

Figure 1 : tri (haut) et classement (bas) d'une collection constituée de 7 animaux
(Lecointre et Le Guyader)

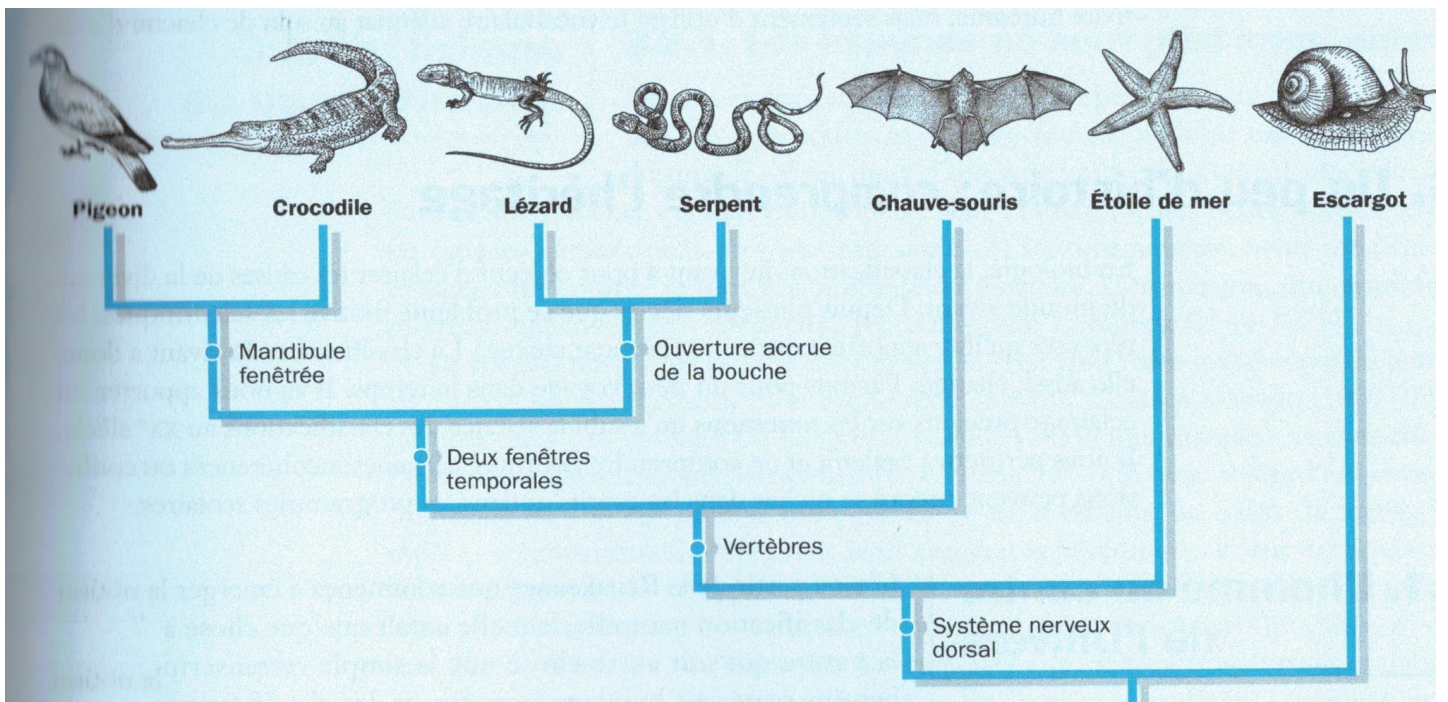
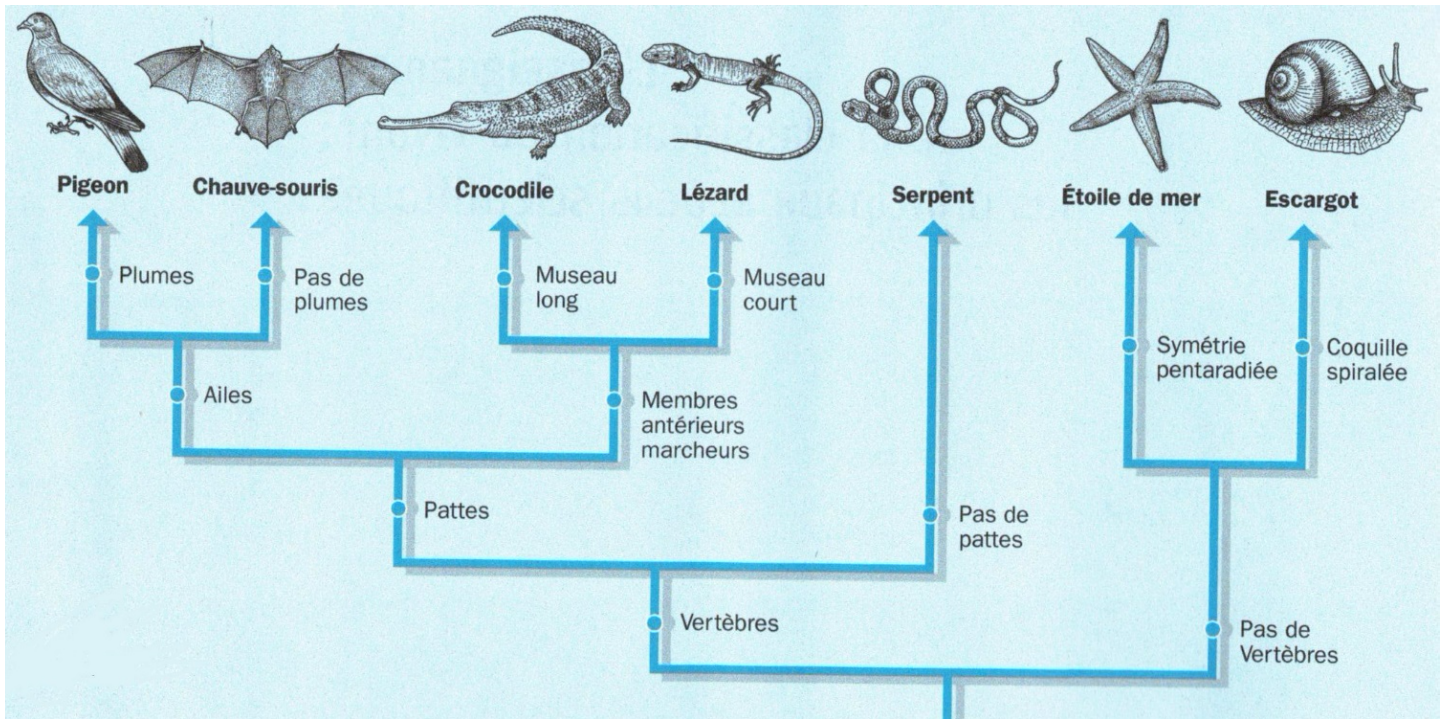


Figure 2 : Comparaison entre une classification évolutionniste (haut) et phylogénétique (bas).

Dans la classification évolutionniste, les fossiles sont considérés comme des ancêtres communs aux groupes actuels et une grande place est accordée aux grades évolutifs. Cette conception est totalement obsolète aujourd'hui.

La classification du bas est strictement phylogénétique car les grades ne sont pas évoqués, et les fossiles sont considérés comme des membres des taxons et non en tant qu'ancêtres.

