

Discours inaugural

ÉVOLUTION DE L'ENSEIGNEMENT DE LA ZOOLOGIE À L'UNIVERSITÉ DURANT LES DERNIÈRES DÉCENNIES

par

Pierre de PUYTORAC ¹

Vous excuserez le vieil homme que je suis de revenir un peu sur le passé pour présenter les grands traits de l'évolution de l'enseignement de la zoologie à l'université au cours de ces quelque soixante dernières années.

Quand j'étais étudiant à l'université de Bordeaux, l'enseignement du certificat de zoologie se limitait à l'exposé de la classification des animaux fondée sur leur morphologie et sur leur anatomie et illustrée par la pratique des dissections, seul objet des travaux pratiques. Elle était présentée, à l'image du « système » de Linné, comme un pur inventaire d'entités hiérarchisées. Alors que les premiers zoologistes de l'ère préchrétienne (Aristote, Galien) étaient des anatomistes comparatistes, prenant le corps humain comme référence pour décrire l'anatomie des animaux, aucune allusion n'était faite à l'anatomie comparée, pas plus qu'à la physiologie comparée, à l'écologie ou à l'éthologie. Bien que dès 1874 Ernst HAECKEL eût proposé, sous le nom « arbre généalogique de l'homme », une phylogénie du règne animal construite d'après les données de l'anatomie et de l'embryologie comparées, la question des liens de parenté entre les différents groupes n'était pas abordée et, bien sûr, il n'y avait aucune tentative de présentation du règne animal comme déploiement d'un arbre généalogique. Malgré l'existence à Paris d'une chaire d'*évolution des êtres organisés*, occupée par P.P. GRASSÉ, qui traitait des arguments en faveur du transformisme et des lois de l'évolution, aucune allusion n'était faite aux théories de l'évolution, alors que la controverse entre lamarckiens et darwiniens était vive, particulièrement en France. Les caractéristiques des espèces et des groupes, décrites avec un luxe de détails, n'étaient nullement présentées comme le résultat actuel d'une longue histoire. Les unicellulaires étaient totalement passés sous silence, de même que les formes fossiles, traitées à part dans la

1. Les Amandiers, bâtiment B, 2, impasse Poncillon, 63000 Clermont-Ferrand.

Bulletin de la Société zoologique de France 135 (1-2)

section paléontologie du certificat de géologie. Pourtant, le programme complet était étalé sur quatre ans ! L'enseignement que j'ai personnellement reçu, deux années durant, a porté d'abord sur les coelentérés et mollusques, puis sur les arthropodes. Comme tous les groupes devaient être connus pour l'examen et en l'absence de photocopies, le livre de zoologie de Rémy Perrier était d'un grand secours ! Ce type d'enseignement me paraît avoir été alors commun dans nos universités. J'ai moi-même créé la surprise quand j'ai introduit aux travaux pratiques de zoologie du concours d'agrégation de sciences naturelles l'histologie et la génétique, et aux leçons d'oral l'écologie.

Dans les années 1960-1970, enseignant moi-même la classification zoologique, il m'a fallu tenir compte de l'existence nouvelle de trois écoles : systématique cladistique, dite aussi phylogénétique (HENNIG, 1950, 1966), taxonomie numérique, dite aussi phénétique (SOKAL & SNEATH, 1963 ; SNEATH & SOKAL, 1973), et systématique évolutive (MAYR, LINSLEY & USINGER, 1953 ; MAYR, 1969 ; SIMPSON, 1961).

La classification cladistique est fondée exclusivement sur la proximité phylétique, dont la simple ressemblance n'est pas un indice satisfaisant, car elle ne peut être inférée que du partage de caractères dérivés (ou apomorphes) et non de celui de caractères primitifs (ou plésiomorphes). Ainsi AX (1996) déduit-il la proximité entre les spongiaires (Porifera) et les autres métazoaires (Epitheliozoa, subdivisés en Placozoa et Eumetazoa) sur les « synapomorphies » suivantes : état multicellulaire avec cellules somatiques diploïdes, méiose gamétique, production de quatre spermatozoïdes à partir d'un spermatocyte mais d'un seul gamète femelle fonctionnel à partir d'un ovocyte, particularités structurales des spermatozoïdes, modalités de la fécondation, présence d'une matrice extramembranaire, connexions intermembranaires, développement comportant un stade blastula, différenciation des cellules somatiques. N'ont de valeur en taxonomie cladistique que les groupes monophylétiques, c'est-à-dire (conformément à une définition très stricte de la monophylie) constitués chacun d'une forme ancestrale et de la totalité de ses descendants. La méthodologie cladistique a pour objectif d'obtenir des classifications dont les représentations graphiques sous forme de diagrammes en forme d'arbres, dits cladogrammes, expriment exactement la phylogénèse.

