

Bulletin N° 224 des Laboratoires de Géologie, Minéralogie, Géophysique  
et du Musée géologique de l'Université de Lausanne

## Une nouvelle méthode d'analyse biochronologique Note préliminaire <sup>1</sup>

PAR

JEAN GUEX \*

*A Carlo Sturani et Riccardo Assereto*

**Résumé.** — L'échelle biochronologique est définie comme une succession irréversible d'événements biologiques (coexistence d'espèces) mutuellement exclusifs. La méthode décrite ici permet de mettre en évidence des ensembles d'espèces mutuellement exclusifs et de découvrir facilement leur séquence chronologique.

Dans une première phase, on considère l'ensemble des espèces qui ont été trouvées associées à une espèce donnée: on obtient ainsi le « spectre d'association » de chaque espèce. Les spectres d'association apparaissent dans une matrice où sont compilées toutes les associations observées. On définit d'autre part la « compatibilité » de deux espèces par leur coexistence réelle ou virtuelle. L'analyse des spectres d'association permet de déterminer des ensembles maximaux d'espèces compatibles (méthode: cf. texte): ces ensembles maximaux sont des associations uniques, mutuellement exclusives. En général elles sont l'image d'un intervalle de temps unitaire. Lorsque ces intervalles de coexistence unitaires sont ordonnés, ils constituent une échelle biochronologique. Les associations locales (observées) qui servent à établir les associations unitaires (déduites) sont à priori géographiquement dispersées: cette échelle biochronologique est donc indépendante de la localisation des coupes géologiques qui ont livré les faunes fossiles permettant de l'établir; il n'est donc pas possible de définir ses caractéristiques dans un stratotype.

### INTRODUCTION

Il est trivial de rappeler que l'étude d'une coupe géologique isolée ne livre jamais qu'une documentation paléontologique très fragmentaire.

---

<sup>1</sup> Travail effectué dans le cadre de la bourse 820.159.73 et du projet 2.717.0.72 du Fonds national suisse de la Recherche Scientifique.

\* Laboratoire de Paléontologie, rue des Maraîchers 13, 1211 Genève 4.

C'est le caractère sporadique de cette documentation qui rend difficile l'élaboration d'échelles chronologiques relatives basées sur le contenu fossile des roches sédimentaires.

Dans le cas général, on doit admettre que les apparitions (et les disparitions) des espèces fossiles sont hétérochrones d'une région à l'autre, soit pour des raisons documentaires si l'on considère les choses à petite échelle, soit pour des raisons de migrations si on les considère à grande échelle.

Si l'on veut trouver des éléments de synchronisme entre des faunes géographiquement éloignées, on est souvent obligé de considérer des intervalles de coexistence entre plusieurs espèces.

Avant de décrire la méthode étudiée ici, il est nécessaire d'énumérer quelques évidences:

La présence d'un groupe fossile dans un niveau sédimentaire (i.e. la plus petite unité lithostratigraphique distinguable localement – condensations: cf. p. 319) donne une indication chronologique: le niveau s'est déposé au cours de la durée d'existence ( $D_1$ ) de ce groupe (remaniements: cf. p. 319). La présence de 2 groupes fossiles dans un niveau indique qu'il s'est déposé au cours de la durée de coexistence de ces 2 groupes:  $D_1 < D_2$ . La présence de  $n$  groupes fossiles dans ce niveau indique qu'il s'est déposé au cours de la durée de coexistence ( $D_n$ ) de ces  $n$  groupes:  $D_n < D_{n-1}$ .

La durée de l'intervalle biochronologique identifiable à l'aide d'associations fossiles diminue donc en raison inverse de l'augmentation du nombre de groupes déterminables que l'on trouve dans le niveau étudié. Elle est évidemment une fonction de la durée d'existence respective de chacun des groupes.

Le problème de la datation biochronologique d'un niveau sédimentaire peut donc être envisagé ainsi: étant donné une association de groupes fossiles, quelle est la position de cette association par rapport à toutes les autres associations distinctes identifiables? Habituellement, une association observée est fragmentaire; on sera donc généralement confronté au problème suivant: à combien d'associations distinctes et successives cette association observée peut-elle correspondre?

## DÉFINITIONS

### 1. *L'échelle biochronologique*

C'est l'image indéfiniment perfectible d'une succession irréversible d'événements biologiques (existence d'espèces et coexistence de plusieurs espèces) distincts, mutuellement exclusifs.

