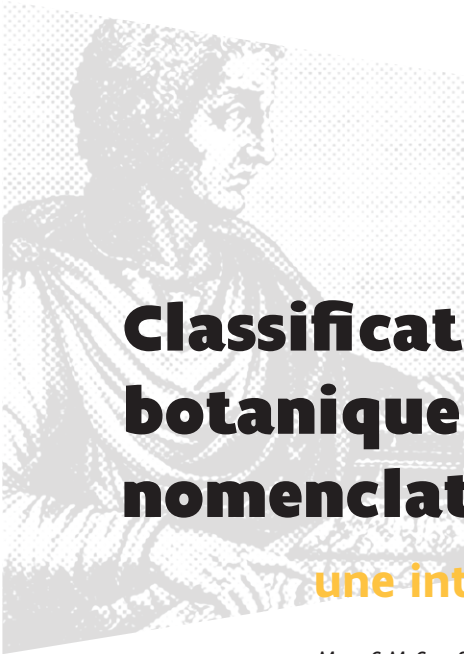


# **Classification botanique et nomenclature**

**une introduction —**

*Marc S.M. Sosef  
Jérôme Degreef  
Henry Engledow  
Pierre Meerts*



# **Classification botanique et nomenclature**

**une introduction —**

*Marc S.M. Sosef  
Jérôme Degreef  
Henry Engledow  
Pierre Meerts*



## Jardin botanique de Meise

par Marc S.M. Sosef<sup>1</sup>, Jérôme Degreef<sup>1,2</sup>, Henry Engledow<sup>1</sup> & Pierre Meerts<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Meise Botanic Garden, Nieuwelaan 38, B-1860 Meise, Belgique

<sup>2</sup> Service Général de l'Enseignement supérieur et de la Recherche scientifique, Fédération Wallonie-Bruxelles, Rue A. Lavallée 1, B-1080 Bruxelles, Belgique

<sup>3</sup> Herbarium et bibliothèque de botanique africaine, Université Libre de Bruxelles, Av. F.D. Roosevelt 50, CP 265, B-1050 Bruxelles, Belgique

Copyright © 2020, Jardin botanique de Meise, Nieuwelaan 38, 1860 Meise, Belgique.

Imprimé en Belgique par Gewadrupe, Arendonk.

Cette publication est publiée et distribuée en libre accès sous la licence Creative Commons Attribution 4.0 Internationale (CC-BY 4.0), qui permet l'utilisation, la distribution et la reproduction sur tout support, à condition que l'œuvre originale soit correctement citée. Un fichier PDF de cette publication peut être commandé gratuitement (envoyez un email à [webshop@plantentuinmeise.be](mailto:webshop@plantentuinmeise.be)), ou téléchargé à partir de la boutique en ligne du Jardin botanique de Meise à <http://shopbotanicgarden.weezbe.com>.

DOI : 10.5281/zenodo.3706717

### CIP Bibliothèque Royale Albert I, Bruxelles

Classification botanique et nomenclature : une introduction. Marc S.M. Sosef, Jérôme Degreef, Henry Engledow & Pierre Meerts - Meise, Jardin botanique de Meise, 2020. - 72 p. ; ill. ; 22 x 15 cm.

ISBN 9789492663214

Sujet : Botanique

D/2020/0325/003



## Table des matières

<b>Introduction</b>	<b>5</b>
<b>1. Histoire de la classification</b>	<b>9</b>
1.1 De Théophraste au Moyen Âge	11
1.2 La Renaissance, période pré-Linnéenne	15
1.3 Linné et les Linnéens	16
1.4 La pensée évolutionniste fait son entrée dans la théorie de la classification	19
1.5 Méthodes phénétiques, cladistiques et phylogénétiques	20
1.6 Groupes naturels, monophylie, paraphylie et polyphylie	23
<b>2. Le concept d'espèce</b>	<b>26</b>
2.1 Qu'est-ce qu'une espèce ?	27
2.2 Spéciation	28
2.3 Taxons infraspécifiques	30
<b>3. Règles de nomenclature botanique</b>	<b>32</b>
3.1 Le Code international de nomenclature botanique (CINB)	33
3.2 Du Règne à la sous-forme, catégories obligatoires	33
3.3 Le concept de type	35
3.4 Publication valide et effective	35
3.5 Types	36
3.6 Noms d'auteurs, nouveaux taxons, nouvelles combinaisons	39
3.7 Noms acceptés et synonymes : la règle de priorité	40
3.8 Hybrides	42
3.9 Plantes cultivées	42
<b>4. L'art de l'identification</b>	<b>44</b>
4.1 Clés d'identification	45
4.2 Clés multi-entrées	49
4.3 Barcoding de l'ADN	49
4.4 Identification de spécimens d'herbier	52



<b>5. La préparation d'une révision taxonomique</b>	<b>54</b>
A. Inventaire des noms et révision de la littérature	56
B. Observations en herbier	58
C. Création d'une base de données	60
D. Observations géographiques et écologiques	61
E. Décisions taxonomiques et nomenclaturales	63
F. Préparation des descriptions taxonomiques, traitements, illustrations et clés	64
G. Production du manuscrit et publication	66
<b>Références bibliographiques</b>	<b>69</b>

## Introduction







La biologie est la science qui explore le monde vivant qui nous entoure. Pour ce faire, il est nécessaire que chaque organisme reçoive un nom. La diversité des organismes vivants peut être ordonnée sous forme d'une structure hiérarchique où des noms sont utilisés pour désigner des organismes regroupés à différents niveaux. Classer et nommer des organismes sont des outils essentiels de la communication scientifique. Cette discipline, qui constitue le fondement de la recherche en biologie, est appelée « **Taxonomie** ». Les taxonomistes explorent, décrivent, nomment et classifient tous les organismes vivant sur la Terre.

La classification et la dénomination correctes des organismes sont cruciales pour de nombreux domaines de recherche. Elles sont essentielles également pour aborder les questions de l'utilisation durable, de la gestion et de la conservation de la biodiversité, et de leur contexte juridique. Le présent ouvrage donne un aperçu des principes et des étapes les plus importants de la classification et de la dénomination des plantes et des champignons, une discipline appelée « **Taxonomie botanique** ». Nous commencerons par un survol historique et, bien que nous n'abordions pas de façon exhaustive les méthodes de reconstruction des voies de l'évolution (phylogénie), nous fournirons un historique de son développement et mentionnerons certains éléments qui influencent directement les décisions taxonomiques. L'objectif de l'ouvrage est de fournir une introduction à ce domaine de recherche et un guide pratique. À ce titre, il sera utile tant à ceux qui s'intéressent à la classification et à la dénomination des plantes qu'à ceux qui enseignent cette matière dans les établissements d'enseignement secondaire et supérieur.

Bien que les informations fournies soient générales, la plupart des exemples sont tirés des plantes et des champignons d'Afrique tropicale. Chaque chapitre est suivi d'un aperçu de la littérature scientifique et des ressources disponibles sur la toile en lien avec les sujets traités. Ici encore, les sources bibliographiques ne sont en aucun cas exhaustives et se focalisent sur la taxonomie des plantes et champignons africains.

Les auteurs espèrent que cette publication contribuera au développement de l'expertise en taxonomie des plantes, notamment en Afrique centrale. La brochure est produite en anglais et en français et est disponible gratuitement (sous licence CC-BY) pour les écoles secondaires et les universités (enseignants et étudiants), grâce au soutien du Jardin botanique de Meise.



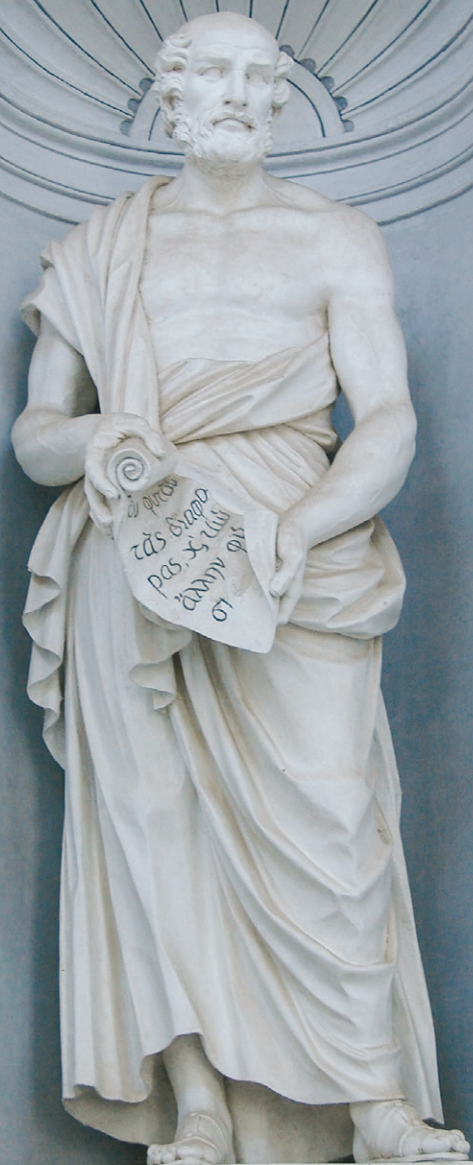




## **Histoire de la classification**







THEOPHRASTVS

Tout travail de recherche en biologie commence par la même question : « De quel organisme s'agit-il ? ». Du gestionnaire d'une réserve naturelle qui a besoin de savoir quelles espèces poussent dans les limites de la zone protégée pour établir un plan de gestion, au primatologue qui inventorie les aliments consommés par les chimpanzés en passant par l'améliorateur qui étudie les proches parents sauvages de la pomme de terre à la recherche d'un gène de résistance à une maladie, tous doivent pouvoir identifier et nommer leur matériel. Il est donc hautement souhaitable que les mêmes noms soient acceptés à travers le monde.

La nécessité de parvenir à un système uniforme de dénomination du monde vivant était déjà reconnue des anciens Grecs et des Romains. Des noms ont ainsi été donnés à des « entités », que nous appelons aujourd'hui des espèces, qui avaient des caractères morphologiques et des usages spécifiques. Certaines produisaient, par exemple, des fruits comestibles ou de la teinture jaune, ou avaient des propriétés médicinales, ou encore étaient utilisées pour fabriquer des instruments de musique, etc.

Dans ce chapitre (largement inspiré de Magnin-Gonze 2009 et Rouhan & Gaudeul 2014), nous soulignerons les grandes étapes historiques du développement de la dénomination des plantes et de leur classification. Le nom de cette discipline scientifique, la taxonomie (on écrit parfois taxinomie), a été utilisé pour la première fois en 1813 par le botaniste suisse Augustin Pyrame De Candolle (1778-1841) dans son livre « Théorie élémentaire de la Botanique ». Il a créé le néologisme « taxonomie » en combinant les mots grecs *ταξις* (ordre) et *νόμος* (loi, règle).

## 1.1 De Théophraste au Moyen Âge

Avant même l'invention de l'écriture, il y a environ 5600 ans, existait probablement un système de classification orale des plantes. Au départ, les noms et les organismes n'étaient pas placés dans un système hiérarchique puisque les plantes étaient toutes nommées d'après leur utilisation en tant qu'aliment, médicament, poison ou matériau (Raven 2004).

Les Grecs ne considéraient probablement pas les plantes seulement en fonction de leur utilité, mais aussi pour leur aspect esthétique ; les peintures murales de Knossos (1900 av. J.-C.) montrent non seulement de l'orge, des figues et des olives, mais aussi des narcisses, des roses et des lis. Le Grec Théophraste (372-287 av. J.-C. ; figure 1), disciple du grand philosophe Aristote, est connu comme ayant été le premier véritable botaniste. Préoccupé de nommer les plantes et de rechercher un ordre parmi la diversité végétale, il est le premier à avoir abordé les plantes d'un point de vue philosophique. Il

a formulé certaines des questions importantes qui définiront plus tard la taxonomie, à savoir « De quelle plante s'agit-il ? » ou « Comment différencions-nous ces choses ? ». Il a aussi été le premier à examiner les relations entre les espèces végétales et à proposer des manières de les re-

◁ Figure 1. Statue de Théophraste au Jardin botanique de Palerme, Italie.





◁ Figure 2.  
Pline l'Ancien.



◁ Figure 3.  
Dioscoride.

grouper. Théophraste a décrit environ 500 plantes - soit probablement toutes celles connues à l'époque - et les a classées en arbres, arbustes, sous-arbustes et herbes. Il a également établi la distinction entre les plantes à fleurs et les plantes sans fleurs, entre les arbres à feuilles caduques et les arbres à feuilles persistantes, et entre les plantes

terrestres et les plantes aquatiques. Bien que 80 % des plantes traitées dans ses travaux étaient des espèces cultivées, il s'est rendu compte que « la plupart des formes sauvages n'ont pas de nom, et peu de gens les connaissent », soulignant ainsi la nécessité de reconnaître, décrire et nommer les plantes qui poussent dans la nature (Pavord 2005). Il a finalement abandonné son système de classification en arbres, arbustes, sous-arbustes et herbes, en faveur d'un système basé sur la morphologie florale, réalisant qu'elle était mieux adaptée pour regrouper les plantes en groupes plus naturels. Théophraste était très en avance sur son époque, à tel point que ses idées et concepts botaniques sont tombés dans l'oubli pendant plusieurs siècles. Ses travaux ont survécu en Perse et en Arabie, mais n'ont été traduits en grec et en latin que lorsqu'ils ont été redécouverts en Europe au XV<sup>e</sup> siècle. Pendant cette longue période sombre pour la botanique, comme pour toutes les autres

sciences naturelles en Europe, le Romain Pline l'Ancien (23-79 après J.-C. ; figure 2) et le Grec Dioscoride (~40-90 après J.-C. ; figure 3) ont été deux figures importantes. Bien qu'ils n'aient pas amélioré les connaissances et les méthodes de description, de dénomination ou de classification des plantes, ils ont compilé les savoirs disponibles, et leurs écrits étaient reconnus et largement utilisés. Pendant plusieurs siècles, le *Naturalis Historia* de Pline et le *De Materia Medica* de Dioscoride (figure 4) ont été les seules sources d'information sur les plantes à travers l'Europe et ont été régulièrement recopiées. Les

▼ Figure 4. Page du *Materia Medica* de Dioscoride, illustrant *Cassia fistula*.

« herboristes » tentaient ainsi, péniblement, de rapprocher les plantes qu'ils trouvaient en France ou en Grande-Bretagne de celles décrites en Méditerranée par Pline et Dioscoride. Le Moyen Âge, n'a apporté que peu de nouvelles connaissances à ces travaux anciens.







# Vierter Kreutter buech

**D**arin vil schöne vnd kempt  
 die Kreutter durch den Hochgelehrten Herrn Selcon-  
 hart Raupvolffen der Arzney Doctor vnd der  
 Stat Augspurg bestellten Medicum gar fleißig eingelegt  
 vnd außgemacht worden. Welche er nit allein in Hispanien  
 vnd außsa vnd in der Prouincia vmb Carthago sonder auch  
 in Syria an dem Berge Libano vnd Antilibano auch durch  
 Arabiam neben dem fluss Euphrate in Chaldæa Persia  
 Armenia Mesopotamia vnd andern orten in seinen mit  
 Gottes hilffselbstbrachten dreijährigen kausen mit großer müe  
 se arbeit geschribt hat vnd vncosten  
 bestimmet hat davon er auch in sein  
 ein Kausbuech so in dem driten  
 außgangen ist meldung  
 thut.

**W**elche nach der geburt  
 vnters Schutzmachers Jhesu Christi

M. D. LXXIII.  
 LXXIII. vnd  
 LXXV. Jar.

ACAD

LYED



## 1.2 La Renaissance, période pré-Linnéenne

La Renaissance (fin du XIVe au XVIIe siècle) a marqué une nouvelle ère pour la science. Les Européens exploraient et découvraient l'Amérique, l'Afrique, l'Asie et l'Australie, ramenant de nombreuses plantes inconnues jusqu'alors en Europe. Celles-ci étaient cultivées dans des jardins, dont le nombre s'est multiplié rapidement, le premier ayant été créé au début du XVIe siècle en Italie. Au début, on les appelait des jardins médicinaux ; plus tard, lorsque l'intérêt s'est porté sur l'étude des plantes pour elles-mêmes plutôt que pour leurs usages, ils sont devenus les jardins botaniques que nous connaissons encore aujourd'hui. Avec l'invention de l'imprimerie (1450-1455), l'information devenait aussi plus facile à partager et à diffuser, ce qui a eu pour effet de stimuler l'échange des connaissances et le débat d'idées. Les gens devinrent curieux du monde qui les entourait. Vers 1530, au jardin botanique de Pise, l'Italien Luca Ghini (1490-1556) invente une méthode révolutionnaire de conservation des plantes par séchage et pressage, ce qui permettait de les étudier à tout moment de l'année. Les échantillons de plantes étaient conservés dans des livres connus sous le nom de « hortus siccus » (jardin séché), avant que le mot « herbier » ne soit adopté. Ces collections de spécimens constituaient des biens précieux que seuls les riches pouvaient posséder (Ghorbanie et al. 2018 ; figure 5).

Vient ensuite l'époque des grands herbiers imprimés d'Europe occidentale, c'est-à-dire des livres illustrés décrivant les plantes et leurs utilisations. Ces travaux n'étaient plus produits uniquement en latin (la langue scientifique de l'époque) mais également en allemand, anglais, néerlandais et français, ce qui a rendu les connaissances sur les plantes accessibles à un public encore plus large. De cette période, les herbiers imprimés de Dodoens (*Cruydeboeck*, 1554 ; figure 6), Fuchs (*New Kreüterbuch*, 1543) et Gerard (*Herball*, ou *General Historie of Plantes*, 1597) sont les plus connus. Les progrès artistiques donnèrent lieu à la réalisation de nombreuses nouvelles illustrations d'une qualité nettement supérieure à celles recopiées des livres de Dioscoride et de Pline et dont on pouvait souvent à peine reconnaître l'espèce.

Andrea Cesalpino (1519-1603), un élève de Ghini, est le premier, depuis la Grèce antique, à discuter des travaux de Théophraste. Il souligne que les plantes devaient être classées de manière plus naturelle et rationnelle. Son *De Plantis Libri XVI* (1583) décrit 1500 plantes qu'il organise en 32 groupes, dont les Ombellifères et les Composées. La science de la dénomination des plantes se développe alors rapidement. À l'époque, en général, le nom d'une plante était formulé comme une phrase courte décrivant plusieurs caractères. Par exemple, la passiflore (*Passiflora edulis*) était appelée *Flos passionis major* (grande passiflore). Cependant, avec l'augmentation rapide du nombre d'espèces en provenance du monde entier, il a fallu de plus en plus de caractères pour distinguer une espèce d'une autre, ce qui a entraîné des noms de plus en plus longs. Dans un premier catalogue du *Hortus Botanicus* de Leiden (Pays-Bas) fondé en 1592, la même passiflore portait le nom de *Cucumis Flos Passionis*

◀ Figure 5. Frontispice de l'herbier *Rauwolf* (1573-1575) conservé au *Naturalis Biodiversity Center*, Leiden.





