

SV-K-2 APPROCHE PHYLOGÉNÉTIQUE DE LA BIODIVERSITÉ

SV-K-2-1 CLASSER LA BIODIVERSITÉ

SV-K- EVOLUTION ET PHYLOGÉNIE



SV-K-2-1 Classer la biodiversité

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Savoirs visés	Capacités exigibles
<p>Plusieurs types de classification existent en biologie selon les objectifs poursuivis : utilitaire, fonctionnel (écologique, physiologique), phylogénétique. Elles s'appuient sur différents caractères : fonctionnels, morphologiques, anatomiques, embryologiques (pour les pluricellulaires), biochimiques ou moléculaires (en plein essor grâce aux outils de la biologie moléculaire et de la bioinformatique). Les classifications utilisent la ressemblance, qui peut être due à des homoplasies ou à des homologies.</p> <p>Les classifications phénétiques classent les taxons selon leur ressemblance globale (exemple des méthodes de distances génétiques). Elles sont de moins en moins utilisées en taxonomie.</p> <p>Les classifications post-darwiniennes cherchent à refléter les parentés évolutives. Les classifications dites évolutionnistes ne retenaient que les homologies mais acceptaient les groupes paraphylétiques ; elles ne sont plus utilisées en taxonomie. Les classifications phylogénétiques (ou cladistiques) ne retiennent que les ressemblances particulières à une partie des organismes à classer (ce sont les synapomorphies, ou caractères partagés à l'état dérivé) : elles définissent des groupes monophylétiques.</p> <p>Plusieurs méthodes sont utilisées pour élaborer des phylogénies. Certaines utilisent des groupes externes (actuels ou fossiles), ce qui permet d'identifier les états ancestraux (plésiomorphes) et dérivés (apomorphes) des caractères. La plupart des autres analyses reposent sur des méthodes déterminant l'arbre le plus probable au regard d'un modèle évolutif postulé. Dans ce cas, les plésio et apomorphies sont reconnues a posteriori, comme un produit de l'analyse.</p> <p>Le principe de parcimonie retient l'arbre qui maximise la cohérence des caractères, c'est-à-dire qui nécessite le moins de changements évolutifs. D'autres méthodes se fondent sur des modèles probabilistes (fixant les probabilités des changements évolutifs) pour déterminer le ou les arbres le(s) plus probable(s) selon le modèle retenu (comme l'approche du maximum de vraisemblance)</p>	<ul style="list-style-type: none">- Distinguer classification (utilisée pour la création des taxons) et tri (par exemple pour la détermination des individus).- Distinguer sur un arbre phylogénétique des groupes mono-, para- et polyphylétiques.- Argumenter la validité ou non de certains groupes en phylogénie et discuter le maintien d'usage de certains groupes para- ou polyphylétique selon le domaine de validité (ex. phylogénie, écologie, vie quotidienne).- Identifier les synapomorphies, les simplésiomorphies et les convergences sur un arbre phylogénétique.- Construire une phylogénie par parcimonie (cladogramme) à partir d'un jeu limité de taxons et de caractères fournis (chez les Métazoaires ou les Embryophytes)- Réaliser et exploiter des alignements de séquences afin de construire un arbre phylogénétique à partir d'une méthode fournie avec l'aide ou non d'un logiciel dédié.

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

SV-K-2-1 Classer la biodiversité

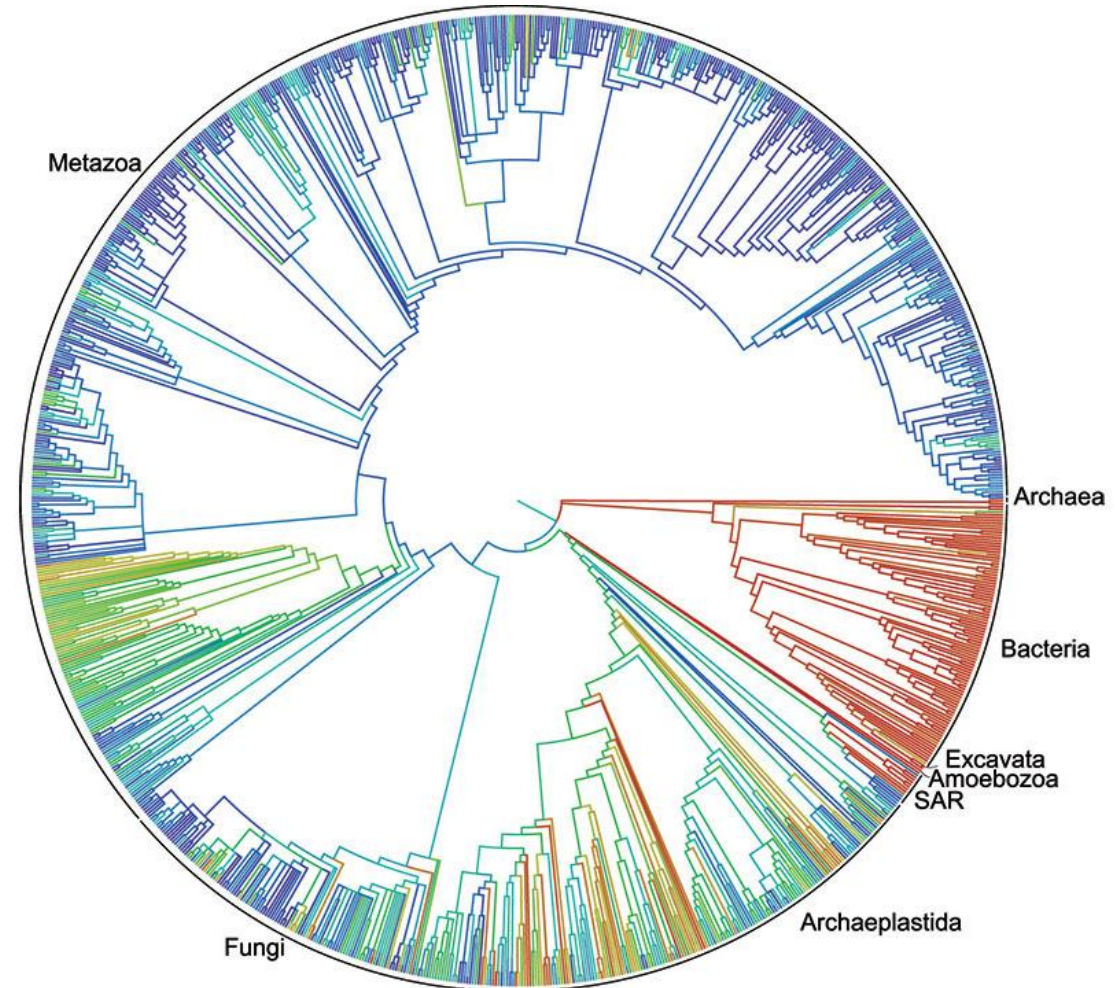
INTRODUCTION

L'arbre du vivant

- L'arbre du vivant est non raciné
- LUCA = dernier ancêtre commun à tout le vivant
- 3 grands **domaines** du vivant :
 - Archées
 - Eubactéries
 - Eucaryotes

Explorer l'arbre du vivant


<http://tolweb.org/tree/phylogeny.html>



Arbre phylogénétique du vivant

Seules les branches contenant au moins 500 espèces sont représentées

INTRODUCTION

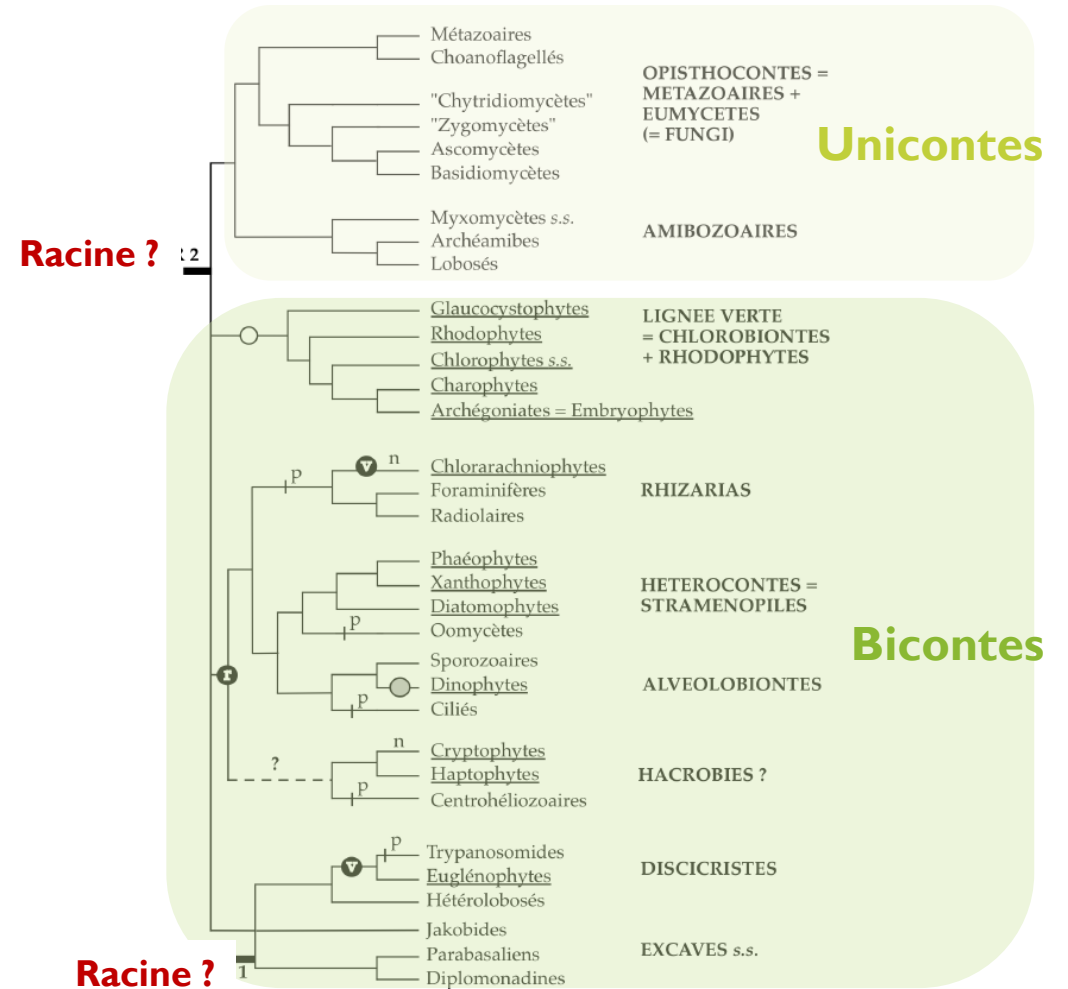
	Eubactéries	Archées	Eucaryotes
Noyau	–	–	présent, avec enveloppe
Cytosquelette	FtsZ, crescentine, FtsA	–	Présent avec flux endomembranaire
Division cellulaire	Séparation binaire	Séparation binaire	Mitose avec condensation des chromosomes
Appareil locomoteur	Flagelle sans MT	Flagelle sans MT	Flagelle avec MT
Paroi cellulaire	Peptidoglycane avec NAM	Diverses à N-glycosylation	Diverses à N-glycosylation
Lipides membranaires	AG à liaison ester en bicouche	AG à liaison éther en monocouche 	AG à liaison ester en bicouche
Organisation des gènes	Polycistron, pas d'introns	Avec introns	Monocystron, avec intron
ARNt initiateur de la traduction	Portant une N-formylméthionine	Portant une méthionine	Portant une méthionine
Ribosomes	70S	70S	80S
ARN polymérase	Unique ARNpol, à 4 sous-unités	Plusieurs ARNpol à nombreuses sous-unités	Plusieurs ARNpol à nombreuses sous-unités

Caractéristiques des 3 domaines du vivant

INTRODUCTION

Les Eucaryotes

- Nombre d'espèces ~ 2 millions (sous-estimé)
- Quelques synapomorphies :
 - Noyau
 - Réseau endomembranaire avec flux dirigé par MT
 - Phagocytose dirigée par MT (perdu chez les végétaux)
 - Glycoprot à N-glycosylation (aussi chez certaines bactéries = actinobactéries)
 - Flagelle (9+2)
- Diversité
 - Grande diversité d'unicellulaires
 - Quelques pluricellulaires : végétaux, animaux, champignons
- Arbre phylogénétique → **2 grands taxons**, définis par le nombre de flagelles sur les cellules mobiles
 - **Unicontes** = un seul flagelle
 - **Bicontes** = 2 flagelles



Arbre phylogénétique des Eucaryotes

Rem 1 : La position de la racine et la topologie précise de l'arbre sont toujours en discussion

Rem 2 : Nombreux groupes de l'ancienne classification sont polyphylétiques

SV-K-2-I CLASSER LA BIODIVERSITÉ

INTRODUCTION

Approche phylogénétique de la biodiversité

```
graph TD; A[Approche phylogénétique de la biodiversité] --> B[Construire des tribus:]; A --> C[Diversité du vivant:];
```

Construire des tribus:

- Sur quels critères?
- Dans quel objectif?
- Quel apport dans quels domaines?

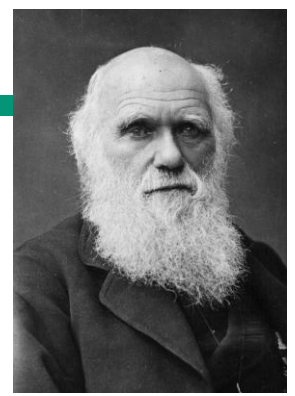
Diversité du vivant:

- Comment l'étudier?
- Comment évolue-t-elle, à quelle échelle d'espace et de temps?
- Comment la définir?
- Comment la préserver?