## 2. La mesure biochronologique

L'opération qui consiste à attribuer un âge relatif à un sédiment en se basant sur son contenu fossile peut être assimilée à une mesure. La précision de cette mesure est fonction du nombre de groupes fossiles disponibles et de leur durée d'existence respective.

## 3. L'incertitude sur la mesure

L'incertitude sur la mesure effectuée à l'aide d'un groupe unique dépend de la durée d'existence totale de ce groupe. L'incertitude sur la mesure effectuée à l'aide de  $n$  groupes dépend de la durée de coexistence de ces  $n$  groupes.

## 4. Les catégories d'associations et la compatibilité

### A) Spectre d'association

Si un groupe fossile A est trouvé associé aux groupes B, C et D cela signifie qu'au cours de sa durée d'existence totale, A a coexisté avec B, C et D. Cela ne signifie pas que B, C et D ont coexisté entre eux. On dira donc que le « spectre d'association » d'un groupe X est l'ensemble des groupes fossiles qui ont été trouvés associés à ce groupe X dans des sections géologiques dispersées.

### B) Compatibilité

Deux espèces sont dites « compatibles » si elles ont coexisté réellement ou virtuellement (cf. p. 319). Un ensemble d'espèces est compatible si toutes les espèces de cet ensemble ont coexisté (quelle que soit la paire considérée à l'intérieur de cet ensemble).

### C) L'association unitaire

Une « association unitaire » est un ensemble compatible maximum. Deux ensembles de groupes fossiles sont donc des associations unitaires s'ils satisfont la double condition : présence, dans le premier, d'un (ou de plusieurs) groupe qui n'existe pas dans le deuxième + absence, dans le premier, d'un (ou de plusieurs) groupe qui existe dans le deuxième. On déduit l'association unitaire de l'analyse des spectres d'associations.

## 5. Les catégories d'intervalles biochronologiques

a) Intervalle de coexistence (unitaire) = durée d'existence d'une association (unitaire).



b) Intervalle de séparation = durée séparant la disparition d'un groupe appartenant à une association unitaire et l'apparition d'un groupe nouveau appartenant à l'association unitaire suivante.

## MÉTHODE

### A) Les spectres d'associations

Avant de pouvoir déterminer une association unitaire, il est nécessaire d'avoir une vision globale de toutes les associations observées. On commencera donc par établir le spectre d'association de chacun des groupes dont on veut connaître les relations d'âge. Il est évident qu'un profil stratigraphique unique ne livre que des informations fragmentaires. Pour établir les spectres d'associations on procédera donc de la manière suivante:

1. On prépare une matrice carrée dont le nombre de lignes correspond au nombre de groupes dont on veut établir les relations d'âge. Chaque ligne correspond à un groupe donné.

2. On remplit ensuite les cases de la matrice en appliquant la recette suivante:

- Dans la section I, on observe une association  $A+C+E+G$ : on remplit les cases AC, AE, AG, CE, CG, EG;
- Dans la section II, on observe une association  $A+B+D+F$ : on remplit les cases AB, AD, AF, BD, BF, DF;
- Dans un profil III, on observe une association  $A+I+J+K$ : on remplit les cases AI, AJ, AK, IJ, JK, etc... etc...

Exemple:

PALMER (1954) a donné une description biostratigraphique détaillée de 8 coupes levées dans la Riley Formation du Cambrien supérieur du Texas. Ces 8 coupes et la distribution verticale de 17 espèces (liste: cf. Appendice 1, p. 322) qui y sont fréquentes sont schématisées dans la figure 1. A partir de ce tableau, on peut construire la matrice des spectres d'association de chaque espèce (figure 2).

### B) Détermination des associations unitaires

#### B<sub>1</sub> Première méthode

La matrice des spectres d'associations (figure 2) étant établie, il est facile de permuter ses lignes et ses colonnes de manière à modifier l'arrangement des points sans changer leurs relations. On permutera donc les lignes de manière à juxtaposer les spectres qui contiennent le plus d'éléments communs, puis les colonnes de manière à rétablir la symétrie de la matrice. Cette nouvelle matrice (figure 3) va nous permettre de déterminer sans peine quelles sont les associations unitaires (figure 4).

1. On examine d'abord les sous-matrices carrées qui admettent la diagonale pour axe de symétrie. Ces sous-matrices ne contiennent que des groupes ayant coexisté entre eux, quelle que soit la paire considérée: elles sont donc des associations unitaires complètes ou partielles.

