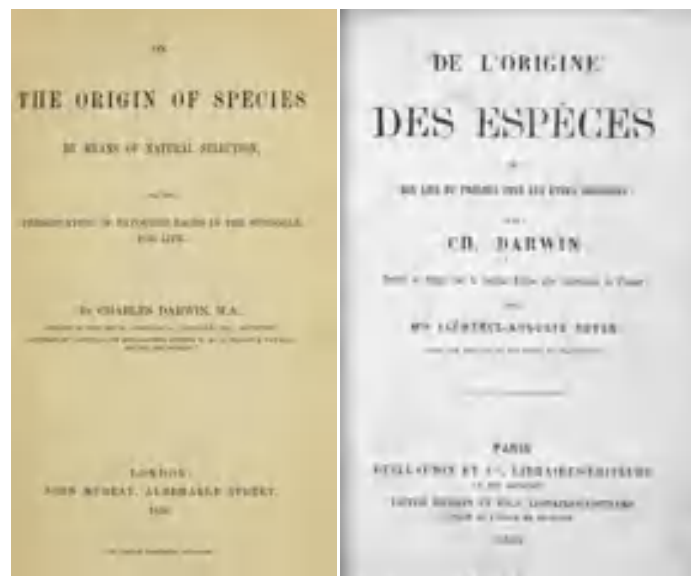
Malgré les imprécisions dues à son époque, les observations de Von Baer restent encore pertinentes aujourd'hui.

1.3.5 La théorie de l'évolution – La sélection naturelle :



Portrait Charles Darwin par Walter William Oules -1875 – Source Wikipédia

Lorsque Charles Darwin publie en 1859 son ouvrage « *De l'origine des espèces ou des lois du progrès chez les êtres organisés* », la communauté scientifique est majoritairement acquise au fixisme et au créationnisme.



Source Darwin on line

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

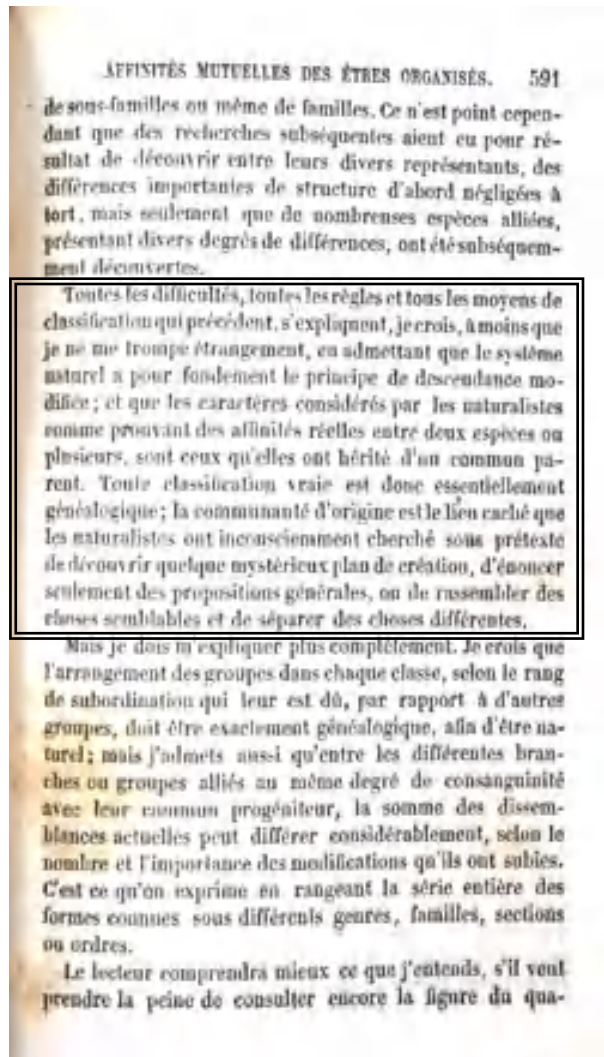
L'hypothèse d'une évolution a été déjà émise par Jean Baptiste Lamarck, mais la théorie du transformisme reste minoritaire et montre vite ses limites.

Aussi le développement de la théorie de la modification des espèces sous l'effet de la sélection naturelle par Darwin, est une véritable révolution dans le monde scientifique, mais pas que...

Dans son ouvrage, il décrira minutieusement une multitude d'exemples pour démontrer sa théorie. Il étudiera la variation des espèces d'abord, dans le cadre de l'élevage domestique (pigeons, bovins) puis, fera une comparaison avec les variations à l'état sauvage et fera le constat que dans les 2 cas, ce sont les individus les mieux adaptés à leur environnement qui survivent et se reproduisent en transmettant leurs caractères acquis.

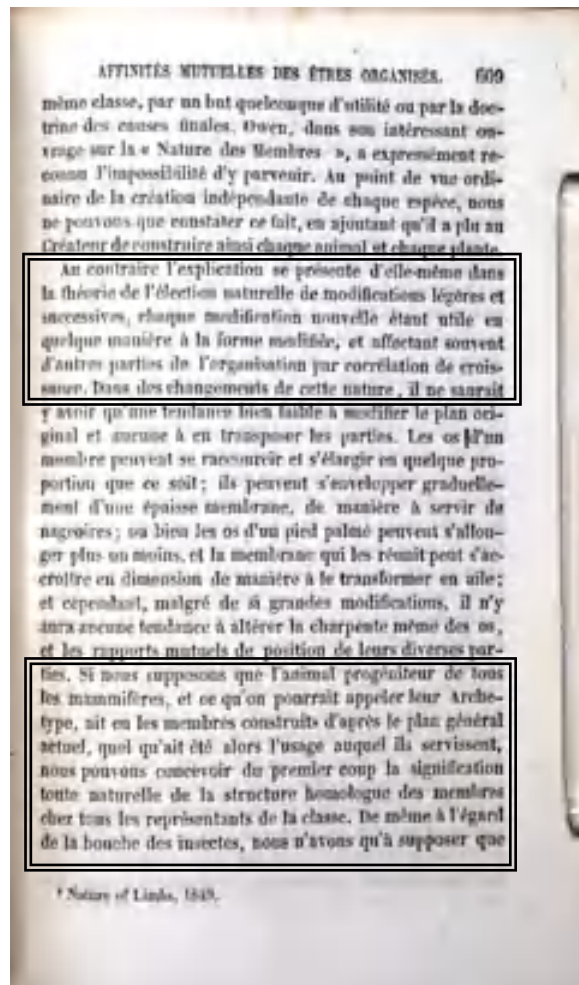
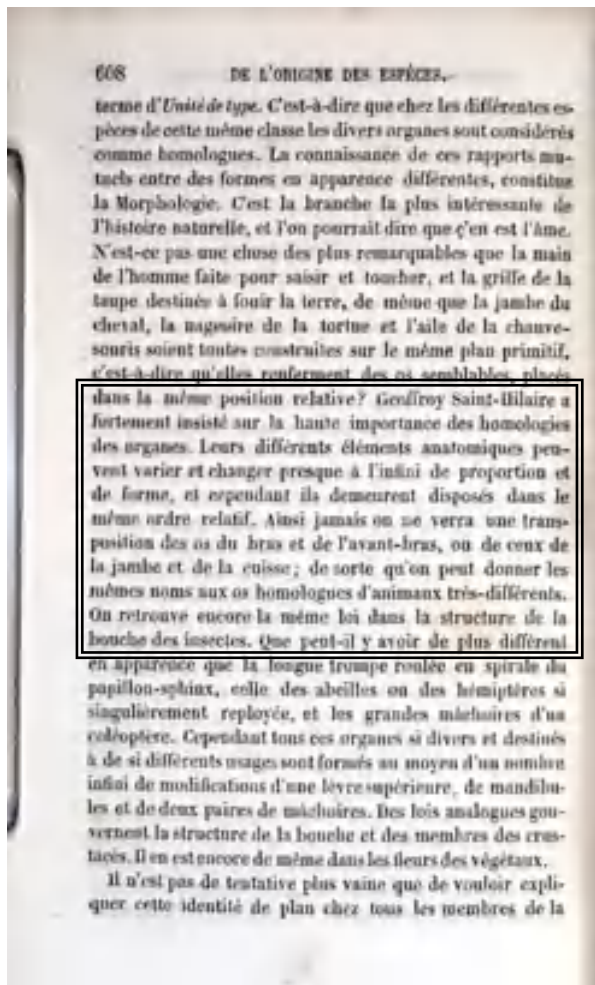
S'appuyant sur cette théorie, il proposera aux naturalistes un nouveau cahier des charges pour la classification.

Désormais, « ... *Toute classification vraie est donc essentiellement généalogique ; la communauté d'origine est le lien caché que les naturalistes ont inconsciemment cherché...* ».



Extrait de « *L'origine des espèces* » – Source Darwin on Line

Les caractères nécessaires à la classification, les caractères homologues tels que définis par Etienne Geoffroy de Saint Hilaire, sont ceux qui sont hérités d'un ancêtre commun.



Extraits de « *L'origine des espèces* » – Source Darwin on Line

Darwin utilisera, pour la première fois, la représentation graphique d'un arbre pour illustrer sa théorie. Ce sera la seule illustration de son ouvrage de près de 600 pages.



Extrait de « *L'origine des espèces* » – Source Darwin on Line

A partir de cet arbre purement théorique, Darwin explique :

- L'extinction des espèces,
- L'apparition des espèces par l'éclatement d'une lignée en plusieurs rameaux qui sont généralement divergents
- Le maintien d'espèces qui se sont perpétuées telles qu'elles ou à peine transformées jusqu'à présent,
- La divergence ancienne ou récente des espèces (ancêtres communs proches ou éloignés)

Les lignes horizontales expriment le temps en milliers voire plusieurs milliers de générations.

L'arbre phylogénétique de Darwin ne peut être qu'un arbre théorique, car il lui manque beaucoup d'informations pour le faire « coller » aux espèces.

