



Paléontologie générale, systématique et évolution (Analyse phylogénétique)

Une histoire de géométrie et de finesse (ou : comment parler de phylogénétique ?)

A story of geometry and finesse (or: do you speak phylogenetics?)

Pascal Tassy

USM203/UMR7207 CR2P, département histoire de la Terre, Muséum national d'histoire naturelle, CP 38, 57, rue Cuvier, 75231 Paris cedex 05, France

INFO ARTICLE

Historique de l'article :

Reçu le 2 mai 2011

Accepté après révision 10 mai 2011

Disponible sur internet le 28 juin 2011

Rédigé à l'invitation du Comité éditorial

Mots clés :

Phylogénie

Cladistique

Maximum de vraisemblance

Méthode bayésienne

Parcimonie

Keywords:

Phylogeny

Cladistics

Parsimony

Maximum likelihood

Bayesian method

RÉSUMÉ

Le développement des méthodes phylogénétiques au début des années 1970 est évoqué au moyen de l'image pascalienne empruntée à Armand de Ricqlès et remontant à 1975 : le triomphe de l'esprit de géométrie sur l'esprit de finesse. L'émergence et la consolidation de la cladistique correspondent à l'esprit de géométrie (le principe de congruence de Hennig – images phylogénétiques congruentes – est emprunté à la géométrie même). Cependant, la finesse anatomique étant garante de la qualité d'une matrice de données taxons \times caractères, l'aspect qualitatif des arbres parcimonieux n'a jamais été absent. Les approches statistiques probabilistes, munies de mathématiques sophistiquées, se sont ensuite peu à peu imposées à la suite de débats où les polémiques n'étaient pas absentes. L'omniprésence actuelle des approches moléculaires probabilistes n'est pas sans ambiguïté et pose à nouveau la question de l'alternative : finesse ou géométrie des modèles évolutifs.

© 2011 Académie des sciences. Publié par Elsevier Masson SAS. Tous droits réservés.

ABSTRACT

The development of phylogenetic methods since the beginning of the 1970s is analyzed through Armand de Ricqlès' comment, in 1975, on the triumph of the spirit of geometry over the spirit of finesse. Cladistics was then compared to geometry (Hennig's congruence [i.e. congruent character-state trees]). However, the qualitative aspect of anatomy (spirit of finesse) warrants the quality of a taxon \times character matrix so that minimal length trees were never devoid of finesse. Statistical approaches, especially maximum likelihood and Bayesian methods, with sophisticated mathematics (more rigorous geometry?), have reached a wide acceptance after years of debates hindered by polemics. The molecular trees based on these approaches are now dominating the phylogenetic literature, although these trees too include some ambiguity so that one can wonder: do evolutionary models belong to geometry or finesse?

© 2011 Académie des sciences. Published by Elsevier Masson SAS. All rights reserved.

Abridged English version

In a review of the book "Interrelationships of Fishes" (Greenwood et al., 1973), Armand de Ricqlès qualified the raising of Hennig's phylogenetic method as the "triumph of the spirit of geometry upon the spirit of finesse" (Anonyme,

Adresse e-mail : ptassy@mnhn.fr

1975), thereby quoting the French philosopher Pascal. Both spirits are contrasted in this evocation of the development of phylogenetics during the last 40 years.

Hennig based his schemes of phylogenetic argumentation (later called cladograms) on the principle of congruence among hypotheses of homology/synapomorphy, a geometric concept in essence (Hennig, 1966). Conversely, evolutionary trees (actual scenarios rather than trees), with their spirit of finesse, their relaxed logics, their subtle authoritative statements, were based on both intuitive approach of homology and direct reading in the stratigraphic dimension (Simpson, 1961). After the reference to congruence was promptly replaced by reference to parsimony (i.e. the same picture seen differently), cladistics seemed then to grow unconstrained, although critics never ceased.

Critics of cladistics were of various schools. On the one hand, some anatomists claimed that poor anatomy could not yield good phylogeny. Among them, dating from the period of triumphant cladistics, Jarvik's comment (Jarvik, 1981) on the cladistic study of dipnoans and tetrapods (Rosen et al., 1981) is used because it is particularly representative of such criticisms (in this study the taxon most closely related to tetrapods was not any extinct osteolepiform, as usually thought, but rather the dipnoans). Yet these criticisms mixed character analysis and methodology, and in that case, Jarvik's methodology was his own previous phylogenetic hypotheses doomed to be protected (an usual strategy found in debates of any time). Anyway, these criticisms demonstrate that cladists could not escape from the spirit of finesse since they were tied to delicate inspection of anatomical features.