INTRODUCTION

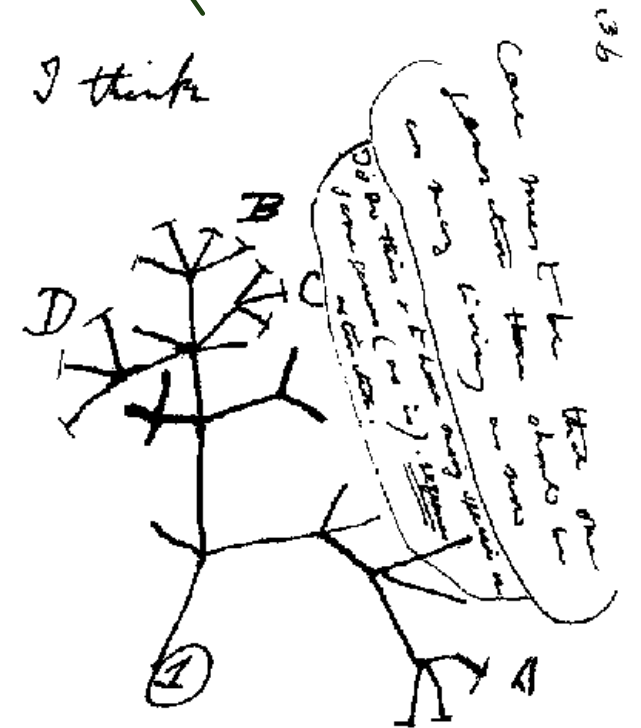
- **Phylogénie** = « *qui est plus proche de qui ?* »
 - Reconstruire l'histoire évolutive du vivant
 - ✓ Identifier des **caractères partagés** par des espèces issus **d'un ancêtre commun**
 - ✓ Plus elles partagent de nombreuses innovations, plus elles sont **apparentées**
 - ✓ ancêtre commun récent

« Je pense que le cas doit être qu'une génération devrait avoir autant de vivants que maintenant. Pour ce faire et avoir autant d'espèces dans le même genre (tel quel) nécessite l'extinction. Ainsi entre A + B l'immense écart de relation. C + B la gradation la plus fine. B+D distinction plutôt plus grande. Ainsi se formeraient des genres. En rapport » (début de la page suivante) « avec des types anciens à plusieurs formes éteintes »



Charles Darwin (1809-1882)

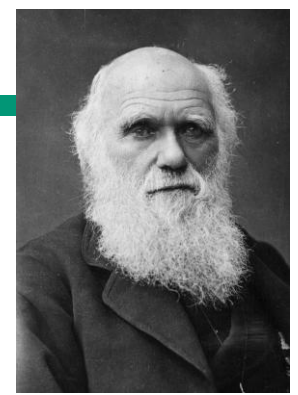
- **L'évolution des êtres vivants se comprend au travers de la sélection naturelle**
 - **Existence d'une variabilité** permise par les mutations
 - **Héritabilité** de cette variabilité au travers de la reproduction
 - Les contraintes **environnementales** exercent une **pression de sélection** induisant la disparition des individus non adaptés
 - ⇒ «La variation propose, le milieu dispose » par opposition au destin, au créationnisme, au dessein intelligent



Que peut-on comparer ? Comment regrouper les organismes ?

Comment construire un arbre phylogénétique ?

Premier schéma de Darwin représentant un arbre phylogénétique



Charles Darwin (1809-1882)

- A l'intérieur de chaque espèce, les individus présentent des variations souvent minimes.
 - Ces variations sont héréditaires et se produisent au hasard.
- Les êtres vivants tendent à se multiplier selon une progression géométrique (modélisation $dN/dt = rN$)
 - Dans les milieux naturels, les ressources sont limitées et en pratique on constate que l'effectif pour une espèce donnée est +/- constant => compétition rude entre les individus cf idée de Malthus
 - ✓ *La lutte pour l'existence résulte inévitablement de la rapidité avec laquelle tous les êtres organisés tendent à se multiplier. Tout individu qui, pendant le terme naturel de sa vie, produit plusieurs œufs ou plusieurs graines, doit être détruit à quelque période de son existence, ou pendant une saison quelconque, car, autrement le principe de l'augmentation géométrique étant donné, le nombre de ses descendants deviendrait si considérable, qu'aucun pays ne pourrait les nourrir. Aussi, comme il naît plus d'individus qu'il n'en peut vivre, il doit y avoir, dans chaque cas, lutte pour l'existence, soit avec un autre individu de la même espèce, soit avec des individus d'espèces différentes, soit avec les conditions physiques de la vie*
 - En fonction de cette lutte pour la vie, les variations fortuites se répartissent en favorables, défavorables ou neutres => survie différentielle des variants ; ie conservation des variations offrant une meilleure adaptation.
- Ce mécanisme est appelé sélection naturelle

INTRODUCTION

Qui est plus proche parent de qui?

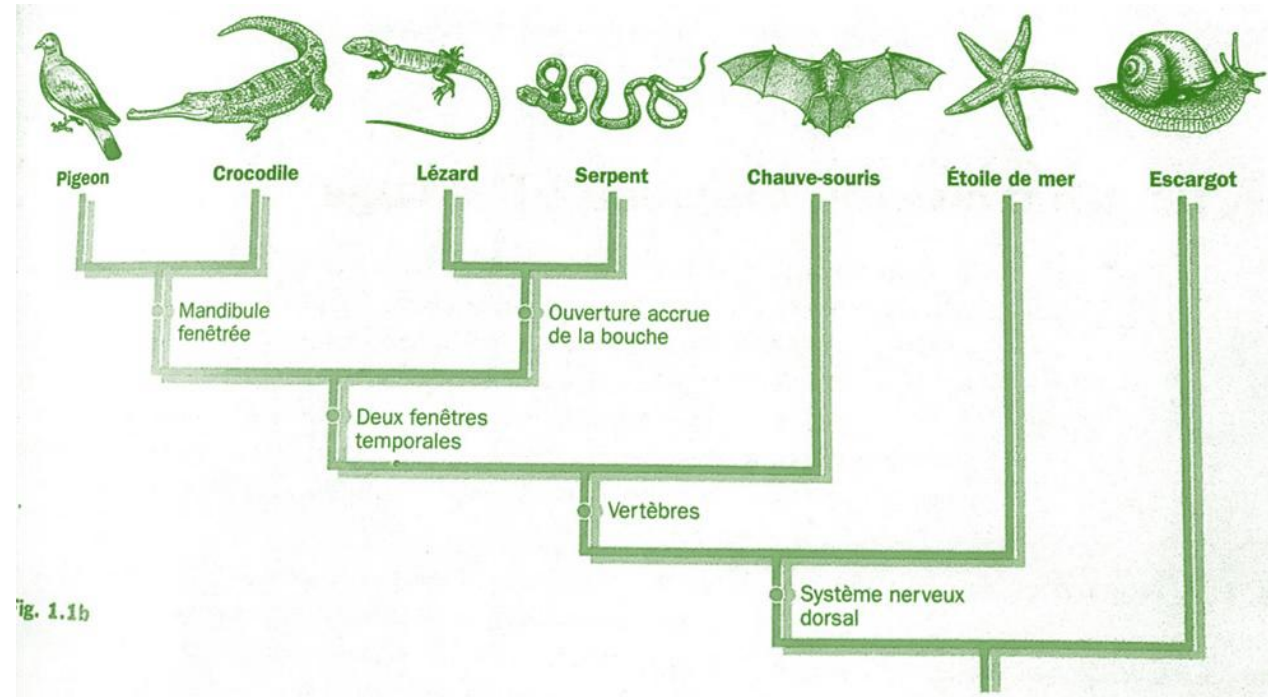
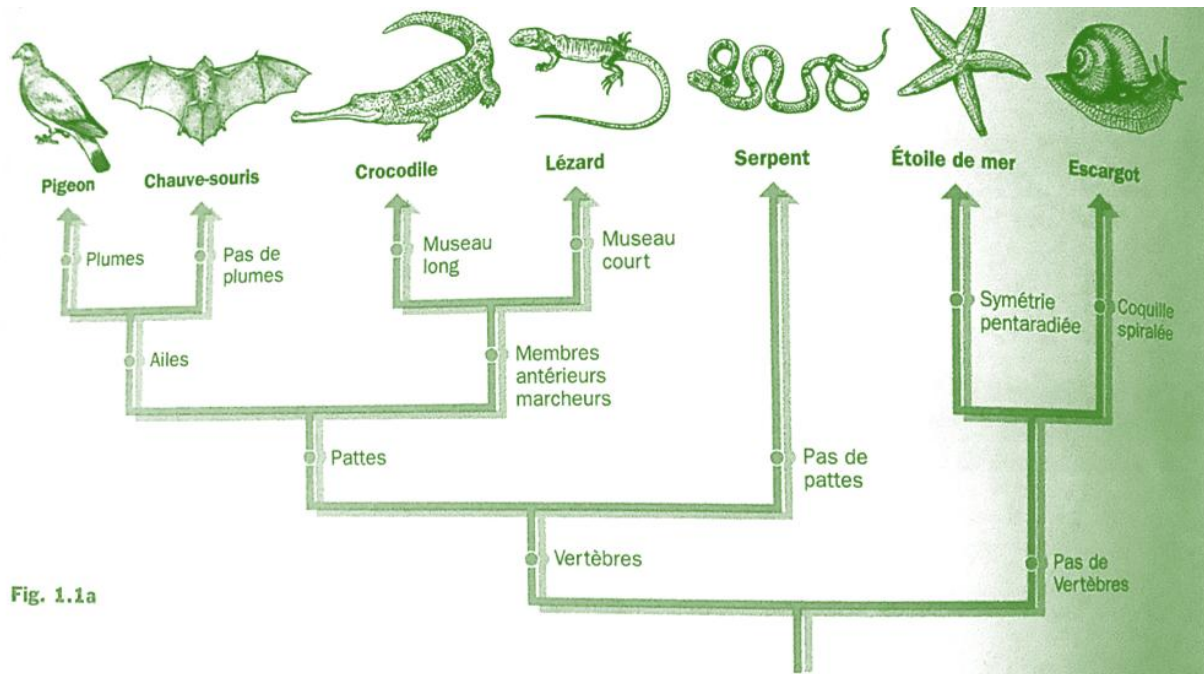


TRIER

Discrimination selon un caractère binaire
 → Clé de détermination pour identifier une espèce.

CLASSER

Critère permettant de former des ensembles → une cause sous-jacente
Hierarchie dans la distribution des attributs



I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?



A. TRIER OU CLASSER: DES ACTIVITÉS DIFFÉRENTES

- Trier =
 - Discriminer
 - Critère binaire
 - ⇒ Produire une clé de détermination

- Classer =
 - Établir des regroupements
 - Suivre un cahier des charges construit sur des process
 - Identifier des **caractères associés à un processus évolutif**
 - Retracer une histoire évolutive
 - ⇒ Faire de la phylogénie

COMMENT SAVOIR SI LE CARACTÈRE ÉTUDIÉ EST UN ATTRIBUT ÉVOLUTIF?

Décrire son voisin par ce qu'il a ou par ce qu'il n'a pas ?
Simple, rapide à mettre en œuvre et non invasif

- Symétrie bilatérale
- Morphologiques : tête, tronc
- Membre chiridien
- Phanère : écaille vs poils
- Céphalisation
- Œil
- Doigts libres vs palmés



Caractères : attributs sur lesquels on peut formuler une hypothèse d'homologie.

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

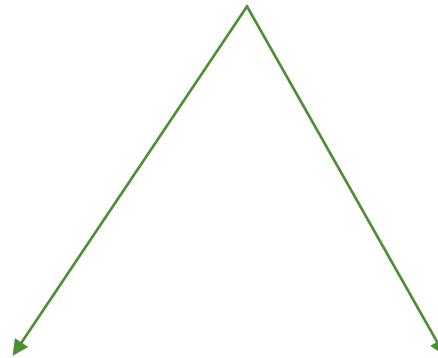
B. TYPES DE CLASSIFICATION ET LEURS OBJECTIFS



Classification utilitaire

- « Ce à quoi ils servent »
- Ex: « légumes verts », « légumes secs », « condiments », « plantes médicinales », « bétail », « nuisibles »

Classification fonctionnelle



Classification physiologique

- « comment ils fonctionnent »
- Ex: « homéothermes », « ruminants »

Classification écologique

- « ce qu'ils font »
- Ex: « fouisseur », « plancton », « bétail », « carnivore », « herbivore »

Classification phylogénétique

- « ce qu'ils ont »
- Ex: « oiseaux », « mammifères », « angiospermes », « vertébrés »
- Taxon
- Attributs partagés par un ancêtre commun hypothétique
- Histoire évolutive

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

C. LES CARACTÈRES UTILISÉS POUR CLASSER LA BIODIVERSITÉ



I. Les caractères morpho-anatomiques

■ Approche morphologique

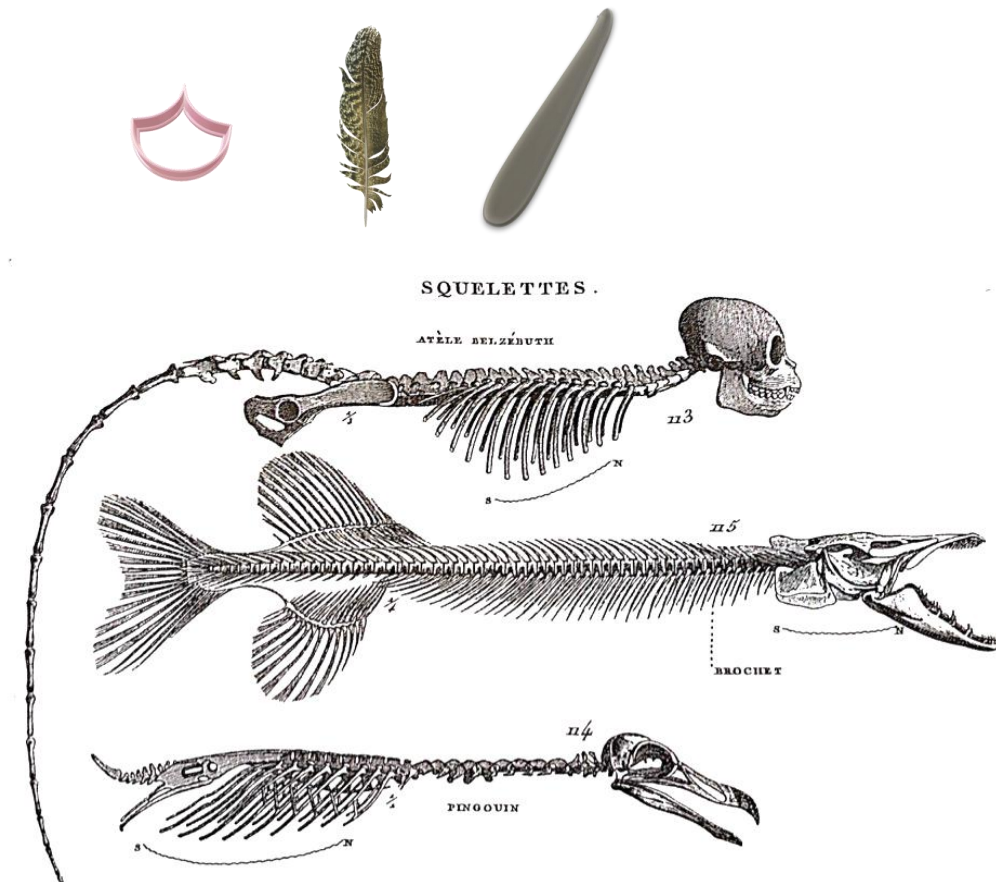
- Taille
- Forme
- Nombre de parties du corps

✓ Ex : les **phanères** = organes de protection caractérisés par une kératinisation intense : **écailles, poils et plumes** sont 3 types de phanères

■ Approche anatomique

- Implique une dissection
- Permet d'appréhender les organes internes et leur relation

✓ Ex : Les **vertébrés** partagent le caractère vertèbres, pièces squelettiques rigides selon l'axe crânio-caudal, disposées autour de la chorde



Anatomie comparée de squelette d'un atèle belzébuth, un brochet et un pingouin

I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

C. LES CARACTÈRES UTILISÉS POUR CLASSER LA BIODIVERSITÉ



I. Les caractères morpho-anatomiques



- Structures morphologiques et anatomiques

- Squelettes fossilisés : intégration des fossiles dans les classifications

- Tissus mous également utilisés

- ✓ ex : les ruminants possèdent un estomac polygastrique (rumen, réticulum, feuillet, caillette)



À gauche: foie, vascularisation et diaphragme de cheval / à droite: foie, vésicule biliaire et diaphragme de bœuf (musée Fragonard, S. Dalaine)

À gauche: crâne de chevreuil
À droite: crâne de taureau (musée Fragonard, S. Dalaine)



I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

C. LES CARACTÈRES UTILISÉS POUR CLASSER LA BIODIVERSITÉ



I. Les caractères morpho-anatomiques



Caractères : attributs sur lesquels on peut formuler une hypothèse d'homologie.

