



**C'est dans
la boîte !**

 **Naturalium**
Muséum de Besançon



Le Naturalium est un espace d'exposition permanente sur le thème de la biodiversité. Réparti en six salles, il vient compléter et introduire les autres espaces du Muséum d'Histoire naturelle de Besançon. Répondant parfaitement à trois des grandes missions du Muséum que sont la diffusion des connaissances, la conservation et la présentation du patrimoine scientifique et naturel, le Naturalium sensibilise le public à la richesse de la biodiversité aussi bien locale qu'internationale, à l'importance de son évolution permanente, aux menaces qui pèsent sur les milieux et les espèces et aux actions entreprises pour leur sauvegarde.

D'innombrables collections en zoologie, ostéologie, botanique ou encore paléontologie, des modules muséographiques, des supports multimédias ou encore des manipulations viennent animer le propos et apporter une vision éclairée sur ce thème actuel et essentiel dans notre société.

Fruit d'une collaboration entre le Muséum d'Histoire naturelle de Besançon, de nombreux chercheurs, l'Éducation nationale, la DRAC et d'autres partenaires, il affirme la légitimité du Muséum en tant qu'entité scientifique et culturelle.

« C'est dans la boîte ! » : Livret d'accompagnement

Sommaire

Présentation du jeu	3
Niveau scolaire ciblé	3
Durée de l'activité.....	3
But / intérêt pédagogique.....	3
Matériel	3
Déroulement de l'activité.....	4
Introduction (5 min).....	4
Première étape : Séparer les boulons en deux catégories / boîtes (10 min)	4
Deuxième étape : Créer des groupes « emboîtés » (10 min).....	5
Troisième étape : Vérification	5
Quatrième étape : Classification du vivant (10 min)	6
Conclusion : Classification et parenté (10 min)	6
Pour aller plus loin.....	8
Un peu de vocabulaire... ..	8
Groupe monophylétique.....	9
L'arbre du vivant en perpétuelle évolution	10
Homologie et homoplasie	11
Caractère ancestral et caractère dérivé	12
Glossaire	14
Ressources.....	18
Contact.....	18

Présentation du jeu

Face à l'immense diversité du monde vivant, l'être humain s'est efforcé de nommer et de classer les millions d'espèces qu'il rencontrait. Mais sur quels critères s'est-il basé ? La classification actuelle est-elle vouée à évoluer ? « C'est dans la boîte ! » est un atelier qui permet de comprendre, de manière concrète et ludique, le principe même de la classification. Les participants créent leur propre système de classification puis les confrontent.

Niveau scolaire ciblé

De la 6^{ème} à la 2^{nde}.

Durée de l'activité

45 min à 1h30 (en fonction de l'approfondissement du contenu).

But / intérêt pédagogique

- Comprendre le principe de la classification du monde vivant, basée sur la présence partagée de caractères morphologiques, anatomiques ou génétiques.
- Comprendre que la science (la classification) évolue constamment, en fonction des connaissances scientifiques et des technologies.
- Aborder les mécanismes de l'évolution.
- Faire participer les élèves.
- Les encourager à exposer leurs arguments au groupe.

Matériel

- 5 feuilles A3 – classification,
- 5 feuilles A3 – arbre phylogénétique vierge,
- 5 lots de boulons de taille, forme et couleurs variés,
- 1 lot de boîtes empilées en bois,
- Jeu de photo d'espèces animales.

Déroulement de l'activité

Introduction (5 min)

Classer c'est regrouper des objets ensemble parce qu'ils partagent au moins une propriété commune. Peut-on classer les êtres-vivants ? Si oui, comment et sur quels critères ?

Quelques exemples :

- Classement alphabétique
- Classement par usage (domestique / non domestique)
- Classement basé sur des caractéristiques physiques (taille, couleur, forme, absence ou présence d'un membre)
- Classement par mode de vie (alimentation, reproduction, locomotion)
- Classement par origine géographique / habitat
- Classement par parenté

A première vue, on se rend compte qu'il existe déjà une multitude de systèmes de classification différents. L'objectif de l'atelier est justement de comprendre comment et pourquoi ces systèmes de classification ont été inventés.