*dictus triphyllos flore roseo clavato* (concombre ou fleur de la passion, trifoliée, à fleur rose clavée ; ce dernier caractère se rapportant probablement à la forme des styles). Le nom d'une plante servait donc aussi de description résumée. La science botanique s'est peu à peu affranchie de la médecine pour s'élargir à l'étude de la diversité des plantes introduites en Europe en provenance de tous les pays du monde. En 1623, le Suisse Gaspard Bauhin publie son *Pinax theatri botanici* décrivant pas moins de 5640 espèces de plantes sauvages mais aussi de nombreuses formes cultivées. Plus tard, le botaniste britannique John Ray fait paraître son *Historia plantarum species* (1686, 1688, 1704) en 3 volumes traitant plus de 17.000 espèces (il y décrit également un très grand nombre de cultivars et autres monstruosités végétales). Ce travail novateur est le premier à distinguer les monocotylédones des dicotylédones et à utiliser des clés dichotomiques pour classer les plantes. En 1694, le Français Joseph Pitton de Tournefort a développé le concept de genre, ce qui a amélioré considérablement la structure du système de classification des plantes.

△ Figure 6. Dodoens et deux pages de son célèbre herbier illustré (*Cruydeboeck*) imprimé en 1554.

### 1.3 Linné et les Linnéens

Durant la première moitié du XVIII<sup>e</sup> siècle, le jeune et brillant botaniste suédois Carl von Linné (figure 7), Linnaeus en latin, entreprend de mettre de

l'ordre dans le chaos nomenclatural qui existait alors. Aux Pays-Bas, il rencontre des professeurs célèbres comme Hermann Boerhaave, Adriaan van Royen et Johannes Burmann avec qui il partage nombre de ses nouvelles idées.

Il crée tout d'abord un système très clair de classification des plantes basé sur le nombre d'étamines et de styles de la fleur, qu'il appelle son « système sexuel » (figure 8). Il reconnaît cinq niveaux taxonomiques : la variété, l'espèce, le genre, l'ordre (qui correspond à peu près à la famille actuelle) et la classe. Ce système simple, malgré quelques défauts, a contribué à structurer la taxonomie.

Il suggère ensuite de dissocier le nom d'une plante de sa description. Dans son célèbre *Species Plantarum*, publié en 1753, il écrit ce qu'il appelle des « noms triviaux » constitués d'un seul mot, dans la marge du traitement de chaque espèce (figure 9). Précédé par le nom du genre, il formait ainsi un nom d'espèce composé seulement de deux mots. C'est le début de la nomenclature binomiale (en deux mots) que nous utilisons encore aujourd'hui, un système où le nom d'une espèce est composé du nom du genre suivi d'un mot indiquant l'espèce, appelé **épithète**. Très vite, d'autres botanistes ont reconnu la simplicité et le génie du nouveau système de dénomination et l'ont adopté dans leurs propres travaux. Peu après le succès de son *Species plantarum*, Linné, également passionné de zoologie, introduit le même système pour les animaux dans son célèbre *Systema naturae* (1758).

▽ Figure 7.  
Carl von Linné.

▷ Figure 8. Système sexuel  
de classification des  
plantes de Linné.

Linné se rend en Angleterre pour rencontrer Sir Hans Sloane et Johann Jacob Dillenius, d'abord sceptiques à l'égard de ses nouvelles idées de dénomination et de classification mais qui y adhéreront quelques années plus tard. A Paris, il rencontre Bernard de Jussieu qui publiera avec son



# 886 SYNGENESIA: POLYGAM. SUPERFLUA.

- Doronicum plantaginis folio. *Bauh. pin.* 184.  
Doronicum minus officinarum. *Dalech. hist.* 1202.  
β. Doronicum, plantaginis folio, lusitanicum. *Tournef. inst.* 488.  
*Habitat in* Lusitania, Hispania, Gallia. 2  
incanum. 3. DORONICUM foliis lanceolaris denticulatis subus tomentosis, caule unifloro. *Roy. lugdb.* 160. *Sauv. merb.* 84. 1  
Doronicum helveticum incanum. *Bauh. pin.* 185. *prodr.* 97. *Scheuch. alp.* 33. 333.  
*Habitat in* Alpibus Helveticis, Pyrenæis. 2  
*An etiam semina radii in hoc & sequente pappo?*  
Bellidistrum. 4. DORONICUM caule nudo simplicissimo unifloro. *Hort. cliff.* 500. *Roy. lugdb.* 160. 1  
Bellidistrum alpinum, foliis brevioribus hirsutis, caule palmari, flore albo. *Mich. gen.* 32. t. 29.  
Bellis sylvestris media, caule carens. *Bauh. pin.* 161.  
β. Bellis caule pedali f. bipedali nudo, foliis magnis latis, floribus rubris & albis. *Menz. png.* t. 8.  
*Habitat in* Alpibus Helveticis, Italicis, Tyrolensibus. 2

## HELENIUM.

- autumnale. 1. HELENIUM.  
Helenium foliis decurrentibus. *Hort. cliff.* 418. *Hort. ups.* 266. *Gron. virg.* 101. *Roy. lugdb.* 180.  
Chrysanthemum americanum perenne, caule alato, folio angustato glabro. *Morif. hist.* 3. p. 24. f. 6. t. 6. f. 74.  
Aster floridanus aureus, caule alato. *Pluk. amalib.* 43. t. 372. f. 4.  
Aster luteus alatus, *Corn. canad.* 52. t. 63.  
*Habitat in* America septentrionali. 2

## BELLIS.

- perennis. 1. BELLIS scapo nudo.  
Bellis scapo nudo unifloro. *Hort. cliff.* 418. *Hort. ups.* 265. *Fl. succ.* 707. *Mat. med.* 405. *Roy. lugdb.* 177. *Dalib. parif.* 264.  
Bellis sylvestris minor. *Bauh. pin.* 267.  
Bellis sylvestris. *Ded. pempt.* 265.  
hortensis. β. Bellis hortensis, flore pleno. *Bauh. pin.* 261.  
γ. Bellis hortensis, flore albo bullato. *Tournef. inst.* 491.  
δ. Bellis hortensis rubra, flore multiplici fistuloso. *Tournef. inst.* 491. 6. Bellis

neveu, Antoine Laurent de Jussieu, l'ouvrage *Genera plantarum*. Dans ce travail, ils déclarent qu'une espèce, un genre ou tout autre niveau de la classification hiérarchique (ce que nous appelons actuellement un **taxon**) devrait regrouper des plantes présentant des caractères constants, par opposition aux caractères variables qui sont observés entre les taxons. Étant donné que tous les caractères ne sont pas utiles au même niveau de la classification, leur principe de subordination a conduit à une hiérarchisation des caractères : dans la classification des plantes, les caractères présentant une grande variabilité devraient avoir moins d'importance que ceux qui sont les plus conservés.

△ Figure 9. Page du célèbre *Species plantarum* de Linné, avec les « noms triviaux » apparaissant dans la marge.

A cette époque, la classification et l'étude de la nature avaient des implications religieuses. Les biologistes étaient considérés comme des scientifiques étudiant les êtres vivants que Dieu avait créés et mis sur Terre. Linné, dans l'introduction de son *Species Plantarum*, écrit d'ailleurs : « Dans son omniscience omnipotente, Dieu a créé le théâtre de tous les êtres vivants de la terre, et il est de notre devoir divin d'explorer cette grande création, qui nous est

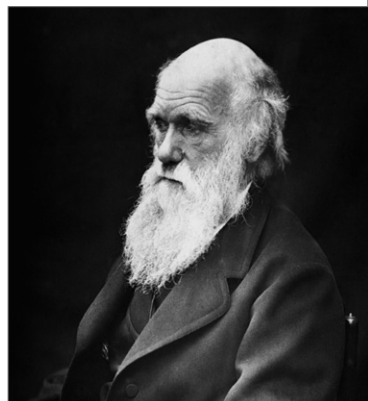
servie comme une offrande, indignes que nous sommes, et d'y reconnaître Sa main » [traduit librement du latin.] Dans ce contexte, on comprend aisément que l'introduction par Darwin de l'idée nouvelle que les espèces n'ont pas été créées par Dieu Tout-Puissant, mais qu'elles ont évolué à partir d'autres espèces sur une très longue période, ait eu un impact énorme sur la société.

#### 1.4 La pensée évolutionniste fait son entrée dans la théorie de la classification

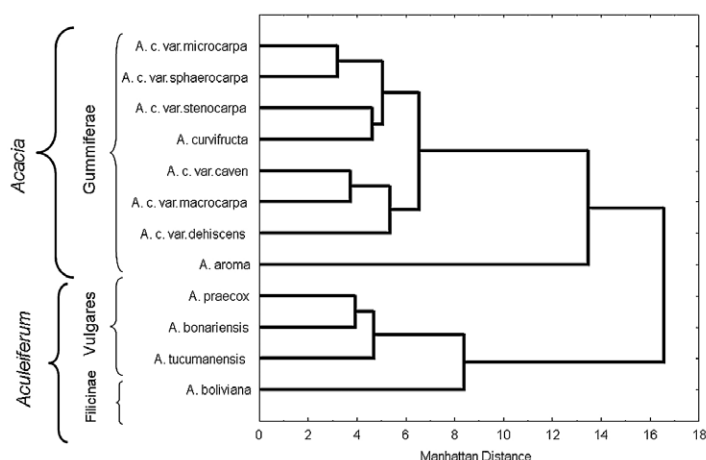
À l'aube du XIX<sup>e</sup> siècle, de nouvelles questions émergèrent dans l'esprit des taxonomistes. Ils se préoccupaient non seulement de nommer, décrire et classer les organismes, mais aussi de comprendre l'origine de la diversité qu'ils observaient. En 1809, dans sa *Philosophie zoologique*, le zoologiste Jean-Baptiste de Lamarck propose une théorie selon laquelle les espèces peuvent évoluer et se modifier au fil du temps.

Il a fallu encore 50 ans avant que Charles Darwin (1809-1882 ; figure 10) publie sa célèbre théorie de l'évolution et de la survie des plus aptes dans *On the Origin of Species* (1859). Indépendamment, Alfred Russel Wallace (1823-1913) était arrivé à la même conclusion en travaillant en Asie. [En fait, la théorie avait déjà été publiée en 1858, dans un article rédigé par Darwin et Wallace dans le *Journal of the Proceedings of the Linnean Society : Zoology*.] Darwin introduisit le concept central de descendance avec modification qui reçut plus tard un large soutien et qui est encore accepté aujourd'hui. Le concept d'évolution a eu un impact majeur sur le développement de la théorie sous-tendant la classification de la nature et, par conséquent, sur la taxonomie. Les biologistes ont compris que, puisque l'histoire de la vie est unique, la seule classification qui soit naturelle est celle qui reflète cet arbre unique de la vie, la **phylogénie**. Ce dernier terme n'a pas été inventé par Darwin mais par Ernst Haeckel (1834-1919) en 1866 dans *Generelle Morphologie der Organismen*. Darwin avait prédit que « nos classifications deviendront, dans la mesure du possible, des généalogies » (Darwin 1859, p. 486). Cette nouvelle théorie impliquait également que les caractères utiles à la taxonomie étaient ceux hérités d'un ancêtre commun. Néanmoins, Darwin n'a pas proposé de nouvelles méthodes permettant de reconstruire l'arbre phylogénétique d'un groupe de taxons ou pouvant orienter le travail des taxonomistes.

▷ Figure 10.  
Charles Darwin.







### 1.5 Méthodes phénétiques, cladistiques et phylogénétiques

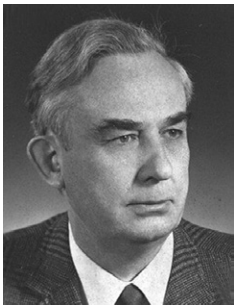
Au début des années 1960, apparaît une nouvelle technique appelée « taxonomie numérique » qui permet de produire un arbre, ou **phénogramme** (figure 11), sur lequel pouvait se baser une classification. Ce sont notamment

les travaux de Sokal & Sneath (1963, et éditions ultérieures), *Principles of numerical taxonomy*, qui en ont jeté les bases. La technique, également appelée **phénétique**, est basée sur une analyse quantitative des similitudes existant entre taxons, à l'aide d'une matrice de données de caractères par taxons - combinant des caractères binaires (par exemple : stipules présentes, oui/non), des caractères multi-états (par exemple : couleur des fleurs, avec les états 1=blanc, 2=jaune, 3=bleu), ou des caractères continus (par exemple : longueur du calice en mm). Le résultat prend la forme d'une matrice de distances entre toutes les paires d'individus ou de taxons, appelés UTO (unités taxonomiques opérationnelles). On s'est cependant vite rendu compte qu'une ressemblance générale n'indique pas nécessairement une relation évolutive. Par exemple, des espèces peuvent avoir développé des caractéristiques similaires parce qu'elles se sont adaptées à la même contrainte environnementale. Comme cette méthode n'était pas basée sur la théorie de l'évolution, elle ne permettait pas d'interpréter, sous l'angle de l'évolution, la variation observée par rapport aux ancêtres et aux descendants, ni les modifications des états de caractères. Bien que cette méthode produise des phénogrammes qui ont la structure d'arbres, ceux-ci ne représentent pas une classification naturelle et évolutive. Cette théorie a néanmoins prospéré pendant un certain temps, bénéficiant grandement des progrès rapides de l'informatique.

△ Figure 11. Exemple de phénogramme, avec une mesure de similarité (Distance de Manhattan) le long de l'axe des x (repris de Pometti et al. 2007).

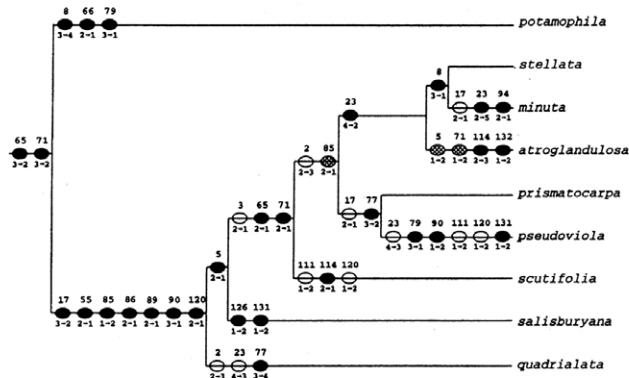
C'est le zoologiste allemand Willi Hennig (1913-1976 ; figure 12) qui a fondamentalement changé la façon dont les biologistes allaient reconstruire l'évolution d'un groupe taxonomique. En 1960, il publie sa théorie cladistique dans

Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik qui demeura confidentielle jusqu'à sa traduction en anglais (*Phylogenetic Systematics*) publiée en 1966. Le principe fondamental n'est pas d'utiliser la similitude générale entre les taxons pour reconstruire la phylogénie mais de distinguer les états de caractère primitifs de ceux qui en sont dérivés. Seuls les états de caractères dérivés, qualifiés d'apomorphies, partagés par plusieurs taxons indiquent une ascendance commune, à l'inverse des états primitifs, appelés plésiomorphies. Un groupe dérivé d'un seul ancêtre commun est appelé un clade et la théorie qui le sous-tend est la cladistique. Le résultat d'une analyse cladistique est un arbre appelé cladogramme (figure 13) où les branches représentent un ou plusieurs changements d'états de caractères. Lorsque, par exemple, dans un groupe de plantes à fleurs rouges, un changement évolutif a donné naissance à des fleurs bleues, le « bleu » est considéré comme l'état dérivé du caractère « couleur de la fleur » et toutes les espèces présentant cet état sont susceptibles d'avoir évolué à partir du même ancêtre commun. Par conséquent, le fait d'avoir une fleur rouge n'indique pas l'existence d'un ancêtre commun et ne peut pas servir de critère sur lequel fonder un groupe taxonomique. Si, plus tard dans l'histoire évolutive, on découvre qu'une fleur de couleur rouge dérive de fleurs blanches, le rouge peut alors être considéré comme un état de caractère dérivé mais à un niveau différent dans la phylogénie. Passer du blanc au bleu nécessite alors deux étapes dans l'évolution, plutôt qu'une. Quand un état dérivé évolue à nouveau vers l'état primitif,



△ Figure 12.  
Willi Hennig.

▽ Figure 13. Exemple de cladogramme, montrant des caractères numérotés où on peut reconnaître des apomorphies (points noirs), des parallélismes (points ouverts) et des réversions évolutives (points hachurés) ainsi que les changements d'états de caractères (indiqués sous chaque point).



Cladogram of the *B. potamophila* group. Only more important characters (those receiving a weight of 1 or more with the 'ccode' command) are depicted; black = apomorphy, open = parallelism, hatched = reversal.

on parle de **réversion évolutive** ; l'évolution indépendante du même état de caractère dans deux ou plusieurs branches différentes de l'arbre est appelée un **parallélisme**.

Par ailleurs, Hennig a soutenu que chaque décision taxonomique, de la définition d'une espèce à l'établissement d'un système de classification supérieure, devait être traitée comme une hypothèse provisoire à tester à l'aide de nouvelles données ou en appliquant d'autres méthodes. Divers algorithmes ont été développés pour construire un cladogramme à partir d'une matrice d'états de caractères d'un ensemble de taxons (voir aussi figure 18) et la méthode a bénéficié de l'augmentation rapide de la capacité de calcul des ordinateurs et du développement de la bio-informatique. De nouveaux domaines de recherche comme la cytologie et la chimio-taxonomie ont aussi fourni des jeux de caractères supplémentaires. Les algorithmes visaient à trouver le cladogramme qui nécessitait le plus petit nombre de changements évolutifs (ou étapes), l'argument étant que plus le nombre de changements (ou d'hypothèses) était petit, plus la phylogénie était probable. Cette idée du « moindre coût » porte le nom de **principe de parcimonie**. Le plus petit arbre est par conséquent le plus **parcimonieux**.

Dans ce contexte, on a estimé qu'une nouvelle définition de ce champ de recherche en biologie était indispensable et le terme de « **biologie systématique** » ou simplement « **systématique** » a été inventé (Michener et al. 1970). Il couvrait la description, la dénomination, la classification, l'étude des modèles de distribution (biogéographie), les relations évolutives, l'évolution des caractères et les adaptations. Le terme « **taxonomie** » se limitait alors à décrire, nommer et classer. Certains considèrent cependant les termes « systématique » et « taxonomie » comme synonymes.