Eucaryotes (les cellules contiennent des organites, notamment un noyau)
Unikontes (spermatozoïdes uniflagellés)
... Métazoaires (existence de jonctions cellulaires de type desmosome)
..... Bilatérien (symétrie bilatérale)
..... Deutérostomiens (le premier orifice du tube digestif à se former est l'anus)
..... Chordés (existence d'une chorde embryonnaire)
..... Vertébrés (présence de vertèbres)
..... Tétrapodes (présence de quatre membres chiridiens)

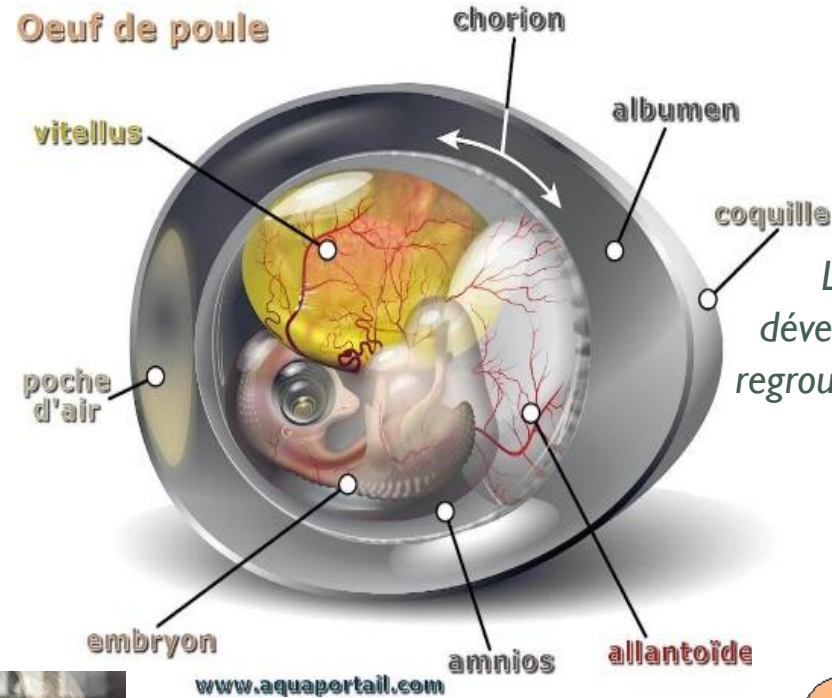
I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

C. LES CARACTÈRES UTILISÉS POUR CLASSER LA BIODIVERSITÉ

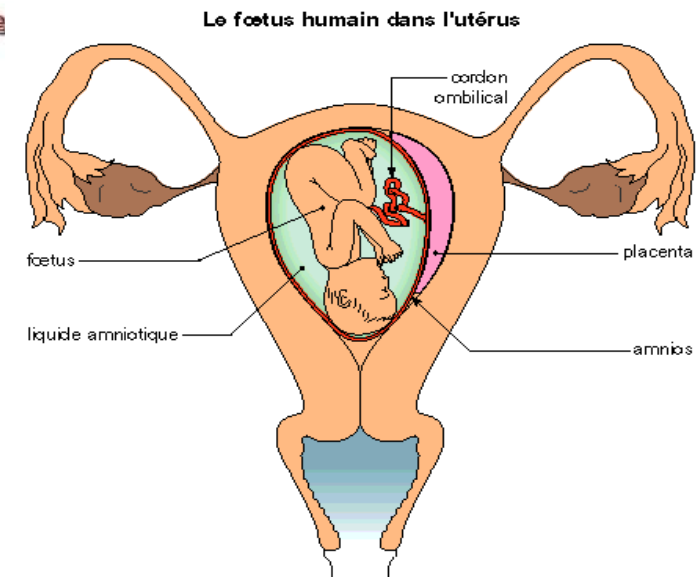
2. Les caractères embryologiques

- Observation d'embryons
 - ⇒ Existence de structures transitoires
 - ✓ Amnios
 - ✓ Allantoïde
 - ✓ Chorion
 - ⇒ Existence de parentés non décelables à l'âge adulte

Annexes embryonnaires d'un embryon d'Autruche (maquette du musée Fragonard S. Dalaine)



La cavité amniotique au cours du développement embryonnaire permet de regrouper des organismes dans le taxon des amniotes



I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

C. LES CARACTÈRES UTILISÉS POUR CLASSER LA BIODIVERSITÉ

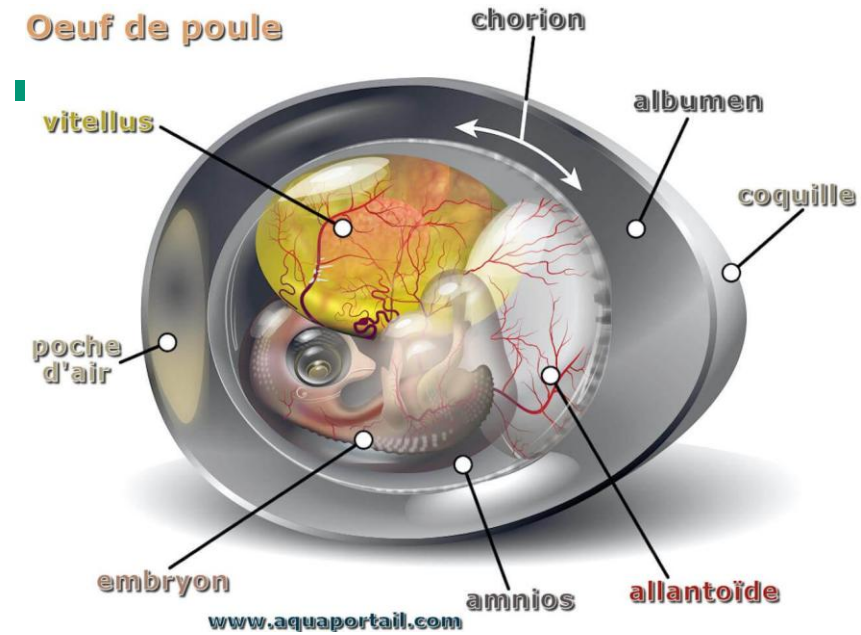
2. Les caractères embryologiques

Exemple de l'amnios

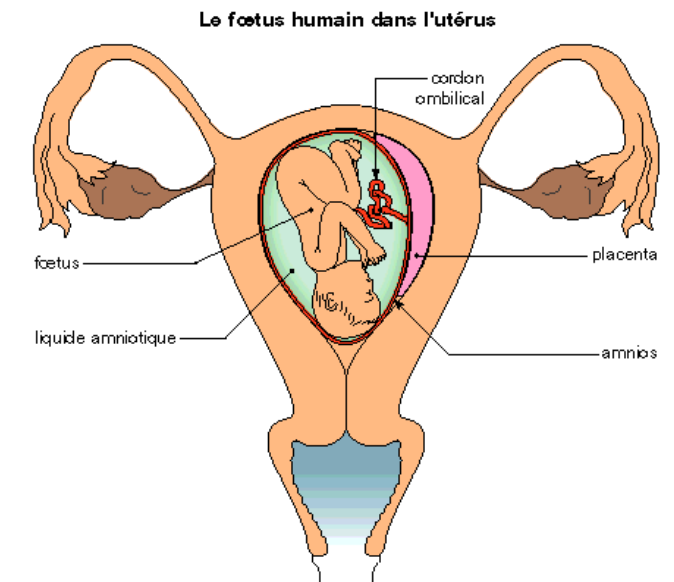
- **Annexe embryonnaire** contenant le **liquide amniotique**, assurant une protection contre les chocs et une régulation thermique.
- ✓ *Rq : Tous les amniotes ne sont pas vivipares et tous les amniotes ne sont pas aériens*

Généralisation

- L'étude des caractères embryologiques permet de mettre en évidence :
 - Des **caractéristiques communes** entre espèces anatomiquement et morphologiquement différentes
 - Des **structures transitoires communes** non observables à l'état adulte



Comparaison de l'amnios lors du développement d'un embryon de poule et un embryon humain



I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

C. LES CARACTÈRES UTILISÉS POUR CLASSER LA BIODIVERSITÉ



3. Les caractères moléculaires

- Amélioration des **techniques de séquençage d'ADN** et protéines au début du XX^e siècle
- Intérêt : précision** des relations de parenté entre les organismes et utilisable tant pour les pluri- que pour les unicellulaires
 - Etude de :
 - ✓ La **présence** de ces molécules
 - ✓ Leurs **variations** éventuelles

Ex : apparition de la gaine de myéline : caractéristique des gnathostomes

- **Molécules étudiées :**
 - ✓ **Acides nucléiques (ARN,ADN) et protéines**
 - ✓ **Partagées** par les êtres vivants
 - ✓ Dépend du degré d'éloignement des espèces

Ex : les globines, le cytochrome c, les ARNr 18S, 16S, les éléments répétés (transposons)

a.

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

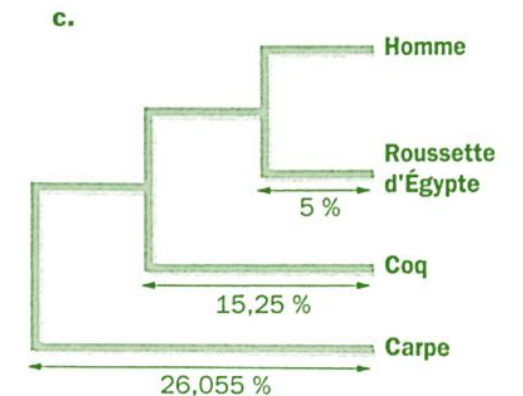
Séquences alignées					
KVIHGAVGDA	VSKIDDLVGG	LASLSELHAS	KLRVDPANFK	ILANHIVVGI	MFYLPQDFPP
-KVAD-LTN-	-AHV--MPNA	-SA--D---H	-----V---	L-SHCLL-TL	AAH--AE-T-
-KVGDLTN-	-GHL---P-A	-SA--D---Y	-----V---	L-SHCLL-TL	ANH--S--T-
-KVVA-LIE-	ANH---IA-T	-SK--D---H	-----V---	L-GQCFL-VV	AIHH-AALT-

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



BILAN

- Classer n'est pas trier
- Différents types de classification pour différents objectifs

Classer repose sur l'identification de caractères:

- ✓ **Morpho-anatomiques** (utilisables pour les espèces fossiles mais pas pour les espèces unicellulaires)
- ✓ **Embryologiques** (non applicables aux espèces unicellulaires)
- ✓ **Moléculaires** (comparaisons de séquences par alignement avec discontinuité) => uni et pluricellulaire mais limite pour les espèces fossiles

Quels sont les critères qui permettent de retenir un caractère plutôt qu'un autre dans l'établissement d'une classification phylogénétique?

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

D. LA NOTION DE RESSEMBLANCE ET LES DIFFÉRENTS TYPES DE CLASSIFICATION

I. La classification phénétique selon un degré de ressemblance globale

- Cf Amélioration des techniques de séquençage d'ADN et protéines au début du XXIe siècle



- Approche quantitative avec construction d'un phénogramme selon la méthode **UPGMA** (cf TP)
- Degré de divergence ou de similitude
- Longueur des branches proportionnelle au % de divergence
- Les nœuds n'ont aucune signification
 - ✓ Limites: les similitudes peuvent être héritées d'un ancêtre lointain
 - ✓ Erreur dans l'interprétation du degré d'apparentement
 - ✓ Phénétique exclusivement utilisée désormais pour l'analyse de données moléculaires

a.