(Lecointre et Le Guyader)

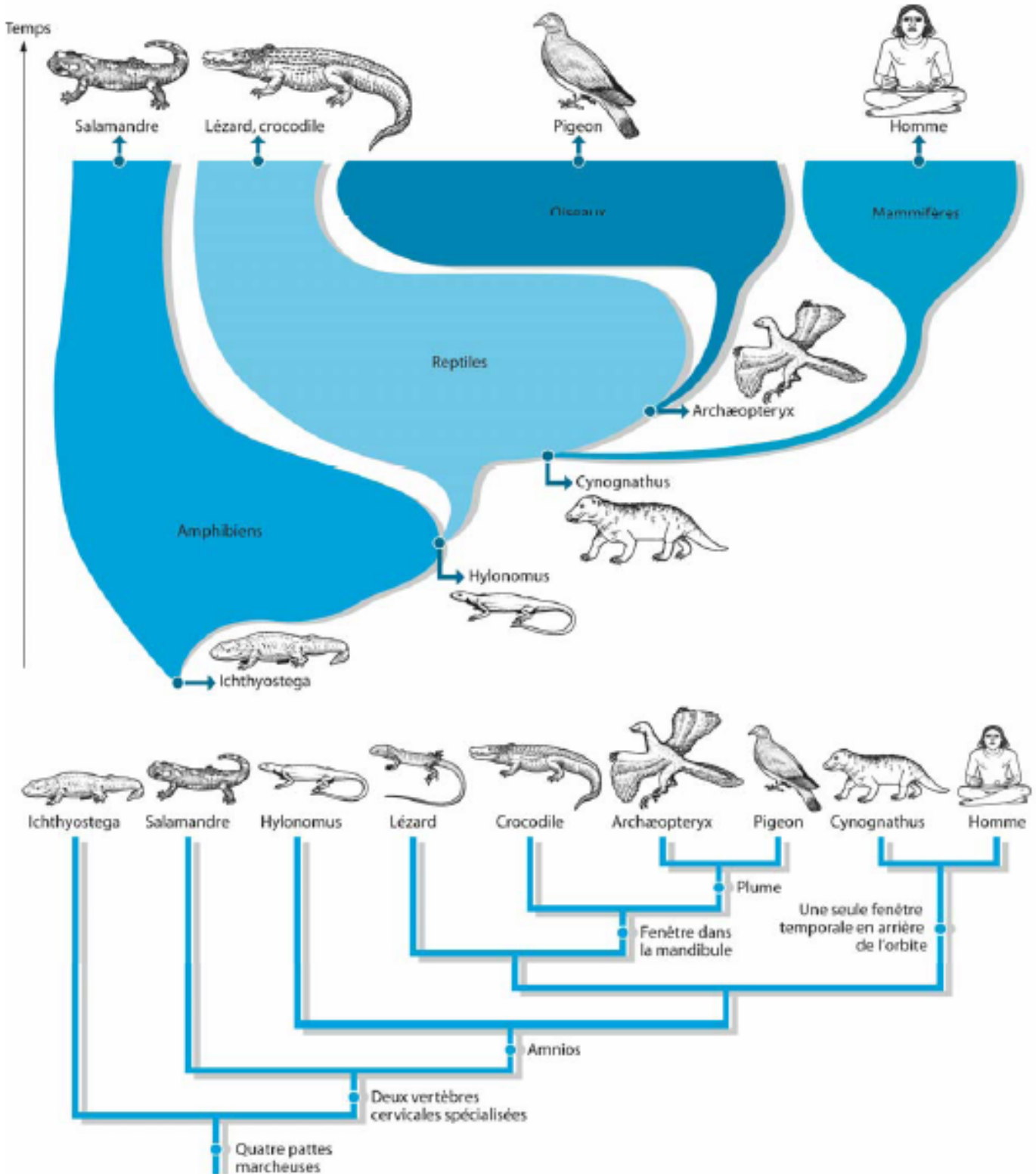
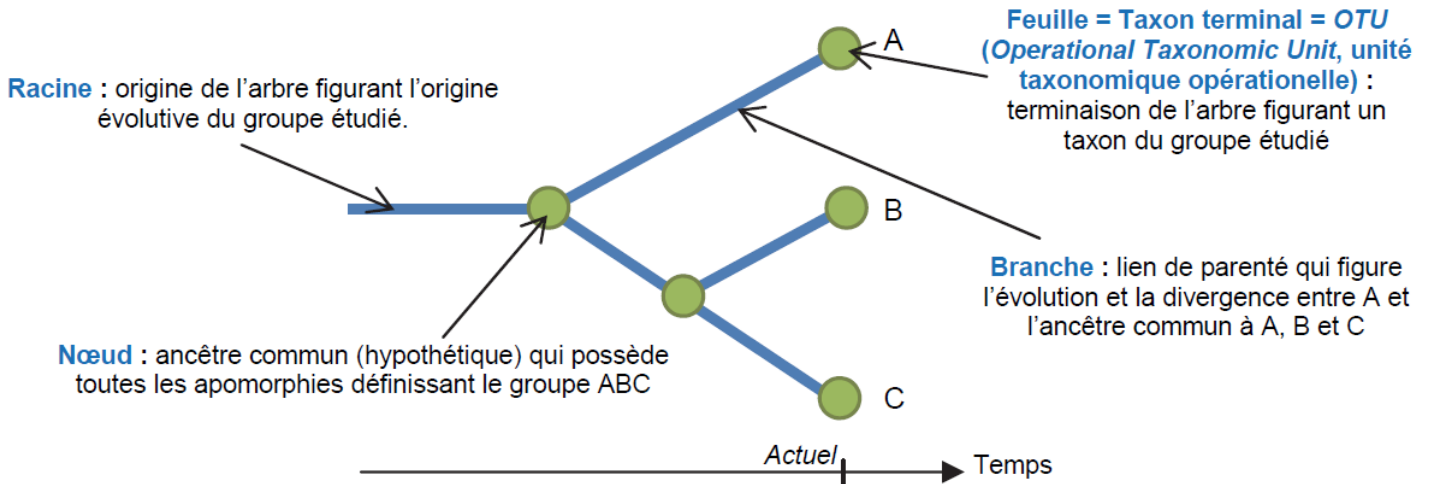
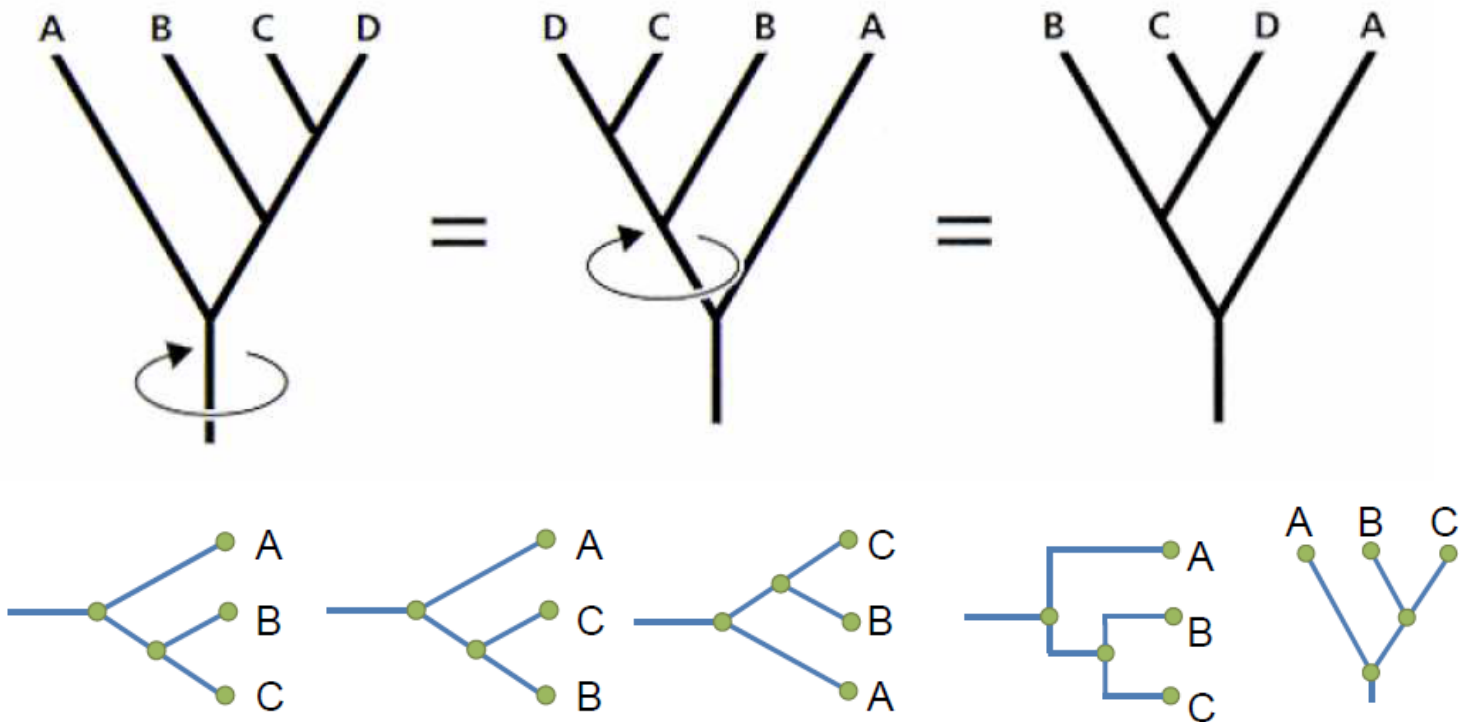


