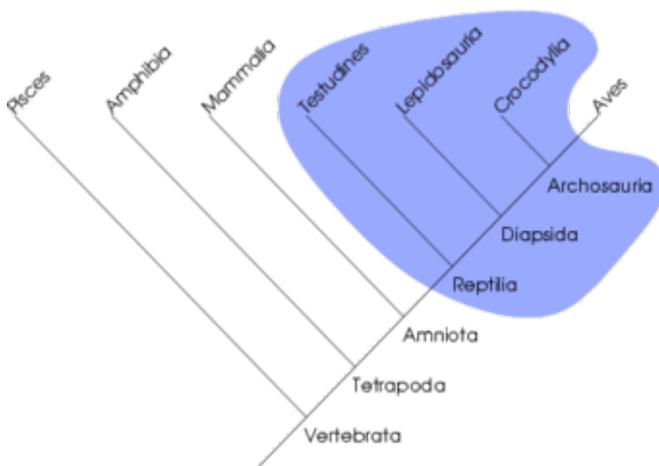


Jessica COLOMINA - Paraphylie Monophylie : Réalité biologique des taxons
- mars 2008

Paraphylie, monophylie : réalité biologique des taxons

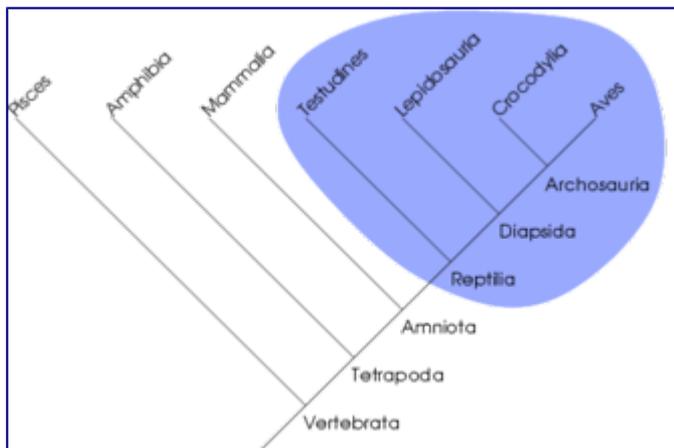
Définition :

En systématique, un taxon est dit **paraphylétique** quand il regroupe une espèce ancestrale et une partie seulement de ses descendants, et **monophylétique** s'il regroupe l'ensemble de ses descendants.



Le groupe **paraphylétique** des reptiles seuls apparaît en bleu.

Le **groupe des dicotylédones** (ancienne acception du terme) forment un groupe **paraphylétique** constitué d'une part des dicotylédones « anciennes » et des "vraies" Dicots, (qu'on appelle "eudicots"), groupe monophylétique d'apparition plus récente...



Le regroupement des reptiles et des oiseaux est considéré comme **monophylétique**.

Le **groupe des monocotylédones** est considéré comme **monophylétique**

(source : Wikipédia)

Message initial

Christophe GIROD, le 30/01/2008

Après pas mal d'articles consultés traitant du sujet de l'acceptabilité de la paraphylie dans les classifications, je me pose quelques questions.

La principale argumentation développée est que la classification cladistique ne tient pas compte des processus évolutifs (fragmentations de populations, évolution réticulée...). C'est exact mais ça fait longtemps que le problème est connu. Or de nombreux auteurs récents (HORANDL, GRANT, BRUMMIT, ZANDER) s'appuient sur ces problèmes pour argumenter en faveur de la défense des taxons paraphylétiques : puisque la classification phylogénétique ne tient pas compte d'un processus évolutif, la paraphylie observée peut en réalité refléter un de ces processus évolutifs. GRANT prend ainsi l'exemple du Genre *Arbutus* paraphylétique par rapport à d'autres genres et argumente sur le fait qu'une section du genre aurait donné naissance à ces ségrégas. De même HORANDL défend le maintien des genres *Ceratocephala* et *Myosurus* (qui génétiquement sont des *Ranunculus*) en invoquant une évolution plus importante (branches très longues) qui justifierai un statu générique à part.

