

Principe de classification : la théorie combinatoire

Préliminaire

L'objectif d'une classification est d'arranger systématiquement les individus en sous-ensembles issus de l'ensemble des êtres vivants en fonction de caractères précis et sans être, en principe, guidé par une théorie. La classification est organisée par des règles qui sont bien souvent des conventions applicables dans tous les cas. En d'autres termes, elle ne doit pas être la démonstration d'une quelconque théorie alors que la théorie doit s'appuyer sur la classification. Ainsi, le but n'est pas de faire correspondre la classification à une théorie mais simplement d'ordonner le plus logiquement possible les divers sous-ensembles ; par logiquement, j'entends la création de sous-ensembles hiérarchisés et définis par l'expression de caractères, eux-mêmes orientés des plus généraux vers les plus particuliers, d'où la terminologie de "*spécifiques*". Pour ce faire, la définition des caractères et leur choix sera de première importance.

Ce n'est qu'au prix d'une telle normalisation qu'il sera possible de tendre vers une classification objective, non empreinte de la subjectivité des théories et des hypothèses sans cesse remaniées. Il est anormal que les définitions et les remaniements ne soient que les reflets d'interprétations individuelles. On constate alors qu'une portion de la Classification déjà élaborée avec plus ou moins de subjectivité se voit souvent modifiée en fonction de considérations diverses toutes aussi subjectives. Tout au long des décennies, nombreuses sont les révisions d'un genre ou d'une famille parce que tel ou tel pense différemment que ses prédécesseurs et remanie la nomenclature à son goût. C'est totalement inacceptable. Un centre mondial de taxinomie, de nomenclature et de taxilogie, centralisateur des données, devrait être le seul capable de nommer et de classer (au sens premier du terme) les populations afin d'éviter les abus. Rappelons ici que la **taxinomie** est la science qui élabore les lois pour la classification, que la **nomenclature** traite et gère les noms donnés aux êtres vivants alors que la **taxilogie** s'occupe de leur classification (*Nomenclature et taxinomie tome 1, Daniel Pajaud 1989*).

Sans cela, ces modifications seront par nature contestables (puisqu'elles sont subjectives) et

donc contestées en toute logique, les arguments des uns et des autres ne faisant jamais défaut. Il est de plus anormal que ne soit pas élaborée une base commune entre la zoologie et la botanique car aujourd'hui, il n'est pas toujours possible d'effectuer un parallèle entre les divers rangs taxinomiques. Comment la paléontologie peut-elle attribuer des noms de genres et d'espèces avec la même précision que ceux donnés aux êtres vivants pour lesquels on possède une foule de données ? Combien d'espèces actuelles, animales ou végétales se ressemblent sur bien des points mesurables, et ne sont pas même classées dans le même genre ? Pourtant on est prétendument capable de nommer précisément un fragment d'os !

Est-on certain qu'un taxon, défini par le terme de genre et d'espèce est comparable à un autre d'un rang *a priori* identique ? Par exemple l'espèce "*chien*" est-elle définie de la même manière que l'espèce "*tomate*", puisque toutes les deux sont qualifiées du titre "*d'espèce*" ? N'existe-t-il pas alors un grand nombre de genres et de familles monospécifiques face à des genres riches en espèces à cause d'une simple erreur de définition ?

En fait, le problème essentiel de la taxilogie contemporaine est de vouloir remplacer la typologie morphologique en une taxilogie phylétique qui puisse "*coller*" parfaitement à la théorie du transformisme. C'est alors compter sans la multitude d'interprétations possibles, corrélées à la subjectivité de chaque chercheur. Rares sont les classifications phylétiques capables de faire l'unanimité à tous les niveaux de l'arbre présumé. Classe-t-on dans un magasin des pièces industrielles en fonction de la genèse de leur fabrication ou dans un supermarché les aliments en fonction de leur composition chimique ? Non bien-sûr car cela serait un vrai casse-tête pour le magasinier qui devrait connaître les procédés de fabrication ou la ménagère, la chimie. N'oublie-t-on pas alors que **la classification est un outil de rangement** et pas une science même dite naturelle ?

La classification morphologique n'est guère sujette à une grande interprétation puisque tous les caractères décrits (y compris les caractères écologiques, biologiques ou

éthologiques) sont vérifiables à n'importe quel moment car ce sont des **faits**. Du reste, on a trop tendance à donner plus d'importance aux interprétations qu'aux faits. Au départ la phylogenèse utilise des caractères morphologiques que, malheureusement pour la classification, elle s'empresse d'orienter dans le temps, donnée variable qui est hélas totalement supposée. Elle ne devrait donc pas être la base de la classification car elle véhicule, par définition, des critères trop liés aux diverses spéculations possibles. C'est alors la porte ouverte à un flot d'interprétations qui bouleversent sans cesse l'ordre précédemment établi au point de provoquer le contraire du résultat attendu, c'est à dire le désordre.

Je citerais simplement les périodiques et interminables mises à jour des Flores pourtant très bien connues comme celles de nos pays, uniquement par l'astuce des changements de nom. Certes, cette règle inscrite au code international de botanique et qui donne priorité au nom et à l'auteur qui l'a décrit le premier manifestait le souci de rendre justice au premier descripteur. Mais en ce début de siècle, comment se fait-il que soient encore modifiées des appellations vieilles de plus d'un siècle ? Ne fallait-il pas appliquer la règle rétroactivement dès sa création avant que ne s'installe l'habitude de la terminologie ?