Figure 3 : Représentation et interprétation d'un arbre phylogénétique ou cladogramme
(Segarra et al. 2015)



Un même arbre phylogénétique peut avoir **plusieurs topologies équivalentes**, par rotation des branches sur elles-mêmes (comme dans un mobile), sans que les liens de parenté ne soient modifiés.



b. Quelques topologies équivalentes d'arbres phylogénétiques. Les arbres peuvent être horizontaux ou verticaux. Leurs branches peuvent tourner sur elles-mêmes (comme dans une sorte de mobile) sans que les liens de parenté illustrés ne soient modifiés.

Figure 4 : Homologie du membre antérieur de Mammifères (dauphin A, chauve-souris B, homme C)

Le plan d'organisation commun, typique du **membre chirodien**, est représenté en D. Le radius est coloré sur chaque membre. Les os sont de formes très différentes selon les organismes mais ils sont toujours connectés entre eux de la même manière : ces différents membres antérieurs sont donc **homologues** d'après le critère des **connexions morpho-anatomiques**. (Segarra et al. 2015)

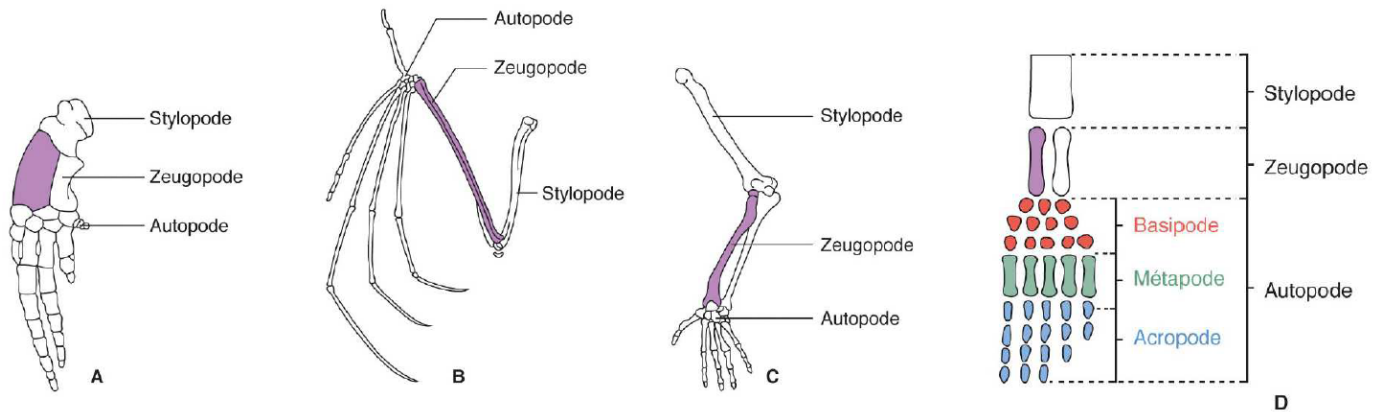


Figure 5 : Homologie entre différents os détectée par des données embryologiques

A : os mandibulaires d'Oiseaux (parmi lesquels le dentaire, l'angulaire, l'articulaire et le carré).
 B : os mandibulaire et os de l'oreille moyenne chez l'Homme (la mandibule est réduite au dentaire ; l'os tympanique, l'enclume et le marteau sont respectivement homologues de l'angulaire, du carré et de l'articulaire).
 C : développement de ces os chez un Mammifère Marsupial. (Segarra et al. 2015)