Dans cet exemple, nous pouvons déjà constater qu'il existe au moins 5 associations unitaires: la première (contenant les espèces 21-33) est complète; les 4 autres ne le sont pas.

2. Pour les compléter on examine ensuite les points qui sont extérieurs aux sous-matrices carrées:

2 a) 21 à 30: ces 5 groupes s'avèrent intégralement associés à tous les autres: ils appartiennent donc à toutes les associations unitaires.

2 b) 33: ce groupe appartient à la deuxième sous-matrice carrée. Il coexiste également avec le groupe 37 de la sous-matrice suivante; or ce groupe 37 ne coexiste pas avec 32: on en déduit l'existence d'une 6<sup>e</sup> association unitaire qui, en plus des groupes 21-30, contient également les groupes 33, 36, 37.

### B.2 Deuxième méthode

On peut également déterminer les associations unitaires par comparaison directe de chaque spectre d'association avec tous les autres. On procède alors ainsi:

On note chaque spectre d'association sur une réglette en carton. On compare ensuite successivement chaque réglette à l'ensemble des spectres recensés dans la matrice de départ (fig. 2).

Au cours de cette opération, on élimine progressivement les groupes qui ne sont pas associés à l'un ou l'autre de ceux qui appartiennent au spectre du groupe « testé ». Seuls les groupes compatibles subsistent.

On compare ensuite chaque association ainsi obtenue à toutes les autres. On élimine celles qui sont identiques et celles qui sont intégralement contenues dans l'une ou l'autre des survivantes. Les seules associations qui résistent jusqu'au bout à ce traitement sont des associations unitaires (fig. 4).

21	25	26	22	30	18	17	27	24	7	33	32	36	37	35 <sub>c</sub>	39 <sub>c</sub>	43
----	----	----	----	----	----	----	----	----	---	----	----	----	----	-----------------	-----------------	----

Fig. 4. — Tableau des associations unitaires.

### C) Relations chronologiques entre les associations unitaires

Dans cet exemple, la connaissance des associations unitaires permet de déterminer facilement les relations d'âge entre les espèces qu'elles contiennent.

Par définition, ces associations diffèrent par au moins deux éléments, l'un étant positif (présence d'un groupe nouveau), l'autre étant négatif. Si les groupes fossiles considérés ne montrent pas de discontinuité dans leur occurrence stratigraphique, il suffit de juxtaposer les associations unitaires qui contiennent le plus d'éléments communs: elles s'arrangent ainsi chronologiquement et la solution est unique.

Le résultat obtenu est schématisé dans la fig. 5. Pour orienter correctement cette succession d'associations, il suffit de savoir que le groupe 43 est le plus récent.

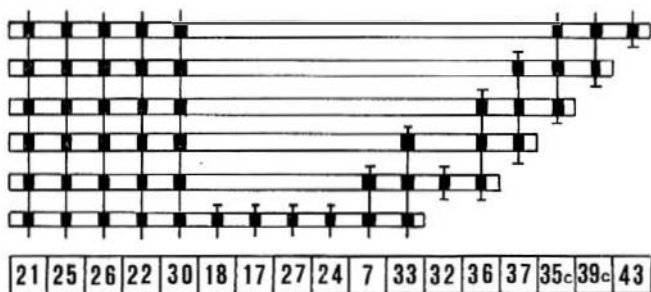


Fig. 5. — Tableau synthétique des extensions verticales des espèces dont la distribution locale est schématisée dans la fig. 1.

Cet exemple a aussi été étudié par SHAW (1964) mais les résultats obtenus par cet auteur (*op. cit.* p. 350) sont partiellement faux. On démontrera ailleurs pourquoi la méthode qu'il utilise conduit inéluctablement à l'omission de certaines associations observées.

### CONCLUSION

a) Lorsque, par les permutations, la matrice a acquis la forme où elle présente le plus de sous-matrices carrées connectées, son axe de symétrie peut devenir un axe du temps.

b) Pour déterminer les spectres d'associations, il n'est pas nécessaire de connaître l'ordre dans lequel les associations locales (fragmentaires) ont été observées. Or nous avons vu que, par de simples manipulations géométriques sur la matrice de base, il est possible d'obtenir la succession des associations unitaires. Voyons donc ce que donne notre méthode si on l'applique à des données réelles présentées de manière désordonnée.