Je ne prendrais qu'un seul exemple, celui de la **renoncule des bois** décrite par De Candolle en 1817 sous le nom de *Ranunculus nemorosus* et connue sous ce nom jusqu'à nos jours ; elle est récemment devenue *Ranunculus tuberosus* parce qu'un "rat de muséum" s'est aperçu que la description de Picot de Lapeyrouse avait été faite quatre ans auparavant. Ainsi donc, l'espèce, renoncule des bois, vient de disparaître mais on a gagné la renoncule tubéreuse ! Pires sont les noms qui véhiculent les erreurs de leurs descripteurs comme par exemple Linné qui nomma le premier, *Phlomis italica*, une espèce endémique des îles Baléares, l'appellation postérieure de Chochat (*P. balearica*), fût jugée erronée bien que plus explicite ; même constatation avec un chêne, *Quercus canariensis* étranger à cet archipel.

Nombreuses sont les familles sans cesse remaniées, d'une part à cause des problèmes de méthodologie et de définitions taxinomiques et d'autre part à cause de la phylogenèse grande consommatrice de suppositions puisque les fossiles sont nécessairement très rares et que la variable temporelle vient polluer. A cela vient s'ajouter un nombre croissant de

populations élevées au rang d'espèces alors que bien souvent, une étude approfondie les relèguerait à celui de sous-espèces, voire même de formes. Il semblerait qu'historiquement ce soit la définition de l'espèce proposée par A.L. de Jussieu comme étant "*la réunion des individus semblables dans toutes leurs parties*" qui soit à l'origine de cet état. Si cette définition avait le mérite de s'approcher de la réalité intuitive que prône le bon sens, elle a hélas ouvert la porte à des descriptions strictes et souvent décuplées par les possibilités technologiques dans lesquelles un grand nombre de botanistes n'ont pas hésité à s'engouffrer.

Dans certaines familles, ce pointillisme a réduit la variabilité génétique d'une espèce à sa plus simple expression. Il est clair également qu'il favorise le scénario-catastrophe du nombre d'espèces qui semblent disparaître. Faisons le parallèle avec la gentie ailée pour laquelle les ornithologues recensaient quelques 18.000 espèces au début du XX^e siècle. Aujourd'hui, il en reste à peine environ 9.000 et encore on doit pouvoir mieux faire ! Si l'on excepte les quelques dizaines qui ont réellement disparues ou sont en passe de l'être, les 9.000 taxons manquants sont devenus des sous-espèces. Ouf ! Chez les plantes nous pouvons examiner l'exemple de la famille des Cactaceae qui est montée en puissance à partir des années 20 avec Britton et Rose pour aboutir dans les années 60 à une pléthore de genres et d'espèces avec Backeberg qui référençait 233 genres avec pas moins de 3600 espèces environ. Or dans les années 90 une révision consensuelle de la taxilogie de cette famille retient 101 genres pour 1208 espèces bien définies et 33 genres pour 1300 espèces au statut laissé provisoirement en l'état ce qui nous amène à 134 genres pour 2508 espèces soit quand même 1100 espèces de moins en à peine 40 ans, preuve d'un réel excès !

Abordons alors ce modeste essai, qui comme tout essai est probablement critiquable, abordons-le comme le point de départ d'une nouvelle procédure de classification qui utilise les moyens de son temps et notamment l'informatique, justement en tant que traitement d'une colossale information. Il est sans doute temps de dresser des listes de référence précises et indiscutables, à la fois grâce à une procédure de classification et à la centralisation des données, en laissant de côté la relation "ancêtre-descendant" qui n'a vraiment rien à voir avec du **rangement** même si elle semble intéressante et incontournable pour certains.

1. Théorie sur la classification

Lorsque l'on envisage la classification (ou le classement) d'un ensemble d'entités individuelles (des objets, des êtres vivants et même des choses totalement abstraites), le point de départ est de toute évidence sur quelle "**entrée**" ou "**critère**" va-t-on baser notre classification ?

Prenons l'exemple d'un ensemble d'objets entièrement disparates.



Il existe de nombreuses "**entrées**" concernant leur classification comme :

- classer selon leurs formes
- classer selon leurs matières
- classer selon leurs usages
- classer selon leurs lieux d'utilisation
- classer selon leurs dates d'achat
- classer selon les fabricants etc.

Pour chaque option il sera possible de trouver des variantes ou de hiérarchiser les choix : "*je vais classer par lieux d'utilisation, en fonction de leur usage puis selon leur forme*"

Autre exemple : dans une pharmacie, je peux classer des médicaments

- par laboratoire
- par ordre alphabétique
- par affections traitées
- par dates de péremption
- par modes d'administration (injection, comprimé, buvable)
- par matière active etc.