Ces arguments me font faire deux réflexions :

- d'une part, ils mettent en opposition (notamment chez GRANT et BRUMMIT) une classification morphologique (improprement appelée taxonomie par ces auteurs) et une classification moléculaire. A mon sens, les caractères moléculaires présente l'avantage d'être moins soumise à convergence que les caractères morphologiques. Il ne me servent à rien pour définir mes espèces (je ne veux pas développer ici le problème du barcoding, qui est encore un sujet à part) mais sont utiles pour classier au plus près des relations "vraies" (mutations neutres). Le problème ensuite est dans le choix du gène marqueur mais là encore c'est un domaine d'étude qui est déjà développé.
- d'autre part (et c'est le coeur de ma question) ils semblent donner une réalité biologique a des taxons qui n'en ont jamais eu. Il me semblait une évidence, que les taxons supraspécifiques n'ont pas de réalité biologique mais représentent un assemblage artificiel de taxons présentant certaines ressemblances (morphologiques ou moléculaires). Si je suis a peu près d'accord pour dire que les problèmes d'évolution réticulée et autres processus évolutifs rendent difficile la délimitation des espèces (sauf lorsqu'on n'observe pas de différences moléculaires entre elles), je ne suis pas du tout en accord avec l'extrapolation faite au niveau du genre ou de l'espèce.

Qu'en pensez-vous ?

Réponses à la question

« ROZO »

Il me semble un peu stérile de s'escrimer sur des points de vue de classification et je serais plutôt partisan de suivre la cladistique au moins au niveau supragénérique. Je ne vois aucun argument permettant de dire que cette classification entrerait en contradiction avec l'évolution et surtout aucune raison d'accepter les groupes parphylétiques en tant que tel bien qu'on puisse les utiliser pour des raisons descriptives. En fait, un groupe paraphylétique (d'ordre 1) désigne un taxon moins un infrataxon donc il sont définis même cladistiquement.

Au contraire la cladistique permet une grande souplesse puisqu'on peut définir un taxon " maison " pour chaque clade et en l'occurrence il est possible de désigner telle " longue branche ". Concernant les réticulations, celle-ci n'existant que pour des organismes suffisamment proches pour produire une descendance, elles " s'effacent " à l'échelle de l'arbre. Concernant la fragmentation de population en "plusieurs" poches, il y a mathématiquement peu de chance pour que celle-ci se produise simultanément, les " méta " populations se séparant les unes après les autres au gré de l'histoire, au pire on tombe sur une indétermination.

En fait il paraît logique de baser une classification sur un concept relativement simple robuste comme la phylogénie ; tandis que les processus d'évolutions sont nombreux complexes englobent plusieurs niveaux d'action ...

On pourrait discuter de savoir si tout taxon est une réalité biologique au moins historique ! Mais dans une démarche cladistique il n'y a pas de rang à privilégier car tous sont conventionnel (par ex: on peut se battre longtemps pour argumenter si tel taxon doit être considéré comme de niveau spécifique ou infraspécifique mais ces choix n'ont qu'un intérêt limité lié plutôt à des problèmes de communication et de cohérence relative). C'est le concept de Judd : les rangs sont arbitraires.

D'une certaine manière les seules réalités biologiques " actuelles " sont les populations et les individus mais elles ne forment pas un taxon, entité abstraite qui sont fondées sur un représentant ou un ensemble de caractères.

En somme, il me semble qu'il faut bien séparer la classification et son système abstrait, des processus biologiques et donc que ces derniers ne peuvent servir d'argument sans être d'une telle relativité qu'on en finirait jamais.

Pour poser le problème d'une manière imagée, si l'on regarde un arbre phylogénétique où les branches représentent des lignés, on peut imaginer qu'en regardant un noeud à la loupe on y voit des populations et même des individus aux quels cas on y verrait un enchevêtrement réticulé de croisement.