La taxonomie numérique est au contraire fondée sur les ressemblances entre unités taxonomiques de base prises deux à deux, quantifiées à l'aide d'indices de similitude. L'emploi d'un algorithme approprié permet d'obtenir à partir de la matrice de similitudes une classification hiérarchique souvent figurée par un diagramme en forme d'arbre, dit phénogramme, qui en général ne traduit pas la phylogénèse, même si l'on peut espérer qu'il s'en approche dans certaines situations.

La systématique évolutive cherche quant à elle à construire des arbres rendant compte à la fois des liens de parenté (information cladistique) et des degrés de ressemblance (information phénétique). En conséquence, un taxon doit regrouper des formes toutes issues d'un même ancêtre, sans nécessairement inclure la totalité de sa descendance, car une fraction de celle-ci peut être isolée dans un autre taxon si elle se singularise par le franchissement d'un pas évolutif important. En d'autres termes, un taxon peut être soit un clade, constitué d'un ancêtre et de tous ses descendants (par exemple les oiseaux), soit un grade, c'est-à-dire un ensemble d'organismes restés à un même stade d'une tendance évolutive (par exemple les poissons).

Aujourd'hui, la zoologie

Toute classification se heurte à des difficultés. Il faut en effet distinguer les caractères *homologues*, dérivant d'un même caractère ancestral, des caractères *analogues* qui, bien que semblables, ne présentent pas une telle relation. Cela implique d'identifier les phénomènes de *convergence* (apparitions indépendantes du même caractère dans deux lignées évolutives phylogénétiquement éloignées), de *parallélisme* (apparitions indépendantes du même caractère dans deux lignées phylogénétiquement très proches), de *réversion* (retour d'un état évolué à un état ancestral). Cela conduit aussi à poser la question de la *polarité des caractères* (de deux caractères, peut-on considérer que l'un est ancestral et l'autre dérivé ou que tous deux dérivent d'un même caractère ancestral qu'il faut alors identifier ?). Les progrès de la biologie moléculaire ont offert aux systématiciens de nouveaux caractères – les séquences des ADN constitutifs des gènes – qui augmentent considérablement la puissance des méthodes de reconstitution phylogénétique tout en apportant de nouveaux pièges : les duplications font apparaître chez un même organisme des gènes homologues dont chacun est à l'origine dans les générations ultérieures d'une lignée génique. Il faut donc savoir dans ces générations distinguer les gènes d'une même lignée ou *orthologues* de ceux qui appartiennent à des lignées différentes ou *paralogues*, car seule la comparaison des orthologues fournit des informations directes sur la parenté des organismes.

*

L'utilisation de données nouvelles et les développements de la méthodologie cladistique ont imposé une remise en cause des hypothèses antérieures sur la phylogénie des animaux (LECOINTRE & LE GUYADER, 2001 ; DAWKINS, 2004). Il en est résulté des propositions quelque peu divergentes. Ainsi, selon DUNN *et al.* (2008) et HEJNOL *et al.* (2009), les cténaires auraient divergé des autres métazoaires bien avant les spongiaires, alors que ceux-ci, selon ADOUTTE *et al.* (1996) seraient le groupe-frère, secondairement simplifié, de l'ensemble champignons + métazoaires ; enfin, d'autres travaux sont en faveur de la monophylie de l'ensemble cnidaires + cténaires, resuscitant ainsi l'ancien embranchement des cœlentérés (PHILIPPE *et al.*, 2009).