AFFINITÉS MUTUELLES DES ÊTRES ORGANISÉS. 637

renté commune des formes que les naturalistes considèrent comme alliées, et de leurs modifications par élection naturelle, qui résultent des extinctions d'espèces et de la divergence des caractères. Pour bien peser la valeur de ce principe de classification, il faut se souvenir que des considérations purement généalogiques ont toujours et partout fait ranger ensemble dans la même espèce les deux sexes, les divers âges et même les variétés reconnues, quelles que fussent leurs différences de structure et d'organisation. Si l'on étend l'usage de cet élément généalogique, seule cause connue des ressemblances que l'on constate entre les divers êtres organisés, on comprendra aisément que le système naturel qu'on essaie de reconstruire, n'est que l'arbre généalogique des formes vivantes; et que les degrés divers des différences acquises s'expriment par les termes de variétés, espèces, genres, familles, ordres et classes.

En partant de ce même principe de descendance modifiée, les grands faits de la Morphologie deviennent intelligibles, soit que nous considérons le même plan déployé dans les organes homologues des différentes espèces d'une même classe, quelles que soient du reste leurs fonctions, soit que nous le considérons dans les organes homologues d'un même individu, animal ou végétal.

D'après ce principe que des variations légères et successives ne surviennent pas nécessairement ou même généralement pendant les premières phases de la vie, et qu'elles sont héritées à un âge correspondant par les descendants de l'individu modifié, on peut expliquer les principaux faits de l'embryologie: c'est-à-dire la ressemblance des parties homologues dans l'embryon, lors même qu'à l'état adulte, ces mêmes parties doivent différer considérablement dans leur structure et dans leurs fonctions; de même que la ressemblance de l'embryon et de ses parties homologues, chez les différentes espèces d'une classe, bien que les indi-

Darwin va également interpréter les découvertes de l'embryologie et établir des relations entre embryologie et classification.

676 DE L'ORIGINE DES ESPÈCES.

à l'individu chez lequel elle s'est produite, à peu près comme nous voyons dans toute grande invention mécanique la résultante de travail, de l'expérience, de la raison et même des erreurs de nombreux ouvriers; je puis dire, d'après mes propres expériences, que d'un point de vue l'étude de chaque être organisé, et de la nature tout entière, nous esquissera bien autrement intéressante.

Un champ d'observation immense et à peine foulé nous sera ouvert dans les causes et les lois de variabilité et de corrélation de croissance, dans les effets de l'usage ou du défaut d'exercice des organes, dans l'action directe des conditions extérieures et ainsi de suite. L'étude des productions domestiques prendra une plus haute valeur. Une nouvelle variété obtenue par l'homme sera un sujet d'étude plus intéressant et plus important qu'une espèce nouvellement découverte et siotée encore au nombre infini des espèces déjà connues. Nos classifications deviendront, autant qu'il se pourra, des généalogies, et retraceront alors véritablement ce qu'on peut appeler le plan de la création. Les règles de classement systématique deviendront sans nul doute plus simples, quand nous aurons un objet bien déterminé en vue. Nous ne possédons ni arbre généalogique, ni Livre d'Or, ni armoires héréditaires; mais nous avons pour découvrir et suivre les traces des nombreuses lignées divergentes de nos généalogies naturelles, un héritage longtemps conservé de caractères de toutes sortes. Les organes rudimentaires seront des guides infailibles, quant à la nature des organes perdus depuis longtemps. Les espèces et groupes d'espèces, qu'on nomme aberrants, et qu'on pourrait appeler des fossiles vivants, nous aideront à ressusciter le portrait des anciennes formes de la vie. L'embryologie nous révélera la structure un peu obscurcie des prototypes de chaque grande classe.

Lorsque nous serons certains que tous les individus de la

Ainsi, Darwin livre « clés en main », un nouveau système de classification aux naturalistes, un nouveau cahier des charges : « rechercher les relations de parentés pour classer ». Mais, il lui manquait alors les ressources de la génétique, science qui ne se développera que plus tard, et de l'embryologie qui n'était que naissante, pour asseoir définitivement sa théorie.

Extraits de « L'origine des espèces » – Source Darwin on Line

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Bien que cette théorie prit très vite une dimension polémique dans le monde religieux et social - Dieu, ou le Créateur, n'est plus l'origine de l'adéquation parfaite des espèces à leur milieu, c'est la sélection naturelle au fil du temps qui explique l'adaptation à l'environnement – le livre connaît un grand succès, et de nombreux naturalistes et autres scientifiques rallièrent la théorie de Darwin...

1.3.6 La classification après Darwin- fin du 19^{ème} siècle :

Durant cette période post Darwinienne, les biologistes cherchent donc des liens d'apparentement, mais en fait, multiplient les caractères de classification sans véritablement de méthodes, car on ignorait encore exactement les mécanismes de l'hérédité. Ainsi, on ajoutera aux critères généalogiques, des critères écologiques, d'adaptation au milieu, de transition. On parlera alors de « systématique éclectique ».

1.3.6.1 Ernst Haeckel (1834-1919)

C'est à Ernst Haeckel, biologiste allemand, en 1866, que l'on doit le terme de « phylogénie » à partir de *phyllo* (tribu, groupe) et *genesis*, origine, pour définir l'histoire du développement des phylums (groupes). Darwin utilisera ce terme dans la dernière édition de « *L'origine des espèces* » en 1872 avec comme définition « *les lignées généalogiques de tous les êtres organisés* ».

Dans son ouvrage « *l'histoire de la création des êtres organisés par les lois naturelles* » publié en 1868, Ernst Haeckel fonde une nouvelle zoologie en portant le nombre d'embranchements du règne animal à 7 au lieu de 4 précédemment établis par Cuvier, à savoir : les vertébrés, les arthropodes, les organismes vermiformes (Vermes), les mollusques, les rayonnés (Echinodermes), les zoophytes (Eponges, Cnidaires, Cténophores) et enfin les animaux primaires ou *protozoa* réunissant les infusoires et les rhizopodes : « *...Le règne animal se compose de sept grandes divisions tout à fait distinctes l'une de l'autre, ou de sept types, dont chacun est caractérisé par un plan de structure tout à fait spécial...* »

« *...Les animaux dits « protozoaires » (Protozoa), les infusoires, les rhizopodes, ne constituent pas un « type » véritable. En général ce ne sont pas de vrais animaux ; c'est au règne neutre des protistes qu'ils se rattachent...* »



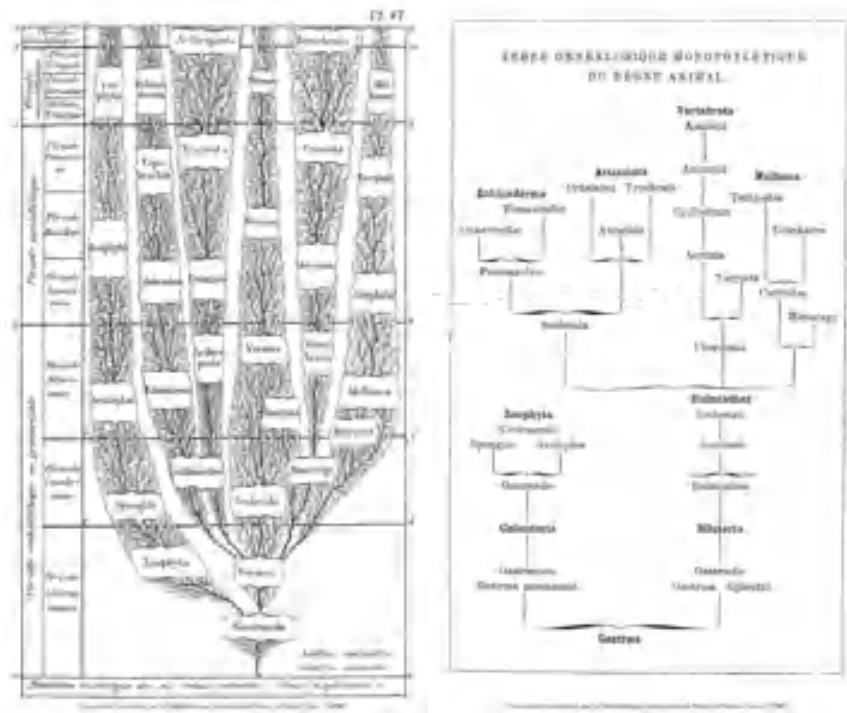
Arbre phylogénétique par Ernst Haeckel en 1866 dans « *Generelle Morphologie der Organismen* » - Source Biodiversity Heritage Library

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

Ces groupes taxinomiques ainsi formés, Haeckel s’attache alors à trouver des relations de parenté. La démarche consiste à chercher, à partir de l’embryologie, les relations de parenté existant entre des groupes caractérisés par des plans d’organisation originaux et propres à chacun.

Pour résoudre l’épineux problème de l’origine de ces groupes – ont-ils une origine isolée ou bien une origine commune ? – il propose alors une généalogie monophylétique (un ancêtre commun et tous ses descendants), pour décrire ces groupes toujours en s’appuyant sur l’embryologie : « ...C’est principalement l’ontogénie comparée*, qui prouve l’origine unitaire de tout le règne animal, les protistes exceptés... ».