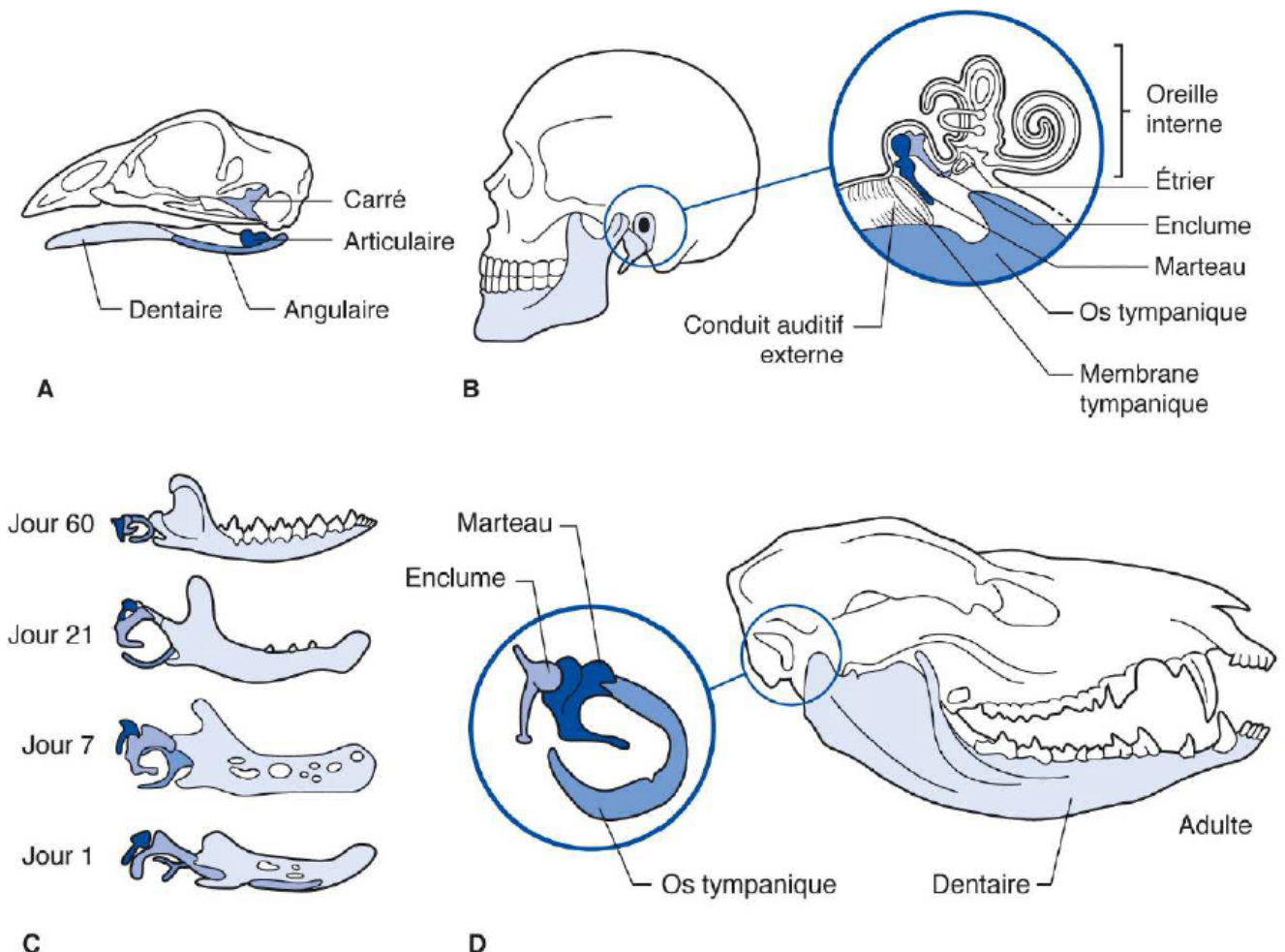


Figure 6 – Homologie du membre antérieur de Vertébrés

L'homologie entre une nageoire rayonnée d'Actinoptérygien et un membre chiridien de Tétrapode n'est pas forcément évidente de prime abord. L'étude de nombreux fossiles a permis de visualiser différents états intermédiaires entre les squelettes de ces 2 types d'appendices ce qui a permis d'en déduire leur nature homologue. (Segarra et al. 2015)

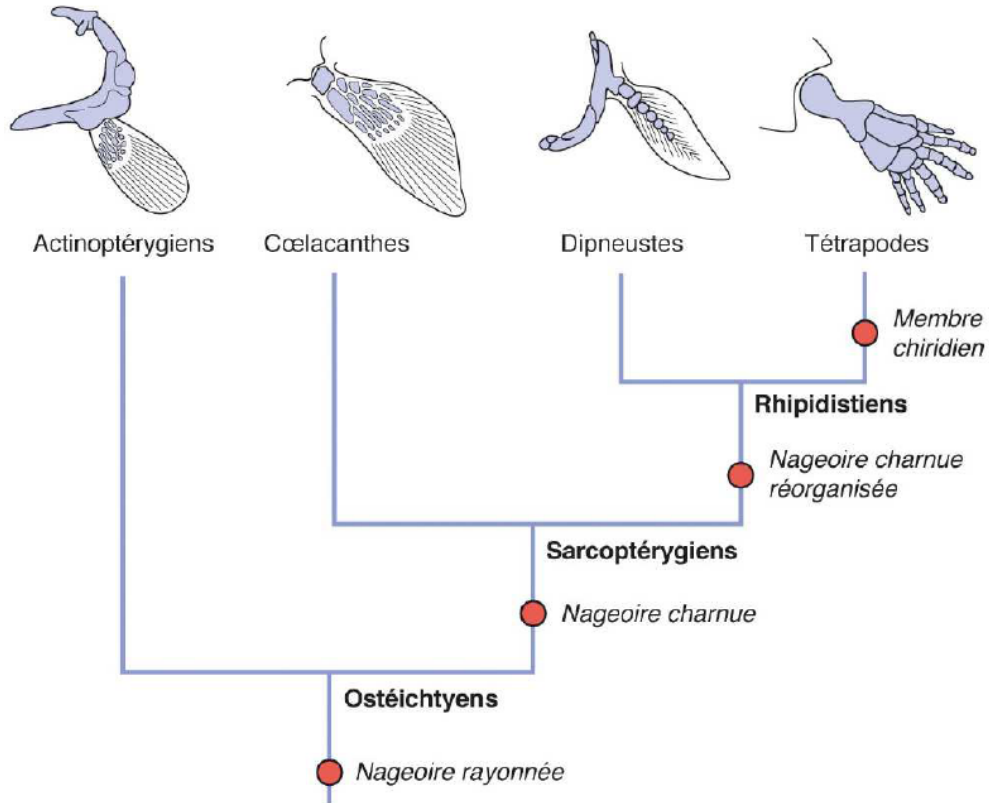


Figure 7 : Etat primitif et état dérivés pour le caractère membre antérieur des Vertébrés

La nageoire rayonnée est une plésiomorphie par rapport au membre chiridien qui est une apomorphie.

(Segarra et al. 2015)