Première étape : Séparer les boulons en deux catégories / boîtes (10 min)

- Séparer les élèves en cinq groupes
- Distribuer à chaque groupe 1 boîte de boulons et 1 feuille A3. Chaque boîte contient plusieurs boulons aux tailles, formes et couleurs variés.

La première étape consiste à diviser les boulons en deux groupes (= les répartir dans deux grandes boîtes) selon la présence d'une caractéristique ou non (couleur, taille, forme, aspect, usage, etc.). On laisse les élèves choisir librement les critères sur lesquels baser leur classification. Les élèves répartissent donc les boulons dans l'une des deux cases dessinées sur la feuille A3 et nomment les cases en conséquence (exemple : doré / pas doré). Il s'agit ici d'expliquer le principe de l'activité et de veiller à ce que tout le monde ait bien compris les règles.

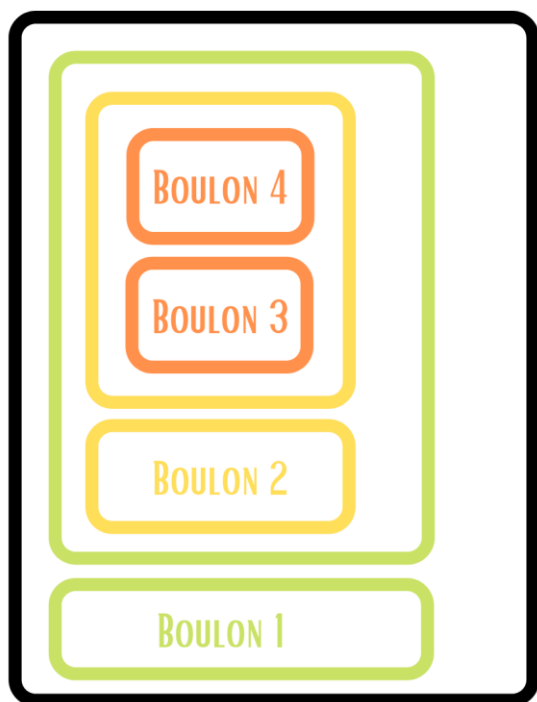
Attention, l'idée étant de TOUJOURS séparer en deux sous-groupes, JAMAIS plus. Chaque division doit se faire sur la présence ou non d'un caractère commun.

Chaque groupe peut exposer aux autres groupes la caractéristique sur laquelle il s'est basé pour réaliser cette première division. Bien que les boîtes de boulons soient

identiques entre chaque groupe, on note déjà les premières différences entre les différents systèmes de classification.

Deuxième étape : Créer des groupes « emboîtés » (10 min)

Chaque groupe de boulons compte encore plusieurs boulons et peut donc encore être divisé en groupes plus petits. Les participants doivent donc dessiner ces nouvelles boîtes sur leur feuille A3. Et ainsi de suite, jusqu'à ce qu'il ne soit plus possible de diviser les boulons (puisqu'il n'en reste plus qu'un dans chaque groupe). A chaque fois, il faut nommer les groupes.



Troisième étape : Vérification

Une fois que les regroupements emboîtés sont faits et qu'un nom a été donné à chaque boîte, les groupes d'élèves échangent leurs feuilles A3. Les élèves doivent alors tenter de replacer les boulons dans les bonnes boîtes en se fiant uniquement aux noms qui ont été donnés.

Le but de cette activité est de prendre conscience que :

1. Les différents groupes d'élèves n'ont pas procédé aux mêmes regroupements.
2. Seuls des critères objectifs et précis permettent de ranger les boulons de manière efficace et universelle.

Quatrième étape : Classification du vivant (10 min)

Question : Puisqu'ici on aboutit à des regroupements complètement différents, les systèmes de classification du vivant sont-ils vraiment fiables ?

En effet, il en va de même pour la classification du vivant. De nombreux systèmes de classification ont été (et sont encore pour certains) en vigueur mais tous ne sont pas objectifs. La catégorie nuisible / utile par exemple n'est pas objective car chaque culture et chaque individu peut avoir sa propre définition et sa propre sensibilité quant à la nuisance ou à l'utilité d'une espèce.