ESPÈCES	Séquences alignées	
Carpe commune	SLSDKDKAAV KIAWAKISPK	ADDIGAEALG RMLTVVPQTK 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

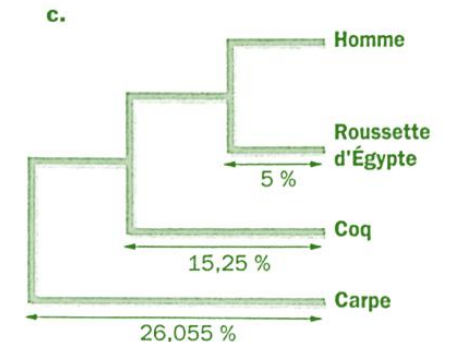
Séquences alignées	
KVIHGAVGDA VSKIDDLVGG	LASLSELHAS KLRVDPANFK ILANHIVVGI MFYLPQDFPP
-KVAD-LTN- -AHV--MPNA	-SA--D---H -----V--- L-SHCLL-TL AAH--AE-T-
-KVGD-LTN- -GHL---P-A	-SA--D---Y -----V--- L-SHCLL-TL ANH--S--T-
-KVVA-LIE- ANH---IA-T	-SK--D---H -----V--- L-GQCPL-VV AIHH-AALT-

-- 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



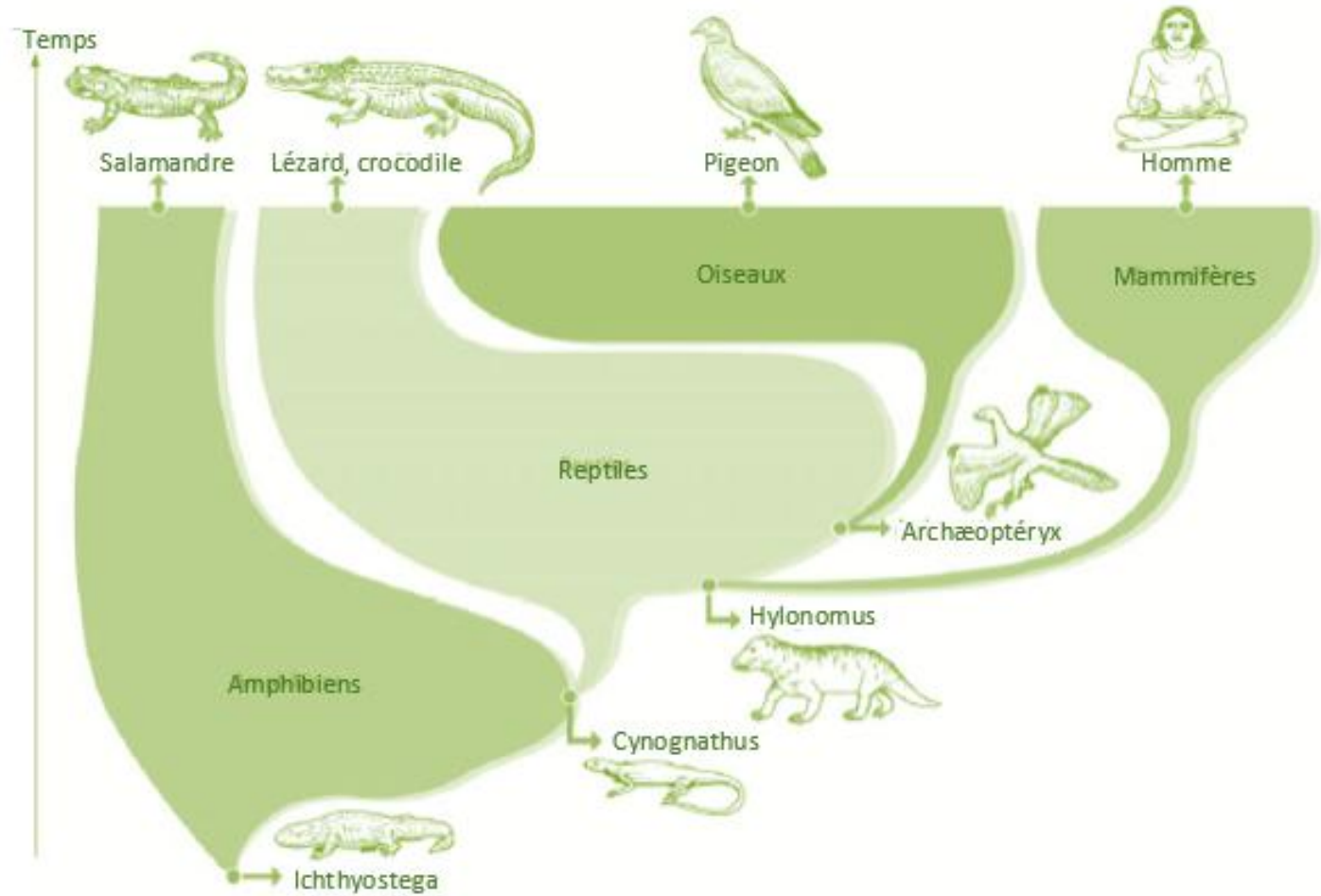
Phénétique : quantification de la ressemblance à l'aide d'un chiffre appelé distance et élaboration d'une matrice des distances reflétant la plus ou moins proche parenté des organismes

I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

D. LA NOTION DE RESSEMBLANCE ET LES DIFFÉRENTS TYPES DE CLASSIFICATION

2. La classification évolutionniste

- Fossiles considérés comme les ancêtres communs
- Or ...
 - Existence de **caractères présents dans les fossiles** et absents chez les organismes actuels
 - Existence de **caractères partagés par certains fossiles** et absents de tout organisme actuel recensé
 - **Aberration** de considérer que l'individu, au sein duquel une innovation est apparue, a été conservé par processus de fossilisation et découvert lors de travaux de fouilles (la probabilité pour que je gagne 1 million au loto est assez faible...)
 - ✓ **Notion de fossiles vivants est donc une hérésie**
 - ✓ *Notion de chaînon manquant aussi*
 - ✓ *Vision graduelle de l'évolution*
 - ✓ *Vision d'une évolution complexifiante*

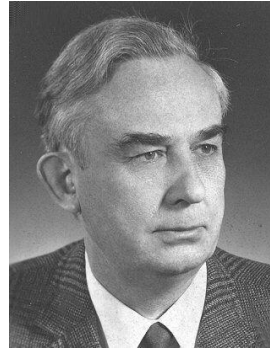


I. COMMENT CLASSER LE VIVANT?

D. LA NOTION DE RESSEMBLANCE ET LES DIFFÉRENTS TYPES DE CLASSIFICATION

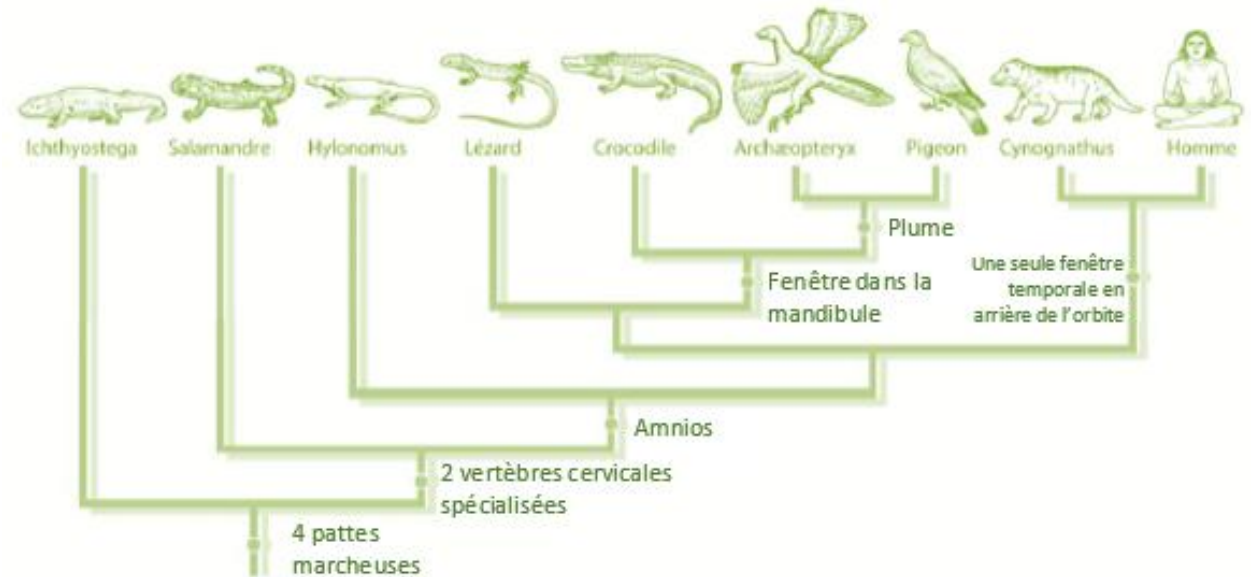
3. La classification phylogénétique ou cladistique : partage de ressemblances

- classification phylogénétique = cladistique (fondée par Willi Hennig en 1950) fondée sur des **clades** = **groupes monophylétiques**,
 - Groupe monophylétique = **un ancêtre commun et tous ses descendants**
 - **caractères homologues**, c'est-à-dire un **caractère présent chez plusieurs organismes dont on sait ou dont on peut supposer qu'il est hérité d'un ancêtre commun**.
 - caractères homologues = **innovation évolutive** présente chez l'ancêtre commun du groupe et généralement conservée par tous les descendants



Cladistique (n.f.) : apparentement entre groupes basé sur le partage d'homologies secondaires apparues chez un ancêtre commun hypothétique

Willi Hennig père du cladisme (1950).



Exemple d'une classification phylogénétique (Comprendre et Enseigner la classification du vivant, G. Lecointre)

Il est temps de définir le concept d'homologie...!

BILAN

- Phénétique= classification phylogénétique basée sur des ressemblances quantifiées
 - ⇒ Limitée aux données moléculaires
 - ⇒ Utile pour lever des irrésolutions cf plus loin
- Cladistique= classification phylogénétique basée sur le partage d'innovations évolutives
 - Innovations évolutives = homologues héritées d'un ancêtre commun hypothétique
 - ⇒ Caractères morpho-anatomiques, embryologiques, moléculaires
 - ⇒ Notion d'homologie à définir
- Phylogénie = Cladistique + Phénétique

Comment définir l'homologie?

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

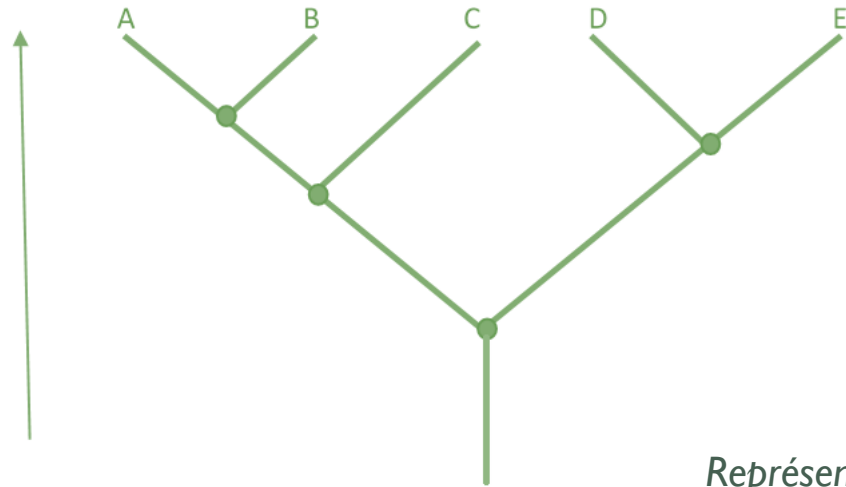
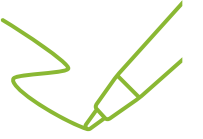
II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

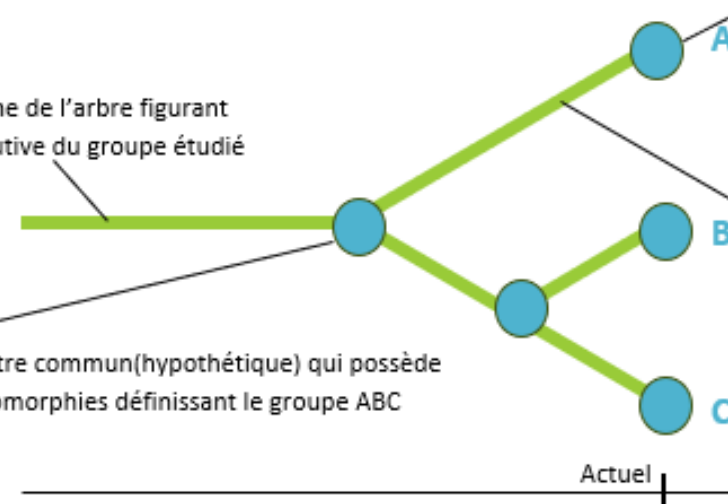
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

A. REPRÉSENTATION D'UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



Racine : origine de l'arbre figurant l'origine évolutive du groupe étudié

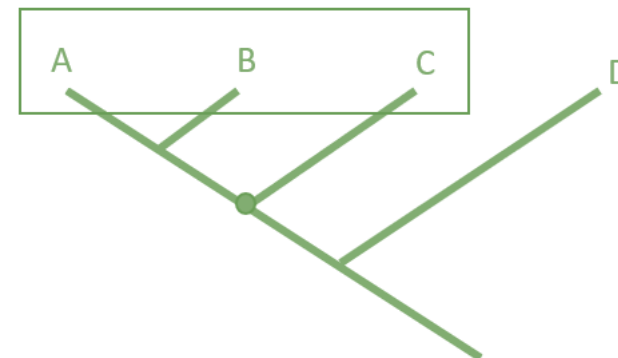
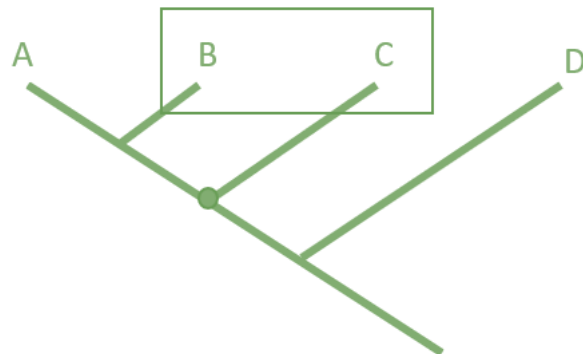
Nœud : ancêtre commun (hypothétique) qui possède toutes les apomorphies définissant le groupe ABC



Feuille = Taxon terminal = OTU (Operational taxonomic Unit, unité taxonomique opérationnelle) : terminaison de l'arbre figurant un taxon du groupe étudié

Branche : lien de parenté qui figure l'évolution et la divergence entre A et l'ancêtre commun à A, B et C

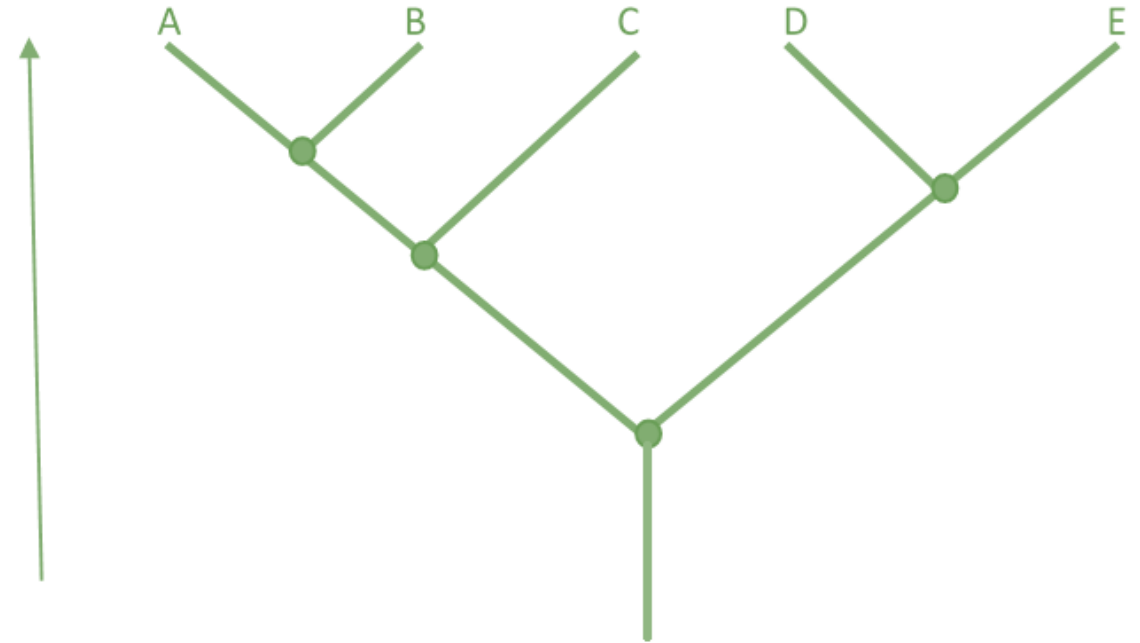
Représentation et interprétation d'un arbre phylogénétique ou cladogramme (d'après Segarra et al. 2015)