Dès que j'ai choisi la première "entrée" de classification, tous les articles doivent être arrangés selon ce choix. Je ne peux pas classer une partie sur une "entrée" et l'autre partie sur une autre "entrée" sans fausser l'homogénéité du classement. Mais dans tous les cas, le classement doit me permettre de retrouver rapidement l'objet recherché et donc les caractéristiques cumulées des emboîtements successifs. En quoi le vivant échapperait-il à cette règle élémentaire ?

Ainsi, je peux classer les plantes selon :

- l'organisation florale

- la morphologie végétative
- leur biotope
- leur génome
- leurs interactions, etc.

Mais pour rester homogène et cohérent, je me dois d'utiliser le même critère (la même "entrée") pour définir des rangs analogues. Autrement dit, je ne peux pas utiliser le critère d'organisation florale pour définir une famille ou un genre et utiliser les critères de morphologie végétale ou la phylogénèse pour définir une autre famille ou un autre genre. Je donnerais alors une même appellation (famille ou genre) à deux ensembles définis par des critères différents. Ce serait comparer le sport du début du XX^e siècle avec celui du XXI^e siècle : trop de paramètres ont changé. La classification n'étant que l'arrangement des individus (ou des objets) en vue de mieux connaître notre environnement et donc de mieux l'appréhender, quelque soit "l'entrée" choisie, elle ne doit pas déformer la vision générale de l'ensemble.

Depuis Tournefort, les plantes sont prioritairement classées selon l'organisation florale, les caractères végétatifs n'intervenant qu'occasionnellement. Pourquoi la fleur ? Le choix est à mon sens très judicieux car quoi de plus important pour la conservation d'une espèce (végétale ou animale) que son mode de reproduction ? C'est certainement ce qui doit être le moins variable afin d'assurer la cohésion de l'espèce en permettant les accouplements. Précédemment, Caesalpino, un botaniste italien s'orientait vers le fruit et la graine mais si ces parties sont également très importantes dans la pérennisation de l'espèce, elles restent hiérarchiquement le produit de la fécondation donc le l'organisation florale. Or aujourd'hui, on souhaite notamment, (tout en gardant la classifica-

tion de base), lui injecter ici un peu de phylogénèse ou ailleurs un peu de nombre chromosomique, l'idée étant de s'approcher d'une classification plus synthétique qui reflèterait la théorie transformiste. C'est tout simplement impossible sans conduire à l'atomisation des divers rangs taxinomiques. Ce ne sera plus 300 familles de plantes que l'on va créer mais presque autant que de genres ! Pourquoi ? Parce qu'on trouvera toujours une foule de caractères qui donneront l'apparence d'un lien de parenté avec des ensembles sans cesse plus nombreux. Tel caractère rapprochera le groupe étudié de tel autre mais aussi de tel

autre par un autre caractère. Est-il possible de ranger physiquement une boîte d'aspirine à la fois dans l'armoire réservée au laboratoire-fabricant (un choix de classement) et dans l'armoire qui classe les médicaments selon les matières actives ? Le tableau ci-après confirme bien que depuis un siècle le principal souci n'a pas été le classement au sens strict du mot mais bien la recherche d'une corrélation entre la théorie transformiste et la classification. Pour ma part c'est une grossière erreur qui n'aboutira jamais à une classification stable : les taxons sont connus et bien décrits et pourtant leur classification change perpétuellement !

Evolution du nombre d'ordres et de familles de plantes depuis un siècle

Auteurs de Classification	Nb d'ordres	Nb de sous-ordres	Nb de familles
Bentham et Hooker 1862-1883	42	0	196
Dalla Torre et Harms 1900-1907	45	81	276
Melchior 1964	60	73	343
Thorne 1983	53	73	351
Chronquist 1981-1987	83	0	383
Young 1982	96	0	386
Dahlgren 1983-1985	108	0	469
Takhtajan 1987	167	26	533
Takhtajan 1991	232	0	589

Le nombre de sous-ordres est mentionné dans le tableau car bien souvent il s'agit d'un rang artificiel : si on compare les 45 ordres de Dalla Torre aux 167 initiaux de Takhtajan on peut trouver un écart important mais si on y ajoute les 81 sous-ordres alors la comparaison est envisageable. En un siècle le nombre de familles est passé de 196 à 589 soit une progression de 300%. Les vingt dernières années montrent au niveau des Ordres, une définition de 83 pour Chronquist contre 232 pour Takhtajan et au niveau des Familles, une définition de 351 pour Thorne et de 589 pour Takhtajan. Soit un rapport respectivement de 279 % et de 168 %. Si l'on continue cette progression, dans vingt ans on risque de se retrouver avec quelque chose comme 950 familles soit plus que toutes les sous-familles actuelles ! Avec le même support (les espèces de plantes), cinq taxinomistes (taxilogistes devrait-on dire) proposent cinq classifications différentes pourtant toutes basées sur la phylogénèse ce qui prouve bien la subjectivité de la méthode et donc le remaniement inéluctable.