Chaque groupe d'élèves reçoit un jeu de photo présentant plusieurs espèces animales ainsi qu'un tableau à remplir. Sur ce tableau sont répertoriées l'ensemble des espèces en photo et les critères qui ont été choisis par les scientifiques pour établir la classification phylogénétique actuelle. On parle de caractères.

Les élèves remplissent le tableau en fonction de la présence ou non de tel ou tel caractère chez l'espèce. Une correction est ensuite réalisée. On distribue ensuite la classification emboîtée pour ces espèces.

Conclusion : Classification et parenté (10 min)

On peut demander à la classe pourquoi certaines espèces ont des caractères en commun et/ou se ressemblent ? Dépendamment du niveau scolaire, les réponses sont du type :

- Parce que c'est comme ça.
- Parce qu'ils ont été créés comme ça.
- Parce qu'ils vivent dans un même environnement.
- Parce qu'ils sont de la même famille / parce qu'ils sont cousins.

Plus une espèce ressemble à une autre, plus on peut supposer qu'elles sont proches parentes.

Attention, certaines espèces partagent des caractères communs et se ressemblent mais sont loin d'être parentes. On parle de convergence évolutive : deux espèces qui ne sont pas proches parentes mais qui évoluent dans un même environnement peuvent développer des caractéristiques similaires.

On peut donc retracer leur arbre « généalogique ». A l'échelle des espèces (ou groupes d'êtres vivants), on parle d'arbre phylogénétique. Que retrouve-t-on dans un arbre généalogique ? Des ancêtres. C'est la même chose pour un arbre phylogénétique. Plus une espèce a de caractéristiques communes avec une autre espèce, plus leur ancêtre commun est récent.

Qu'est-ce qu'un arbre phylogénétique ?

Un arbre phylogénétique est un arbre schématique qui montre les relations de parenté entre des groupes d'êtres vivants. Chacun des nœuds de l'arbre représente l'ancêtre commun de ses descendants.

Il est possible de transformer la classification emboîtée en arbre phylogénétique. L'arbre phylogénétique de ces espèces est distribué aux élèves.

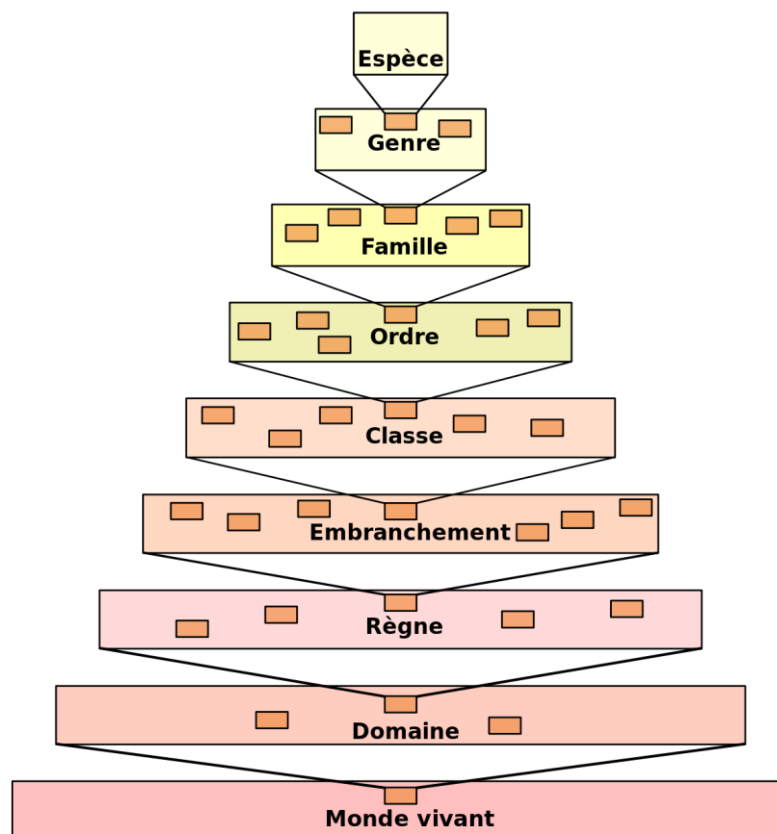
L'arbre phylogénétique est en perpétuelle évolution, en fonction de l'avancée des connaissances scientifiques. Néanmoins, on peut considérer que l'arbre phylogénétique actuel est plutôt fiable car les critères sur lesquels les scientifiques se sont basés sont fiables.

