

Avant-propos (mai 2017)

Pierre Darlu & Pascal Tassy¹

La différence entre un poème d'Edmond Jabès, une tragédie de Racine et un livre de science est que ce dernier n'a pas l'éternité devant lui. Par nature, la connaissance scientifique évolue et la description qu'on peut en faire à travers un livre se doit aussi d'évoluer.

C'est la raison pour laquelle la publication d'une nouvelle version du livre *La Reconstruction phylogénétique. Concepts et méthodes*, écrit au début des années 1990, nous a semblé s'imposer. La première version (Darlu & Tassy 1993) a connu un certain succès, si l'on en juge par le rapide épuisement du stock. Les mauvaises langues insinueront que les raisons de ce succès tiennent davantage à la prudente politique commerciale de l'éditeur qui n'a risqué qu'un tirage fort parcimonieux, plutôt qu'à une véritable popularité du livre lui-même. Pourtant il semble bien que plusieurs générations d'étudiants aient su mettre à profit les performances des photocopieuses pour pallier une pénurie vite manifeste, avant de télécharger à partir de 2004 une

[1] **PIERRE DARLU**, directeur de recherche émérite, CNRS, UMR Éco-anthropologie et ethnobiologie, MNHN, Université Denis Diderot. Ses dernières recherches portent sur l'évolution spatio-temporelle des populations humaines à partir de données génétiques, patronymiques et linguistiques, à l'aide de méthodes phylogénétiques et par des approches pluridisciplinaires impliquant linguistes, historiens et démographes. L'accent est porté sur la migration, la sélection et les changements socio-démographiques. Il est le coordinateur du livre *Le Patronyme. Histoire, anthropologie, société* (CNRS Éditions, 2001), coauteur avec Catherine Bourgain de *ADN superstar ou superflic ? Les citoyens face à une molécule envahissante* (Seuil, 2013) et auteur de *Origines: l'ADN a-t-il réponse à tout ?* (Le Pommier, 2016). **PASCAL TASSY** est membre fondateur de la Société française de systématique. Professeur émérite du Muséum national d'histoire naturelle, il est paléontologue, et plus spécialement paléomammalogiste. En tant que phylogénéticien il a participé à «la révolution cladistique» des années 1970-1980. Il a enseigné à l'Université Paris VI (aujourd'hui Sorbonne Université) pendant vingt et un ans avant de rejoindre le Muséum en 1996. Il est notamment l'auteur de *L'Arbre à remonter le temps* (Christian Bourgois, 1991), du *Paléontologie et l'évolution* (Le Pommier, 2016) et d'*Une histoire d'évolution* (Le Pommier, 2018).

version électronique de l'édition de 1993 mise en ligne sur le site de la Société française de systématique grâce à Yann Bertrand et Régis Debruyne...

Depuis la parution de ce livre, les méthodes phylogénétiques ont connu un développement considérable. Il s'agit d'une discipline qui n'est plus seulement réservée aux chercheurs avertis. Elle s'adresse également aux étudiants dès les premiers cycles et s'illustre même, avec plus ou moins de bonheur, dans les manuels des classes terminales. Parallèlement à cet élargissement rapide du public, les revues scientifiques internationales ou nationales, comme d'ailleurs les journaux de vulgarisation, ne craignent plus de publier des arbres phylogénétiques. C'est même devenu une nécessité méthodologique imposée par l'engouement récent pour les sciences de l'évolution. On assiste également à une vaste diversification des applications, qui quittent parfois le domaine traditionnel de la biologie pour s'aventurer vers ceux, peut-être plus incertains, de la linguistique, de l'éthologie, de la musique ou de la science des textes.

Enfin, de multiples ouvrages, pédagogiques ou savants, et de nombreux sites sur internet, ont été publiés ces vingt dernières années² au point qu'il n'existe que l'embarras du choix pour celui qui voudrait étancher sa soif de nouveautés dans le domaine des analyses phylogénétiques (mais nous ne recommandons pas tous les ouvrages au même titre, au lecteur d'en tirer le meilleur parti).