* Ontogénie : Développement de l’individu depuis la fécondation jusqu’à l’âge adulte

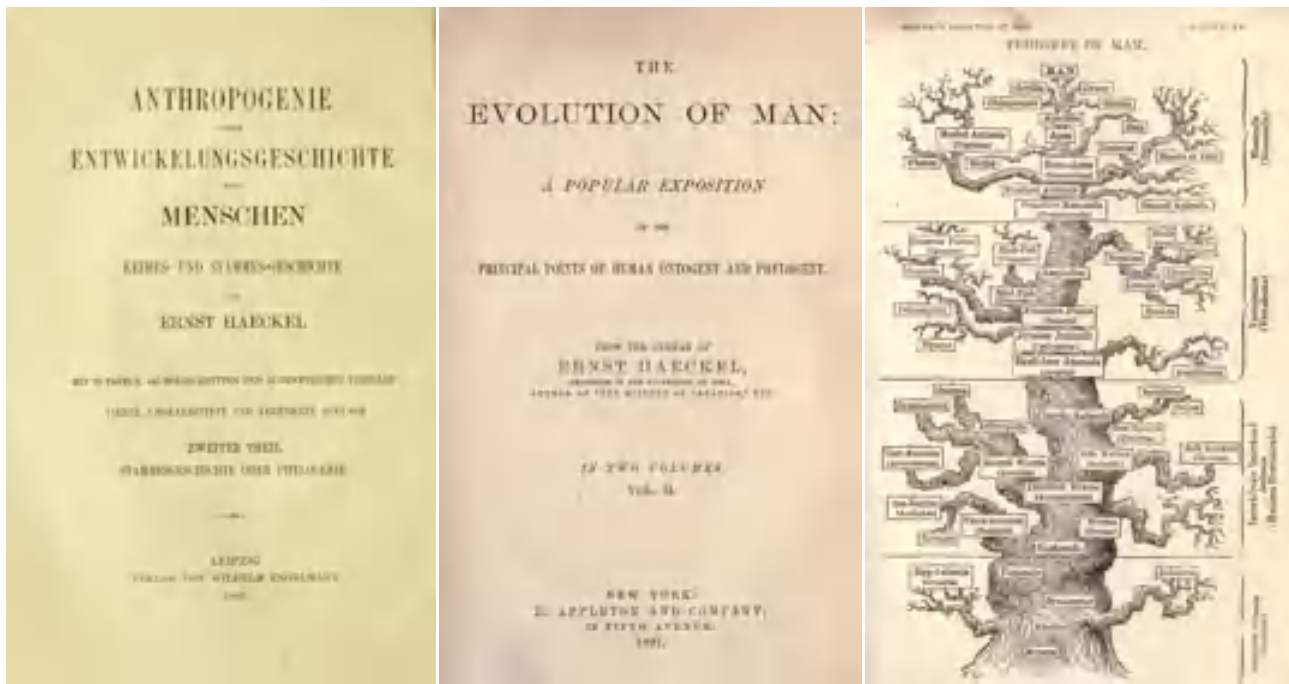


Extraits de « Histoire de la création des êtres organisés d’après les lois naturelles » - Source <http://jubilotheque.upmc.fr>

Il sépare les animaux en deux grandes parties : les animaux à symétrie radiaire et les animaux à symétrie bilatérale.

Dans son ouvrage « *Anthropogenie oder Entwicklungsgeschichte des Menschen* » en 1874, traduit en anglais par « *The Evolutionary of Man* », il publiera un nouvel exemple d’arbre dans lequel l’homme prend une place particulière, qui donne l’impression que l’homme est l’aboutissement final de l’Evolution.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS



Source Biodiversity Heritage Library

1.3.6.2 *L'Échelle des Etres, le retour :*

Au cours de cette fin de siècle, des découvertes majeures concernèrent l'embryologie : la découverte du 3^{ème} feuillet, le mésoderme, en 1855 par Robert Remak.

En 1873, E. Ray Lankester (1847-1929) différencie alors les animaux selon le nombre de feuillets :

- Les Diploblastiques : animaux à 2 feuillets
- Les Triploblastiques : animaux à 3 feuillets

Il considère que tous les animaux passent par un stade diploblastique au cours de leur développement. Certains auront ensuite un stade triploblastique. De ce fait, il introduit alors un nouveau concept : le degré d'évolution atteint par un ensemble d'espèces vivantes, le grade. Ainsi, il y aura :

- Un grade supérieur fondé sur un caractère dérivé, c'est-à-dire un caractère ancestral ayant évolué : le grade triploblastique,
- et un grade inférieur, fondé sur un caractère ancestral, un caractère qui n'a pas évolué : le grade diploblastique.

C'est le retour à l'échelle des Etres.

D'autres découvertes de caractères embryologiques majeurs vont permettre de définir des grades supplémentaires au sein des groupes :

- Le mode de segmentation du zygote : on définit ainsi les spiraliens et les radiaires,
- L'existence ou non d'un coelome : coelomates, acœlomates, pseudocoelomates,
- Le devenir du blastopore : protostomiens, deutérostomiens.

Ainsi les espèces pouvaient être classées selon des caractères issus de l'embryologie, et de l'anatomie comparées.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

1.3.6.3 Le détournement de la théorie de Darwin :

En 1877, Herbert Spencer (1820-1903), philosophe et sociologue anglais, considérait la société comme un organisme vivant. Il s'empara des théories de Darwin et les appliqua à la société, faisant de la sélection naturelle des espèces une loi de l'évolution des sociétés. C'est ainsi qu'il imposa le terme d'« évolution » et est l'auteur de l'expression « la survie des plus aptes ». Sa théorie fut appelée postérieurement le « darwinisme social ».

L'idée d'évolution des sociétés vue par Spencer est indissociable de la notion de progrès et de l'amélioration de l'être humain. De nombreux scientifiques et penseurs seront partisans de ce « darwinisme social ».

Darwin n'emploie quasiment jamais le terme d'évolution dans *L'Origine des espèces* (1859), et lui préfère l'expression de « descendance avec modification » en ne désignant par là que le processus d'adaptation. Il faudra attendre la 5^{ème} édition de *L'Origine des espèces* en 1869, pour voir apparaître l'expression « la survie du plus apte ».

A l'époque, dans l'Angleterre victorienne, les notions de changement et de progrès étaient intrinsèquement liées. Ainsi, la notion d'évolution vers le progrès et la complexité va dès lors, être liée à la sélection naturelle.

1.3.7 Les prémices de la génétique fin 19^{ème} :

La génétique, la science de l'hérédité... Si Darwin l'avait connu... Mais, en cette fin de siècle, les données apportées par les découvertes de cette nouvelle science qui débute, grâce notamment aux performances des microscopes, ne peuvent pas encore être interprétées pour la classification comme l'ont été les données issues de l'embryologie. Il va falloir attendre encore un peu...

1.3.7.1 Darwin et la génétique :

Charles Darwin soutient la théorie de la transmission des caractères acquis déjà exposée par Jean Baptiste de Lamarck. Dans son livre « *De la variation des animaux et des plantes sous l'action de la domestication* » (en anglais : « *The Variation of Animals and Plants under Domestication* »), publié en 1868, il développe le concept de pangenèse qui ne lui survivra pas.

Des germes contenus dans chaque cellule vivante, qu'il appelle gemmules, spécifiques de chaque type cellulaire (nerf, muscle...), migrent dans les cellules reproductrices. La multiplication des gemmules provenant du mâle et de la femelle, après la fécondation, sera à l'origine du développement de l'embryon. Les gemmules peuvent ou non s'exprimer, ce qui permet à Darwin d'expliquer les " caractères latents ", c'est-à-dire le retour à des caractères ancestraux, les résultats des croisements ou la transmission des caractères acquis.

Il complètera sa théorie par la sélection sexuelle qu'il développera dans son livre « *La Filiation de l'homme et la sélection liée au sexe* » (en anglais : « *The Descent of Man, and Selection in Relation to Sex* ») paru en 1871.

La sélection sexuelle constitue l'un des deux mécanismes de la sélection naturelle, celui qui est lié à la « lutte pour la reproduction », distincte et complémentaire de la « lutte pour la survie ».

Cette idée sera rejetée pendant plus d'un siècle. Ce n'est qu'avec l'essor de la biologie évolutive dans les années 1990 que la sélection sexuelle va se révéler être une pierre angulaire de la sélection naturelle.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

1.3.7.2 *La fin de la théorie de la génération spontanée : la vie provient de la vie !*

Déjà les observations du naturaliste Van Leeuwenhoek au 17^{ème} siècle, sur les bactéries, les globules rouges, les spermatozoïdes, s'opposaient à la génération spontanée. Mais elles sont restées dans l'ombre jusqu'à cette fin du 19^{ème} (cf. §3.1.1).

C'est en 1863, grâce aux expériences de Louis Pasteur que cette théorie sera définitivement réfutée : la vie provient de la vie ! Louis Pasteur vient de créer une nouvelle branche de la science : la microbiologie.

1.3.7.3 *Les lois de l'hérédité par Gregor Mendel :*

En mai 1856, Gregor Mendel (1822-1884), moine et botaniste autrichien, commence ses expériences de croisement sur les plantes de pois qu'il a sélectionnées. Objectif : « *Observer, pour chaque couple de caractères différentiels, [les variations dans la descendance que constitue l'hybride], et trouver la loi suivant laquelle ceux-ci apparaissent dans les générations successives.* »

Après sept ans de dur labeur et d'analyses statistiques, il énonce ce qui deviendra les *lois de Mendel*, qui définissent la manière dont les caractères (gènes) se transmettent de génération en génération. Publiées en 1866, ces observations resteront cependant ignorées pendant près de trente-cinq ans. Ce sont les travaux menés indépendamment par trois autres scientifiques qui vont permettre, en 1900, de redécouvrir les « *lois de Mendel* ». Celles-ci constitueront alors les fondements de la génétique.

1.3.7.4 *Le noyau des cellules, siège de l'hérédité :*

En étudiant la structure des cellules, le biologiste suisse Friedrich Miescher (1844-1895) découvrit en 1869 l'existence d'une substance riche en phosphore, non protéique et non lipidique. Comme cette substance a son origine dans le noyau cellulaire, il la nomma « *nucléine* ». Mais ce n'est que plusieurs décennies plus tard, en 1953, que cette substance sera identifiée et nommée *acide désoxyribonucléique*, l'ADN...

Ensuite en 1880, les biologistes allemands Oscar Hertwig (1849-1922) et Eduard Strasburger (1844-1912) découvrent que l'hérédité a un lien avec le noyau de nos cellules. Leurs différentes expériences permirent de mettre en évidence la réunion des gamètes (cellules sexuelles) lors de la fécondation. Ce résultat leur permit de constater que les deux gamètes s'assemblaient et formaient la première cellule d'un nouvel individu ; cellule dans laquelle les noyaux gamétiques avaient fusionné.

Enfin, Walther Flemming (1843-1905), biologiste allemand et un des pionniers de la cytologie microscopique, remarqua que dans les noyaux cellulaires, une certaine substance acide se laissait colorer par des colorants basiques. Il la nomma « *chromatine* ». En 1882, il remarque que la *chromatine* se transforme en filaments lors de la division cellulaire. Il nommera ce processus de division cellulaire « *mitose* » (du grec mitos = filament). Plus tard, en 1888, ces filaments seront nommés « *chromosomes* » (corps colorés) par Wilhelm Von Waldeyer-Harz.



Illustration de cellules en mitose, une des 100 figures du livre de Flemming *Zellsubstanz, Kern und Zelltheilung*, 1882 – Source Wikipédia.

Ce n'est que près de 20 ans plus tard, qu'on associera les chromosomes aux lois de l'hérédité de Mendel.