Pour aller plus loin...

Un peu de vocabulaire...

La systématique est une discipline des sciences naturelles qui a pour objet d'inventorier tous les organismes vivants, existants ou ayant existé. Pour cela, elle doit :

- en faire la description détaillée (anatomie, physiologie, écologie, distribution...)
- les nommer au moyen d'un binôme en latin (exemple : *Homo sapiens*)
- rassembler les espèces ayant des caractères en commun à l'intérieur d'entités hiérarchisées prédéfinies : genre, famille, ordre, classe, division, règne. De tels groupes sont appelés taxons et la branche de la systématique qui s'occupe de donner ces noms est la taxinomie.



Classification classique du monde du vivant. Issue de la classification du vivant établie par Carl von Linné et basée sur les caractéristiques morphologiques (par comparaison), elle divise le monde vivant en deux types de catégories, les taxons et les rangs de taxon. Les taxons sont les noms des groupes d'espèces formés par la classification (primates, vertébrés, crustacés, etc.) et les rangs de taxon sont le niveau hiérarchique que chaque taxon occupe dans la classification (genre, famille, ordre, classe, règne, etc.). Chaque taxon appartient à un rang et

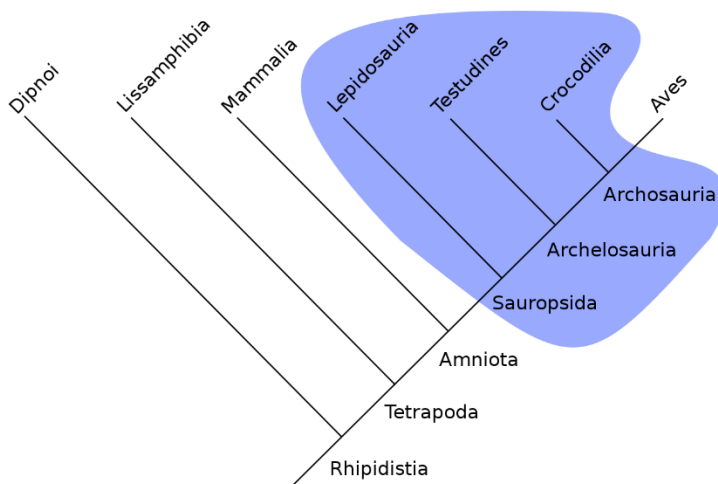
chaque rang fait partie d'un rang qui lui est supérieur. Il en résulte un emboîtement des taxons les uns à l'intérieur des autres mais aussi une hiérarchie des rangs.

Classification phylogénétique ou cladistique. C'est la classification actuelle. Elle conserve le principe d'emboîtement des taxons et le critère de classification est toujours basé sur la comparaison des caractères. Mais dans les classifications modernes, seule la présence des caractères entendus comme des innovations évolutives autorise la création et le baptême des taxons, car ces innovations évolutives sont des événements réels qui constituent par là même un critère objectif de classification. Pendant très longtemps le critère de création de ces taxons a été la présence ou l'absence de caractères présents chez les humains, ce qui témoigne d'un fort anthropocentrisme. Par exemple, les animaux se voyaient majoritairement divisés en invertébrés et vertébrés (dont les humains), les vertébrés à leur tour en poissons (Crâniates sans pattes) et en tétrapodes (Crâniates avec pattes, dont les humains), les Amniotes en reptiles sans poils et mammifères avec poils (dont les humains), etc.,

Aujourd'hui, certains systématiciens conservent encore une disposition des taxons en rangs mais la plupart se limitent à organiser les espèces uniquement en clades (ou groupes monophylétiques).

