

Eucaryotes: une mise à jour

Taxonomie eucaryote

J'ai ajouté 8 taxons: *Colponema*, *Fonticula*, *Telonema*, Katablepharidés, Haplosporidies, Paramyxés, Ellobiopsides, et Hémimastigotes, et divisé les Celestines et les Hétéroloboses, ce qui fait 51 taxons, incluant l'ancêtre hypothétique. J'ai également ajouté 17 caractéristiques et en ai exclu 6 (à cause d'erreurs), soit 331. Les autres étaient:

- 320. flagelle dirigée vers l'arrière avec pli
- 321. mastigonèmes tripartites
- 322. myzocytose
- 323. dualisme nucléaire
- 324. haplosporosomes
- 325. division cellule-dans-cellule
- 326. plaques pelliculaires à symétrie de rotation double
- 327. métabolique
- 328. flagelle traînante circonférentielle
- 329. streaming améboïde
- 330. squelette siliceux 0 - 1+ 2 opaline
- 331. gène du plastide rpl36
- 332. appareil flagellaire avec 2 réseaux microtubulaires concentriques
- 333. télonémasome-corps K
- 334. éjectisome-corps R
- 335. motif axonemal microtubulaire dodécagonal
- 336. célestine (sulfate de strontium)

Le format TNT de l'ensemble de données (commençant par 0) a été conservé.

PAUP (Swofford, 2018), Wagner, et ACCTRAN ont été utilisés. Il n'y avait pas de contraintes topologiques ni de pondération. Il y avait 12 arbres optimaux, 14.67 millions de réarrangements, 1247 pas, et 278 caractéristiques parcimonie-informative. Le pointage du meilleur arbre ou des meilleurs arbres était de 1122, le CI .35, et le RI .45.

La nouvelle version PAUP est meilleure car elle reconnaît le plus grand clade, donc les Eucaryotes apparaît, mais le pourcentage d'arbres optimaux dans lesquels elle apparaît et les valeurs de rééchantillonnage pour elle ne sont pas données; le pourcentage APP (arbre le plus parcimonieux) est probablement de 100 et les valeurs de rééchantillonnage sont élevées.

Dans le consensus majoritaire, l'Histonie apparaît à nouveau dans tous les arbres optimaux, mais les valeurs de probabilité restent également inférieures à 50. Les Cercobiotés, Excavés, Nuclearidés-*Fonticula*, et Pélomyxides-Myxobiotés apparaissent dans tous les arbres optimaux, mais pas les Celluloses, Filoses, Chromistes, Euchromistes, ni Taxopodes-Euloboses. Et il n'y avait encore ni Alvéolés, ni Dinociliés, ni Miobiotés (Myzobiotés). Il convient de noter, en ce qui concerne Myzozoa, que la myzocytose est considérée comme caractéristique de ce groupe, mais elle se produit également dans les Euglénaires, par exemple, *Peranema* et *Diplonema*. Comme les Alvéolés et les Miobiotés ne sont pas corroborés par des preuves classiques, ils ne devraient pas être considérés comme monophylétiques. Les Hémimastigotes ne parviennent pas à se regrouper avec les Euglénaires et sont considérés comme une lignée au niveau au dessus de règne dans une taxonomie moléculaire (Lax et al,

2018).

Dans l'arbre des probabilités (table 1), la juxtaposition de plusieurs groupes laisse entrevoir des clades possibles: les Chromistes (y compris *Telonema* et Katablephidés), les Cercomyxés, *Fonticula-Nuclearidés*, et les Excavés (y compris *Colponema*, les Hémimastigotes, et les Euglénaires), comme ils ont des synapomorphies.

Les Hétéroloboses sont divisées en 2 sous-embranchements, les Tetramites et les Pharyngomonades (1 genre), basées sur l'analyse de l'ARNr 18S (Harding et al, 2013), avec l'hélice 17-1 comme synapomorphie moléculaire et la perte du système de fibres R1-C comme synapomorphie phénotypique pour la première, mais cet arrangement est encore provisoire, comme il n'a pas été soumis à une analyse cladistique. Une nouvelle famille d'Hétéroloboses, Psalterimonadidés (9 espèces dans 5 genres, *Psalterimonas*, *Sawyeria*, *Monopylocystis*, *Harpagon*, et *Pseudoharpagon*) a été identifiée génotypiquement et correspond au phénotype (Panek et al, 2014), puisqu'elle est anaérobie, amitochondrié, et a une structure en forme de harpe composée du faisceau microfibrillaire et de la racine 2, et d'une feuille fibreuse sous-jacente aux corps basaux, cependant, ces caractéristiques se trouvent également dans *Percolomonas* et *Lyromonas*. Sept des genres des Vahlkampfidés sont des quadriflagellés (*Tetramastigameba*, *Tetramastigameba*, *Tetramitus*, *Willaertia*, *Monopylocystis*, *Harpagon*, *Pharyngomonas*, et *Percolomonas*), comme certains polymastigotes et certaines algues vertes; *Psalterimonas* a 4 séries de 4 flagelles chacune. Dix genres ont été ajoutés au Vahlkampfidés au cours des dernières années et 3 au Gruberellidés, soit un total de 29. Les Vahlkampfidés et les Schizopyrénides sont considérés comme polyphylétiques, mais une analyse cladistique basée sur les preuves classiques est nécessaire pour les confirmer comme tels, si elles le sont vraiment.

Un nouveau groupe d'algues, les Chromales (appelé à tort les Chromides), comprenant *Chromera* et *Vitrella*, a été découvert (par Moore et al en 2008) et est peut-être apparenté aux Télsporidies (Apicomplexés), un groupe considéré comme étant autrefois phototrophe, et les deux groupes ont des plastides d'algues rouges (Moreira et Lopez-Garcia, 2014; Linares et al, 2014). L'apicoplaste non-photosynthétique de Télsporidies, qui possède 4 membranes, comme les Chromistes, et la parenté présumée avec les Chromales sont considérés comme une indication de perte de chloroplastes, avec un changement ultérieur à un mode de vie parasitaire.

La classification traditionnelle des Sporozoaires, établie par Leuckart en 1879, contenait les sous-classes Télsporidés (ordres Gregarinidies, Coccidies, et Hémosporidies), Acnidosporidies (ordres Sarcosporidies et Haplosporidies) et Cnidosporidies (ordres Myxosporidies, Actinomyxidies, Microsporidies, et Hélicosporidies). Les Hélicosporidies (1 genre) s'est avéré être une algue verte, et les Sarcosporidies ont été placées dans les Coccidies en tant que famille, et comme les microsporidies et myxozoaires (myxosporidies) vont aux Fonges et aux Animaux, respectivement, le nom de Télsporidies est synonyme avec Apicomplexes et est désigné comme tel par Margulis et Schwartz(1998).

Table 1. Arbre de probabilité pour les eucaryotes.

	bootstrap	jackknife
Ancêtre hypothétique		
Eukaryotes		
<i>Cyanidioschyzon</i>		
Métakaryotes	75	77
Cyanidiobiotes	69	72
Néokaryotes	81	79
Glaucobiotes		

Rhodobiotés	85	81
Stylonematales		
Rhodellés		
Porphyridiales		
Eurhodobiotés		
Plasmodiophores		
Spongomonadaes		
Plantes		
<i>Telonema</i>		
Katablepharidés		
Chlorarachnies		
Cryptomonades		
Haptomonades		
Hétérokontes		
Cercomonades		
Myxobiotés		
Métacercobiotés	73	69
Opisthokontes	71	63
Ascetosporés	70	70
Foramaxies	68	63
Foraminifères		
Actinopodes	57	62
Héliocelestines	94	95
Desmoth.-Centrohél.	83	77
Célestines	95	90
Phéodaires		
Taxopodes		
Dinoflagellés		
Ciliophores		
Apicomplexés		
<i>Fonticula</i>		
Nuclearidés		
Vampyrellides		
Gromides		
Euglyphides		
<i>Colponema</i>		
Jakomastigotes	88	79
Hétéroloboses	97	99
Hémimastigotes		
Euglénaires		
Pélomyxides		
Euloboses		

Les résultats ont encore été décevants, comme l'homoplasie était élevée (mais c'était prévisible en raison de la grande matrice de données), et l'arbre de probabilité n'a soutenu de façon convaincante que 13 clades sur 41 possibles, soit environ un quart seulement. Toutefois, les Célestines-

Heteroloboses, ont été fortement confirmées, et la confiance pour les Opisthocontes et les Foramaxies (Retaires n'est pas un bon nom comme les actinopodes n'ont pas de pseudopodes réticulés) étaient beaucoup plus élevés.

