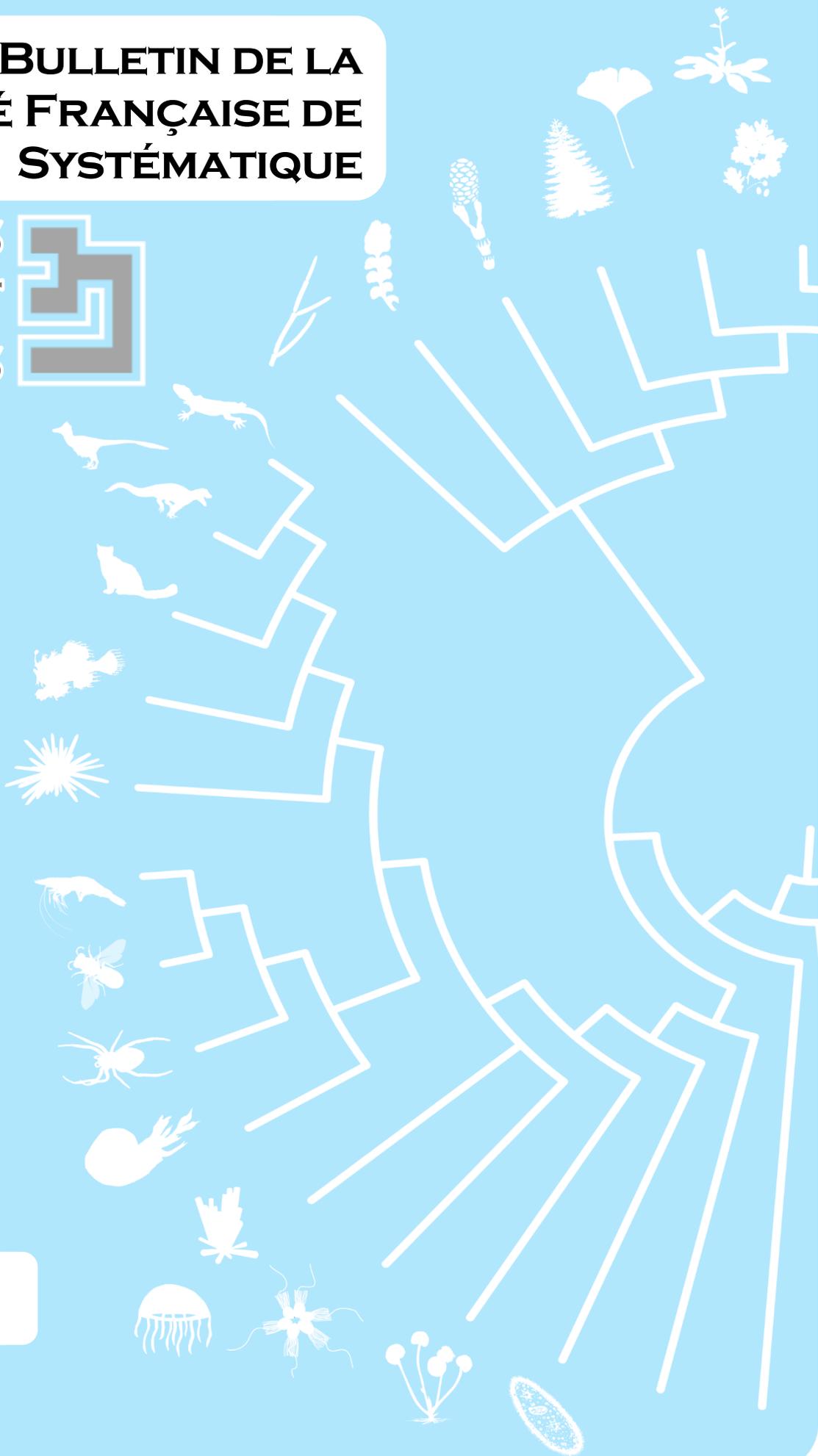
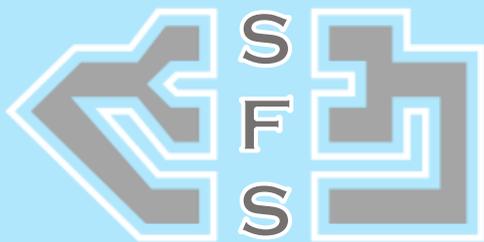


BULLETIN DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE



n°62

Juillet 2020



SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE



Siège social : M.N.H.N., 57 Rue Cuvier, 75005 Paris
Adresse postale : Secrétariat SFS, J. BARDIN, SU, CR2P,
UMR 7207, 4 place Jussieu, Tour 46-56, 75005 Paris
Site WEB : <https://sfs.snv.jussieu.fr>

CONSEIL DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE 2019-2020

Président : Patrick Martin
Vice-Président : Pascal Tassy

Secrétaire général : Jérémie Bardin
Secrétaire adjointe : Régine Vignes-Lebbe
Trésorière générale : Véronique Barriél
Trésorier adjoint : Marc Testé
Responsable site WEB : Valentin Rineau
Responsables communication : Paul Zaharias,
Valentin Rineau
Responsable bulletin et Biosystema : Mathieu
G. Faure-Brac
Conseillers : Guillaume Lecointre, Malcolm T.
Sanders, Paul Chatelain

Président : Patrick Martin
Institut royal des Sciences naturelles de
Belgique – Biologie des eaux douces
29 rue Vautier, B-100 Bruxelles, Belgique
Tél : +32/2/627.43.17 –
patrick.martin@sciencesnaturelles.be

Secrétaire : Jérémie Bardin
SU, CR2P, UMR 7207
4 place Jussieu, Tour 46-56, 75005 Paris
Tél : +33.1.44.27.51.77 –
jeremie.bardin@upmc.fr

Trésorière : Véronique Barriél
MNHN, CR2P, UMR 7207
Case postale 38, 57 rue Cuvier, 75231
Paris Cedex 05
Tél : +33.1.40.79.31.71 –
veronique.barriél@mnhn.fr

BULLETIN DE LA SOCIÉTÉ FRANÇAISE DE SYSTÉMATIQUE

Directeur de la publication : Patrick Martin
Rédacteur en chef : Mathieu G. Faure-Brac
Réalisation et composition : Mathieu G. Faure-Brac

Merci à tous nos contributeurs !



TABLE DES MATIÈRES

Éditorial.....	1
Journées Annuelles	3
Enseigner la Systématique (aujourd’hui et demain)	3
Conseil de la SFS.....	4
Renouvellement des membres du conseil de la SFS	5
Appel à candidature.....	5
Thèses & HDR.....	6
Chloé Olivier.....	6
Prix Jacques Lebbe	8
Salomé Strauch.....	8
Contributions.....	10
Hommage à Claude Dupuis (1927-2020)	10
Hommage à Norman Platnick (1951-2020)	12
Le SRAS et le COVID-19 n’ont pas de lien avec les civettes et les pangolins	14
La peur de la nature.....	22
Dépasser Darwin : L’évolution comme vous ne l’aviez jamais imaginée	24
Information	33
E-Systematica	33
Entretiens de Systématiciens	34
Biosystema	35
Biosystema 31 : Le dernier Né !	35
Aux éditions matériologiques	36
Cotisation.....	37



ÉDITORIAL

Est-il utile de rappeler le contexte pandémique qui est devenu notre quotidien, quand ce bulletin vous parviendra ? Il est à espérer, quand vous lirez ces lignes, que vous, et votre entourage, se portent bien même si chacun pressent, à l'échelle de la SFS, que ce ne sera pas le cas pour tout le monde, ne fût-ce que pour des raisons de statistique... Et nous devons effectivement déplorer, parmi nos membres, la disparition du Professeur Claude Dupuis, membre fondateur de notre société, qui nous a quitté en avril dernier, victime de la Covid-19. Dans ce bulletin, Philippe Janvier et Pascal Tassy rendent hommage, au nom de la SFS, à celui que l'entomologiste suédois Lars Brundin a, un jour, évoqué comme « le plus brillant des systématiciens français ».

Une autre disparition que nous avons à regretter dans le monde de la systématique est celle de « Spiderman » Norman Platnick, grand spécialiste des araignées... même si, dans son cas, une mauvaise chute, et non la Covid-19, aura eu raison de ses passions d'arachnologue et d'épistémologiste de la systématique. Christine Rollard, qui fut, pendant de longues années, une secrétaire générale de la SFS fort active et fort appréciée et Pascal Tassy honorent ici la mémoire de l'homme qui, avec Gareth Nelson, a révolutionné la phylogénétique.

Si le SARS-CoV-2 a contraint chacun à modifier sa façon de vivre et ses relations au monde du travail, la SFS a également dû s'adapter. Pour la première fois, dans son histoire, le conseil de la SFS a été organisé

par vidéoconférence. Cela n'a pas posé de problème à la plupart des membres du conseil, chacun étant de plus en plus sollicité, dans notre nouveau monde, par ces réunions dites « virtuelles » où la facilité de réunir des personnes à distance est une maigre compensation à la disparition, ou l'altération, des à-côtés d'une réunion, qui en font le charme et souvent l'intérêt, comme les apartés et la communication non verbale.

Le conseil a également dû revoir son mode d'organisation et plusieurs de ses projets pour l'année en cours. Comme chacun d'entre nous le sait, maintenant, nous avons estimé déraisonnable de maintenir les prochaines journées de la SFS en 2020, initialement prévues fin mars, puis reportées une première fois à septembre prochain. Celles-ci seront donc organisées fin mars 2021, à des dates que Guillaume Lecointre, en bon systématicien, s'est empressé de qualifier « d'homologues » pour ensuite les requalifier en « paralogues », une classe d'homologie, étant entendu que, si les jours de la semaine sont les mêmes, les dates sont différentes (et ne parlons pas de la position de la Terre sur sa trajectoire, ou de la lune, comme le faisait astucieusement remarquer notre ancien Président, Valéry Malécot).

Traditionnellement, les journées annuelles sont le moment où est organisée l'assemblée générale, où le résultat des élections pour le renouvellement du conseil est communiqué, et où le lauréat du prix Jacques Lebbe est officiellement annoncé.

Pour ce qui concerne le prix Jacques Lebbe, celui-ci a été attribué à Salomé Strauch qui en donne un compte rendu dans ce bulletin. Contrairement aux journées, nous avons décidé de maintenir les élections et d'organiser l'assemblée générale pour fin septembre, via des élections électroniques et une vidéoconférence dont les modalités doivent encore être définies.

D'ici là, nous vous laissons à la lecture de ce bulletin, fortement imprégné, dans son contenu, par le SARS-Cov-2 puisqu'il en est

question dans un article qui soutient que ce virus n'a pas de lien avec les civettes et les pangolins, ou encore via le Prof. Raoult, qui n'a pas été que la « Jeanne d'Arc » qui veut bouter le coronavirus hors de France à coups de chloroquine et qui a montré, en publiant un ouvrage sur la darwinisme en 2010, qu'il avait plusieurs cordes à son arc. Cet ouvrage a fait l'objet d'une critique détaillée par notre collègue Pierre Darlu, en 2011, que nous estimons intéressante de republier ici.

Patrick Martin

Président de la SFS

JOURNÉES ANNUELLES

ENSEIGNER LA SYSTÉMATIQUE (AUJOURD'HUI ET DEMAIN)



En conséquence de la crise sanitaire que nous traversons actuellement, la SFS a pris la décision de repousser la prochaine occurrence de ses journées annuelles, sur le thème « Enseigner la Systématique », à une date ultérieure.

Nous repoussons donc ces journées jusqu'en 2021 au moins. Les dates envisagées sont le 29 au 31 mars 2021, mais restent susceptibles d'évoluer. Plus de détails prochainement dans vos boîtes mails et dans le prochain bulletin de la SFS.

CONSEIL DE LA SFS

Le Conseil d'Administration 2019 – 2020 de la SFS comporte **12 membres**.

Président : Patrick MARTIN

Institut royal des Sciences naturelles de
Belgique – Biologie des Eaux Douces
29 rue Vautier, B-1000 Bruxelles, Belgique

☎ +32.2.267.43.17

patrick.martin@sciencesnaturelles.be

Vice-Président : Pascal TASSY

Muséum national d'Histoire naturelle
Pr. émérite CR2P, UMR 7207

pascal.tassy@mnhn.fr

Secrétaire général : Jérémie BARDIN

Sorbonne Université
Ingénieur d'étude CR2P, UMR 7207
4 Place Jussieu, Tour 46-56, 75005 Paris

☎ +33.1.44.27.51.77

jeremie.bardin@upmc.fr

Secrétaire adjointe : Régine VIGNES-LEBBE

Sorbonne Université
Pr. ISyEB (LIS), UMR 7205
CP 48, 57 rue Cuvier, 75005 Paris

☎ +33.1.40.79.80.61

regine.vignes-lebbe@upmc.fr

Trésorière générale : Véronique BARRIEL

Muséum national d'Histoire naturelle
MC HDR CR2P, UMR 7207
CP 38, 57 Rue Cuvier, 75005 Paris

☎ +33.1.40.79.31.71

veronique.bariel@mnhn.fr

Trésorier adjoint : Marc TESTE

Université Paris 1 Panthéon-Sorbonne
Doctorant LGP, UMR 8591

marc.teste@lgp.cnrs.fr

Responsable communication : Paul ZAHARIAS

Muséum national d'histoire naturelle
Doctorant ISyEB, UMR 7205

paul.zaharias@edu.mnhn.fr

Responsable site WEB : Valentin RINEAU

Sorbonne Université
ATER CR2P, UMR 7207
4 Place Jussieu, Case 104, 75005 Paris

valentin.rineau@upmc.fr

Responsable Bulletin et Biosystema : Mathieu FAURE-BRAC

Sorbonne Université
Doctorant CR2P, UMR 7207
4 Place Jussieu, 75005 Paris

mathieu.faure-brac@upmc.fr

Conseillers : Guillaume LECOINTRE

Muséum national d'Histoire naturelle
Pr. ISyEB, UMR 7205 & Présidence du MNHN
CP 24, 57 rue Cuvier, 75005 Paris

☎ +33.1.40.79.37.51

guillaume.lecoindre@mnhn.fr

Malcolm SANDERS

malcolm.t.sanders@gmail.com

Paul CHATELAIN

plchatelain@gmail.com

RENOUVELLEMENT DES MEMBRES DU CONSEIL DE LA SFS

L'Assemblée Générale se fera, exceptionnellement, par voie entièrement numérique. Elle est actuellement prévue pour se tenir le **22/09/2020** et nous réfléchissons encore à la meilleure manière de procéder. Plus de détails prochainement dans vos boîtes mails. Comme d'habitude, le vote des membres du Conseil sera électronique. Il compte actuellement 12 membres.