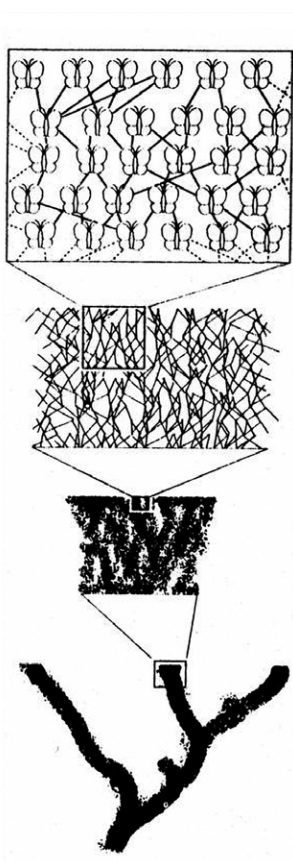
La découverte de la structure en double hélice de la molécule d'ADN en 1953, par James Watson et Francis Crick, a grandement amélioré notre compréhension des processus évolutifs. Mais ce n'est que lorsqu'il est devenu possible de cibler des fragments spécifiques du génome (ADN nucléaire, mitochondrial ou chloroplastique) en amplifiant sélectivement l'ADN par la réaction de polymérisation en chaîne (PCR) (Kary Mullis 1986) que l'ADN a commencé à avoir un impact spectaculaire sur la taxonomie et la classification. L'introduction des données de séquences d'ADN (Meier 2008) a donné accès à de nombreux nouveaux caractères et permis de nouvelles approches statistiques. Ainsi, au tournant du XXI<sup>e</sup> siècle, l'utilisation de données moléculaires et de nouveaux algorithmes de construction d'arbres tels que l'estimateur du **maximum de vraisemblance** (Maximum Likelihood) et les **statistiques bayésiennes** ont permis une nette amélioration de nos capacités à formuler des hypothèses phylogénétiques. La « robustesse » ou la fiabilité de chaque branche d'un cladogramme peut être évaluée à l'aide d'autres techniques comme le **bootstrapping** (ou rééchantillonnage statistique ; Holmes 2003) et, à nouveau, grâce aux statistiques bayésiennes. Tous ces développements ont permis de mieux comprendre la délimitation des ordres et des familles de plantes à fleurs (Angiosperm Phylogeny Group 2016) et d'améliorer leur classification sur base de relations évolutives



## 1.6 Groupes naturels, monophylie, paraphylie et polyphylie

La classification des organismes vivants en espèces, genres et rangs supérieurs s'est ainsi logiquement transformée en une quête de la meilleure hypothèse sur la structure de l'arbre évolutif, dans le but de pouvoir y distinguer des groupes naturels. Autrement dit, le cladogramme qui est produit par l'une des diverses analyses doit pouvoir être divisé en entités naturelles. Il existe cependant de nombreuses manières d'y arriver et, pour ce faire, il est impératif de procéder à des choix judicieux.

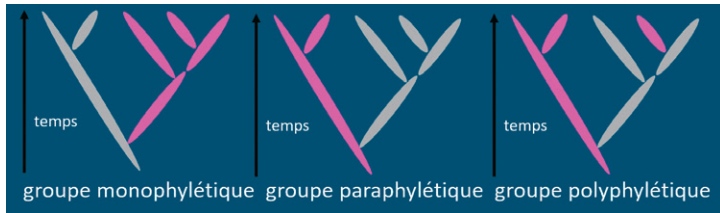
Tout d'abord, il faut comprendre qu'un cladogramme n'est pas un arbre phylogénétique mais une représentation schématique des données, montrant sur ses branches les changements d'états de caractères (morphologique, chimique ou génétique) (figure 13). Comme, en systématique, on ne vise pas à classer des caractères mais des espèces (ou des taxons), il faut transformer ce cladogramme en un véritable **arbre phylogénétique** représentant les relations ancêtres-descendants entre individus, populations ou espèces. Les branches constituent les relations évolutives entre les unités impliquées dans le processus évolutif (voir figure 14) et l'arbre phylogénétique peut donc effectivement être utilisé pour déduire une classification.



Dans notre système de nomenclature, les règles imposent aussi que certaines catégories soient obligatoires. Toutes les espèces doivent appartenir à un genre, et chaque genre doit appartenir à une famille. Lorsqu'on crée un sous-genre pour accueillir certaines des espèces d'un genre, on est obligé de créer un ou plusieurs autres sous-genres pour accueillir les espèces restantes (voir aussi le chapitre 3). Il faut garder ceci à l'esprit lorsqu'on applique des règles pour diviser un arbre phylogénétique en groupes taxonomiques formalisés.

La majorité des taxonomistes considèrent qu'une classification ne peut être naturelle que si elle est composée exclu-

◁ Figure 14. Nature des branches d'un arbre phylogénétique, avec les relations ancêtre-descendant entre organismes individuels.



sivement d'**unités monophylétiques**, c'est-à-dire de groupes d'espèces qui comprennent une espèce ancestrale, également appelée **ancêtre commun le plus récent** (ACPR), et de tous les membres qui en sont dérivés (figure 15). [Note : une espèce peut représenter un « groupe » qui ne comprend alors qu'un seul élément.] Lorsqu'un groupe comprend l'ancêtre commun le plus récent, et une partie seulement des espèces dérivées, ce groupe est dit **paraphylétique** (figure 15). Le problème est que si, mathématiquement, un cladogramme dont les taxons ne sont présents qu'aux extrémités (voir figure 13), peut être entièrement découpé en unités monophylétiques (les nœuds du cladogramme représentent la distribution des caractères des ancêtres potentiels), cela est impossible lorsqu'on utilise un arbre phylogénétique. Chaque fois qu'une nouvelle espèce se sépare de son ancêtre, elle peut initier un nouveau groupe monophylétique mais laissera toujours derrière elle un groupe résiduel paraphylétique (Brummitt 2002, Sosef 1997, Horandl 2006, Podani 2010). Beaucoup préfèrent ne distinguer que les groupes monophylétiques « les plus beaux », mais peu semblent réaliser qu'ils font ainsi inconsciemment le choix de baser leur classification sur un cladogramme plutôt que sur un arbre phylogénétique. Par conséquent, une classification monophylétique stricte est non seulement moins naturelle que celle qui autorise les groupes paraphylétiques, mais il est également impossible d'y intégrer de manière satisfaisante les espèces ancestrales encore existantes, les fossiles, et les espèces récemment éteintes. Un exemple est le tigre à dents de sabre ou le mammoth qui représentent le résidu paraphylétique d'espèces existantes et qui conduisent donc inévitablement à la non-monophylie. Une même espèce peut ainsi être monophylétique (lorsqu'elle contient tous les descendants d'un même ancêtre) ou paraphylétique (lorsqu'elle a donné naissance à une nouvelle espèce) et il est mathématiquement impossible de construire une classification strictement monophylétique avec de tels composants. Certains ont tenté de contourner cette situation en proposant de considérer toutes les espèces comme étant monophylétiques par définition, ce qui est clairement une ineptie théorique. C'est alors qu'un nouveau concept révolutionnaire d'attribution de noms, appelé le PhyloCode (de Queiroz 2006), s'est développé. À l'exception de l'espèce, cet auteur propose de rejeter l'obli-

△ Figure 15. Arbre phylogénétique illustrant les notions de monophylie, paraphylie et polyphylie (pour plus d'explications, voir texte).

gation de recourir à des rangs taxonomiques comme le genre ou la famille. Cela signifie que certaines espèces pouvaient appartenir à un genre, mais que d'autres, par exemple, n'appartenaient qu'à une famille. En théorie, il s'agit probablement d'un meilleur système de nomenclature car il permet une classification monophylétique stricte, mais les systématiciens pragmatiques ne veulent toujours pas jeter le système binomial linnéen et adopter ce nouveau système rigoureux.

Enfin, un **groupe polyphylétique** est un ensemble d'espèces dont l'ancêtre commun le plus récent appartient à un groupe différent ou dont les membres proviennent de plus d'un ACPR (voir figure 15). Lorsque, par le passé, de tels groupes ont été reconnus comme des entités taxonomiques, c'était probablement en raison de l'existence d'espèces qui partageaient un ou plusieurs caractères plésiomorphes, une ou plusieurs caractéristiques non héritées d'un ancêtre commun. Par exemple, des espèces non apparentées vivant dans un désert peuvent développer indépendamment des poils écaillés pour se protéger de la déshydratation. De tels résultats d'évolution parallèle ou convergente sont appelés **homoplasies**. Un caractère homoplasique a ainsi la même apparence mais a une origine évolutive différente. Tous s'accordent à dire que de tels groupes ne sont pas naturels et devraient être éliminés de toute classification.

Après avoir décidé quelles règles on veut suivre pour découper un arbre phylogénétique (ou un cladogramme) en taxons, il reste de nombreux choix à faire qui rendent le processus de classification et de dénomination des taxons en partie subjectif. « Quelle partie de l'arbre vais-je considérer comme un genre ? », « Ou bien serait-il préférable de l'appeler un sous-genre ? » etc. : autant de questions auxquelles il faut répondre. Privilégier les décisions qui perturberont le moins possible la classification existante est une bonne ligne de conduite qui privilégie la stabilité des noms.

## Références générales sur la systématique

- Spichiger R-E., Figeat M., Jeanmonod D. (2016) Botanique systématique avec une introduction aux grands groupes de champignons. 4<sup>ème</sup> édition. Lausanne, Presses Polytechniques et Universitaires Romandes. ISBN 978.2889151349
- Stace C.A. (1991) Plant Taxonomy and Biosystematics, 2<sup>nd</sup> ed.. London, Edward Arnold. ISBN 071.3129557
- Stuessy T.F. (2002) Plant taxonomy, the systematic evaluation of comparative data. M/s Bishen Singh Mahendra Pal Singh. ISBN 978-8121102841
- Stuessy T.F., Crawford D.J., Soltis D.E., Soltis P.L. (2015) Plant Systematics. The Origin, Interpretation, and Ordering of Plant Biodiversity. ISBN 978-3874294522



2.



## **Le concept d'espèce**

## 2.1 Qu'est-ce qu'une espèce?

Les biologistes s'accordent généralement à dire que l'espèce est une unité naturelle fondamentale. Paradoxalement, il est très difficile de définir ce qu'est exactement une espèce ! La controverse se situe plutôt au niveau théorique que pratique et est connue comme étant le « **problème de l'espèce** ».

L'un des aspects les plus fondamentaux de ce problème est la variation. La plupart, sinon toutes, les espèces animales et végétales présentent des variations, chaque individu apparaissant souvent comme unique. Au sein d'une population, la variation peut être continue (par exemple : la taille ou le poids) ou discontinue (par exemple : le sexe, les lobes de la corolle en spirale vers la droite ou vers la gauche), d'origine environnementale (par exemple : la couleur des fleurs influencée par la composition du sol) ou génétique (par exemple : le groupe sanguin). La variation peut également se manifester dans l'espace entre les populations (variation géographique). Même lorsque deux individus partagent exactement le même ADN (clones ou vrais jumeaux), ils peuvent développer des différences morphologiques sous l'influence de facteurs environnementaux ; c'est ce qu'on appelle la **plasticité phénotypique**. Le « problème de l'espèce » résulte de la manière dont les biologistes ont essayé de traiter la variation. On peut se représenter l'espèce comme une unité naturelle. Le point de vue opposé le plus extrême est que seuls les individus existent dans la nature. Selon cette vision, les groupes taxonomiques, y compris les espèces, sont considérés comme des abstractions créées par l'homme pour des raisons pratiques. Peu de scientifiques acceptent cette approche « nominaliste » des espèces mais beaucoup pensent qu'elle s'applique aux taxons de rangs supérieurs (Centre mondial de surveillance continue de la conservation de la nature 1992).

De nombreuses définitions et concepts d'espèce ont été proposés et reflètent généralement la discipline de leur auteur : le concept d'espèce taxonomique, le concept d'espèce évolutive, le concept d'espèce écologique, le concept d'espèce historique, et bien d'autres. Les concepts d'espèce peuvent être divisés en deux groupes principaux, ceux qui se focalisent sur les processus (évolution, croisement) et ceux qui donnent la priorité aux patrons de variation observés (morphologie, préférences écologiques). Les trois plus connus sont les suivants :

**Le concept d'espèce biologique.** Ce concept définit les espèces en termes d'échanges de gènes. Son plus grand défenseur a été sans aucun doute Ernst Mayr, un ornithologue. Il a défini les espèces comme « des groupes de populations naturelles interfertiles et isolées des autres groupes sur le plan de la reproduction ». Plus tard, le concept d'espèce biologique a été précisé pour devenir « une population ou un groupe de populations dont les membres peuvent se croiser dans la nature et produire une descendance viable et fertile, mais qui ne produisent pas de descendance viable et fertile avec des membres d'autres groupes ». Il s'agit encore aujourd'hui du concept d'espèce le plus largement accepté. Il explique pourquoi les individus d'une espèce se ressemblent et diffèrent de ceux des autres espèces. Ces individus échangent du matériel génétique et le transmettent à leur descendance, mais

pas aux autres espèces. Le processus évolutif est alimenté par des mutations aléatoires à l'intérieur d'un pool génétique qui a acquis une certaine forme d'isolement. Avec le temps, ces changements commencent à différencier ces populations d'autres pools génétiques similaires (ou populations). Finalement, ces différences peuvent conduire à un isolement reproductif où les pools génétiques isolés commenceront à fonctionner comme des espèces.

Les zoologistes adoptent généralement ce concept d'espèce mais il pose quelques problèmes pour les plantes. Si les hybrides sont rares chez les animaux, on sait au contraire que de nombreuses espèces végétales s'hybrident et produisent une descendance fertile (Grant 1981, Stace et al. 2015). Ce n'est que si de tels événements sont rares et que si leur descendance est moins viable, que les espèces parentes peuvent conserver leur identité génétique unique et ainsi être reconnues comme des espèces distinctes. Le concept d'espèce biologique ne s'applique cependant pas aux organismes asexués ni ne permet de définir une espèce en cas d'apomixie chez les plantes, par exemple.

**Le concept d'espèce morphologique.** Ce concept caractérise une espèce par ses particularités morphologiques et s'applique tant aux organismes asexués que sexués. Il peut s'appliquer même lorsque l'information sur le flux génique est inconnue, par exemple quand on ne dispose que de spécimens d'herbiers. Les chercheurs peuvent ne pas s'accorder sur les caractères à utiliser pour différencier les espèces, ce qui conduit à de la subjectivité.

**Le concept d'espèce évolutive.** Ce concept souligne l'importance de l'espèce en tant qu'unité évolutive. Il la définit comme « une lignée d'organismes interfertiles, isolée des autres lignées sur le plan de la reproduction, et qui a un début, une fin, une trajectoire évolutive et une histoire distinctes » (Wiley 1978). C'est certainement le concept le moins pratique, mais il considère le temps comme un élément essentiel.

Quel que soit le concept utilisé pour distinguer une espèce, la délimitation de l'espèce telle qu'un taxonomiste la propose, représente en fait une hypothèse de travail concernant les relations existant entre les individus qui la composent. Une telle hypothèse peut être testée à l'aide de preuves morphologiques, génétiques, comportementales, ...

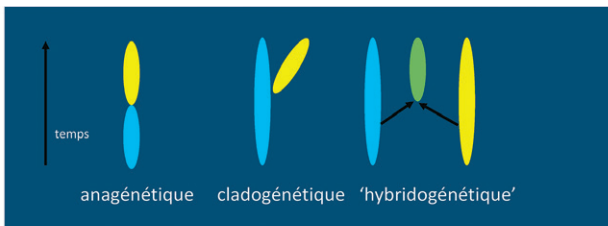
## 2.2 Spéciation

Dans un contexte évolutif, basé sur un changement progressif, les espèces sont variables dans l'espace et changent au cours du temps. Ces changements peuvent finalement entraîner la formation d'une ou de plusieurs nouvelles espèces. Ce processus comporte généralement deux étapes : l'**isolement**, où un ou plusieurs individus d'une espèce existante ne sont plus capables de se croiser et donc d'échanger de matériel génétique avec les autres individus de la même espèce, ce qui entraîne une **divergence**. Cette dernière résulte de l'accumulation, graduelle ou instantanée, de mutations aléatoires. L'acquisition de nouvelles caractéristiques peut faire que deux entités isolées deviennent



suffisamment différentes que pour être considérées comme des espèces distinctes. Ces deux processus peuvent s'influencer mutuellement. L'isolement partiel où, en de rares occasions, du matériel génétique est encore échangé, peut réduire la vitesse à laquelle deux entités peuvent diverger. De même, la divergence elle-même peut accroître l'isolement d'une population.

La figure 16 montre trois processus possibles menant à la spéciation. Le plus simple à comprendre est la « **spéciation cladogénétique** » où une partie d'une espèce existante (parfois un seul individu) est séparée puis isolée. Pensez à une graine qui est transportée par le vent au-dessus d'un océan jusqu'à une île lointaine. À son arrivée, elle fondera une nouvelle population qui fera progressivement l'objet de mutations aléatoires et qui, par conséquent, divergera des populations ancestrales présentes sur le continent. Notons qu'un tel processus, aussi appelé « **bourgeoisement** », ne modifie pas la nature de l'espèce parentale, qui peut continuer d'exister alors que la nouvelle espèce s'est différenciée. Le deuxième processus est la « **spéciation anagénétique** », dans lequel une espèce accumule lentement des mutations aléatoires au fil du temps et devient suffisamment différente de ses populations ancestrales pour être considérée comme une espèce différente. Dans ce cas, l'« **isolement** » se fait par une séparation temporelle. Les paléontologues notamment, qui travaillent avec des fossiles de différentes époques, définissent de tels groupes d'individus comme des espèces différentes. Enfin, des espèces peuvent apparaître instantanément par **hybridation**, en particulier quand celle-ci est suivie d'une duplication du génome avec pour résultat des organismes polyploïdes incapables de se croiser avec les membres des populations parentales. Ce mécanisme de spéciation est rare chez les animaux mais très courant chez les plantes (Grant 1981, Soltis & Soltis 2009).



△ Figure 16. Processus de spéciation (pour plus d'explications, voir texte).

Le processus de spéciation est étroitement lié à la présence de mécanismes d'isolement reproductif qui empêchent les croisements. Voici un aperçu de ces mécanismes, divisés en deux groupes : les mécanismes d'isolement pré-reproducteur (c'est-à-dire avant la pollinisation chez les plantes) et post-reproducteur (après la pollinisation chez les plantes).

1) **Mécanismes d'isolement pré-reproducteur** (chez les plantes) :

- a) *Isolement géographique*. Les individus sont présents dans différentes zones géographiques séparées par une barrière qui ne peut être franchie par le pollen, les graines ou les spores.
- b) *Isolement temporel*. Les individus des différentes espèces n'échangent pas de pollen parce qu'ils fleurissent à des moments différents de la journée ou à des saisons différentes.
- c) *Isolement écologique*. Les individus occupent des habitats différents et, par conséquent, le pollen n'est pas transféré à d'autres espèces ayant d'autres préférences écologiques.
- d) *Isolement comportemental*. Les espèces apparentées peuvent attirer des animaux pollinisateurs différents.
- e) *Isolement mécanique*. La non-correspondance physique des parties de la fleur empêche le transfert du pollen au style, comme dans les fleurs hétérostyles

2) **Mécanismes d'isolement post-reproducteur** (chez les plantes) :

- a) *Incompatibilité gamétique*. Le pollen atteint le style mais ne germe pas, ou le tube pollinique n'atteint pas les ovules.
- b) *Mortalité zygotique*. Le gamète mâle rencontre l'oosphère mais le zygote ne se développe pas.
- c) *Non-viabilité des hybrides*. Un embryon hybride ou une plante hybride se forme mais sa viabilité est réduite.
- d) *Stérilité des hybrides*. La plante hybride est viable mais elle est stérile et ne produit pas de graines.
- e) *Dégénérescence des hybrides*. Les hybrides de première génération (F1) sont viables et fertiles mais les générations d'hybrides suivantes (F2 et rétrocroisements) peuvent être moins viables ou stériles.