II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

A. REPRÉSENTATION D'UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

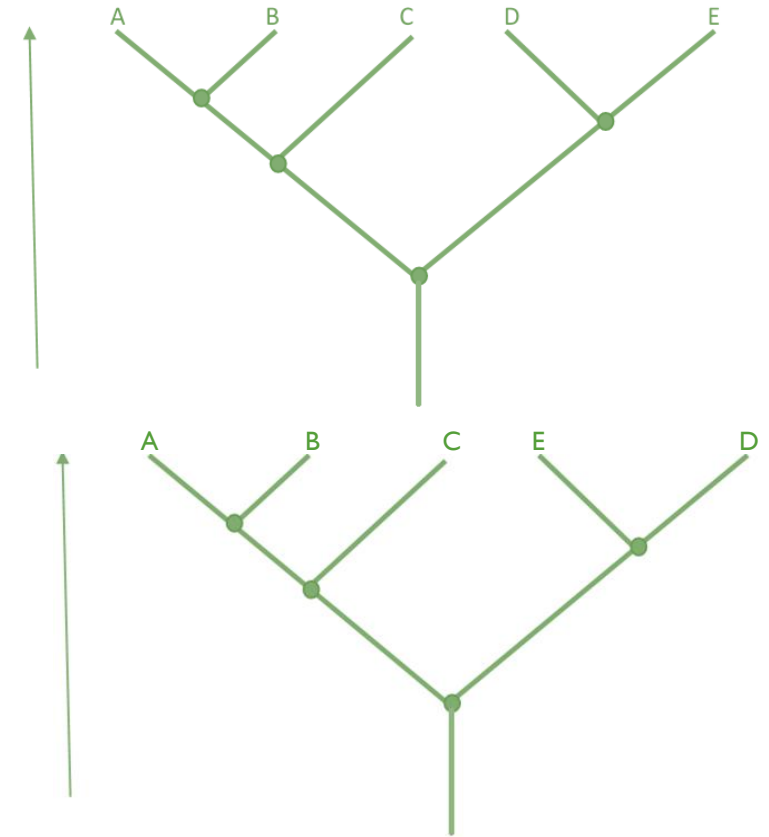
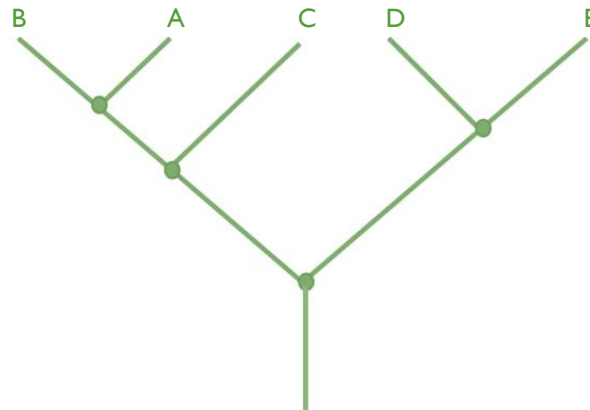
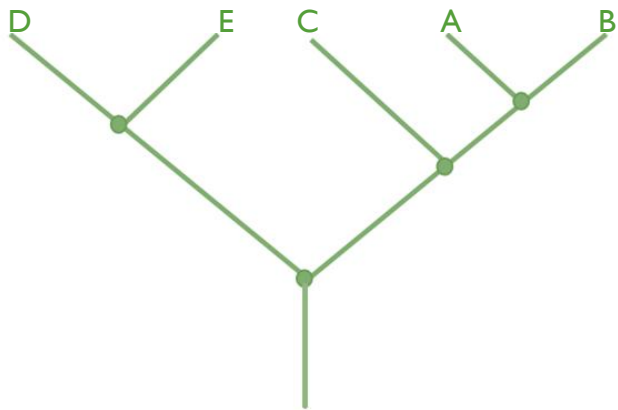
- arbres phylogénétiques= cladogrammes
- **extrémités des branches** = **unités taxonomiques** actuelles ou fossiles (OTU = Operational Taxonomic Unit)
- **branches** = **liens de parenté**
- **Nœud** = **dernier ancêtre commun hypothétique**
- Deux taxons de l'arbre sont d'autant plus apparentés:
 - ✓ *qu'ils sont proches sur l'arbre*
 - ✓ **Que le nombre de nœuds les connectant est faible**
 - ✓ *Les groupes liés par un seul nœud= **groupes-frères** (ex :A et B ou D et E).*
- Un arbre est **raciné** s'il est orienté et possède une racine qui détermine le sens de lecture.



II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

A. REPRÉSENTATION D'UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

- arbres phylogénétiques= cladogrammes
- **Plusieurs représentations équivalentes** (tourner autour des nœuds comme un mobile en 3D)



Tous ces cladogrammes racontent la **même histoire évolutive.**

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



I. Utiliser des caractères homologues

- Choisir un caractère et poser une **hypothèse d'homologie primaire** (c'est un pari), selon des critères:
 - **Morpho-anatomiques** (principe des connexions énoncé par Richard Owen)
 - De **développement embryonnaire** (l'ontogenèse récapitule la phylogenèse selon Ernst Haeckel)
 - **Registre fossile**: données fossiles permettent de suivre les transformations d'un caractère grâce aux états intermédiaires

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

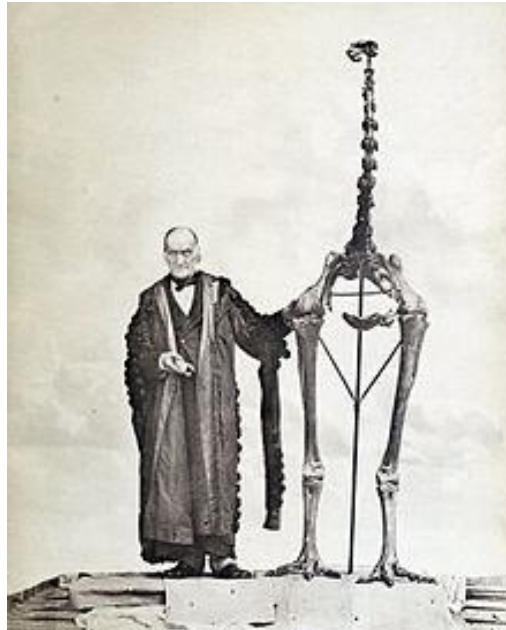
B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



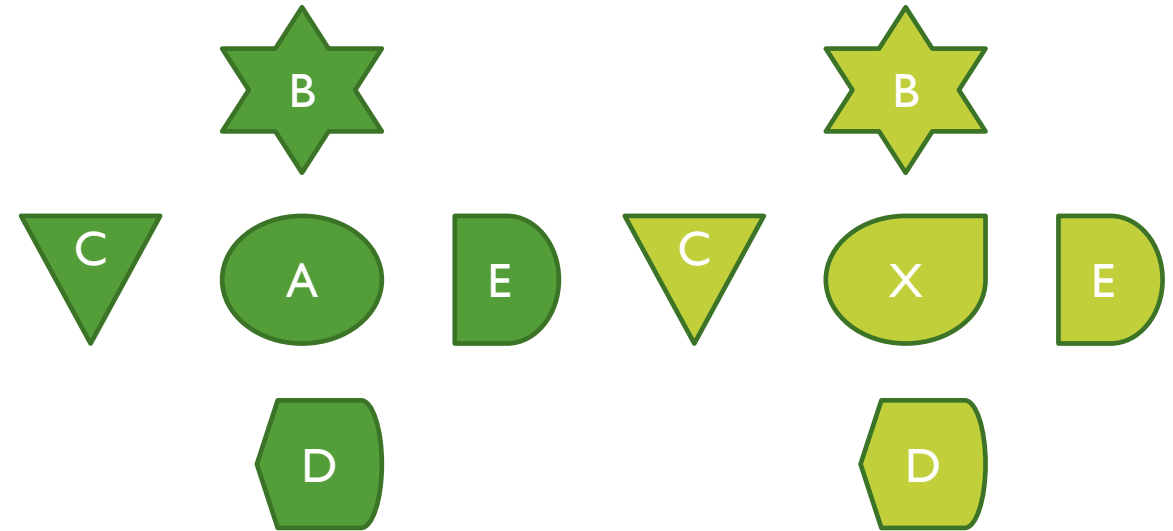
I. Utiliser des caractères homologues

I. I. Principe des connexions anatomiques

- Richard Owen (1843): **principe des connexions**
- **Structures homologues** : structures qui entretiennent avec les structures voisines
 - les mêmes connexions
 - les mêmes relations topologiques
 - ✓ Ex : Membre chirodiens des tétrapodes
 - ⇒ Héritage d'un **ancêtre commun**



Richard Owen (1804-1892)
et un squelette d'oiseau
Dinorni (Wikipedia)



Par le principe des connexions, on peut supposer que l'organe (os par exemple) X est homologue de l'organe A

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

I. Utiliser des caractères homologues

I. I. Principe des connexions anatomiques

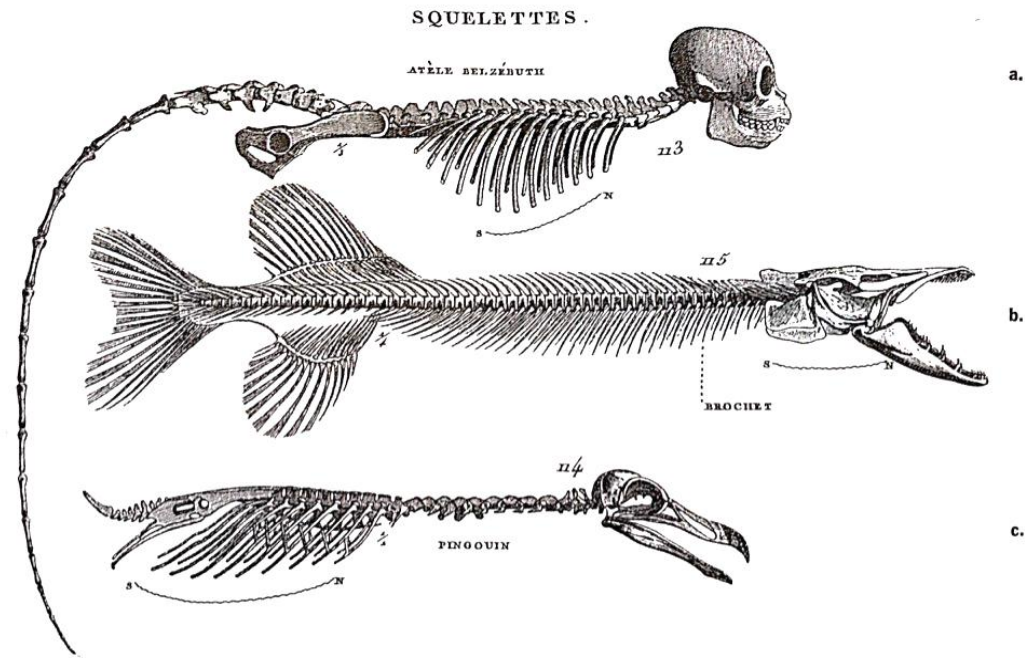
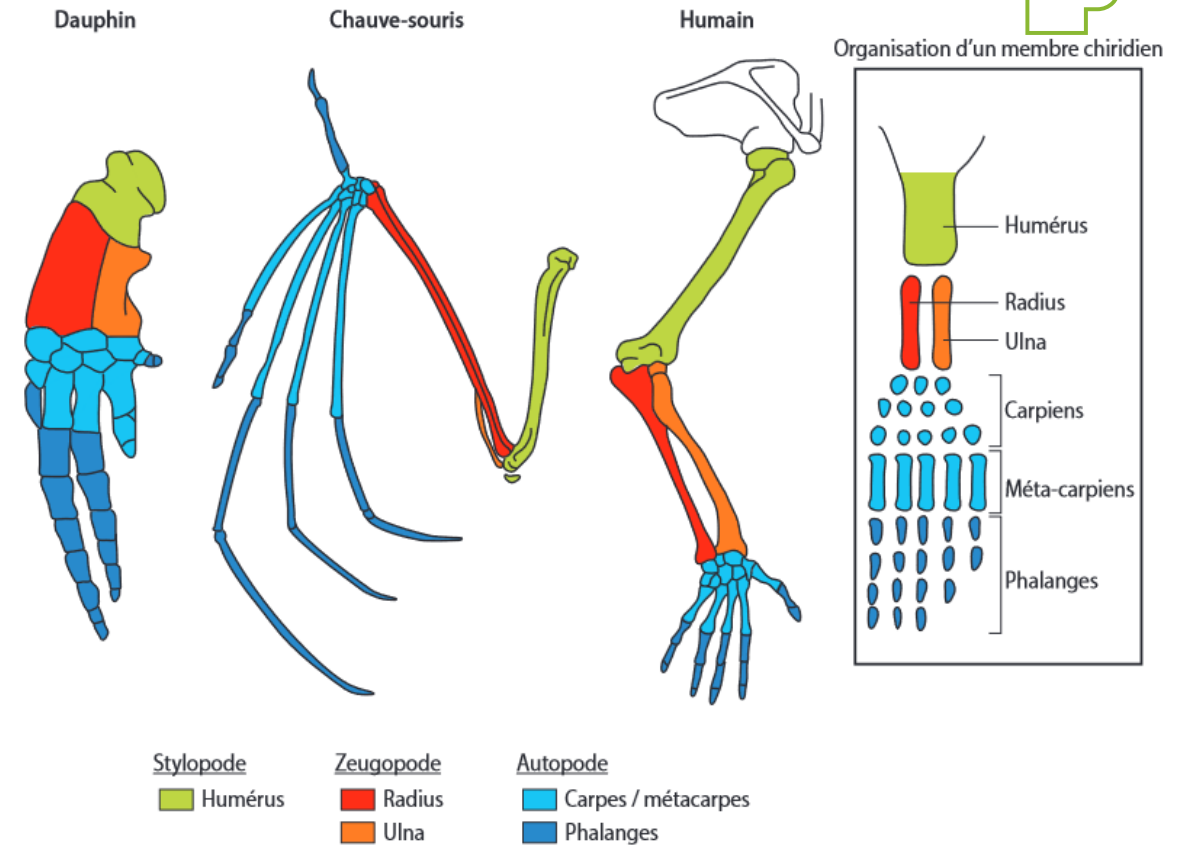


Fig. 1.6. Squelettes partiels d'un singe – un atèle (a) – d'un brochet (b) et d'un pingouin (c). Ces dessins sont extraits de la *Philosophie zoologique*, ouvrage publié en 1818 par Étienne Geoffroy Saint-Hilaire (1772-1844).

