

Systematique biologique

Pages 6 et 7 du cours

❶ La classification phénétique groupe les espèces suivant leurs caractères apparentés, celle-ci peut varier selon le type de caractère considéré. Pour pallier ce problème, on étudie un grand nombre de caractères et les différentes mesures sont alors analysées par des méthodes statistiques ce qui permet de regrouper les espèces sur base de la globalité du phénotype. Cette méthode est dénommée classification phénétique numérique.

Cependant, le regroupement des espèces est parfois équivoque, notamment pour les espèces qui partagent des caractères communs avec plusieurs groupes.

Notons encore les limites de la classification phénétique quand il s'agit d'établir des liens de parenté. En effet, des espèces d'origine différente occupant des habitats semblables peuvent développer des caractères similaires par évolution convergente : c'est le cas notamment des requins et des dauphins qui ont tous deux une morphologie hydrodynamique adaptée à la locomotion aquatique, avec une tête pointue, de grandes nageoires caudales servant à la propulsion, une nageoire dorsale stabilisatrice, mais qui appartiennent à des classes différentes, les requins étant des chondrichthyens alors que les dauphins sont des mammifères.

Pages 14 et 15 du cours

❶ La systématique biologique

Selon les critères utilisés pour élaborer la classification des êtres vivants, trois écoles se distinguent :

- la **taxinomie phénétique** (ou taxinomie naturelle) qui se base sur la similarité des caractères ;
- la **cladistique** ou **taxinomie phylogénétique** qui retrace l'histoire évolutive des taxons et classe les espèces sur base de leurs ancêtres communs et de l'ancienneté de ceux-ci ;
- la **taxinomie évolutive** qui utilise les critères phénétiques et phylogénétiques. Cette dernière est la référence de la plupart des ouvrages de biologie.

L'approche phylogénétique répartit les espèces en clades, sur base de l'arbre phylogénétique. Ce dernier tend à reconstituer la phylogenèse, c'est-à-dire le processus historique par lequel le groupe s'est formé (Fig. 45).

Cette classification a l'avantage d'être univoque, les espèces sœurs issues d'un même ancêtre commun récent sont regroupées. Cependant, cette classification n'est pas fixe, elle est régulièrement revue en fonction de nouvelles découvertes sur l'histoire évolutive des espèces.

Pour établir les classements, on se base sur le partage de caractères communs aux espèces étudiées, ces caractères sont répartis en trois catégories :

- les caractères homologues dérivés qui sont partagés par un groupe d'espèce et leur espèce ancestrale la plus récente ;
- les caractères homologues ancestraux que l'on retrouve dans l'espèce ancestrale et dans certaines espèces filles, mais pas nécessairement dans toutes ;
- les caractères analogues que l'on retrouve dans un groupe d'espèces qui ne partagent pas un ancêtre commun, ces caractères sont apparus par évolution convergente.

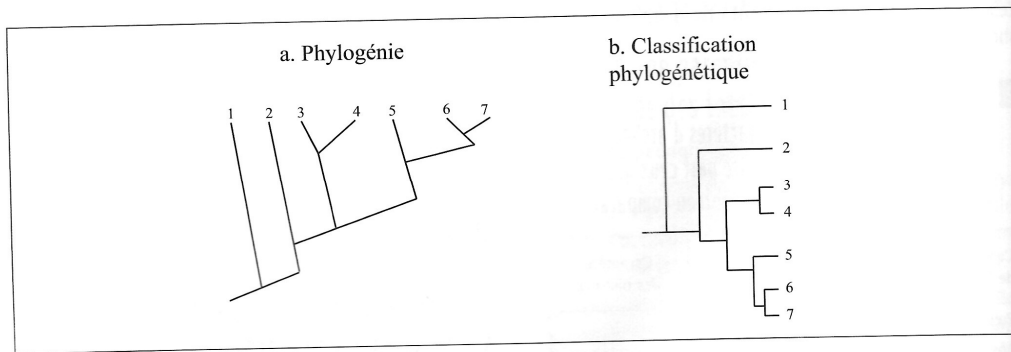


Fig. 45 - Établissement d'une classification phylogénétique (b) sur base d'un arbre phylogénétique (a)