Le gène *rpl36*, qui unit les Hacrobies (les Haptomonades, les Picorhobiotés, *Telonema*, les Cryptomonades-Katablepharidés, les Centrohélides), a été inclus dans l'analyse, mais le groupe n'a pas été retrouvé du tout.

Prérhodophycées+Rhodobiotés est souvent retrouvé dans les taxonomies génotypiques, cependant, l'échantillonnage est limité dans la plupart. Les algues rouges ont très probablement évolué leurs plastides à partir de cyanobactéries qui contiennent uniquement de la chlorophylle a et des phycobilines, tandis que les plastides végétaux ont probablement évolué à partir de chloroxybactéries qui contiennent de la chlorophylle a et b et pas de phycobilines. Il y avait au moins 4 symbiogenèses plastidiques secondaires: chlorophylle c dans les chromistes (d'une algue rouge), chlorophylle b dans les chlorarachniens (d'une algue verte), chlorophylle b dans les euglènes (également d'une algue verte), chlorophylle c dans les dinoflagellés (d'un hétéroconte, donc les 4 fucoxanthines, qui se retrouvent dans les hétérokontes, que'on retrouve aussi dans les dinoflagellés, et dont on peut reconnaître le symbiote), et dans les Télésporidies (d'une algue rouge).

Les algues rouges en tant qu'algues basales sont appuyées par des preuves moléculaires (Hori et Osawa, 1987; Hori et al, 1990; Luttke, 1991; Nozaki et al, 2007) et les Archéoplastides en tant que polyphylétiques est également appuyé par des preuves moléculaires (Hori et Osawa, 1987; Hori et al, 1990; Luttke, 1991; Olsen, 1994; Bhattacharya, 1995; Nozaki et al, 2007; Yoon et al, 2008; Kim et Graham, 2008; Tekle et al, 2008; Parfrey et al, 2010; etc.) ainsi que des preuves classiques antérieures (Lipscomb, 1985, 1989, 1991). Les algues rouges comme les eucaryotes les plus primitives a également été appuyé par Pascher (1931), Copeland (1947, 1956), Vada (1952), Chadefaud (1960), Jeffrey (1971), Leedale (1974), Margulis (1974), Edwards (1976), Taylor (1978), Cavalier-Smith (1978), Parker (1982), Takhtadjian (1983), Möhn (1984), et Starobogatov (1986, qui a également séparé *Cyanidium* comme l'embranchement des Cyanidiophytes). Elles sont considérées comme les plantes (dans le sens le plus large) eucaryotes les plus primitives (donc plus primitives que les fonges) dans Moreau (1960) et Caratini (1971), et considérées comme un groupe isolé dans le premier. Van Den Hoek et ses collègues (1995) ont les glaucophytes comme premiers eucaryotes, suivis des algues rouges.

Et les Archéoplastides comme polyphylétiques sont également appuyé par des preuves moléculaires (Hori et Osawa, 1987; Hori et al, 1990; Luttke, 1991; Olsen, 1994; Bhattacharya, 1995; Nozaki et al, 2007; Yoon et al, 2008; Kim et Graham, 2008; Tekle et al, 2008; Parfrey et al, 2010; etc.) et Lipscomb (1985, 1989 et 1991).

Pueschel faisait remarquer en 1990: "Étant une ancienne lignée, les algues rouges ont subi une vaste gamme de modifications dans l'organisation cellulaire. Même la gamme des possibilités morphologiques, des formes unicellulaires aux thalles parenchymateux complexes, ne parvient pas à transmettre le degré de diversité cellulaire" (Saunders et Hommersand, 2004). Comme c'est noté dans Saunders et Hommersand, la diversité morphologique et structurelle fine des algues rouges est aussi frappante que leur variation génétique révélée dans les études moléculaires. Il existe au moins 3 modèles d'association de corps Golgi, 3 méthodes par lesquelles les cellules atteignent la multinucléarité dans le développement, plusieurs méthodes pour établir des connexions intercellulaires par fusions cellulaires et formation de pits-plug, 5 modèles distincts de mitose, 3 modèles de cytokinésie, et 3 modèles par lesquels les différentes structures reproductrices sont formées.

Van Den Hoek et al (1995) remarquent qu'une comparaison des distances évolutives basées sur l'ARNr 5S (Hori et Osawa, 1987) entre genres au sein de différents groupes montre que dans les algues rouges, elles sont globalement supérieures à celles entre genres d'autres algues, plantes supérieures, et animaux, ce qui témoigne de la grande ancienneté des rhodobiotés et que ceci

correspond à la chronique des fossiles. Les algues rouges ont 22-56, les algues vertes <.02-45, et les algues brunes 1-5. Les mammifères ont 0.

Le registre fossile confirme que les algues rouges sont les eucaryotes ancestraux puisque le fossile eucaryote le plus ancien incontesté identifié comme membre d'un groupe moderne est *Bangiomorpha* Butterfield 2000 (Rhodobiotés au sens stricte) datant de 1.2 milliards d'années dans le Protéobiotique moyen trouvé dans la Formation Hunting de l'île Somerset, au Nunavut (Javaux, 2007). Il n'y a pas de fossiles de *Cyanidioschyzon*, ni des 2 autres genres de pré-rhodophycées, mais comme il est le plus ancien des formes connues, il aurait probablement environ 2 milliards d'années, comme le plus ancien eucaryote est un acritarche (*Valeria* Horsfield, 1829) à 1.8 milliards d'années (Javaux, 2007). Les acritarches sont des microfossiles sphériques à parois organiques, nommés par Wm. Evitt (1963), un géologue à Stanford, du grec *acrit* pour incertain ou confus et *arch* pour origine. Il y a 400 genres (Corliss, 1984).

Des marqueurs chimiques de dinoflagellés ont été signalés dans plusieurs unités protéobiotiques (protéozoïques) et même archéobiotiques (archéozoïques) aussi vieilles que 2.5-2.8 milliards d'années (Porter, 2006), mais, étant donné son âge, l'occurrence archéobiotique est attribuée à une origine indépendante (non-dinoflagellée) et les occurrences protéobiotiques ont été interprétées comme des contaminants possibles ou des précurseurs de dinostéroïdes qui ne sont pas en eux-mêmes des dinoflagellés actuels. Il est intéressant de noter que les données paléobiotiques sur l'abondance des dinostéroïdes correspondent bien à celles sur la diversité des acritarches, ce qui suggère que de nombreux acritarches peuvent représenter des kystes dinoflagellés. Des nombreux kystes dinoflagellés modernes n'ont pas de caractéristiques diagnostiques et seraient probablement regroupés avec les acritarches s'ils étaient trouvés sous forme de fossiles. Plusieurs essais de recherche ont suggéré que certains acritarchs protéobiotiques pourraient être des kystes de dinoflagellés, ce qui a montré que certains acritarchs acanthomorphes édiacariens ont des traits chimiques et ultrastructurels compatibles avec une affinité dinoflagellée, bien que ça soit contesté par d'autres. Cependant, les acritarchs manquent un trait caractéristique dinoflagellée, l'archéopyle ou pore d'excystement par lequel le dinoflagellé sort du kyste; ils manquent en plus le sillon, appelé cingulum, qui est caractéristique de beaucoup de dinoflagellés. Diverses autres algues peuvent former des kystes qui se ressemblent superficiellement. On ne sait pas exactement quels étaient les acritarches. Ils comprenaient probablement un certain nombre de clades d'algues eucaryotes et sont donc un "taxon de forme", y compris tous ces fossiles en forme de spores qui n'ont pas été placés de façon concluante dans un autre groupe.

Porter ajoute qu'étant donné que la distribution taxonomique de ces caractéristiques n'est pas bien documentée, il est impossible de savoir si leur présence dans les groupes fossiles et modernes est attribuable aux facteurs est du à l'homologie ou la convergence, et, s'il est du à l'homologie, si leur occurrence reflète un état apomorphe ou plésiomorphe. Les premiers phagotrophes connus sont des arcellinides (amibes testées loboses) datés de 742 millions d'années (dans le Néoprotéobiotique), trouvés dans la Formation de Chuar, Grand Canyon (Porter et al, 2003).