Anatomie comparée de squelette d'un atèle

belzébuth, un brochet et un pingouin
ENCPB - BCPST1 - STÉPHANIE DALAINE



Homologie du membre antérieur de Mammifères (dauphin, chauve-souris, homme)

Le **plan d'organisation commun**, typique du **membre chiridien**, est représenté. 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** (Vuibert ed 2021 p.717)

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

I. Utiliser des caractères homologues

I. 2. Critère du développement embryonnaire

- Deux structures ayant la même **origine embryologique** sont susceptibles d'être héritées d'un ancêtre commun

⇒ homologues

✓ Cf développement des Mammifères

→ os de l'oreille moyenne = **marteau et enclume** des Mammifères sont homologues de **l'articulaire et du carré** de la mâchoire des oiseaux.
(Vuibert, ed 2021 p717)

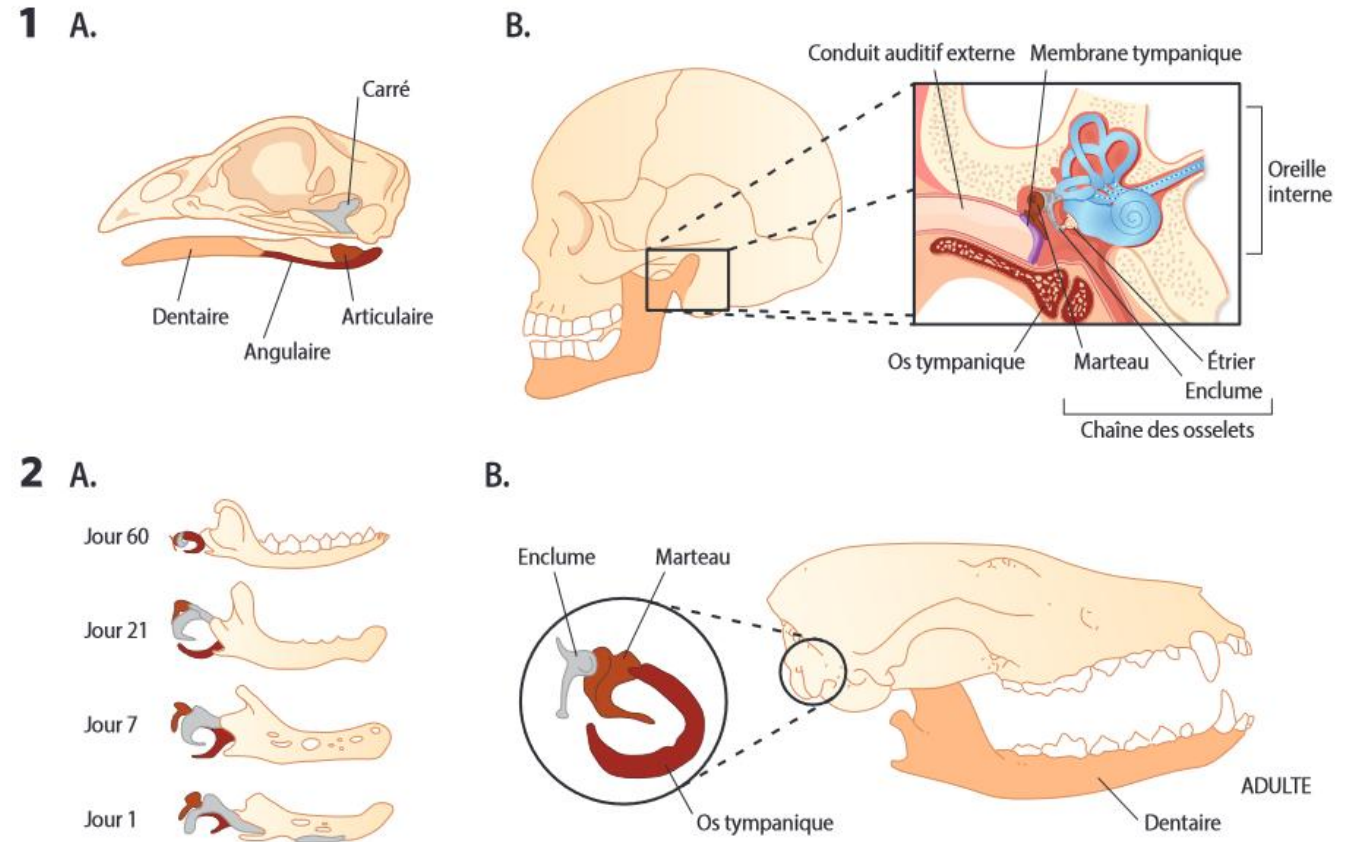


Figure 8 : Homologie entre différents os détectée par des données embryologiques

(1) A : os mandibulaires d'Oiseaux (parmi lesquels le dentaire, l'angulaire, l'articulaire et le carré).

(1) 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).

(2) A : développement de ces os chez un Mammifère Marsupial, la Sarigue : le positionnement initial des os de l'oreille moyenne permet de les rapprocher des mandibulaires des Oiseaux

(2) B : crâne de Sarigue adulte montrant l'organisation des os de l'oreille moyenne. (Vuibert ed 2021⁵⁷ p717)

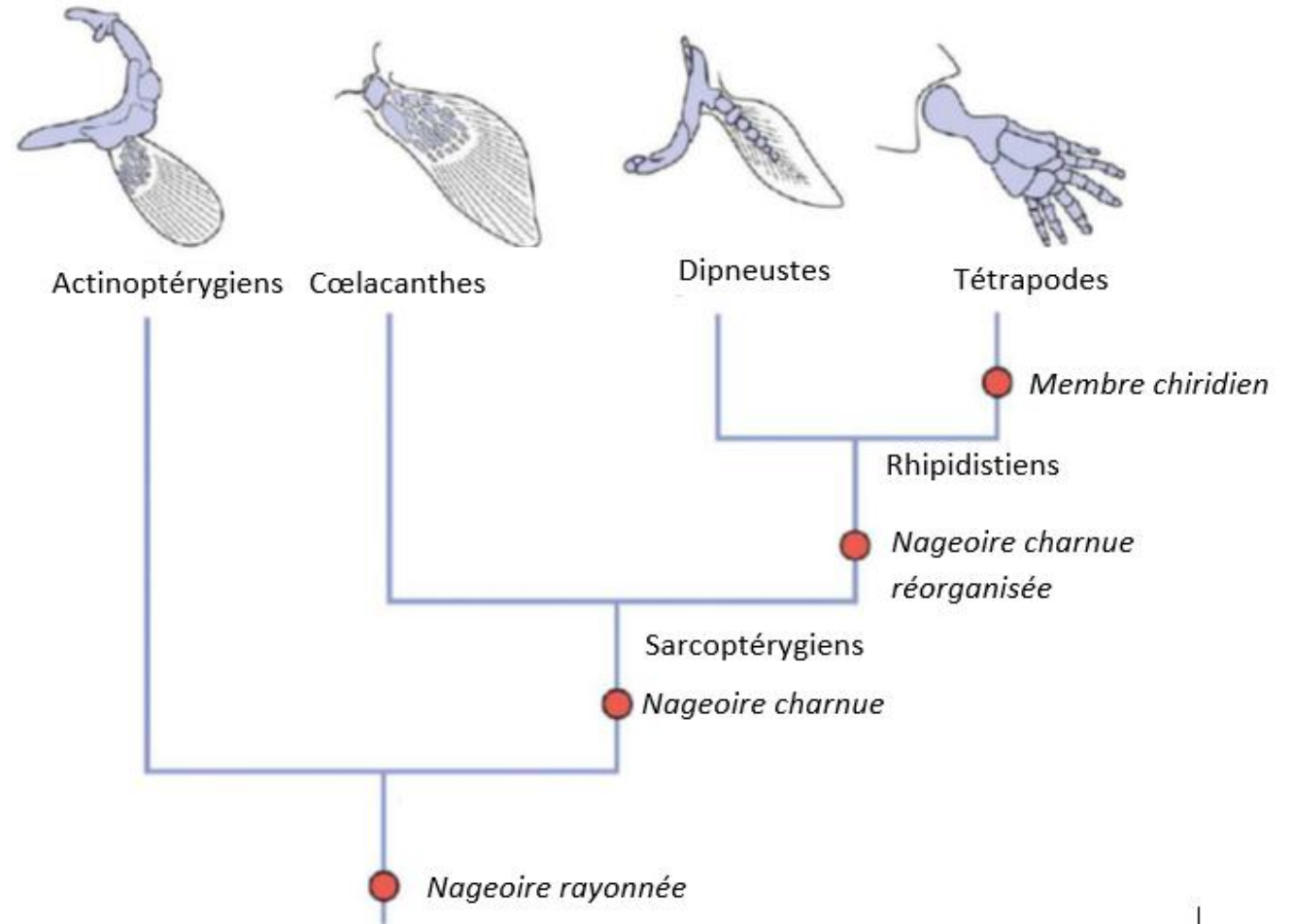
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

I. Utiliser des caractères homologues

I. 3. Critère du registre fossile

- Analyses paléontologiques
 - Suivi de la transformation d'un caractère
 - **États intermédiaires** identifiés chez de nombreux fossiles
 - Rapprochement de structures parfois différentes morphologiquement



L'homologie entre une nageoire antérieure d'Actinoptérygien et un membre chiridien antérieur 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)

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérivé

- Caractère = structures **homologues** : une même chose mais sous plusieurs versions.
 - Plusieurs états pour un même caractère :
 - ✓ **Etat ancestral = plésiomorphe**
 - ✓ **Etat dérivé = apomorphe**
 - Ex : doigts palmés vs libres / poils vs plumes vs écailles*
- Le passage d'un état à l'autre s'explique par un événement évolutif, une innovation évolutive, passant le caractère de l'état ancestral (= **plésiomorphe**) à l'état dérivé (= **apomorphe**).



Comment polariser un caractère ?

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

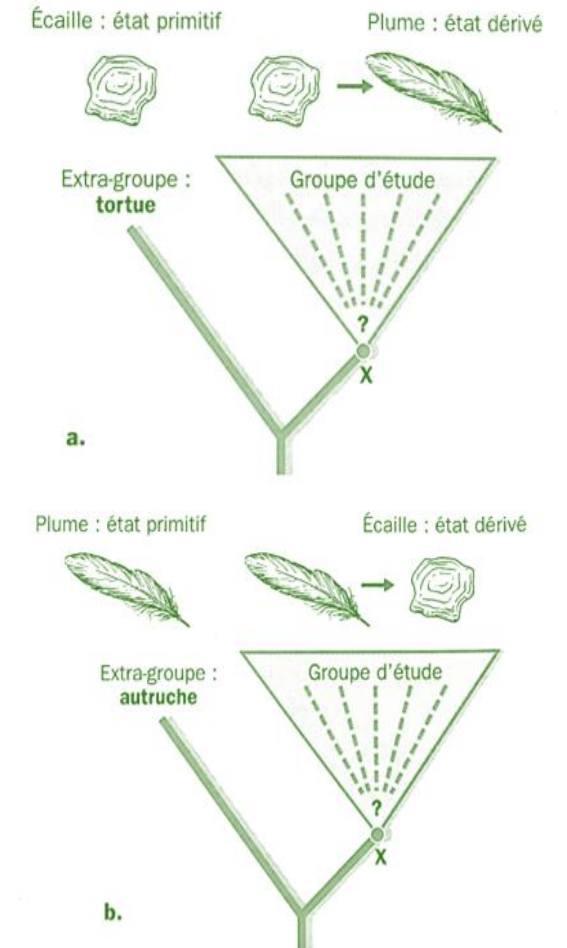
B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérivé

2.1. Comparaison à l'extragroupe

- Groupe d'étude = ensemble d'individus que l'on cherche à classer
- **Extragroupe** = groupe extérieur au groupe d'étude
 - Point de branchement dans l'arbre est antérieur au dernier AC à toutes les espèces de l'échantillon à classer
 - **Postulat : tous les caractères de l'extragroupe sont à l'état primitifs**
 - Base de connaissances déjà acquise sur l'arbre du vivant
 - Le choix de l'extragroupe doit permettre des **comparaisons** : les **hypothèses d'homologies doivent rester possibles**
- **Comparaison** du caractère entre le groupe d'étude et l'extragroupe
 - ✓ Ex : *phanère plumes vs écailles la polarité du caractère dépend du choix de l'extra-groupe !*



Plumes vs écailles: tout dépend du choix de l'extra groupe (Comprendre et enseigner la classification du vivant, Guillaume Lecointre)

Le choix de l'extragroupe est un postulat basé sur les connaissances

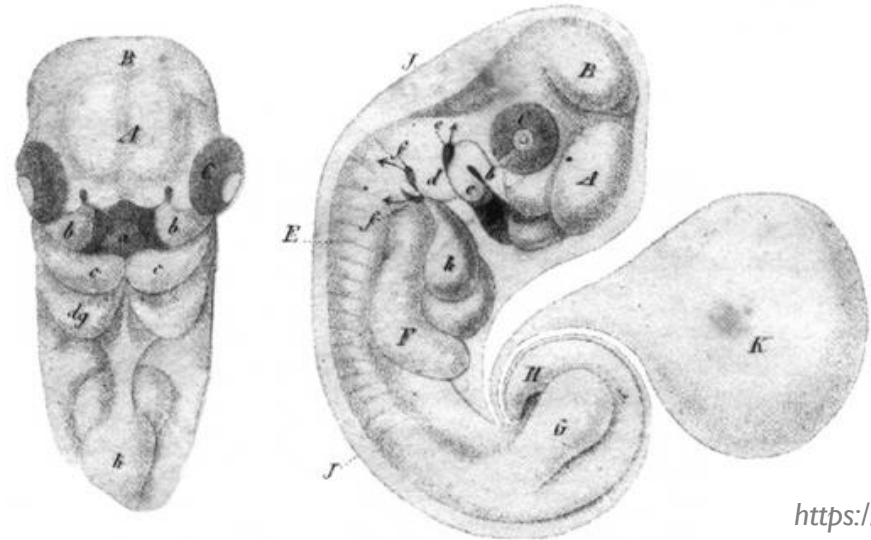
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérivé