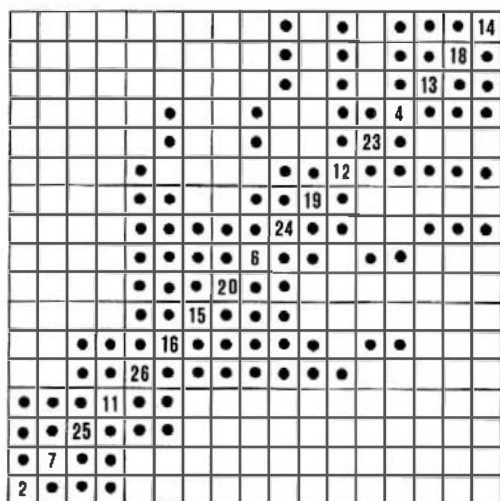


Fig. 7. — Matrice des spectres d'associations réarrangée de manière à mettre en évidence les associations unitaires.

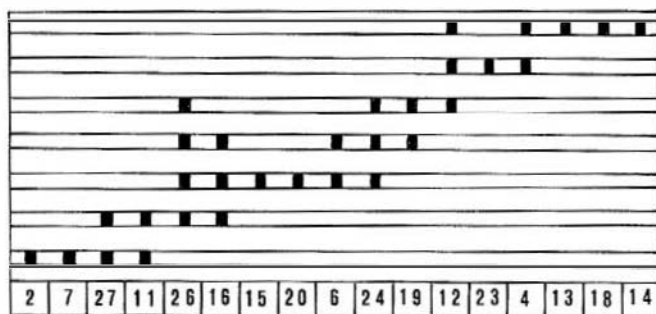


Fig. 8. — Tableau des associations unitaires.

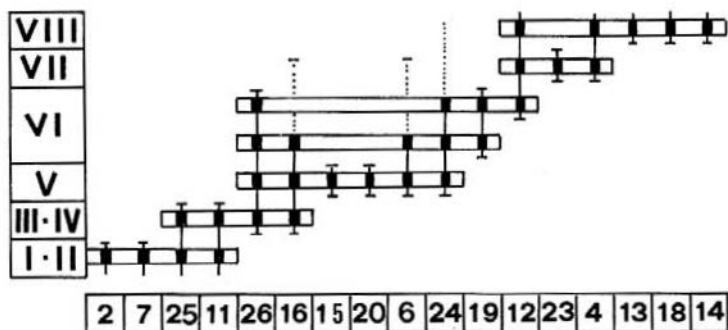


Fig. 9. — Tableau synthétique des extensions verticales des espèces les plus fréquentes décrites par SWEET (1970). Les chiffres romains I-VIII correspondent aux zones de SWEET (*op. cit.* p. 213).

La zone IX de cet auteur, caractérisée par l'espèce 21, n'y apparaît évidemment pas car cette espèce a été éliminée (cf. ci-dessus). Ses zones II et IV sont définies par l'abondance particulièrement grande des espèces 11 (zone II) et 16 (zone IV) dans certains niveaux: elles ne contiennent donc pas d'espèces qui permettent de définir un intervalle de coexistence unitaire.

On notera pour terminer que les espèces dont la distribution verticale est discontinue créent nécessairement des associations unitaires sans signification chronologique (cf. p. 319): dans l'exemple étudié ici, nous n'avons pas tenu compte de cet artefact. Le problème posé par ces espèces perturbatrices sera discuté en détail dans un autre travail (cf. ci-dessus).

## PROBLÈMES INHÉRENTS A TOUTE FORME D'ANALYSE BIOCHRONOLOGIQUE

### 1. Condensations

Les niveaux condensés sont généralement identifiables sur le terrain et décrits comme tels. Il est bien clair que l'on ne tiendra pas compte des données d'associations observées dans ces niveaux...

### 2. Discontinuités dans la distribution stratigraphique des groupes étudiés

Ces discontinuités peuvent avoir 4 origines différentes:

- remaniements;
- homéomorphie;
- exclusion écologique (cf. point 3 ci-dessous);
- exclusion documentaire.

Notre méthode présente donc l'avantage de faire apparaître les caractères d'exclusion de chaque groupe (quelle qu'en soit l'origine) d'une façon qui peut aider à leur élucidation...

### 3. Associations virtuelles

Deux (ou plusieurs) espèces peuvent évidemment être mutuellement exclusives pour des raisons écologiques. De telles exclusions créent des associations unitaires sans signification chronologique et il est nécessaire de les éliminer avant d'élaborer une échelle biochronologique. Dans certains cas favorables on peut lever facilement ces indéterminations: Si l'on trouve, dans une section géologique, un groupe A au-dessus d'un groupe B et que l'on trouve, dans une autre section, ce même groupe au-dessous de B, on dira que A et B sont virtuellement associés: ils ont nécessairement coexisté dans le temps.