L'analyse comparative, du point de vue des structures et de l'activité des gènes, des caractères morpho-anatomiques des triploblastiques (ou bilateria) et des modalités de leur mise en place au cours de l'ontogenèse montre que chez les annélides, les arthropodes et les cordés, la segmentation est déterminée par les mêmes catégories de gènes homologues s'exprimant selon des patrons comparables et mettant en jeu des voies de signalisation similaires, ce qui suggère que tous les bilateria dériveraient d'un même ancêtre, « Urbilateria », segmenté et que les états « cœlomate » et « acœlomate » seraient respectivement primitif et dérivé (CORNEC & GILLES, 2006). Les données moléculaires modernes maintiennent, au sein des bilateria, la séparation traditionnelle basée sur l'embryologie entre protostomiens (dont le blastopore devient la bouche, l'anus apparaissant plus tard) et deutérostomiens (dont le blastopore devient l'anus). En revanche, chez les protostomiens, les mollusques sont maintenant rapprochés des annélides, jusqu'alors considérés comme plus proches des arthropodes en raison de la segmentation du corps, (malgré la larve trochophore qu'ils partagent avec les mollusques). Les travaux d'AGUINALDO *et al.* (1997) ont conduit à réunir les arthropodes, avec les onychophores et les tardigrades, aux nématodes et aux priapulidés dans le superphylum des ecdysozoaires, caractérisé par la croissance par mues. Le superphylum des trocholophorates

Bulletin de la Société zoologique de France 135 (1-2)

rassemble quant à lui non seulement mollusques et annélides, mais aussi németes, phoronodiens, brachiopodes et bryozoaires, ainsi que les plathelminthes, excepté les acèles qui appartiendraient à un autre superphylum, extérieur même aux protostomiens (HEJNOL *et al.*, 2009). Au sein des arthropodes, la proche parenté antérieurement admise entre insectes et myriapodes est remise en cause : les données moléculaires sont en faveur d'un rapprochement entre insectes et crustacés, de même que, mais de façon moins convaincante, entre chélicérates et myriapodes (BUDD & TELFORD, 2009).

GEOFFROY SAINT-HILAIRE (1822) avait avancé que le plan d'organisation d'un vertébré (à système nerveux dorsal) était homologue à celui, retourné, d'un arthropode (à système nerveux ventral). Cette idée, selon laquelle les cordés auraient eu un ancêtre bilatérien à système nerveux condensé sur la face ventrale et qui aurait vécu sur le dos, a pris corps. Les récents travaux de l'équipe de Detlev ARENDT à l'*European molecular biology laboratory* d'Heidelberg apportent une contribution à cette hypothèse. Ils montrent en effet que l'ébauche de la chaîne ganglionnaire de l'annélide *Platynereis dumerilii* (un épaississement ectodermique ventral de la trochophore) et l'ébauche neurale dorsale des vertébrés (lorsque le tube neural est encore étalé) sont subdivisées en colonnes longitudinales selon un même profil d'expression des gènes des familles à homéobox *nk* et *pax*, et qu'en outre des protéines morphogènes homologues de la famille *Bmp*, exprimées ventralement chez les vertébrés, s'expriment dorsalement chez *Platynereis* (DENES *et al.*, 2007). Ces similitudes sont bien en faveur de l'inversion de l'axe dorso-ventral chez un ancêtre des cordés.

Parmi les cordés, la proche parenté entre vertébrés et céphalocordés n'est plus admise : ce sont les urocordés qui, depuis le séquençage du génome de l'amphioxus, sont considérés comme groupe-frère des vertébrés. Ceci pose un problème car on sait par ailleurs que l'acquisition du plan d'organisation « cordé » met en jeu l'activité d'un « organisateur » chez les vertébrés et les céphalocordés, alors que les urocordés (bien que leur développement ne soit pas strictement déterminatif comme on avait pu le croire, mettant en jeu maints phénomènes d'induction à courte distance) ne possèdent aucune structure présentant les caractéristiques fonctionnelles d'un organisateur, que ce soit du point de vue des propriétés inductrices elles-mêmes ou de celui des patrons d'expressions géniques (par exemple Chordin, ADMP, Nodal, Lefty, Goosecoid ou Linn 1/5). Alors, qu'est-ce qui a permis aux ascidies de garder le plan « cordé » (voir pour une revue LEMAIRE, 2009) ? De même, qu'est-ce qui a provoqué l'inversion de l'axe dorsoventral ?