On dit parfois que les algues vertes sont les plus vieilles eucaryotes, avec 1.5 milliard d'années (Emiliani, 1995), et Loeblich a placé l'origine à 900 ou 1000 millions d'années (au début du Protéozoïque supérieur), mais ceux-ci sont contestés et l'UCMP (l'Université de Californie, Musée de Paléontologie) dit que des fossiles ressemblant superficiellement à des algues vertes remontent au Précambrien. MicrobeWorld.Org dit qu'ils remontent à 500-600 millions d'années. Les phycomas prasinophycéens sont facilement fossilisables et leurs morphologies distinctives ont permis leur reconnaissance dans des roches aussi vieilles que l'âge Précambrien (Margulis et al, 1990). Les fossiles calcifiés de Dasycladales sont les deuxièmes plus anciennes des algues vertes, datant du Précambrien (Margulis et al, 1990).

Le registre fossile présente une abondance d'autotrophes dans le Précambrien et une pénurie d'hétérotrophes dans cette même éon, ce qui indique que les autotrophes sont les eucaryotes les plus primitifs, contrairement à l'opinion dominante et probablement erronée.

Porter affirme que les hétérotrophes sont nécessairement les premiers eucaryotes, mais elle ne corrobore pas cette affirmation extraordinaire. Il est probable qu'elle se réfère à des phylogénies moléculaires et qu'elle les considère donc comme infaillibles, ce qu'elles ne sont certainement pas. Elle offre 2 explications possibles pour l'absence d'hétérotrophes dans le Précambrien. La première est que la diversité hétérotrophe pourrait avoir été faible en raison de la productivité primaire limitée des océans mésoprotérozoïques. Les preuves à l'appui de cette hypothèse sont essentiellement hypothétiques, et les preuves empiriques sont encore plus incertaines. L'autre est, selon elle, plus probable et est un biais taphonomique (fossilisation) dû au fait que les algues ont des parois cellulaires organiques qui les rendent plus faciles à conserver, alors que celles-ci sont censées être rares chez les hétérotrophes, et les eucaryotes minéralisés du Précambrien sont rares. Mais les parois cellulaires organiques ne sont pas rares dans les champignons et les champignons sont un groupe très important, donc l'argument est invalide. Bien sûr, l'explication la plus probable est que les autotrophes sont les premiers eucaryotes, et les pré-rhodophycées sont les eucaryotes les plus primitifs qu'on connaît.

Mes phylogénies sont le plus souvent en accord avec le registre fossile puisque seulement 3 taxons sur 10 (les Foramaxies comptés comme 1), les Hétérocontes, Euloboses, et Haptomonades, ne sont pas en accord avec elle, apparaissant plus tôt dans la chronologie fossile (les 2 premiers) ou plus tard (le 3ème) que prévu dans les phylogénies, et il est possible que les désaccords soient dus à une erreur dans les dates (voir ci-dessous). Dans les taxonomies moléculaires typiques, 6 sur 10 sont en désaccord avec la chronologie fossile: les Rhodophycées, Hétérocontes, Plantes, Euloboses, Animaux, et Champignons, les 3 premiers plus tard qu'ils devraient l'être et les 3 autres plus tôt.

Les supergroupes moléculaires sont généralement présentés comme certains ou probables, mais la plupart ne sont que modérément, ambiguëment, ou faiblement soutenus. Philippe et al (2000) affirment que seuls les opisthocontes, les archéoplastides, et les alvéolés sont reconnus sans ambiguïté par les taxonomistes moléculaires, mais c'est rien que le premier de ceux-ci qui est fortement soutenu.

Voici un sommaire du survol par Parfrey et al (2006) des analyses génotypiques (la première colonne représente le nombre d'études dans lesquelles le taxon est présent, la deuxième le nombre d'études incluant le taxon, et la troisième le pourcentage; les chiffres incluent les gènes nucléaires et plastidiques):

Opisthocontes	43	51	84.3
Rhizaires	19	29	65.5
Amibozoaires	20	42	47.6
Archéoplastides	26	61	42.6
Chromalvéolés	16	60	26.6
Excavés	9	39	23

Les Alvéolés, Chromistes, Unicotes, Bicontes, et Foramaxies n'ont pas été inclus, mais apparemment, les Chromistes sont généralement pas récupérés et les Alvéolés sont probablement pas soutenus ou le sont faiblement. Les Chromalvéolés, comme les Archéoplastidies, sont récupérés avec des gènes plastidiques mais pas nucléaires.

Baldauf et al (2000) présentent une analyse de diverses protéines, à une, deux, trois et quatre voies, dans 15 catégories. Les 4 protéines sont EF-1 alpha, l'actine, l'alpha-tubuline, et la bêta-tubuline. Des 18 groupes inclus, les valeurs de bootstrap ont montré un soutien modéré (50-74) à fort (75-100),

sauf pour les Chromalveolés (Hétérocontes+Ciliés-Apicomplexés), Archéoplastides (plantes, algues rouges, et glauophycées), Plantes+Rhodobiotes, Miozoaires (ciliophores et télosporidies), et Excavés. Les Conoses n'ont pas été inclus, cependant, les Amibozoaires (Euloboses-Myxobiotes) l'ont été. Les Bicontes et Chromistes n'étaient pas inclus non plus. Voici un résumé des 8 supergroupes inclus (les chiffres incluent les gènes nucléaires et plastidiques).

	fortement appuyé	modérément appuyé	total	%
Opisthocontes	11	2	15	80
Amibozoaires	3	0	4	75
Unicontes	6	5	15	57
Miozoaires	4	2	15	33
Discicristés	4	0	15	27
Chromalvéolés	1	2	8	25
Plantes+Rhodobiotes	0	1	8	6
Archéoplastides	0	0	8	0

Le pourcentage que j'ai calculé à partir du pointage--2 points pour fortement appuyé, 1 pour modérément appuyé et 0 pour faiblement appuyé--sur le pointage total possible. Voici les pourcentages de pointage incluant également d'autres protéines et ARNr (SSU, LSU, et combinés) pour le soutien de rééchantillonnage présenté dans l'article à partir d'autres analyses:

Amibozoaires	87.5
Opisthocontes	62
Miozoaires	50
Unicontes	33
Chromalvéolés	27.5
Discicristés	27
Plantes+Rhodophycées	21
Archéoplastides au sens large	12

En combinant Baldauf et al avec Parfrey et al on obtient les moyennes suivantes:

Opisthocontes	73
Amibozoaires	68
Archéoplastides	27
Chromalvéolés	25
Excavés	25

Parfrey et ses collègues (2010) affirment que leur analyse démontre que les taxonomies des supergroupes sont instables et que leur soutien varie énormément, ce qui indique que la classification actuellement acceptée des eucaryotes est probablement prématurée, mais la plupart des taxonomistes moléculaires la présentent comme certaine, et c'est pas probablement prématurée, c'est certainement et monumentalement en erreur.

Ils soulignent également que le soutien des Archéoplastides provient principalement d'analyses phylogénomiques et que celles-ci peuvent détecter un signal TGE (transfert de gènes endosymbiotiques) trompeur de gènes transférés indépendamment du plastide au noyau hôte dans les 3

clades d'Archéoplastidies.

Stiller et Harrell (2005) soulignent que le "clade" peut s'expliquer par "l'exclusion des branches courtes" et que "des biais subtils et facilement négligés peuvent dominer les résultats globaux des analyses phylogénétiques moléculaires des relations eucaryotes anciennes. Les sources d'artefacts phylogénétiques potentiels devraient être étudiées régulièrement, et pas seulement quand on rencontre une "attirance à longues branches évidente." Tekle et al (2009) soulignent que les rouges et vertes ont différents complexes de protéines rubisco et différents composés récoltant la lumière et déclarent que le soutien pour la monophylie des génomes hôtes des Archéoplastidies est généralement élevé dans les analyses de grands ensembles de données (phylogénomique) avec un échantillonnage taxonomique limité, et la réanalyse des données de Rodriguez-Ezpeleta et ses collègues, y compris d'autres taxons d'intérêt et l'élimination de sites en évolution rapide, qui peuvent produire des relations fallacieuses, n'ont pas soutenu la monophylie du groupe, et que leurs analyses (Tekle et al) riches en taxons des 4 marqueurs les plus échantillonnés (SSU, actine, alpha-tubuline, et bêta-tubuline) l'ont pas recouvert non plus. Ils affirment également que ces résultats suggèrent une incongruité due aux signaux contradictoires de l'hôte et des génomes plastidiens, mais ils montrent aussi que l'une des causes de l'artifice est l'échantillonnage limité du taxon.