Autres types d'exemples à partir de ces cinq systèmes de classification phylogénétique. En principe tous les systèmes devraient

être quasiment identiques et pourtant, en travaillant sur la sous-classe des Magnoliidae (ou le super-ordre selon le rang attribué par les auteurs), on constate que seulement 14 ordres sur 24 et que 28 familles sur 43 font l'unanimité dans cet ensemble soit respectivement 58,33% et 65,12%. Ces chiffres ne reflètent pas non plus le fait que bien entendu de nombreuses familles ne sont pas classées dans les mêmes ordres ni même certains ordres dans la même sous-classe comme par exemple les Rafflesiaceae classés dans les Magnoliidae pour trois auteurs et dans les Rosidae pour les deux autres. Enfin je n'ai pas non plus inclus ici le travail de Stebbins (1974), une autre classification phylogénétique, qui ne trouve pas non plus les mêmes résultats que les autres et inclus un autre ordre (Sarraceniales) et une autre famille (Nepenthaceae) dans les Magnoliidae. Autant d'auteurs autant de classifications, autant de remaniements futurs.

Le choix d'une classification phylétique va sans cesse bouleverser les rangs actuels et obliger à de nombreux changements de noms d'autant plus que cette méthode sera toujours soumise à l'incertitude. En effet, son caractère, obligatoirement du domaine des

hypothèses, n'aura pas l'objectivité de la seule observation. En quoi va-t-elle apporter un avantage à la classification puisque des doutes persisteront toujours ? La porte aux "je pense", "on suppose", et autres "il semble que", chers à la paléontologie, science à fort pourcentage d'interprétations en tous genres, sera désormais grande ouverte. Il est curieux de remarquer que les termes de "tribu" et surtout de "famille" forcent une certaine notion de filiation que l'on ne retrouve pas dans les autres termes de la classification. A tous les niveaux de la démonstration théorique de la spéciation, depuis la génétique formelle où beaucoup de questions restent en suspend en ce qui concerne la structure et surtout le fonctionnement des génomes, jusqu'aux interprétations phylogénétiques et paléontologiques, on ne fait qu'empiler des suppositions et des hypothèses qui ne seront pratiquement jamais démontrées. On contribue ainsi à façonner une multitude de chemins interprétatifs qui sont alors très loin du chemin idéal qui ne comporterait aucune supposition et qu'on appellerait la **vérité**.

Prenons alors pour exemples de récentes modifications de la classification dues à une analyse phylétique et extraites de l'ouvrage **Botanique systématique** de Judd, Campbell, Kellogg et Stevens.

La famille des **Scrophulariaceae** est totalement dissoute. Seuls les genres *Manulea*, *Scrophularia* et *Verbascum* y demeurent et on y inclut le genre *Selago* avec semble-t-il toute l'actuelle famille des Globulariaceae. Tous les genres hémiparasites tels que *Pedicularis*, *Rhinanthus* ou *Euphrasia* sont inclus dans la famille des Orobanchaceae alors que tous les autres sont versés dans la famille des Plantaginaceae. La majorité des arguments sont principalement d'ordre moléculaire avec quelques suppositions peu scientifiques : "*la corolle à quatre lobes de Plantago est probablement dérivée d'une corolle pentamère primitive par fusion des deux lobes supérieurs comme on le rencontre par ailleurs chez des espèces de Veronica*". Pourtant la clé de détermination utilisée dans cette étude est basée sur des caractères morphologiques simples qui nécessitent trois assertions au lieu d'une pour définir les Plantaginaceae.

Les familles des Aceraceae (les érables) ou des Hippocastanaceae (les marronniers) sont incluses dans celles des Sapindaceae, les Sterculiaceae et les Bombacaceae quant à elles sont incluses dans les Malvaceae. Par contre on a extrait les genres *Celtis* et *Trema* des Ulmaceae pour leur donner une famille à part, les Celtidaceae.

Dans un autre ouvrage "*Classification phylogénétique du vivant*", en outre excellente synthèse des critères de classification, les auteurs, G. Lecointre et H. Le Guyader, mentionnent que les Gnétophytes (*Ephedra* et *Welwitschia*) sont très proches des Angiospermes selon les critères de la phylogénèse alors que les phylogénies moléculaires les placent plutôt dans le groupe des Conifères et des Cycas, position traditionnelle.

Comme on le voit le problème de la classification ne fait que se compliquer puisque les caractères moléculaires ou supposés orientés dans le temps prennent l'ascendant sur l'observation. Je ne dis pas que certains rapprochements ne sont pas éventuellement justifiés mais qu'une telle classification perdra de son efficacité car elle s'éloigne de son but primitif : ranger pour que tout le monde puisse s'y retrouver seul.

"L'absence d'un mécanisme "à piston" chez les *Menyanthaceae* **est généralement considéré comme une réversion de l'évolution.**"

On peut lire cette courte phrase dans "Botanique systématique" dans lequel on définit l'ordre des Asterales notamment par ce caractère fondamental dans la distribution du pollen alors que les *Menyanthaceae*, qui partagent la majorité des autres caractères ne possèdent pas celui-ci. La phylogénèse s'en sort alors par une pirouette gratuite et totalement subjective. Je n'ai pas la même conception de la Science !