2.2. Critère ontogénétique

- Etude du **développement embryonnaire**
 - Si deux structures ont origine embryologique commune :
 - ⇒ Elles doivent avoir une origine phylogénétique commune

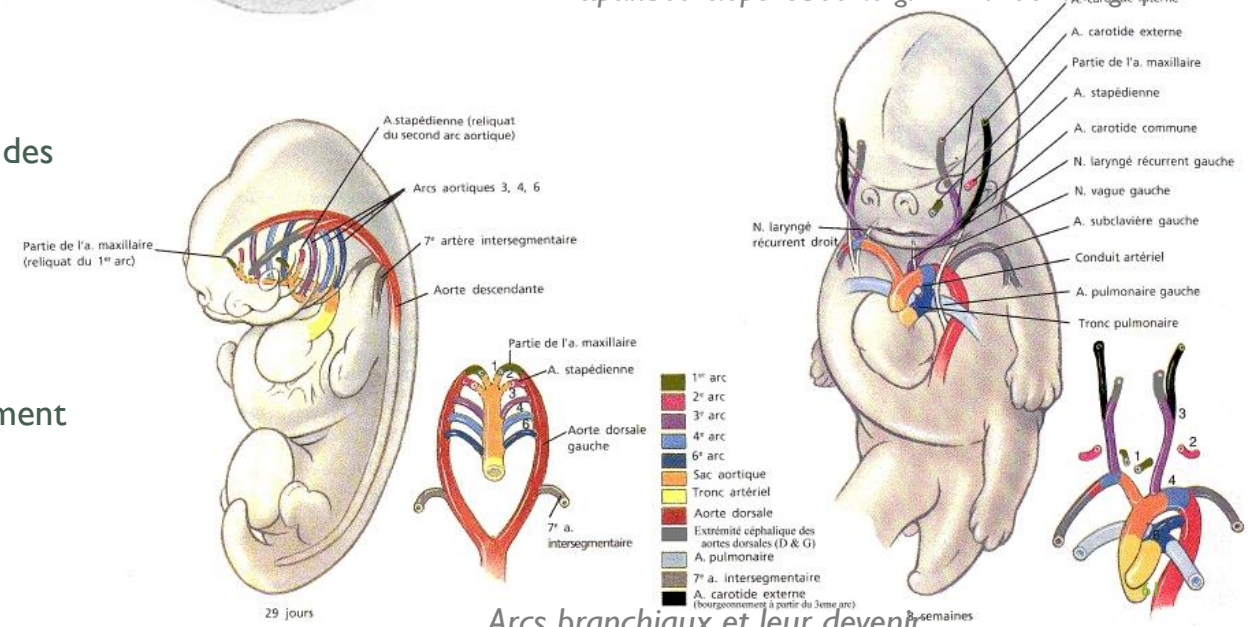


Embryon de poulet au quatrième jour observé par Huschke. f, fentes branchiales

<https://books.openedition.org/mnhn/2001?lang=fr>

Exemple des fentes branchiales

- Fentes branchiales** existantes durant le développement embryonnaire des Chordés (vertébrés)
 - Restent parfois chez l'individu adulte, ex : lamproies
 - Sont fonctionnelles à l'état embryonnaire, ex : humain
 - Traces de cette structure à l'état adulte, ex : trompe d'Eustache
- Arcs branchiaux** (= arcs pharyngiens) : structures d'origine principalement mésodermiques, propres à l'état embryonnaire
 - Vestiges des arcs branchiaux à l'état adulte : les **arcs aortiques**



Arcs branchiaux et leur devenir

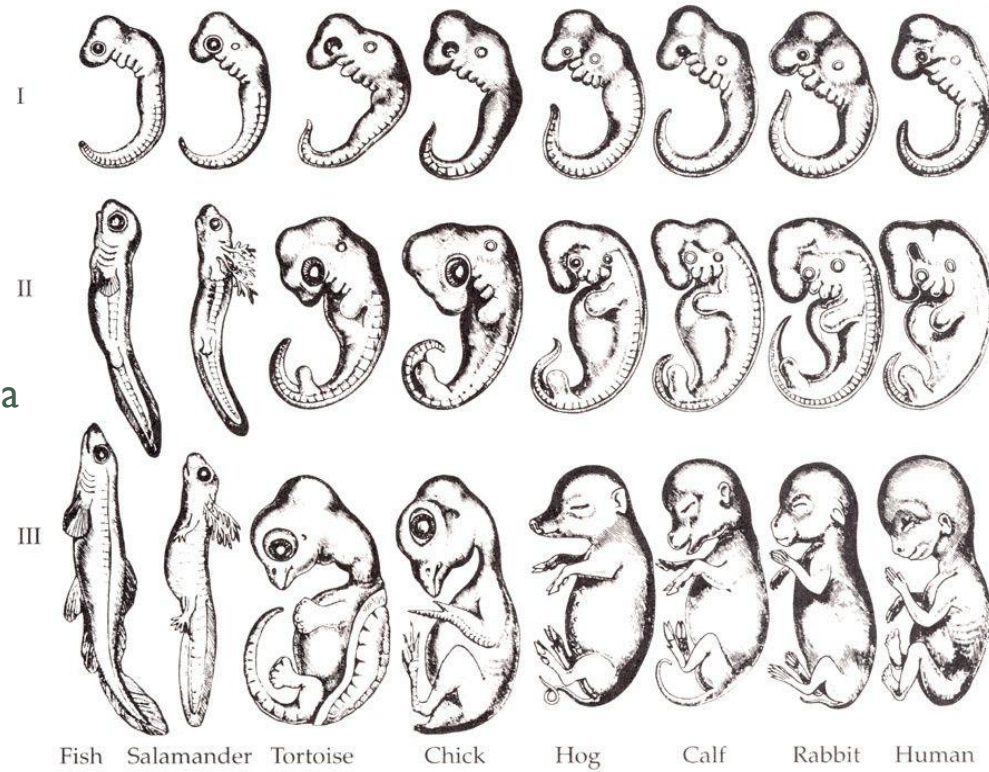
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérive

2.2. Critère ontogénétique

- Ernst Haeckel: à l'origine du terme phylogénie
- Ernst Haeckel; l'ontogénèse récapitule la phylogénèse = loi de la récapitulation (1866)



Ernst Haeckel (1834-1919)

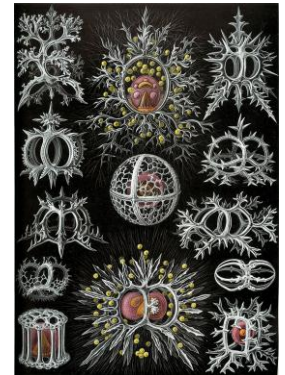
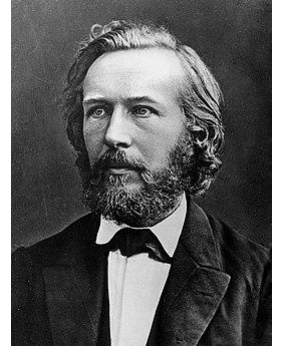


Illustration no 71
Stephoidea de
Formes
artistiques de la
nature, 1904.

L'ontogénèse récapitule la phylogénèse

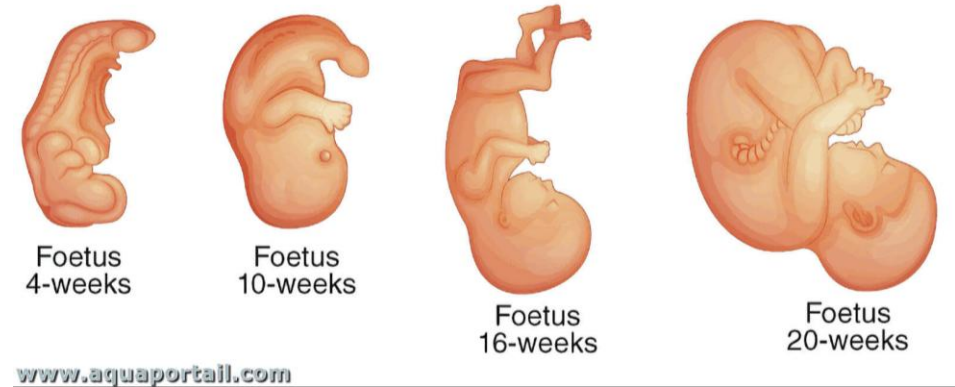
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérive

2.2. Critère ontogénétique

- Acquisition et perte des caractères au cours du temps à l'échelle **du vivant** :
 - ✓ Acquisition de la colonne vertébrale : 500 Ma
 - ✓ Quatre membres : 380 Ma
 - ✓ Régression de la queue : 25 Ma
 - Acquisition et perte des caractères au cours du temps à l'échelle **d'un individu** lors du développement :
 - ✓ Acquisition de la colonne vertébrale
 - ✓ Quatre membres
 - ✓ Régression de la queue
- ⇒ L'ontogénèse récapitule la phylogénèse : le développement embryonnaire évolue dans le temps phylogénétique par additions successives de nouvelles étapes de développement



Conséquence N°1: Les caractères qui apparaissent précocement au cours du développement embryonnaire sont distribués plus largement dans le vivant

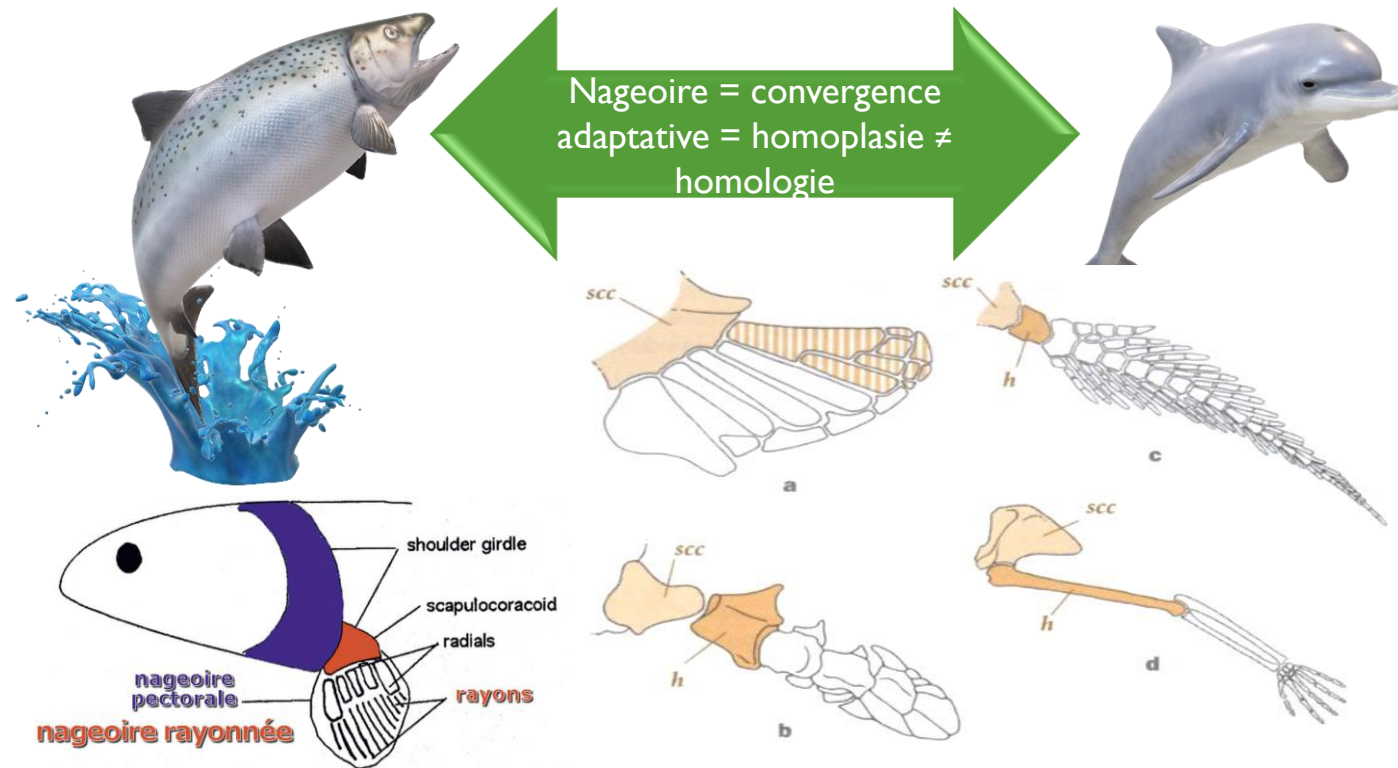
Conséquence N°2: Celui qui apparaît le plus précocement i.e. celui qui donne naissance à l'autre au cours du développement est l'état primitif, celui qui en découle est l'état dérivé. (Ex : plume dérivée de l'écaille)

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

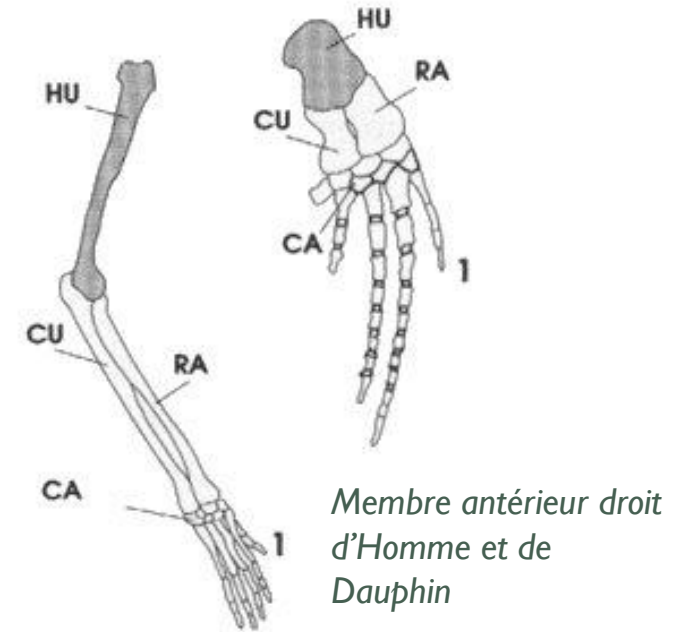
B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérivé

2.3. Critères paléontologiques



Comparaison de squelettes appendiculaires a: esturgeon (rayonné) ; b: coelacanthe (monobasal) ; c: dipneuste (monobasal) ; d: homme (monobasal) (Comprendre et enseigner la classification du vivant, Guillaume Lecointre)