Alors que d'après les données de l'anatomie comparée et de la paléontologie, les myxines ont été considérées comme le groupe-frère de tous les autres vertébrés, les données moléculaires sont en faveur de leur réunion avec les lamproies en un même clade (HEIMBERG *et al.*, 2010). Alors qu'on ne connaissait pas de vertébré fossile antérieur à l'agnathe *Jamoytius* daté du milieu du Silurien et que *Pikaia*, du Cambrien, était le plus ancien cordé connu, la découverte en Chine des agnathes *Mylokunmingia* (XIANG-GUANG *et al.*, 2002) et *Haikouichthys* (SHU *et al.*, 2003) montre l'existence de vertébrés dès le cambrien inférieur, antérieurs même à *Pikaia*. Rappelons que les conodontes ne sont plus rapprochés des mollusques ou des vers, mais inclus dans les vertébrés, et considérés soit comme des agnathes, soit comme des gnathostomes basaux (DONOGHUE *et al.*, 2000). Les données des études moléculaires, de l'anatomie

Aujourd'hui, la zoologie

comparative et de la paléontologie concordent pour reconnaître que tétrapodes, dipneustes et cœlacanthes appartiennent à un même clade au sein duquel les dipneustes sont les plus proches parents des tétrapodes (KUPRIYANOVA, 2009).

La découverte de fossiles en Chine confirme que les oiseaux sont plus proches des dinosaures de type *Tyrannosaurus* (saurischiens théropodes) que de ceux de type *Iguanodon* (ornithischiens). Les plumes modernes sont apparues bien avant que n'apparaissent les oiseaux et le vol, de même que le membre chirodien est apparu chez des poissons avant la marche sur terre (PADIAN & de RICQLES, 2009). Parmi les espèces découvertes récemment, *Epidexipteryx*, vieux de 125 à 165 millions d'années, est un dinosaure bipède de la taille d'un pigeon, au corps partiellement couvert de plumes, avec quatre longues plumes de queue (ZHANG F. *et al.*, 2008).

Quant à la phylogénie des anthropoïdes, elle est constamment remise en question, de même que leur origine africaine depuis la découverte du *Bahinia pondaugensis* de l'éocène asiatique (JAEGER *et al.*, 1999).

*

Si l'évolution biologique en tant que succession des espèces dans le temps est maintenant unanimement reconnue et le transformisme accepté par tous les scientifiques, les mécanismes du transformisme, dans lequel Jean ROSTAND voyait « un beau roman » et POPPER (1976) « un programme de recherche métaphysique », restent sujet de débat, bien que l'antagonisme entre néolamarckiens et néodarwiniens (pour lesquels la variation individuelle et la sélection ont peu à voir avec ce qu'elles étaient pour Darwin) se soit atténué avec le développement de l'épigénétique. L'effet d'une mutation d'un gène dépend de l'état des autres gènes dans le même génome et de l'environnement dans lequel le phénotype est construit. On sait aujourd'hui que l'environnement peut induire, tant chez les plantes que chez les animaux, des changements (épimutations) qui auront des effets sur les générations futures sans qu'il y ait des changements correspondants de séquences nucléotidiques de l'ADN. On sait aussi que des modifications du milieu peuvent aboutir à des effets semblables à ceux de certaines mutations génétiques (effet de la température sur la coloration, effets de stimulation dans certaines maladies neurologiques, etc.). Selon DEBAT & DAVID (2001), la plasticité phénotypique peut produire des variations adaptatives transmissibles à court terme et, si l'environnement se stabilise dans son nouvel état, la sélection tend à fixer le nouveau caractère (canalisation). Les modifications épigénétiques peuvent consister en :

- méthylation de bases GC de promoteurs réglant la transcription de l'ADN ;
- modifications postraductionnelles des séquences terminales des histones ;
- remodelages des nucléosomes ;
- inactivation du chromosome X.

On sait en outre que les microARN non codants (18 à 24 nucléotides de longueur) ont un rôle-clé dans la régulation de l'expression des gènes, en inhibant la traduction et/ou en induisant la dégradation des ARNm, ce qui révolutionne l'étude des mécanismes liés au développement des organismes et aux maladies (cancer), qui ne peut plus être focalisée sur les seuls gènes codant les protéines considérées comme effectrices de la transformation cellulaire. Dans les cellules-souches, l'activation ou la répression des gènes par des processus épigénétiques permet de distinguer un état souche d'un état différencié.