Groupe monophylétique

Un clade (ou groupe monophylétique) est un taxon qui rassemble tous les organismes qui descendent d'un même ancêtre commun. Dans les classifications phylogénétiques cladistes, la notion de taxon fusionne peu ou prou avec celle de clade, ce qui a pour conséquence de supprimer les taxons paraphylétiques, c'est-à-dire ceux qui n'incluent pas la totalité des descendants d'un dernier ancêtre commun.



Le groupe des reptiles apparaît en bleu. Ce groupe comprend un ancêtre et une partie de ses descendants mais pas tous puisque les oiseaux en sont exclus. C'est donc un groupe paraphylétique.

Lorsqu'on prend en compte l'ensemble des descendants (oiseaux inclus), on obtient alors le clade des sauropsides. C'est bien un groupe monophylétique.

L'arbre du vivant en perpétuelle évolution

Le concept d'une organisation du monde et de ses habitants remonte à bien longtemps. Déjà dans la *Scala naturæ* ou la « grande chaîne de la vie », le monde est composé d'un grand nombre de liens hiérarchiques, des éléments les plus basiques tels les minéraux et les végétaux jusqu'à la plus haute perfection, Dieu. Cette conception du monde est largement acceptée par la plupart des savants européens depuis l'époque de Lucrèce (1^{er} siècle avant J-C). L'arbre phylogénétique de Lamarck publié en 1809 dans *Philosophie Zoologique* puis celui de Darwin publié en 1859 dans *L'Origine des espèces* remet en cause cette pensée hiérarchique (bien qu'elle persiste encore aujourd'hui) en développant l'idée d'évolution biologique.

Influencé par les travaux de Darwin sur l'évolution, Haeckel fut le premier savant à dresser, en 1866, un arbre généalogique ou phylogénétique du monde vivant avec trois règnes, les Animaux (*Animalia*), les Plantes (*Plantae*) et les Protistes (*Protista*), descendant d'une seule et même origine. Le naturaliste allemand plaçait dans le règne des Protistes tous les êtres vivants ne répondant pas aisément aux critères définissant alors, au 19^e siècle, les organismes animaux et végétaux. Dans ce règne, se trouvèrent ainsi réunis l'ensemble des algues et des champignons unicellulaires, les protozoaires, mais aussi les bactéries.

En 1937, Édouard Chatton propose une classification du monde du vivant en deux types cellulaires qu'il nomme procaryotes (organismes à cellules sans noyau) et eucaryotes (organismes à cellules avec noyau). La notion de procaryotes recouvre alors celle de protistes inférieurs.

En 1977, des scientifiques dirigés par le microbiologiste américain Carl Woese annoncent la découverte d'une nouvelle forme de vie qui bouleverse les fondements de la taxinomie biologique, alors basée sur la division dichotomique entre Procaryotes et Eucaryotes. En comparant les séquences de l'ARN ribosomique 16S chez les procaryotes avec l'ARN ribosomique 18S chez les eucaryotes, Woese et Fox (1977) ont mis en évidence l'existence de trois lignées anciennes, qui auraient toutes bifurqué séparément peu après le début de la vie. Ils proposent de reconnaître comme des règnes primaires : les archéobactéries *Archaeobacteria*, les eubactéries *Eubacteria* et les eucaryotes *Eucaryota*. En 1990, Woese et ses collègues proposent de retenir un système naturel des organismes à trois domaines : les bactéries *Bacteria*, les archées *Archaea* et les eucaryotes *Eucarya*.

Ce modèle possède toujours un certain intérêt dans le cas des formes de vie eucaryotes, des plantes multicellulaires et des animaux, quoiqu'il soit probablement une représentation simplifiée de l'évolution. Les biologistes modernes reconnaissent maintenant que les procaryotes et les bactéries ont la capacité de transférer des informations génétiques à des organismes étrangers.