Les archéoplastidies ne sont pas appuyés dans mon analyse, comme prévu, car ils n'ont pas de synapomorphies, sont faiblement appuyés génotypiquement, et sont contredits par l'analyse classique de Lipscomb, par 35 analyses moléculaires, et par l'analyse combinée de Goloboff et al.

Les Foramaxies, combinant les actinopodes et les forams, qui reçoivent une valeur de confiance élevée de près de 80 avec TNT, est en partie corroborée dans plusieurs études moléculaires.

Les Rhizaires sont pas retrouvés non plus, ce qui n'est pas surprenant, car le groupe est mal défini et seulement modérément soutenu dans les phylogénies moléculaires (Parfrey et al, 2007), le soutien statistique pour lui est incohérent dans les généalogies multigéniques avec un échantillonnage taxonomique plus large (Yoon et al, 2008), il est ambigu dans Goloboff et al (2009), et est évidemment un groupe artificiel.

En d'autres termes, ceux qui considèrent la taxonomie moléculaire comme infaillible ou supérieure, non seulement ignorent les preuves phénotypiques qui ne sont pas d'accord avec elle, mais aussi les preuves moléculaires qui vont à l'encontre de leur vision manifestement erronée de la phylogénie eucaryote.

Mini-règnes possibles

Pawlowski (2013) identifie 8 eucaryotes "micro-règnes" ("micro-règne" est un rang) qui sont les Apusomonadidés-Ancyromonadidés, Collodictyonidés-Rigidifilides, Katablepharidés-Cryptophytes, Glaucophytes-Picobiliphytes, Centrohélides, Rappémonades, Haptophytes, et Telonémies. Toutefois, la plupart ou la totalité d'entre eux pourraient bien être liés à des groupes plus grands.

Les Apusomonades se rangent fortement avec les Thaumatomonades dans ma classification, et les Ancyromonades ont des affinités soit avec les cercomonades soit avec les eugléniens, comme *Ancyromonas* Kent, 1880 est considéré par certains comme un synonyme junior pour *Bodo*, qui appartient aux les Kinétoplastidies, et Mylnikoff, écrivant en 1990, le traite comme Hétéromita, qui appartient aux Cercomonades (Patterson & Zölffel, 1991). Contrairement à Pawlowski, les Ancyromonadidés ne forment pas un clade avec les Apusomonades dans les classifications moléculaires (Atkins et al, 2000). *Collodictyon* Carter, 1865 est probablement le même que *Tetramitus* (Patterson & Zölffel, 1991), qui est un Vahlkampfidé.

Les Centrohélides se rangent fortement avec la plupart des autres actinopodes dans mes analyses.

On sait peu de choses sur les Rappémonades récemment découvertes (nommé d'après Michael Rappé de l'Université d'Hawaïi), mais elles se rangent avec les Haptomonades et les Cryptomonades en taxonomie moléculaire et ont 1 ou 2 chloroplastes bilobés, comme les Haptomonades ont tendance à avoir (Kim et al, 2011).

Breviata est un autre organisme considéré de position incertaine, mais *Mastigamoeba balamuthi* (anciennement *Phreatamoeba balamuthi*), qui est un pélobiote isolé dans un puits en Gambie par Chávez et al en 1986, est maintenant étudié sous le nom de *Breviata* Walker et al, 2006 (*Mastigameba* - bms.ed.co.uk).

On a au début pensé que les 'picobiliphytes' étaient phototrophes, mais on a ensuite constaté qu'ils étaient hétérotrophes, sans plastides et sans photosynthèse (Seenivasan et al, 2013; Moreira et Lopez-Garcia, 2014). Ils se sont groupés avec les Cryptomonades-Katablepharidés dans Not et al en 2007 et Cuvelier et al en 2008, mais avec moins de 60% de soutien bootstrap; avec *Telonema* avec 80-90% de confiance et indirectement avec les Haptomonades, Cryptomonades-Katablepharidés, et Glaucobiotés dans Yoon et al en 2011; et avec les Glaucobiotés dans Burki et al en 2012 avec moins de 60% de confiance (Moreira et Lopez-Garcia, 2014).

La cellule picozoïque est divisée en 2 parties, l'une contenant le noyau, la mitochondrie, le dictyosome, et l'appareil flagellaire, et l'autre contenant un cytotome, des vacuoles alimentaires, et des vésicules, séparées par une citerne vacuolaire de fonction inconnue. Et il a un mouvement atypique et cyclique de "saut, traînée, et déguerpir". (Moreira et Lopez-Garcia, 2014).

Informations Supplémentaires

Pour la classification phylogénétique des Plantes, les noms des deux divisions fondamentales devraient être Cruciés (ou Cruciophytes) et Unilatérales (ou Unilatérophytes), mais Protochlorophytes et Néochlorophytes pourraient être également utilisés.

Les taxons ajoutés et divisés sont inclus dans la table des habitats, et les statistiques les concernant sont les suivantes:

	ords.	fams.	gen.	esp.
Polycystines	2	17	61	?
Acanthaires	4	20	50	150
Schizopyrénides	1	2	14	?
Ellobiopsides	1	1	5	?
Haplosporidies	1	2	3	31
Paramyxies	1	1	3	6
Hémimastigotes	1	1	3	?
Acrasides	1	1	2	?
Katablepharacées	1	1	2	?
Colponémies	1	1	1	?
Telonémies	1	1	1	?

Table 3. Taxons Listed by Habitats (++ = prédominant)

océan. nrtq. mrng. saum. ea. d. terrestre

Myxobiotés						+
Acrasies						+
Plasmodiophores						+
<i>Fonticula</i>						+
Desmothoracides					+	
'prérhodophycées'					+	+
Hémimastigotes					+	+
Cormophytes		+	+	+	++	
Amastigomycotes		+	+	+	+	++
Euglyphides		+	+	+	++	++
Chytridiomycotes		+			++	++
Métazoaires	+	+	+	+	+	++
Gromides		+	+	+	+	+
Euloboses		+	+		+	+
Katablepharidés		+	+		+	
Jakobides		+			+	+
Schizopyrénides		+			+	+
Vampyrellides	+			+	+	
Polymastigotes		+			+	+
Apicomplexés	+				++	
Cercomonades				+	+	+
Euglénoïdes		+	+	+	++	+
'algues vertes'	+	+	+	+	++	+
Hétérokontes	++	++	+	++	+	
Rhodobiotés		++	++	+	+	+
Cryptomonades	+	+	+	+	+	
Haptomonades		+	+	+	+	+
Dinoflagellés	+	++	+	+	+	
Haplosporidies			+		+	+
Ellobiopsales		+			+	
Spongomonades				+		
Glaucobiotés				+		
Chlorarachnies			+	+	+	
Pélomyxides		+		+		
Nucléarides		+		+		
Héliozoaires		+		+		
Choanoflagellés		++		+		
Ciliés	+	+		+		
Forams	+	+				
Phéodaires	+	+				
Polycystines	+	+				
Acanthaires	+	+				
Paramyxés	+?	+				
<i>Telonema</i>	+?	+				
<i>Colponema</i>	+?	+				

(nrtq.=néritique, mrng.=marnage (batture ou estran), saum.=saumâtre, ea. d.=eaux douces; la plupart des données viennent de Margulis et al, van den Hoek et al, Lee et al, Holt et al, et Parker).

Les Plasmodiophores, Haplosporidies, Paramyxés, Apicomplexés, et Polymastigotes sont entièrement ou presque entièrement parasitaires, le premier chez les plantes terrestres et les 4 derniers chez les animaux; ils sont désignés ici selon l'habitat de leur hôte. Et les formes épizootiques ou épiphytiques sont désignées en fonction de l'organisme sur lequel elles vivent, par exemple, *Cryptochlora*, un chlorarachnien, a été trouvé sur des algues vertes dans la zone supralittorale et est donc terrestre.

Classification utilitaire

Comme les phylogénies moléculaires ne parviennent pas non plus à soutenir une taxonomie claire, montrant des groupes manifestement artificiels tels que les Prérhodophycées, Archéoplastidies, et Rhizaires, et le mauvais placement des Métabactéries, Opisthokontes, et les Amibes protozoaires (toutes étant dérivées au lieu de primitives) en raison du LBA (long branch attraction), et d'autres qui ont de la substance ont également un soutien faible comme les Chromalveolés et Chromistes ou Euchromistes, comme la chronique fossile restera incomplète, et comme l'information manquante continue, il semble qu'une classification phylogénétique précise au niveau du super-groupe est impossible à atteindre dans un avenir proche et pourrait jamais l'être. Dans une telle situation, la classification de commodité, qu'on peut appelé aussi utilitaire, devient encore plus importante et c'est ce qu'on devrait utiliser plus que les taxonomies évolutionnaires au niveau des super-groupes (Figure 1, Table 4).