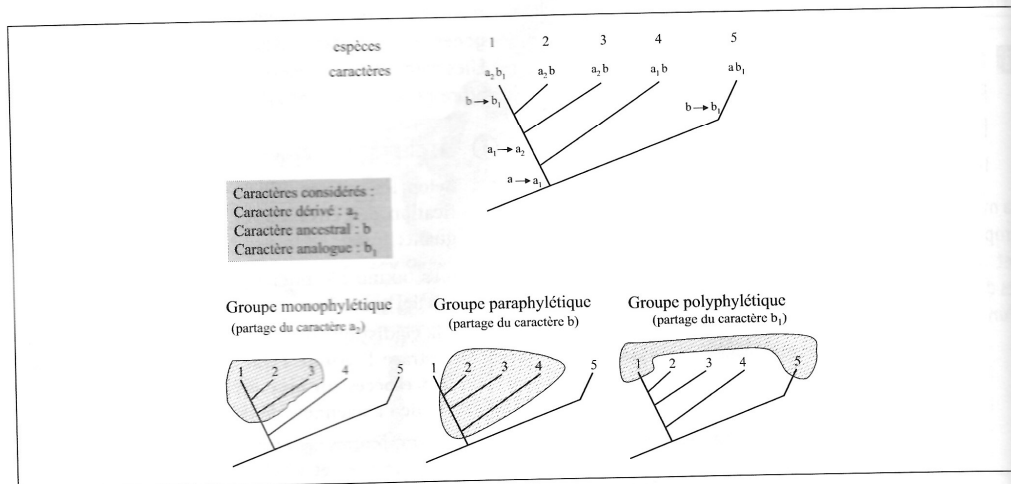


Fig. 46 - Les différents types de caractères et leur relation avec les diverses classifications

Phylogénétique

Selon le type de caractères considérés, on détermine des groupes différents (Fig. 46).

Type de classification	phénétique	phylogénétique	évolutive
Groupes reconnus			
- monophylétiques	+	+	+
- paraphylétiques	+	-	+
- polyphylétiques	+	-	-
Caractères considérés			
- dérivé	+	+	+
- ancestral	+	-	+
- analogue	+	-	-

- les groupes monophylétiques définis sur base de caractères dérivés communs rassemblent l'espèce ancestrale et toutes les espèces qui en dérivent ;
- les groupes paraphylétiques établis sur le partage de caractères ancestraux incluent l'ancêtre le plus récent du groupe mais pas tous ses descendants ;
- les groupes polyphylétiques contiennent des lignées qui ont développé des caractères semblables au cours d'une évolution convergente, il n'englobe pas l'ancêtre commun le plus récent des espèces ainsi rassemblées.

La classification cladistique diffère des classifications traditionnelles: elle ne reconnaît pas les groupes paraphylétiques, elle ne considère que les groupes monophylétiques. Ce qui la conduit quelquefois à d'importantes divergences. Le problème se pose particulièrement pour le groupe des poissons, plus exactement la classe des ostéichthyens (c'est-à-dire les poissons osseux), et la classe des reptiles.

Le document 1 p. 166 illustre le cas des poissons. La classification traditionnelle place notamment les sarcoptérygiens (poissons osseux dont font partie les dipneustes et les coelacanthes) et aussi les actinoptérygiens (majorité des poissons osseux de nos mers et rivières, ici le saumon) dans le grand groupe des poissons. Mais l'analyse des relations phylogéniques affirme que les sarcoptérygiens et les tétrapodes (qui incluent les mammifères, ici la vache) ont un ancêtre commun plus récent que l'ancêtre des sarcoptérygiens et des actinoptérygiens. Le taxon poisson devrait dès lors être abandonné.

Le problème est semblable pour la classe des reptiles. Les lignées reptiliennes présentent un ensemble de caractères communs ancestraux qui

les différencient des mammifères et des oiseaux. Or le groupe des reptiles comprend des espèces ancestrales communes aux oiseaux et aux mammifères (Fig. 47) et est donc un groupe paraphylétique qui devrait aussi être abandonné.

Les groupes paraphylétiques sont régulièrement observés lorsque dans une lignée évolutive un ensemble a évolué beaucoup plus rapidement que les autres: les lignées ayant conservé un grand nombre de caractères ancestraux sont alors regroupées dans un groupe paraphylétique.

① La reconstitution d'un arbre phylogénétique

Un arbre phylogénétique se construit par l'analyse comparée des caractères dérivés. L'identification de ces derniers est parfois difficile car on ne dispose pas toujours de fossiles proches de l'ancêtre le plus récent. Pour déterminer si un caractère est ancestral ou dérivé, on utilise un groupe de référence constitué d'espèces différentes mais néanmoins étroitement apparentées au groupe étudié. Les caractères présents dans le groupe de référence sont dits ancestraux (ils n'ont pas subi de modification au cours de l'évolution, on parle de *plésiomorphie*), ceux uniques au groupe testé sont dérivés (on parle alors de *synapomorphie*).

Ainsi, la présence de dents chez certains vertébrés amniotes comme les reptiles (à l'exception des tortues) et chez les mammifères est un caractère ancestral car on le retrouve dans un groupe proche, les amphibiens et les poissons (cet état ancestral commun est une *symplesiomorphie*). L'absence de dents chez les oiseaux et les tortues est donc un caractère dérivé.

On établit ainsi un tableau reprenant l'état ancestral ou dérivé des caractères analysés et on construit le cladogramme.