Maintenant, s'il apparaît une variation mutation au sein d'un individu qui va se répandre au bout d'une génération à l'ensemble d'une population, jusqu'à donner une nouvelle espèce - ce qui veut dire qu'une barrière reproductive était déjà là (allopatrie) où est apparue concomitamment (sympatrie) - alors on peut très bien arguer que le groupe espèce mère et nouvelle espèce filles (population variées + population invariée) ne sont pas monophylétique puisqu'il faudrait choisir un ancêtre individu pour la population atteinte par la mutation et non pas l'espèce mère.

Mais à bien y regarder, on peut voir que cet argument est factice car il suffit de dire : remontons à l'individu variant "père" de l'espèce mère (sensé donc appartenir à l'espèce grand mère). Comme si les espèces ne naissaient en franchissant une ligne de départ au même instant mais " en coin " enchâssé temporellement dans une autre espèce.

Je ne sais pas si c'est très clair mais en fait, qu'est-ce que cela change ? D'autant plus que d'une certaine façon on peut considérer qu'il existe une dérive génomique permanente par conséquent même si une espèce fille se sera différenciée plus rapidement que l'autre restée presque identique à l'espèce mère il n'en reste pas moins que chacune continuera sa dérive (d'où peut être la présence récurrente de groupe frère "ancestral" dans l'arbre).

Le concept de monophylie s'applique au plan taxonomique à une échelle globale et abstraite. Il n'en reste pas que moins cette représentation apparaît très efficace. Ce qui n'empêche pas de prendre une loupe si on veut faire de la biologie évolutive. Mais il est vrai que l'on peut se poser la question de savoir s'il possible de détecter des fait de biologiques de détail à travers l'arbre, son architecture et surtout ses incertitudes.

Philippe JULVE le 31/01/2008

Il est vrai que pour la plupart des auteurs actuels un taxon représente un concept abstrait "moyen" dégagé des observations faites sur des populations d'individus. Mais, "autrefois", un taxon a parfois été créé sur la description d'un seul individu, appelé type. Une troisième définition regarde un taxon comme l'ensemble complet de tous les individus lui appartenant. Il devient alors un objet global mais réel (c'était une idée Du Rietz, rapportée par François Gillet).

Sur un autre plan je ne suis pas d'accord avec Christophe. Tous les taxons ont une réalité biologique, même les supraspécifiques, puisque les taxons supérieurs traduisent une proximité génétique, voire une filiation commune. On peut envisager que ce qui est aujourd'hui appelé genre, fut au tertiaire une simple espèce, par exemple.

Quant au rôle de l'évolution réticulée dans la classification phylogénétique cladistique, ben c'est aux cladisticiens de nous dire si l'évolution des molécules peut être réversible. Ça serait le pied...

Christophe GIROD, le 31/01/2008

Il n'empêche que dans les 3 cas, le taxon est un objet abstrait : comment définir les individus lui appartenant (à quel niveau on met la frontière ?). De même le taxon créé sur la description d'un seul individu ne représente concrètement que le seul type. Le rattachement au même taxon des autres individus dépend du niveau où l'on fixe la limite.

Il aurait fallu que je définisse mieux réalité biologique. Pour moi, un taxon a une réalité biologique s'il est l'objet des processus évolutifs. Un genre n'est pas soumis à des processus évolutifs, ce sont les espèces (au sens de Mayr) et au sein de ces espèces les populations et les individus qui y sont soumis. Je ne vois pas comment une espèce peut se transformer en genre ? Si des évènements de spéciation ont eu lieu et que de nouvelles espèces se sont formées, elles seront classées au sein du même genre que l'espèce " ancestrale ", non ?

L'évolution réticulée désigne l'hybridation comme processus d'évolution. La réversibilité des mutations est tout à fait possible (A-->B-->A). Cela fait partie des limites envisageables (risque de

non détection d'évènements mutationnels) mais les cladisticiens sont bien au courant et la probabilité d'un tel évènement est rare ($10e-8$, si on prend un taux de mutation de $10e-4$). Comme de plus les bases qui mutent sont aléatoires, cette réversibilité n'est pas le truc le plus problématique !

Daniel CHICOUÈNE, le 31/01/2008

Et la réalité morphologique des taxons ?