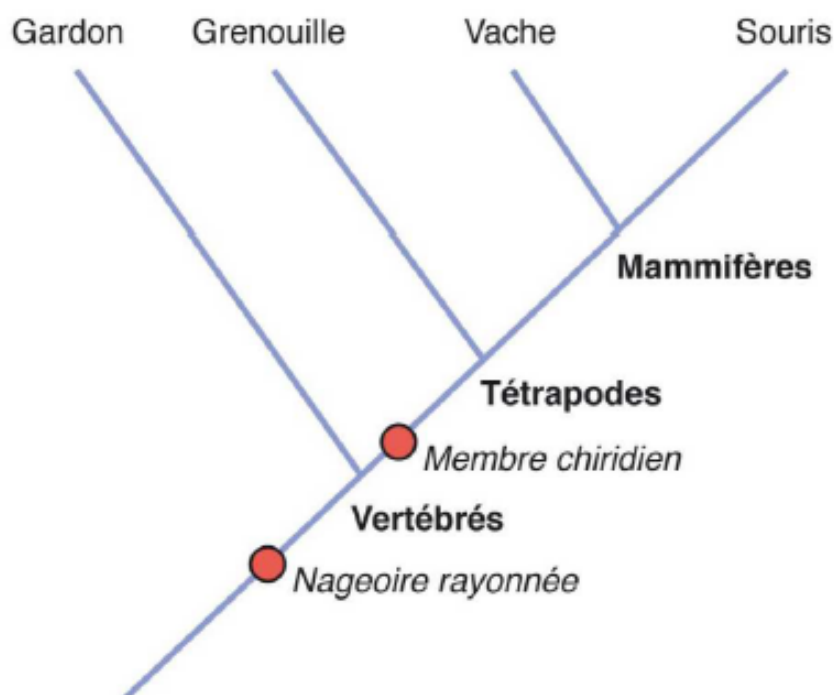


Figure 8 : Bilan : polarisation d'un caractère

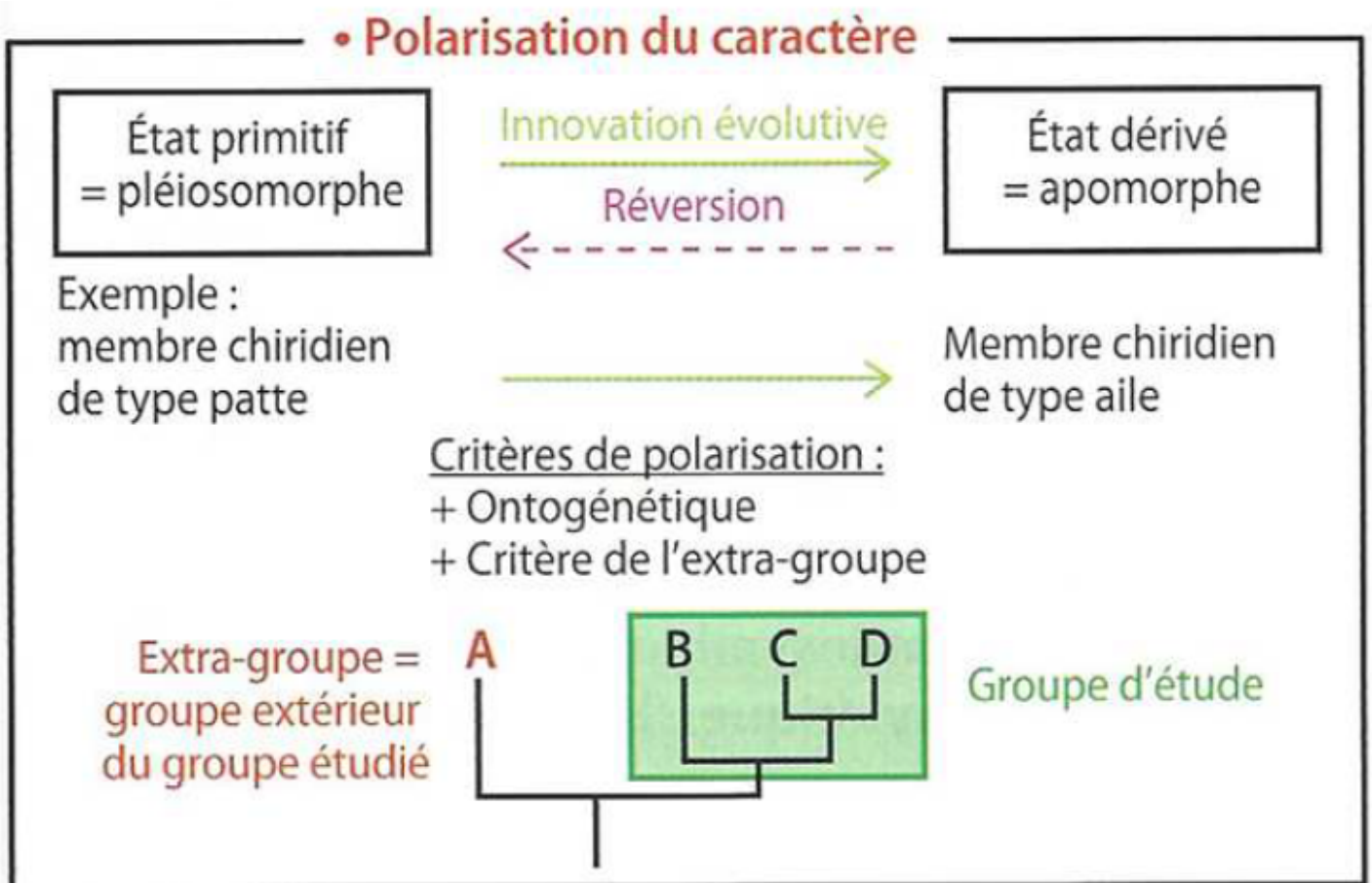






Figure 9 : Exemple de construction d'un arbre phylogénétique

1/ Construction et polarisation d'une matrice de caractères

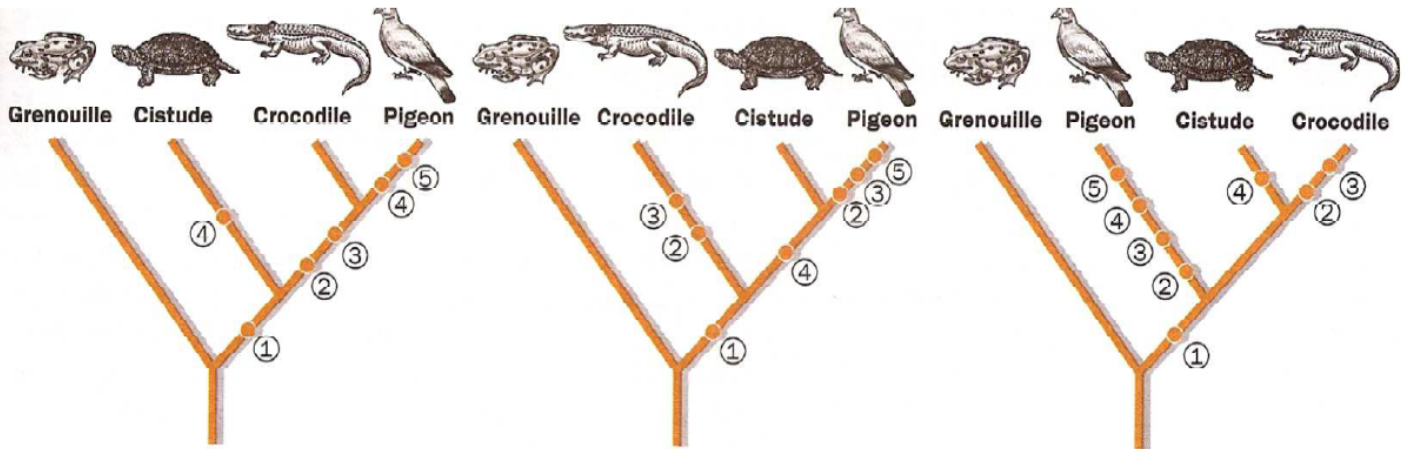
	 Grenouille verte	 Cistude d'Europe	 Crocodile du Nil	 Pigeon biset
1 Amnios	0	1	1	1
2 Gésier	0	0	1	1
3 Mandibule	0	0	1	1
4 Bec corné	0	1	0	1
5 Ailes	0	0	0	1

Extra groupe : grenouille verte.
Etat primitif = 0 ; état dérivé = 1

Amnios (annexe embryonnaire chez certains Vertébrés) : absence = 0, présence = 1
Gésier : absence = 0, présence = 1
Mandibule : pleine = 0, fenêtrée = 1
Bec corné : absence = 0, présence = 1
Ailes : absence = 0, présence = 1

2/ Construction de plusieurs arbres phylogénétiques possibles

Les innovations évolutives (passage de l'état 0 à l'état 1 pour chaque caractère) sont indiquées sur les branches de l'arbre.



a. 6 hypothèses de transformation

b. 7 hypothèses de transformation

c. 8 hypothèses de transformation

L'arbre le plus parcimonieux est retenu :

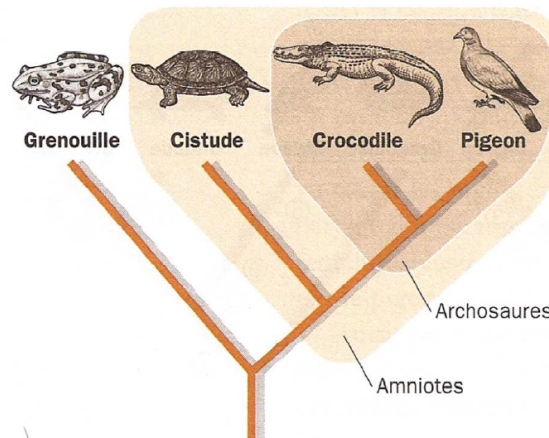


Figure 10 : Arbre non résolu

L'arbre est **non résolu** ou **irrésolu** si certains nœuds comportent plus de 3 liens = **multifurcation**.