Malgré cette floraison bibliographique, il nous a semblé utile de remettre sur le chantier un livre qui conserve encore, aux dires de certains, quelques vertus pédagogiques, malgré ses plus de 20 ans d'âge, et même si cette qualité s'applique plutôt aux *single malts* qu'aux manuels de phylogénétique.

C'est avec le même esprit qu'est abordée cette nouvelle version. Il s'agit de présenter, en français, un vaste panorama de méthodes pouvant satisfaire ceux qui s'intéressent à l'évolution sous ses différents aspects, paléontologique, morphologique, moléculaire, linguistiques ou autres, etc.

La question s'est posée de savoir s'il fallait maintenir certaines parties décrivant des méthodes maintenant tombées en désuétude

[2] Voir notamment Scotland, Siebert & Williams (1994), Harvey, Leigh Brown & Maynard Smith (1996), Swofford *et al.* (1996), Page & Holmes (1998), Kitching *et al.* (1998), Nei & Kumar (2000), Hall (2001), Semple & Steel (2003), Felsenstein (2004), Perrière & Brochier-Armanet (2010), Baum & Smith (2013), Williams, Schmitt & Wheeler (2016).

pour des raisons méthodologiques, informatiques ou simplement de mode. Nous avons pensé que c'était nécessaire, à la fois parce qu'elles illustrent l'évolution historique de la discipline et parce qu'elles permettent de mieux situer les méthodes actuellement en usage et d'en suggérer éventuellement de nouvelles aux lecteurs créatifs.

Nous avons également maintenu dans les trois premiers chapitres la place des concepts de base et leur dimension en histoire des sciences. Il nous a semblé, en effet, que si désormais le lecteur est, peu ou prou, plus averti de la phylogénétique qu'il y a vingt-cinq ans, quelques points fondamentaux sont aussi parfois oubliés, voire carrément méconnus.

Cette édition du livre est donc une version légèrement «toiletée» de la précédente, mais augmentée de plusieurs développements récents, qu'il s'agisse d'approches probabilistes (méthodes bayésiennes), de cladistique structurale (analyse-à-trois-taxons), de cladistique temporelle, de méthodes comparatives ou de méthodes de comparaisons d'arbre ou d'alignement optimisé. Pour ce travail de mise à jour, nous avons fait appel à de nouveaux contributeurs, Cyrille d'Haese et René Zaragüeta i Bagils³.

[3] **CYRILLE D'HAESE** est actuellement chargé de recherche au CNRS où il travaille sur les relations phylogénétiques et l'évolution des collemboles (arthropodes hexapodes), combinant les données morphologiques et moléculaires ainsi que la coévolution entre les collemboles et les bactéries *Wolbachia*. Au MNHN, il est chargé de collection des aptérygotes (hexapodes primitivement sans ailes) et fondateur du supercalculateur du MNHN et cofondateur du laboratoire d'analyse moléculaire BoEM. Après avoir obtenu son doctorat au MNHN, il a effectué son postdoctorat sur la phylogénie des hexapodes auprès de Ward Wheeler à l'American Museum of Natural History de New York en 2000-2002. Il s'est particulièrement intéressé à l'homologie dynamique dans un contexte d'analyses déployées sur un supercalculateur calculant en parallèle sur des centaines de processeurs. Il a cofondé le groupe CaFoTrop qui explore la biodiversité et la biogéographie de l'hémisphère Sud, de l'Amérique du Sud à l'Australie, de Madagascar à la Nouvelle-Zélande en passant par l'Antarctique. **RENÉ ZARAGÜETA I BAGILS** est maître de conférences à la faculté des sciences de Sorbonne Université (ex-UPMC-Paris 6) depuis 2005, au Laboratoire informatique et systématique dirigé par Régine Vignes-Lebbe. Il a effectué ses études de biologie à l'UPMC et au MNHN, où il a soutenu une thèse de doctorat en 2002 sur les relations phylogénétiques d'un groupe fossile de téléostéens clupéomorphes. Il a complété sa formation en 2009 par un master Logique, philosophie et sociologie des sciences à l'IHPST de Paris. Ses recherches concernent principalement la théorie phylogénétique et biogéographique et le développement de la méthode dite d'analyse à trois éléments.