On the other hand, statisticians criticized cladistics on the basis of its poor geometry: probabilistic approaches were presented as better choice for phylogeny reconstruction (Felsenstein, 1978; Harper, 1979). For 20 years a partial presentation of four-taxon-statement – ((AB)(CD)) – was supposed to summarize the basic problem of phylogeny reconstruction (Felsenstein, 1978). If the probability of changes P for taxa A and C is \gg the probability of changes p for taxa B and D, parsimony will give the tree ((AC)(BD)). The other alternative (the tree is ((AC)(BD)) and P for taxa A and C is \gg p for taxa B and D) and its consequences were discussed only 20 years after (Siddall, 1998). In the meantime the conclusion was: parsimony is inconsistent (or, said more roughly, wrong). Yet, finally, the finesse of evolutionary models was used to indicate the limits of such probability methods (Kim and Sanderson, 2008; Siddall, 1998).

Possibly, a geometric approach inherited from both Hennig's congruence and pattern cladistics (Nelson and Platnick, 1991) is Three-item analysis (3ia), based on a hierarchical representation of hypotheses of homology, surprisingly still in infancy today (Zaragüeta-Bagils and Bourdon, 2006).

Besides loud critics of both parsimony and morphological data (Springer et al., 2005, 2007), an example is discussed to pinpoint some contemporary dead ends. The resurrection of the monophyly of Pisces through mitogenomes phylogeny exemplifies the limits of both mole-

cular characters and statistical methods (Arnason et al., 2004).

A moderate and perhaps sound attitude is to encourage future studies not only with Bayesian methods and AGCT but also with parsimony and morpho-anatomy, a pluralistic viewpoint that should not be so difficult to endorse.

L'histoire

Pour aujourd'hui, l'histoire commencera en 1975, à l'occasion de la publication d'un compte rendu d'ouvrage dans *La Recherche* (Anonyme, 1975). Un compte rendu anonyme – comme c'était de règle à l'époque dans la revue – des actes d'un colloque intitulé « Interrelationships of Fishes » (Greenwood et al., 1973). De quoi s'agissait-il? D'un colloque où les systématiciens ichtyologistes et paléo-ichtyologistes appliquaient les principes hennigiens d'analyse phylogénétique. Cet ouvrage assumait, entre autres, la désintégration du taxon Pisces, taxon non monophylétique, ce qui, au demeurant, n'empêchait pas tout un chacun de parler de poissons dans le langage courant et dans les poissonneries.

À l'époque, alors que la systématique phylogénétique était née de l'entomologie, le taxon phare où s'exerçaient les travaux pratiques était celui des Vertébrata, en partie pour des raisons de sociologie universitaire, développées ailleurs (Tassy, 2004). Comme les premières différenciations des Vertébrata impliquent des formes aquatiques, c'est tout naturellement qu'ichtyologistes et paléo-ichtyologistes furent les pionniers de ce que l'on appellera très vite le cladisme ou la cladistique. C'est un colloque de la Fondation Nobel datant de 1967, qui fut l'agent catalyseur (Ørvig, 1968).

Dans les commentaires consacrés à « Interrelationships of Fishes », on pouvait notamment lire ces appréciations méthodologiques générales : « On ne peut manquer d'être frappé (...) de l'impact considérable des idées de Hennig » ; le renouveau incarné par la systématique phylogénétique revenait au « triomphe (...) de l'esprit de géométrie sur l'esprit de finesse » (Anonyme, 1975).

L'anonyme de service, on le sait désormais, était Armand de Ricqlès qui exerçait alors ses talents d'enseignant-chercheur à l'Université Paris 7 (future Université Denis-Diderot).

L'image est belle et judicieuse. D'un côté, la géométrie du principe, des raisonnements, des matrices hennigiennes, de l'autre la finesse des jugements phylogénétiques des systématiciens évolutionnistes. La superposition d'arbres de chaque caractère pour obtenir l'arbre qui synthétise tous les arbres est une opération géométrique qui s'apparente à la congruence. Le principe de la congruence (*congruence* en anglais, *Kongruenz* en allemand) est clairement affiché dans l'œuvre fondatrice (Hennig, 1966). Nous sommes donc bien dans l'esprit de géométrie.

Ce « triomphe » était encore à venir en 1973 et l'anonyme de *La Recherche* s'engageait sur le terrain de la prédiction, de l'anticipation. Il s'agissait bien d'un triomphe intellectuel mais, on le sait, le triomphe disciplinaire suivit et la phylogénétique a pu renaître juste après que la phénétique, bardée de mathématiques, eut contesté la systématique

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/4746387>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/4746387>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)