Un arrangement de 4 règnes sans règne protiste est plus utile et informatif, contrairement à la plupart des systèmes alternatifs modernes, qui avaient un règne protiste de quelque sorte. Ce taxon particulier, maintenu par les gradistes comme étant monophylétique et phylogénétique, est particulièrement artificiel, même selon les normes de commodité.

Les 4 règnes sont les Bactéries (procaryotes, pour la plupart osmotrophiques, et avec une paroi de murein typiquement), le Phytes (généralement autotrophe, producteurs, et avec une paroi cellulosique typiquement), Mycotes (osmotrophe, décomposants, avec une paroi surtout chitineuse), et Zoaires (phagotrophiques, consommant, sans paroi). Les 3 derniers peuvent aussi être appelés Autotrophes, Osmotrophes, et Phagotrophes. Les 2 super-règnes sont les Prokaryotes et les Eukaryotes. Les règnes eucaryotes avec des parois sont placés côte à côte. Il est biaxial donc les lignes horizontales séparent les types de crêtes (de mitochondrie) et les lignes verticales séparent les modes trophiques (une double ligne sépare le type nucléaire). Les formes terrestres et habituellement multicellulaires sont placées plus haut, et les formes aquatiques, habituellement unicellulaires, plus bas. Les groupes apparentés ou similaires dans le même sous-règne sont placés à proximité l'un de l'autre et ceux parmi les règnes sont placés sur la même ligne. Les bases sont donc le mode trophique/communauté fonctionnelle, la composition de la paroi, la présence ou l'absence d'une paroi, la forme de la crête, le type de chlorophylle, le nombre d'enveloppes de chloroplaste, l'écologie, et le type nucléaire. Le tableau place ensemble les taxons phylogénétiquement apparentés à travers les règnes.

Les exceptions sont les Acanthaires avec des crêtes lamellaires (on dit parfois qu'ils sont tubulaires aplatis comme dans les Cryptomonades); les Mésozoaires et serpents d'eau (chez les Animaux), Aphelidium (dans les Fonges), trypanosomes (dans les Kinétoplastidies), et plusieurs jakobides avec des crêtes tubulaires (les Trypanosomes ont aussi des crêtes discoïdes dans leur cycle

de vie, et *Aphelidium* a également des crêtes lamellaires dans son cycle de vie); les myxomycètes ont un stade phagotrophique; les crêtes vésiculaires des vampyrellés; plusieurs schizopyrénéidés ont un stade à paroi (kyste); *Cryptobia*, dans les Kinétoplastides (Euglénozoaires), est osmotrophe.

Des taxonomies similaires étaient celles de Takhtadjian, mais les ochrophytées étaient regroupées avec les algues vertes, et les bactéries bleues étaient séparées des eubactéries, et le schéma ptéropode de Leedale, et l'arrangement interne pour les règnes composants est différent de leur.

Dans les Hétérogracilicutes, les Néganaerobies sont parasites (à l'exception des Desulfobactéries) et non-pigmentées (à l'exception des Entérobactéries), tandis que les Négaerobies sont libres (à l'exception de quelques-uns des Pseudomonades et Flavobactéries) et pigmentés (sauf les Planctobactéries et Caulobacteries). Dans les Autogracilicutes, les exceptions sont les Chloroflexés et Rhodobactéries, qui sont hétérotrophes. Les Clatabactéries sont les groupes chimiolithotrophiques. Dans les Métabactéries, les 3 groupes principaux ont chacun des représentants autotrophes et hétérotrophes.

Les Euglénophycées sont les Euglenales (les Euglenides de Busse et Preisfeld), et il contient tous les genres phototrophes des Euglénaires; *Aphagea* contient tous ses genres osmotrophes; et Euglénozoaires tous les genres phagotrophes (Kinétoplastidies, Diplonémies, Pétalomonades, et Péranémies, excepté *Cryptobia*, dans les Kinétoplastidies, qui est osmotrophes; les Trypanosomés, dans les Kinétoplastidies, pourraient être osmotrophes comme ils sont parasites). Les dinophycées contiennent les espèces phototrophes, et il existe 7 ordres (Prorocentrales, Dinotrichales, Phytodinales, Thoracosphaerales, et Gonyaulacales, et 2, Dinophysiales et Gymnodiniales, qui ont des membres phototrophes ou phagotrophes), tandis que les Dinozoaires sont phagotrophes et contiennent 5 ordres (Blastodinales, Oxyrrhinales, Noctilucales, Syndiniales, et Dinamebidales). Les Télascétosporés ont une paroi protéique, principalement des oocystes, sont sporulantes et osmotrophiques; elles sont donc placées chez les Mycotes. Elles comprennent les télascétosporidies et les ascétosporés (Haplosporidies+Paramyxés). Les Hétéroflagellés contiennent les Opalinales-Protéromonades, Bicosécidales, et Pseudodendromonadales. Les Pseudofonges et Hydromyxés composent les Hétéromycotes.

Figure 1. Classification utilitaire.

<u>Phytes</u>	<u>Mycotes</u>	<u>Zoaires</u>
		Amibes
Dinophycés		Dinozoaires
Ochrophytes	Pseudofonges, Hydromyxes	Hétéroflagellés Colponémies Spongomonades Hémimastigotes
	Télosporidies, Ascetospores	
Chlorarachnies		Myxomycotes
		Ciliés
		Forams, Actinopodes

Plasmodiophores		Nucléaridés
Euglénophycées	Acrasies	Jakomastigotes Schizopyrénides Pseudociliés
	Aphagés	Euglénozoaires
Embryophytes Chlorophycées Rhodophytes	Amastigomycotes Chytridiomycotes	Métazoaires PrimiAnimaux
<u>Bacteries</u>		
	Métabactéries	
Photobactéries Clatabactéries	Firmicutes Mollicutes Hétérogracilicutes Négaérobies Néganaérobies Togabactéries	

Table 2. Classification utilitaire en tableau.

sprg. Prokaryotes
 règne. Bactéries
 ssrg. Eubactéries
 spemb. Togabactéries
 spemb. Gracilicutes
 emb. Hétérogracilicutes tax. nov.
 cl. Néganaérobies tax. nov.
 cl. Négaérobies tax. nov.
 emb. Autogracilicutes tax. nov.
 cl. Clatabactéries tax. nov.
 cl. Photobactéries
 spemb. Mollicutes (Tenericutes)
 spemb. Firmicutes
 emb. Endosporés

- emb. Actinobactéries
- ssrg. Métabactéries (Mendosicutes)

- sprg. Eukaryotes

- règne Phytes

- ssrg. Rhodophytes (Prérhodophycotes, Rhodophycotes, Glaucophycotes)
- ssrg. Chlorophytes
 - spemb. Chlorophycotes (Prasinophycées, Euchlorophycées, Charophycées)
 - spemb. Cormophytes
 - emb. Bryophytes
 - emb. Ptéridophytes
 - emb. Spermophytes
- ssrg. Euglénophytes
- ssrg. Tubuliphytes
 - spemb. Chlorarachnies
 - spemb. Chromophytes
 - emb. Ochrophytes
 - emb. Dinophytes

- règne Mycotes

- ssrg. Fonges
 - hpemb. Chytridiomycotes
 - hpemb. Amastigomycotes
 - spemb. Zygomycotes
 - spemb. Diplokaryomycotes
 - emb. Microsporidies
 - emb. Ascomycotes
 - emb. Basidiomycotes
- ssrg. Tubulimycotes
 - emb. Plasmodiophorés
 - emb. Myxomycotes
 - emb. Télascetosporés
 - ssemb. Ascetosporés
 - ssemb. Télsporidies (Apicomplexés)

- règne Zoaires

- ssrg. Animaux
 - infrg. PrimiAnimaux (Sphéroformazoaires, Cadhérozoaires [Filastérozoaires, Choanozoaires])
 - infrg. Métazoaires
 - hpemb. Diploblastiques (Parazoaires, Placozoaires, Mésozoaires, Myxozoaires, Actinozoaires)
 - hpemb. Triploblastiques
 - spemb. Protostomies (Helminthes, Arthropodes, Mollusques)
 - spemb. Deutérostomies (Lophophorés, Echinodermes, Chordés)
- ssrg. Discozoaires
 - emb. Pseudociliés
 - emb. Hétéroloboses
 - emb. Nucléaridés
- ssrg. Tubulizoaires
 - emb. Marinozoaires (actinopodes, forams)