### 4. Identification taxonomique incorrecte = erreur de mesure

Par définition, la mesure biochronologique se fait à l'aide d'un (ou de plusieurs) groupe fossile et l'incertitude de la mesure est égale à la durée

d'existence de ce groupe (ou égale à la durée de coexistence des groupes s'il y en a plusieurs). L'identification erronée peut donc être assimilée à une erreur de mesure.

Tous les cas d'erreur que nous connaissons dans les corrélations biochronologiques à grande échelle (*i.e.* entre des régions éloignées) fondées sur les ammonites trouvent leur origine dans des identifications taxonomiques incorrectes.

En voici quelques exemples choisis parmi les ammonites du Lias et du Trias:

a) La présence de « *Zugodactylites braunianus* » (caractéristique de la sous-zone à *Braunianus* = partie moyenne du Toarcien moyen) dans une association caractéristique de la sous-zone à *Latum* (partie sup. de ce sous-étage) a conduit certains auteurs à corréler ces deux sous-zones dont l'âge n'est pas équivalent. L'erreur tient à une confusion entre les genres *Zugodactylites* et *Mucrodactylites*.

b) Dans de nombreux cas, la confusion entre les genres *Fucinicerias* (Domérien) et *Hildaites* (Toarcien) a conduit à attribuer un âge domérien à des sédiments toarciens.

c) Le rattachement du genre *Kohaticeras* à la sous-famille des *Bouleiceratinae* (Toarcien) a naturellement conduit à attribuer un âge liasique à la formation d'où ce genre provient. En réalité *Kohaticeras* appartient à la famille des *Sandlingitidae*: Trias supérieur...

En d'autres termes, on peut dire qu'une erreur d'identification au niveau de l'espèce peut induire une erreur de corrélation au niveau de la sous-zone ou de la zone (= durée d'existence du genre chez les ammonites). L'erreur d'identification d'un genre peut induire une erreur de corrélation au niveau de l'étage. L'erreur d'identification d'une sous-famille ou d'une famille peut induire une erreur de corrélation au niveau du Système.

## ÉCHELLE BIOCHRONOLOGIQUE ET UNITÉS BIOSTRATIGRAPHIQUES CLASSIQUES:

### *Comparaison avec les systèmes de zonation standard*

a) *Systèmes continus* (« Chronozones »).

Les Zones Standard *s.s.* telles qu'elles ont été définies par CALLOMON (1965) se succèdent de manière continue: seule leur base est définie formellement (leur sommet est défini par la base de la zone suivante). CALLOMON (1965) a montré que le concept zonal d'OPPEL était équivalent à celui de « Zone Standard » utilisé aujourd'hui. Nos associations uni-

taires ont un point commun essentiel avec les zones d'OPPEL qui sont presque toujours des « *Concurrent Range Zones* ».

b) *Systèmes discontinus* (« Biozones »)

Pour laisser place à l'éventuelle intercalation de zones nouvelles dans le Standard triasique qu'il a proposé en 1967, TOZER (1967, p. 11) spécifie que ses zones sont « discrètes »: elles ne forment pas un « continuum », à l'inverse de celles de CALLOMON (1965).

Les zones de TOZER comme celles de CALLOMON sont définies dans des stratotypes.

Voyons maintenant comment se situe l'échelle biochronologique discutée ici par rapport à ces deux modes de zonation. Les associations locales, observées, qui servent à établir les associations unitaires (dédites), sont à priori géographiquement dispersées: l'échelle biochronologique, telle qu'elle est définie ici, est indépendante de la localisation des coupes. Elle ne peut donc pas être assimilée aux systèmes de zonation standard utilisés aujourd'hui: il est en effet impossible de définir ses caractéristiques dans un stratotype.

On a cependant défini l'échelle biochronologique comme étant indéfiniment perfectible: elle est donc parfaitement conciliable avec la conception de TOZER (1967).

#### REMERCIEMENTS

Je remercie cordialement le Prof. Henri Masson (Lausanne) pour ses nombreux commentaires critiques ainsi que les D<sup>r</sup> Eric Davaud (Genève), Prof. Adrien Douady (Orsay), Prof. John H. Hubbard (Orsay), Prof. Jean Vuillemin (Orsay), Prof. J. Remane (Neuchâtel) et Prof. R. Trümpy (Zürich) pour leurs suggestions aussi diverses que fructueuses.