Il est impossible de décrire les sous-ensembles compris entre la famille et la classe sans une liste impressionnante d'exceptions aux critères censés définir l'ensemble en lieu et place d'une définition simple, nette et précise dans le genre de celle qui définit les Monocotylédones et les Dicotylédones. En fait il ne peut pas en être autrement parce qu'on est en présence d'une combinatoire des caractères de base des ensembles (notamment les familles) qu'on cherche à faire rentrer dans le moule supposé ancestral. Pour illustrer ce propos voici la définition des caractères de la sous-classe des Caryophyllidae selon Takhtajan :

"Herbacés ou sous-arbrisseaux, rarement buissons ou arbres, parfois plantes succulentes. Vaisseaux avec perforations simples et avec amas dans les tubes criblés de type P pour l'ordre des Caryophyllales ou type S pour les autres ordres. Feuilles simples principalement entières parfois avec stipules ; stomates paracytiques, anomocytiques ou diacytiques. Fleurs bisexuelles ou unisexuelles à arrangement verticillé. Pollen à 3 cellules (rarement 2), tricolpé ou de types dérivés. Gynoecium syncarpe

ou apocarpe chez la famille des *Phytolacaceae* et chez le genre *Gisekia*. Graines avec périsperme mais pas d'endosperme sauf chez les *Plumbaginaceae* et les *Polygonaceae*."

Sachant qu'il n'y que deux possibilités pour les dépôts dans les tubes criblés (P ou S) ou pour le fait que les carpelles soient unis (syncarpe) ou libres (apocarpe), ou que les fleurs soient bisexuelles ou unisexuelles, qu'on note la présence ou non de stipules ou enfin qu'il puisse y avoir des feuilles qui ne soient pas entières, qu'elles diffèrent caractéristiques propose-t-on alors de ce taxon pour le différencier d'un autre de même rang qui finalement aura aussi des tubes criblés avec amas de type P ou S, des carpelles unis ou libres, des fleurs bisexuelles ou unisexuelles etc... ? Ces ensembles deviennent des fourre-tout destinés à rassembler des familles voire des genres pour lesquels on crée une famille spéciale que l'on suppose avoir des ancêtres communs avec le reste de l'ensemble. Ce ne sont que des accumulations de caractères que l'on s'autorise à orienter dans le temps parce qu'on a décidé que tel caractère est ancestral et l'autre non. Bref la Classification ne s'en trouve pas plus claire et encore moins plus stable. Formons d'abord des ensembles homogènes pour tous les rangs (bien que finalement les plus importants soient la famille, l'espèce et peut-être le genre) et que chacun spéculé à sa guise sur le cortège de filiations sans toucher aux tiroirs de la classification. En quoi est-ce dérangeant si on adopte une classification qui n'est pas phylogénétique ? L'autre solution de lecture du monde vivant ne serait-il pas dans une analyse combinatoire de tous les taxons ?

A nouveau dans l'ouvrage "*Classification phylogénétique du vivant*", les auteurs ne manquent pas de souligner que la phylogenèse sera nécessairement source de modifications constantes tout simplement pour tenter de refléter l'histoire présumée des êtres vivants :

"Une telle synthèse court le risque d'une obsolescence rapide. Mais il faut perdre le réflexe de penser que les classifications sont immuables. Nous sommes de ceux qui considèrent que la classification naturelle doit refléter le plus fidèlement possible le cours de l'histoire des êtres. Or les phylogénies sont susceptibles d'évoluer car elles sont ouvertes à la réfutation. Elles peuvent changer de deux façons : soit des multifurcations deviennent résolues, soit des branches de l'arbre changent de place. Dans tous les cas, le savoir s'en trouve accru."

Mais pourquoi cela ? Qu'est ce qui

nous oblige à créer des classifications changeantes ? Pourquoi qualifier de classification naturelle la seule phylogenèse et ainsi sous-entendre que les autres ne le seraient pas ? N'est-ce pas alors la porte ouverte à une sorte d'inquisition scientifique au dépend de ceux qui pensent le contraire puisqu'il n'existe aucun débat contradictoire ? "*La majorité pense ça alors c'est qu'elle a raison.*" Cette mise en cause de la classification phylogénétique n'est pas nouvelle et ne cesse de faire couler beaucoup d'encre. *David Hull* formule dans "**L'ordre et la diversité du vivant**" une série d'interrogations et de remarques très pertinentes :

"Si la seule donnée dont dispose habituellement le systématicien réside dans les caractères et si tout le monde commence toujours par eux, ne ferait-on pas mieux de s'en contenter, du moins en ce qui concerne la classification, plutôt que de se livrer à une spéculation stérile à propos de la phylogénie et de la transmission des gènes". (p. 171).

"Les hypothèses émises sur la transmission des gènes et sur l'ascendance commune peuvent renfermer bien des erreurs. Ni l'une ni l'autre ne peut-être observée de façon directe. On doit au contraire les inférer à partir de théories plus ou moins sophistiquées mais douteuses. Et si ces théories sont erronées, les classifications qui en découlent le seront également. Pour écarter ce genre d'erreurs, on doit donc épurer les données épistémologiques de toutes considérations théoriques. Si les plantes et les animaux sont classifiés selon l'hypothèse de leur évolution, toute erreur dans la compréhension du processus évolutif se répercute sur la classification. ... En se fondant sur des observations qui seraient libres de toutes théories, les scientifiques peuvent se prémunir contre les erreurs que des croyances théoriques ne manquent pas d'introduire. **La seule source d'erreur serait alors de type observationnel.** Or même s'il n'a pas été procédé à aucune étude comparative, ayant pour objet d'un côté les erreurs de type observationnel et de l'autre côté celles de type inductif, les scientifiques semblent beaucoup plus préoccupés par les secondes, qui résultent de croyances mal fondées, que par les premières." (p 188).