Mais, toutes ces découvertes resteront lettre morte pour la classification. Le lien entre classification et génétique n'est pas encore fait, du moins pour l'instant...

1.4 La classification et l'origine du vivant au 20^{ème} siècle :

Le 20^{ème} siècle sera marqué par les méthodes à mettre en œuvre pour construire une classification naturelle qui reflète l'histoire du vivant et surtout, le fantastique développement de la génétique qui va apporter un soutien majeur à la théorie darwinienne de la transformation des espèces.

1.4.1 La théorie synthétique de l'évolution – 1^{ère} moitié du 20^{ème} siècle :

En ce début de siècle, la redécouverte des lois de Mendel, par Hugo de Vries (1845-1935), Carl Erich Correns (1864-1933) et Erich Von Tschermak (1871-1962), tous trois botanistes, suscite un vif intérêt chez les scientifiques de tout bord.

Lucien Cuénot (1866-1951) biologiste et généticien français, retrouve ces lois chez l'animal en 1902, en utilisant des lignées de souris.

En 1909, le botaniste et généticien danois, Wilhelm Johannsen (1857-1927), invente le terme de *gène* pour désigner les facteurs héréditaires de Mendel. Il crée aussi les mots *génotype*, l'ensemble des gènes d'un organisme, et *phénotype*, l'ensemble des caractères observables d'un organisme. Quant à William Bateson (1861-1926), biologiste anglais, il proposa le mot *génétique* pour désigner la science des gènes.

Tous les scientifiques sont désormais en ordre de bataille pour faire décoller cette nouvelle science et, les découvertes vont se succéder sans relâche.

Dans les années 1910, l'américain Thomas Hunt Morgan (1866-1945) et ses nombreux disciples vont démontrer, à partir de l'observation d'une mouche de vinaigre (la drosophile), mutante (elle avait un œil blanc), que les chromosomes sont le support matériel des gènes et que l'apparition de nouvelles

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

variations dans les caractères est liée à des modifications (mutations homéotiques) des gènes déterminant ces caractères.

Dès lors, si ces petites mutations au sein d'un individu, la mouche par exemple, ont des conséquences importantes sur son anatomie, qu'en est-il au sein d'une population, d'autant que, à partir des lois mendéliennes, on est capable de calculer la fréquence d'apparition de la variation des gènes, les allèles.

C'est ainsi que dans les années 1920, puis les années 1930, se développera la *génétique des populations* sous l'impulsion de généticiens comme Ronald Fischer (1890-1962), John Haldane (1892-1964) et Sewall Wright (1889-1988) et plus tard Theodosius Dobzhansky (1900-1975).

La génétique des populations construit des modèles mathématiques de l'évolution pour montrer comment de nouvelles mutations peuvent se répandre dans une population sous l'effet de la sélection naturelle et comment cela peut conduire à l'apparition d'une nouvelle espèce.

Ainsi la génétique et le darwinisme sont désormais réunis.

« Rien n'a de sens en biologie, si ce n'est à la lumière de l'évolution » - Theodosius Dobzhansky

A partir de ces résultats, l'ornithologue Ernst Mayr (1904-2005), le paléontologue George Simpson (1902-1984) et le botaniste Georg Stebbins (1906-2000) s'empressèrent d'appliquer ces idées à leurs disciplines.

Une synthèse unifiée pour expliquer l'ensemble des mécanismes évolutifs s'avérera alors nécessaire.

En 1942, Julian Huxley (1887-1975) fonde le terme *synthèse moderne* également appelée *théorie synthétique de l'évolution* ou encore *néodarwinisme*, pour désigner cette extension de la théorie darwinienne mêlant génétique, paléontologie, systématique et bien d'autres disciplines.

De cette théorie, il ressort pour l'essentiel qu'au sein d'une population, l'évolution procède à petits pas, de façon graduelle. Les mutations génétiques sont de faible ampleur et sont sous l'emprise de la sélection naturelle. Ces changements entraînent une meilleure adaptation des organismes et leur accumulation conduit à l'émergence d'une nouvelle espèce.

Cette synthèse constituera le cadre conceptuel de référence concernant l'étude des phénomènes évolutifs. Julian Huxley, Ernst Mayr et Georges Simpson qui en sont les principaux fondateurs, en seront aussi les promoteurs.

1.4.2 Les classifications « évolutionnistes » ou la systématique éclectique :

Dans ce cadre de référence, les classifications vont intégrer, en sus des autres grades (cf. §3.3.6.2), une notion de grade évolutif définissant « *un niveau de changement évolutif* » permettant « *de passer dans une nouvelle zone adaptative* », par exemple le passage au milieu terrestre. Ces niveaux évolutifs vont permettre de subdiviser encore plus finement à l'intérieur des groupes en regroupant des organismes partageant une même zone « adaptative ». Ainsi, les grades vont pouvoir rassembler des groupes déjà formés selon leur affinité évolutive.

Cependant, les classifications évolutionnistes bâties autour de cette synthèse, et développées entre autres par Ernst Mayr et George Simpson, s'éloignent quelque peu de la ligne de conduite invoquée par Darwin, à savoir la recherche de groupes de descendance caractérisés par l'existence d'homologies, les caractères propres à plusieurs espèces hérités d'un ancêtre commun.

ANNEXE 1 – HISTOIRE DES CLASSIFICATIONS

1.4.3 La systématique phylogénétique :

Il faudra attendre les travaux de l'entomologiste allemand Willi Hennig dans les années 1950 jusqu'à leur parution en 1966, pour qu'une véritable classification fondée uniquement sur les liens de parenté telle que l'avait imaginée Darwin, voit enfin le jour.

Cette classification, mise en œuvre au moyen de la *cladistique*, se répand largement au cours des années 1970.

En reprenant les données morphologiques et anatomiques du moment et parce qu'elle est fondée sur les liens de parenté, certains regroupements comme les invertébrés, les reptiles et les poissons vont disparaître de cette nouvelle classification car ils n'expriment pas la phylogénie.

Les groupes ainsi constitués sur la base des degrés d'apparement, forment des clades, c'est-à-dire des groupes monophylétiques, comprenant un ancêtre commun hypothétique et la totalité de ses descendants.

Dès les années 1960, grâce aux découvertes et aux progrès de la génétique puis, plus tard, lorsque la génétique s'intéressera aux mécanismes moléculaires de la transmission des caractères, un nouveau type de caractères sera employé pour l'application de la méthode cladistique, en plus des caractères morphologiques : les caractères génétiques, prenant en compte la séquence des protéines ou celle des acides nucléiques, ADN ou ARN et bien plus encore à l'heure d'aujourd'hui.

Cette méthode cladistique accompagnée de 2 autres méthodes, la méthode phénétique* et la méthode probabiliste**, mettra un terme aux classifications « traditionnelles ».

Désormais, la systématique phylogénétique basée sur la méthode cladistique s'est imposée.

**Systématique phénétique* : En même temps que la cladistique prend son essor, des mathématiciens et biologistes statisticiens suggèrent de construire des taxons sur la base du calcul d'un indice de ressemblance globale reposant sur le nombre de caractères communs à deux ou plusieurs espèces.

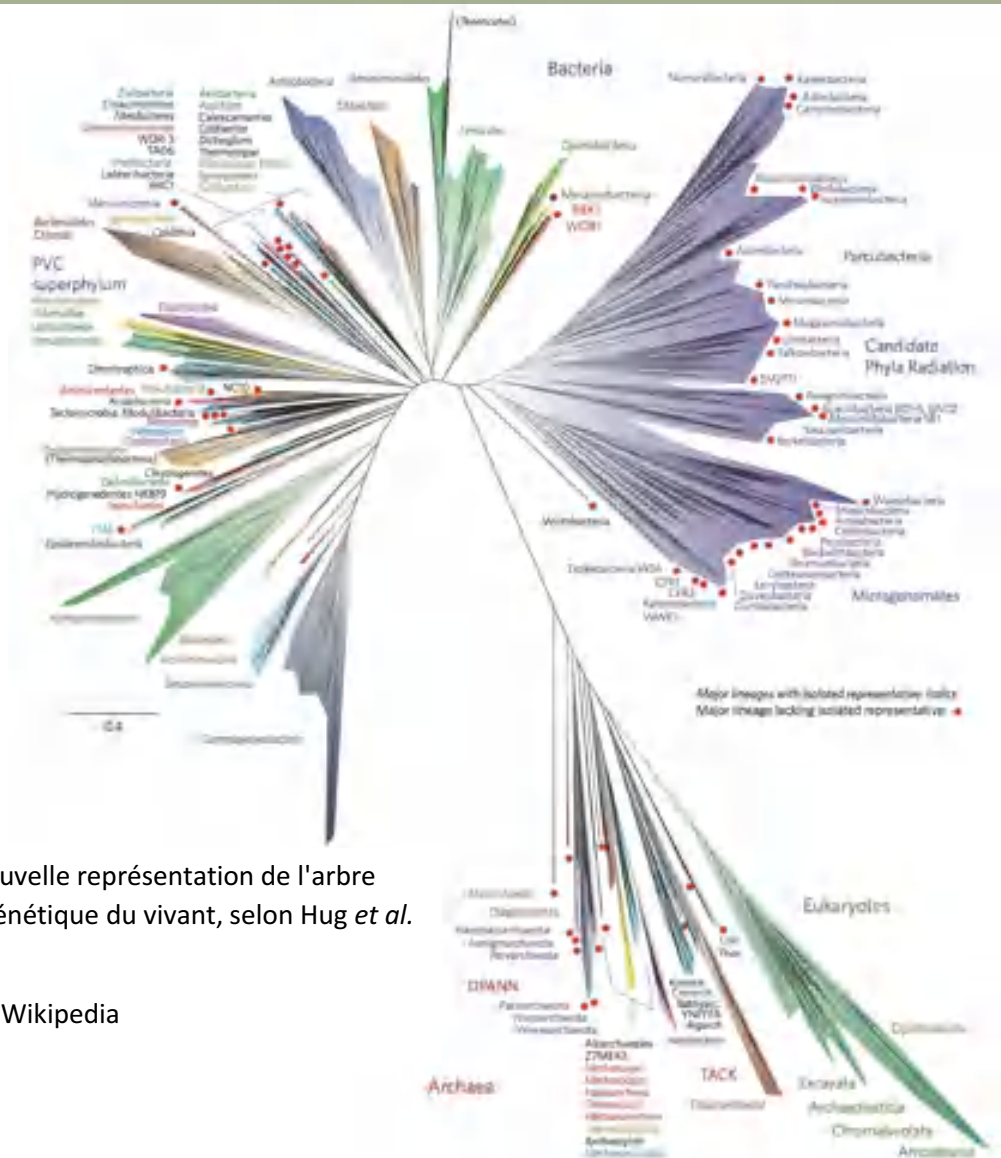
Elle s'appuie sur le principe que des individus partagent d'autant plus de similitudes que leur dernier ancêtre commun est récent. C'est une méthode numérique et mathématique, permettant d'établir une matrice des distances, représentée à l'échelle par un phénogramme.