Les membres sortants cette année sont :

- Mathieu Faure-Brac – rééligible
- Guillaume Lecointre – rééligible
- Valentin Rineau
- Pascal Tassy
- Régine Vignes-Lebbe

Nous encourageons les membres de la SFS et notamment les plus jeunes à se porter candidat pour le renouvellement des membres du conseil.

Nous avons besoin de vous !

APPEL À CANDIDATURE

La candidature doit être accompagnée d'une déclaration d'intention succincte (pas plus de 10 lignes) afin que les électeurs puissent se prononcer en connaissance de cause.

À renvoyer avant le 17 juillet à l'adresse mail : syst.contact@gmail.com

Sous la forme suivante :

Je suis candidat(e) aux élections pour le renouvellement partiel du Conseil de la Société Française de Systématique.

Nom

Prénom

Adresse.....

E-mail :

Déclaration d'intention.....

THÈSES & HDR

CHLOÉ OLIVIER

THÈSE : Phylogeny, paleobiogeography, and paleophysiology of the Triassic dicynodonts (Therapsida, Anomodontia): contributions of the Laotian and Moroccan forms

Sous la co-direction de Jorge Cubo et de Nour-Eddine Jalil

Soutenue le 25 février 2020

Les dicynodontes sont des organismes emblématiques de la période Permien-Trias (P-Tr), du fait de leur survie à la plus grande crise biologique de l'histoire de la Terre, à la fin du Permien. Bien que fortement impactés par cette crise, ils se sont largement diversifiés durant le Trias moyen. Ils représentaient les herbivores dominants de leurs écosystèmes. Cependant, les changements environnementaux majeurs survenus au Trias supérieur (Carnien), ont fortement affecté la diversité et l'abondance des dicynodontes. Ils ont finalement disparu à la fin du Trias. L'évolution des dicynodontes triasiques ainsi que les conditions de leur résilience et de leur extinction restent peu connues. Ce travail a porté sur les dicynodontes du Laos et du Maroc, avec pour objectifs une meilleure connaissance des relations phylogénétiques, de la paléobiogéographie, et de la paléophysologie des dicynodontes du Trias.

La mise en évidence de deux nouvelles espèces du Trias inférieur au Laos (*Counillonia superoculis* et *Repelinosaurus robustus*) montre que la résilience post-crise des dicynodontes semble avoir été

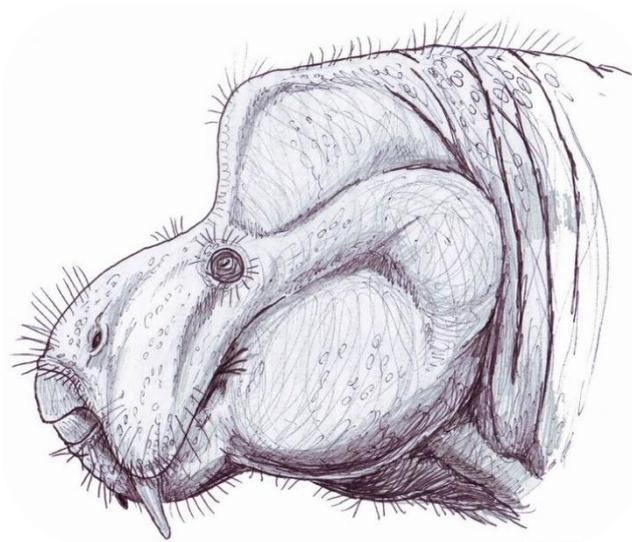
plus précoce que précédemment supposée. L'analyse phylogénétique réalisée a placé *Repelinosaurus* au sein des Kannemeyeriiformes et *Counillonia* au sein des Dicynodontidae, ce dernier ajoutant un groupe supplémentaire de dicynodontes à la liste des survivants à la crise P-Tr. Cependant, les relations phylogénétiques des formes laotiennes ne sont pas consensuelles. Un thermométabolisme élevé aurait été l'élément déterminant pour expliquer la survie des dicynodontes. Or les modèles paléophysologiques construits, dans nos études, à partir de variables histologiques ont inféré un haut taux métabolique chez des dicynodontes aussi bien triasiques que permien (n'ayant pas survécu à la crise P-Tr), ce qui réfute l'hypothèse précédente. Ils supposeraient également une acquisition unique de l'endothermie mammalienne chez les Synapsida, au moins au Permien moyen, au niveau du nœud des Neotherapsida.

La présence des dicynodontes au Laos (situé sur le bloc indochinois) apporte de nouveaux éléments sur le débat actuel concernant paléogéographie de l'Asie du Sud-Est. En effet, l'âge des dicynodontes du Laos et le mode de vie terrestre des

dicynodontes suggèrent une connexion terrestre entre le bloc indochinois et la Pangée, au moins dès la fin Permien-début Trias, très probablement via les blocs sud-est et nord-chinois.

Un matériel post-crânien abondant et inédit attribué aux dicynodontes a été décrit et la taxonomie des dicynodontes marocains (*Moghreberia nmachouensis*, *Azarifeneria robustus* et *A. barrati*) a été révisée. Cette étude a montré que l'espèce *Moghreberia nmachouensis*, la plus abondamment représentée dans le bassin d'Argana, est une espèce valide et clairement distincte du genre nord-américain *Placerias*, auquel elle était précédemment fréquemment attribuée

comme synonyme junior. De plus, contrairement aux études précédentes, *Moghreberia* a été retrouvé groupe-frère du genre polonais *Lisowicia*. La révision du matériel attribué à *Azarifeneria* n'a pas montré de caractères diagnostiques le distinguant des autres genres triasiques. Cependant, un second morphotype, au moins, distinct du genre *Moghreberia*, a été mis en évidence dans le matériel postcrânien sur la base de sa forte robustesse. La grande taille de *Moghreberia* et surtout celle de ce deuxième morphotype ont confirmé l'hypothèse de l'augmentation de la taille corporelle des dicynodontes au cours du Trias



**Moghreberia nmachouensis
(Anomodontia)**

Vue d'artiste.

© commons.wikimedia.org

Chloé Olivier

Docteure en Paléontologie au Centre de
Recherche en Paléontologie – Paris

CR2P UMR 7207 – Sorbonne Université ;
MNHN ; CNRS

PRIX JACQUES LEBBE

SALOMÉ STRAUCH

STAGE : Description de la diversité morphologique des harpes d'Afrique centrale

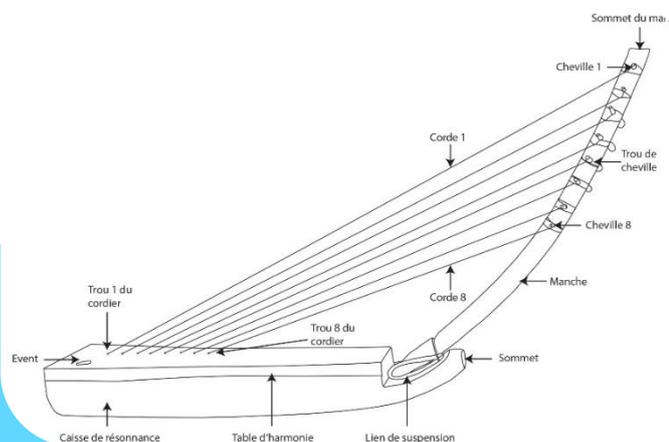
Sous la direction de Sylvie le Bomin

C'est en Afrique centrale que la harpe présente la plus grande diversité de formes et d'usages : elle y est fabriquée et jouée par des populations de tradition orale, dont l'histoire est peu connue. Dans le cadre du projet Kundi, plusieurs missions de terrain ont permis à Sylvie Le Bomin et Susanne Fürniss, deux ethnomusicologues spécialistes des musiques d'Afrique centrale, de décrire 68 harpes, respectivement au Gabon et au Cameroun.

Ces harpes ont été fabriquées par 13 populations différentes, dont les Fang, le seul groupe étudié présent au Gabon et au Cameroun. La description des harpes se base sur de nombreux paramètres morphologiques, métrologiques, contextuels et terminologiques, ce qui est inédit en ethnomusicologie. Durant l'étude, certains de ces paramètres ont été modifiés, créés et définis. Deux matrices de phylogénie ont été analysées par parcimonie, avec des caractères morphologiques dans la première, auxquels s'ajoutent les caractères contextuels dans la seconde. Les

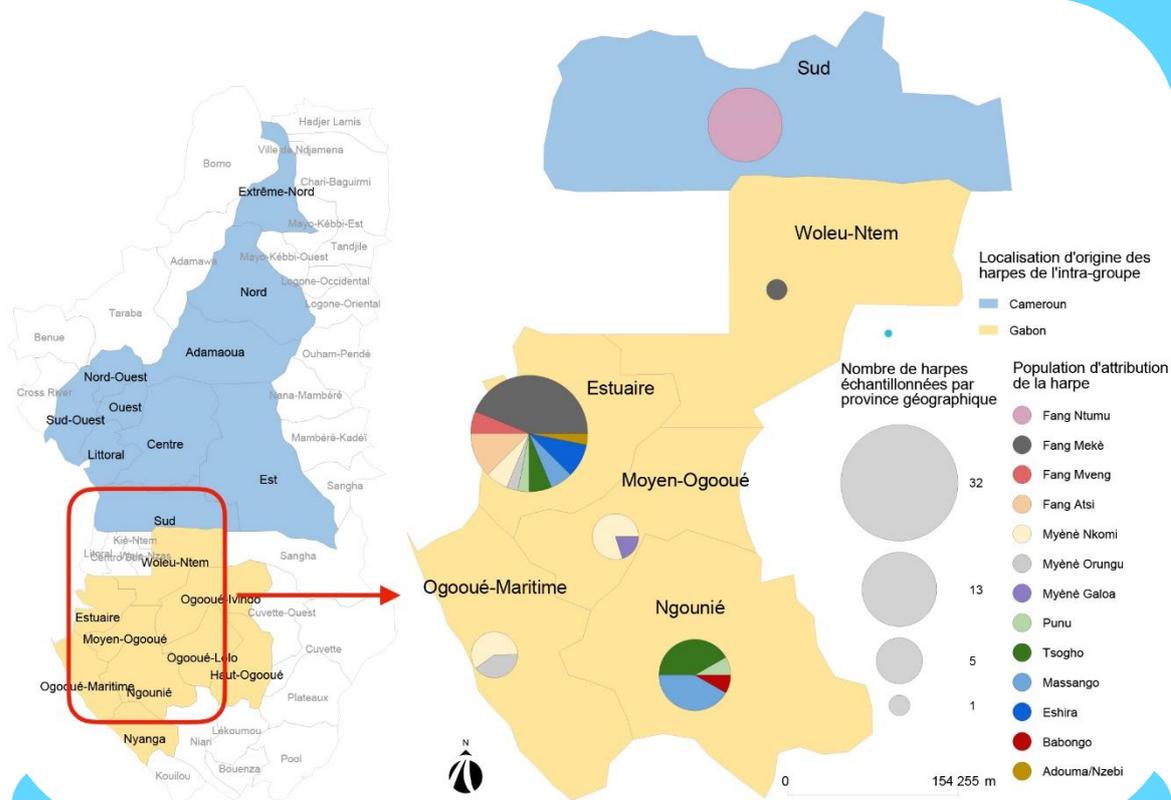
regroupements observés ne peuvent être reliés de manière cohérente à des données d'ordre géographique, ethnonymique ou linguistique. Les harpes fang sont séparées de toutes les autres et leurs innovations (qu'elles soient morphologiques ou contextuelles) se transmettent verticalement, en majorité. Cela est cohérent avec le mode de vie des Fang, puisqu'ils ont un attachement fort à leur identité culturelle, qu'ils marquent dans un grand nombre de leurs activités socio-culturelles. À l'inverse, les harpes de toutes les autres populations forment un clade, sans distinction ethnonymique à l'intérieur de celui-ci, avec une transmission des innovations majoritairement entre pairs qui est majoritaire. Du fait de la part importante de transmission horizontale, deux réseaux ont été construits, montrant eux aussi une séparation des harpes fang des harpes des

Schéma d'une harpe d'Afrique centrale



autres populations. Enfin, l'étude met au jour une certaine homogénéité identitaire pour un même facteur, qui peut cependant

être relativisée lorsque les harpes sont utilisées dans des contextes rituels distincts.