### 2.3 Taxons infraspécifiques

L'évolution est généralement un processus assez lent (à l'exception de quelques cas particuliers de spéciation par hybridation). Il peut ainsi s'écouler des milliers d'années avant qu'une population qui s'est isolée ne devienne une espèce distincte. Certaines mutations de l'ADN peuvent apparaître, puis disparaître à nouveau, tandis que d'autres subsistent sans nécessairement entraîner de différenciation phénotypique. Par conséquent, lorsqu'on observe le monde vivant, on constate des variations à de nombreux niveaux et qui résultent de divers processus. Nous pouvons très bien être les témoins d'un

épisode du processus de spéciation et observer une espèce en devenir. Dans certains cas, lorsque le schéma est discontinu, nous pouvons saisir cette variation au sein de taxons infraspécifiques distincts. Bien que les zoologistes ne reconnaissent comme niveau infraspécifique que les sous-espèces, pour les plantes et les champignons on accepte aussi les variétés et les formes.

Une **sous-espèce** est définie comme une fraction d'une espèce (une ou plusieurs populations) qui est morphologiquement ou génétiquement distincte et qui occupe généralement une région géographique distincte.

Une **variété** est définie comme une fraction d'une espèce (une ou plusieurs populations) qui est morphologiquement ou génétiquement distincte mais qui se trouve généralement dans l'aire de répartition générale de l'espèce dans son ensemble. Elle occupe souvent un habitat différent et est donc écologiquement distincte.

Une **forme** est définie comme une fraction d'une espèce qui est morphologiquement ou génétiquement distincte mais qui est le résultat d'une mutation qui s'est produite sporadiquement au sein d'une population.

### Concept d'espèce

- Mayr E. (1982) *The Growth of Biological Thought*. Cambridge (MA), Harvard University Press. ISBN 978-0-674-36445-5.
- Pavlinov I., editor (2013) *The Species Problem. Ongoing Issues*. DOI : 10.5772/3313. ISBN 978-953-51-0957-0. <https://www.intechopen.com/books/the-species-problem-ongoing-issues>
- Reydon T.A.C., Kunz W. (2019) Species as natural entities, instrumental units and ranked taxa: new perspectives on the grouping and ranking problems. *Biological Journal of the Linnean Society* 126 : 623–636. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blz013>
- Rieseberg L.H., Wood T.E., Baack E.J. (2006) The nature of plant species. *Nature* 440: 524–527. doi:10.1038/nature04402.

3.



## **Règles de nomenclature botanique**



Une fois que la variation des caractères au sein d'un groupe a été étudiée et que des conclusions ont été tirées concernant les entités ou taxons à distinguer, la question se pose de savoir quels sont les noms corrects de ces taxons. C'est ici que l'on entre dans le domaine de la nomenclature botanique.

### 3.1 Le Code international de nomenclature botanique (CINB)

Après 1753, lorsque Linné eut introduit son système binomial, seules quelques règles élémentaires pour nommer les plantes ont été formulées. En 1813, Augustin de Candolle, dans sa *Théorie élémentaire de la Botanique*, publie un ensemble détaillé de règles concernant la nomenclature des plantes. Avec le temps, il devenait cependant évident qu'un système et des règles de dénomination des plantes reconnus et acceptés au niveau international étaient nécessaires. C'est Alphonse de Candolle, fils d'Augustin de Candolle, qui convoque une assemblée de botanistes de plusieurs pays pour mettre au point un nouvel ensemble de règles de nomenclature. En 1867, il organise à Paris le premier Congrès international de botanique (CIB) qui aboutit à la publication du Code de Paris. Les réunions suivantes du CIB ont eu lieu en 1892 (Code de Rochester), 1905 (Code de Vienne), 1907 (Code américain) et 1912 (Code de Bruxelles). Un accord général concernant des règles universelles pour la nomenclature des plantes n'a toutefois été conclu qu'en 1930 lors du congrès de Cambridge. Pour la première fois dans l'histoire de la botanique, un code de nomenclature à la fois international dans sa fonction et dans son nom a vu le jour : **le Code international de nomenclature botanique (CINB)**. Il est constitué aujourd'hui de principes, règles et recommandations énoncés dans 61 articles, ainsi que de dispositions relatives à la gouvernance du Code. Il ressemble beaucoup à un ouvrage juridique. Depuis 1930, de nombreuses mises à jour du CINB ont été réalisées. En 2011, son nom a été modifié en « **Code international de nomenclature des algues, champignons et plantes (CIN)** ». Il couvre également les fossiles de ces groupes (voir Turland et al. 2018).

Les propositions d'amendement du Code sont publiées dans la revue *Taxon*. Tous les 6 ans, au début du Congrès international de botanique, lors de la « Session Nomenclaturale » qui peut durer une semaine entière, les taxonomistes du monde entier se réunissent pour discuter de toutes les propositions publiées depuis leur dernière conférence. Chaque institut dispose d'un certain nombre de voix qui est fonction du nombre de ses chercheurs. Les modifications apportées aux règles de nomenclature botanique suivent ainsi un processus démocratique.

Les règles de nomenclature les plus importantes sont décrites ci-dessous. Pour plus de détails ou dans des cas plus complexes, il convient de consulter la dernière édition du Code. Bien qu'elle ait été traduite dans plusieurs autres langues, la version anglaise constitue la seule version officielle du Code.

### 3.2 Du Règne à la sous-forme, catégories obligatoires

Tout groupe taxonomique, qu'il s'agisse d'une famille, d'une espèce ou d'une variété, est appelé un « taxon ». Les noms de taxons supérieurs au rang

d'espèce sont composés d'un seul mot ; les noms de sous-tribus et de rang supérieur ont une terminaison spécifique. Seuls certains rangs taxonomiques sont obligatoires. On trouvera ci-dessous une liste des taxons les plus couramment utilisés chez les plantes, les algues et les champignons avec leur terminaison. Les rangs obligatoires sont indiqués en **gras**.

RANG	PLANTES	ALGUES	CHAMPIGNONS
Règne/Regnum	-tae		
Division/Phylum	-phyta		-mycota
Sous-division/Sous-phylum	-phytina		-mycotina
Classe	-opsida	-phyceae	-mycetes
Sous-classe	-idae	-phycidae	-mycetidae
Super-ordre	-anae		
Ordre	-ales		
Sous-ordre	-ineae		
Super-famille	-acea		
Famille	-aceae		
Sous-famille	-oideae		
Tribu	-eae		
Sous-tribu	-inae		

Les noms de taxons de rang inférieur à la sous-tribu n'ont pas de terminaison particulière. Les plus importants sont (en gras, les rangs obligatoires) :

- Super-genre
- Genre**
- Sous-genre
- Section
- Espèce**
- Sous-espèce
- Variété
- Sous-variété
- Forme
- Sous-forme

Les noms de taxons non obligatoires sont composés d'un seul mot placé à la suite du nom obligatoire de rang juste supérieur. Le nom d'une espèce est composé du nom du genre suivi de l'indication de l'espèce, sous forme

d'un deuxième mot appelé l'**épithète**. Le nom d'un rang infraspécifique est également composé d'un seul mot. L'épithète de l'espèce et tous les noms infraspécifiques commencent toujours par une lettre minuscule, ceux des rangs au-dessus de l'espèce débutent par une lettre majuscule. Quelques exemples :

*Amanita* sous-gen. *Amanitopsis*

*Begonia* sect. *Scutobegonia*

Poaceae tribu Andropogoneae

*Monotes rubriglans* sous-esp. *upembensis*

*Chlorophytum gallabatense* var. *micranthum*

### 3.3 Le concept de type

Les noms des taxons de rang supérieur à la famille peuvent être déterminés par le nom d'un genre qui leur appartient (p. ex. l'Ordre des Asparagales est dérivé du nom générique *Asparagus*) ou peuvent être des noms descriptifs (comme la Division Spermatophyta). L'application des noms de taxons au rang de la famille ou à un rang inférieur est réglée au moyen de types nomenclaturaux. Un type nomenclatural est l'élément auquel un nom est attaché de façon permanente, peu importe que celui-ci soit le nom accepté ou un synonyme d'un autre nom.

Le type d'un nom d'espèce ou de taxon infraspécifique est soit un spécimen unique conservé dans un herbier, soit une illustration. Le type d'un nom de genre (ou de toute subdivision d'un genre) est le spécimen-type (ou l'illustration) du nom de l'espèce-type (la première espèce décrite dans le genre ou désignée comme telle par l'auteur du genre). Le type d'un nom de famille (ou de toute subdivision d'une famille) est le même que celui du nom générique à partir duquel il est formé. Notons que le type nomenclatural n'est pas nécessairement l'élément le plus typique ou le plus représentatif d'un taxon. Pour en savoir plus sur les types, voir le paragraphe 3.5 ci-dessous.

### 3.4 Publication valide et effective

La publication originale (la première) d'un nom s'appelle le **protologue**. En vertu des règles du Code, le protologue doit remplir plusieurs conditions pour que le nom soit officiellement accepté. Si ce n'est pas le cas, le nom n'est pas accepté par le CIN et est rejeté. La condition la plus importante est que le nouveau nom soit effectivement et valablement publié.

Pour être **effectivement** publié, le nom doit être publié et mis à disposition dans (au moins) deux endroits accessibles au public (par exemple : des bibliothèques) (Art. 29). Depuis le 1<sup>er</sup> janvier 2012, une publication sous format électronique (PDF) est également acceptée lorsqu'elle est assortie d'un numéro ISSN ou ISBN.

Pour être **valablement** publié, un nouveau nom (au rang de genre ou inférieur) doit être :

- effectivement publié ;
- associé au rang taxonomique qu'il représente (Art. 37), à partir du 1<sup>er</sup> janvier 1953 ;
- accompagné d'une description ou d'une **diagnose** indiquant en quoi il diffère des taxons apparentés. Entre le 1<sup>er</sup> janvier 1935 et le 31 décembre 2011, les descriptions ou diagnoses devaient obligatoirement être écrites en latin ; depuis le 1<sup>er</sup> janvier 2012, l'anglais est également accepté (Art. 39) ;
- accompagné de l'indication du spécimen-type, à partir du 1<sup>er</sup> janvier 1958 (Art. 40.1). Pour les noms publiés après le 1<sup>er</sup> janvier 1990, l'Herbier où le spécimen-type a été déposé doit également être indiqué (Art. 40.7). Les Herbiers sont généralement cités par leurs acronymes standardisés publiés par Thiers (mis à jour continuellement).

En botanique, le nom de l'épithète spécifique ne peut pas être le même que le nom du genre alors qu'en zoologie, ceci est autorisé (par ex. *Bufo bufo* pour le crapaud commun, ou *Giraffa giraffa* pour la girafe du Sud). Un tel nom est appelé un **tautonyme** et est invalide selon le Code de nomenclature botanique.

Il arrive parfois qu'un taxonomiste publie un nom qui est exactement le même qu'un autre nom déjà publié. Les deux noms sont alors appelés **homonymes** et le plus récent est **illégitime** selon le Code botanique.

### 3.5 Types

Il est essentiel pour la nomenclature des plantes (et des animaux) d'associer à chaque nom le spécimen-type correct. Des règles ont été mises en place pour traiter les situations où le type est ambigu.

En botanique, une collecte d'un spécimen de plante est généralement référencée en citant le nom du collecteur suivi de son numéro de collecte unique, par exemple *Lebrun 1234*. [Quand un code-barre est associé au spécimen, il peut aussi être cité.] Sur le terrain, un collecteur prélève souvent plusieurs échantillons ou spécimens d'une même plante ou d'une même population auxquels est attribué le même numéro de collecte (*Lebrun 1234*). Une même collecte peut ainsi être constituée de plusieurs doubles qui sont souvent envoyés à différents Herbiers dans le cadre d'un échange de matériel. Cependant, le type du nom d'une plante ne peut être qu'un seul spécimen, indiqué comme **holotype**. Tous les doubles existants de l'holotype sont appelés des **isotypes**. Bien que les isotypes puissent être très utiles pour la recherche, lorsqu'il s'agit d'appliquer les règles nomenclaturales, seul l'holotype est pris en compte. Une plante ou un champignon séché, mais également une illustration, peuvent servir d'holotype.



Lorsque le protologue ne mentionne pas explicitement l'existence d'un ou de plusieurs doubles, le spécimen présent dans l'herbier où l'auteur a travaillé ou auquel il a eu accès de façon certaine lors de la préparation de la description du nouveau taxon, peut être considéré comme l'holotype.

Toutes les autres collectes citées dans le protologue, mais ne faisant pas partie de la collecte type, sont appelées **paratypes**.

Avant 1958, il n'était pas obligatoire d'indiquer le spécimen-type d'un nouveau nom. Par conséquent, les publications antérieures à cette date présentent souvent des protologues qui ne mentionnent pas de type mais qui citent plusieurs collectes étudiées par l'auteur pour décrire le nouveau taxon. Toutes celles-ci sont dès lors considérées comme le « matériel original » et sont appelées **syntypes**. Comme un nom ne peut avoir qu'un seul type, il faut choisir ce type parmi le matériel original (les collectes citées et tous leurs doubles). Ce type choisi est appelé **lectotype**. Les doubles du lectotype sont appelés **isolectotypes**. Lorsqu'on publie une lectotypification, il est obligatoire d'ajouter la mention « désigné ici ». Une fois qu'une collecte type est attribuée au nom, les syntypes restants deviennent automatiquement des paratypes.

Dans le cas où tout le matériel original, y compris toutes les illustrations pertinentes, a été perdu, on est autorisé (après avoir apporté la preuve d'une recherche exhaustive) à sélectionner un nouveau type qui est appelé le **néotype**. Les doubles du néotype deviennent alors des **isonéotypes**. Lors de la désignation d'un néotype, on essaie de sélectionner du matériel qui a été récolté dans la même localité que le type original ou à proximité, mais ce n'est pas obligatoire. En général, on essaie de sélectionner un néotype dont la stabilité nomenclaturale est garantie, ce qui ne nécessite pas de changements de nom.

Enfin, le matériel holotype peut parfois être trop fragmentaire pour pouvoir établir la diagnose adéquate d'un taxon (le type pouvant aussi être une illustration où certains détails n'apparaissent pas). Dans ce cas, il est permis de sélectionner un « type supplétif » appelé **épitype**, de manière à ne laisser aucun doute sur l'identité du taxon concerné. Là encore, il est important de choisir l'épitype avec discernement afin de garantir la stabilité de la nomenclature.

Soulignons que le Code définit un « spécimen » comme étant une collecte d'une seule espèce (ou d'un taxon infraspécifique) mais qui peut comprendre un seul organisme, des parties d'un ou de plusieurs organismes ou de multiples petits organismes. Un spécimen est généralement fixé sur une seule planche d'herbier ou rangé dans une boîte, un paquet, un bocal ou encore monté sur une lame microscopique.

## Exemples concernant les types

### Citation de l'holotype et des isotypes :

*Solanum aculeastrum* Dunal (1852 : 366). – Type : Afrique du Sud, Cape of Good Hope, eastern part near Morleg, 1500 ft, 1838, Drège s.n. (holo- : G-DC ; iso- : AD, BM, K, P).

Explication : le protologue du nom d'espèce *Solanum aculeastrum* a été publié par Dunal en 1852. Le protologue mentionne que Dunal a vu un seul spécimen collecté par Drège, sans numéro de collecte (s.n. = *sine numero*), et précise qu'il l'a vu dans l'herbier de De Candolle conservé à Genève. Par conséquent, ce spécimen (à G-DC) doit être considéré comme l'holotype. Plus tard, des doubles de cette collecte ont été identifiés dans les herbiers d'Adelaïde State Herbarium, du British Museum (BM), des Royal Botanic Gardens, Kew (K) et du Muséum national d'Histoire naturelle, Paris (P).

### Désignation d'un lectotype :

*Antheophora elegans* Schreb. var. *africana* Pilg. (Pilger 1901 : 119). – Type : D.R. Congo, Stanley-Pool, Juin 1899, *Schlechter* 12508 (lectotype : B [B 10 0168252], **désigné ici** ; isolectotypes : B [B 10 0168251], BR [BR0000013591571], K [K000281098], P).

Explication : le protologue de *Antheophora elegans* var. *africana* cite quatre spécimens, *Buchholz* 1875, *Dinklage* 464, *Dewèvre* 120 et *Schlechter* 12508 qui sont considérés comme des syntypes et constituent le matériel original. Vu que l'auteur travaillait à Berlin (B), le lectotype devait de préférence y être localisé. Mis à part le spécimen de *Schlechter*, aucun n'est présent à B et ils ont probablement été détruits dans l'incendie de 1943. A Berlin étaient conservées deux planches de *Schlechter* 12508 : une sans épillets, l'autre avec quelques épillets dans une enveloppe collée sur la planche d'herbier. Cette dernière est choisie comme lectotype, avec des doubles au Jardin botanique de Meise, Belgique (BR), aux Royal Botanic Gardens, Kew (K) et au Muséum national d'Histoire naturelle, Paris (P). Les codes-barres disponibles sont ajoutés aux spécimens.

### Désignation d'un néotype (représenté par une illustration, aussi indiquée comme iconotype, figure 17) :

*Dracaena sanderiana* Sander ex Mast. (Masters 1892 : 731). — Neotype (**désigné ici**) : Gard. Chron., ser. 3, 13 : 445 (1893), f. 65 (iconotype).

Explication : *Dracaena sanderiana* a d'abord été présenté par l'horticulteur Sander à l'exposition internationale de Earl's Court (1892), et publié la même année par Masters avec une description mais sans illustration. Le matériel original de la plante exposée n'a pas pu être retrouvé et n'a probablement pas été conservé. Un an plus tard, *D. sanderiana* était présenté par Sander à Gand et une illustration publiée dans Gard. Chron., ser. 3, vol. 13 (1893). Cette illustration représente plus que probablement la même plante que celle présentée en 1892 et est donc choisie ici comme le néotype.

### 3.6 Noms d'auteurs, nouveaux noms de taxons, nouvelles combinaisons

La personne qui publie un nouveau nom de taxon est l'auteur de ce nom et figure formellement après le nom du taxon concerné. Le nom de l'auteur est souvent abrégé. Des abréviations standards ont été publiées par Brummitt & Powell (1992) et une base de données en ligne est désormais tenue à jour par l'IPNI (<http://www.ipni.org>).

Il arrive qu'un auteur publie un nom de taxon dans le cadre de la publication d'un autre auteur (soit sous forme de chapitre d'un livre, soit simplement d'une partie d'un article dont ils sont coauteurs). Dans ce cas, on peut citer les deux auteurs en utilisant le terme « in ». Par exemple, *Verrucaria aethiobola* Wahlenb. in *Acharius, Methodus*, Suppl.: 17. 1803. Le CIN considère que la mention venant après Wahlenb. constitue une référence bibliographique et ne fait donc pas partie du nom.