Cela signifie que des liens de parenté sont non résolus.

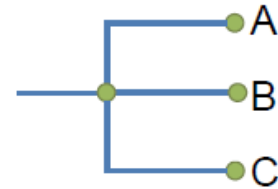


Figure 11 : Groupes monophylétique, paraphylétique et polyphylétique

(Segarra et al. 2015)

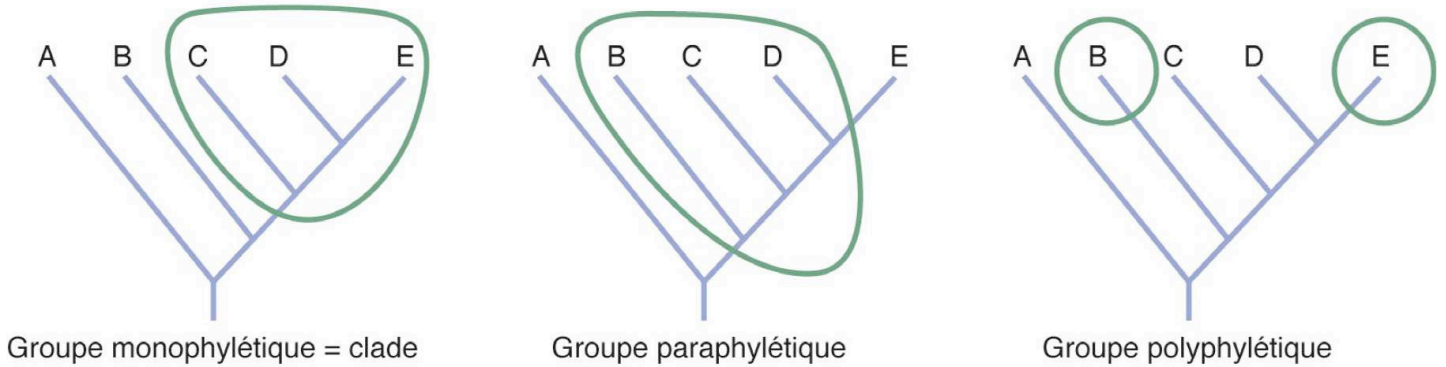
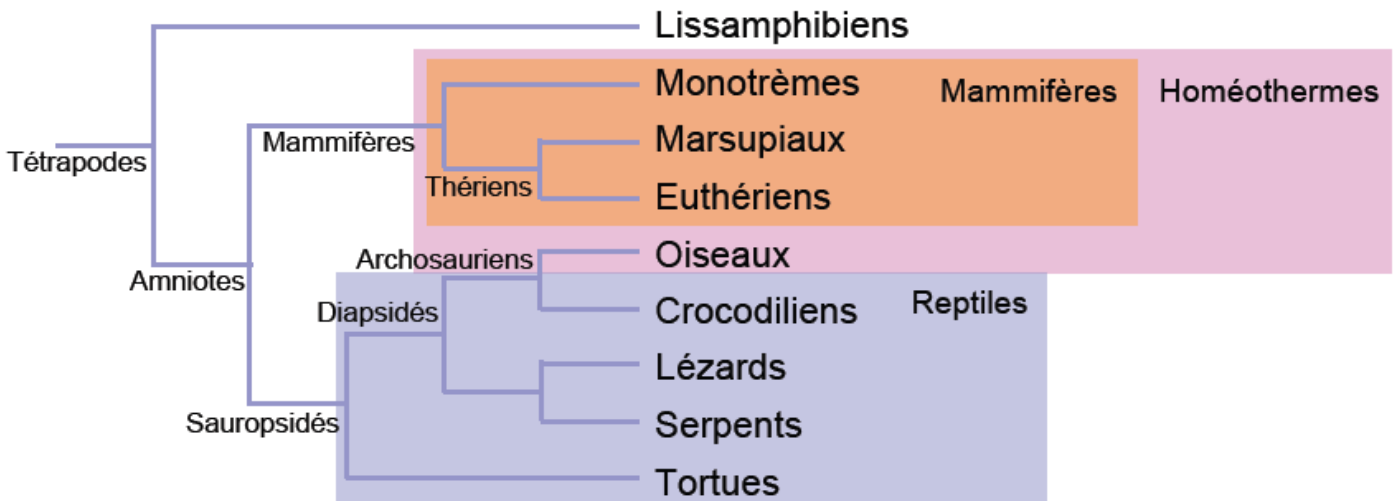


Figure 12 : Exemples de classifications phylogénétiques

Classification des Tétrapodes



Exemples de groupes :

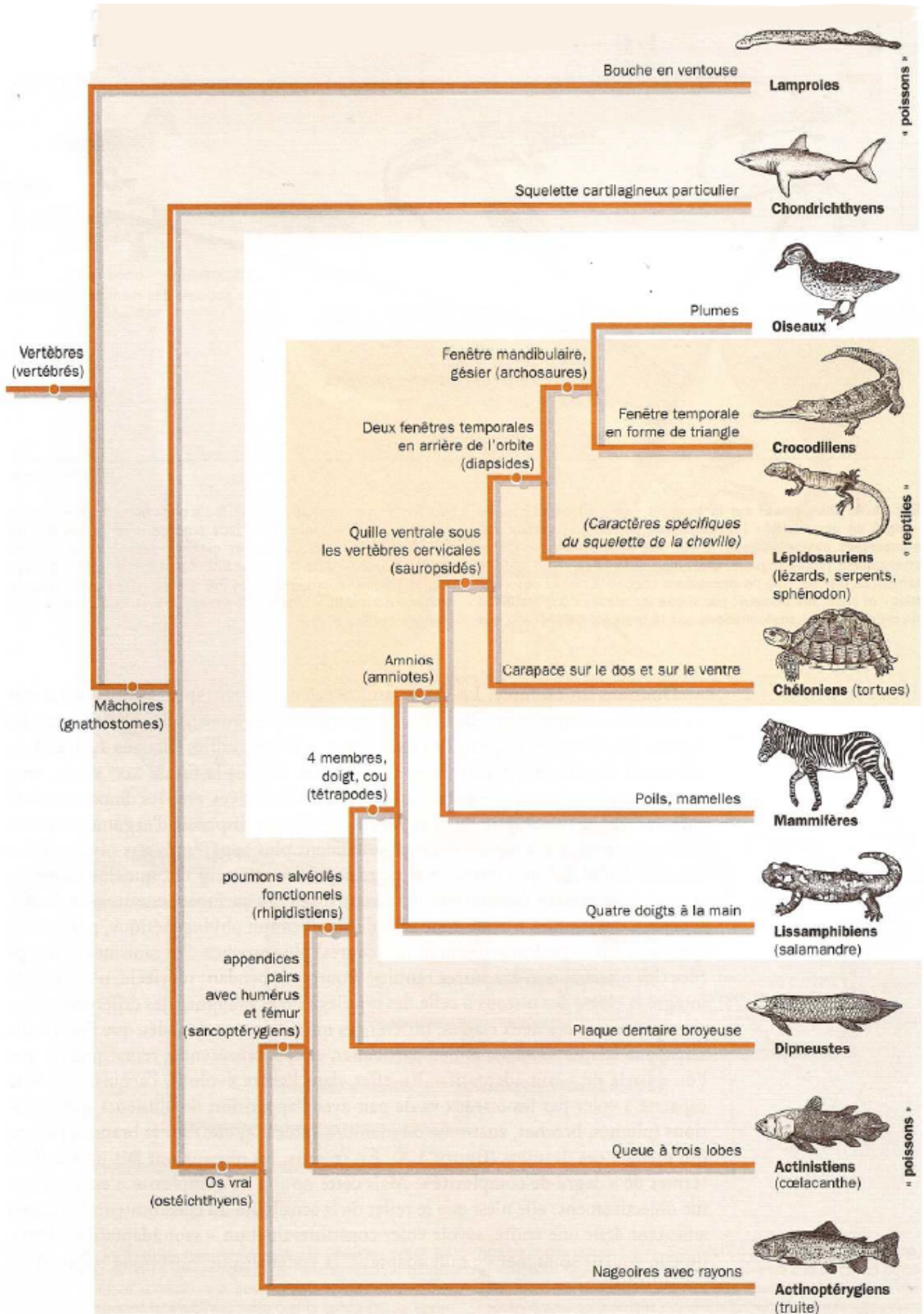
Les Mammifères sont un groupe monophylétique.