#### OUVRAGES CITÉS

- CALLOMON, J. H. 1965. — Notes on Jurassic stratigraphical nomenclature. *Carpatho-Balkan Geol. Assoc., 7th Congress, Reports, II*, vol. 1.
- PALMER, A. R. 1954. — The faunas of the Riley Formation in central Texas. *Jour. Paleontology* 28,6.
- SHAW, A. B. 1964. — Time in Stratigraphy. McGraw Hill.
- SWEET, W. C. 1970. — Uppermost Permian and Lower Triassic Conodonts of the Salt Range and Trans-Indus Ranges, West Pakistan. *Spec. Publ. n° 4., Univ. Kansas Press.*
- TOZER, E. T. 1967. — A standard for Triassic time. *Geol. Surv. Canada, Bull. 156.*

## APPENDICE

## 1. LISTE DES ESPÈCES UTILISÉES DANS LE PREMIER EXEMPLE (PALMER 1954)

- |                                      |                                      |
|--------------------------------------|--------------------------------------|
| 7 = <i>Kormagnostus simplex</i>      | 30 = <i>Kingstonia pontotocensis</i> |
| 17 = <i>Coosella beltensis</i>       | 32 = <i>Llaonaspis modesta</i>       |
| 18 = <i>Kinsabia variegata</i>       | 33 = <i>Meteoraspis metra</i>        |
| 21 = <i>Spicule B</i>                | 35c = <i>Coosia cf. albertensis</i>  |
| 22 = <i>Pseudagnostus? nordicus</i>  | 36 = <i>Crepicephalus australis</i>  |
| 24 = <i>Arcuolimbus convexus</i>     | 37 = <i>Llaonaspis undulata</i>      |
| 25 = <i>Opisthotreta depressa</i>    | 39c = <i>Maryvillia cf. ariston</i>  |
| 26 = <i>Tricrepicephalus coria</i>   | 43 = <i>Llaonaspis peculiaris</i>    |
| 27 = <i>Tricrepicephalus texanus</i> |                                      |

2. LISTE DES GISEMENTS DE LA RILEY FORMATION (TEXAS, CAMBRIEN)  
ÉTUDIÉS PAR PALMER (1954)

- |                        |                      |
|------------------------|----------------------|
| A = Morgan Creek       | E = Lion Mountain    |
| B = White Creek        | F = Pontotoc         |
| C = James River        | G = Streeter         |
| D = Little Llano River | H = Threadgill Creek |

## 3. LISTE DES ESPÈCES ÉTUDIÉES PAR SWEET (1970)

- |                                      |   |
|--------------------------------------|---|
| 1 = <i>Anchignathodus isarcicus</i>  | 16 = <i>Neospathodus dieneri</i>                    |
| 2 = <i>Anchignathodus typicalis</i>  | 17 = <i>Neospathodus kummeli</i>                    |
| 3 = <i>Ellisonia clarki</i>          | 18 = <i>Neospathodus triangularis</i>               |
| 4 = <i>Ellisonia delicatula</i>      | 19 = <i>Neospathodus pakistanensis</i>              |
| 5 = <i>Ellisonia gradata</i>         | 20 = <i>Neospathodus peculiaris</i>                 |
| 6 = <i>Ellisonia robusta</i>         | 21 = <i>Neospathodus timorensis</i>                 |
| 7 = <i>Ellisonia teichertii</i>      | 22 = <i>Neospathodus spathi</i>                     |
| 8 = <i>Ellisonia torta</i>           | 23 = <i>Neospathodus waageni</i>                    |
| 9 = <i>Ellisonia triassica</i>       | 24 = « <i>Prioniodella</i> » <i>prioniodellides</i> |
| 10 = <i>Ellisonia? sp.</i>           | 25 = <i>Xaniognathus curvatus</i>                   |
| 11 = <i>Neogondolella carinata</i>   | 26 = <i>Xaniognathus deflectens</i>                 |
| 12 = <i>Neogondolella elongata</i>   | 27 = <i>Xaniognathus elongatus</i>                  |
| 13 = <i>Neogondolella jubata</i>     | 28 = <i>Xaniognathus? sp.</i>                       |
| 14 = <i>Neospathodus homeri</i>      |   |
| 15 = <i>Neospathodus cristagalli</i> |   |