Dans d'autres situations, un auteur peut publier valablement un nom de taxon mais l'attribuer à une autre personne, par exemple lorsque cette dernière a suggéré le nom (sur une étiquette d'herbier ou même oralement) mais ne l'a pas publié. Dans ce cas, le nom de cette personne est indiqué mais est suivi de « ex » et du nom de l'auteur qui l'a valablement publié, par exemple *Acalypha racemosa* Wall. ex Baill. Dans ce cas, Baillon a publié valablement le nom *Acalypha racemosa* mais celui-ci avait déjà été proposé pour cette espèce par Wallich. Il est aussi accepté d'omettre le nom du premier auteur et de citer simplement cette espèce comme *Acalypha racemosa* Baill.

Le fait qu'un auteur publie un nouveau nom de taxon est souvent indiqué en ajoutant l'abréviation **spec. nov.** ou **genus nov.** ou **subsp. nov.**, etc. à la suite du nom.

Lorsqu'un auteur déplace une espèce d'un genre à un autre, l'épithète est transférée au nouveau genre tandis que l'auteur original est placé à la suite entre parenthèses, suivi de l'auteur à l'origine du transfert, par exemple *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone. Cette espèce a été appelée à l'origine *Pennisetum purpureum* par Schumacher (1827) et transférée au genre *Cenchrus* par Morrone (2010). Notons le changement de genre de l'épithète en accord avec la grammaire latine. Le nom *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone est appelé une **combinaison nouvelle** (souvent abrégée **comb. nov.**) car il combine l'épithète originale (d'après le protologue) avec le nom d'un autre genre. Le nom qui a fourni l'épithète de la nouvelle combinaison est appelé le **basionyme**, dans ce cas-ci *Pennisetum purpureum* Schumach.



△ Figure 17. Néotype (iconotype) de *Dracaena sanderiana* Sander ex Mast. in *Gard. Chron.*, ser. 3, 13 : 445 (1893), f. 65.

La même situation se présente lorsqu'un auteur remet en question le rang taxonomique d'un nom. Par exemple, dans *Cenchrus polystachios* (L.) Morrone subsp. *atrichus* (Stapf & C.E.Hubb.) Morrone, le nom *Pennisetum atrichum* Stapf & C.E.Hubb., basionyme, a été transféré à une sous-espèce de *Cenchrus polystachios* par Morrone. Le nom *Cenchrus polystachios* (L.) Morrone subsp. *atrichus* (Stapf & C.E.Hubb.) Morrone est non seulement une nouvelle combinaison (**comb. nov.**, car le basionyme a été transféré à un autre genre) mais a aussi donné au taxon un **nouveau statut taxonomique** ou rang, souvent indiqué en faisant suivre le nouveau nom de **stat. nov.**

### 3.7 Noms acceptés et synonymes : la règle de priorité

La taxonomie est une discipline dynamique et les changements sont souvent la conséquence d'une amélioration de la connaissance, vers une classification plus naturelle. Cela signifie qu'une publication peut fournir de nouvelles données qui étayent une nouvelle vision de la variation existant au sein d'une espèce ou qui précisent la délimitation des genres, des familles, etc. Il est important de comprendre qu'une telle vision représente une nouvelle hypothèse, une nouvelle opinion, supportée par des arguments logiques. À travers ce processus, la classification ou le cadre taxonomique doit s'améliorer et évoluer vers une situation stable. Toutefois, certains auteurs peuvent exploiter les mêmes données pour appuyer d'autres hypothèses en faveur d'une classification différente. Il est alors difficile de dire laquelle est « correcte » car nous ne pourrions jamais reconstruire complètement les voies de l'évolution.

En étudiant un groupe de taxons, un auteur peut considérer que deux (ou plusieurs) noms représentent la même unité taxonomique. Selon le concept de type, cela signifie que l'auteur en question considère que les spécimens-types de ces deux noms appartiennent au même taxon. Par exemple, Clayton & Renvoize (1982) ont considéré que les noms d'espèces suivants, dans l'ordre alphabétique, représentaient une seule et même espèce de graminée :

*Pennisetum angolense* Rendle (Rendle 1899 : 189).

*Pennisetum giganteum* A.Rich. (Richard 1850 : 382).

*Pennisetum macrourum* Trin. (Trinius 1826 : 64).

*Pennisetum scaetiae* Robyns (Robyns 1934 : 3).

*Pennisetum stenorrhachis* Stapf & C.E.Hubb. (Stapf & Hubbard 1933 : 270).

Ceci implique que ces cinq noms sont tous des **synonymes**, mais les règles de nomenclature stipulent aussi qu'un seul d'entre eux peut être le **nom accepté**. Alors, lequel choisir ? Il faut ici appliquer la **règle de priorité** (principe III du Code), qui impose que le synonyme le plus ancien a priorité sur les autres. Dans ce cas, le nom correct et accepté pour cette espèce est *Pennisetum macrourum* Trin. puisqu'il a été publié en 1826.

La règle de priorité s'applique à tous les niveaux taxonomiques. En 2010, par exemple, Morrone a publié un article dans lequel il a fusionné le genre *Pennisetum* Rich. (Richard in Persoon 1805 : 72) avec *Cenchrus* L. (Linnaeus



1753 : 1049). La règle de priorité indique que le nom de genre *Cenchrus* est prioritaire sur le nom de genre *Pennisetum*. Dans sa nouvelle circonscription, le genre devrait donc être appelé *Cenchrus*.

Si nous suivons l'avis de Morrone (2010), le nom accepté pour l'espèce *Pennisetum macrourum* Trin. devient donc *Cenchrus macrourus* (Trin.) Morrone. Notons que si un autre auteur réfutait cette hypothèse et préconisait le maintien du genre *Pennisetum*, deux noms acceptés coexisteraient pour la même espèce selon le point de vue scientifique défendu.

Il faut souligner que la règle de priorité ne s'applique qu'aux noms de même rang taxonomique ! Dans l'exemple précédent, si le nom *Pennisetum polystachion* (L.) Schult. var. *africana* Thunb. (Thunberg 1794 : 101) avait été synonyme des cinq autres noms de *Pennisetum* mentionnés, il aurait été le plus ancien nom disponible. Cependant, s'agissant d'un nom correspondant à un rang de variété, il n'a pas priorité sur les noms au rang d'espèce. Si l'auteur Xxx voulait élever cette variété au rang d'espèce (comme *Pennisetum africanum* (Thunb.) Xxx), la date de publication de ce nom serait la date de publication de la nouvelle combinaison. En toute logique, si le taxon *Ixora aneimenodesma* K.Schum. subsp. *kizuensis* De Block n'a pas de synonyme et qu'un auteur Xxx veut l'élever au rang d'espèce, il a deux options : 1) publier le nom *Ixora kizuensis* (De Block) Xxx ; ou 2) publier un nouveau nom d'espèce (par exemple *Ixora congoensis* Xxx), avec le nom de la sous-espèce comme synonyme. L'option 2 n'est pas considérée comme « élégante » car elle fait disparaître l'auteur original du nouveau nom. Cependant, si le nom *Ixora kizuensis* a déjà été attribué à une autre espèce, il n'est plus permis de l'utiliser à nouveau ; le nom est déjà 'occupé'. Dans ce cas, on est forcé de choisir un nouveau nom, comme par exemple *Ixora deblockiae* Xxx pour honorer l'auteur original. La nécessité de créer un **nouveau nom** pour un taxon décrit précédemment est souvent indiquée par le suffixe **nom. nov.**

Il y a deux exceptions à la règle de priorité. Premièrement, il existe huit familles et une sous-famille pour lesquelles deux noms sont autorisés (CIN Art. 18.5, 19.8). Ces noms sont appelés **nomina alternativa** (ou **nom. alt.**). Une liste de ces noms de familles et sous-famille alternatifs est présentée ci-dessous. Dans une même publication, il est conseillé, le cas échéant, d'utiliser les noms figurant dans une même colonne.

Apiaceae	Umbelliferae
Arecaceae	Palmae
Asteraceae	Compositae
Brassicaceae	Cruciferae
Clusiaceae	Guttiferae
Fabaceae incl. subfam. Faboideae	Leguminosae incl. subfam. Papilionoideae
Lamiaceae	Labiatae
Poaceae	Gramineae

La seconde exception est que l'application stricte des règles établies dans le CIN peut entraîner des changements « indésirables » et, donc, une grande instabilité de la nomenclature au sein d'un groupe taxonomique. Dans ce cas, on peut proposer de conserver ou de rejeter un nom particulier. En cas d'ambiguïté concernant le spécimen-type, une proposition similaire de conservation d'un type peut être formulée. Pareilles propositions doivent être publiées dans la revue *Taxon* et sont ensuite votées lors du Congrès international de botanique suivant. Les noms ou les types conservés ou rejetés sont généralement suivis de **nom. cons.**, **nom. rej.** ou **type cons.**

### 3.8 Hybrides

Dans le Code, les noms des taxons hybrides sont traités dans un chapitre distinct. Ils peuvent être reconnus par l'utilisation du signe de multiplication  $\times$  ou par le préfixe « notho- » ajouté au rang du taxon. Un nom de **nothoespèce**, composé d'un nom de genre (ou d'un nom de nothogénère, voir ci-dessous) et d'une épithète, indique un hybride entre deux individus d'espèces différentes. Le nom d'un **nothogénère** est un mot unique utilisé lorsqu'un hybride est issu d'individus d'espèces appartenant à des genres différents. Il est souvent composé de parties des noms des deux genres concernés.

Par exemple, l'hybride entre *Oenothera biennis* L. et *Oenothera villosa* Thunb. peut être désigné par la **formule hybride** *Oenothera biennis* L.  $\times$  *Oenothera villosa* Thunb., ou par la nothoespèce *Oenothera*  $\times$  *drawertii* Renner ex Ros-tański.

Le nothogénère  $\times$ *Festulolium* Asch. & Graebn. rassemble des individus issus d'une hybridation entre des espèces du genre *Festuca* L. et du genre *Lolium* L. La nothoespèce  $\times$ *Festulolium loliaceum* (Huds.) P.Fourn. désigne l'hybride entre *Festuca pratensis* Huds. et *Lolium perenne* L., qui peut également être indiqué par la formule hybride *Festuca pratensis* Huds.  $\times$  *Lolium perenne* L.

### 3.9 Plantes cultivées

Les noms de plantes cultivées ne sont pas réglementés par le CIN mais par le Code international pour la nomenclature des plantes cultivées (CINPC).

Les formes cultivées ne peuvent être attachées qu'à trois catégories, le **Cultivar**, le **Groupe** ou **Groupe de cultivars** et le **grex**. Ce dernier n'est utilisé que dans la culture des orchidées et indique la descendance hybride combinée de tout croisement entre deux mêmes entités (taxons ou cultivars). Un cultivar, en abrégé **cv.**, est une forme très spécifique issue de n'importe quel type de sélection ou qui peut avoir été prélevée directement dans la nature. Il s'agit d'un nom non latin ajouté à la suite du nom du taxon dont il est issu, par exemple *Solanum tuberosum* L. cv. Gogu valley, également écrit *Solanum tuberosum* 'Gogu valley'. Lorsque l'espèce à laquelle appartient un cultivar n'est pas claire, le nom du cultivar peut suivre directement le genre, par exemple *Rosa* cv. Penelope. Un nouveau nom de cultivar ne peut être officiellement enregistré que par

une Autorité internationale approuvée par le Comité pour la nomenclature et l'enregistrement des cultivars de la Société internationale de la Science horticole (SISH). A chaque Autorité est attribué un groupe taxonomique particulier. Une fois que l'Autorité a officiellement approuvé l'enregistrement d'un nouveau nom de cultivar, la personne qui a fourni les informations « possède » les droits sur ce nom et peut alors commercialiser le nom et les plantes, ce qui s'apparente à un brevet. Un groupe de cultivars, en abrégé **cv. gr.**, comprend des cultivars ayant une caractéristique commune. On pourrait, par exemple, créer un groupe de cultivars pour toutes les roses jaunes. Il est dès lors évident que les noms des plantes cultivées ne témoignent pas d'une classification naturelle puisqu'ils n'ont pas besoin d'indiquer ou de refléter d'ascendance commune.

Dans la littérature sur les plantes cultivées, on peut régulièrement rencontrer des « variétés » ou des « formes ». Dans la mesure du possible, l'utilisation de ces termes devrait être réservée à des descriptions informelles de la variation observée chez les plantes cultivées, mais sans créer de nouveaux noms de taxons conformes au CIN.

## **Code International de Nomenclature pour les algues, les champignons et les plantes**

Version anglaise (seule version officielle) :

International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code). Regnum Vegetabile 159. Koeltz Scientific Books. <http://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php?page=title>

Version française :

Code International de Nomenclature pour les algues, les champignons et les plantes (Code de Shenzhen). Traduction française de Pierre-André Loizeau, Anouchka Maeder & Michelle J. Price. Conservatoire et Jardin botaniques de la Ville de Genève. <https://doi.org/10.5281/zenodo.2558315>

## **Noms scientifiques et types**

- International Plant Name Index : <https://www.ipni.org>
- Tropicos : <http://www.tropicos.org>
- World Flora Online : <http://www.worldfloraonline.org>
- African Plant Database : <http://www.ville-ge.ch/musinfo/bd/cjb/africa/index.php>
- Linnaean Typification Project : <http://www.nhm.ac.uk/our-science/data/linnaean-typification>
- Global Plants : <https://plants.jstor.org>



4.



## **L'art de l'identification**



Dans les chapitres précédents, nous avons mentionné que la science taxonomique avait pour objectif d'organiser, en entités distinctes, l'immense diversité des organismes vivants. A ce titre, elle fournit les outils indispensables à la communication scientifique sous forme de noms et d'une classification. Pour pouvoir conduire une recherche, protéger la nature, utiliser les plantes à des fins médicinales, il est essentiel d'avoir accès à toute l'information disponible. Les ressources en ligne connaissent une croissance exponentielle. Cependant, avant de pouvoir exploiter les informations disponibles, par exemple sur une espèce ou un genre, il est nécessaire de connaître le nom du taxon concerné. Rares sont les spécialistes qui peuvent identifier de mémoire les organismes vivants, surtout en région tropicale où la diversité est élevée. Les taxonomistes ont donc mis au point des outils pour pouvoir identifier le matériel de manière fiable.

#### 4.1 Clés de détermination

Une clé de détermination est un outil pratique utilisé par des spécialistes et des non-spécialistes pour identifier les plantes, les champignons ou les animaux, au niveau de la famille, de la tribu, du genre, de l'espèce, ... Elle est souvent la partie la plus utilisée d'une publication taxonomique et mérite donc la plus grande attention de la part du chercheur qui la construit !

Pour pouvoir utiliser une clé d'identification, il faut au moins disposer de connaissances de base sur la morphologie et la terminologie des plantes ou des champignons. L'utilisation d'un glossaire botanique de qualité peut s'avérer utile (voir l'encadré à la fin de ce chapitre).

##### *Comment utiliser une clé ?*

Une clé d'identification est une sorte de « jeu » de questions-réponses où l'utilisateur est invité à observer (attentivement !) des caractères spécifiques. Par exemple (voir ci-dessous), une clé d'identification peut utiliser le caractère « couleur de la fleur ». L'utilisateur est invité à choisir entre les états « jaune » ou « blanc ». Si la fleur est jaune, il poursuit avec la question numéro 2, si elle est blanche, il passera à la question numéro 10. La première partie de la clé d'identification se présente alors comme suit :

- 1.     -   Fleurs jaunes ..... 2
- Fleurs blanches ..... 10
- 2.     -   ...
- ...

Dans l'exemple ci-dessus, chaque question, appelée un **couplet** de la clé, présente deux **propositions**. Il est évident que les deux options doivent s'exclure mutuellement, sans montrer de chevauchement. Après avoir répondu correctement à une série de questions, l'utilisateur est informé du nom de la plante (ou du champignon, ou de l'animal).

L'utilisateur a généralement le choix entre deux options et, dans ce cas, la clé est dite **dichotomique**. Certaines clés donnent le choix entre trois propositions, voire davantage (dans l'exemple ci-dessus, on pourrait ajouter « Fleurs bleues » et « Fleurs rouges » pour arriver à quatre propositions). De telles clés sont appelées **polytomiques**. Une telle structure est jugée moins pratique et plus sujette à des erreurs d'identification. On peut facilement éviter leur usage en combinant plusieurs états en une seule option, comme par exemple.

1.	-	Fleurs jaunes, bleues ou rouges .....	2
	-	Fleurs blanches .....	10
2.	-	Fleurs jaunes .....	3
	-	Fleurs bleues ou rouges .....	6
3.	-	Rameaux épineux .....	<i>Rosa banksiae</i>
	-	Rameaux sans épines.....	4
...			
6(2)	-	Étamines ....	
	-	...	
...			
10(1)	-	Feuilles ....	
	-	...	

Notons que la question 3 fournit le nom de la plante et que les questions 6 et 10 indiquent, entre parenthèses, quelles questions y ont mené. Cette information aide simplement l'utilisateur à garder un fil conducteur et n'est généralement utilisée que lorsque l'on a fait un « saut » relativement important dans la clé.

Il n'existe que deux formes de clés dichotomiques. La forme illustrée ci-dessus, où les deux options se suivent directement, est appelée une **clé à créneaux**. La seconde forme, dans laquelle les deux options sont séparées, est appelée une **clé indentée**. Voici un exemple de clé indentée (adapté d'une clé des espèces de *Solanum* en Afrique, Vorontsova & Knapp 2016) :

1. Fleurs à étamines de différentes longueurs
  2. Feuilles orbiculaires à réniformes, 1,2-2,5 cm de long, plus larges que longues. Pétioles plus longs que les feuilles. Rare dans le nord-est de la Somalie .....*S. cymbalariaefolium*
  2. Feuilles ovales à elliptiques ou lancéolées, 2-14 cm de long, plus longues que larges. Pétioles plus courts que les feuilles. Zones arides de l'est et du nord-est de l'Afrique
  3. Epines des tiges denses, aciculaires, de moins de 0,5 mm de large à la base, jaune pâle. Fruit entièrement caché par le calice accrescent .....  
..... *S. coagulans*
  3. Epines des tiges absentes ou rares, ou, quand elles sont présentes, larges de plus de 1 mm à la base, jaunes à orange ou brunes. Fruit au moins partiellement visible ..... *S. melastomoides*

1. Fleurs à étamines toutes de même longueur: Plante répandue.

4. Une seule fleur par inflorescence, pédoncule et rachis absents. Corolle pentagonale, lobée sur  $\frac{1}{4}$ - $\frac{1}{3}$  de sa longueur; de 0,9-1,3 cm de diamètre. Plante d'Afrique australe ..... *S. supinum*

4. Généralement plus d'une fleur par inflorescence, pédoncule et/ou rachis présent(s) dans au moins quelques inflorescences. Corolle habituellement en étoile, lobée soit sur plus de  $\frac{1}{3}$  de sa longueur, soit sur  $\frac{1}{4}$ - $\frac{1}{3}$  de sa longueur mais alors corolle des fleurs longistylées de plus de 1,3 cm de diamètre. Plante répandue. .... *S. tuberosum*

Si la première option du couplet 1 correspond à la plante à identifier, il faut passer à la question suivante formulée immédiatement en dessous (numéro 2). Si c'est la deuxième option du couplet 1 qui est correcte, on passe à la question suivante, qui porte le numéro 4. Comme on peut le voir, il n'y a pas de numéro à droite de la clé pointant vers la question suivante. L'avantage d'une clé indentée est que l'utilisateur peut, à partir de la structure de la clé, visualiser facilement la manière dont les espèces sont regroupées. Un inconvénient est qu'il faut chercher la deuxième option de la question/couplet concerné. Elle peut être située assez bas dans le cas de grands groupes et, dans les clés plus longues, beaucoup d'espace sera inutilisé sur le côté gauche de la page, ce qui aura pour conséquence que la clé occupera davantage de place.