Bulletin de la Société zoologique de France 135 (1-2)

Le régime alimentaire peut ainsi agir sur l'expression des gènes et l'effet peut affecter le phénotype sur plusieurs générations. La constatation que les conditions métaboliques de stress et/ou de carence de certaines ressources semblent favoriser une accélération transitoire de la dynamique de la chromatine, donc des gènes, qui fait penser à Lamarck. DAWKINS (2004), néodarwinien partisan farouche de la sélection, n'écrit-il pas : « Les modifications importantes issues de l'évolution peuvent avoir commencé par des changements d'habitude importants, voire par des changements d'habitude non génétiques et appris, qui n'ont été suivis que plus tard par une évolution génétique » ? Puis-je rappeler l'opinion d'un ancien président de la société zoologique, Raymond HOVASSE (1950 : 16) « Les accommodats peuvent conduire à la réalisation d'adaptations héréditaires en fournissant d'abord [...] une *adaptation provisoire*. Il existe, alors, une probabilité non négligeable pour que cette adaptation soit remplacée, avec le temps, en partie ou en totalité, par une ou plusieurs mutations, dont le caractère *parallèle* fait qu'elles seront immédiatement acceptées par la Sélection naturelle » ? Par exemple, le papillon *Bicyclus anynana* a, dans la nature, des ocelles de couleur différente selon qu'il se développe en saison sèche ou en saison humide, mais on a obtenu au laboratoire des génotypes stables pour l'un et l'autre phénotype (BRAKEFIELD *et al.*, 1996).

*

L'évolution des formes de vie sur Terre est devenue un chapitre important de l'enseignement de la biologie, mais cette fois un peu au détriment des enseignements de la zoologie et de la botanique. On retient plus l'idée générale de la succession des espèces que les caractéristiques des groupes et des embranchements. Bien que la biodiversité soit mise en exergue, la description des espèces n'est pas tellement considérée. On enseigne que moins de 10 % du génome sont consacrés à la construction de la morphologie et de l'anatomie, qui seraient plus dues à l'évolution des séquences régulatrices non codantes de l'expression des gènes qu'à celle des séquences codantes elles-mêmes... mais cette évolution peut-elle être bien comprise sans une bonne connaissance des caractéristiques des groupes dont on retrace l'histoire ? En outre, l'évolution n'est plus conçue comme un simple processus de formation et d'extinction d'espèces, mais comme un co-changement impliquant à la fois vivant et non-vivant (BLANDIN, 2007).

Alors qu'il y a consensus pour enseigner l'histoire de la vie en prenant en compte toute la descendance de LUCA¹, retenu par la sélection parmi d'autres types de protocellules – archéobactéries, eubactéries et eucaryotes, unicellulaires et pluricellulaires –, voilà qu'il faut introduire dans l'enseignement une autre question, que posait textuellement DENTON (1997) : « L'évolution a-t-elle un sens ? ». Les mutations aléatoires associées à une sélection agissant selon les conditions variables du milieu, pendant une longue durée, suffisent-elles à expliquer l'orientation globale de la complexité, malgré le buissonnement de l'arbre de vie ? Par exemple, l'organisation modulaire du vivant est-elle le résultat d'une activité organisatrice de la sélection naturelle ou ne provient-elle que du bricolage d'interactions nouvelles entre des modules préexistants ? L'évolution n'est-elle que la suite d'une longue chaîne de coïncidences, ou cette chaîne donne-t-elle justement une « magnifique totalité téléologique » (DENTON, 1997).

1. Acronyme de « Last Universal Common Ancestor » (dernier ancêtre commun à tous les êtres vivants actuels).

Aujourd'hui, la zoologie

Rallumant la « guerre du singe » déclarée en 1925 aux USA (voir HIBLOT, 1997), reprenant la thèse de l'*intelligent design* popularisée par Philip JOHNSON dès 1991 et présentée comme une alternative scientifique, les néocréationnistes regagnent du terrain dans tous les pays occidentaux. L'institution américaine *Discovery Institute* a fait paraître un document dit *Wedge document* : « Rassemblant des spécialistes des sciences de la vie, mais aussi des sciences sociales et humaines, le centre pour le renouveau scientifique et culturel étudie les doutes sérieux que soulèvent les dernières découvertes de la biologie, de la physique et des sciences cognitives à propos du matérialisme scientifique, remettant à l'ordre du jour une appréhension globalement théiste de la nature ». En France, le cercle d'études scientifiques et historiques de Lille, qui conteste les datations de l'âge de la Terre, soutient les propositions du *Discovery Institute*, comme divers cercles et réseaux et quelques chercheurs de renom. L'université européenne de Paris appelle au « dialogue avec les scientifiques pour qu'il n'y ait plus de séparation entre foi et raison ». Des écoles ont reçu un ouvrage de YAHYA (2006), publié en Turquie, défendant une interprétation biblique et accusant le darwinisme d'être à l'origine des attentats terroristes. Le BAV (fondation pour la recherche et la science turque) soutient que la Vie et la Terre ont été créées par Allah en une seule fois et que l'évolution est une fraude, les idées évolutionnistes relevant d'intérêts matériels, sataniques et racistes. Les évangélistes ont créé le site *Conservepedia* et un musée (le premier musée créationniste a été créé en Suède en 1996) où l'homme côtoie les dinosaures créés par Dieu le sixième jour.