Carte du Gabon et du Cameroun présentant les régions d'origine et les populations d'attribution des harpes du corpus, ainsi que leur nombre.

Réalisée avec le logiciel Cartes et données © Articque.

Salomé Strauch

CONTRIBUTIONS

HOMMAGE À CLAUDE DUPUIS (1927-2020)

Victime de la Covid-19, le Professeur Claude Dupuis nous a quittés le 8 avril 2020, à l'âge de 92 ans. Nous nous souvenons tous de sa silhouette courbée, dont Loïc Matile disait que c'était le stigmate des entomologistes sans cesse penchés sur leur microscope ! Claude Dupuis nous étonnait toujours par son exceptionnelle culture de naturaliste, mais aussi d'historien de la systématique. Lorsque nous avons créé la Société Française de Systématique (SFS), nous l'avions invité à en être membre fondateur. Il avait accepté avec une légère moue en donnant son accord « pour voir » ... Il est ensuite devenu membre du conseil, et a fini par en être le président d'honneur après avoir suivi l'évolution de la Société avec intérêt et, sans doute, bienveillance. Extrêmement pointilleux sur les termes, il recherchait toujours les mots justes et précis dans l'expression de ses propos. Claude Dupuis était passé maître dans l'art de la formule. Par exemple, à l'occasion de réunions scientifiques : « quand on écrit plus de cinq articles par an, on ne sait pas ce qu'on écrit » ... ou encore : « quand on n'a pas tout lu, on n'a rien lu ». On se souvient de ses interventions dans des instances administratives du Muséum, où il préparait soigneusement ses prolégomènes qu'il commençait avec des mimiques à la Louis Juvet, puis la conclusion était sans appel. Ami et correspondant de Willi Hennig, il avait été l'un des premiers français à saisir toute l'importance de la systématique

phylogénétique, devenue plus tard la « révolution cladistique ». À ce titre, il avait été invité à faire une communication à la réunion annuelle de la Willi Hennig Society au siège de la Linnean Society à Londres en 1984 (Hennig IV) et avait alors fait, à la surprise générale, sa communication en français, ce qui avait surpris, mais aussi ravi, l'auditoire essentiellement anglophone. Il a réitéré en 1992 lors de la réunion Hennig XI à Paris. Claude Dupuis était pourtant un remarquable polyglotte, maîtrisant aussi bien l'allemand que l'anglais ainsi que plusieurs langues mortes, mais craignait que le mésusage oral d'une tournure idiomatique déformât sa pensée. Il y avait aussi une sorte de dandysme intellectuel dans cette attitude : Claude Dupuis était un militant de la culture scientifique française et donc de la langue française, en pleine époque d'anglais triomphant (aujourd'hui, hélas, la messe est dite) comme en témoigne son article « La volonté d'être entomologiste... » (1). Par chance, ses interventions lors des réunions de la SFS s'adressaient à des francophones qui pouvaient saisir toutes les nuances et subtilités de ses réflexions.

Entomologiste, Claude Dupuis l'était devant l'éternel. Comme il était parasitologue ou encore helminthologiste. À dire vrai, à l'instar de Willi Hennig, il était systématicien avant tout même s'il préférait à ce dernier terme celui de taxinomie. Autrement dit, il s'intéressait à la globalité des problèmes de la biologie et à leurs

connexions. Comme il l'écrivait lui-même : « Si l'on distingue aujourd'hui une "biologie évolutive" et une "taxinomie", ce ne peut être que par commodité, selon le point de départ dominant. L'on ne voit guère d' 'evolutionary biology' sans présupposés taxinomiques (à commencer par celui de l'espèce) ni de taxinomie sans références biologiques (que ce soit la ressemblance, l'adaptation, l'affinité, la généalogie...). Une distinction qui se voudrait fondamentale serait stérile ; pour le naturaliste de bonne foi, la biologie et la taxinomie ne sont que deux regards qui convergent sur une seule réalité ». À retenir : « le naturaliste de bonne foi » ; espérons que l'espèce n'est pas en voie de disparition.

Pour un lecteur francophone à la recherche d'une bonne introduction aux concepts de base de la systématique – ou de la taxinomie – et à leur épistémologie, on peut conseiller sans hésiter de lire Claude Dupuis (même lorsque l'on ne partage pas certains de ses avis tranchants, la lecture est toujours motivante), notamment à propos des notions de taxon et de catégorie (2), d'homologie (3), de systématique darwinienne (4), de systématiques phylogénétique (5) et cladistique (6). Dans la référence (5) Dupuis explique la place de Hennig dans l'histoire de la systématique et souligne avec une clarté exceptionnelle le contexte de l'échec conceptuel de la systématique évolutionniste. Une lecture toujours... d'actualité.

Une anecdote de P.T. :

« Mon premier contact avec Claude Dupuis à la fin des années 70 fut rude. Il m'appela le 'cladiste' de la 25e heure ce qui n'était certainement pas un compliment, qu'il s'agisse du terme 'cladiste' que de

l'horaire (l'ouvrier de la 25e heure étant certainement pire que celui de la 11e). À l'époque il avait refusé pour le Bulletin du Muséum (qui ne s'appelait pas encore Geodiversitas) un article sur la classification cladistique où, paléontologue en quête de catégories, je préconisais l'usage des plésions proposé en 1977 par Patterson et Rosen, comme chacun sait. (Je réussissais cependant à placer ce petit encart méthodologique dans un article sur un proboscidien fossile.) Bref, si Dupuis promouvait la systématique phylogénétique, il était moins enthousiaste à propos de cladistique. Bien sûr, les choses s'arrangèrent par la suite ! »

Une anecdote de P.J. :

« Je l'avais revu pour la dernière fois pendant l'hiver 2019, lorsqu'il m'avait « convoqué » pour me parler de son souci lorsque la direction de son laboratoire lui avait enjoint de quitter son bureau. Il m'avait montré de façon pathétique son 'trésor' : des centaines de fiches cartonnées sur lesquelles il notait toutes les références bibliographiques qu'il avait consultées, ajoutant soigneusement ses propres remarques qui seront sans doute une mine pour les futurs systématiciens. Il souhaitait que l'Académie des Sciences intervienne pour faire retarder son éviction... mission impossible, d'autant plus qu'il continuait à fumer ses légendaires cigarettes mentholées au milieu des collections !

Il y a quelques années, l'entomologiste et biogéographe suédois Lars Brundin m'avait confié un jour à Stockholm que Claude Dupuis était le plus brillant systématicien français. »

Claude Dupuis était arrivé au Muséum en 1946 comme préparateur du laboratoire

d'Helminthologie et parasitologie comparée. Chercheur du CNRS de 1950 à 1961, il devient sous-directeur au Muséum cette année-là. Il soutint sa thèse de doctorat ès sciences naturelles en 1963, et fut élu professeur sans chaire au Muséum en 1977. Claude Dupuis était le pilier de l'association des naturalistes parisiens, dont il était l'éditeur du bulletin – depuis 1946 – et où il aimait à publier sans contraintes (heureuse époque où l'on pouvait se gausser des pressions dactylographes et comptables). Il passait les étés dans son « laboratoire de campagne », la station de parasitologie créée par Emile Brumpt en 1932, dans les anciennes dépendances du château de Richelieu (Indre-et-Loire), propriété du rectorat de l'Académie de Paris.

(1) Dupuis C. 1983 La volonté d'être entomologiste... Bulletin de la Société entomologique de France. (Livre du Cent Cinquantenaire. Premier congrès international d'entomologie d'expression française, Paris 6-9 juillet 1982. Comptes rendus des travaux) 88 : 18-38.

(2) Dupuis C. 1988 Le taxinomiste face aux catégories. Cahiers des Naturalistes 44 : 49-109.

(3) Dupuis C. 2000 Homologie et caractères : quelques aspects biologiques. In : V. Barriel & T. Bourgoïn (eds), Caractères. Biosystema 18, Publication de la Société française de Systématique, 1-20.

(4) Dupuis C. 1986 Darwin et les taxinomies d'aujourd'hui. In : P. Tassy (ed.), L'Ordre et la diversité du vivant. Fayard/Fondation Diderot, Paris, 215-240.

(5) Dupuis C 1979 Permanence et actualité de la systématique. La « Systématique phylogénétique » de W. Hennig (Historique, discussion, choix de références). Cahiers des naturalistes 34 (1978) : 1-69.

(6) Dupuis C 1992 Permanence et actualité de la systématique. III. Regards épistémologiques sur la taxinomie cladiste. Adresse à la xie session de la Willi Hennig Society, Paris (1992). Cahiers des naturalistes 48 : 29-53.

Philippe Janvier¹ & Pascal Tassy²

¹Directeur de recherche émérite – MNHN

²Vice-Président de la SFS

HOMMAGE À NORMAN PLATNICK (1951-2020)

Pour beaucoup, Spider Man, c'était Norman Platnick et personne d'autre. Docteur de l'Université de Harvard en 1973, Platnick a passé sa vie à étudier les araignées et est devenu le plus grand descripteur d'espèces d'arachnides et le spécialiste de leurs relations de parenté. Il est difficile de mettre seulement quelques mots pour décrire sa contribution à l'arachnologie tant son dossier de publications est énorme. Il disparaît alors que, infatigable, il dirigeait un programme international « Planetary Biodiversity Inventory Project » consacré à la révision des Oonopidae, un programme

rassemblant plus de quarante arachnologues de douze pays. Norman Platnick quoique né en Virginie Occidentale est un parfait Newyorkais. Il a fait toute sa carrière à l'American Museum Natural History à New York. Conservateur au département de zoologie des invertébrés, il avait enrichi la collection d'araignées d'une façon exceptionnelle. Il fut président de l'« International Society of Arachnology (ISA) » de 1995 à 1998 et avait reçu le premier « Bonnet Award » en 2007 en récompense de tous les services rendus à la communauté arachnologique. Pour une certaine génération de systématiciens dans

ce domaine, le catalogue actuel des araignées mondiales « World Spider Catalog » a été tout simplement le « Platnick Catalog » de 1986 à 2014, année de son départ en retraite... active ! Après les trois énormes volumes en version papier de 1989, 93 et 97, il a contribué à partir de 2000 à la diffusion de la première base de données consultable en ligne recouvrant tous les travaux en systématique parus chaque année dans le monde entier. Le travail qu'il avait effectué alors est maintenant soutenu par toute une équipe au Musée d'histoire naturelle de Berne.

Cependant, pour les systématiciens non-arachnologues, Norman Platnick est avant tout l'homme qui, avec Gareth Nelson, a révolutionné la phylogénétique. Sa lecture enthousiaste de *Phylogenetic Systematics* de Willi Hennig y est pour beaucoup. Très vite il devient un théoricien de la cladistique et ses écrits méthodologiques, historiques et épistémologiques impressionnent ses contemporains. À cet égard, nous citerons son article de 1979 « Philosophy and the transformation of cladistics » dans la revue *Systematic Biology* (28 (4), pp. 537-546) où il exprime très clairement sa vision de la systématique. Il y assure que la cladistique n'a pas besoin de lien avec le processus évolutif. Vision hautement provocatrice qui a été comprise comme l'abandon de la théorie de l'évolution. Or Platnick explique bien dans cet article que là n'est pas la question. Le sujet est tout simplement que l'information contenue dans un cladogramme est indépendante de toute référence aux mécanismes de spéciation, ce qui, on en conviendra, est tout différent. Avec Gareth Nelson il publie en 1981 *Systematics and Biogeography: Cladistics and Vicariance* (Columbia University Press), un livre majeur qui en dérouta plus d'un.

Non seulement les fondements de la systématique et de la biogéographie sont transformés mais ceux de la cladistique aussi. Ce livre cristallise ce que Platnick appelle la cladistique transformée (« transformed cladistics »), quoique l'expression n'ait pas eu le succès qu'a rencontré celle de « pattern cladistics », soit la cladistique structurale. Ce livre, assez ardu par endroits demande un effort au lecteur et n'a pas été aussi lu que ce que l'on pourrait imaginer lorsque l'on discute avec les aficionados du « livre bleu », ainsi appelé par certains en raison de la jaquette du livre. Ce qu'il convient de souligner est que l'ouvrage de Nelson et Platnick a été durement attaqué. Nous irons même à dire qu'il l'a été autant que *The Origin of species* en son temps. Par exemple, l'analyse du livre de Nelson & Platnick par Ernst Mayr en 1982 (*The Auk* 99 (3) pp. 621-622) n'a, dans le venin distillé, d'équivalent que celles du livre de Darwin par Richard Owen en 1860 et par Louis Agassiz la même année, pour la confusion des deux savants anti-évolutionnistes.

Platnick s'était également profondément investi dans la promotion des recherches en biodiversité en plaidant pour la place que devait garder la systématique. Dans les années 1990 il fut à l'origine, avec Quentin Wheeler et William Fink, du programme américain puis international « Systematic Agenda 2000 », qui fut présenté à Paris à l'Académie des Sciences en avril 1994, avec le soutien actif de la SFS. Le programme international démarra en 1995. Les financements en France furent malheureusement fort maigres. Si l'on souhaite se laisser aller à la nostalgie, ou tout simplement faire de l'histoire des sciences on peut lire le Bulletin de la Société

française de Systématique n°14 (1995) sur le sujet.