La recombinaison, la perte, la duplication et la création génétique sont quelques-uns des processus grâce auxquels les gènes peuvent être transmis entre les différentes espèces de bactéries, ce qui entraîne une variabilité qui n'est pas due à un transfert vertical. L'arbre de la vie n'est pas un moyen valide pour modéliser la vie à ce niveau. Quant aux organismes multicellulaires (plantes et animaux), de nombreux biologistes considèrent que les transferts horizontaux de gènes (qu'ils soient dus à des hybridations ou à des recombinaisons résultant notamment de l'action de virus) sont un facteur de l'évolution bien plus important qu'on ne le pensait il y a quelques années encore. Le Dr Ford Doolittle a notamment continué les recherches sur les arbres phylogénétiques. Selon Doolittle (1999), de multiples transferts latéraux de gènes transforment l'arbre de la vie en une forme réticulée, ou « réseau » de la vie.

Des débats existent entre les systématiciens pour déterminer les critères de classification les plus pertinents. Cette classification, dont une synthèse a paru en français sous le titre *Classification phylogénétique du vivant* est susceptible d'être encore grandement modifiée dans les années à venir, selon toute vraisemblance. La tentative de mise au point des connaissances actuelles en matière de classification mise en place par Guillaume Lecointre et Hervé Le Guyader n'est pas à considérer, comme ils le disent eux-mêmes, comme un document définitif.

L'accès à des classes de caractères auxquelles nous n'avions pas du tout accès avant les années soixante, et, pour des raisons techniques, très difficilement accès avant le dernier quart du vingtième siècle (séquences d'ADN et de protéines) permettent de comparer des êtres vivants préalablement incomparables par leur seule morphologie, et ainsi permettent de défricher des pans entiers de l'arbre de la vie. Ainsi, ces trente dernières années, un certain nombre d'organismes se sont avérés ne pas être ce que l'on croyait.

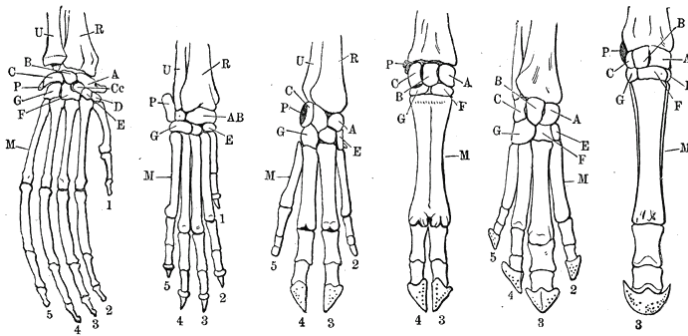
C'est le cas du daman. Petit mammifère massif à peine plus gros qu'un lièvre, le daman ressemble à s'y méprendre à un rongeur. Pour autant, ses petites dents pointues sont très différentes de celles des rongeurs. Il possède quatre doigts à l'avant et trois à l'arrière, protégés par des sabots (sauf un doigt sur les pattes arrière qui présente une griffe). Aussi, la classification classique rattachait ce groupe aux périssodactyles, ordre regroupant les mammifères ongulés ayant un nombre de doigts impairs (équidés, tapiridés et rhinocerotidés). Des études génétiques récentes montrent qu'il est plus proche des dugongs et des éléphants que des rhinocéros. Ce sont les plus proches cousins terrestres des éléphants.

Homologie et homoplasie

En systématique, on pratique la biologie comparée qui consiste à détecter la ressemblance entre les structures présentées par un échantillon d'organismes, en les comparant entre elles. Selon une définition vieille de 150 ans, sont homologues des

structures qui, prises chez des organismes différents, entretiennent avec les structures voisines les mêmes connexions et les mêmes relations topologiques, et ceci quelles que soient leur forme et leur fonction.

Prenons l'exemple classique du membre antérieur des tétrapodes. Le squelette du membre antérieur de l'orang-outan, du chien, du cochon, des bovidés, du tapir et du cheval ne sont pas identiques, ne fonctionnent pas de la même manière, mais il est pourtant possible de détecter un agencement commun de leurs différentes pièces constitutantes.