- emb. Ciliés
- emb. Flagellés
 - cl. Spongomonades
 - cl. Colponemias
 - cl. Hémimastigotes
 - cl. Jakobastigotes
- emb. Amibes
 - ssemb. Loboses
 - cl. Pélomyxides (amiboflagellés)
 - cl. Euloboses
 - ssemb. Filoses
 - cl. Cercomonades (amiboflagellés)
 - cl. Vampyrellés
 - cl. Testafiloses

Géologie

En ce qui concerne le chapitre sur la géologie, chapitre 19, "Written in Tablets of Stone" ('Écrit en tablettes de pierre), il faut ajouter que les taux de désintégration radioactive se sont avérés instables, par David Alburger et ses collègues de Brookhaven, contrairement au point de vu conventionnel d'un taux constant, comme ils peuvent être sujets aux changements saisonniers causés par le Soleil (Solar ghosts may haunt Earth's radioactive atoms, 2009, New Scientist.Com). Ça pourrait avoir des implications importantes pour le temps géologique.

Dans le livre Hidden Archeology de Cremona et Thompson, il y a des preuves présentées, par exemple, des squelettes humains anatomiquement modernes de 60 millions d'années et des artifices culturels de 2 milliards d'années, qui ne peuvent avoir de sens que si les méthodes de datation sont erronées.

En outre, des tissus mous et des biomolécules dans les dinosaures ont été trouvés étonnamment préservés par Mary Schweitzer et ses collègues en 2005 (Soft-tissue vessels and cellular preservation in *T. rex*, Science), mais cette préservation (68 millions d'années) est exclue par les modèles paléontologiques actuels, l'ADN est censé ne tenir que 100,000 ans environ. (à une température constante de 10° C) et les protéines quelques millions d'années (à une température constante de 10° C) (San Antonio et al, 2011 (Dinosaur peptides suggest mechanisms of protein survival, Plos One). Ça signifierait que la Terre est en fait jeune, de sorte que les processus évolutionnaires seraient beaucoup plus rapides qu'on l'aurait cru.

Cependant, des explications possibles sur la façon dont une telle préservation pourrait se produire ont été avancées par San Antonio et al en 2011 (loc. cit.) et Schweitzer elle-même en 2014 (A role for iron and oxygen chemistry in preserving soft tissue, cells, and molecules from deep time). Mais ils ne sont pas convaincants.

Quoi qu'il en soit, des nombreuses études ont démontré que la spéciation se produit beaucoup plus rapidement que Darwin ne l'avait jamais imaginé, en l'espace de décennies, ce que les biologistes appellent l'évolution rapide. L'influence humaine a été invoquée comme cause, mais tous les cas ne peuvent pas être expliqués ainsi, et il n'y a aucune raison de supposer que l'évolution rapide ne s'est pas produite avant les humains et qu'il ne peut y avoir d'autres causes, comme les tremblements de terre, les éruptions volcaniques, et les phénomènes météorologiques extrêmes. De plus, dans certains spécimens de poissons de la Formation de Santana au Brésil, la fossilisation a été si rapide que la structure cellulaire détaillée peut être observée par examen microscopique (Flickr.Com). D'un point de vue

biologique, il n'y a donc rien d'étonnant à ce que la Terre soit jeune.

De plus, il se peut que le taux des processus géologiques ait été également surestimé. Par exemple, l'or peut se former en seulement 55,000 ans au lieu des centaines de milliers ou millions dans la pensée conventionnelle (Gold Mine Deposited Rapidly, GeoTimes.Org).

Et il y a d'autres faits qui suggèrent une Terre jeune:

La concentration totale des sels d'uranium dans les océans (estimée à moins de $1E 17$ grammes) pourrait s'accumuler en moins d'un million d'années.

La teneur atmosphérique de l'hélium 4 (l'isotope d'hélium le plus abondant) est seulement 1/30 de la quantité qu'elle devrait être si la Terre avait 4 milliards d'années. Le contenu actuel indique un âge de seulement 133 millions d'années.

Il y aurait plus de 15 mètres de poussière météoritique sur toute la surface de la Terre si la elle avait 5 milliards d'années.

Si l'humanité est vraiment vieille d'environ 2.5 millions d'années, en utilisant des estimations prudentes de la population (2.4 enfants par famille, génération moyenne, et espérance de vie de 43 ans), la population mondiale serait passée d'une seule famille à 10 à la 2700^{me} puissance en un million d'années.

Certains géologues ont de la difficulté à comprendre comment les grandes pressions qu'on trouve dans certains puits de pétrole ont pu être retenues pendant des millions d'années.

Comme la quantité de C14 augmente maintenant dans l'atmosphère, on peut supposer qu'elle était encore plus faible dans le passé. Cette condition conduirait à des rapports C14/C12 anormalement bas pour les fossiles plus anciens. L'âge de l'atmosphère pourrait donc être inférieur à 20,000 ans.

Mais, comme le dit Stansfield (1977, p. 80-84), tous ces facteurs sont discutables parce qu'ils supposent des taux constants, alors que ces taux ont probablement beaucoup fluctué au cours de l'histoire de la Terre, mais il admet que, pour le plomb 206 et l'uranium 238, chaque hypothèse est une variable potentielle, dont l'ampleur peut rarement être déterminée. Et il admet aussi:

"Il est évident que les techniques radiométriques peuvent ne pas être les méthodes de datation absolue qu'elles sont prétendues être. Les estimations de l'âge sur une strate géologique donnée par différentes méthodes radiométriques sont souvent très différentes (des fois par centaines de millions d'années). Il n'y a pas d'horloge radiologique à long terme absolument fiable."

En d'autres termes, on peut pas prétendre connaître l'âge de la Terre avec précision ou certitude, mais les chiffres proposés par les Chaldéens (Holmes, 1913) et les anciens Chinois (Drake, 2007), de 2.15 millions et 88 millions d'années, respectivement, que je mentionne dans le même chapitre, semblent plus réalistes, surtout ce dernier.

Voici un exercice spéculatif basé sur le chiffre chinois. On peut supposer que l'âge des hétérokontes est surestimé, comme ils se ramifient plus tard que les plantes. Et peut-être que l'âge des haptomonades et des euloboses est aussi erroné, comme ils se ramifient plus tôt et plus tard, respectivement, que l'âge estimé pour eux.

Tableau 4. Taxons indiqués par temps géologique (selon le registre fossile) et mode trophique (les années de départ sont données pour chaque période en millions d'années).

		autotrophes	osmotrophes	phagotrophes
Crétacé	1.3			
	2.8			Phéodaires
Jurassique	2.88			
Triassique	4.2			
	4.4	Dinoflagellés		
Permien	5			
Carbonifère	5.7			
	6	Haptomonades		Ciliophores
Devonien	7.2			
Ordovicien	8.8			
	10	Euglenoïdes		
Cambrien	10.1			
Protérobotique sup.	10.86			
	11			Polycistines
	11.6			Forams
	12		Fonges	
	14			Animaux
	15	Plantes		Euloboses
Protérobotique moy.	18			
	20	Hétérokontes		
	24	Rhodobiotés		
Protérobotique inf.	36	acritarches		
	72	Cyanobacteries		

Corrections

À la page 248, c'est dit que les Haplosporidies sont diplokaryotes, mais elles ne le sont apparemment pas. Ils sont binucléés comme les champignons typiques, les microsporidies, les ciliophores, les paramyxées, et certains forams, et il y a confusion sur les termes "dikaryote" et "diplokaryote", comme ils sont utilisés de façon interchangeable ou synonyme, pour les champignons et microsporidies, mais sont également définis différemment, ce dernier souvent comme une paire de noyaux diploïdes, et le premier comme mycélium contenant des paires de noyaux étroitement associés généralement différents (différents types de reproduction génétiquement). Les Haplosporidies, Paramyxées, et Ciliophores sont dits avoir le dualisme nucléaire ou le dimorphisme nucléaire, mais ne sont pas habituellement considérés di- ou diplokaryotiques. Il y a aussi l'hétérokaryose, qui est définie de la même manière que le dikaryon et comme le dimorphisme nucléaire, mais on dit qu'elle se produit chez les champignons mais aussi chez les ciliés et les forams!