Elle se distingue de la cladistique et se développe parallèlement à la systématique cladistique.

***Systématique probabiliste* : A la fin du 20^{ème} siècle, des statisticiens mettent au point des méthodes probabilistes pour regrouper les espèces. Aujourd'hui, les caractères moléculaires sont ainsi traités selon une palette de trois méthodes : cladistique, phénétique et probabiliste.

LA CLASSIFICATION DU VIVANT

ANNEXE 2 – La méthode cladistique



Une nouvelle représentation de l'arbre phylogénétique du vivant, selon Hug *et al.* (2016)

Source Wikipedia

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

Sommaire

1	La classification phylogénétique :	3
1.1	La méthode cladistique :	3
1.1.1	Le partage d'états évolués de caractères :.....	4
1.1.2	Le principe de parcimonie :	5
1.2	L'horloge moléculaire :	5
1.3	Fiabilité des arbres :	6
1.3.1	Robustesse des arbres :	6
1.3.2	Les techniques de consensus :	6
1.4	A propos de l'ancêtre :	7
1.5	Notion d'homologie :	7
1.6	Systematique vs Taxinomie :	8
1.6.1	Terminaisons latines des rangs taxinomiques :.....	9
2	Exemple d'une démarche simplifiée de classification :.....	10
2.1	Constitution d'un échantillon de vertébrés :	10
2.2	Détermination des caractères homologues :	10
2.2.1	Etablissement de la matrice des caractères :.....	10
2.3	Classification :	11

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

1 La classification phylogénétique :

La classification phylogénétique est destinée à apporter des informations sur le degré de parenté entre les êtres vivants et donc sur l'évolution des espèces. Elle permet une meilleure compréhension de la structuration de la biodiversité.

C'est pourquoi, elle classe les êtres vivants en se fondant sur leurs caractéristiques, caractères qu'ils partagent (vertèbres, plumes, bec, etc.) parce qu'ils les ont héritées d'un ancêtre commun.

Le résultat se traduit sous la forme d'un arbre tel que l'avait imaginé Darwin dans son ouvrage « *De l'Origine des Espèces* » en 1859.

On classe les organismes sur ce qu'ils ont : des poils, des vertèbres, une coquille en 2 parties...

On ne classe pas les organismes sur :

- Ce qu'ils n'ont pas,
- Ce qu'ils font (nager, voler, manger des plantes...),
- L'endroit où ils vivent.

En outre, on ne classe qu'un échantillon d'espèces car il est impensable d'envisager de classer toutes les espèces et cela permet à différents scientifiques de pouvoir analyser le même échantillon pour infirmer ou confirmer les résultats acquis (transparence scientifique).

Pour établir des relations de parenté entre les êtres vivants de ces échantillons, de très nombreuses données peuvent être utilisées. Elles peuvent être morphologiques, anatomiques, moléculaires (macromolécules telles que l'ADN, ARN ou les protéines) ou bien encore relatives au noyau des cellules (caryologiques).

Le traitement de ces données, aujourd'hui largement informatisé, se fait principalement selon la méthode cladistique.

Il existe également d'autres méthodes pour construire ces arbres. Parmi celles-ci, la méthode phénétique, fondée sur des mesures chiffrées de la ressemblance globale entre deux ou plusieurs organismes, ou bien encore la méthode probabiliste (probabilités des transformations évolutives). Ce sont des méthodes numériques et mathématiques particulièrement adaptées pour les séquences de données moléculaires.

Bien que la méthode cladistique ait été utilisée dans les premiers temps avec les données morphologiques et embryologiques, aujourd'hui, grâce aux progrès de la génétique à propos des mécanismes moléculaires de la transmission des caractères, elle est aussi employée avec les données moléculaires. La puissance de l'informatique aidant, il s'en est suivi un formidable essor de la phylogénie moléculaire.

1.1 La méthode cladistique :

Cette méthode est à l'origine de la révolution de la classification.

Les principes théoriques ont été définis au milieu du XX^e siècle (1950-1960) par l'entomologiste allemand Willi Hennig.

Il ne s'agit pas ici de décrire comment se construit un cladogramme, l'arbre de parenté issu de cette méthode, mais plutôt d'en décrire les grands principes. Dans les faits, la construction et l'analyse des arbres restent une affaire de spécialistes.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

Cette méthode est centrée sur l'homologie, c'est-à-dire la présence, chez deux ou plusieurs espèces distinctes, d'un caractère anatomique ou moléculaire hérité d'un ancêtre commun, mais dont la forme et la fonction peuvent être différentes. (Pour en savoir plus sur l'homologie voir § 1.5)

Elle repose également sur deux grands principes :

1.1.1 Le partage d'états évolués de caractères :

Parce que cette méthode applique avec rigueur le concept de Darwin d'une descendance avec modification, elle n'établira des relations de parenté que sur la base du partage des états évolués des caractères (ou homologies).

Les individus, les populations, les espèces entretiennent entre eux des liens de parentés par leurs généalogies au cours desquelles ils se modifient et lèguent leurs caractères à leur descendance. Lorsqu'une nouveauté évolutive apparaît chez un organisme, elle sera donc transmise à tous ses descendants. Autrement dit, lorsque plusieurs êtres vivants partagent cette même nouveauté évolutive (appelée homologie), ils l'ont héritée d'un même ancêtre, qui leur est exclusif (ancêtre commun exclusif), et chez qui cette nouveauté est apparue.

Cet ensemble d'êtres vivants et leur ancêtre commun exclusif forme un groupe monophylétique appelé clade. Ainsi, de proche en proche, un cladogramme est constitué. Des 3 méthodes citées précédemment, c'est la seule produisant des groupes monophylétiques, c'est-à-dire comprenant un ancêtre et la totalité de ses descendants.

Avant toute chose, il s'agit donc d'identifier les différents états qu'un caractère puisse prendre au sein d'un échantillon d'espèces. On distingue 2 états :

- l'état primitif, ou ancestral, qui n'a pas subi de modification au cours de l'évolution,
- l'état évolué, ou dérivé, résultant de la modification d'un caractère ancestral au cours de l'évolution.

Les états évolués de caractères homologues sont les seuls utilisés en cladistique.

Plusieurs critères peuvent être utilisés pour préciser quel est l'état primitif et quel est l'état évolué :

- ✓ **Le critère paléontologique** : l'état primitif est celui qui est apparu le plus anciennement au cours des temps géologiques, l'état évolué est celui qui est apparu le plus récemment ;
- ✓ **Le critère ontogénétique** : l'état évolué est celui qui apparaît le plus tardivement au cours du développement. Autrement dit, plus le caractère observé apparaît précocement, plus il est dit primitif ou ancestral. L'ontogénèse, c'est-à-dire, le développement d'un individu depuis sa conception (fécondation) jusqu'à sa forme adulte définitive, apporte de nombreux renseignements sur la phylogénèse de son espèce.
- ✓ **Le critère de l'extra-groupe** (méthode de polarisation) : les organismes à classer font partie d'un échantillon, d'un "groupe" d'espèces précis (par exemple : les mammifères, les vertébrés...). Un autre groupe, l'extra-groupe, est constitué d'espèces dont on sait à priori qu'elles n'appartiennent pas au groupe à classer. Les espèces de ce groupe, extérieur à l'échantillon étudié, doivent présenter une anatomie comparable aux espèces analysées mais doivent s'en distinguer par certains points. L'état primitif des différents caractères analysés est celui qui est trouvé chez une espèce de l'extra-groupe du groupe étudié.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

1.1.2 Le principe de parcimonie :

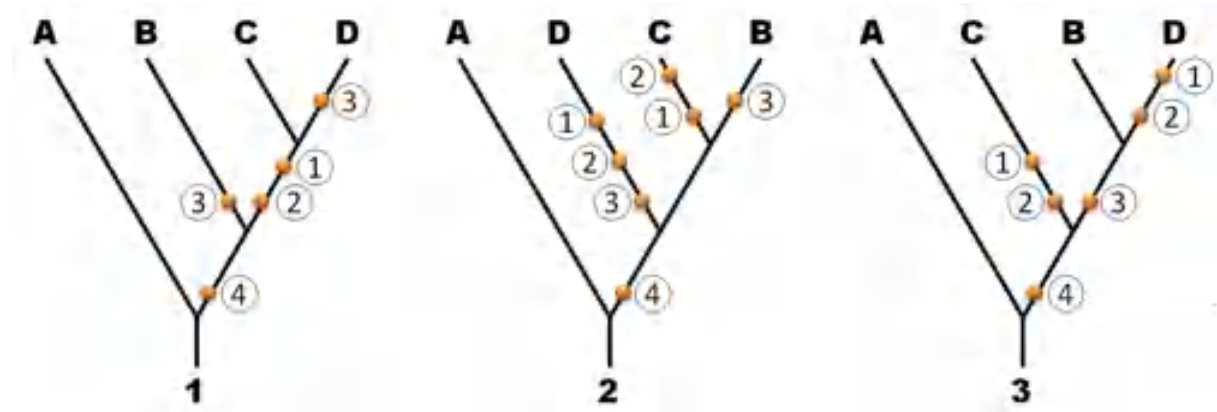
Plusieurs cladogrammes peuvent être établis à partir d'un même échantillon et d'un même ensemble de caractères. Le cladogramme qui sera considéré comme le plus probable est celui qui sera le plus parcimonieux, c'est à dire celui qui supposera le moins de transformations évolutives.

