

La phylogénie des téléostéens acanthomorphes : approches paléontologique et moléculaire

Thèse soutenue par : Donald DAVESNE

Résumé :

Les acanthomorphes sont un groupe de téléostéens principalement marins comprenant plus de 15000 espèces actuelles. Les relations de parenté entre les grands groupes d'acanthomorphes ont longtemps été très mal connues, jusqu'à l'arrivée des premières analyses utilisant la méthode cladistique sur des données morphologiques au début des années 1990. Les relations de parenté proposées par la morphologie ont par la suite été largement remises en question avec l'avènement de la phylogénie moléculaire une décennie plus tard. Ces nouvelles relations de parenté n'ont jamais été testées sur la base de la morphologie, ce qui a comme conséquence qu'à l'heure actuelle, plusieurs classifications existent en parallèle. De plus, les hypothèses sur les premières divergences de l'arbre des acanthomorphes (qui correspondent à la première phase de diversification du groupe, très certainement au début du Crétacé supérieur) sont contradictoires d'une étude moléculaire à l'autre. Notamment, certaines études moléculaires basées sur les génomes mitochondriaux rejettent la monophylie des acanthomorphes.

Dans le cadre de cette thèse, mon objectif était d'aboutir à une hypothèse phylogénétique consensuelle pour la base de l'arbre des acanthomorphes, permettant de réconcilier les résultats moléculaires entre eux et avec la morphologie. Pour l'atteindre, j'ai constitué des jeux de données morphologiques dont l'échantillonnage taxonomique couvre suffisamment la diversité des acanthomorphes pour que les hypothèses moléculaires puissent être testées par la morphologie, ce que les précédents jeux de données morphologiques ne permettaient pas. Ces jeux de données incluaient pour la première fois des taxons fossiles, parmi les plus anciens acanthomorphes connus, présentant des combinaisons d'états de caractères inédites dans la nature actuelle. J'ai en parallèle constitué des jeux de données moléculaires, utilisant de multiples marqueurs mitochondriaux et nucléaires, dans l'objectif de mieux caractériser les sources d'incongruence entre les résultats.

L'analyse de mes données morphologiques, mitochondriales et nucléaires a livré des topologies très largement congruentes entre elles. La fiabilité des clades ainsi retrouvés d'une analyse à l'autre est renforcée. C'est le cas par exemple du groupement entre les Gadiformes (morues) et les Zeiformes (saint-pierre). La monophylie des acanthomorphes est soutenue par toutes les données. Enfin, il est démontré que l'inclusion des taxons fossiles est cruciale pour obtenir des résultats cohérents.

J'ai ainsi obtenu une phylogénie synthétique des acanthomorphes, proposant des synapomorphies pour les clades jusqu'à présent soutenus uniquement par les données moléculaires. Cette phylogénie est replacée dans un contexte temporel grâce aux taxons fossiles. L'approche intégrative adoptée dans cette thèse est prometteuse pour résoudre d'autres questions phylogénétiques complexes, en particulier pour des nœuds profonds.

Origine et première diversification des Mammaliaformes : apport des faunes du Trias supérieur de Lorraine, France

Thèse soutenue par : Maxime DEBUYSSCHERE

le 13 octobre 2015

Résumé :

Le premier chapitre de l'histoire évolutive des mammifères reste mal compris et mal documenté. Les relations de parenté entre les premiers mammaliaformes et leurs proches cousins cynodontes, les mécanismes évolutifs de leur apparition et leur première diversification, ou même l'impact d'une crise biologique à la transition Trias-Jurassique sont autant de débats en cours. Le gisement de Saint-Nicolas-de-Port (Trias supérieur, Lorraine, France) a livré la plus importante collection de mammaliaformes de cette période par son abondance, avec un millier de dents isolées, et par sa diversité, avec des représentants de tous les clades connus. Toutefois, une part importante de ce matériel est inédit. L'objectif de cette thèse est de proposer une révision globale de cette faune mammalienne et de proposer la première analyse phylogénétique des mammaliaformes triasiques.

