

Problème Pratique de Statistique – 63

Lacertidés : tableaux de traits et phylogénie



http://www.wigry.win.pl/fauna/gatz4_pl.html

(*Lacerta agilis*)

Intéressons-nous aux données issues de l'article de Dirk Bauwens et Ramón Díaz-Uriarte de 1997 : "Covariation of life-history traits in Lacertid lizards: a comparative study." (American Naturalist, Vol 149, No 1, pp 91-111). Elles sont disponibles dans la librairie `ade4` du logiciel R dans : `data(lizards)`. Les auteurs cherchent à analyser les relations entre traits d'histoire de vie en fonction de la phylogénie, au sein d'un groupe de lézards : les Lacertidés.

Dans `data(lizards)` on trouve trois composantes :

1) `lizards$traits` est un tableau qui donne les valeurs quantitatives de différents traits d'histoire de vie pour chaque espèce étudiée. Ses cinq premières lignes sont :

	mean.L	matur.L	max.L	hatch.L	hatch.m	clutch.S	age.mat	clutch.F
Sa	69.2	58	82	27.8	0.572	6.0	13	1.5
Sh	48.4	42	56	22.9	0.310	3.2	5	2.0
Tl	168.4	132	190	42.8	2.235	16.9	19	1.0
Mc	66.1	56	72	25.0	0.441	7.2	11	1.5
My	70.1	60	81	26.6	0.550	5.4	10	1.0

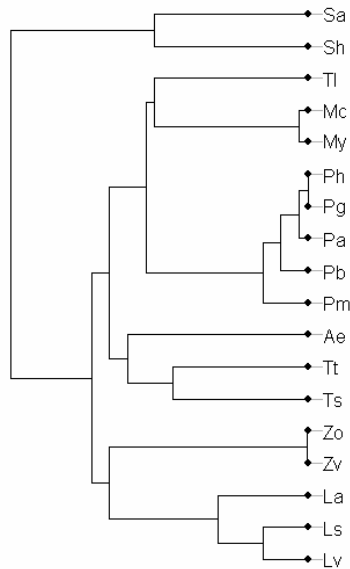
Les traits d'histoire de vie correspondant sont les suivants :

mean.L : longueur moyenne adulte des femelles (en mm)
 matur.L : longueur moyenne des femelles à la maturité (en mm)
 max.L : longueur maximale des femelles (en mm)
 hatch.L : longueur moyenne des petits à l'éclosion (en mm)
 hatch.m : masse des petits à l'éclosion (en g)
 clutch.S : taille de portée (en nombre d'œufs)
 age.mat : âge moyen à maturité (en nombre de mois d'activité, ce qui exclut les périodes d'hibernation)
 clutch.F : fréquence des portées (en nombre de portées produites par année).

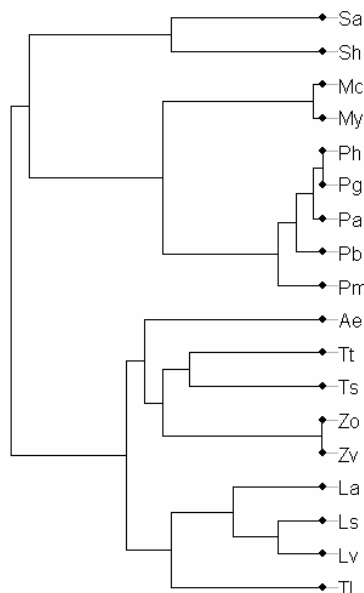
2) `lizards$hprA` contient des données correspondant à l'arbre phylogénétique des Lacertidés, basé sur des distances immunologiques entre espèces. Ces données sont en format Newick (voir : <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/newicktree.html>) :

((Sa:17,Sh:17):16,(((Tl:17,(Mc:1,My:1):16):1,(((Ph:0.02,Pg:0.02):0.98,Pa:1):2,Pb:3):2,Pm:5):13):4,(Ae:20,(Tt:15,Ts:15):5):2):2,((Zo:0.1,Zv:0.1):21.9,(La:10,(Ls:5,Lv:5):5):12):2):9);

Les nombres sont les longueurs de branches : temps de divergence en millions d'années. On peut obtenir un arbre par la commande : `plot(newick2phylog(lizards$hprA))`



3) `lizards$hprB` correspond aussi à un arbre phylogénétique, mais basé sur des caractéristiques morphologiques externes et internes :



Les auteurs, à travers une étude comparative de 8 espèces de Lacertidés, cherchent à étudier la variabilité des stratégies au sein de ce groupe, et mesurer des corrélations entre traits d'histoire de vie. Puisque les valeurs dont ils disposent correspondent aux traits moyens des différents groupes taxonomiques, les effets de la phylogénie et de la taille corporelle doivent être pris en compte.

En effet, les caractéristiques des espèces actuelles sont influencées d'une part par les fixations et évolutions des traits des ancêtres communs qui ont lieu de manière indépendante dans chaque lignée ; et d'autre part par la taille adulte, qui contraint l'évolution des traits d'histoire de vie en plaçant les espèces selon le gradient « r-K » de Pianka (1970). Sur cet axe, les espèces sont d'un côté soumises à une forte mortalité, de petite taille, de durée de vie courte, et produisent de nombreux et petits descendants ; et de l'autre présentent toutes les caractéristiques opposées.

Les questions posées par les auteurs sont les suivantes :

Est-ce que les deux arbres phylogénétiques conduisent aux mêmes interprétations biologiques ?

Est-ce que le patron d'histoire de vie observé est entièrement déterminé par la phylogénie et par la taille ? Si non, quelles sont les corrélations entre traits d'histoire de vie qui persistent après suppression des effets de la phylogénie, puis de la taille adulte ?

Ces corrélations négatives résiduelles sont des trade-offs ou compromis adaptatifs. Quand elles sont retrouvées pour la lignée entière, on parle de trade-offs macroévolutifs (Stearns 1992). Par exemple, le compromis entre taille de portée (*clutch.s*) et masse des petits à l'éclosion (*hatch.m*) devrait être conservé, indépendamment de la position phylogénétique et de la taille de la femelle. En effet, il est impossible pour une femelle qui dispose d'une quantité de ressources limitée d'accroître à la fois ces deux traits, et cette règle doit être commune à tous les groupes.

Références :

Bauwens, D. et R. Díaz-Uriarte. 1997. Covariation of life-history traits in Lacertid lizards: a comparative study. *American Naturalist*. 149:91-111.

Pianka, E. R. 1970. On "r" and "K" selection. *American Naturalist*. 104:592-597.

Stearns, S. C. 1992. *The evolution of life histories*. Oxford University Press. Oxford.