Dans la démarche scientifique : la meilleure explication d'un fait est celle qui utilise le minimum d'hypothèses. La science actuelle continue à rejeter les hypothèses *ad hoc*, c'est à dire celles qui ne sont pas nécessaires à la compréhension d'un fait particulier. Il est donc admis qu'un caractère dérivé partagé par deux taxons est hérité d'un ancêtre commun, et l'hypothèse soutenant l'apparition indépendante de ce même caractère chez les deux taxons est rejetée parce qu'elle est moins parcimonieuse que la première.

La parcimonie permet de dégager un arbre qui se rapproche le plus possible de la phylogénie réelle, car il est bâti à partir d'un maximum d'homologies et d'un minimum d'homoplasies (Similarité chez plusieurs espèces de caractères qui n'est pas héritée par ascendance commune).

Exemple : (à partir du livre *Comprendre et enseigner la classification du vivant* – Guillaume Lecointre – Editions Belin, pages 210-211)

Un groupe d'espèces B, C, D à analyser, le groupe d'espèces A étant l'extra-groupe. De 1 à 4, les caractères analysés. Le groupe B de l'échantillon possède les caractères 3 et 4 ; le groupe C possède les caractères 1, 2 et 4, le groupe D possède les caractères 1, 2, 3 et 4. L'extra-groupe A ne possède aucun des caractères. A partir de ces informations qui sont regroupées dans une matrice de caractères, on peut construire les 3 clades suivants :



Le clade retenu sera le n°1. Il présente le plus petit nombre de transformations des caractères (transformations évolutives) : 5 pour le clade 1, 7 pour le n°2 et 6 pour le n°3.

La cladistique est, à ce jour, la seule méthode qui donne accès à une grille de lecture cohérente et raisonnée de l'évolution des caractères portés par les organismes.

Elle permet une meilleure compréhension de la structuration de la biodiversité. Toutefois, un cladogramme ne permet pas de savoir à quel moment est apparue une innovation évolutive. Cette notion de temps sera établie à partir d'une horloge moléculaire...

1.2 L'horloge moléculaire :

A partir d'un cladogramme, on peut suivre les innovations évolutives mais il est impossible de pouvoir les situer dans le temps. Pour arriver à cela, il a été fait appel à un nouveau concept : l'horloge moléculaire.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

Ce concept a été forgé à partir de la notion d'hérédité. Nous savons que l'ADN support de l'hérédité et de l'information génétique, se modifie par mutations et recombinaisons au cours des générations. Certains de ces changements génétiques se font selon un rythme constant par génération. On peut alors les utiliser pour dater les changements évolutifs qui concernent chaque espèce et chaque individu.

Aujourd'hui, grâce au progrès des techniques de séquençage d'ADN et à une meilleure compréhension des processus biologiques à l'origine des changements génétiques, on peut construire un arbre phylogénétique prenant en compte les époques de divergence et de croisement que les chercheurs ont estimées avec des méthodes d'horloge moléculaire. Ces connaissances permettent d'évaluer la dynamique de l'évolution.

1.3 Fiabilité des arbres :

Pour qu'un résultat phylogénétique nouveau puisse être considéré comme fiable, il doit être répété plusieurs fois indépendamment, c'est à dire par des chercheurs différents et à partir de jeux de données indépendants.

Or, on l'a vu précédemment, à partir d'un même jeu de données, il est possible de construire plusieurs arbres. Qui plus est, les arbres issus de données moléculaires ou de données morphologiques peuvent être en conflit.

Les conflits phylogénétiques entre données moléculaires et morpho-anatomiques peuvent avoir plusieurs facteurs. On peut citer entre autres :

- Certaines espèces évoluent plus vite que d'autres. De ce fait, certains caractères peuvent être communs plus par hasard que par ascendance commune (homoplasie). Ces espèces se retrouvent alors regroupées dans l'arbre indépendamment des parentés.
- En cherchant les liens de parentés, on postule que tous les gènes se transmettent de génération en génération. On parle alors « transfert vertical ». Mais depuis peu, on sait que certains gènes trouvés chez une espèce donnée peuvent être une copie en provenance d'un autre organisme par « transfert horizontal ». De ce fait, l'hérédité de ces gènes est remise en cause.

1.3.1 Robustesse des arbres :

Ces conflits peuvent être analysés à partir de la robustesse des nœuds d'un arbre. Une analyse probabiliste, permet d'affecter à chaque nœud (chaque regroupement) un pourcentage qui indique la proportion d'arbres observés à ce nœud à partir des séquences de données utilisées. Plus ce nombre est élevé, plus ce nœud est robuste, c'est-à-dire que l'on retrouvera le même arbre à partir de ce nœud même si l'on apporte des modifications dans les données utilisés ou les paramètres du modèle de construction de l'arbre.

1.3.2 Les techniques de consensus :

Ces techniques mettent l'accent sur la stabilité d'un nœud donné et la partie d'informations commune restituée par plusieurs arbres.

Les techniques les plus utilisées sont :

- Le consensus strict : seuls les nœuds retrouvés par tous les jeux de données en conflit sont conservés.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

- Le consensus majoritaire : seuls les branchements obtenus par la majorité des jeux de données en conflit sont conservés.

1.4 A propos de l'ancêtre :

La phylogénie, contrairement à la généalogie, n'identifie pas un ancêtre, mais elle en détermine son « portrait robot ». Cet ancêtre abstrait est reconstitué à partir des innovations évolutives qu'il présentait à une époque et qu'il a léguées aux descendants qui sont étudiés.

En outre, il ne s'agit pas nécessairement d'un individu ancestral unique car toutes ces innovations peuvent apparaître chez plusieurs organismes sans qu'il soit possible de les différencier. Cela peut être aussi une population ancestrale.

L'ancêtre phylogénétique est déduit et non pas identifié.

1.5 Notion d'homologie :

En systématique, on fait de la biologie comparée : on compare les êtres vivants et on établit des correspondances. L'homologie consiste donc à détecter la ressemblance entre les structures présentées par un échantillon d'organismes en les comparant entre elles.

Exemple du membre antérieur des tétrapodes :

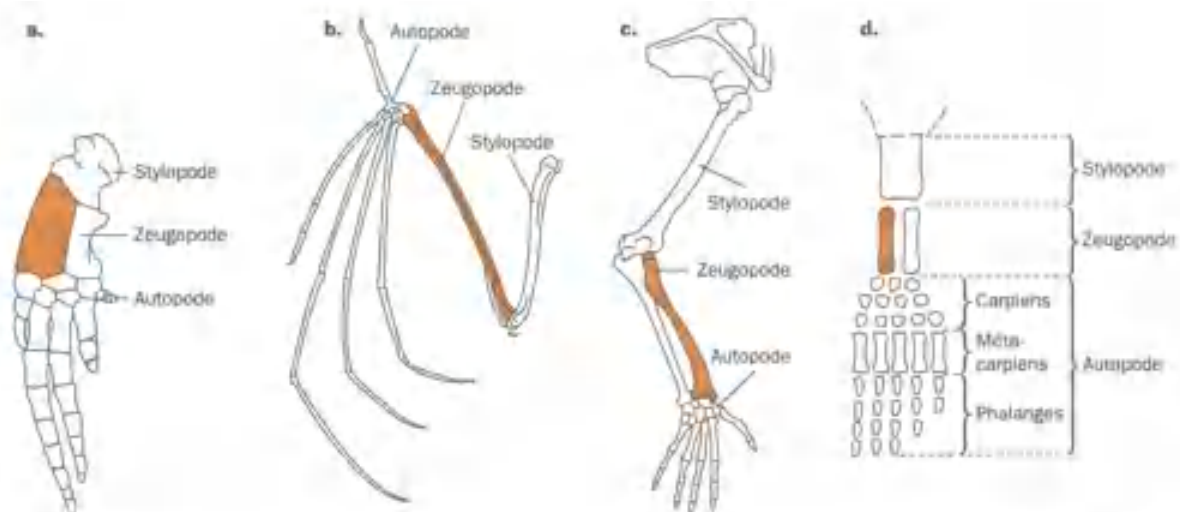


Fig. 1.7. Squelette d'un membre antérieur de dauphin (a), de chauve-souris (b) et d'homme (c) ; plan d'organisation commun (d). Le radius est coloré.

Source :

Comprendre et enseigner la classification du vivant sous la direction de Guillaume Lecointre - Editions Belin

Les squelettes ne sont pas identiques, ne fonctionnent pas de la même manière, mais il est pourtant possible de détecter un agencement commun de leurs différentes pièces constituantes, symbolisé selon le plan d'organisation (grille de lecture théorique). Les membres des vertébrés sont construits sur un même plan et ont une même origine évolutive.

Ils peuvent cependant assurer des fonctions différentes (nage, vol, préhension).

Ces ressemblances ne sont dans un premier temps que des hypothèses.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

Mais lorsque celles-ci sont dues au partage de caractères à l'état dérivé (innovations évolutives) et lorsqu'elles sont héritées d'un ancêtre commun exclusif, alors elles permettent de définir des clades (groupes monophylétiques) et de construire des classifications phylogénétiques.

Dans l'exemple ci-dessus, on recherchait des homologies à partir de données anatomiques.

Il existe d'autres approches permettant de formuler des homologies :

- L'étude du développement embryonnaire (ontogénèse) : il existe un parallèle entre le développement embryonnaire et le déroulement d'une phylogénie
- Et désormais les données moléculaires issues de l'étude des gènes (séquençage d'ADN ou de génomes) ou l'étude de protéines. Elles permettent de comparer des organismes même très dissemblables morphologiquement.

La notion d'homologie, fondamentale dans l'analyse cladistique, est appliquée également aux molécules. On parle alors de caractères « orthologues » et « paralogues », le terme « homologue » étant réservé aux caractères morphologiques.

1.6 Systématique vs Taxinomie :

En biologie, la taxinomie est inséparable de la systématique. Elle en constitue une sous-branche. Elle a pour objet de décrire la diversité des organismes vivants et de les regrouper en entités appelées taxons afin de les identifier, les décrire, les nommer et les classer selon un ordre hiérarchique (genres, familles, ordres...), tout en respectant l'évolution, les liens de parenté préalablement établis par la phylogénétique.

Systématique et taxinomie sont tellement liées que leur différence n'est pas toujours très évidente.

La classification phylogénétique a toutefois un peu de mal avec ces différents niveaux hiérarchiques.