Nul ne s'étonnera que Norman Platnick ait été Président de la Willi Hennig Society, une société qu'il a contribué à créer en 1980 avec quelques autres, tous cladistes militants. Il se fâcha avec certains à propos de la transformation de la cladistique et particulièrement à partir de 1991 à cause l'article qu'il co-signa avec Gareth Nelson : « Three-taxon statements: a more precise use of parsimony ? » dans *Cladistics* (7, pp. 351-366), un article qui, notamment, agaça au plus haut point Steve Farris. La controverse entre évolutionnistes et cladistes laissa la place à la controverse entre cladistes phylogénéticiens et cladistes structuraux. Qui a dit que les systématiciens n'aimaient pas la controverse ?

Une remarque de l'un de nous (P.T.) : « Ce n'est que lors des réunions de la Willi

Hennig Society que j'ai eu l'occasion de rencontrer Platnick. C'était un passionné. Passionné d'arachnologie et d'épistémologie de la systématique. Il n'était donc pas seulement monomane, comme tout systématicien qui se respecte, mais bimanique. Un passionné que je qualifierais volontiers de narquois : derrière les verres de ses lunettes ses yeux pétillaient quand il évoquait les attaques contre la cladistique, attaques qu'il jugeait profondément ineptes. Mais je ne saurais rien dire sur l'homme qu'il était en dehors de son image de systématicien. »

Norman Platnick est mort le 8 avril 2020 au cœur de l'épidémie de Covid-19 mais, dans son cas, des suites d'une mauvaise chute. On le voit, jusqu'au bout, Norman Platnick, aura évité le mainstream. Mais tout de même, quelle idée de nous quitter si tôt.

Christine Rollard¹ & Pascal Tassy²

¹Maître de Conférences – MNHN

²Vice-Président de la SFS

LE SRAS ET LE COVID-19 N'ONT PAS DE LIEN AVEC LES CIVETTES ET LES PANGOLINS

Avant-Propos : Cet essai est la version originale d'un article qui a, entre temps, été soumis à la revue *Cladistics*. Ne soyez donc pas surpris d'y retrouver ce texte dans sa version anglaise.

M.G. Faure-Brac

On se souviendra surtout de l'année 2020 pour la Covid-19. Quant à savoir s'il s'agira de la seule année concernée, la réponse dépend de la production de vaccins appropriés pour protéger les

populations contre les futures épidémies de ce virus, dans les temps à venir. Au moment où j'écris ces lignes, les gouvernements du monde entier ont demandé à ce que toutes nos ressources en matière de médecine, d'industrie, de transport, de finances et d'autres domaines soient dédiées à la meilleure politique pour contenir cette pandémie. Dans ce contexte, le meilleur apport que notre communauté de phylogénéticiens peut fournir est la compréhension la plus aboutie possible de l'origine et de l'évolution des virus du SRAS.

Les non systématiciens considèrent souvent l'étude phylogénétique comme une sorte de comptabilité, un outil organisationnel qui fournit un point de référence. Cette vision est encouragée par la mécanisation de la saisie des données et par la facilité avec laquelle les opérations mathématiques sont exécutées par des programmes informatiques approuvés où l'utilisateur n'a besoin que de savoir comment pointer et cliquer (1). Dans le même temps, la sophistication de ce domaine a augmenté bien au-delà de ce qui est facilement accompli en suivant le manuel d'utilisation d'un bon logiciel. Une analyse ordinaire nécessite aujourd'hui que l'auteur justifie le choix des taxons étudiés, des données primaires, de la méthode de codage des caractères (y compris les questions compliquées d'alignement, de pondération, de valeurs manquantes), du traitement des partitions, du choix des méthodes de reconstruction, des modèles concurrents, des mesures d'ajustement ou de confiance, de la manière de résoudre l'ambiguïté, de l'optimisation des caractères d'intérêt sur un arbre, etc. (2,3). Aucun de ces sujets n'est traité de manière adéquate dans la section FAQ d'un manuel de logiciel.

Il n'est pas rare que mes collègues phylogénéticiens utilisent aujourd'hui plusieurs programmes à la chaîne, ou plusieurs analyses comparées en tant qu'alternatives, pour répondre aux problèmes énumérés ci-dessus, avant d'arriver à une conclusion générale. Une telle complexité dépasse largement l'intérêt, la patience ou la capacité des utilisateurs occasionnels de phylogénies, de sorte que les plus pressés esquivent largement ces questions. Nos collègues chasseurs de virus présentent-ils la

meilleure science que le domaine de la phylogénie puisse produire ? J'ai choisi de discuter une sélection d'articles scientifiques importants dans la situation actuelle, et je ne veux pas faire d'autres critiques que mes remarques explicites concernant les méthodes phylogénétiques. Je suis sûr que les leaders en médecine et en virologie sont excellents dans leurs domaines. Ce que je souligne, c'est qu'ils ne le sont pas dans le nôtre.

État des connaissances

Comme n'importe qui suivant l'actualité internationale peut vous le dire, des coronavirus qui ont évolué chez des animaux ont récemment été transmis aux humains. La source zoologique de ces virus est importante si nous voulons comprendre pleinement leur origine et leur évolution, un point de grande importance pour lutter contre cette pandémie ou d'autres à venir. Une connaissance substantielle du SRAS (parfois appelé SRAS-CoV, ou SRAS-1), qui a provoqué une épidémie en Asie de l'Est il y a 20 ans, existe d'ores et déjà. Le virus responsable de la Covid-19 est appelé SRAS-2, ou SRAS-CoV-2 parce que celui-ci et le précédent sont apparentés. Plus marginalement, il existe également le MERS, une maladie similaire qui apparaît occasionnellement au Moyen-Orient.

Origine des coronavirus du SRAS

Le National Institutes of Health (4), la plus haute autorité médicale des États-Unis, écrit :

« Dans le premier scénario, alors que le nouveau coronavirus évoluait chez ses hôtes naturels, possiblement des chauves-souris ou des pangolins, ses protéines « en pointe » (spike proteins) ont muté pour se lier à des molécules de structure similaire à

la protéine ACE2 humaine, lui permettant ainsi d'infecter des cellules humaines. Ce scénario semble correspondre à d'autres épidémies récentes de maladies causées par des coronavirus chez l'homme, telles que le SRAS, qui est apparu chez des civettes ressemblant à des chats, et le syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS), qui est, lui, apparu chez des chameaux». (4)

Cette déclaration identifie clairement les pangolins et les civettes comme servant de liens entre les virus non infectieux pour l'homme et les responsables des épidémies précitées. Sun *et al.* (5) aboutissent aux mêmes conclusions que la NIH :

« Des études ultérieures ont montré que le CoV-SARS provenait de chauves-souris et que la transmission inter-espèces vers l'homme se faisait par l'intermédiaire d'un troisième hôte : les civettes masquées (Paguma larvata) ou les chiens viverrin (Nyctereutes procyonoides). »

La civette est à nouveau désignée comme un intermédiaire. Pour démontrer l'approbation générale de ce fait, on peut lire dans les pages collaboratives de Wikipédia (6) :

« En 2002-2003, des civettes vendues pour leur viande sur les marchés locaux de la province chinoise du Yunnan ont transmis le virus du SRAS provenant des rhinolophes aux humains. L'épidémie virale qui en a résulté a tué 774 personnes en 2002-2003. »

Les lecteurs sont invités à faire leurs propres recherches sur Internet et à relever leurs propres sources concluant à la transmission du virus par l'intermédiaire des civettes et des pangolins. Mais, les analyses actuelles fournissent-elles une

base adéquate pour conclure que les virus humains du SRAS proviennent des civettes et des pangolins ?

Pas de racine valable pour l'arbre

Tout l'intérêt d'utiliser un arbre pour interpréter des modèles d'évolution est de suivre, dans le temps, les caractères d'intérêts jusqu'à la racine de l'arbre. Cela signifie que le placement de la racine dans le réseau peut être particulièrement significative. Une méthode rigoureuse pour placer la racine est nécessaire pour correctement polariser la direction de l'évolution, *i.e.* définir qui est l'ancêtre et qui est le descendant. La norme en phylogénie aujourd'hui est d'utiliser plusieurs lignées de plus en plus éloignées (appelées extra-groupes) pour déterminer la polarisation de l'évolution au sein du groupe d'intérêt (l'intra-groupe.) Aucune méthode de ce type n'a cependant été utilisée dans plusieurs publications de référence.

Guan *et al.* (7) ont ainsi essayé de retrouver l'origine du SARS-CoV-2 parmi différentes espèces animales et d'identifier les sources les plus probables parmi celles-ci, en utilisant l'outil phylogénétique. Leur étude a été publiée sous la forme d'un rapport dans la revue *Science*, un type d'articles succinct dont une grande partie de la méthodologie est reportée dans des fichiers supplémentaires qui ne sont pas présentés dans la publication elle-même. Il n'est pas rare de trouver dans ces suppléments des erreurs qui n'apparaissent pas de manière évidente pour les lecteurs de la publication. À propos de la phylogénie reconstruite par Guan *et al.*, Janies *et al.* (8) ont écrit :

« Dans le cas de Guan et al., [2003 ; voir la fig. 2 de Guan et la fig. S2 des documents

complémentaires] et du Chinese SARS Molecular Epidemiology Consortium (2004) ; voir la fig. S7 de leurs documents complémentaires] les chercheurs forcent simplement la position de la racine sur leurs arbres de telle sorte à ce que des isolats du CoV-SARS provenant d'hôtes animaux soient représentés comme ancestraux. Dans d'autres arbres, aucun extra-groupe n'est désigné [Chinese SARS Molecular Epidemiology Consortium (2004), leur fig. 2] ou bien un CoV-SARS humain est utilisé comme tel, les isolats animaux du CoV-SARS étant alors omis de l'arbre [Chinese SARS Molecular Epidemiology Consortium (2004), leur fig. S6 des documents complémentaires]. Dans le cas de Song et al. 2005, un CoV-SARS humain est désigné comme l'extra-groupe. »

Dans un raccourci tout aussi dangereux, Ji et al. (9) interprètent leur phylogénie en plaçant la racine au point moyen du réseau. Cette méthode place la racine au milieu de l'arbre en calculant toutes les distances de feuilles à feuilles et en sélectionnant le centre de la plus longue distance. Cela signifie que la "polarisation" de l'évolution (primitive ou dérivée) présente dans l'arbre est en partie arbitraire. La méthode peut impliquer une "ultramétrie" des données, ce qui signifie que chaque pas de caractère représente la même ampleur de changement sur le plan de l'évolution. La symétrie créée par le point moyen signifie que le changement évolutif est équilibré autour de la racine. C'est certainement faux, et il est difficile d'estimer l'impact de cet enracinement sur les conclusions de l'étude.

Une méthodologie dépassée

La reconstruction phylogénétique, en tant que domaine, a progressé comme tant

d'autres domaines scientifiques. Il est facile de trouver des méthodes qui ont été recommandées par le passé et qui sont désormais obsolètes. Publiés dans le très respecté *Journal of Virology*, Yang et al. (10) ont ainsi utilisé la similarité globale pour grouper leurs taxons. Cette méthode a pourtant été rejetée vers 1980 par l'ensemble de la communauté des phylogénéticiens. L'histoire de cette perspective n'est cependant pas le sujet de cet article. Il nous suffit ici de dire qu'en biologie de l'évolution, nous ne nous intéressons qu'aux similitudes particulières : des caractères partagés, dérivés, qui indiquent une ascendance commune récente et qui peuvent être très peu nombreux. Le nombre de ces similitudes globales partagées importe peu, le plan de base pouvant rester inchangé dans le cadre étudié. Nous n'essayons pas de mesurer la stase. C'est l'avancée fondamentale la plus importante dans notre pratique de la reconstruction phylogénétique depuis Darwin.

Pas assez de données pour résoudre le problème

Considérez ceci : Zhang et al. (11) ont écrit :

« Dans ce groupe, le RaTG13 [chauve-souris] et le SARS-CoV-2 [COVID-19] ont été groupés ensemble, et le Pangolin-CoV est leur plus proche ancêtre commun. »

Mais l'analyse (leur figure 2) est un réseau de 27 isolats de chauve-souris, de 10 isolats humains, et de trois isolats issus, respectivement, d'un pangolin, d'une souris et d'un vison. Dans une telle analyse, tout ce qui est nécessaire pour que le pangolin soit groupé avec les chauves-souris et les humains est qu'il leur ressemble plus qu'au

vison ou à la souris. Cela ne signifie pas que le pangolin appartient vraiment aux chauves-souris et aux humains, mais simplement que les chauves-souris et les humains constituent 37 des 40 terminaux, qui dominent l'analyse. Or, renforçant cette erreur dans *Nature*, Lam et *al.* (12) ont fourni une phylogénie des séquences du SRAS-CoV-2 qui groupe ensemble trois chauves-souris, huit pangolins et six humains. Les isolats de pangolins ne peuvent donc que se grouper avec ceux des chauves-souris ou des humains car c'est ici la seule possibilité. Nous devons disposer de beaucoup plus d'isolats provenant d'espèces hôtes de différentes sortes dans l'analyse pour pouvoir conclure avec certitude que nous avons trouvé une source ancestrale probable.