Il faut, plus que jamais, enseigner que le savoir scientifique est contesté dans les écoles et les universités par les fondamentalistes radicaux, essentiellement musulmans, mais qu'on ne peut intégrer l'interprétation religieuse dans le terrain scientifique, en arguant d'une nouvelle pseudo-science disposant d'un journal prétendu scientifique. D'ailleurs, sous l'influence des recherches modernes sur la *Genèse*, l'église catholique reconnaît, officiellement du moins, que le récit de la création ne peut être accepté de façon littérale.

Le transformisme est une réalité. Il résulte cependant de la conjonction de plusieurs facteurs encore mal appréhendés. Paradoxalement, l'arrogance des doutes et des remises en question des scientifiques ne peut s'accorder avec l'humilité des certitudes des croyants. Toute cette polémique n'est que l'un des indices du scepticisme qui accompagne aujourd'hui l'idée de progrès et de la perte progressive en Occident des valeurs du siècle des lumières.

Je termine en évoquant la nécessité qu'il y aura peut-être à l'avenir d'ajouter à l'enseignement des organismes naturels celui des organismes biosynthétiques. En effet, après la biologie moléculaire, a émergé, dans l'année 2000, une *biologie intégrative* incluant la biologie synthétique, qui a pour objectif « la conception rationnelle et la construction de systèmes complexes basés ou inspirés par le vivant, mais dotés de fonctions absentes dans la nature ». Pour comprendre le fonctionnement d'une cellule ou d'un organisme, il ne s'agit plus d'établir une liste de ses composantes par la génomique, la protéomique, la métabolomique, etc., mais de comprendre « comment les gènes, les protéines et autres biomolécules interagissent pour former des modules et des centres fonctionnels » (KÉPÈS, 2009). Cette ingénierie peut s'appliquer aux molécules, aux tissus, aux organismes. Du fait que des trois processus caractéristiques de la vie,

Bulletin de la Société zoologique de France 135 (1-2)

compartimentation, métabolisme et transfert d'information, le dernier puisse être séparé des autres, que l'ADN, suite linéaire de symboles constituant l'algorithme alphabétique, puisse être séparé de la machine qui met en œuvre le programme qu'il spécifie (génie génétique), qu'il y a un lien entre l'architecture d'un organisme et celle de certains éléments du programme génétique, commence à se matérialiser l'idée d'une biologie synthétique : construire une cellule vivante.

De la construction des OGM, consistant à effectuer quelques délétions ou insertions de gènes, on va passer, avec la *génétique automatique* (génomatique), à la synthèse intégrale de génomes cellulaires et à l'établissement de processus informationnels qui n'ont pas été explorés au cours de l'évolution des espèces. Peut-être la conception de la protocellule passera-t-elle par l'utilisation d'APN, acides peptonucléiques, molécules à squelette protéique portant des bases d'acides nucléiques, donc susceptibles de se lier à de l'ADN ou de l'ARN par appariement de bases complémentaires. L'APN serait inclus dans une paroi cellulaire auto-assemblée à partir de molécules tensioactives (NIELSEN, 2009). Une compétition, *International genetically engineered machine* (IGEM), créée au MIT en 2003, devenue internationale en 2005, a pour but de concevoir et de construire des systèmes biologiques remplissant une fonction spécifiée en assemblant des composants standard d'ADN dits bio-briques. Un club de *biologie synthétique* existe au centre de recherches interdisciplinaires de la faculté de médecine Paris-Descartes. L'équipe francilienne concourt pour un projet de construction d'une bactérie multicellulaire synthétique : multicellulaire parce que composée de deux types cellulaires, le premier (lignée germinale) ne pouvant survivre qu'en présence du second (lignée somatique) dont l'existence dépend entièrement de la différenciation des cellules germinales. Les ambitieux projets de création d'une bactérie se heurtent actuellement à de grosses difficultés, mais la biologie synthétique permettra peut-être de comprendre les mécanismes de l'origine de la multicellularité et de la différenciation cellulaire. Par une autre voie d'approche, celle de la recherche d'un génome minimal, l'équipe de Craig VENTER a déjà réalisé la synthèse totale du matériel génétique d'une bactérie nouvelle, *Mycoplasma laboratorium* (GIBSON *et al.*, 2010).