En effet, assigner un taxon monophylétique (clade) établi à partir des liens de parentés et représentant l'évolution, à un rang hiérarchique dans une nomenclature, est parfois source de controverses.

La systématique utilise une nomenclature dite « linéenne » avec la hiérarchie classique des catégories : espèce, genre, famille, ordre, classe, embranchement (phylum), règne.

Très vite, ces sept catégories se sont révélées en nombre insuffisant, et les zoologistes les subdivisèrent avec des : super-genre, sous-famille, sous-classe, sous-embranchement, super-ordre...

Il est alors plus facile d'utiliser le terme « taxon » (ou groupe), plutôt que d'utiliser le nom du rang auquel est assigné ce taxon. Ce faisant, on évite toute erreur de nomenclature.

Seuls les concepts d'espèce et de genre sont conservés pour des raisons pratiques.

L'unité de base de la construction phylogénétique est très souvent l'espèce, mais aussi des populations d'espèces où espèces et sous-espèces sont alors confondues.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

1.6.1 Terminaisons des rangs taxinomiques :

Rang	Plantes <i>Plantae</i>	Algues <i>Algae</i>	Animaux ⁴ <i>Animalia</i>
Règne			
Sous-règne			
Embranchement, Division ou Phylum	-phyta		
Sous-embranchement, Sous-division ou Sous-phylum	-phytina		
Classe	-opsida	-phyceae	
Sous-classe	-idae	-phycidae	
Super-ordre	-anae		
Ordre	-ales		-formes (pour les Ostéichthyens)
Sous-ordre	-ineae		
Infra-ordre	-aria		
Super-famille	-acea		-oidea
Famille	-aceae		-idae
Sous-famille	-oideae		-inae
Genre	-us, -a, -um, -is, -os, -ina, -ium, -ides, -ella, -ula, -aster, -cola, -ensis, -oides, -opsis...		

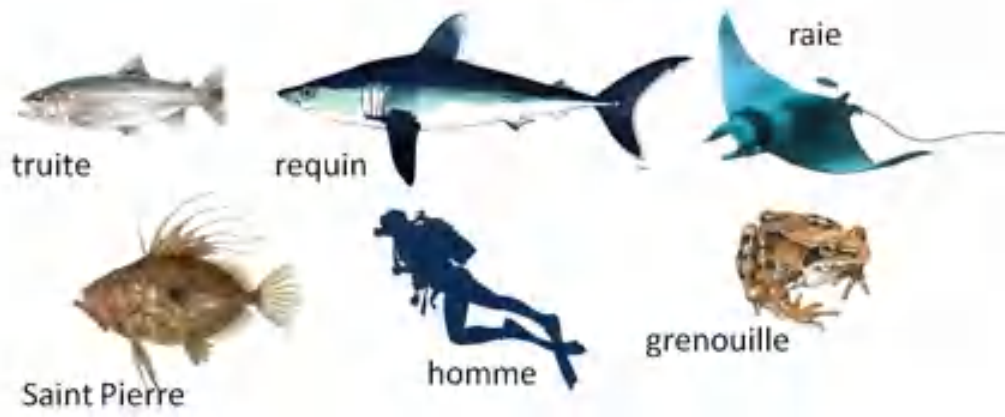
Tableau : source Wikipedia

Remarque : *Taxinomie* en français et *Taxonomy* en anglais, souvent repris en français *Taxonomie*.

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

2 Exemple d'une démarche simplifiée de classification :

2.1 Constitution d'un échantillon de vertébrés :









Il est largement préférable d'utiliser les vertébrés car leurs caractères exclusifs sont souvent morphologiques et observables.

2.2 Détermination des caractères homologues :

Les observations des morphologies de chaque des espèces permettent d'afficher les caractères homologues suivants :

- Vertèbres (V)
- Vertèbres + Cartilage (VC)
- Vertèbres + Os (VO)
- Vertèbres + Os + Nageoires Rayonnées (VNR)
- Vertèbres + Os + 4 Membres (V4M)

2.2.1 Etablissement de la matrice des caractères :

	Vertèbres	Cartilage	Os	Nageoires rayonnées	4 membres	
	1	0	1	1	0	V, VO, VNR
	1	1	0	0	0	V, VC
	1	0	1	0	1	V, VO, V4M
	1	0	1	1		V, VO, VNR
	1	1	0	0	0	V, VC
	1	0	1	0	1	V, VO, V4M

ANNEXE 2 – LA METHODE CLADISTIQUE

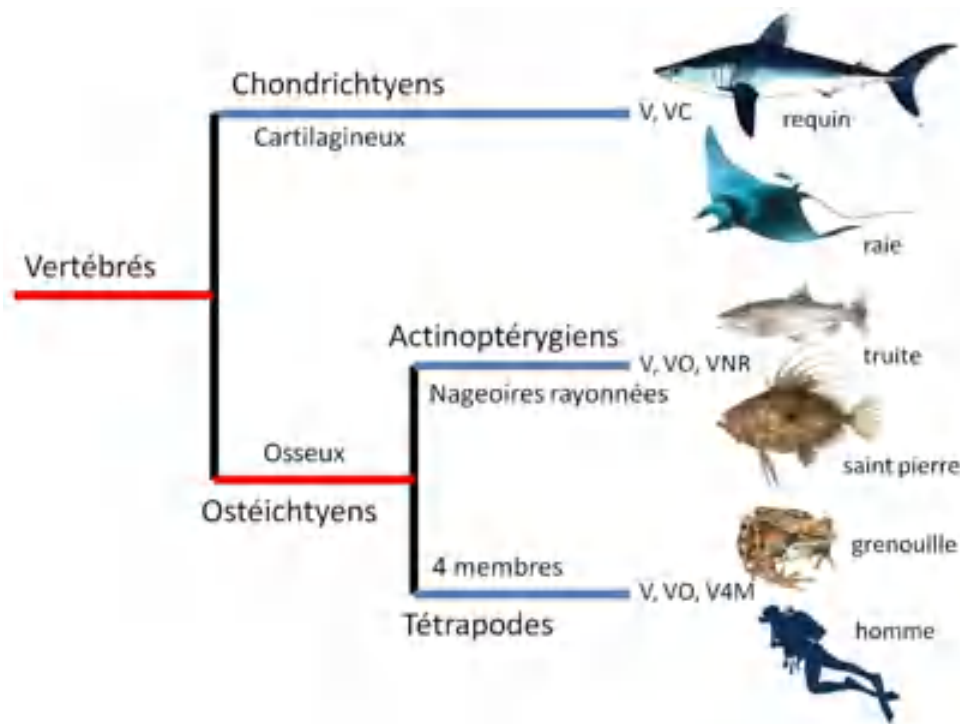
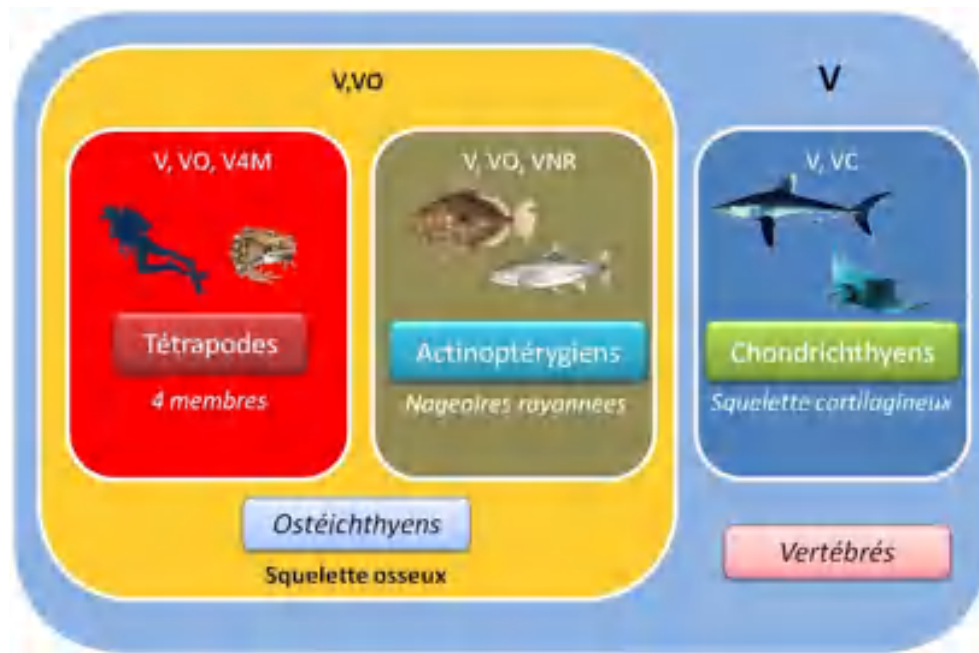
2.3 Classification :

Classer, c'est faire des ensembles argumentés et les nommer.

Pour nous, c'est regrouper des objets dans un ensemble, faire un lien entre ces objets qui fait sens.

Cet ensemble est un concept. Il est argumenté : on met ensemble des objets parce que certaines de leurs propriétés sont partagées par tous. Ensuite il faut nommer ce concept.

Toute classification génère des concepts, ce sont des ensembles argumentés sur lesquels, à terme, les scientifiques posent un nom.