Les homéothermes sont un groupe polyphylétique.

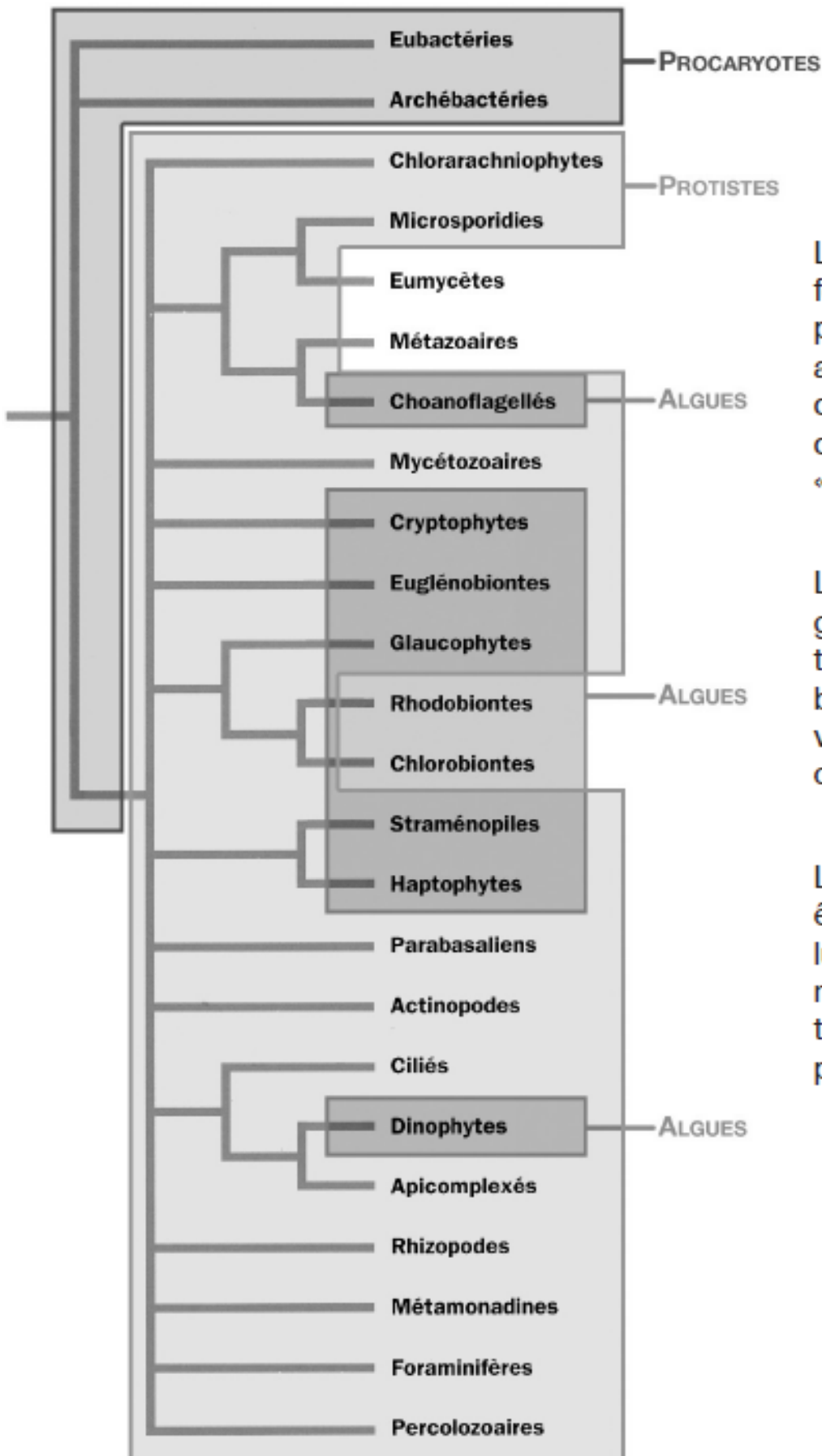
Les Reptiles sont un groupe paraphylétique.

Classification des Vertébrés

Quelques caractères dérivés sont signalés. (Lecointre et Le Guyader 2004)



Classification du Vivant (B Anselme)



Les «Procaryotes» forment un groupe paraphylétique : leur ancêtre commun a d'autres descendants qui ne sont pas des «procaryotes».

Les «Algues» sont un groupe polyphylétique : les différentes branches convergent vers des ancêtres communs différents

Les «Protistes» (= êtres vivants unicellulaires) sont également un groupe fantaisiste qui ne peut pas être retenu.

Figure 13 - Interprétations des ressemblances

Les ressemblances peuvent être des **homologies**, ou des **homoplasies** (ressemblance (structurale, embryologique, biochimique...) susceptible d'être considérée comme une homologie mais qui n'en est pas une) par **convergence** ou par **réversion**. Rond blanc : état primitif. Rond noir : état dérivé. (Segarra et al. 2015)

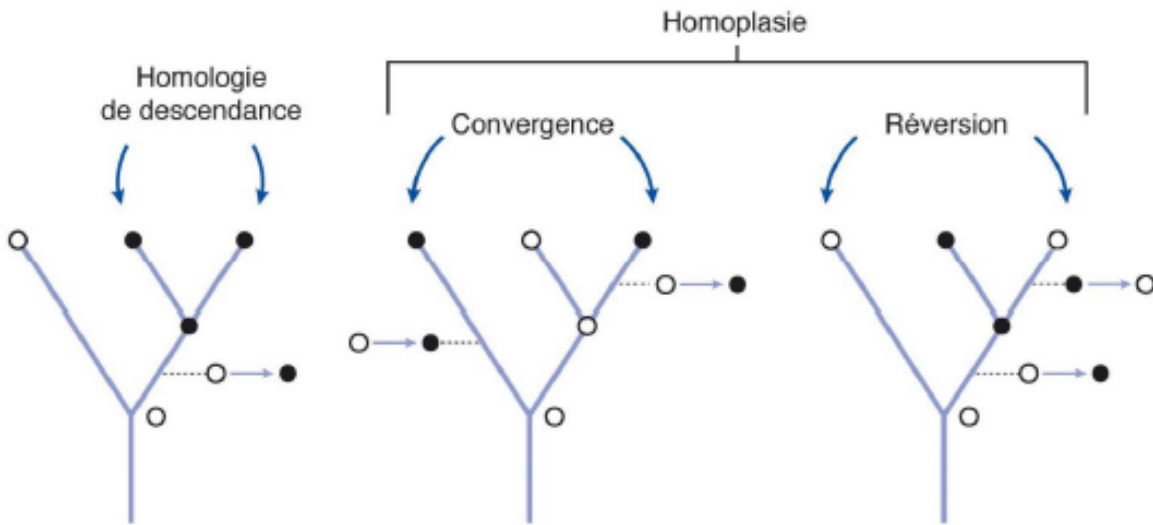


Figure 14 : Approche phénétique sur des données moléculaires : construction de phénogramme selon la méthode des distances génétiques (Lecointre et Le Guyader)

Les séquences d'hémoglobine α chez la carpe commune, l'homme, la roussette et le coq domestique sont alignées (a). Seule une portion de la séquence est représentée ici. Chaque lettre correspond à un acide aminé. Le tiret signifie que l'acide aminé chez l'espèce considérée est identique à l'acide aminé figurant à la même position sur la première ligne. L'étoile indique l'absence de l'acide aminé considéré. Avec ces séquences, on construit une matrice de distance (b), à partir de laquelle la méthode utilisée (UGPMA dans cet exemple) permet d'obtenir un arbre (c).

a.