RÉFÉRENCES

- ADOUTTE, A., GERMOT, A., LE GUYADER, H. & PHILIPPE, H. (1996).- Que savons-nous de l'histoire évolutive des eucaryotes ? 2. De la diversification des protistes à la radiation évolutive des multicellulaires. *M/S Médecine-Sciences*, **12** (2), R1-R17.
- AGUINALDO, A.M.A. (d'), TURBEVILLE, J.M., LINFORD, L.S., RIVERA, M.C., GAREY, J.R., RAFF, R.A. & LAKE, J.A. (1997).- Evidence for a clade of nematodes, arthropods and other moulting animals. *Nature*, **387**, 489-493.
- AX, P. (1996, 2000).- *Multicellular animals: a new approach to the phylogenetic order in nature*, vol. **1 et 2**, Springer, Berlin et New York.
- BLANDIN, P. (2007).- Écologie et évolution : Maxime Lamotte à la recherche d'une synthèse. *Bull. Soc. zool. Fr.*, **134** (1-2), 73-83).
- BRAKEFIELD, P., GATES, J., KEYS, D., KESBEKE, F., WIJNGAARDEN, P.J., MONTEIRO, A., FRENCH, V. & CARROLL, S.B. (1996).- Development, plasticity and evolution of butterfly eyespot patterns. *Nature*, **384**, 236-242.

Aujourd'hui, la zoologie

- BUDD, G.E. & TELFORD, M.J. (2009).- The origin and evolution of arthropods. *Nature*, **457**, 812-817.
- CORNEC, J.-P. & GILLES, A. (2006).- Urbilateria, un être évolué. *M/S Médecine-Sciences*, **22**, 493-501.
- DAWKINS, R. (2004).- *The ancestor's tale. A pilgrimage to the dawn of life*. Weidenfeld & Nicholson, Londres. Traduction française : *Il était une fois nos ancêtres. Une histoire de l'évolution*, Robert Laffont, Paris, 2007.
- DEBAT, V. & DAVID, P. (2001).- Mapping phenotypes: canalization, plasticity and developmental plasticity. *Trends Ecol. Evol.*, **16**, 555-561.
- DENES, A.S., JEKELY, G., STEINMETZ, P.R., RAIBLE, F., SNYMAN, H., PRUDHOMME, B., FERRIER, D.E., BALAVOINE, G. & ARENDT, D. (2007).- Molecular architecture of annelid nerve cord supports common origin of nervous system centralization in bilateria. *Cell*, **129**, 277-288.
- DONOGHUE, P.C.J., FOREY, P.L. & ALDRIDGE, R.J. (2000).- Conodont affinity and chordate phylogeny. *Biol. Rev.*, **75**, 191-251.
- DENTON, M. (1997).- *L'évolution a-t-elle un sens ?* Fayard, Paris, 1997.
- DUNN, C.W. & 17 coauteurs (2008).- Broad phylogenomic sampling improves resolution of the animal tree of life. *Nature*, **452**, 745-749.
- GEOFFROY SAINT-HILAIRE, E. (1822).- Considérations générales sur la vertèbre. *Mém. Mus. His. Nat.*, **9**, 89-119.
- GIBSON, D.G. & 23 coauteurs (2010).- Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science*, **329**, 52-56.
- HAECKEL, E. (1874).- *Anthropogenie oder entwicklungsgeschichte des menschen*. Wilhelm Engelmann, Leipzig.
- HEIMBERG, A.M., COWPER-SAL-LARI, R. SÉMON, M, DONOGHUE, P.C.J. & PETERSON, K.J. (2010).- MicroRNAs reveal the interrelationships of hagfish, lampreys and gnathostomes and the nature of the ancestral vertebrate. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, **107**, 19379-19383.
- HEJNOL, A. & 16 coauteurs (2009).- Assessing the root of bilaterian animals with scalable phylogenomic methods. *Proc. R. Soc. B*, **276**, 4261-4270.
- HENNIG, W. (1950).- *Grundzüge einer Theorie der phylogenetischen Systematik*. Deutscher Zentralverlag, Berlin.
- HENNIG, W. (1966).- *Phylogenetic systematics*. University of Illinois press, Urbana.
- HIBLOT, J.-L. (1997).- L'évolution du créationnisme à travers le protestantisme anglo-saxon. Repères chronologiques. In : *Pour Darwin* (P. TORT, dir.), Paris, PUF, 813-833.
- HOVASSE, R. (1950).- *Adaptation et évolution*. Hermann, Paris.
- JAEGER, J.-J., THEIN, T., BENNAMI, M., CHAIMANNI, Y., SOE, A.N., LWIN, T., TUN, T., XAI, S. & DUCROCQ, S. (1999).- A new primate from the middle Eocene of Myanmar and the asian origin of anthropoids. *Science*, **286**, 528-530.
- JOHNSON, P.E. (1991).- *Darwin on trial*. P.E. Johnson, éditeur. Traduction française : *Le darwinisme en question : science ou métaphysique*. Pierre d'angle, Le Kremlin-Bicêtre, 1996.
- KÉPÈS, F. (2009).- Biologie synthétique et intégrative. *M/S Médecine-Sciences*, **25**, numéro spécial **2**, 39-42.
- KUPRIYANOVA (2009).- Current views on the origine and diversification of tetrapods. *Mol. Biol.*, **43**, 819-833.
- LECOINTRE, G. & LE GUYADER, H. (2001).- *Classification phylogénétique du vivant*. Belin, Paris.
- LEMAIRE, P. (2009).- Unfolding a chordate development pattern, one cell at a time: invariant cell lineages, short-range inductions and evolutionary plasticity in ascidians. *Dev. Biol.*, **332**, 48-60.
- MAYR, E. (1969).- *Principles of systematic zoology*. McGraw Hill, New York.
- MAYR, E., LINSLEY, E.G. & USINGER, R.L. (1953).- *Methods and principles of systematic zoology*. McGraw Hill, New York.
- NIELSEN, P. (2009).- Une nouvelle molécule de vie ? *Pour la science*, **378**, 26-30.