Prenons alors deux exemples tirés du monde des oiseaux, ces derniers étant sans doute beaucoup plus parlant pour le grand public car tout le monde visualise facilement les grands groupes de la gante ailée. La classification phylogénétique (et je rappelle que nous traitons de classification c'est à dire d'un système d'arrangement d'une collection d'objet et dans ce cas des êtres vivants), la classifi-

cation phylogénétique dis-je, arrive à des regroupements pour le moins inattendus et qui heurtent le bon sens naturel de l'appréhension que se font les êtres humains du vivant.

Premier exemple : les Colombiformes

L'ordre des Colombiformes qui rassemble gangas, pigeons et colombes est classé dans le même paquet que les ordres entiers des Gruiformes (grues) et des Charadriiformes (mouettes et goélands) ainsi qu'avec la famille des Ardéidés (hérons). Cette dernière étant totalement désolidarisée de l'ordre des Ciconiiformes (Cigognes) que pourtant le bon sens nous montre comme étant morphologiquement et éthologiquement plus proches. Certes, il existe un certain rapprochement entre les Colombiformes et les Charadriiformes mais certainement pas plus avec les hérons ou les grues qu'avec les canards ! Du reste l'ancienne classification les rapprochait davantage des Galliformes (faisans, cailles et perdrix) en prenant comme exemple l'analogie de certaines colombes terrestres avec les cailles du Nouveau Monde (les colins), ayant des comportements similaires dans un biotope quasi identique, l'apogée étant un pigeon qui ressemble à s'y méprendre à un faisan !

Deuxième exemple : les condors

Mais les spéculations ne s'arrêtent pas là, les condors sont carrément classés dans l'ordre des Ciconiiformes et non plus dans celui des Falconiformes (rapaces diurnes). Même si on trouve des similitudes entre les condors et les marabouts, il semble quand même de bon ton de rapprocher sur beaucoup de points les vautours du Nouveau Monde à l'ensemble des rapaces diurnes plutôt que de les intégrer aux cigognes, marabouts et autres flamants roses. D'un côté on éloigne les hérons de ce groupe et de l'autre on y ajoute des vautours : où cette théorie nous amènera-t-elle au niveau de la classification d'ici à seulement dix ans ? Heureusement que la majorité des ornithologues restent fidèles à une classification sans doute plus traditionnelle mais où il est quand même plus facile de s'y retrouver et surtout de ne pas y perdre son latin. Les arguments avancés pour ce cas est que certains fossiles semblent intermédiaires entre les marabouts et les vautours en ce qu'ils possèdent de longues pattes et un bec de rapace. Alors, oubliera-t-on toujours que le fossile est un fait mais que le lien qui en est déduit ne reste qu'une hypothèse ? Le serpenteaire, autre rapace des savanes africaines, est quand même plus proche morphologiquement et comportementalement des grues et des marabouts alors que sans hésitation il est classé dans le même ordre que tous les autres

rapaces. Sous le prétexte que certains spéculateurs scientifiques voient que tous les fossiles sont forcément des maillons manquant ils finissent par ne plus discerner le but essentiel de la classification comme nous ne cessons de le dire. Si on extrapole de tels raisonnements il faudrait classer tous les oiseaux dans la Classe des reptiles puisqu'ils sont prétendument descendants des dinosaures. En guise de conclusion sur ce sujet, une dernière remarque : la phylogénèse aviaire isole dichotomiquement trois groupes : d'un côté l'ensemble des oiseaux dits "coureurs" (autruche, émeu, nandou, casoar et tinamou), les Ansériformes (oies et canards) et les Galliformes dont nous avons parlé plus haut, tout cela représentant alors 476 espèces. Puis d'un autre côté tout le reste des oiseaux, représentant vingt ordres ou familles et environ 9000 espèces toutes issues du même nœud, du même ancêtre commun qui s'est très rapidement diversifié pendant que les autres ne changeaient pas ! Il est normal de trouver des formes intermédiaires entre chaque groupe puis entre chaque espèce puisque il s'agit d'une combinatoire mais il n'empêche que les vautours du Nouveau-monde sont aujourd'hui des rapaces et le resteront et qu'ils ne sont en rien des marabouts. La classification des êtres vivants, comme son nom l'indique, ne peut servir qu'à classer des êtres vivants. Classons les fossiles avec les fossiles et selon les critères de description des fossiles qui sont loin d'être ceux utilisés pour le vivant car un fossile n'est que l'empreinte morte d'un fragment d'être ayant vécu dans un temps que l'on est même pas capable de réellement mesurer.