ESPÈCES	Séquences alignées					
Carpe commune	SLSDKDKAAV	KIAWAKISPK	ADDIGAEALG	RMLTVYPQTK	TYFAHWADLS	PGSGPVKHGK
Homme	V--PA--TN-	-A--G-VGAH	-GEY-----E	--FLSF-T--	---P-F*---	H--AQ--GHG
Roussette	V--SA--TNI	-A--D-VGGN	-GEY-----E	--FLSF-T--	---P-F*---	H--AQ--GHG
Coq domestique	V--AA--NN-	-GIFT--AGH	-EEY---T-E	--F-T--P--	---P-F*---	H--AQI--GHG

Séquences alignées					
KVIMGAVGDA	VSKIDDLVGG	LASLSELHAS	KLRVDPANFK	ILANHIVVGI	MFYLPGDFFP
-KVAD-LTN-	-AHV--MPNA	-SA--D---H	-----V---	L-SHCLL-TL	AAH--AE-T-
-KVGD-LTN-	-GHL---P-A	-SA--D---Y	-----V---	L-SHCLL-TL	ANH--S--T-
-KVVA-LIE-	ANH---IA-T	-SK--D---H	-----V---	L-GQCFL-VV	AIHH-AALT-

— Séquences alignées —

EVHMSVDKFF	QNLALALSEK	YR
A--A-L---L	ASVSTV-TS-	--
A--A-L---L	ASVSTV-TS-	--
---A-L---L	CAVGTV-TA-	--

b.

	Carpe commune	Homme	Roussette d'Égypte	Coq domestique
Carpe commune	0,00			
Homme	52,11	0,00		
Roussette d'Égypte	50,70	9,93	0,00	
Coq domestique	52,82	29,79	31,21	0,00

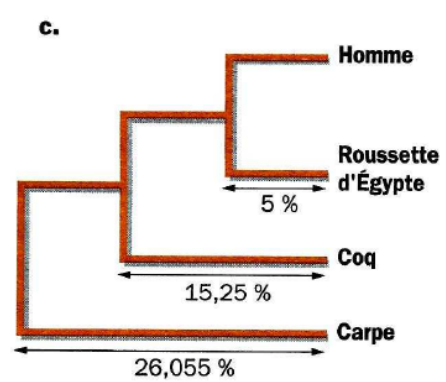


Schéma bilan : l'établissement de phylogénies et leur interprétation
(Alex et Clamens)

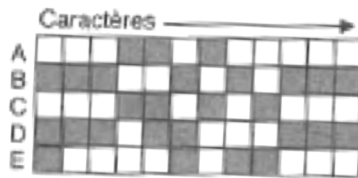
Sélectionner un jeu de données
Groupe d'étude / groupe externe
Ensemble de caractères homologues



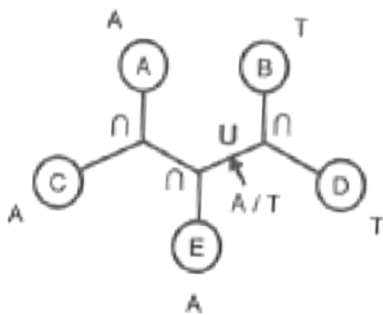
Construire une phylogénie

Méthode cladistique

Sélection des caractères informatifs
→ matrice de caractères

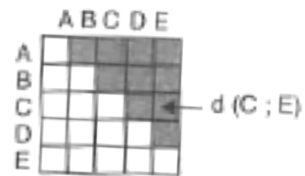


Maximum de parcimonie



Méthode phénétique

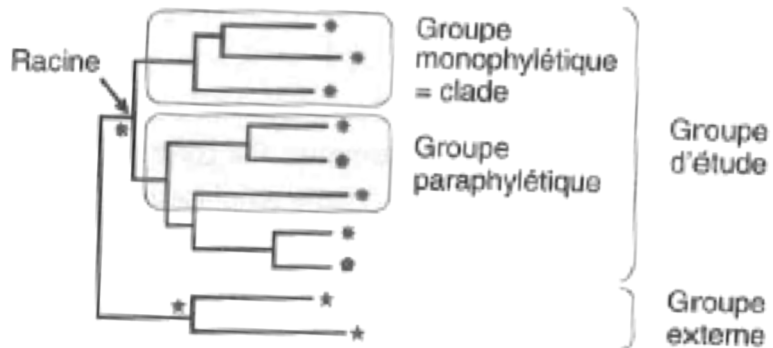
Choix d'une distance évolutive
→ matrice de distances évolutives



Neighbor-joining



Interpréter un arbre phylogénétique



- Homologie
- Apomorphe dans le groupe d'étude
- Homoplasie
- * Plésiomorphe dans le groupe externe

Lexique

État de caractère : modalités diverses d'un même caractère. Par exemple : le caractère « production épidermique kératinisée » possède plusieurs états « absente », « poil », « plume »

- **état plésiomorphe** = état primitif ou ancestral
- **état apomorphe** = état dérivé, apparu plus tardivement au cours de l'évolution

Caractère : attribut observable possédant plusieurs modalités ou état.

Caractère homologue : caractère présent chez plusieurs organismes dont on sait ou dont on peut supposer qu'il est hérité d'un ancêtre commun.

Cladogramme : schéma arborescent montrant les relations de parenté entre divers groupes d'organismes

Convergence évolutive : acquisition indépendante d'un même état de caractère par 2 lignées

Groupe monophylétique = clade : groupe comprenant un ancêtre et tous ses descendants.

Groupe paraphylétique : groupe comprenant un ancêtre et une partie de ses descendants

Groupe polyphylétique : groupe comprenant des organismes sans ancêtre commun immédiat, rassemblés de manière artificielle sur la base de caractères généralement convergents.

Homoplasie : ressemblance (structurale, embryologique, biochimique...) susceptible d'être considérée comme une homologie mais qui n'en est pas une

Phénogramme : schéma arborescent construit par la méthode phénétique en tenant compte des distances entre taxons.

Phylogénie : étude des relations de parenté entre organismes

Réversion évolutive : retour d'un caractère à son état primitif

Synapomorphie : partage de caractère à l'état dérivé par plusieurs espèces. Cela témoigne d'une parenté évolutive (partage d'un même ancêtre commun).

Systematique = taxonomie : science de la classification (description puis classification)

Taxon : regroupement d'organismes reconnus en tant qu'unité formelle (Homo : taxon rang générique, sapiens : rang spécifique)