La fonction ne l'emporte pas sur les autres données

Il est possible, voir probable, que certains éléments du SARS-CoV-2 aient évolué indépendamment chez différents hôtes, puis aient été combiné pour former les agents pathogènes actuels, comme c'est le cas pour les souches de grippe "swine flu" (13). Un changement de fonction (comme la capacité à se lier aux sites ACE2 humains) est alors essentiel sur le plan médical, mais il ne modifie pas les critères généraux d'évaluation de l'ascendance des partitions du génome viral. En fait, une telle origine hybride nécessiterait un soin encore plus grand pour être démêlée. Pourtant, l'importance de la fonction des sites de liaison ACE2 focalise tous les regards et empêche une mise en perspective plus générale qui devrait être primordiale.

En se concentrant sur la liaison ACE2, Andersen *et al.* (14) ont présenté un alignement d'acides aminés de deux

régions génétiques d'intérêt particulier, l'une de 58 résidus et l'autre de 33. L'analyse comprend trois chauves-souris, deux humains et un pangolin. Les séquences humaines ne sont pas identiques, pas plus que les chauves-souris ne le sont entre elles. Le pangolin est parfois plus proche d'un humain mais pas des deux, et s'il l'est des deux, il l'est alors aussi d'une chauve-souris. Parmi les résidus clés mis en évidence qui correspondent aux sites de contact de l'ACE2, il n'y a que deux acides aminés (493 et 494 dans leur figure) qui sont partagés uniquement par les pangolins et l'un des humains (mais pas l'autre) de la fenêtre choisie, longue de 58 acides aminés. La quantité de données est frugale par rapport à l'ampleur du problème. Cette preuve ambiguë met en évidence six paires de bases nucléotidiques parmi les 273 bases choisies (codant pour 91 acides aminés). Si l'on considère que le génome compte environ 23 000 paires de bases, ces auteurs sont favorables à une conclusion basée sur ce petit modèle qui ne représente peut-être pas l'ensemble du tableau.

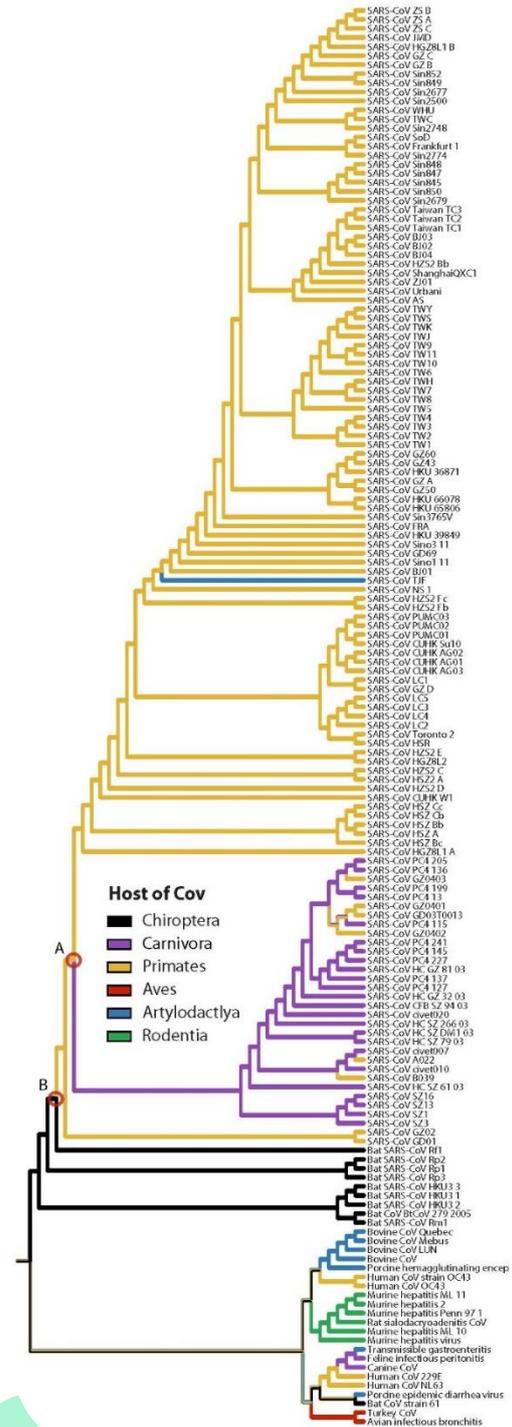
Par ailleurs, un acide aminé est un "caractère composite", ce qui signifie qu'il est composé de différentes parties (les nucléotides de l'ADN) qui peuvent représenter des événements évolutifs distincts. L'évolution peut produire le même résidu par des voies différentes car les codons n'ont pas besoin d'être identiques pour conduire aux mêmes produits traduits (15). Les travaux futurs feraient bien d'examiner la séquence de nucléotides complète lors de l'étude de son évolution génétique et de son ascendance, et de garder les questions concernant la "fonction" du produit traduit comme séparées, aussi importante soient-elles.

Pas assez de considération des alternatives

Ayant lu de nombreux articles de phylogénie, je suis surpris que l’ambiguïté de ces études sur les radiations explosives de virus ne génèrent pas plus de débats. On peut s’attendre à ce que les données soient plutôt confuses. Avec une évolution aussi rapide, il doit y avoir de nombreuses branches très courtes, ce qui génère des phylogénies sensibles aux paramètres d’analyse. En outre, si un virus peut être transmis d’une espèce à une autre, il peut possiblement être transmis dans les deux sens et plus d’une fois, ce qui crée une ambiguïté sur l’origine et la direction des transmission (voir ci-dessous). Même les auteurs travaillant sur des problèmes beaucoup moins difficiles consacrent généralement une discussion aux groupes qui sont bien soutenus et à ceux qui le sont moins. Il est curieux que les auteurs cités ici soient si confiants dans la solution unique qu’ils privilégient.

La meilleure analyse de ce groupe à ce jour

À la suite de l’épidémie de SRAS, Janies *et al.* (8) ont réalisé une analyse phylogénétique approfondie incluant les localités géographiques d’origine, les espèces hôtes, les différentes régions du génome viral et les génomes complets. L’étude comprend plusieurs matrices de données différentes : 83 isolats de génomes partiels disponibles en 2005 ; 157 isolats de génomes partiels disponibles en 2006 ; 114 génomes viraux complets disponibles en 2006. Ces données incluent notamment une région de 29 nucléotides dont l’apparition est importante pour le passage entre les carnivores et les humains en tant qu’hôtes. Divers schémas de



Arbre de Janies *et al.* (8), construit à partir de 157 isolats, incluant 22 extra-groupes.

L’arbre parcourt des relations allant des chauves-souris (noir) aux humains (jaune, en passant par les carnivores (violets) et les porcs (bleu), ces derniers nichés parmi le clade humain.

pondération et méthodes de reconstruction ont été utilisés, chacun ayant fait l'objet d'une discussion explicite afin d'évaluer la robustesse des résultats. Les auteurs ont ainsi déclaré :

« Beaucoup d'équipes de recherche qui affirment que les carnivores sont le réservoir original du SARS-CoV utilisent une phylogénie pour étayer leur argument. Cependant, les phylogénies de ces études manquent souvent d'extra groupes et des critères d'enracinement nécessaires pour déterminer les origines du SARS-CoV. Récemment, le SARS-CoV a été isolé chez diverses espèces de chiroptères de Chine (par exemple Rhinolophus sinicus), ce qui a conduit à reconsidérer le réservoir original de ce virus. Nous avons évalué l'hypothèse selon laquelle le SARS-CoV isolé de Chiroptera est la source zoonotique originale du SARS-Cov en prélevant des échantillons de SARS-CoV et de CoV non-SARS sur divers hôtes dont des Chiroptera, ainsi que des carnivores, des artiodactyles, des rongeurs, des oiseaux et des humains. Quels que soient les paramètres d'alignement, les critères d'optimalité ou l'échantillonnage isolé, les phylogénies qui en résultent montrent clairement que le SARS-CoV a été transmis aux petits carnivores bien après l'épidémie de SARS chez l'homme qui a débuté fin 2002. » [souligné par l'auteur].

Dans l'analyse des 83 isolats et des 114 génomes, les virus de la civette sont profondément inclus dans le clade des virus humains, à l'intérieur de 10 nœuds emboîtés et de 18 nœuds supplémentaires, respectivement. La figure 5 de Janies *et al.* (8) est reproduite ici, montrant l'analyse des 157 isolats. Il y a 22 extra-groupes pour aider à enracer l'arbre, qui passe des

chauves-souris (lignes noires) aux humains (jaune), avec des carnivores (violet) et des porcs (bleu) inclus à l'intérieur. Le clade des carnivores comprend plusieurs isolats humains, ce qui indique que le virus a été transmis entre ces hôtes à plusieurs reprises. Bien que l'analyse des 157 isolats place les carnivores plus près de la base de la lignée humaine que ne le font les analyses des 83 ou 114 isolats, toutes ces analyses montrent que les humains ont reçu le SRAS avant les civettes.

SARS-CoV-2

L'état des connaissances sur les virus du SRAS ne sont apparemment pas bien étayées. Arriverons-nous à faire mieux pour le SARS-CoV-2 ? Il reste de la place pour de l'amélioration. Andersen *et al.* (14) ont déclaré dès le début que "la diversité des coronavirus chez les chauves-souris et d'autres espèces est massivement sous-échantillonnée". Depuis lors, ce problème est traité de façon plus directe. Hu *et al.* (15) ont ainsi échantillonné 11 nouveaux virus provenant d'une seule grotte au Yunnan, potentiellement liés à l'origine du SARS-CoV-2. Après tout, le virus a été identifié à Wuhan, mais il n'a probablement pas évolué là-bas, ni parmi les animaux qui se trouvaient sur le marché de la viande. Nous allons enfin dans la bonne direction pour ce qui est de l'accumulation des données primaires. Espérons que des analyses plus sophistiquées suivront.

Conclusions

Nous devons nous appuyer sur des données et des processus épistémologiques solides pour tirer des conclusions scientifiques. Il est évident que, même en cette période d'urgence, personne ne prête attention à l'expertise

des phylogénéticiens professionnels. C'est probablement car, surtout dans cette situation d'urgence, les gens veulent trouver "la réponse". Ils ne veulent pas entendre que "c'est compliqué". C'est à déplorer. Nous devons faire davantage pour promouvoir notre science comme étant importante, pertinente, sophistiquée et utile dans cette situation d'urgence.

Toutes les publications légitimes *peer-reviewed* reconnaissent que ce virus provient d'agents pathogènes animaux, probablement sous la forme d'une nouvelle combinaison de virus issus de différentes espèces, et qu'il n'a pas été artificiellement fabriqué. Ce virus présente de nouvelles caractéristiques qui favorisent la liaison avec les cellules humaines. La contagion de l'homme et le déclenchement de la maladie sont donc de nouvelles caractéristiques ajoutées aux éléments viraux plus anciens. D'où vient alors le virus ? S'il existe des partitions du virus ayant des histoires différentes, quelles sont ces partitions et quelles sont ces histoires ? Ces questions appartiennent aux champs phylogénétiques et systématiques, à nos champs d'investigation scientifique. Si cet article met en évidence un problème, nous sommes toujours à la recherche d'une solution.

Remerciements : Je remercie Dan Janies, Denis Machado, Donna Wenzel, Ward Wheeler et John Wible pour leurs commentaires sur le manuscrit. Je remercie Mathieu Faure-Brac pour l'aide avec le français. J'ai placé cette lettre dans le bulletin de la SFS en raison de la longue histoire de débats intenses sur les méthodes de la systématique en France, de l'intérêt passionné pour l'enseignement des principes de la systématique par les SFS, et

parce que la tradition de Médecins sans Frontières me donne l'espoir que quelqu'un puisse m'écouter.

(1) Grant, T, J. Favovich, and D. Pol, 2003. The perils of 'point-and-click' systematics. *Cladistics* 19:276–285. doi: 10.1016/S0748-3007(03)00029-X

(2) Janies, D. 2018. Phylogenetic concepts and tools applied to epidemiologic investigations of infectious diseases. *ASM Microbiology Spectrum*. 7(4) doi:10.1128/microbiolspec.AME-0006-2018.

(3) Wenzel, J. W. 2002. Phylogenetic analysis: The basic method. Pages 4-30, in R. DeSalle, G. Giribet, and W.Wheeler, eds., *Techniques in Molecular Systematics*, Birkhäuser, Basel.