Dans la phylogénèse, on construit tous les arbres généalogiques possibles pour ne retenir que le plus simple car selon G. Lecointre et H. Le Guyader, "*le plus économique en hypothèses de transformations. Mais rien ne prouve qu'avec un autre jeu de données cet arbre soit obligatoirement retrouvé. En rajoutant d'autres caractères et/ou d'autres espèces, il peut donc se voir confirmer ou infirmer, totalement ou partiellement. C'est en cela qu'un arbre phylogénétique peut être considéré comme une proposition ouverte et surtout lié à une procédure transparente. Ce n'est qu'après beaucoup de résultats concordants que l'on conclura à la fiabilité de l'arbre proposé.*"

On notera que quelque soit l'approche, la classification réclame une procédure "transparente". Je crois donc que la classification doit être fixée selon une méthodologie **simple** répondant à une procédure **précise** dans la détermination des caractères, quitte à employer

les divisions dichotomiques trouvées obsolètes aujourd'hui alors qu'extrêmement efficaces en matière de description et donc d'appréhension du réel. Les caractères doivent restés du domaine de l'observable et non pas de l'interprétation. Si la taxilogie doit utiliser le microscope et *a fortiori* l'analyse moléculaire ARN-ADN pour nommer et classer un taxon, alors son utilisation sera impossible à l'homme de terrain et au commun des mortels ; même les espèces dites jumelles ont forcément des différences observables puisqu'elles n'ont pas le même génome. Sans cela la taxilogie retournera dans des laboratoires sectaires et restera du domaine de certains initiés : elle aura perdu sa vocation.

La phylogénèse et la taxilogie sont deux branches distinctes de la systématique, la première restant du domaine de l'hypothèse pour laisser à la seconde la place de la fiabilité. La phylogénèse est une méthode de classification au même titre que d'autres mais elle ne peut pas devenir la référence taxinomique puisqu'elle n'est pas fixe et donc fiable. Rappelons que les noms latins (*genre + espèce*) sont basés sur des descriptions et qu'une classification phylogénétique a de fortes chances de ne plus pouvoir utiliser ce système car l'éclatement des taxons à chaque rang est inévitable, un même genre pourra par exemple être réparti dans deux familles différentes. Il va donc falloir aussi modifier les noms ou leur attribuer une codification qui contribuera à compliquer le système quitte à en faire une chasse gardée pour une certaine élite.

Dans l'ouvrage "**Botanique systématique** (p. 17)" les auteurs américains (Judd, Campbell, Kellogg, Stevens) reconnaissent que le résultat final de la phylogénèse reste une hypothèse qui n'est pas nécessairement le reflet de la réalité et qui donc sera forcément modifiée. A quoi cela peut-il alors servir ?

*"Personne n'était là pour observer l'évolution des plantes (ni aucune autre d'ailleurs). Nous pouvons cependant faire une conjoncture raisonnée et certaines hypothèses semblent avoir plus de chance d'être correctes que d'autres. ... L'application de ce principe de simplicité ou de parcimonie, nous conduit à donner la préférence au réseau le plus court. **Ce n'est pas parce qu'il est le plus court qu'il est correct**, mais c'est l'explication la plus simple des données."*

A-t-on le droit de baser une classification sur des hypothèses ? Pourquoi les caractères observés et donc objectifs doivent-ils être orientés dans le temps et introduire une dose

de subjectivité sinon pour satisfaire le besoin de créditer des arguments transformistes ? En fonction des choix lors de la construction des arbres, l'analyse phylogénétique peut même aboutir à des résultats totalement contradictoires alors que l'analyse combinatoire ne modifie pas les relations entre chaque groupe en fonction de l'ordre choisi dans les caractères. La répartition des gènes et de chaque allèle est par définition combinatoire alors pourquoi l'arrangement des taxons ne le serait-il pas ? Rien ne prouve que la répartition des gènes dans les populations est la conséquence d'une relation présumée parent-descendant : ce n'est rien qu'une extrapolation de l'observation sur le thème de la spéciation que nous abordons plus loin et qui n'a aucun fondement scientifique autre que celui que nous décrivons.

Les derniers travaux en date sont très révélateurs des modifications profondes que cette méthode amène. Dans l'article de Jacques Mugnier, "*La nouvelle classification des plantes à fleurs*" extrait d'un ouvrage collectif intitulé "**De la graine à la plante**" on peut lire :

"Les botanistes avaient coutume de diviser l'ensemble des plantes à fleurs (les Angiospermes) en deux grandes classes, selon le nombre de feuilles primordiales (les cotylédons) contenus dans l'embryon : les monocotylédones (Liliopsida) comportent un cotylédon et les dicotylédones (Magnoliopsida) en ont deux. Or la phylogénie moléculaire remet en question cette division, au profit d'une autre, fondée sur le nombre de pores du grain de pollen : d'anciennes dicots sont regroupées avec les monocots parmi les plantes dont le pollen comporte un pore (monoaperturé), tandis que les autres dicotylédones, dites vraies dicotylédones ou eudicotylédones (ce qui en est la traduction grecque plus scientifique - commentaire ajouté), constituent un groupe de plante dont le pollen comporte trois pores (triaperturés).

Autre surprise : le lotus, que l'on croyait de la famille du nénuphar, s'apparente au platane. On a aussi découvert que les brassicacées (la famille de la moutarde) et les caricacées (la famille de la papaille) sont apparentées, bien que de morphologie différentes ; ce rapprochement souligne l'intérêt des caractéristiques chimiques, car les deux familles produisent des composés sulfurés volatils appelés essence de moutarde."

