



PLUMES ET BEC SONT LES SIGNES
LES PLUS MARQUANTS D'UN OISEAU.
ICI, UN PIC ÉPÉICHE
© J. BIRARD

LES OISEAUX EN TANT QUE CLASSE

Par Jérôme Fuchs

Avec plus de 10 000 espèces reconnues, les oiseaux (Classe Aves) constituent un groupe à la fois extrêmement diversifié - deux fois plus d'espèces que les mammifères - et relativement homogène morphologiquement. Cette relative homogénéité morphologique est majoritairement attribuable aux contraintes physiques liées au vol battu pratiqué par la majorité des espèces, à l'exception des autruches ou manchots.

Les oiseaux représentent un des groupes de vertébrés le plus facilement identifiable, grâce à la présence de traits distinctifs uniques, dont la plume et le bec sont les plus marquants, qui les distinguent de leurs plus proches parents actuels, les crocodyliens. Ces particularités morphologiques sont cependant également partagées avec de nombreux groupes fossiles maintenant éteints, dont le plus célèbre représentant est *Archeopteryx*, datant du Crétacé et du Jurassique. Un des principaux caractères permettant de définir les

oiseaux modernes que nous côtoyons (Néornithes) de ces groupes fossiles est la perte des dents.

— DES ANALYSES MOLÉCULAIRES QUI BOULEVERSENT —

La classification des oiseaux de même que le nombre reconnu d'espèces a beaucoup évolué au cours des deux dernières décennies, grâce notamment au développement des méthodes de biologie moléculaire qui ont pu permettre de séquencer et de comparer les séquences d'ADN pour les principales lignées d'oiseaux. Les résultats de ces analyses ont bouleversé de manière très importante notre vision sur l'évolution des oiseaux, qui reposait principalement sur les études morpho-anatomiques. En effet, si certains grands groupes traditionnellement reconnus par les premiers systématiciens, tels que les Psittaciformes (perruches, perroquets et aras) et Passeriformes (tyrans, corneilles, merles, moineaux) se sont révélés cohérents d'un point de vue évolutif, c'est-à-dire regroupant une espèce ancestrale et tous ses descendants, d'autres tels que les Falconiformes

(aigles, faucons) ou Péléciformes (pélicans, fous, cormorans) se sont révélés artificiels, c'est-à-dire ne regroupant pas une espèce ancestrale et tous ses descendants. Ces nouvelles données ont donc permis de montrer que certains caractères (par exemple la forme du bec) qui avaient été utilisés pour grouper ces ensembles (par exemple les aigles et faucons) étaient convergents, c'est-à-dire apparus indépendamment. À l'inverse, les analyses moléculaires combinées à une réinterprétation des données morpho-anatomiques ont permis de démontrer que les plus proches parents des flamants (Phoenicopteriformes) étaient les grèbes (Podicipédiformes), deux lignées qui n'avaient jamais été considérées comme apparentées !

— PSITTACIFORMES ET PASSERIFORMES —

Une solide représentation, soutenue à la fois par les données morpho-anatomiques et moléculaires, des relations de parenté au sein des oiseaux commence donc à émerger, avec trois groupes principaux, les Paléognathes (autruches, kiwis, tinamous), Galloanseres (poulets, faisans, canards, cygnes) et Néoaaves (tous les autres oiseaux). Ces trois grands groupes ont été reconnus depuis longtemps. C'est au sein du groupe des Néoaaves que les plus grandes questions subsistent concernant les relations de parenté des principales lignées (ce que nous appelons communément les ordres). En effet, tous les jeux de données analysés à ce jour peinent à résoudre les relations de parenté de ces ordres, même si certains regroupements, telle que la relation entre les Psittaciformes et les Passeriformes, émergent de manière consistante. Cette absence de fort soutien pour la majorité des relations de parenté au sein des Néoaaves, suggère la présence d'événements de diversification multiples qui se sont déroulés dans un laps de temps relativement court (2 à 5 millions d'années).

— LA CRISE CRÉTACÉ-TERTIAIRE —

À cette hypothèse de diversification rapide se rattache une des questions les plus controversées de l'évolution des oiseaux : quand les oiseaux modernes, et plus particulièrement les Néoaaves, ont-ils commencé à se diversifier ? Était-ce avant ou après la crise Crétacé-Tertiaire, célèbre pour avoir impliqué la disparition des « dinosaures » il y a 66 millions d'années ? Les implications évolutives sont relativement importantes et pourraient permettre de déterminer la taille du filtre imposé sur l'évolution des oiseaux par cette crise biologique majeure. Si cette question peut paraître anodine au premier abord, les implica-

tions évolutives sont très fortes sur l'évolution des oiseaux et sur la façon dont ils ont profité ou non de l'extinction d'autres groupes pour se diversifier. En effet, deux hypothèses majeures existent : la première stipule que les principales lignées d'oiseaux modernes (par exemple, les Passeriformes, les Psittaciformes, les Falconiformes) étaient déjà présentes avant la crise Crétacé-Tertiaire. La deuxième hypothèse implique que les principales lignées d'oiseaux sont apparues et rapidement diversifiées tout juste après la crise Crétacé-Tertiaire. La première hypothèse implique donc un filtre relativement faible sur l'extinction des oiseaux puisque les principales lignées étaient déjà présentes avant cette crise biologique alors que la deuxième hypothèse implique la présence d'un filtre très fort puisque seulement une lignée du groupe des Néoaaves aurait survécu à cette crise biologique majeure avant de se diversifier.

— L'HYPOTHÈSE

D'« HORLOGE MOLÉCULAIRE » —

L'étude du registre fossile pour cette période peut, en théorie, permettre de favoriser l'une des deux hypothèses. Cependant, les caractéristiques morpho-anatomiques des oiseaux (petite taille, os pneumatisés) font que le registre fossile est très fragmentaire et ne repose souvent que sur des squelettes ou os partiellement préservés ce qui rend l'assignement des fossiles à des groupes modernes très difficiles. De ce fait l'absence de fossile d'oiseaux pour le Crétacé ne permet pas de soutenir l'une ou l'autre hypothèse. Plusieurs études ont tenté d'estimer les dates de divergences des principales lignées grâce aux séquences d'ADN mitochondrial (une organelle de la cellule avec un génome réduit propre), en partant du principe que les mutations s'accumulent dans le génome de manière relativement constante (hypothèse d'« horloge moléculaire ») et en partant de différentes hypothèses sur le rythme de cette horloge. Les résultats de ces études ne permettent pas non plus de favoriser l'une ou l'autre hypothèse.

En dépit d'améliorations certaines, nos connaissances sur l'évolution et la classification, à tous les niveaux (ordre, famille, genre), d'un groupe aussi charismatique que les oiseaux restent encore partielles, le tout récent développement de méthodes permettant de séquencer des génomes complets relativement aisément, couplées à de nouvelles analyses des caractères morpho-anatomiques et à la découverte continue de fossiles est en train de donner un nouvel essor à l'étude de l'évolution des oiseaux.