(4) National Institutes of Health, 2020: <https://directorsblog.nih.gov/2020/03/26/genomic-research-points-to-natural-origin-of-covid-19/>. Posted March 26, 2020

(5) Sun, J., H. W-T He, L. Wang, J. Zhou, M. Veit, S. Su, et al. 2020. COVID-19: Epidemiology, Evolution, and Cross-Disciplinary Perspectives. *Trends in Molecular Medicine*, doi.org/10.1016/j.molmed.2020.02.008

(6) Wikipedia, 2020: <https://en.wikipedia.org/wiki/Civet>

(7) Guan, Y., B.J. Sheng, Y.Q. He, X. L. Liu, Z.X. Zhuang, C. L. Cheung, et al. 2003. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science* 302: 276-278. doi: 10.1126/science.1087139

(8) Janies, D., F. Habib, B. Alexandrov, A. Hill, and D. Pol. 2008. *Cladistics* 24: 111-130. Doi: 10.1111/j.1096-0031.2008.0019.x

(9) Ji, W., W. Wang, X. Zhao, J. Zai, Z. Li. 2020. Cross-species transmission of the newly identified coronavirus 2019-nCoV. *Medical Virology* 92:433-440. Doi:10.1002/jmv.25682

(10) Yang, X-L, B. Hu, B. Wang, M-N. Wang, Q. Zhang, W. Zhang, et al. 2016. Isolation and characterization of a novel bat coronavirus closely related to the direct progenitor of Severe Acute Respiratory Syndrome coronavirus. *Journal of Virology* 90: 3253-3256 .doi:10.1128?JVI.0582-15

(11) Zhang, T., Q. Wu, and Z. Zhang, 2020. Probable Pangolin Origin of SARS-CoV-2 Associated with the COVID-19 Outbreak. *Current Biology* 30: 1346-1351. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.03.022>

(12) Lam, T. T-S., M. H-H. Shum, H.-C. Zhu, Y-G. Tong, X-B. Ni, Y-S. Liao, et al. 2020. Identifying SARS-CoV-2 related coronaviruses in Malayan pangolins. *Nature*: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2169-0>

(13) Wang, Q-H., M. G. Han, J. A. Funk, G. Bowman, D. A. Janies and L. J. Saif. 2005. Genetic diversity and recombination of porcine sapoviruses. *Journal of Clinical Microbiology* 43: 5963-5972. doi: 10.1128/JCM.43.12.5963-5972.2005

(14) Andersen, K.G., A. Rambaut, W.I. Lipkin, E.C. Holmes, and R. F. Garry. 2020. The proximal origin of SARS-CoV-2. *Nature Medicine* 26: 450-452. <https://rdcu.be/b3FQb>

(15) Simmons, M.P, and J. V. Freudenstein. 2002. Artifacts of Coding Amino Acids and Other Composite

Characters for Phylogenetic Analysis. *Cladistics* 18: 354-365. doi.org/10.1111/j.1096-0031.2002.tb00156.x

(16) Hu, B., L-P. Zeng, X-L. Yang, X-Y Ge, W. Zhang, B. Lei, et al. 2017. Discovery of a rich gene pool of bat SARS-related coronaviruses provided new insights into the origin of SARS coronavirus. *PLoS Pathogens* 13(11): e1006698. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1006698>

John Wenzel

Director of Powdermill Nature Reserve

LA PEUR DE LA NATURE

En 1988, François Terrasson (1939-2006) publiait « La Peur de la Nature », un livre où il expliquait que la peur de la nature, un sentiment largement majoritaire dans la population (en effet, les naturalistes ne sont pas et n'ont jamais été un groupe dominant) était cette aversion, profondément enfouie dans notre subconscient, pour ce qui est « organique, griffu, gluant, vaseux ».

Terrasson a dirigé au Muséum dans les années quatre-vingt le « Service de Conservation de la Nature ». Aujourd'hui existe une « Agence française pour la Biodiversité », c'est certainement plus sérieux, encore que le terme agence laisse planer quelques doutes pour quiconque est aussi malintentionné que je le suis.

La peur de la nature a à voir un peu avec la peur de la systématique. Il y a plusieurs façons de conjurer la peur. L'une d'entre elle est l'élimination de ce qui fait peur. Au milieu du 20^e siècle, à mesure que les labos de génétique des populations s'étendaient sur la planète savante, les labos où l'on pratiquait la systématique se réduisaient inexorablement. Il faut vivre avec son temps. Cependant les drosophiles aussi tiennent de l'« organique, griffu, gluant,

vaseux ». George Gaylord Simpson, figure majeure de la synthèse moderne définissait la systématique en 1961 (dans « Principles of Animal Taxonomy ») comme "scientific study of the kinds and diversity of organisms and of any and all relationships among them", prouvant ainsi l'importance de cette science. Rien n'était donc définitivement perdu.

Et puis les labos de biologie moléculaire ont pris le relais. Il faut toujours vivre avec son temps. Dans les années 1980 l'expression diversité biologique a cédé le pas à celle de biodiversité. Puis, avec la Conférence de Rio en 1992, la reconnaissance des trois niveaux impliquant la biodiversité a été la bienvenue : génétique, organismal, écosystémique. Cela permettait d'envisager une renaissance des études sur les relations entre organismes – qui passent par l'identification desdits organismes.

Depuis une quarantaine d'années la promotion de la systématique (où l'on reconnaît la mission essentielle de la Société Française de Systématique) a été aussi une défense de la discipline et de ses acteurs. Très tôt il a été question du handicap taxinomique. L'affaiblissement

numérique des taxinomistes, les spécialistes des groupes, n'a cessé de se poursuivre. Face à la crise de biodiversité, reconnue de tous, des missions d'inventaires de biodiversité ont pu cependant être de nouveau menées un peu partout dans le monde.

La biologie moléculaire, en parallèle, s'était faite la science de l'identification des organismes (barcoding) et de l'étude de leurs relations (phylogénie moléculaire). Les recherches phylogénétiques, boostées par la cladistique née de la systématique traditionnelle, ont peu à peu été dominées par le moléculaire dont l'avantage principal est qu'il permet des comparaisons entre organismes très différents. Tellement distincts que l'anatomie comparée atteint là ses limites. Grâce aux lettres A, G, C, T (et U pour les organismes à ARN tellement présents dans l'actualité au moment où j'écris) tout devient possible. C'est presque magique. Quel rapport avec la peur de la nature ? L'idée que je défends ici est que, outre l'indiscutable pertinence des données moléculaires, apparaît un autre avantage. Ces lettres sont propres, « clean » devrait-on dire. Elles ne sont pas griffues, gluantes, vaseuses, au point que l'on oublie qu'elles sont d'origine organique. Grâce à ces lettres, plus besoin de mettre les mains dans le cambouis. Et s'il existe encore quelques naturalistes moléculaires, beaucoup n'ont jamais vu les organismes qu'ils étudient. Évidemment pas dans les cercles que nous fréquentons, nous autres membres de la SFS. Mais si l'on prend du recul est que l'on analyse les forces en présence dans la biologie moderne, on ne peut qu'être frappé par le côté village gaulois de ces naturalistes.

Alors, étudier les organismes sans les organismes, est-ce un vieux rêve caressé par quiconque est frappé par la peur de la nature ? Les écrans sont propres assurément. Sont-ils naturels ? Quel lien entretiennent-ils avec la nature ? Voilà une éternelle question qui se pose dès que l'on aborde la question de la technologie vis-à-vis de ce qu'on entend par « naturel ». En tout cas, ils ne font pas peur. Ils sont devenus nos doudous. Le génome de *Crocodylus niloticus*, dans sa banque, est un doudou mais pas le crocodile du Nil dont on ne s'approche qu'avec circonspection. Et, pire, qui n'a pas peur de *Latrodectus mactans* ? Face à cette espèce fantasmatique il convient de ne pas être hystérique. Mais tout de même. En revanche qui éprouve une répugnance instinctive pour le gène qui code l'alpha-latrotoxine ? Personne, même quand on le découvre chez une bactérie *Wolbachia* dont on connaît le génome entier. Le génome ce sont des lettres et l'effet des toxines qui peut nous faire peur disparaît.

La nature est ainsi domestiquée *in silico*. La peur disparaît. Ou, plus exactement, elle est cantonnée loin de nous.

Ma façon de voir est-elle réfutée par l'indiscutable engouement, fort médiatisé, envers les animaux et les plantes, vers une poétique de la biodiversité qui accompagne les luttes plus traditionnelles pour sauvegarder la nature ? La nouvelle alliance entre l'homme et les êtres vivants, tous égaux, tous à la même place, s'accompagne d'un renouveau de l'anthropocentrisme. Bien souvent c'est en prêtant aux êtres vivants des propriétés humaines que s'éveille cet intérêt pour les vivants non-humains. Comme l'homme et les animaux, les plantes pensent et se

souviennent : cette affirmation a fait la une de biens des journaux, journaux de diffusion scientifiques inclus. Autrement dit, c'est en humanisant la nature que l'on se rapproche d'elle, qu'on la supporte, qu'on tend à n'en avoir plus peur... Pas vraiment la bonne approche naturaliste. Cette mode survivra-t-elle à la pandémie ? Au méchant coronavirus ? Ce virus qui représente l'indifférence de la nature peut-il s'accommoder d'un quelconque anthropomorphisme ? Difficile tout de même de lui prêter des intentions... Il suffit alors de prétendre – les complotistes n'ont

pas perdu de temps – qu'il ne vient pas de la nature sauvage et d'un marché d'animaux sauvages (tous théoriquement protégés mais tous effectivement chassés et consommés), mais au contraire d'un labo de recherche sur les virus, le fameux Institut de Virologie de Wuhan... Mais alors, la propreté hi-tec des labos de virologie, bien loin de l'« organique, griffu, gluant, vaseux » en prend un coup ! Y-a-t-il une sortie de secours ? « Maman, j'ai peur ! / Qui a bloqué l'ascenseur ? » (Mama Béa Tekielski, *Maman, j'ai peur !* album « No Woman's Land » (1991)).

Pascal Tassy

Vice-Président de la SFS

DÉPASSER DARWIN : L'ÉVOLUTION COMME VOUS NE L'AVIEZ JAMAIS IMAGINÉE

Didier RAOULT, 2010, Plon, 164 pages, 18,90 euros (ISBN 978-2-259-21114-7) Paris, le 07/07/2011

Avant-Propos : On ne saurait aujourd'hui remettre en question l'importance qu'a eu la Covid-19. Cette pandémie a affecté (et continue toujours d'affecter, lorsque j'écris ces lignes) tous les aspects de notre société, la recherche scientifique n'étant pas des moindres, comme le montre bien l'article de J. Wenzel sur les résultats de la recherche internationale sur la phylogénie du SARS-CoV-2. Cependant, il n'est pas nécessaire de regarder la littérature étrangère pour trouver des controverses : nous avons notre propre exemple français, en la personne du Pr. Didier Raoult, qui fractura l'opinion publique sur la question de la chloroquine

et de la manière dont doivent être menées les études scientifiques, particulièrement dans le domaine médical. Il ne nous revient pas, ici, de revenir sur ces questions qui sortent du domaine de la systématique. Cependant, il nous semblait important de republier le texte qu'avait écrit, en août 2011, le directeur de recherche émérite Pierre Darlu, sur l'édifiant ouvrage du Pr. Raoult sur le darwinisme, intitulé « Dépasser Darwin », publié en 2010 chez Plon. Bonne (re)lecture.

M.G. Faure-Brac

Ne dites plus « évolution », mais « changement », ne parler plus d'arbre

phylogénétique, mais de rhizome. Telles sont quelques-unes des propositions que formule Didier Raoult, professeur d'Université, stakhanoviste de la production scientifique avec quelques 1400 publications, lauréat du Prix INSERM 2010, inventeur du *Mimivirus* et cible de quelques controverses récentes sur l'obésité dans la revue *Nature*. Avec son ouvrage « Dépasser le Darwinisme. L'évolution comme vous ne l'aviez jamais imaginée » (Plon, 2010), Raoult s'érige en chantre de l'anticonformisme, refuse de se « situer dans le flux de pensée dominante » et garde « un scepticisme permanent vis à vis des théories considérées comme immuables »¹. Avec cet état d'esprit radicalement contestataire, et qui n'est pas pour nous déplaire, il n'est pas étonnant d'assister au déboulonnage de la Statue de Darwin, penseur « aux idées obsolètes » qui aurait bien eu quelques bonnes intuitions et quelques « convictions », mais serait actuellement totalement dépassées par les avancées de la Génétique...

Que peut-on en penser ? Didier Raoult construit son ouvrage en trois parties. La première est une réflexion sur Darwin et l'évolution. Elle s'organise autour de quatre chapitres, chacun centré sur une idée prétendument « fausse » de Darwin. La deuxième partie traite de « l'homme dans son écosystème » et aborde des questions relatives aux épidémies et aux rôles joués par les bactéries et virus. La troisième partie se focalise sur les rôles que la science, et la génétique en particulier, doit jouer dans le monde de demain. C'est essentiellement la

première et la dernière partie qui vont nous occuper présentement.

« Première idée fausse : les espèces auraient divergées très tôt »

Pour un phylogénéticien, cette première assertion de Didier Raoult n'est pas très lumineuse. Car il est peu contestable que certaines espèces ont divergé au Cambrien, d'autres au Jurassique ou au Pléistocène... Peut-être l'auteur veut-il dire que l'erreur de Darwin est d'avoir pensé que le « processus » de spéciation a commencé très tôt, dès l'apparition de la vie et se continuerait jusqu'à nos jours, alors que, d'après l'auteur, « les espèces divergent depuis des embranchements survenus dès la création » ? Laisserait-il entendre que les espèces ne divergent plus depuis la « création » ? A ce niveau d'explication, il est bien difficile de saisir la véritable pensée de l'auteur, d'autant que sa façon de déconsidérer « cette vision [darwinienne] de la séparation des espèces » est à la fois surprenante et déplacée. En effet, elle consiste en un premier temps à dévaloriser cette « vision » qui « s'est retrouvée mise au service de conceptions racistes du monde ». Raoult développe ainsi son argumentaire : « Beaucoup de théories xénophobes de la fin du XIX siècle se sont en effet réclamés de l'idée d'isolement génétique des espèces (entre « espèces humaines » y compris) sans plus de mixité possible » ... N'est-ce pas étonnamment insidieux que de convoquer racisme et xénophobie dans un débat scientifique sur la divergence entre espèces ? Certes, le concept de xénophobie pourrait être assimilé, par un anthropomorphisme

¹ Les passages en italiques sont des extraits du livre de Didier Raoult

caricatural, à l'évitement entre espèces, mais n'est-ce pas un raccourci bien rapide ?