Je trouve d'après le peu que je connais de la littérature récente (revue Taxon surtout), que les modèles (je parle bien au pluriel) architecturaux globaux des appareils végétatifs valables pour tous les rangs de taxons dans les Cormophytes ne sont guère pris en compte ; alors que la bibliographie sur le sujet commence vers 1800 : elle est souvent oubliée.

Et à l'intérieur des Angiospermes, il y a aussi les architectures comparées d'inflorescences qui sont largement négligées actuellement.

À mon avis, tant qu'on ne pratique pas systématiquement des descriptions de morphologie comparée historiques (= compilations bibliographiques) des caractères entre taxons voisins de chaque rang, les débats et publications de classification et systématique seront stériles.

Philippe JULVE le 02/02/2008

- 1er point

Dans la définition de Du Rietz, l'espèce EST l'ensemble des individus (sous entendu que l'on connait) appartenant au taxon donné. C'est donc bien un objet réel (un ensemble d'individus). Pour l'histoire du type, si tu prends 60 photos de toi, ce sera 60 représentations d'un objet réel : toi. A l'inverse un type désigne un objet réel, auquel on peut rattacher d'autres objets réels (parts d'herbiers) lui ressemblant, sans nécessité de créer un concept moyen abstrait.

- 2e point

Si ! Un genre est soumis à des processus évolutifs. Comme toutes les entités biologiques d'ailleurs. La famille des Rosacées du tertiaire n'est pas forcément exactement pareil que la famille des Rosacées d'aujourd'hui. Comme le genre résulte de la totalité des espèces le constituant et que le nombre de ces espèces, leur variété peut augmenter dans le temps, la définition même du genre évolue, donc le genre évolue. De plus il faut remarquer que nous avons affaire à des taxons (évolutifs), c'est nous qui décidons d'attribuer à certains un rang spécial (genre, famille ou autre). Tout taxon a une réalité biologique : l'ensemble des fleurs de couleur rose bonbon a une réalité, puisque constitué d'individus réels de plantes aux fleurs rose bonbon. Si une espèce diverge évolutivement suffisamment de ce que l'on accepte comme intégré à une notion de genre, alors elle va créer un genre nouveau.

- 3e point

Je me demande bien comment on peut calculer la probabilité d'un évènement invisible ...

Daniel CHICOUÈNE, le 03/02/2008

- La première phrase, c'est pour tourner en rond. La question est de savoir comment on conçoit les limites entre les taxons, espèces ?
- Les taxons sont des représentations de la réalité, entre autre en fonction de l'échantillonnage réalisé (et de la bibliographie si on se donne la peine de la prendre en compte).
- Le " type " en botanique, cela peut signifier un type nomenclatural : c'est généralement un vieux morceau de plante, à un stade quelconque, et souvent plus ou moins dévoré par des animaux d'herbiers.

On peut le rattacher mais pas forcément à l'espèce, car des fois, le type nomenclatural n'est pas inclut dans la conception de la description du taxon portant ce nom pour des outils de déterminations les plus récents.

- En botanique, il existe des nothotaxons intergénériques (ex. Festulpia, Festulolium, Tricale).
- Le taxon, de part la diagnose et les outils de détermination, est une entité généralement d'abord morphologique.

Benoit BOCK, le 03/02/2008

Oui, effectivement, la façon dont tu le dis me fait sourire. On pourrait tout de même moderniser les types aujourd'hui : des photos de diverses parties, des graines, un scan de plante fraîche, voir même un séquençage d'ADN devraient accompagner l'échantillon biologique et tous les nouveaux types devraient être disponibles sur le Réseau, sur un site spécifique. Nous sommes au 21ème siècle tout de même.

Auteurs

Synthèse des messages réalisée par **Jessica COLOMINA**, le 20 mars 2008. Ont participé à la discussion :

- Christophe GIROD
- « ROZO »
- Philippe JULVE
- Daniel CHICOUÈNE
- Benoit BOCK

Synthèse réalisée à partir d'échanges ayant eu lieu sur tela-botanicae, forum des botanistes francophones, entre les 25 et 31 janvier 2008.