Des informations géographiques peuvent être utilisées dans la clé. Bien qu'elles ne soient pas de nature morphologique, ces données peuvent être utiles. On peut aussi ajouter des informations écologiques ou phénologiques (période de floraison/fructification). Il est toutefois conseillé de n'utiliser ce type de caractères qu'en complément à la morphologie.

#### Comment construire une clé ?

On commence par choisir quel type de clé on souhaite construire (voir ci-dessus). Puis, on identifie plusieurs sous-groupes clairs au sein du groupe étudié. Ensuite, on sélectionne des groupes qui peuvent être définis par des états de caractères bien distincts et facilement observables à l'œil nu ou avec une loupe 10×. Si la première question d'une clé porte sur les grains de pollen, par exemple, beaucoup d'utilisateurs seront immédiatement bloqués et ne pourront plus poursuivre l'identification. Il est également important que tout caractère mentionné dans l'une des propositions d'un couplet, soit également présente dans l'autre ou dans les autres propositions ! Un couplet comme ci-dessous n'est donc pas recommandé :

- 1.        -    Fleurs jaunes ; feuilles de plus de 10 cm de longueur ... 2
- Fleurs blanches ..... 10

Un utilisateur en possession d'une plante qui porte des fleurs blanches mais qui a aussi des feuilles de plus de 10 cm de long se demandera quelle option

	Forme de vie			Largeur de la feuille			Fleurs		Forme de la corolle			Couleur du fruit	
	arbre	liane	herbe	1-5 mm	5-10 mm	10-30 mm	solitaires	fasciculées	étoile	coupe	trompette	jaune	rouge
Aus a	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
Aus b	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
Aus c	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0
Bus x	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1
Bus y	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1
Bus z	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1
Cus m	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1
Cus n	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1
Cus o	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1

△ Figure 18. Exemple d'une matrice espèce / caractères (taxons fictifs).

choisir. Cela nous amène à une autre question pratique. Lorsqu'on construit une clé, il faut toujours essayer d'imaginer quel type de matériel un utilisateur peut avoir sous la main ! Comme il s'agit

souvent d'une seule plante, la clé doit fournir des informations précises. Si un couplet indique « Fleurs grandes » ou « Fleurs petites », ce concept est relatif et l'utilisateur n'est pas en mesure de juger s'il doit considérer des fleurs de 1 cm comme « grandes » ou « petites ».

Un même taxon peut apparaître plusieurs fois dans la clé. Cela se produit lorsqu'un caractère d'un taxon montre de la variabilité. Par exemple, une espèce peut avoir des fleurs blanches et occasionnellement jaunes, alors que la couleur des fleurs est constante pour la plupart des espèces.

La construction d'une clé pour un groupe d'espèces (ou taxons) plus important est grandement facilitée par la préparation d'une matrice de données combinant les taxons et les caractères (voir également la figure 18). Cette matrice est facile à assembler sous la forme d'un tableau Excel. Cela permet souvent d'obtenir une meilleure vue d'ensemble de la répartition des caractères et de leurs corrélations. (Voir aussi le paragraphe suivant).

Enfin, quelques conseils pour la construction des clés :

1. Soyez pratique ! Utilisez un langage clair. Évitez les caractères qui nécessitent beaucoup d'explications ou qui sont difficiles à comprendre ou à observer.

2. Dans une clé entièrement dichotomique où chaque taxon ne sort qu'une seule fois, le nombre de couplets sera toujours égal au nombre de taxons moins 1 et, par conséquent, on ne pourra pas influencer le nombre de couplets. Cependant, on pourra adapter le nombre de questions auxquelles il faut répondre avant d'aboutir au nom d'une espèce. La meilleure stratégie consiste à s'efforcer de poser des questions / couplets qui divisent le groupe de taxons restant en parties plus ou moins égales.

3. Si les espèces d'un groupe n'ont généralement pas de fleurs et de fruits à la même période, il peut être judicieux de présenter deux clés différentes, une pour le matériel en fleur et une autre pour le matériel en fruit



## 4.2 Clés multi-entrées

Les clés dont il est question ci-dessus, même lorsqu'elles sont préparées avec le plus grand soin, présentent un grave défaut. L'utilisateur ne peut pas choisir l'ordre dans lequel les caractères sont observés. Il se peut que le fait d'avoir des fruits rouges réduise déjà considérablement le nombre d'espèces potentielles, mais que la question concernant la couleur des fruits ne soit posée que loin dans la clé. Il devrait donc y avoir des manières plus simples d'identifier une plante !

Lorsqu'il utilise une matrice de données de taxons / caractères pour un groupe d'espèces (voir exemple, figure 18), l'utilisateur peut choisir au hasard un caractère dans la liste et compléter l'état de caractère qu'il observe sur le spécimen à identifier. Ensuite, ce processus peut être répété jusqu'à ce que la combinaison spécifique d'états de caractères corresponde à une seule espèce.

Avant l'ère informatique, les taxonomistes avaient déjà essayé de créer des clés à entrées multiples basées sur des matrices de caractères. On travaillait avec un grand nombre de cartes numérotées, où chaque carte représentait soit un état de caractère, soit un taxon. Un exemple de **clés à cartes perforées** est présenté à la figure 19.

[illegible]

△ Figure 19. Exemple d'une carte perforée montrant les caractères (perforations le long du bord) pour une espèce d'Eucalyptus.

De nos jours, une telle matrice taxons / caractères avec sa clé multi-entrées peut être traitée par différents logiciels conviviaux, par exemple Xper3 (<http://www.xper3.fr/>), DELTA-IntKey (<https://www.delta-intkey.com>) et Linnaeus NG (<http://linnaeus.naturalis.nl/>). Les progiciels Xper3 et DELTA-IntKey permettent même de créer une clé dichotomique à partir d'une matrice de données, qui pourra être utilisée dans une publication. Certains comprennent un logiciel statistique qui aide à choisir le(s) caractère(s) à utiliser afin de rendre le processus d'identification le plus efficace possible.

Un autre type de clé multi-entrées est la **clé diagnostique** (aussi appelée clé synoptique). Elle comprend une liste de caractères diagnostiques ou identifiables (c'est-à-dire des caractères typiques, ou particulièrement remarquables) d'un groupe de taxons. Chaque caractère est suivi d'une liste de tous les taxons qui possèdent ce caractère. Voici un exemple d'une partie de clé diagnostique des taxons de Rubiaceae en Afrique centrale. Notons que les taxons indiqués sont principalement des genres, mais aussi des tribus voire des espèces.

#### EXEMPLE D'UNE (PARTIE DE) CLÉ DIAGNOSTIQUE

##### - FEUILLE

**limbe linéaire** : *Amphiasma*, *Anthospermum usambarense*, *Cordylostigma*, *Galium*, *Knoxia*, *Kohautia*, *Manostachya*, *Oldenlandia*, *Spermacoce*

**limbe cordiforme ou réniforme** : *Geophila*, *Hymenocoleus*, *Pentanisia renifolia*, *Rubia*

##### - FLEUR

**unisexuée** : *Anthospermum*

**hétérostyle** : *Colletocema*, *Craterispermum*, *Gaertnera*, *Knoxieae*, *Lasianthus*, *Morinda*, *Mussaendeae*, *Pauridiantha*, *Psychotrieae*, *Sabicea*, *Schizocolea*, *Spermacoceae*, *Tricalysia*

**4-mère** : *Anthospermum*, *Corynanthe*, *Eumachia*, *Galium*, *Heinsia*, *Ixora*, *Keetia*, *Knoxia*, *Lasianthus*, *Nauclea*, *Otiophora*, *Paraknoxia*, *Pavetta*, *Polysphaeria*, *Pouchetia*, *Psychotria*, *Rutidea*, *Spermacoceae*, *Tricalysia*

**pléiomère** (avec plus d'éléments que la norme) : *Coffeeae*, *Gardenia*, *Rothmannia octomera*, *Schumanniphyton*

**tube calicinal long (> 1 cm)** : *Adenorandia*, *Gardenia*, *Rothmannia*, *Schumanniphyton hirsutum*

**tube calicinal fendu latéralement** : *Calycosiphonia*, *Gardenia*, *Polysphaeria*, *Rothmannia*, *Sericanthe*, *Tricalysia*

**calice asymétrique, à lobes très inégaux, ou à 1 seul lobe latéral** : *Knoxieae*

### 4.3 Barcoding de l'ADN

La méthode d'identification la plus moderne est l'utilisation d'un profil ADN unique pour chaque taxon. L'idée est que lorsque cette séquence d'ADN unique, plus communément appelée « code-barre ADN », sera connue pour toutes les espèces et que nous serons en présence de la séquence d'un organisme inconnu, nous pourrons la comparer à une base de données pour déterminer le nom de l'espèce. Simple en théorie, beaucoup plus compliqué en pratique ! Tout d'abord, nous avons besoin d'une base de données pour toutes les espèces de plantes (environ 400.000), d'animaux (environ 10.000.000), de champignons (environ 5.000.000), etc. De plus, comme le séquençage (obtention de la séquence des paires de bases) de tout le contenu de l'ADN d'un organisme est encore très long et coûteux, il faut trouver un morceau du génome, une partie spécifique de l'ADN, qui présente une variation suffisante au niveau souhaité (souvent au niveau de l'espèce). Dans de nombreux groupes d'animaux, on utilise le gène de la cytochrome c oxydase I (COI ou COX1) qui comprend environ 1500 paires de bases. Pour les plantes, c'est beaucoup plus difficile. La combinaison de deux gènes chloroplastiques, *rbcL* et *matK*, a été proposée. L'ajout de la région ITS2 non codante a aussi été suggéré pour améliorer la « résolution ». Pour les champignons, la région ITS1 serait la plus appropriée. D'autres options, peut-être meilleures, sont encore débattues par les spécialistes. Par ailleurs, il n'est pas rare que ces marqueurs standards présentent des variations au sein d'une même espèce. Cela signifie qu'un seul échantillon est insuffisant pour représenter une espèce dans la base de données des codes-barres ADN car la variation au sein de l'espèce doit d'abord être explorée avant de pouvoir procéder à une identification fiable. On ne peut pas, par exemple, se contenter d'affirmer que : « Vu que mon échantillon diffère d'un autre par 2 paires de bases, il représente une espèce différente », avant que la variation des données de séquençage soit connue pour les deux espèces. Par conséquent, pour chaque espèce, plusieurs échantillons (minimum 10, de préférence plus) sont nécessaires pour construire une base de données de codes-barres qui soit fiable. Chaque échantillon doit être accompagné d'un spécimen de référence, qui sera conservé afin de pouvoir vérifier son identité en cas de doute. La base de données devra aussi être régulièrement mise à jour pour tenir compte des changements de concepts taxonomiques.

La base de données des codes-barres ADN doit s'appuyer sur un cadre taxonomique solide et stable de genres et d'espèces. Même pour un groupe relativement bien connu comme les plantes, ce cadre présente encore de nombreuses zones d'ombre. Les résultats du barcoding de l'ADN pourraient bien à leur tour aider à prendre de meilleures décisions taxonomiques et, par conséquent, renforcer ce cadre.

Malgré ces difficultés, des efforts importants sont déployés actuellement pour créer une base de données mondiale de codes-barres ADN. Les activités sont coordonnées par l'International Barcode of Life Consortium (iBOL) en collaboration avec de nombreux centres régionaux. Actuellement, l'obtention d'une séquence d'ADN à partir d'un organisme nécessite souvent plusieurs jours de travail en laboratoire. Il faut donc être patient lorsqu'on utilise cette

méthode d'identification. De nouveaux procédés évoluent rapidement, notamment avec le développement de nanotechnologies toujours plus sophistiquées qui permettent de fabriquer des mini-laboratoires portables utilisables sur le terrain.

#### 4.4 Identification des spécimens d'herbiers

Il peut être difficile d'identifier les plantes vivantes sur le terrain mais l'exercice l'est encore davantage avec des spécimens séchés et aplatis en herbiers. Les caractères nécessaires ne sont pas tous directement visibles, même à l'aide d'une bonne loupe 10× ou d'une loupe stéréoscopique binoculaire. La simple question de savoir si les fleurs sont blanches ou jaunes peut rester sans réponse si le collecteur n'a pas noté cette information sur le terrain. De même, on peut se demander si un rameau avec peu de feuilles et portant de belles fleurs ou de jolis fruits provient d'un grand arbre, d'une liane, d'un arbuste ou même d'une herbe vivace. La forme (notamment des fleurs et des fruits) peut être importante, mais est impossible à reconstituer, tout comme les caractères liés aux tubercules, aux rhizomes, à l'odeur, au goût, etc. Ce genre d'information doit être noté sur le terrain par le collecteur afin que l'information puisse être retranscrite sur l'étiquette accompagnant le spécimen. Diverses publications (Fish 1999, Victor et al. 2004, Bridson & Forman 2010) fournissent des conseils très utiles sur la façon de collecter les plantes et de préparer correctement les spécimens d'herbier.

Lorsqu'un spécimen d'herbier a été identifié, que ce soit au niveau de la famille, du genre, de l'espèce, ... le nom du taxon est écrit sur une **étiquette d'identification** ou **étiquette de détermination**. Cette étiquette reprend également le nom du chercheur (et, si possible, son affiliation) et la date à laquelle il a examiné l'échantillon. Elle est collée sur la planche d'Herbier (en utilisant la colle spéciale fournie par le curateur de l'herbier), de préférence dans le coin inférieur droit et toujours au-dessus des étiquettes d'identification précédentes. Il faut s'assurer que seule une petite partie de l'étiquette est collée, de sorte que la partie libre puisse être soulevée pour examiner le matériel ou le texte qu'elle pourrait recouvrir. Certaines collections d'herbiers ne permettent que l'utilisation d'aiguilles pour fixer les étiquettes aux planches.

Un doute quant à l'exactitude de l'identification peut également être indiqué. On utilise de préférence les abréviations **cf.** ou **aff.** La première est l'abréviation du mot latin « confer », c'est-à-dire « comparer avec », et est utilisée lorsqu'un spécimen est très proche d'un autre, voire le même. La seconde est l'abréviation du mot latin « affinis » signifiant « semblable à » et est utilisée lorsqu'un spécimen est semblable à un autre mais est probablement différent.



## **Glossaires**

- Beentje H. (2015) The Kew plant glossary, 2<sup>nd</sup> edition. Richmond, Royal Botanic Gardens, Kew. EAN : 9781842466049
- Josserand M. (1983). La description des champignons supérieurs. 2<sup>e</sup> éd. Paris, Lechevalier.
- Jouy A., Foucault B. de (2016) Dictionnaire illustré de botanique. Mèze, Biotope.
- Missouri Botanical Garden Glossary : <http://www.mobot.org/mobot/glossary>
- Wikipedia : [https://fr.wikipedia.org/wiki/Glossaire\\_de\\_botanique](https://fr.wikipedia.org/wiki/Glossaire_de_botanique)]

## **DNA barcoding**

- IBOL (International Barcode Of Life) : <https://ibol.org>
- Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. (2003) Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B : Biological Sciences 270 (1512) : 313–321. doi:10.1098/rspb.2002.2218.

5.



## **L'art de préparer une révision taxonomique**

Nous prendrons comme exemple une révision taxonomique basée sur du matériel d'herbier. Pour étudier la taxonomie d'un groupe de plantes ou de champignons pour lequel les observations de terrain sont difficiles à obtenir, comme par exemple des espèces tropicales ou pour des régions difficiles d'accès, les spécimens conservés en collection sont souvent la seule source d'information disponible. Compléter ces spécimens par des observations originales sur du matériel frais est toujours très utile, sans être une nécessité.

Imaginons qu'on décide d'entreprendre la révision taxonomique d'un groupe particulier: Cette décision découle souvent d'un constat de connaissance insuffisante du groupe, ou de difficultés d'identification dues à l'absence d'une bonne clé de détermination, ou encore en présence d'espèces dont la délimitation n'est pas claire et/ou controversée, ou enfin de problèmes nomenclatureaux. Une partie des difficultés rencontrées peut aussi résulter de l'existence, au sein du groupe, d'un certain nombre d'espèces qui n'ont pas encore été décrites. Ainsi, chaque année, ce ne sont pas moins de 2000 espèces de plantes vasculaires nouvelles pour la science qui sont décrites, ainsi que 75 à 100 nouveaux genres ! Ces chiffres n'ont montré aucune tendance à la réduction au cours des 15 dernières années, et sont même en légère augmentation au cours des quatre dernières années ! Beaucoup d'espèces restent donc à découvrir...

Une révision taxonomique est souvent réalisée à l'échelle d'un genre, et les exemples qui suivent illustrent ce cas particulier. Pour un genre à très large distribution géographique, la révision pourra se limiter à un pays, un territoire phytogéographique ou un continent.

En fonction des objectifs et de l'ampleur du travail, on peut distinguer quatre types de révision :

- *Révision synoptique ou synopsis* : une courte mise au point de la taxonomie d'un groupe, comprenant généralement une clé de détermination, une liste des espèces acceptées et de leurs synonymes et, parfois, une brève description des espèces et de leur distribution ;
- *Révision taxonomique* : une mise au point plus complète, comprenant une clé, une liste exhaustive de synonymes, information sur les types, des données de répartition et, généralement, la citation des spécimens étudiés ;
- *Monographie ou révision monographique* : une révision approfondie, exhaustive, de la taxonomie de tout un groupe, comprenant généralement des données anatomiques, moléculaires, écologiques, et ethnobotaniques.
- *Flore* : par définition, l'étude d'un groupe à l'échelle régionale, basée sur la compilation de travaux déjà publiés. En général, seules les questions les plus simples sont abordées, tandis que les problèmes complexes sont laissés pour des travaux plus approfondis. L'objectif premier d'une Flore est de fournir des outils pratiques d'identification (clés, descriptions, illustrations, etc.) aux utilisateurs souhaitant déterminer une plante.