Le deuxième argument de Didier Raoult prend des allures plus scientifiques et se fonde sur l'affirmation suivante : « *ce qui diverge de manière stable, ce qui est incapable de recombiner génétiquement finit d'ailleurs par disparaître* », « *la spéciation conduit, in fine, à la disparition* ». Le message anti-darwinien de Raoult est donc que si les espèces ne recombinent pas entre elles, elles disparaissent inéluctablement et, si elles recombinent, ce ne sont plus véritablement des espèces distinctes puisqu'elles mélangent leurs gènes. Un évolutionniste darwinien « conformiste » s'expliquera difficilement l'oxymore – « *diverger de manière stable* ». En revanche il sera tout près à admettre l'idée que les espèces puissent disparaître. Toutefois, et à la différence de Raoult, il fera bien la distinction entre la disparition des espèces d'un côté et la disparition du processus de spéciation de l'autre... Pour Raoult le processus de spéciation est annihilé par l'omniprésence de la recombinaison et des échanges géniques. C'est l'absence de recombinaison qui favorise à la fois « *la création des espèces* » et leur disparition. En effet, l'absence de recombinaison conduit à une réduction de la variabilité génétique, mène à une adaptation hyperspécialisée et, à terme, à la dégénérescence et à la fin inéluctable de l'espèce. Cette position extrême revient à donner un rôle majeur à l'échange de gènes et à minimiser les rôles joués par d'autres sources de variations comme les mutations, les insertions ou délétions, les remaniements du matériel génétique, variations qui sont pourtant un moteur puissant de l'évolution et de la spéciation. Comment Raoult peut-il défendre une

position aussi restrictive sur les mécanismes évolutifs ? En ayant recours à de multiples analogies puisées dans des lieux communs anthropologiques, comme la dépression de consanguinité, le tabou de l'inceste, la polyvalence des paysans par rapport aux citadins ou la non-spécialisation des Africains par rapport aux européens : « *La tradition populaire [...] qui méprise la consanguinité [...] s'enracine sans doute dans le constat, multiséculaire et empirique, que le non mélange de ce que l'on appelle le patrimoine génétique finit assez mal. Le tabou [...] de l'inceste témoigne probablement de cette conscience de la dégénérescence induite par la spéciation. C'est précisément ce que recouvre l'expression on ne peut plus péjorative de « fin de race ». Pour parler brutalement, la spéciation, c'est le début de la fin* ». « *L'arrêt de l'échange de gènes peut trouver son illustration dans la décadence des têtes couronnées d'Europe qui ne se mariaient plus qu'entre elles* ». Heureusement, « *l'infidélité des femmes vient « atténuer » les conséquences de ces tentatives de spéciation extrêmes* ». De même, « *en cas de crise, [...] c'est le paysan, plus rustique de notre point de vue mais aussi plus polyvalent [que le citadin cadre supérieur spécialiste] qui s'en sortira le mieux* ». D'ailleurs, chez « *les Africains, beaucoup moins spécialisés que les Européens* », on « *constate beaucoup plus de variabilité génétique et morphologique que chez les Européens* ».

Toutes ces analogies étonnantes ne relèvent pas vraiment de la biologie ni de l'évolution des espèces. Ne seraient-elles pas là pour faire passer des arguments que la génétique seule aurait du mal à défendre ? Pour reprendre l'argumentaire de Raoult puisque les espèces ne peuvent

plus se reproduire entre elles, elles se trouvent engagées dans « une sorte d'impasse évolutive ». Leur diversité s'amenuise. Leur destin est donc de disparaître. Cependant, si la notion d'espèce disparaît, rien n'est perdu, nous rassure Raoult. Le salut vient des microorganismes qui sont capables « *d'intégrer et modifier le génome des êtres visibles* », « *du ver de terre à l'Homme* » et de renouveler ainsi, en permanence, la diversité génétique des espèces destinées, sinon, au déclin. Les espèces ne sont donc plus des espèces au sens darwinien du terme, puisqu'elles sont toutes le résultat d'un « *lupanar biologique et prêts à tous les échanges, un peu comme dans la cour d'une caserne de pompiers un soir de bal de 14 juillet* ». Donc, si l'on comprend bien cette métaphore hasardeuse, les espèces, qui n'existent pas, ne seraient que des chimères constituées d'une mosaïque de gènes provenant de multiples organismes (n'appartenant donc à aucune espèce) ...

C'est en ce point qu'une vision évolutive manque probablement à Raoult. Car on veut bien admettre que le génome humain est composé « *dans des proportions non négligeables* » de gènes d'origine virale ou bactérienne ou que « *notre génome est constitué de 8% de rétrovirus qui se sont intégrés au fil du temps* », mais cela ne réfute en rien l'existence d'espèces. Car ces gènes, une fois intégrés dans la lignée humaine au cours de millions d'années et en des temps variables, n'ont pas arrêté d'évoluer à leur tour par les mécanismes habituels, laissant ainsi une trace phylogénétique spécifique généralement identifiable. Il n'est pas question de nier le fait que le matériel génétique d'une espèce est capable d'intégrer du matériel venant d'autres espèces, mais l'ampleur de tels

événements et, surtout, le fait qu'ils se produisent également dans un processus évolutif « spécifique », ne conduisent pas à enlever toute signification au concept d'espèce. Les OGM, donnés en exemple par Raoult, sont-ils nécessairement de nouvelles espèces ? L'introduction du seul gène de l'insuline dans le colibacille revient-elle à créer une nouvelle espèce ? Probablement pas. Même si la chose se produisait dans la nature sans intervention humaine, une fois introduit, ce gène humain de l'insuline se mettrait à évoluer pour le seul compte du colibacille, avec mutation, réarrangement et possibles détournements de sa fonction initiale. Il deviendrait une entité « spécifique » du lointain descendant du colibacille manipulé.

Raoult poursuit son raisonnement très loin. Les échanges interspécifiques étant légions, « *tout se mélange* » dit-il, la classification des espèces devient une tâche impossible au point qu'« *il est toujours moins faux de les classer en fonction de ce que l'on voit (voici un homme, une araignée [...]) que de prétendre les classer à partir de seulement quelques gènes* »... L'identification d'une espèce serait-elle plus justifiée « à l'œil » que par la génétique ? Voilà qui étonnera bien des biologistes qui sont parfaitement conscients de la difficulté de définir une espèce, mais savent également combien la seule description morpho-anatomique peut être trompeuse !

« *Deuxième idée fautive : les espèces dérivent les unes des autres* »

Cette deuxième idée fautive prêtée à Darwin découle des considérations précédentes. Raoult donne l'exemple des microorganismes qui cohabitent avec une grande « *promiscuité dans l'eau ou le tube*

digestif : ils passent leur temps à échanger leurs gènes, composant de nouvelles espèces tous les jours». Et, quand par malheur ils ne le font plus, c'est la spéciation, et « l'impasse évolutive ». En fait, Raoult revient sur son idée. Puisque tous les jours il se produit des échanges interspécifiques (ce qui rend d'ailleurs obsolète le concept d'espèce), tous les jours il y a des remaniements qui créent de nouveaux gènes aux fonctions inconnues, c'est donc que le monde vivant ne se contente pas d'évoluer : « *il est en permanence en train de créer des choses totalement nouvelles et de recréer des fonctions disparues* ». Ce constat n'est pas inacceptable, mais n'est-ce pas faire un faux procès à Darwin que de l'accuser d'être dans l'erreur alors que toute son œuvre montre clairement que la création de diversité est le fondement nécessaire de toute évolution ?

Suivant une même logique, Raoult poursuit sa démonstration et affirme l'impossibilité de remonter à un ancêtre commun, sous-entendu ancêtre commun à « toutes » les espèces. Cela le conduit à proposer une critique étonnante de l'arbre darwinien, l'arbre familial des phylogénéticiens. L'auteur reconnaît le bien fondé de « *l'idée de l'arbre* », qui ne serait « *pas mauvaise en soi* », mais il suggère de retourner l'arbre, « *la tête en bas et les pieds en haut* ». Le but de l'auteur, outre l'objectif de confirmer une idée fautive de Darwin, est donc de transformer l'arbre phylogénétique en « *arbre généalogique beaucoup plus conforme à ce que l'on sait maintenant de l'évolution. Nous avons donc des ancêtres divers et non pas un ancêtre commun* ». En fait, Raoult n'a pas totalement tort, et Darwin n'a pas dit autre chose. Inutile donc de l'accabler sur ce

point ! Et inutile de retourner son arbre évolutif en pensant le transformer par magie en arbre généalogique. N'est-ce pas entretenir une confusion entre deux niveaux de relations, celles interspécifiques et celles intra spécifiques ! Car en tant qu'individu nous possédons bien un génome constitué de la contribution d'un grand nombre d'ancêtres (d'ailleurs les contributions de chacun d'eux sont statistiquement égales) ... Mais également, en tant qu'espèce, nous possédons au moins un ancêtre commun avec chaque espèce (un ancêtre entre l'homme et le singe, un autre entre l'homme et le crocodile, un autre entre l'homme et *E. coli*...), donc, finalement un grand nombre « d'ancêtres communs ».

« Troisième idée fautive : certaines espèces sont archaïques »

Cette troisième idée fautive ne reviendrait pas à Darwin, merci pour lui ! Raoult reconnaît que cette idée « *n'est pas la sienne* ». Elle vient d'une mauvaise compréhension de ce qu'est l'évolution. Le singe n'est pas l'ancêtre de l'homme, pas plus que le crocodile ou le nautilus ne sont des espèces archaïques. Dans ce chapitre, Raoult reconnaît étonnamment que « *l'évolution interne des gènes s'effectue en majorité par des accidents de polymérase* ». N'est-ce pas reconnaître que la mutation est l'événement évolutif majeur, plus que la recombinaison ou l'échange de gènes ?

« Quatrième idée fautive : ne se transmettent que les caractères utiles à l'espèce »

Cette quatrième idée fautive, d'après Raoult, est surtout d'avoir pensé que l'évolution par sélection ne pouvait entraîner qu'un « *progrès* », qu'« *une*

amélioration permanente ». Raoult rejette cette idée qui voudrait que seuls les caractères utiles, adaptées, soient transmis aux générations suivantes. Par un cheminement assez obscur, sa critique se fonde sur la notion de « gènes égoïstes », ces gènes qui cherchent « *tranquillement* » à se reproduire et qui sont également assez malins ou suffisamment intelligents pour s'organiser et s'associer entre eux de façon opportuniste, avec la finalité de se « *dupliquer le plus et le mieux possible* ». L'avenir de l'organisme n'intéresse pas ces gènes égoïstes et la mort de l'organisme ne serait qu'un « *dégât collatéral* ». Toutes ces réflexions sont fondées sur les exemples de *Wolbachia* ou des virus. Cette focalisation sur la façon dont les virus ou les bactéries peuvent rentrer dans les génomes et la façon dont les gènes s'échangent « *allègrement en permanence tout autour de la planète* », l'amène à affirmer que la « *transmission verticale de l'information génétique de parent à enfant, et ce à partir d'un ancêtre commun, ne tient plus du tout la route* ». Au point de tenter, au moins sur cette question, une réhabilitation de Lysenko dans la mesure où « *certains gènes peuvent être acquis de manière latérale et ensuite transmis à sa descendance, y compris chez l'homme* ». Malheureusement, aucun exemple n'est proposé.

La deuxième partie du livre laisse tranquille le pauvre Darwin qui a été suffisamment éreinté dans la première partie ! Darwin aurait l'excuse d'être imprégné par les idées et les classifications en cours au XVIII^e et au XIX^e, « *classifications marquées par une structure hiérarchique, verticale et dichotomique* ». Cette deuxième partie parle des épidémies, les gripes, la peste, le sida, le Chikungunya,

l'obésité, certains cancers, chez les animaux et chez l'homme. Elle parle des effets de la mondialisation, et du rôle de la vaccination et des antibiotiques. Cette partie aurait mérité à elle seule de plus amples développements et aurait pu faire l'objet d'un livre passionnant, d'autant que l'auteur est réellement spécialiste, une fois édulcoré des considérations inutilement provocatrices sur un possible passésisme darwinien.

La troisième partie, « *Demain, quelle évolution pour quelles espèces* », propose des réflexions sur la possibilité de prédire l'évolution future. Un mathématicien (anonyme) n'est vraiment pas à la fête ! N'annoncerait-il pas des « *choses dont on peut être certain qu'elles ne se produiront jamais comme il les décrit* » ? Les mathématiciens, ou autres modélisateurs, sont qualifiés tout à la fois de scientifiques et de charlatans, mais « *charlatans par passion pour la science* » ! Les charges restent allusives. Pourtant, il est probable que, comme Raoult, ces mathématiciens seraient prêts à admettre que les « *résultats sont toujours peu ou prou biaisés* » et qu'il n'y a « *pas de résultat neutre* ». En revanche ils ne seront pas nécessairement d'accord sur le fait de privilégier en priorité « la recherche exploratoire ». Raoult pense que, dans le domaine de la génétique, nous vivons une période « *foisonnante d'accumulation de données* » et que ce « *n'est pas encore temps de la synthèse* ». D'accord, mais n'est-ce pas un peu timoré comme attitude ? Après tout, Darwin a bien proposé sa synthèse à une époque où la description de la diversité du vivant était elle aussi « *foisonnante* » !