Une homologie atteste dû au fait que toutes deux l'ont hérité d'un ancêtre commun. L'homoplasie, en revanche, est la similitude d'un caractère chez différents taxons qui ne proviennent pas d'un ancêtre commun. Il existe différents types d'homoplasie : la convergence, le parallélisme et la réversion.

- la convergence : ressemblance apparue indépendamment chez des taxons distants phylogénétiquement (l'aile chez les oiseaux et chauves-souris).
- le parallélisme : ressemblance apparue chez deux espèces qui évoluent en même temps et dans un écosystème identique.
- la réversion : un état dérivé d'un caractère revient à un état ancestral (antérieur).

C'est pourquoi la classification doit toujours se faire en prenant en compte plusieurs caractères. Une espèce sera classée dans le groupe avec lequel elle partage le plus de caractères. La chauve-souris par exemple, bien qu'elle présente des ailes, partage plus de caractères avec les mammifères qu'avec les oiseaux.

Caractère ancestral et caractère dérivé

L'apparition d'un nouveau trait chez une espèce, s'il apporte un avantage par rapport aux formes antérieures, peut parfois donner naissance à plusieurs espèces partageant ce nouveau trait. On parle alors de caractère dérivé (apomorphie) par rapport à un caractère ancestral (plésiomorphie).

Un caractère est dit apomorphe lorsqu'il est acquis au cours de l'évolution (exemple du poil), tandis que l'état primitif (les écailles) est dit plésiomorphe.

L'ontogenèse nous révèle également l'origine des organes. Il existe un parallèle entre le développement embryonnaire et le déroulement phylogénétique, remarqué depuis le 19^e siècle. Par exemple, une mandibule de lézard est constituée de plusieurs os, notamment le dentaire, l'articulaire, l'angulaire ; cette mandibule s'articulant au crâne au niveau de l'os carré. Or, chez un mammifère, la mandibule est formée du seul os dentaire, lequel s'articule au crâne au niveau d'un autre os, le squamosal. L'articulaire, l'angulaire et l'os carré sont passés dans l'oreille. En effet, deux lignes d'argumentation se corroborent très fortement pour établir des homologues entre des os de la mandibule reptilienne et des os de l'oreille mammalienne. L'une est paléontologique, l'autre est embryologique. Toute une série de fossiles du Permien et du Trias montrent une position de plus en plus postérieure de l'articulaire et de l'angulaire, jusqu'à leur intégration à la sphère auditive. L'embryologie des marsupiaux montre le détachement de pièces cartilagineuses de la mandibule vers la sphère auditive. Sans l'embryologie ni les fossiles, il eût été fort difficile d'établir une hypothèse d'homologie, c'est-à-dire de communauté d'origine, entre des os mandibulaires et des os de l'oreille moyenne.

Glossaire

Anthropocentrisme	Attitude consistant à mettre l'Homme au centre de toute chose, auquel toute réalité du monde doit se rapporter.
Attribut	Structure portée par un organisme.
Caractère	Attribut d'un organisme ou d'un taxon par lequel il diffère d'autres taxons, et sur lequel on peut formuler une hypothèse d'homologie.
Clade	Groupe monophylétique
Cladistique	Synonyme de « Systématique phylogénétique ».
Classer	Créer des taxons dont l'emboîtement traduit la hiérarchie de la distribution des caractères dans la Nature.
Classification	Système de taxons emboîtés.
Espèce	Ensemble monophylétique d'individus se reconnaissant comme partenaires sexuels, et capables de donner une descendance féconde.