Pour chacune de ces quatre catégories, la démarche peut être divisée en sept étapes (A-G, voir ci-dessous) que nous allons examiner dans les paragraphes

qui suivent. Dans un souci de simplicité, nous utiliserons l'expression « révision taxonomique » au sens large, couvrant les quatre catégories mentionnées ci-dessus.

### **Les sept étapes d'une révision taxonomique**

- A. Inventaire des noms et révision de la littérature
- B. Etude du matériel d'herbier
- C. Etablissement d'une base de données
- D. Collecte des données géographiques et écologiques
- E. Décisions taxonomiques et nomenclaturales
- F. Préparation du traitement des taxons, des descriptions, des illustrations et des clés
- G. Assemblage du manuscrit et publication

#### **A. Inventaire des noms et révision de la littérature**

Un travail scientifique commence toujours par la recherche de données et d'informations. Pour une révision taxonomique, il est indispensable de commencer par rassembler les protologues (c'est-à-dire les publications originales) de tous les noms concernés par la révision. C'est une étape cruciale, spécialement en vue de la phase E du travail, au cours de laquelle les spécimens-types devront être identifiés et sélectionnés. Les bases de données en ligne IPNI (International Plant Name Index ; <http://www.ipni.org>) pour les plantes vasculaires et Index Fungorum (<http://www.indexfungorum.org>) pour les champignons fournissent une liste de tous les noms existant au sein du genre étudié, bien qu'une sélection supplémentaire soit nécessaire pour les études régionales. Relevons toutefois que IPNI ne comprend pas de taxons infraspécifiques pour les noms antérieurs à 1971. Pour ceux-ci, une recherche approfondie sera nécessaire (sur la toile et en bibliothèque).

A partir de l'information fournie par les protologues, on recherchera les publications de la manière suivante :

- soit dans une bonne bibliothèque spécialisée ;
- soit en consultant les revues scientifiques anciennes numérisées et disponibles en ligne, telles que *Botanicus* (<http://www.botanicus.org>), ou la *Biodiversity Heritage Library* (<https://www.biodiversitylibrary.org>) ;
- soit en ayant recours à des bases de données en ligne qui relient les noms à leur protologue ; l'une des plus utiles est *Tropicos* (<http://www.tropicos.org>) maintenue par le Missouri Botanical Garden, mais IPNI (voir ci-dessus) fournit également cette information pour certains noms. Pour certaines familles, il existe des sites internet spécialisés (par exemple : <http://solanaceaesource.org>, <http://www.palmweb.org> ou encore <http://caryophyllales.org>).



Les informations trouvées peuvent être digitalisées, ou téléchargées, et archivées. Il est essentiel de noter la référence bibliographique complète de toutes les informations retrouvées.

Ensuite, on rassemblera tous les articles et ouvrages qui concernent la systématique du groupe concerné. Il est aussi très utile d'y ajouter les références concernant l'écologie, la biogéographie, la phylogénie, etc. Celles-ci seront particulièrement précieuses en ce qui concerne la discussion des relations évolutives entre les taxons et la valeur taxonomique des caractères. Pour retrouver les articles pertinents, on utilisera les moteurs de recherche en ligne et les bases de données bibliographiques, en introduisant le nom du taxon concerné, associé à un ou plusieurs des mots-clés suivants : « systématique », « taxonomie », « révision » et leurs équivalents en anglais 'taxonomy', 'revision', 'systematics'. On n'oubliera pas de consulter toutes les flores couvrant la région concernée par l'étude.

L'examen de la littérature donnera une bonne idée de la position du genre dans la famille, et des genres apparentés, ainsi que des caractères généralement utilisés pour discriminer les espèces. En particulier, l'analyse des clés de détermination déjà publiées peut s'avérer très utile. Néanmoins, il est toujours important de se forger une vision personnelle sur la variation du groupe étudié.

Un certain nombre de termes techniques nouveaux seront certainement rencontrés au cours de cette phase du travail. Acquérir une maîtrise du vocabulaire organographique propre au groupe étudié est essentiel. On consultera pour ce faire un glossaire botanique (pour une sélection de bons glossaires, voir l'encadré à la fin du chapitre précédent).

On prendra soin de constituer une liste bibliographique de toutes les références, au fur et à mesure qu'on les consulte.

Les trois types de références le plus souvent rencontrées sont les suivants :

*1. Article d'un périodique :*

Soreng R.J., Peterson P.M., Davidse G., Zuloaga F.O., Judziewicz E.J., Filgueiras T.S., Davis J.L., Morrone O. (2015) A worldwide phylogenetic classification of the Poaceae (Gramineae). *Journal of Systematics and Evolution* 53(2) : 117--137. <http://dx.doi.org/10.1111/jse.12150>

*2. Livre :*

Patil J.V. (2016) *Milletts and Sorghum: Biology and Genetic Improvement*. Chichester, John Wiley & Sons Ltd. 504 pp.

*3. Chapitre de livre ou de série :*

Clayton W.D. (1989) Gramineae. XXIV. Paniceae. In : Launert E., Pope G.V. (eds) *Flora Zambesiaca* 10(3) : 1--192. London, Flora Zambesiaca Managing Committee.

Finalement, on constituera une base de données rassemblant, pour chaque nom, la référence du protologue et les spécimen(s)-type(s). Pour identifier le(s) type(s), on ne se fierà pas uniquement aux indications des auteurs pré-



cédents. Le protologue donne généralement les informations nécessaires, mais cependant pas dans tous les cas. La recherche des spécimens-types peut s'avérer longue et fastidieuse ! C'est particulièrement vrai pour la littérature ancienne, lorsque la mention du type n'était pas obligatoire. La majorité des grandes Herbiers ont digitalisé leurs spécimens-types. Ces images sont généralement disponibles sur le portail JSTOR Global Plants : <https://plants.jstor.org>, et, généralement aussi, directement sur le site internet des Herbiers eux-mêmes. Notons toutefois que bon nombre de spécimens-types n'ont pas encore été identifiés comme tels par les taxonomistes. Au cours d'une révision, il est fréquent de rencontrer des spécimens-types qui étaient passés inaperçus auparavant.

## **B. Etude du matériel d'herbier**

Soulignons d'emblée que les spécimens-types sont des échantillons particulièrement précieux et irremplaçables, qu'il convient de manipuler avec le plus grand soin. On s'informerait toujours auprès du curateur de la collection des précautions à prendre pour manipuler ces échantillons.

### **Quelques conseils pour l'étude morphologique du matériel d'herbier**

L'étude des caractères morphologiques du matériel d'herbier peut être réalisée avec une simple loupe (10×) ou, de préférence, avec une loupe stéréoscopique binoculaire sous un grossissement de 20(–50)×. Le matériel fragile et cassant peut être ramolli quelques instants dans l'eau bouillante. Selon l'épaisseur de l'échantillon, 20 secondes à 3 minutes d'ébullition suffiront. [On demandera toujours l'autorisation du curateur de la collection avant de détacher des morceaux d'un spécimen d'herbier pour examen !] Pour des échantillons plus durs, on pourra ajouter une goutte de détergent de vaisselle pour faciliter le ramollissement. Une plaque chauffante électrique de laboratoire est idéale (voir figure 20), mais une plaque chauffante électrique de cuisine de bonne qualité et un petit pot en acier feront aussi bien l'affaire. Pour l'examen sous la loupe binoculaire, le matériel sera placé dans le fond d'une boîte de Petri et manipulé à l'aide d'aiguilles, et d'une ou deux pinces fines. La dissection sous la loupe binoculaire permettra d'observer l'intérieur des fleurs, la coupe transversale de l'ovaire et les détails de l'anatomie des feuilles et même du bois.

Après examen, le matériel détaché (y compris les fragments disséqués) devrait être récupéré (après séchage des fragments à l'aide d'un papier absorbant) et placé dans une petite enveloppe qui sera collée ou épinglée sur la planche d'herbier (selon les instructions du curateur).

Lorsque des fragments d'échantillons doivent être prélevés pour un examen destructif (pollen, extraction d'ADN), il convient d'apposer sur la planche d'herbier une étiquette mentionnant la date, l'auteur du prélèvement, et les objectifs poursuivis. On consultera bien entendu le curateur avant tout prélèvement de ce type.

Les observations et mesures réalisées sur chaque spécimen devront être consignées dans un tableau (un tableau Excel convient bien, voir plus loin). À ce stade du travail, il est prématuré de synthétiser les données par taxon, étant donné que l'identification de chaque spécimen est encore susceptible de changer.

La préparation des spécimens de champignons pour l'observation au microscope à transmission est très particulière ; pour plus de détails, on consultera Eyi et al. (2011).

Il est nécessaire de développer une stratégie concernant la consultation ou l'obtention en prêt du matériel d'herbier à étudier. La première phase du travail a permis d'acquérir une bonne connaissance de la distribution du genre et de son centre de diversité. Sur cette base, il est possible de déterminer quels Herbiers conservent la plus grande partie des échantillons ; on pourra se faire conseiller par un collègue plus expérimenté pour localiser les collections. On pourra soit se rendre dans ces institutions ou bien demander des spécimens en prêt. L'adresse des Herbiers et les personnes de contact se trouvent sur le site web de l'Index Herbariorum (<http://sweetgum.nybg.org/science/ih>). Obtenir un prêt peut prendre plusieurs mois. Les Herbiers ne prêtent généralement pas plus de quelques centaines d'échantillons à la fois, et n'acceptent pas de prêt à destination de tous les pays. Une alternative est de se rendre sur place.

Il est essentiel d'envoyer la demande de prêt de matériel aussi tôt que possible. Dans certains cas (par exemple lorsqu'on a déjà acquis une assez bonne connaissance du groupe concerné), il peut être utile de demander le matériel avant même le début du travail. Pour les collections qui détiennent beaucoup d'échantillons,

▷ Figure 20.  
Exemple d'une plaque chauffante de laboratoire utilisée pour faire bouillir de l'eau dans un petit récipient.



une visite sur place est souvent indispensable, même si elle peut s'avérer coûteuse. La visite sera souvent plus fructueuse si elle est réalisée au moment où on a déjà acquis une bonne connaissance du groupe. Bien planifier le travail est donc essentiel.

De plus en plus d'institutions ont mis en ligne une base de données de leurs collections. Les indications figurant sur les étiquettes sont alors consultables, ainsi que des images à haute résolution (voir encadré à la fin de ce chapitre). Ces images en ligne sont extrêmement utiles, mais l'expérience montre qu'un certain nombre d'échantillons devront néanmoins être empruntés pour une étude plus approfondie.

### c. Base de données

Pour les révisions taxonomiques qui concernent plusieurs centaines de spécimens ou davantage, il est recommandé d'encoder toutes les données relatives à chaque spécimen étudié sous forme d'une base de données. Un tableau Excel peut convenir, de même qu'un logiciel de base de données comme Access. Toutefois, beaucoup d'institutions ont développé leur propre système. Ces systèmes de gestion des collections comprennent beaucoup de champs qui ne sont pas utiles à une révision. On pourra se contenter des données suivantes :

- Numéro de code-barre
- Collecteur (on dit aussi récolteur) principal (de préférence le nom de famille et les initiales des prénoms dans des champs différents)
- Autres collecteurs
- Préfixe (certains collecteurs ajoutent un code ou un nombre avant le numéro de récolte proprement dit, qui fait référence à une mission de recherche, à l'année de récolte, ou désigne un projet par son acronyme)
- Numéro de récolte
- Suffixe (un code qui suit le numéro de récolte, voir préfixe)
- Date de récolte
- Pays
- Localité
- Latitude
- Longitude
- Habitat
- Altitude
- Usages (tels que mentionnés par le collecteur)
- Noms vernaculaires
- Famille
- Genre
- Espèce
- Auteur(s)
- Taxon infraspécifique (sous-espèce, variété, forme)
- Nom infraspécifique
- Auteur(s) du nom infraspécifique

- Déterminateur
- Date d'identification
- Acronyme de l'Herbier
- Type de
- Notes

Souvent, les herbiers dont les collections ont été numérisées ou qui disposent d'une base de données de leurs collections, acceptent de fournir un extrait de leur base de données qu'il suffit alors d'incorporer à la vôtre.

## D. Observations géographiques et écologiques

L'étendue de l'aire de distribution d'une espèce est extrêmement variable, selon que l'espèce présente des exigences écologiques plus ou moins étroites. Une espèce restreinte à une région particulière est dite endémique de cette région. Une espèce peut être endémique d'une montagne, d'un parc national, d'une province, d'un pays, d'un continent (et, bien entendu, toutes les espèces sont endémiques de la planète Terre !). Ainsi, l'adjectif « endémique » n'a de sens que si on précise à quel territoire il s'applique.

### D.1 Cartographie

Comme nous l'avons vu au Chapitre 2 (paragraphe consacré à la spéciation), des informations géographiques et/ou écologiques peuvent être très utiles pour prendre des décisions taxonomiques. Comparer la distribution géographique de deux taxons voisins, en cartographiant les localités de récolte des spécimens en collection, est une étape essentielle du travail.

Pour pouvoir cartographier les spécimens, il est nécessaire de disposer des coordonnées géographiques des localités de récolte. Si celles-ci ne figurent pas sur l'étiquette de récolte, on pourra avoir recours à des outils en ligne (voir encadré à la fin de ce chapitre), ou à des cartes topographiques, ou même aux itinéraires des expéditions de récolte. Ce processus est appelé **géoréférencement**. Actuellement, la plupart des collecteurs utilisent un GPS sur le terrain (Global Positioning System), tandis que d'autres obtiennent les coordonnées géographiques à partir d'une carte topographique. Il est important d'estimer la précision des données de localisation. Par exemple, si un collecteur indique « 15 km à l'ouest de Nairobi », sachant que la ville a un diamètre d'environ 15 km, on peut se demander si la distance a été comptée à partir du centre de la ville ou de sa périphérie, et s'il s'agit d'une distance à vol d'oiseau ou en suivant le réseau routier ; quand on sait que la ville s'est fortement agrandie au cours du siècle dernier, on comprend que l'indication du collecteur est assez vague... La précision d'une coordonnée géographique peut varier de quelques mètres à plusieurs kilomètres ou davantage.

Soulignons l'existence de différents systèmes de coordonnées, selon la « projection » qui a été utilisée. Il existe aussi différents formats d'expression des coordonnées. Le plus répandu en taxonomie est Degrés, Minutes et Secondes (DMS), mais, dans certaines régions, on lui préfère le système UTM (Universal

Transverse Mercator). Le système DMS lui-même peut se décliner en une version « normale » (ex. : 15°12'55"N 30°21'32"E), une version DD (Degrés décimaux, ex. : 1.247°N 25.873°E) et une version DM (Minutes décimales, ex. : 11°34.75'N 25°21.30'E). Divers outils en ligne permettent de convertir aisément ces différents systèmes de coordonnées (par exemple : <http://www.synnatschke.de/geo-tools/coordinate-converter.php>).

Les coordonnées mentionnées sur les étiquettes d'herbier doivent être vérifiées. Elles sont souvent transcrites de manière approximative, dans un format non précisé ou incorrect (par exemple avec des degrés et minutes supérieurs à 60). Une erreur fréquente est l'inversion des points cardinaux Nord/Sud et Est/Ouest.

Google Earth est un outil utile pour trouver la localité de récolte, bien que beaucoup de noms de localités anciennes peuvent avoir changé. Pour certaines régions, il existe un index des localités de récolte, et certains sites sur la toile fournissent des cartes anciennes (voir encadré à la fin de ce chapitre). Les bibliothèques des institutions de recherche en botanique conservent souvent des cartes anciennes, des répertoires des localités de récoltes des principaux collecteurs ou des « Gazetteers » (livres répertoriant tous les toponymes connus pour un territoire donné, avec leurs coordonnées géographiques). Des Gazetteers en ligne comme GeoNames (voir encadré à la fin de ce chapitre) peuvent se révéler très utiles, car ils comprennent souvent d'anciens noms de localités, et permettent des recherches sur base de noms approximatifs ou mal retranscrits. Un collecteur a souvent collecté plusieurs spécimens dans la même localité, de sorte que cette localité a peut-être déjà été géoréférencée ; on consultera les portails en ligne qui fournissent ce type de données, spécialement ceux des institutions qui conservent des doubles des spécimens du collecteur concerné. Certaines bases de données en ligne offrent même la possibilité de créer un itinéraire pour une série de numéros de récolte du même collecteur.

Porter les données sur une carte peut être réalisé à l'aide de Google Earth, mais, si on doit préparer une carte de bonne qualité pour une publication, il conviendra d'utiliser un logiciel spécialisé (par exemple DivaGis, QGIS ou ArcView).

## **d2 Données écologiques**

Les étiquettes des spécimens d'herbier mentionnent souvent des informations écologiques, ainsi que l'altitude du lieu de récolte. Toutefois, ces indications restent souvent assez sommaires. Ces données peuvent, tout au plus, apporter des éléments de confirmation à une hypothèse taxonomique formulée sur base d'autres éléments. La modélisation de niche écologique (Ecological Niche Modelling) peut permettre de définir l'enveloppe de la niche d'un taxon sur base de sa distribution géographique, et même de tester si celle-ci est significativement différente de celle d'un autre taxon. Ces modélisations peuvent appuyer un traitement taxonomique, mais elles sont complexes et nécessitent un savoir-faire spécialisé.



## E. Décisions taxonomiques et nomenclaturales

Après avoir collecté l'ensemble des données morphologiques, géographiques, écologiques et toute autre observation utile, le moment est venu de tenter un premier regroupement des échantillons d'herbier en ensembles suffisamment homogènes. Chaque paquet d'échantillons représente un taxon provisoire, qui diffère des autres sur base des données disponibles. Dans un second temps, il faudra assigner chaque paquet à une espèce, une sous-espèce, une variété ou une forme, suivant les critères développés au Chapitre 2. La liste des taxons ainsi obtenus représente l'hypothèse de travail sur laquelle on base le traitement taxonomique du groupe qu'on étudie. Si le traitement s'écarte des traitements publiés précédemment par d'autres auteurs, il convient d'argumenter et de discuter son point de vue.

On dit souvent que cette manière de délimiter des taxons se base sur le concept de morpho-espèce (voir Chapitre 2). Pourtant, en y réfléchissant bien, ce que les taxonomistes modernes cherchent à faire s'apparente davantage au concept d'espèce biologique. En effet, quand un ensemble de spécimens possède plusieurs caractères morphologiques discriminants, on peut supposer que ces différences ont une base génétique. Ces différences génétiques ne peuvent se maintenir que s'il existe un isolement reproducteur. De la même manière, les possibilités d'échanges de gènes entre deux taxons occupant des aires géographiques ou des niches écologiques distinctes, sont très vraisemblablement réduites. En conclusion, la taxonomie des plantes et des champignons basée sur des spécimens d'herbier (mais aussi la taxonomie animale basée sur des spécimens en collection) revient à appliquer le concept d'espèce biologique sur base de données morphologiques, géographiques et écologiques. L'isolement reproducteur des taxons ainsi délimités peut être testé à l'aide de données moléculaires, mais ceci sort du cadre de ce chapitre.