Les incertitudes sur l'avenir des recherches ne doivent pas empêcher, selon

Raoult, d'agir activement face aux grands défis que la génétique peut relever. Parmi ces défis, figure la thérapie génique, méthode à ses débuts mais « *dont les résultats sont assez prometteurs* ». L'autre défi est celui des OGM. Pour Raoult, ils existent bien « *depuis des siècles en croisant les espèces : maïs, tomates, riz* ». Certes des croisements entre espèces voisines ou entre variétés se sont produits au cours de l'évolution, mais il n'est pas prouvé que de tels croisements se soient produits entre riz et tomates... L'autre exemple proposé par Raoult en faveur des OGM concerne l'hybridation entre plants de vignes français et plants importés d'Amérique résistant au phylloxera qui aurait sauvé une partie des vignobles français. Mais n'est-ce pas confondre hybridation et modification artificielle des génomes ? Alors que l'auteur insiste pour ne pas « *faire de prédictions à la Nostradamus* », il laisse pourtant entrevoir la « *possibilité qu'un jour l'ajout d'un gène de la résistance au phylloxera permettra de retrouver pleinement le goût des vins du XIX* ». En quelque sorte, des solutions génétiques d'avenir pour retrouver le passé...

Raoult se décrit comme un postdarwinien tout comme les Deleuze, Derrida ou Foucault sont décrits comme postmodernistes. Déconstruire pour pouvoir faire émerger des concepts nouveaux, tel est l'objectif ultime de l'auteur, et, en cela, quel scientifique le désapprouverait ? Parmi les concepts qu'il faut pulvériser pour reconstruire du neuf, l'arbre phylogénétique est l'un des premiers visés. En effet, si les échanges de gènes sont le facteur dominant de l'évolution, il est clair qu'il devient difficile de construire un arbre dichotomique

classique. Les arbres de deux gènes d'un même ensemble d'espèces risquent de ne pas être comparables. Vaste problématique que les phylogénéticiens « classiques » tentent de résoudre. L'entreprise de « ringardisation » de la phylogénie classique menée par Raoult l'amène à s'appuyer sur un exemple tiré d'un arbre proposé par Eric Baptiste. Cet arbre est construit à partir des noms de famille en France. Étonnamment, il montre Paris comme la région la plus proche des Alpes-Maritimes. En réalité, le problème n'est pas celui de l'arbre, mais bien celui de données saisies sur Google puis traitées « à la louche ». Le fait d'obtenir des résultats aberrants jette bien davantage le discrédit sur les données que sur la méthode de leur représentation. D'ailleurs, un travail précis d'onomastique montre que les Alpes-Maritimes sont en parfaite proximité géographiques avec la Corse, les Hautes-Alpes, les Alpes-de-Provence, les Bouches-du-Rhône, le Var ! L'exemple de Raoult est particulièrement mal choisi ! Raoult est pour une phylogénie « postmoderne », qui « *remette en cause l'organisation essentiellement verticale de la transmission des caractères* ». C'est pourquoi il délaisse la représentation arborescente qu'il juge obsolète pour une représentation en « *rhizome* », esthétiquement, sinon pédagogiquement, efficace et qui a l'avantage de montrer « la complexité des origines ». En cela il rejoint Deleuze et Guattari qui, bien avant lui, ont construit une part de leur discours philosophique sur cette métaphore du rhizome. L'inconvénient d'une telle comparaison est d'échapper à toute réfutation possible, à moins que quelques mathématiciens, pourtant discrédités par l'auteur, ne s'en mêlent de façon innovante...

Dans ses conclusions, Raoult rend un dernier hommage, peut-être involontaire à Darwin et à son principe de sélection naturelle. Ne dit-il pas, en effet, que « *seul le temps triera ce qui survit et ce qui ne survit pas dans la niche écologique où sont apparus ces organismes* ». Le temps, en l'occurrence, agirait-il seulement « au hasard » ? Ne favoriserait-il pas une certaine adaptation à ces fameuses « niches » ? Darwin n'est pas loin...

On peut regretter que l'auteur ait choisi de s'élever contre « *une espèce de religion darwinienne qui n'est, de [s]on point de vue, qu'un avatar religieux* » en adoptant une posture postdarwinienne aussi systématique et aussi difficilement tenable au regard de faits qui dépassent le monde des micro-organismes. Mais le monde vivant ne se restreint pas à ce monde que maîtrise si bien Raoult. On peut regretter que cette posture, que l'on pourrait qualifier d'audacieusement racoleuse, ne repose en réalité que sur un manque de vision globale des faits évolutifs, sur des généralisations abusives, sur des analogismes spécieux et des facilités

sémantiques. Raoult se sent en parfait accord avec Karl Popper, dit-il, pour dire que « *Darwin est sorti du champ scientifique pour rentrer dans le champ de la religion, par un processus de pensée [...] incontestablement dépassé* » et pour penser que darwinisme et créationnisme, même aussi élaboré que dans sa version de l'« Intelligent design », procède d'une même démarche, loin de la sienne. Il reconnaît pourtant qu'« *au commencement était le code génétique* » paraphrasant l'évangile de Saint-Jean. La génétique, une nouvelle religion ?

En guise de bouquet final, Raoult se lance dans une ode optimiste à la puissance créatrice de nos gènes et à notre savoir-faire pour les transformer « *en manipulant de plus en plus nos propres organismes pour les rendre plus résistants et pour les adapter au monde comme nous avons modifié notre environnement. Nous modifierons aussi les organismes de notre environnement pour pouvoir nous le rendre plus favorable. C'est bien là notre avenir* ».

Faudrait-il vraiment confier notre avenir aux sélectionneurs de gènes ?

Pierre Darlu

Directeur de Recherche émérite - MNHN

Mot de la rédaction :

N'oubliez pas que cette rubrique est faite pour **vous** ! Nous proposons de publier ici vos contributions, sous différentes formes, avec pour seule contrainte qu'elles respectent le but de ce bulletin : faire vivre la systématique. Nous sommes intéressés par de nombreux formats. Il peut ainsi s'agir : d'un résumé d'une recherche récemment publié, d'une critique ou revue d'une conférence, d'un livre ou d'un article, de la parution d'un ouvrage important, d'un essai sur une anecdote ou sur une question en lien avec notre domaine, voir même de la parution d'un travail plus artistique, comme une planche de dessin, etc.

Sentez-vous créatifs et n'hésitez pas à nous envoyer vos contributions, qui sont toujours appréciées, à l'adresse mail suivante :

syst.contact@gmail.com

INFORMATION

E-SYSTEMATICA

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

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

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

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

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

Les objets des définitions de ces articles ne concernent que les concepts de la

systématique (et non pas de descriptions de taxons ou de leur phylogénies).

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

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

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

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

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

Retrouvez e-systematica sur le site : <https://e-systematica.org>



ENTRETIENS DE SYSTÉMATIENS

Dans le cadre de ses missions de valorisation de la systématique et de ses métiers, la Société Française de Systématique souhaite développer un programme de témoignages des acteurs francophones de la systématique. Sous la forme d'entretiens vidéo, des chercheurs sont passés à la question. Ils y sont libres d'aborder leur vision de la systématique, leur rapport vis-à-vis de cette discipline, leurs recherches et missions ou encore leur formation. Nous espérons que ce format offrira un nouveau regard de la systématique dans sa diversité, tant aux membres de la SFS qu'aux amateurs curieux. Vous pouvez d'ores et déjà vous abonner à la chaîne YouTube de la SFS pour ne rien manquer des prochaines sorties :

<https://www.youtube.com/channel/UCQMOFQbZ3DtHYFknVAZXnyg/>

Quatre vidéos formeront le socle d'une première saison que nous diffuseront très bientôt, et dont la date de mise en ligne sera annoncée sur le site et sur Facebook. Les quatre intervenants seront Xavier Aubriot (botaniste, Université Paris-Saclay), Patrick Martin (spécialiste des oligochètes et président de la SFS, Institut royal des Sciences naturelles de Belgique), Sophie Nadot (botaniste et ancienne présidente de la SFS, Université Paris-Saclay) et Valéry Zeitoun (Paléoanthropologue, CNRS). Nous espérons que vous serez nombreux à visionner et à apprécier ce contenu.



Se sont prêtés au jeu, de haut en bas et de gauche à droite : **Sophie Nadot** (Pr. Paris-Saclay) ; **Valéry Zeitoun** (Dir. R. Sorbonne Université) ; **Xavier Aubriot** (MC Paris-Saclay) ; **Patrick Martin** (Institut royal des Sciences naturelles de Belgique)



Introduction aux méthodes comparatives
phylogénétiques

Coordonné par Paul Zaharias & Malcolm T. Sanders



Le 25 octobre 2017, la Société française de systématique a organisé la première conférence française entièrement consacrées aux méthodes comparatives phylogénétiques (ou PCM en anglais). Ce terme désigne habituellement une approche analytique basée sur la comparaison de différents objets biologiques pour lesquels il est indispensable de prendre en compte la non-indépendance des organismes, c'est-à-dire le contexte phylogénétique.

Derrière cette définition large se cachent plus de quarante ans de développement d'une discipline qui a bouleversé les pratiques en biologie de l'évolution. Si la littérature des PCM ne cesse de croître, en particulier depuis les années 2000, ces méthodes peuvent parfois paraître

BIOSYSTEMA

BIOSYSTEMA 31 : LE DERNIER NÉ !

obscurées aux non-spécialistes du domaine. Cette incompréhension peut être expliquée en partie par le fait que le langage même des PCM – issu principalement des statistiques – constitue un obstacle pour beaucoup de biologistes. Ce numéro de *Biosystema* fait le point sur ces méthodes.

Table des matières :

- Avant-propos, par Paul Zaharias et Malcolm T. Sanders (7)
- De la méthode comparative à la méthode comparative évolutive, par Serge Morand (9)
- Introduction générale aux méthodes comparatives évolutives, par Yves Desdevises (23)
- Introduction pratique aux modèles linéaires phylogénétiques, par Lucas J. Legendre (43)
- Signal phylogénétique, par Jorge Cubo (59)
- Diversification, innovation clé et caractères d'intérêt : l'exemple du rôle de l'eusocialité sur la diversification des termites (Insectes : Dictyoptères), par Frédéric Legendre et Fabien L. Condamine (69)
- APE, logiciel pour la phylogénétique et l'évolution : passé, présent et avenir, par Emmanuel Paradis (85)

Prix livre papier : **20 €** ;

Prix eBook PDF : **12.99 €**

AUX ÉDITIONS MATÉRIOLOGIQUES

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

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

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

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

Sept *Biosystema* sont actuellement disponibles (attention, format papier sur demande) :

Biosystema, n°7 (1987, réédition 2019) « Systématique et biogéographie historique. Textes historiques et

méthodologiques ». 20 € papier (12,99 € eBook pdf)

Biosystema n°31 (2018) « Introduction aux méthodes comparatives phylogénétiques »

Sous la direction de Paul Zaharias & Malcolm T. Sanders. 20 € papier (12,99 € eBook pdf)

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

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

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

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

Biosystema n°27 (2010, réédition 2014) « Systématique et comportement »

Sous la direction de Pierre Deleporte & Philippe Grandcolas. 18 € papier (11,99 € eBook pdf)

Biosystema n°24 (2005, réédition 2014) « Philosophie de la systématique »

Sous la direction de Pierre Deleporte & Guillaume Lecointre. 21 € papier (12,99 € eBook pdf)

Biosystema, n°1 (1987, réédition 2013) « Introduction à la systématique zoologique ». 16 € papier (9,99 € eBook pdf)

Site : www.materiologiques.com



COTISATION

Nous vous remercions de bien vouloir vous acquitter de votre cotisation 2020.

Pour l'année 2020, le montant de la cotisation s'élève à **20 €** payables par **chèque bancaire** ou **virement** à l'ordre de la Société Française de Systématique

CHEQUES

Le document ci-dessous pourra nous être retourné avec votre chèque, ou transmis comme bon de commande aux services financiers de l'organisme prenant en charge votre cotisation. Nous vous rappelons que, pour faciliter le suivi de la trésorerie, votre chèque doit être envoyé à notre trésorerie et non directement aux chèques postaux.

Nous avons le regret d'informer nos collègues non français que, compte tenu du montant prohibitif des prélèvements effectués au titre des frais de virements internationaux, nous sommes contraints de refuser certaines modalités de paiement, notamment les formules « Eurochèques ». Nous les prions de bien vouloir s'informer du montant des taxes en vigueur avant d'effectuer leur virement et de bien vouloir majorer leur paiement du montant de la taxe.

RENOUVELLEMENT DE COTISATION - ANNÉE 2020

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

TOTAL €

Nom Prénom Ville.....

Adresse complète (seulement en cas de changement à porter au fichier) :

.....
.....
.....

Prière d'adresser votre règlement accompagné du présent document (complété par le nom du sociétaire concerné par ce règlement) à :

☒ Société française de Systématique, Véronique Barriel, Case Postale 38, 57 rue Cuvier,
75231 Paris Cedex 05

(CCP 7-367-80 D PARIS)

VIREMENTS

Coordonnées bancaires :

Établissement : 20041 **Guichet :** 00001

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

IBAN : FR61 2004 1000 0107 3678 0D02 028

BIC : PSSTFRPPPAR

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

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

ISSN 1240-3253