À la page 230, c'est dit que les ébrides possèdent un dinokaryon (chromosomes condensés à permanence), ce qui a été affirmé aussi récemment qu'en 2000 dans Lee et al, mais au cours des dernières années, c'est apparemment constaté que ce n'était pas le cas.

Les Pseudociliés (= *Stephanopogon* Entz, 1884) vont probablement avec les Hétéroloboses au

lieu des Euglénaires en raison des similitudes d'ultrastructure et biologie moléculaire spécifiquement avec *Percolomonas* (Vahlkampfidés) (Yubuki & Leander, 2008). Dans "Kingdoms and Domains" de Margulis et Chapman de 2009, le groupe comprend 4 genres: *Stephanopogon*, *Percolomonas*, *Psalterimonas*, et *Pernina*.

Dans la table 15-6 d'Empire Biota, il manque un nœud entre les Sauropsides et Anapsides, ce qui devrait être:

Amniotes
Sauropsides
 Mésosauridés
 Eureptiles
 Anapsides
 Diapsides

Et à p. 214 la fausse représentation flagrante dans la transcription phonétique de certaines voyelles françaises, dont je discute dans mon livre *The Tree of Language*, comprend aussi le u bref (ʌ dans l'IPA), habituellement écrit comme 'o', comme dans 'vote' ou 'chopine,' qui est faussement représenté comme un long 'a' (ɔ dans l'IPA)(ce qui se produit, cependant, dans la combinaison 'or'), et depuis peu le 'e' final (œ dans l'IPA), qui est faussement représenté comme la schwa (voyelle dite neutre) (ə dans l'IPA). Ces sons sont pas dialectaux, ils sont présents universellement autant au Québec qu'en France et ailleurs. J'ai demandé à 4 linguistes le pourquoi de cette pratique, mais ils ont pas répondu à la question, probablement à cause de gêne.

On pourrait deviner que cette pratique qui laisse perplexe soit politique (et d'un nonsens inouï), comme c'est souvent le cas dans la science orthodoxe, qui n'est pas très rationnelle, donc malgré toute sa bizarrerie et son inexplicabilité apparente, il pourrait avoir de la méthode dans cette folie. Il semble qu'il s'agisse d'une politique d'accommodement de l'accent anglophone, où le "a" bref du français (æ dans l'IPA) est prononcé gratuitement long (pour des raisons inconnues), de sorte que le "a" médial (a dans l'IPA) est utilisé pour le rapprocher, et le 'i' bref (ɪ dans l'IPA) se prononce comme un 'e' long (e dans l'IPA) en position finale parce qu'il n'y a pas de tel son en anglais dans cette position (et il est repris dans les positions initiale et intermédiaire), ce qui est exactement la façon dont il est transcrit, et le 'e' final est prononcé comme un schwa, ce qui est exactement la façon dont il est transcrit, et le 'u' bref est prononcé comme un 'a' long, ce qui est exactement la façon dont il est transcrit, aussi. Et beaucoup de Français l'appuient parce qu'ils veulent pas admettre qu'il y a des sons vocaliques dans leur langue qui existent aussi en anglais, et ça fait l'affaire de beaucoup d'Espagnols et Italiens aussi parce que le 'a' médial et le 'e' long sont des sons communs dans leurs propres langues. Il y a donc une convergence d'intérêts dans la politique de fausse représentation dans la transcription phonétique de ces voyelles et non dans les autres. Quelle que soit l'explication, la convention est gênante pour la science.

Ils faisaient à peu près la même chose avec le portugais, mais ils l'ont récemment abandonné aussi soudainement et mystérieusement qu'ils l'avaient adopté, peut-être parce qu'ils ont réalisé que ça leur servait à rien.

En plus de la mauvaise prononciation du "a", l'étrange accent anglophone prononce mystérieusement et gratuitement le "ss" français comme "z", alors qu'il se prononce toujours comme "s" et en anglais généralement ainsi, et le "s" entre les voyelles se prononce mystérieusement et gratuitement maintenant comme un "z", au moins à la fin d'un nom, quand il se prononce toujours comme un "z" en français et habituellement en anglais, comme dans "entreprise", "amuse", "refuse", "accuse", "please", "tease", tous sauf le dernier étant des prêts du français.

Références

- Baldauf, S.L., Roger, A.J., Wenk-Siefert, I., & Doolittle, W.F. 2000. A kingdom-level phylogeny of eukaryotes based on combined protein data. *Science* 290: 972-977 (researchgate.net).
- Baldauf, S.L. 2008. An overview of the phylogeny and diversity of eukaryotes. *J. Syst. Evol.* 46, 263–273 (plantsystematics.com).
- Bhattacharya, D., Elwood, H.J., Goff, L.J., Sogin, M.L. 1990. Phylogeny of *Gracilaria lameneiformis* (Rhodophyta) based on sequence analysis of its SSU rRNA coding region. *J. Phycol.* 26: 181–86.
- Bhattacharya, D., Helmchen, T., Bibeau, C., Melkonian, M. 1995. Comparisons of Nuclear-Encoded Small-Subunit Ribosomal RNAs Reveal the Evolutionary Position of Glaucocystophyta. *Mol. Biol. Evol.* 12: 415-20.
- Caratini, Roger. 1971. *La vie des plantes* (Encyclopédie Bordas, vol. 10). Bordas.
- Cavalier-Smith, T. 1978. The evolutionary origin and phylogeny of microtubules, mitotic spindles, and eukaryote flagella. *BioSystems* 10: 93-114.
- Chadefaud, Marius & Emberger, Louis. 1960. *Traité de botanique systématique, Tome 1 (Les végétaux non-vasculaires)*. Masson, Paris (comme cité dans Caratini, 1971).
- Copeland, HF. 1947. Progress report on basic classification. *Am. Nat.* 8: 340-61.
- Copeland, HF. 1956. *The Classification of Lower Organisms*. Pacific Books, Palo Alto, Cal (comme cité dans Blackwelder, 1964).
- Corliss, J.O. 1984. The Kingdom Protista and its 45 Phyla. *BioSystems* 17: 87-126.
- Drake, E.T. 2007. The geological observations of Robert Hooke. In: *Four Centuries of Geological Travel (GSL SP 287)*, Wyse Jackson, Patrick N. (ed.), Chp. 3, Geological Society of London (Books-Google).
- Edwards, P. 1976. A classification of plants into higher taxa based on cytological and biochemical criteria. *Taxon* 25: 529-542.
- Emiliani, Cesare. 1995. *The Scientific Companion*. Wiley.
- Evitt, William. 1963. A discussion and proposals concerning fossil dinoflagellates, hystrichospheres, and acritarchs, II. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 49: 298–302 (PNAS.Org).
- Goloboff, P.A., Catalano, S.A., Mirande, J.M., Szumik, C.A., Arias, J.S., Kallersjo, M., Farris, J.S. 2009. Phylogenetic analysis of 73,060 taxa corroborates major eukaryotic groups. *Cladistics* 25: 211-30.
- Harding, Thomas et al. 2013. Amoeba Stages in the Deepest Branching Heteroloboseans, Including *Pharyngomonas*: Evolutionary and Systematic Implications. *Protist* 164: 272–286 (published online in 2012)(researchgate.net).
- Holmes, Arthur. 1913. *Age of the Earth* (Archive.Org).
- Holt, J.G., Krieg, N.R., Sneath, P.H.A., Staley, J.T., Williams, S.T. (eds.). 1994. *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*, 9th ed. Williams & Wilkins, Baltimore.
- Hori, H, Osawa, S. 1987. Origin and evolution of organisms as deduced from 5S rRNA sequences. *Mol. Biol. Evol.* 4: 445-472.
- Hori, H, Stow, Y, Inoue, I, and Chihara M. 1990. Origins of organelles and algae evolution deduced from 5S rRNA sequences, pp. 557-559, in Dardon, P., Gianinazzi-Pearson, V., Grenier, A.M., Margulis, L., Smith, D.C. (eds.), *Endocytology IV*, INSA, Paris.
- Javaux, Emmanuelle. 2007. The Early Eukaryotic Fossil Record, Chp. 1, in *Eukaryotic Membranes and Cytoskeleton: Origins and Evolution*, edited by Gaspar Jekely. Landes Bioscience/Springer.
- Jeffrey, C. 1971. Thallophytes and kingdoms: a critique. *Kew Bull.* 25: 291-299.
- Kim, Eunsoo; Graham, Linda. 2008. EF2 Analysis Challenges the Monophyly of Archeoplastida and