Il arrive souvent qu'on rencontre des spécimens à caractères intermédiaires entre différents taxons. De tels intermédiaires peuvent indiquer l'existence d'un flux génique entre différents taxons. Chez les plantes, les hybrides ne sont pas rares et ne doivent pas nécessairement remettre en cause un traitement taxonomique. Néanmoins, quand ces intermédiaires sont très fréquents, il se peut que le traitement taxonomique doive être reconsidéré. En tentant d'interpréter la variation morphologique, n'oublions jamais que ce qu'on observe ne représente qu'un « arrêt sur image » d'un long processus évolutif.

Après avoir établi le cadre taxonomique général, l'étape suivante est de déterminer le nom scientifique correct de chaque groupe d'échantillons. Il s'agit donc de prendre des décisions nomenclaturales.

On part de l'ensemble des spécimens-types de tous les noms existants, et on détermine auquel des groupes d'échantillons qu'on a constitués ils appartiennent (même s'ils ne sont pas physiquement présents). Le(s) spécimen(s)-type(s) inclus dans un groupe d'échantillons détermine(nt) quel(s) nom(s) peu(ven)t s'appliquer à ce taxon particulier. L'application des règles du Code International de Nomenclature (voir Chapitre 3) permettra d'identifier le nom qui doit être accepté pour ce groupe, et ses synonymes. Un groupe

d'échantillons auquel aucun spécimen-type ne peut être rapproché, représente un nouveau taxon qui devra être décrit.

## F. Préparation du traitement des taxons, des descriptions, des illustrations et des clés

Dans une révision taxonomique, le traitement d'un taxon commence par un paragraphe nomenclatural. Celui-ci comprend le nom accepté, suivi par ses synonymes homotypiques cités dans l'ordre chronologique, du plus ancien au plus récent ; vient ensuite le basionyme et l'indication du spécimen-type. Ensuite sont cités les synonymes hétérotypiques, dans l'ordre chronologique, chacun avec son spécimen-type (voir exemple dans l'encadré).

### Exemple de la partie nomenclaturale du traitement d'un taxon

*Urochloa dictyoneura* (Fig. & De Not.) Veldkamp (Veldkamp 1996 : 418). -- *Panicum dictyoneurum* Fig. & De Not. (Figari & De Notaris 1854 : 329). -- *Brachiaria dictyoneura* (Fig. & De Not.) Stapf (Stapf 1919 : 512). -- Type: Soudan, Kordofan, Fazogl, Figari s.n. (holo- : FI).

*Panicum golae* Chiov. (Chiovenda 1914 : 43). -- Type : DRC, Catanga, Kayoyo, 20-XII-1911, Bovone 87 (holo- : FI).

*Panicum humidicola* Rendle (Rendle 1899 : 169). -- *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick. (Hubbard & al. 1936 : 297). -- *Urochloa humidicola* (Rendle) Morrone & Zuloaga (Morrone & Zuloaga 1992 : 80). -- *Brachiaria dictyoneura* (Fig. & De Not.) Stapf subsp. *humidicola* (Rendle) Catasús (Catasús Guerra 2001 : 16). -- Type : Angola, Monino riv., Welwitsch 2678 (holo- : LISU, iso- : K).

Quand on décrit un taxon nouveau pour la science, il faut obligatoirement suivre les règles imposées par le code international de nomenclature (voir Chapitre 3).

La partie nomenclaturale est généralement suivie par la description morphologique du taxon. Celle-ci doit être claire, précise et suffisamment détaillée. Elle contient toutes les données sur lesquelles se fonde le traitement taxonomique. La description suit généralement la même structure pour tous les taxons traités, afin de faciliter les comparaisons. Ceci implique qu'un caractère mentionné pour un taxon doit également l'être pour tous les autres. On s'assure aussi que tous les caractères utilisés dans la clé (voir ci-dessous) soient mentionnés dans les descriptions. Il faut éviter les descriptions vagues ou exprimées en termes relatifs (ex. : "assez densément pubescent", "relativement long"). Pour les formes à deux dimensions, on utilisera une terminologie standardisée, telle que celle proposée par le « Systematics Association

## Consignes pour rédiger une bonne description

**Port** : de la plante, hauteur, répartition des sexes, sécrétions, autres caractéristiques communes à différentes parties, indument ; tronc et branches : diamètre, forme et structure, indument, écorce ou surface ; rameaux et/ou nœuds : comme pour le tronc et les branches.

**Stipules** : présence/absence, position, forme, dimensions, base, sommet, indument, couleur.

**Feuilles** : position, structure du limbe (simple/composé) ; gaine : position, forme, dimensions ; stipelles : cf. stipules ; pétiole : forme, longueur, indument ; pour une feuille composée : rachis : longueur, articulations ; pétiolules : cf. pétiole ; folioles : sessiles ou non, forme, dimensions ; limbe : forme, dimensions, base, sommet, marge, indument, texture, couleur, face supérieure et inférieure ; type de nervation ; nervure principale : imprimée ou saillante ; nervures secondaires : nombre ; nervures tertiaires.

**Inflorescence** : position, structure, forme et/ou dimensions ; pédoncule : dimensions, indument ; axes : position, indument ; bractées : position, forme, dimensions, indument ; nombre de fleurs, bi- ou unisexuées.

**Fleur** : position, symétrie, odeur ; pour les fleurs unisexuées, décrire d'abord les fleurs mâles, puis les femelles ; pédicelle : dimension, indument ; bouton floral : forme, dimensions ; hypanthium : forme, dimensions ; périanthe : nombre de verticilles ; sépales : nombre (ou nombre de lobes pour un calice gamosépale), position, forme, dimensions, couleur, texture, sommet, marge, indument ; pétales/ tépales : cf. sépales ; disque : nectaires ou glandes, position, forme, dimensions, couleur ; androcée : type, position ; étamines : nombre, position (insertion) ; filet : longueur, couleur, indument ; anthère : insertion, déhiscence, forme, dimensions, couleur ; connectif : forme, dimension ; staminodes : cf. étamines ; gynécée : position, nombre, indument ; ovaire : nombre, position, forme, dimensions, indument, nombre de loges, placentation ; ovule : insertion, nombre ; style : position, nombre, forme, dimensions, couleur, indument ; stigmathe : position, nombre, forme, dimension, couleur.

**Infrutescence** : cf. inflorescence.

**Fruit** : type, mode de déhiscence, forme, dimension, couleur, surface, indument, nombre de graines ; péri-, exo-, endocarpe : structure, dimension, couleur.

**Graine** : forme, dimensions, couleur, surface ; arille/testa : structure, dimension, couleur ; albumen, cotylédons, embryon, radicule.

Les caractères qui ne varient pas au sein du genre ou de la famille ne doivent pas être répétés dans la description de chaque espèce.

Committee for Descriptive Biological Terminology » (1962). La description est organisée selon un format standardisé, et les différents éléments sont toujours cités dans le même ordre : plante entière, racine, tige, feuille, inflorescence, fleur, fruit, graine. Au sein de chacune de ces parties, on décrira dans l'ordre : le nombre d'éléments, la position, la forme, les dimensions, la base, le sommet et la marge, la texture, la couleur et l'aspect de la surface (lisse ou rugueux), l'indument et/ou les appendices. Pour plus de détails, se reporter à l'encadré ci-dessous.

Pour les champignons, des consignes analogues à celles fournies dans l'encadré, ont été proposées par Eyi et al. (2011), et sont disponibles en ligne à l'adresse suivante : <http://www.abctaxa.be/volumes/volume-10-les-champignons-comestibles-de-l-afrique-centrale>.

Dans un traitement taxonomique, la description est suivie par plusieurs paragraphes traitant de la distribution géographique, l'écologie, les noms vernaculaires, les usages, le mode de dissémination, etc. Les spécimens étudiés peuvent également être cités dans un paragraphe à part, ou bien être regroupés dans un tableau ou un appendice hors texte ou comme matériel supplémentaire (fichier électronique). Le format de cette liste de spécimens varie en fonction du journal (voir paragraphe suivant). Une carte de distribution peut être jointe à la description.

Ensuite, des notes peuvent être ajoutées fournissant les arguments pour les décisions taxonomiques prises et / ou les choix faits liés à la typification des noms, etc.

Il est toujours utile de fournir des illustrations. Celles-ci constitueront une aide appréciable pour l'identification et aideront l'utilisateur à mieux comprendre les caractères diagnostiques des taxons. Ces illustrations peuvent être réalisées par l'auteur lui-même, mais il est souvent préférable de faire appel aux services d'un illustrateur botanique expérimenté. Se former au dessin botanique demande non seulement du talent mais aussi beaucoup de temps. Il existe des cours spécialisés et des ouvrages consacrés au sujet. Dans certains pays, les artistes illustrateurs professionnels ont créé des associations auxquelles il est possible d'adhérer (ex. : <https://www.botanicalartandartists.com> pour la Grande-Bretagne, <https://www.botanischkunstenaaarsnederland.nl> pour les Pays-Bas et la Société Française d'Illustration Botanique, <http://www.sfib.fr> pour la France).

## **g. Production du manuscrit et publication de la révision**

Lorsque la partie taxonomique de l'étude (traitement du genre, clé et traitement des espèces, cartes, illustrations, etc.) est terminée, il reste à préparer le manuscrit afin de le publier. Si la révision est destinée à être insérée dans une Flore, la partie taxonomique est souvent suffisante. Par contre, si on veut publier les résultats sous forme d'article dans une revue scientifique, d'autres paragraphes doivent y être ajoutés. En plus des paragraphes habituels (comme par exemple, Introduction, Matériels et méthodes), on doit en rédiger d'autres

qui sont propres aux révisions taxonomiques et qui concernent, par exemple, l'histoire du genre, c'est-à-dire un aperçu historique des études antérieures et des contributions à sa connaissance taxonomique.

Les aspects importants à prendre en compte lors du choix d'une revue pour la soumission du manuscrit sont les suivants : son facteur d'impact (IF), son impact régional, si elle est ou pas en accès libre, et les frais de publication. Pour les révisions taxonomiques, il est important de vérifier si la revue accepte les citations de spécimens (et si oui, sous quel format). Comme les révisions taxonomiques peuvent être assez longues, des limites du nombre de pages peuvent être imposées à l'auteur.

Enfin, il est d'usage de remercier les Herbiers (et leurs conservateurs) qui ont permis l'accès à leurs collections ou qui ont envoyé des spécimens en prêt. Ils apprécient généralement aussi de recevoir une copie de la révision publiée.

### **Consignes pour la récolte**

- Fish L. (2004) La préparation des échantillons d'herbier. Scripta Botanica Belgica 31 : 92 p. ISBN 9072619633
- Bridson D., Forman L. (2000) The herbarium handbook, 3<sup>rd</sup> edition. Richmond, Royal Botanic Gardens, Kew. EAN : 9781900347433

### **Littérature ancienne (spécialement utile pour la recherche des protologues)**

- Biodiversity Heritage Library : <https://www.biodiversitylibrary.org>
- Botanicus : <http://www.botanicus.org>
- Taxonomic Literature : <http://www.sil.si.edu/DigitalCollections/tl-2>
- B-P-H : Botanico-Periodicum-Huntianum (Journal titles and their standard abbreviations): [http://fmhibd.library.cmu.edu/fmi/iwp/cgi?db=BPH\\_2015&-loadframes](http://fmhibd.library.cmu.edu/fmi/iwp/cgi?db=BPH_2015&-loadframes)

### **Index Herbariorum**

- <http://sweetgum.nybg.org/science/ih>

### **Informations sur les usages des plantes**

- Plant Resources of Tropical Africa : <https://www.prota4u.org/database>
- PlantUse : <https://uses.plantnet-project.org/fr/Accueil>



## **Herbiers numérisés et informations sur les spécimens**

- Global Biodiversity Information Facility (GBIF) : <https://www.gbif.org>
- Meise Botanic Garden, Belgium (BR) : <http://www.botanicalcollections.be>
- MNHN Paris herbarium (P) : <https://science.mnhn.fr/institution/mnhn/collection/p/item/search>
- Naturalis herbarium, The Netherlands (L, U, WAG, AMS) : <https://bioportal.naturalis.nl>
- Tropicos, Missouri Botanical Garden, St. Louis (MO) : <http://www.tropicos.org>

## **Géoréférencement**

- AFRITERRA (cartes historiques d'Afrique) : <http://catalog.afriterra.org>
- Cartesius (cartes historiques de Belgique et d'Afrique centrale) : <http://www.cartesius.be/CartesiusPortal>
- GEOLocate (plateforme de géoréférencement de données de collections d'histoire naturelle) : <https://www.geo-locate.org>
- GeoNames (recherche de noms de localités, notamment historiques) : <https://www.geonames.org>
- Google Earth (logiciel libre de visualisation du globe) : <http://www.google.co.uk/earth/download/gep/agree.html>



**Références  
bibliographiques**



- Angiosperm Phylogeny Group (2016) An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants : APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society* 181 : 1–20.
- Bridson D., Forman L. (eds) (2010) *The herbarium handbook*, 3<sup>rd</sup> ed. Richmond, Royal Botanic Gardens, Kew.
- Brummitt R.K. (2002) How to chop up a tree. *Taxon* 51 : 31–41.
- Brummitt R.K., Powell C.E. (eds) (1992) *Authors of plant names. A list of authors of scientific names of plants, with recommended standard form of their names including abbreviations*. London, Royal Botanic Gardens, Kew.
- Darwin C. (1859) *On the origin of species*. London, J. Murray.
- Eyi Ndong H., Degreef J., De Kesel A. (2011) Champignons comestibles des forêts denses d'Afrique centrale, Taxonomie et identification. In : Degreef J. (éd.) *Abc Taxa*, volume 10. Brussels, Belgian National Focal Point to the Global Taxonomy Initiative.
- Fish L. (1999) Preparing herbarium specimens. *Strelitzia* 7 : 4–44.
- Fish L. (2004) La préparation des échantillons d'herbier. *Scripta Botanica Belgica* 31. Meise, Jardin botanique national de Belgique.
- Ghorbani A., Wieringa J.J., Boer H.J. de, Porck H., Kardinaal A., Andel T. van (2018) Botanical and floristic composition of the historical herbarium of Leonhard Rauwolf collected in the Near East (1573–1575). *Taxon* 67(3) : 565–580.
- Grant V. (1981) *Plant speciation*, 2<sup>nd</sup> ed. New York, Columbia University Press.
- Holmes S. (2003) Bootstrapping phylogenetic trees : Theory and methods. *Statistical Science* 18(2) : 241–255.
- Hörandl E. (2006) Paraphyletic versus monophyletic taxa—evolutionary versus cladistic classifications. *Taxon* 55 : 564–570.
- Magnin-Gonze J. (2009) *Histoire de la botanique*. Paris, Delachaux & Niestlé.
- Meier R. (2008) DNA sequences in taxonomy : Opportunities and challenges. In : Wheeler Q.D. (ed.) *The new taxonomy* : 95–127. Boca Raton, CRC Press.
- Michener C.D., Corliss J.O., Cowan R.S., Raven P.H., Sabrosky C.W., Squires D.S., Wharton G.W. (1970). *Systematics in support of biological research*. Washington D.C., National Research Council, Division of Biology and Agriculture.
- Pavord A. (2005) *The naming of names : the search for order in the world of plants*. New York, Bloomsbury.
- Podani J. (2010) Monophyly and paraphyly : A discourse without end? *Taxon* 59(4) : 1011–1015.
- Pometti C.L., Cialdella A.M., Vilardi J.C., Saidman B.O. (2007) Morphometric analysis of varieties of *Acacia caven* : (Leguminosae, Mimosoideae) : Taxonomic inferences in the context of other Argentinean species. *Plant Systematics and Evolution* 264 : 239–249.

- Queiroz K. de (2006) The PhyloCode and the distinction between taxonomy and nomenclature. *Systematic Biology* 55(1) : 160–162.
- Raven P. (2004) Taxonomy : where are we now? *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B, Biological Sciences* 359 : 729–730.
- Rouhan G., Gaudeul M. (2014) Plant taxonomy : A historical perspective, current challenges, and perspectives. In : Besse P. (ed.) *Molecular plant taxonomy : Methods and protocols*, vol. 1115 : 1–37. New York, Springer Science & Business Media.
- Sokal R.R., Sneath P.H.A. (1963) *Principles of numerical taxonomy*. New York, W.H. Freeman & Co.
- Soltis P.S., Soltis D.E. (2009) The role of hybridization in plant speciation. *Annual Review of Plant Biology* 60(1) : 561–588.
- Sosef M.S.M. (1997) Hierarchical models, reticulate evolution and the inevitability of paraphyletic taxa. *Taxon* 46 : 75–85.
- Stace C.A., Preston C.D., Pearman D.A. (2015) *Hybrid flora of the British Isles*. Durham, Botanical Society of Britain & Ireland.
- Stuessy T. (2009) *Plant taxonomy, the systematic evaluation of comparative data*. New York, Columbia University Press.
- Systematic Association Committee for Descriptive Biological Terminology (1962) II. Terminology of simple symmetrical plane shapes, Chart 1. *Taxon* 11 : 145–156.
- Thiers B. (continuously updated). *Index Herbariorum : A global directory of public herbaria and associated staff*. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. <http://sweetgum.nybg.org/ih/>
- Turland N.J., Wiersema J.H., Barrie F.R., Greuter W., Hawksworth D.L., Herendeen P.S., Knapp S., Kusber W.-H., Li D.-Z., Marhold K., May T.W., McNeill J., Monro A.M., Prado J., Price M.J., Smith G.F. (eds) (2018) *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code) adopted by the Nineteenth International Botanical Congress Shenzhen, China, July 2017*. *Regnum Vegetabile* 159. Glashütten, Koeltz Botanical Books.
- Victor J., Koekemoer M., Fish L., Smithies S., Mössmer M. (2004) *Herbarium essentials : the southern African herbarium user manual*. SABONET Report No. 25. Pretoria, SABONET.
- Vorontsova S.M., Knapp S. (2016) A revision of the spiny solanums, *Solanum* subgenus *Leptostemonum* (Solanaceae), in Africa and Madagascar. *Systematic Botany Monographs* 99. London, The Natural History Museum.
- Wiley E.O. (1978) The evolutionary species concept reconsidered. *Systematic Biology* 27(1) : 17–26.
- World Conservation Monitoring Centre (1992) *Global biodiversity : Status of the earth's living resources*. London, Chapman & Hall.

### Crédits photos:

**Figure 1.** Statue de Théophraste au Jardin botanique de Palerme, Italie.  
(photo par tato grasso – Oeuvre propre (oeuvre personnel), CC BY-SA 2.5,  
<https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=3170845>).

**Figure 2.** Pline l'Ancien (pris de <https://www.britannica.com/biography/Pliny-the-Elder/images-videos/media/1/464822/234312>, accédé 16 août, 2019).

**Figure 3.** Dioscorides (de De Desconocido - <http://huntbot.andrew.cmu.edu>, Dominio público, <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=3607187>).

**Figure 10.** Charles Darwin (de <http://www.charlesdarwin.net/biography.jsp>, accédé 16 août, 16<sup>th</sup>, 2019).





9 789492 663214 >