Bulletin de la Société zoologique de France 135 (1-2)

- PADIAN, K. & RICQLES, A. de (2009).- L'origine et l'évolution des oiseaux : 35 années de progrès. *C. R. Palevol.*, **8**, 257-280.
- PHILIPPE, H. & 18 coauteurs (2009).- Phylogenomics revives traditional views on deep animal relationships. *Current Biology*, **19**, 706-712.
- POPPER, K.R. (1976).- *Unended quest; an intellectual autobiography*, Fontana, Londres. Traduction française : *La quête inachevée*. Calmann-Lévy, Paris, 1981.
- SHU, D.G., CONWAY-MORRIS, S., HAN, J., ZHANG, Z.F., YASUI, K., JANVIER, P., CHEN, L., ZHANG, X.L., LIU, J.N., LI, Y. & LIU, H.Q. (2003).- Head and backbone of the early cambrian vertebrate *Haikouichthys*. *Nature*, **421**, 526-529.
- SIMPSON, G.G. (1961).- *Principles of animal taxonomy*. Columbia university press, New York et Londres.
- SNEATH, P.H.A. & SOKAL, R.R. (1973).- *Numerical taxonomy : the principles and practice of numerical classification*. Freeman, San Francisco.
- SOKAL, R.R. & SNEATH, P.H.A. (1963).- *Principles of numerical taxonomy*. Freeman, San Francisco.
- XIAN-GUANG, H., ALDRIDGE, R.J., SIVETER, D.J. & XIANG-HONG, F. (2002).- New evidence on the anatomy and physiology of earliest vertebrates. *Proc. R. Soc. London B*, **270**, 1865-1869.
- YAHYA, H. (2006).- *Atlas de la création*, vol. 1, Global editions, Istanbul.
- ZHANG, F., ZHOU, Z., XU, X., WANG, X. & SULLIVAN, C. (2008).- A bizarre jurassic maniraptoran from China with elongate ribbon-like feathers. *Nature*, **455**, 1105-1108.

(reçu le 19/10/10 ; accepté le 13/01/11)