Extra-groupe	Espèce ou Taxon que l'on suppose a priori extérieur à l'ensemble des espèces que l'on se propose de classer. Synonyme de « groupe extérieur ». En systématique phylogénétique, les extra-groupes font partie des postulats de départ de toute activité classificatoire.
Fixisme	Doctrine stipulant que les espèces sont immuables.
Généalogie	Figure arborescente dans laquelle les lignes traduisent des liens génétiques d'ancêtres à descendants, et dans laquelle les ancêtres sont identifiés individuellement.
Groupes-frères	Au sein d'un échantillon donné, deux groupes (ou taxons) sont qualifiés de frères lorsqu'ils partagent un ancêtre commun exclusif, c'est-à-dire non partagé par le reste de l'échantillon.
Homologie	Similarité chez plusieurs espèces d'organes ou de parties d'organes dont on peut faire le pari qu'elle est héritée par ascendance commune.
Homologie primaire	Sont homologues deux attributs qui, pris chez des espèces différentes, entretiennent avec les structures voisines les mêmes connexions topologiques, et ceci quelles que soient leurs formes et leurs fonctions.
Homologie secondaire	Deux attributs sont homologues s'ils sont hérités par voie d'ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homologie secondaire.

Homoplasie	Similarité chez plusieurs espèces d'attributs qui n'est pas héritée par ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homoplasie.
Monophylétique	Se dit d'un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et la totalité de ses descendants connus. Exemple : les oiseaux.
Ontogénèse	Processus du développement de l'organisme, de l'œuf fécondé jusqu'à l'adulte.
Paraphylétique	Se dit d'un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et une partie seulement de ses descendants connus. Exemple : les poissons.
Polyphylétique	Se dit d'un groupe ne comprenant pas d'ancêtre commun hypothétique. Exemple : les pachydermes.
Phylogénétique	Se dit d'un arbre traduisant des relations de parenté, c'est-à-dire des relations de groupes-frères (qui est plus proche de qui). En d'autres termes, l'arbre phylogénétique dit quels groupes ont des ancêtres hypothétiques communs et exclusifs.
Phylogénie	Au sens large, c'est-à-dire au sens de Haeckel (1866), le cours historique de la descendance des êtres organisés. C'est l'arbre qui montre la genèse (Genesis) des lignées (Phylum). Au sens strict, relations de parenté : la phylogénie dit quels taxons sont plus étroitement apparentés entre eux qu'à d'autres.

Phylogénèse	Processus d'individualisation des lignées évolutives.
Polarisation (des caractères)	Etablir l'état primitif et l'état (ou les états) dérivé(s) d'un caractère, en d'autres termes établir le sens de la transformation d'un caractère.
Saut adaptatif	Discontinuité dans l'organisation générale des êtres vivants, interprétée comme étant due à une adaptation brusque à de nouvelles conditions ou niches écologiques. Ces discontinuités se sont avérées être des artéfacts d'échantillonnage. Par exemple, la classe des « reptiles » n'existe que parce qu'on a cru détecter une discontinuité d'organisation entre des amniotes poïkilothermes (« à sang froid » : tortues, lézards, crocodiles...) et des amniotes à sang chaud (mammifères et oiseaux). En fait, les « reptiles mammaliens » et les découvertes récentes de dinosaures à plumes montrent que cette discontinuité n'existe pas.
Systématique	Science des classifications biologiques.
Systématique éclectique	Ecole traditionnelle de la systématique évolutionniste classant êtres vivants sur la base des « affinités évolutives » (la phylogénie) autant que sur la base des « sauts adaptatifs », lesquels prenaient en compte à la fois le « degré de complexité » et des critères écologiques. Cette école admettait comme valides les groupes paraphylétiques et les groupes monophylétiques.
Systématique phylogénétique	Méthode de classification évolutionniste, initiée par Willi Hennig, se fondant sur l'apparement phylogénétique et lui seul. La cladistique n'admet donc comme valides que les taxons monophylétiques.

Taxon	Ensemble d'organismes regroupés en tant qu'unité formelle. Par exemple, les canidés (chien, loup, renard, fennec, etc.) constituent un taxon de rang familial.
Transformisme	Théorie de la transformation des espèces au cours du temps.

Ressources

Contact

Pour toute information, n'hésitez pas à contacter l'équipe de médiation du Muséum d'Histoire naturelle de Besançon aux coordonnées suivantes :

Virginie GUICHON et Anaïs FRAPSAUCE, médiatrices scientifiques et culturelles

Par email : virginie.guichon@besancon.fr et anais.frapsauce@citadelle.besancon.fr

Par téléphone : 03 81 87 81 83