- Chromalveolata. PloS One 3 (plosone.org).
- Kim, Eunsoo et al. 2011. Newly identified and diverse plastid-bearing branch in the eukaryotic tree of life. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.* 108: 1496–1500 (ncbi.nlm.nih.gov).
- Lax, Gordon; Eglit, Yana; Eme, Laura; Bertrand, Erin; Roger, Andrew; Simpson, Alastair. 2018. Hemimastigota is a novel supra-kingdom-level lineage of eukaryotes (Abstract)(Nature.Com).
- Lee, J.J., Hunter, S.H., Bovee, E.C. (dir.). 1985 (1st ed.), 2000 (2nd ed.). *Illustrated Guide to Protozoa.* Allen Press, Lawrence, Kansas.
- Leedale, G.F. 1974. How many are the kingdoms of organisms? *Taxon* 23: 261-70.
- Linares, Marjorie; Carter, Dee; Gould, Sven. 2014. Chromera et al: Novel Photosynthetic Alveolates and Apicomplexan Relatives (Chp. 10). In: *Endosymbiosis*, Wolfgang Löffelhardt (dir.), Springer (Résumé)(rd.springer.com).
- Lipscomb, Diana. 1985. The Eukaryotic Kingdoms. *Cladistics* 1: 127-40.
- Lipscomb, D. 1989. Relationships among the eukaryotes, pp. 161-178, in *The Hierarchy of Life*, B. Fernholm, K. Bremer, & H. Jornvall (dir.), Elsevier, New York.
- Lipscomb, D. 1991. Broad classification: the kingdoms and the protozoa, pp. 81-136, in *Parasitic Protozoa*, Vol. 1, 2nd ed. J.P. Kreier & J.R. Baker (dir.). Academic Press, San Diego.
- Luttke, A. 1991. On the origin of chloroplasts and rhodoplasts: protein sequence composition. *Endocytobiosis Cell Res.* 8: 75-82.
- Margulis, L. 1974. Five-Kingdom classification. In *Evolutionary Biology*, Vol. 7, pp. 45-78, 45-78, T. Dobzhansky, M.K. Hecht, and W.C. Steere (dir.), Plenum Publishing, NY.
- Margulis, L., Melkonian, M., Corliss, J.O., Chapman, D.J. (dir.). 1990. *Handbook of Protozoa*. Jones and Bartlett, Boston.
- Möhn, E. 1984. *System und Phylogenie der Lebewese.* 2 vols. E. Schweizerbart'sche.
- Moreau, Fernand (dir.). *Botanique (Encyclopédie de la Pléiade, vol. 10).* Gallimard.
- Moreira, David; Lopez-Garcia, Purificacion. 2014. The rise and fall of Picobiliphytes: how assumed autotrophs turned out to be heterotrophs. *Bioessays* 36: 468-74 (max2.ese.u-psud.fr).
- Nozaki H., Iseki M., Hasegawa M., Misawa K., Nakada T., Sasaki N., Watanabe M. 2007. Phylogeny of primary photosynthetic eukaryotes as deduced from slowly evolving nuclear genes. *Mol. Biol. Evol.* 24: 1592-1595.
- Olsen, G.J., Matsuda, H., Hagstrom, R., Overbeek, R. 1994. FastDNAm1: a tool for construction of phylogenetic trees of DNA sequences using maximum likelihood. *CA-BIOS* 10: 41-48.
- Tomáš Pánek, Eliška Ptáčková, Ivan Čepička. 2014. Survey on diversity of marine/saline anaerobic Heterolobosea (Excavata: Discoba) with description of seven new species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 64: 2280-2304 (ijs.microbiologyresearch.org).
- Parfrey L., Barber E., Lasser E., Dunthorn M., Bhattacharya D., Patterson D.J., and Katz L. 2006. Evaluating support for the current classification of eukaryotic diversity. *PSOL Genetics* 2: 220-38.
- Parfrey, L., Grant, J., Tekle, Y.I., Lasek-Nesselquist, E., Morrison, H.G., Sogin, M.L., Patterson, D.J., Katz, L.A. 2010. Broadly Sampled Multigene Analyses Yield Well-Resolved Eukaryotic Tree of Life. *Syst. Biol.* 59: 518-533.
- Parker, Sybil (dir.). 1982. *Synopsis and Classification of Living Organisms.* McGraw-Hill, New York.
- Pascher, A. 1931. Systematische Übersicht über die Flagellaten. *Bot. Zentrbl. Beih., Abt.* 248: 317-32 (comme cité dans Dodson, 1971).
- Patterson, D.J. & Zölffel, Michael. 1991. Heterotrophic flagellates of uncertain taxonomic position. In: *The Biology of Free-Living Heterotrophic Flagellates*, David Patterson and Jacob Larsen, dir., Syst. Assoc. Spl. Vol. 45, Chp. 26, Clarendon Press, Oxford.
- Philippe, H., Germot, A., Moreira, D. 2000. The new phylogeny of eukaryotes. *Curr. Opin. Genetics*

- Devel.10: 596–601 (max2.ese.u-psud.fr).
- Porter, Susannah. 2006. The Proterozoic Fossil Record of Heterotrophic Eukaryotes, Chapter 1. In *Neoproterozoic Geobiology and Paleobiology*, edited by Shuhai Xiao and Alan Jay Kaufman. Springer, Netherlands (geol.ucsb.edu).
- Porter, S.M., Meisterfeld, R., Knoll, A.H. 2003. Vase shaped microfossils from the Neoproterozoic Chuar Group, Grand Canyon: a classification guided by modern testate amoebae. *J. Paleont.* 77: 409-429.
- Saunders, G.W., Hommersand, M.H. 2004. Assessing Supraordinal Red Algal Diversity and Taxonomy in the Context of Contemporary Systematic Data. *Am. J. Bot.* 91: 1494-1507 (botany.wisc.edu).
- Seenivasan, R.; Sausen, N.; Medlin, L.; Melkonian, M. 2013. *Picomonas judraskeda* Gen. et Sp. Nov.: the First Identified Member of Picozoa Phylum Nov., a Widespread Group of Picoeukaryotes, Formerly Known as 'Picobiliphytes'. *PLoS ONE* 8: e59565 (nih.gov).
- Stansfield, Wm. 1977. *The Science of Evolution*. Macmillan (as cited in *Young Earth - Bible.Ca*).
- Starobogatoff, Y.I. 1986. On the number of kingdoms of eukaryotic organisms. *Trudy Zool. Inst.* 144: 4-25 (en russe).
- Stiller, J.W., Harrell, L. 2005. The largest subunit of RNA polymerase II from Glaucocystophyta: functional constraint and short-branch exclusion in deep eukaryotic phylogeny. *BMC Evol. Biol.* 5: 71 (biomedcentral.com).
- Takhtadjian, Armen. 1973. Chetyre tsarstva organieskogo mira (Les 4 règnes du monde organique)(en russe). *Priroda (Nature)*, Akad. Nauk 2: 22-32.
- Taylor, F.J.R. 1978. Problems in the development of an explicit hypothetical phylogeny of lower eukaryotes. *BioSystems* 10: 67-89.
- Tekle YI, Grant J, Cole JC, Nerad TA, Patterson DJ, Anderson OR, Katz LA. 2008. Phylogenetic placement of diverse amoebae inferred from multigene analysis and assessment of the stability of clades within 'Amoebozoa' upon removal of varying fast rate classes of SSU-rDNA. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 47: 339–352.
- Vada, A.R. 1952. Philema Organyeskogo Mira. *Botanyeski Zhurnal* 37: 639-47.
- Van den Hoek, C., Mann, D.G., Jahns, H.M. 1995. *Algae: an Introduction to Phycology*. Cambridge U. Press.
- Yoon HS, Grant J, Tekle YI, Wu M, Chaon BC, Cole JC, Logsdon JM, Patterson DJ, Bhattacharya D, Katz LA. 2008. Broadly sampled multigene trees of eukaryotes. *BMC Evol. Biol.* 8: 14 (biomedcentral.com).
- Yubuki, N., Leander, B. 2008. Ultrastructure and molecular phylogeny of *Stephanopogon minuta*: an enigmatic microeukaryote from marine interstitial environments. *Eur. J. Protistol.* 44: 241–53 (Résumé)(ScienceDirect.Com).