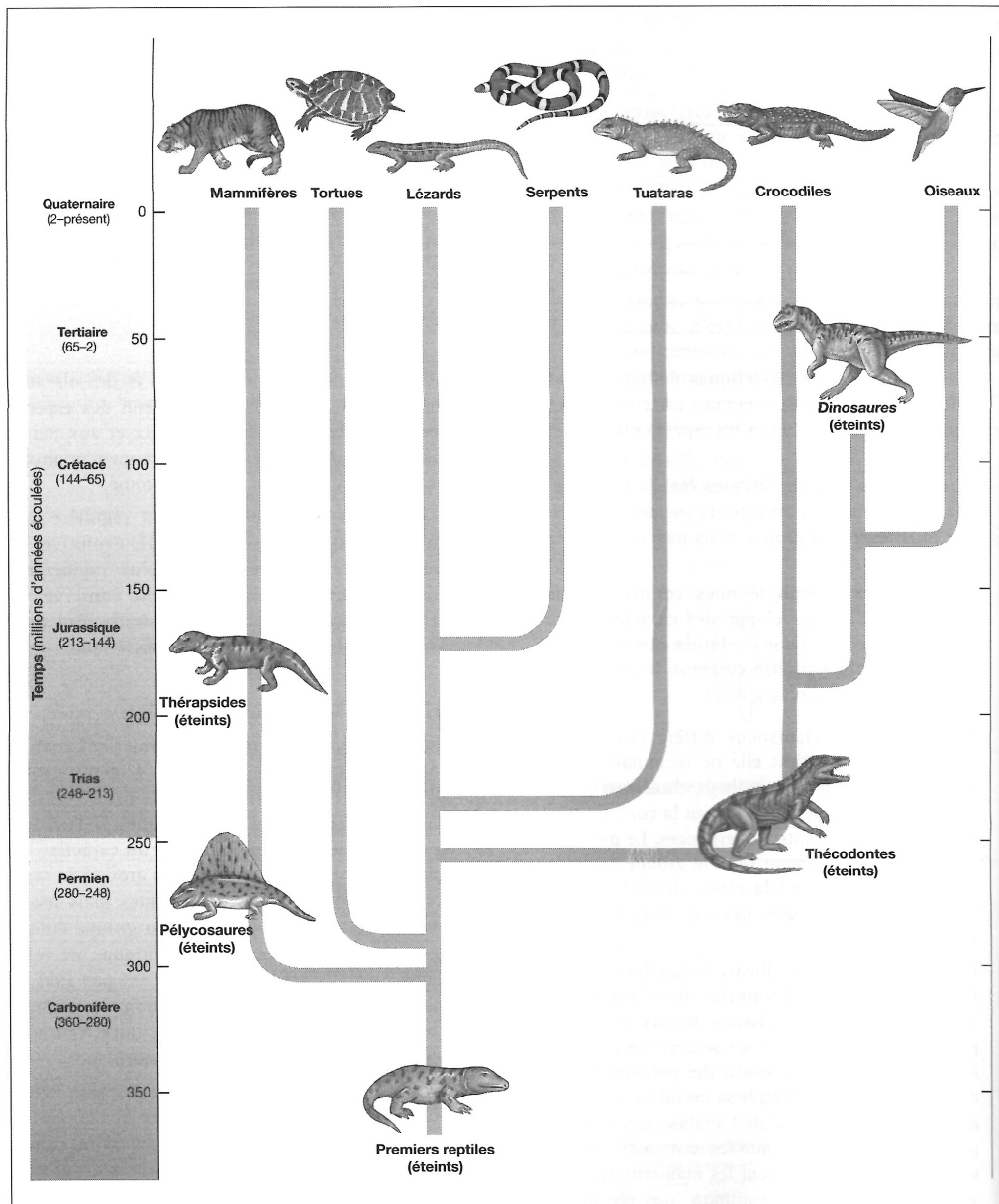


Fig. 47 - Phylogénie des reptiles, comprenant les quatre ordres actuels : (1) les chéloniens (regroupant les tortues), (2) les squamates (qui inclut le sous-ordre des sauriens dont les lézards sont les représentants typiques et le sous-ordre des serpents), (3) les rhyncocephales (qui ne contiennent plus que les tuataras), (4) les crocodiliens. Cette phylogénie montre comment ces ordres sont reliés aux dinosaures (reptiles éteints) et aux classes des oiseaux et des mammifères

L'établissement d'une phylogénie n'est cependant pas toujours directe car l'état d'un caractère est parfois masqué : certains sont apparus indépendamment lors d'une évolution convergente, ce sont les caractères analogues, alors que d'autres sont secondairement revenus à leur état ancestral (on parle alors d'*homoplasie*).

En général, il faut dessiner les divers cladogrammes possibles en fonction des données obtenues et identifier pour chaque arbre les événements évolutifs. On privilégie alors l'arbre qui nécessite le moins d'étapes évolutives, pour respecter le principe de parcimonie qui favorise l'hypothèse demandant le moins de suppositions.

Pour plus de renseignements sur ce sujet, nous conseillons au lecteur de se référer à l'article de J-C de Bisteau et T. Vantorre dont les références sont reprises dans la partie « activités complémentaires » en fin de chapitre.