Si on examine et que l'on commente le texte ci-dessus dans l'ordre d'apparition des assertions on peut en conclure que premièrement la classification va désormais être bâtie

autour de la structure du grain de pollen et que deuxièmement les composés chimiques vont devenir prioritaires pour l'ensemble de la classification. Dans le premier point on abandonne la ségrégation des deux classes établies sur un caractère morphologique observable par qui-conque au profit d'un autre caractère observable uniquement au laboratoire et qui va conduire à d'autres classes différentes. En quoi la phylogénèse moléculaire apporte-t-elle un progrès ? On a simplement changé de caractère morphologique comme on pourrait aussi bien en utiliser un autre, c'est le problème de la hiérarchie du choix. Parce qu'on a déjà orienté les êtres vivants (et ici les familles de plantes) dans une logique d'ancêtres-descendants, on a du même coup orienté les caractères de chaque ensemble créant par là un deuxième raisonnement circulaire (le premier étant celui de la datation des fossiles par la roche et de la roche par le fossile). Pour simplifier, sont considérés comme anciens, les grains de pollen dont l'ouverture se fait par un seul sillon ou un seul pore (monosulqués ou monoporés), ou ceux qui n'ont pas d'ouverture et sont considérés comme récents les grains de pollen avec trois ou plusieurs ouvertures en sillon (trisulqués ou triporés). Les pollens monosulqués sont anciens parce qu'ils sont l'apanage des plantes supposées primitives que sont les Magnoliaceae et alliés. Donc comme beaucoup de Monocotylédones ont des pollens de ce type, elles sont obligatoirement proches du groupe des Magnolidae.

Pourtant il est impossible de bâtir une dichotomie sur ce caractère car il existe des tas d'exception puisque, dans une même famille, on trouve des taxons qui ne correspondent pas à cette définition (Araceae, Alismataceae, Cyperaceae, Dioscoreaceae ou Bromeliaceae par exemple). Comment un caractère qui est censé définir les rangs supérieurs de la classification (ici sous-classes ou super-ordres) n'est même pas un caractère homogène au sein de la famille (voir le chapitre 3 pour les définitions et la procédure) ? De même à propos des perforations dans les vaisseaux où les scalariformes sont supposées ancestrales par rapport aux simples trous. Dans ce cas, pourquoi trouve-t-on toujours des perforations scalariformes parmi les groupes les plus "évolués" comme les Asteridae ? En principe, dès qu'un groupe taxinomique adopte un caractère selon les règles phylogénétiques, quel raisonnement nous permet de dire qu'il revient en arrière ? Comment récupère-t-il les gènes correspondants ?

Mais le meilleur concerne la parenté

par les molécules : au mépris de tous les caractères communs déjà observés, morphologiques, écologiques ou autres, on va reclasser chaque groupe, voire chaque taxon sur la présence ou non de certains composés chimiques. On va reclasser à partir d'autres caractères qui ne donneront pas cet "*air de famille*" intuitif qu'apporte le morphologique, et tout cela, sans tenir compte des autres caractères. On ferait quand même bien de prendre en compte tous les caractères communs avant de chercher les différences. N'est-on pas en train de revenir au temps où la classification en était à ses balbutiements ? Chacun classait selon des critères très personnels ce qui conduisaient à des ensembles hétérogènes comme par exemple celui des plantes succulentes où certaines euphorbes et les cactus étaient classés ensembles, où celui des rapaces diurnes et nocturnes qui ne faisaient qu'une seule famille. Mais ne voit-on pas que l'on est simplement **en présence de diverses combinaisons de caractères qui ne dérivent pas l'un de l'autre** ? Va-t-on alors devoir classer le lotus (*Nelumbo nucifera*), une sorte de nénuphar, avec les Platanaceae qui sont des arbres ? Selon ce procédé on peut alors classer le genre *Acacia* avec le genre *Aillum* sous prétexte que les racines des acacias produisent la même molécule responsable de l'odeur d'ail ou encore toutes les espèces qui sentent la citronnelle sans tenir compte des autres caractères comme *Thymus citriodora*, *Eucalyptus citriodora*, *Cymbopogon citratus*, etc ou qui sentent le poivre avec *Piper*, *Schinus* et *Zanthoxylum* ?

On l'aura compris, la voie qui consiste à établir une classification basée sur la relation présumée ancêtre-descendant en extrayant les seuls critères chimiques ou génétiques (présence ou non d'un gène habilement choisi) va conduire à des aberrations qui n'amélioreront pas du tout la compréhension générale du monde végétal. La classification ne doit pas être le terrain des investigations de chercheurs en mal de découvertes, elle doit classer efficacement et durablement ! Il n'est pas nécessaire de pousser les analyses moléculaires pour être convaincu que le gorille et le chimpanzé sont des primates de la famille des Pongidés : c'est bon, ils sont classés ! Ce qui est observable n'est-il pas une projection suffisante du patrimoine génétique ou n'est-ce plus assez scientifique ? Selon ce procédé, tout sera à nouveau chamboulé quand on découvrira, dans le futur, de nouvelles techniques d'investigations et le problème sera le même : **la classification changera.**