FFESSM

PYRÉNÉES MÉDITERRANÉE
OCCITANIE

ENVIRONNEMENT &
BIO SUBAQUATIQUES

LA CLASSIFICATION DU VIVANT

ANNEXE 3 - Glossaire

Module 4 FB3 - Mémoire

ANNEXE 3 - GLOSSAIRE

MOT	DEFINITION
Adaptation	<p>Ce terme recouvre deux notions différentes.</p> <p>Il décrit d'abord un état de fait: Un organisme possède des caractéristiques qui lui permettent de vivre dans un environnement précis. L'ensemble de ces caractéristiques constitue une adaptation à ce milieu.</p> <p>Ce terme décrit également les mécanismes qui ont mis en place ces caractéristiques.</p>
Ancêtre	<p>Ce terme désigne l'être vivant théorique qui a pour descendance un ensemble d'espèces formant un groupe monophylétique. On parle d'ancêtre commun.</p> <p>Cet être vivant disparu trouve sa place à un nœud.</p> <p>Les caractéristiques de cet être vivant théorique sont donc déduites d'un arbre phylogénétique. Son portrait est très incomplet: il n'est décrit que par les états dérivés partagés exclusivement par le groupe.</p> <p>Ce terme est un faux ami car il ne doit pas être compris dans son sens courant : une phylogénie n'est pas une généalogie.</p> <p>L'ancêtre ne peut pas être un fossile: La découverte d'un fossile crée de facto un nouveau nœud.</p>
Anthropocentrisme	Attitude consistant à mettre l'Homme au centre de toute chose, auquel toute réalité du monde doit se rapporter.
Attribut	Structure portée par un organisme.
Caractère	Attribut observable d'un organisme ou d'un taxon par lequel il diffère d'autres taxons, et sur lequel on peut formuler une hypothèse d'homologie.
Caractère dérivé propre	Propre au clade (taxon) considéré. Caractérise la spécificité évolutive de celui-ci.
Clade	Groupe monophylétique
Cladistique	<p>Synonyme de « Systématique phylogénétique ».</p> <p>Elle se propose d'établir des liens de parenté entre êtres vivants par le partage exclusif d'états dérivés de caractères homologues.</p> <p>Elle crée donc des groupes ou clades qui ont une signification évolutive.</p>
Cladogramme	<p>Représentation graphique traduisant les relations de parenté, établies par application de la méthode cladistique.</p> <p>Ce n'est pas encore un arbre phylogénétique.</p>
Classer	Créer des taxons dont l'emboîtement traduit la hiérarchie de la distribution des caractères dans la Nature.
Classification	Système de taxons emboîtés.
Dendrogramme	Représentation graphique sous forme d'arbre
Espèce	Ensemble monophylétique d'individus se reconnaissant comme partenaires sexuels, et capables de donner une descendance féconde.
Etat (ou caractère) ancestral (ou primitif) (homologie ancestrale ou plésiomorphie)	Chez une espèce au sein d'un taxon, état d'un caractère qui n'a pas subi de modification au cours de l'évolution.

ANNEXE 3 - GLOSSAIRE

Etat (ou caractère) dérivé (homologie dérivée ou apomorphie)	<p>Au sein d'un taxon, état d'un caractère nouveau résultant de la modification d'un caractère ancestral au cours de l'évolution précédant ce taxon (innovation génétique). Ce caractère est commun à tout un groupe d'espèces et à leur espèce ancestrale. S'il est commun à plus d'un taxon, il constitue une synapomorphie, qui détermine un groupe monophylétique, donc un clade en phylogénétique.</p> <p>Seuls les états dérivés de caractères homologues sont utilisés en cladistique</p>
Extra-groupe	<p>Espèce ou Taxon que l'on suppose a priori extérieur à l'ensemble des espèces que l'on se propose de classer. Synonyme de « groupe extérieur ». En systématique phylogénétique, les extra-groupes font partie des postulats de départ de toute activité classificatoire. Il permet de construire les groupes monophylétiques (enracinement de l'arbre)</p>
Fixisme	<p>Doctrine stipulant que les espèces sont immuables.</p>
Généalogie	<p>Figure arborescente dans laquelle les lignes traduisent des liens génétiques d'ancêtres à descendants, et dans laquelle les ancêtres sont identifiés individuellement.</p>
Groupes-frères	<p>Au sein d'un échantillon donné, deux groupes (ou taxons) sont qualifiés de frères lorsqu'ils partagent un ancêtre commun exclusif, c'est-à-dire non partagé par le reste de l'échantillon.</p>
Homologie	<p>Concept apparu avec Geoffroy Saint Hilaire.</p> <p>Deux structures sont homologues si elles ont les mêmes connections anatomiques dans le plan d'organisation. Elles ont une même origine embryologique. Ces deux structures peuvent apparaître comme différentes dans leur fonction ou/et leur forme. (homologie primaire)</p> <p>On peut faire le pari que cette similarité chez plusieurs espèces d'organes ou de parties d'organes, est héritée par ascendance commune.</p>
Homologie primaire	<p>Sont homologues deux attributs qui, pris chez des espèces différentes, entretiennent avec les structures voisines les mêmes connexions topologiques, et ceci quelles que soient leurs formes et leurs fonctions.</p>
Homologie secondaire	<p>Deux attributs sont homologues s'ils sont hérités par voie d'ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homologie secondaire.</p>
Homoplasie	<p>Similarité chez plusieurs espèces d'attributs qui n'est pas héritée par ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homoplasie.</p>
Innovation	<p>Transformation d'un caractère chez un ancêtre, cette transformation est héritée, elle affecte donc le génome.</p> <p>L'innovation peut se décrire au niveau génétique ou au niveau de l'expression génique. Cette nouveauté évolutive crée alors l'état dérivé du caractère en question.</p> <p>Ce mot est employé différemment du sens commun où l'innovation est associée au progrès.</p>
Matrice	<p>Tableau à double entrées Taxons/ caractères où les états sont précisés (codage: 0 état ancestral et 1 état dérivé).</p> <p>La matrice permet de construire les cladogrammes, le plus parcimonieux étant validé.</p>

ANNEXE 3 - GLOSSAIRE

Monophylétique	<p>Se dit d'un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et la totalité de ses descendants connus. Un groupe monophylétique est donc caractérisé par une ou des synapomorphies.</p> <p>Exemple : Le crocodile et la mésange forment un groupe monophylétique défini par la synapomorphie "présence d'une fenêtr mandibulaire". C'est le groupe monophylétique des Archosauriens.</p>
Nomenclature	Règles déterminant les manières de nommer un être vivant.
Nœud	Endroit d'un arbre qui se sépare en deux ou plus rameaux. A un nœud, on place l'ancêtre commun aux êtres vivants du rameau.
Ontogénèse	Processus du développement de l'organisme, de l'œuf fécondé jusqu'à l'adulte.
Paraphylétique	Se dit d'un groupe d'êtres vivants qui partage un même état dérivé mais qui ne renferme pas tous les taxons partageant cette innovation. C'est un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et une partie seulement de ses descendants connus. Exemple : les poissons.
Parcimonie	<p>Principe de base permettant de choisir entre les cladogrammes générés d'après une matrice.</p> <p>Le cladogramme retenu est celui qui demande le minimum de pas évolutif c'est à dire le plus petit nombre de changements d'états de caractères présentés par les organismes (= économie d'hypothèses)</p>
Parenté	Deux taxons sont apparentés s'ils partagent de <u>façon exclusive</u> un ancêtre commun.
Polyphylétique	<p>Se dit d'un groupe ne comprenant pas d'ancêtre commun hypothétique. C'est un groupe artificiel qui contient des taxons mais pas tous leurs ancêtres communs.</p> <p>Exemple : les pachydermes.</p>
Phylogénétique	Se dit d'un arbre traduisant des relations de parenté, c'est-à-dire des relations de groupes-frères (qui est plus proche de qui). En d'autres termes, l'arbre phylogénétique dit quels groupes ont des ancêtres hypothétiques communs et exclusifs.
Phylogénie	<p>Mot forgé par Haeckel en 1866.</p> <p>Décrit l'histoire évolutive d'un groupe d'êtres vivants en retraçant l'ordre d'apparition des innovations et les degrés de parenté.</p> <p>C'est l'arbre qui montre la genèse (Genesis) des lignées (Phylum).</p> <p>Au sens strict, relations de parenté : la phylogénie dit quels taxons sont plus étroitement apparentés entre eux qu'à d'autres.</p>
Phylogénèse	Processus d'individualisation des lignées évolutives.
Phylum	Ensemble de taxons apparentés
Phénétique	<p>Méthode d'établissement de phylogénies basée sur le dénombrement des caractères partagés.</p> <p>Elle tente de quantifier la ressemblance générale entre organismes. Pour cela, elle calcule un indice de similitude globale entre deux taxons.</p> <p>Elle est surtout utilisée sur les données de séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés.</p>

ANNEXE 3 - GLOSSAIRE

Polarisation (des caractères)	Etablir l'état primitif et l'état (ou les états) dérivé(s) d'un caractère, en d'autres termes établir le sens de la transformation d'un caractère car on ne sait pas, à priori, lequel des deux états d'un caractère homologues est l'état dérivé.
Résolu	Un arbre est dit résolu quand tous les taxons qu'il contient sont séparés les uns des autres par un nœud. La résolution d'un arbre dépend des caractères choisis. Certains taxons n'ont pas encore de position phylogénétique clairement définie : la phylogénie est une science en marche...
Saut adaptatif	Discontinuité dans l'organisation générale des êtres vivants, interprétée comme étant due à une adaptation brusque à de nouvelles conditions ou niches écologiques. Ces discontinuités se sont avérées être des artéfacts d'échantillonnage. Par exemple, la classe des « reptiles » n'existe que parce qu'on a cru détecter une discontinuité d'organisation entre des amniotes poïkilothermes (« à sang froid » : tortues, lézards, crocodiles...) et des amniotes à sang chaud (mammifères et oiseaux). En fait, les « reptiles mammaliens » et les découvertes récentes de dinosaures à plumes montrent que cette discontinuité n'existe pas.
Synapomorphie	Etats dérivés exclusifs partagés par deux (ou plus) groupes et qu'ils héritent d'un dernier ancêtre commun. Partage d'apomorphie.
Systématique	Science des classifications biologiques.
Systématique éclectique	Ecole traditionnelle de la systématique évolutionniste classant êtres vivants sur la base des « affinités évolutives » (la phylogénie) autant que sur la base des « sauts adaptatifs », lesquels prenaient en compte à la fois le « degré de complexité » et des critères écologiques. Cette école admettait comme valides les groupes paraphylétiques et les groupes monophylétiques.
Systématique phylogénétique	Méthode de classification évolutionniste, initiée par Willi Hennig, se fondant sur l'apparement phylogénétique et lui seul. La cladistique n'admet donc comme valides que les taxons monophylétiques.
Taxon	Ensemble d'organismes reconnu en tant qu'unité formelle correspondant à un nœud de l'arbre phylogénétique défini par au moins un caractère dérivé propre (synapomorphie). Il est monophylétique. Un taxon peut être une espèce, une famille, un ordre... Ce concept évite de créer une hiérarchie entre groupes. Par exemple, les canidés (chien, loup, renard, fennec, etc.) constituent un taxon de rang familial.
Taxonomie	Science qui étudie les méthodes de classification.