L'étude systématique décrit 463 dents molariformes, représentant au moins 19 espèces. Parmi les morganucodontes, des taxons connus dans d'autres gisements sont reconnus (Morganucodon, Paceyodon, Paikasigudodon). Deux nouvelles espèces sont décrites (Megazostrodon chenali sp. nov. et Rosierodon anceps gen. et sp. nov.). Les dents inférieures et supérieures de Brachyzostrodon sont associées pour la première fois. Parmi les « symmétrodontes », deux nouvelles espèces de Kuehneotherium et un nouveau genre de Kuehneotheriidae sont décrits. Le genre Woutersia est révisé. Les molariformes supérieures de Delsatia sont reconnues pour la première fois, montrant que ce genre ne partage pas de caractères avec les docodontes. Parmi les haramiyides, le matériel rapporté à Thomasia est redécrit, et le genre Theroteinus est réévalué, montrant la nécessité d'une révision d'ensemble du genre Thomasia.

L'étude cladistique est fondée sur une matrice inédite incluant un grand nombre de mammaliaformes triasiques, analysée avec plusieurs variations de l'échantillonnage taxonomique et du traitement des caractères. Bien que préliminaires, plusieurs résultats sont intéressants. Les morganucodontes forment rarement un clade, indiquant l'hétérogénéité du groupe. Les Kuehneotheriidae se rapprochent du clade Docodonta. Les haramiyides et les multituberculés se rassemblent dans le clade Allotheria, qui s'enracine hors du clade Mammalia. Delsatia s'insère parmi les Trechnotheria, tandis que Woutersia est le groupe-frère soit des Mammalia, soit des Australosphenida ; cela indique une diversification précoce des Mammalia dès le Trias supérieur.

Mots-clés : Dents, Occlusion, Limite Trias-Jurassique, Phylogénie, Origine des mammifères

Epibioses de crustacés décapodes fossiles
Apports paléoécologiques, identification de paléosymbioses et évolution
au cours du temps

Thèse soutenue par : Ninon ROBIN

le 25 septembre 2015

Résumé :

Les associations interspécifiques sont des événements clés de l'évolution des espèces ; leur détection dans le registre fossile présente un intérêt tout particulier. Les épibiontes fossiles (les organismes retrouvés fossilisés sur d'autres organismes) permettent d'avoir accès à de possibles paléosymbioses externes. Les hôtes crustacés décapodes constituent un modèle intéressant pour documenter les épibioses fossiles et investir l'étude des ectosymbioses d'un large groupe dans le temps. Cette étude cherche à comprendre quelles étaient les ectosymbioses de crustacés décapodes dans le passé et actuel et quelles différentes informations nous révèlent plus généralement les épibioses fossilisées. A partir de l'examen de plus de 4000 spécimens de crustacés décapodes de collections paléontologiques européennes, une soixantaine d'épibioses ont été détectées. En se concentrant sur certains cas, les épibiontes ont été identifiés, parfois au moyen d'analyses géochimiques et organiques. La nature *post-mortem* ou *syn-vivo* de ces épibiontes a été examinée sur la base de critères taphonomiques et de critères biologiques traités par actualisme. Ainsi l'étude de ces cas particuliers d'épibioses fossiles ont permis de mettre en évidence le premier cas connu de paléosymbiose de crustacés décapodes impliquant des eucaryotes unicellulaires. Au sein des métazoaires, des cas de bryozoaires, de mollusques gastéropodes et de mollusques bivalves ont été plus particulièrement étudiés, impliquant notamment des paléosymbioses tout à fait originales. Le premier cas d'ectosymbiose fossile impliquant des procaryotes a été caractérisé. Il s'agit d'une association bactéries calcifiantes-pénaeoidés qui a été nouvellement découverte à la fois dans le Jurassique supérieur et dans la nature actuelle. Cette épibiose correspondrait à un cas de parasitisme externe. En associant l'ensemble de ces nouvelles observations aux épibioses fossiles précédemment décrites, un portrait des ectosymbioses de crustacés décapodes fossiles a pu être réalisé et comparé au registre actuel. Très peu de traces de paléosymbioses sont préservées dans le registre fossile; en effet d'importants biais interviennent dans leur préservation. Malgré cela on peut constater qu'au regard des phylums épibiontes et des hôtes colonisés, peu de variations sont observées entre les deux registres. Ainsi, à l'échelle des phylums, les ectosymbioses de crustacés décapodes présentent une certaine stabilité dans le temps.