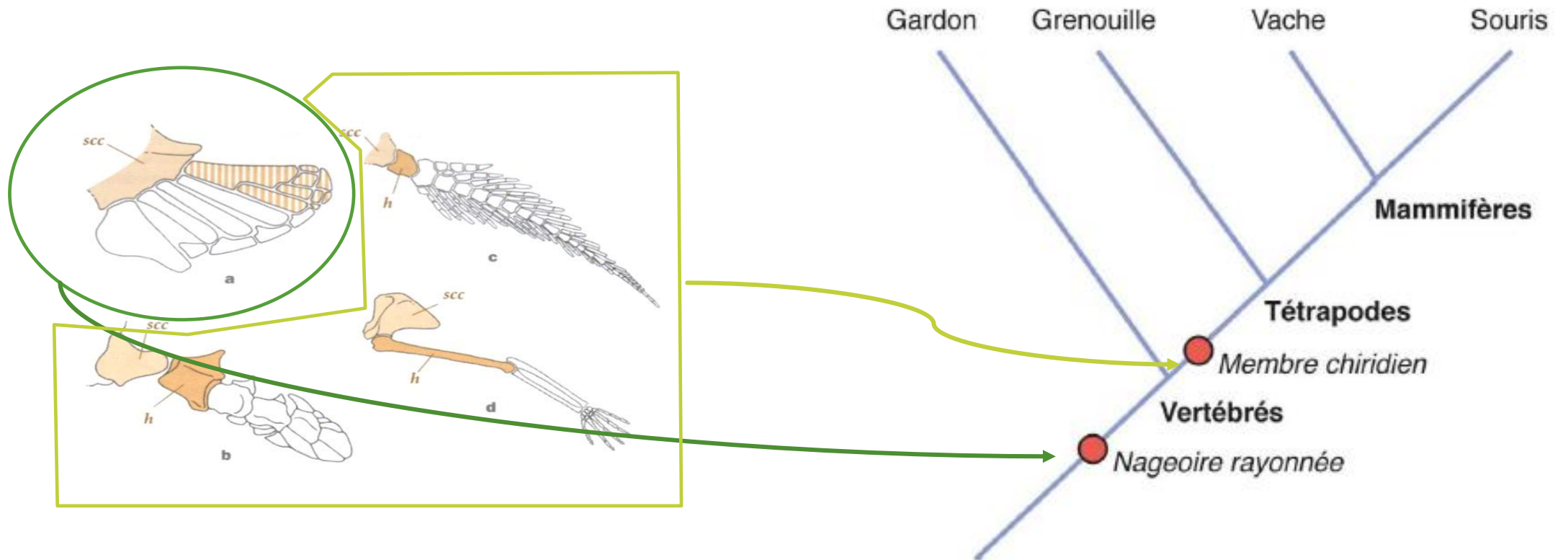
■ Critère paléontologique et polarisation de caractère

- Plus ancien actinoptérygien: fin Silurien (420 Ma)
- Plus ancien tétrapode: fin Dévonien (360 Ma)
- ⇒ L'innovation membre chiridien est apparue après celle de la nageoire rayonnée

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérivé



Etats ancestraux et états dérivés du caractère membre antérieur des Vertébrés

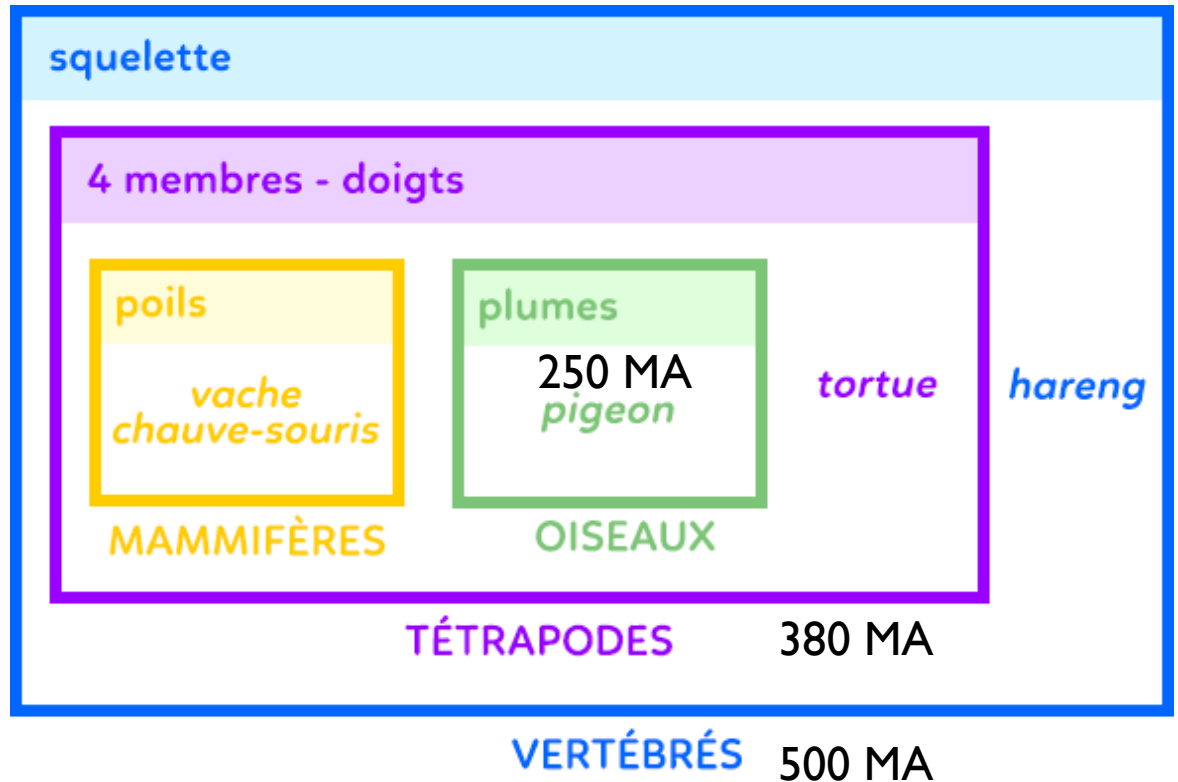
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

2. Polariser les caractères: définir l'état ancestral et l'état dérive

2.3. Critères paléontologiques

- Observation de caractères dans les **fossiles**
 - **Polarisation** de l'ordre d'apparition des caractères
 - Réalisation de **groupes emboîtés** traduisant les relations de parentés
 - Passage possible d'une représentation en **groupes emboîtés** à un **arbre phylogénétique**.





BILAN

1 Choisir un caractère

- ✓ morpho-anatomique
- ✓ embryologique
- ✓ reste « fossile »

2 Polariser ce caractère

- ✓ Critère extra-groupe
- ✓ Critère développement embryonnaire
- ✓ Critère paléontologique

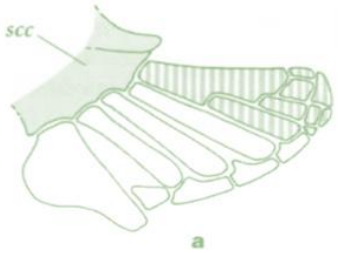
3 Deux états possibles:

- Dérivé = apomorphe
- Ancestral (primitif) = plésiomorphe

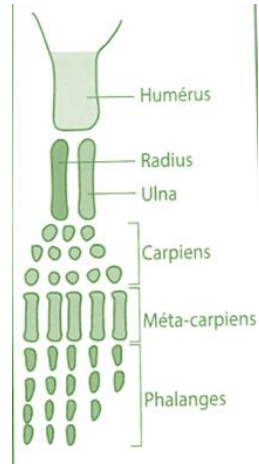
Prêt pour construire un arbre phylogénétique?

BILAN

Nageoire rayonnée



Membre chirodien



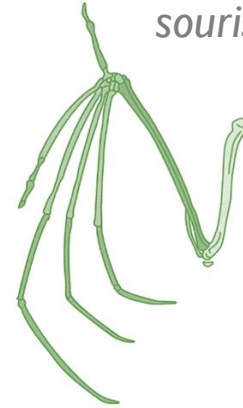
état ancestral (1)
plésiomorphie

état dérivé (1)

état ancestral (2)

2 états relatifs

aile chauve-souris



état dérivé (2)
apomorphie

aile d'oiseau

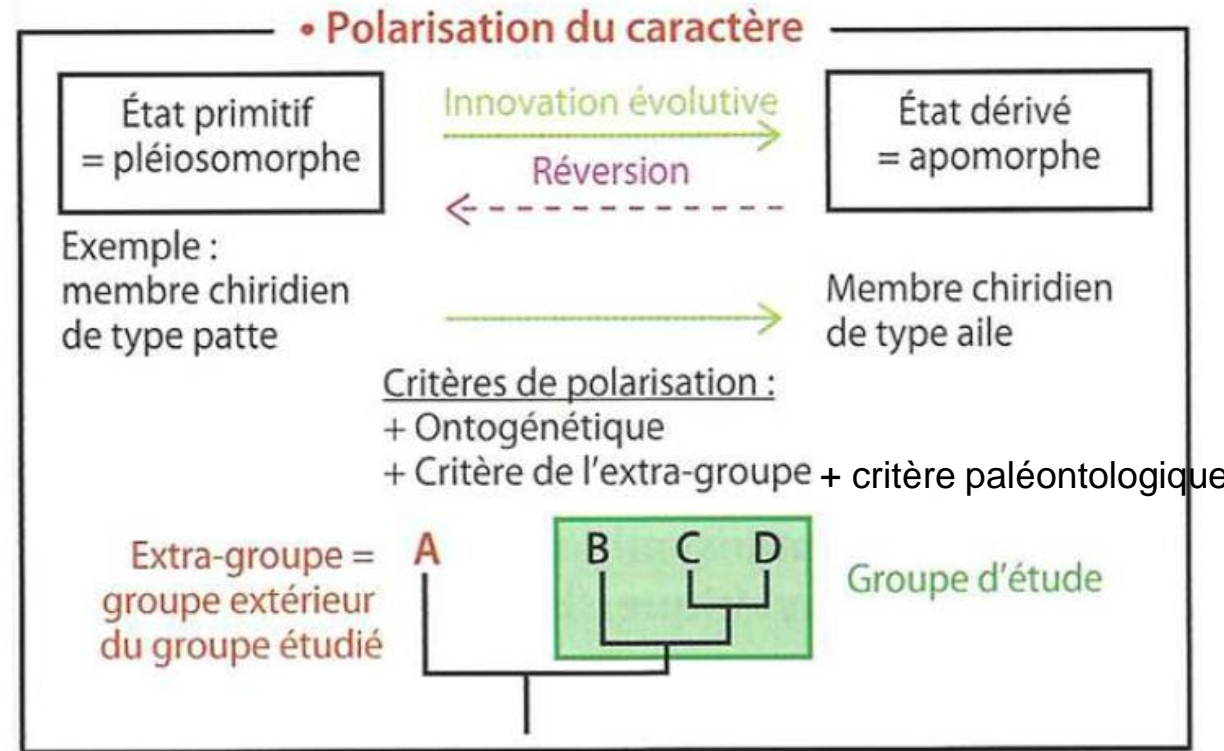
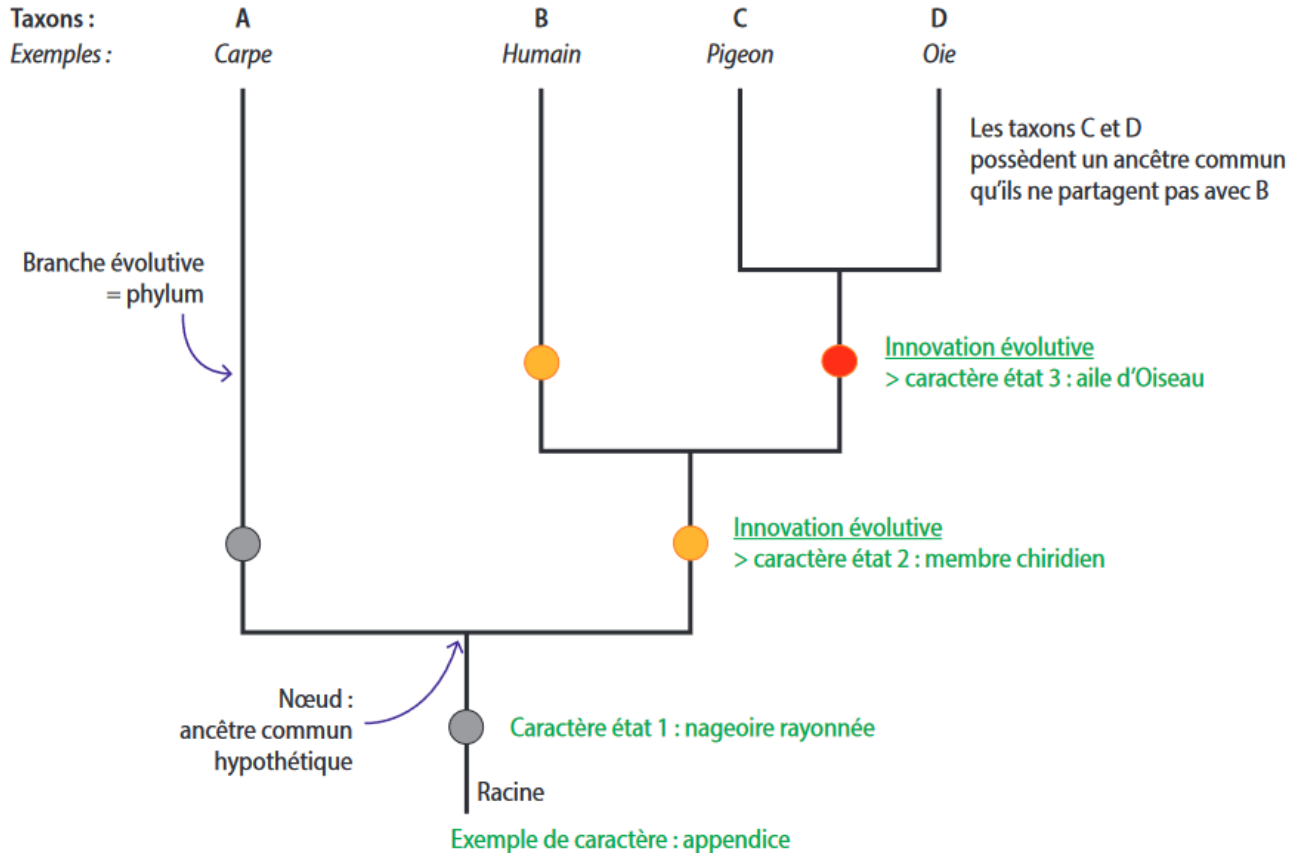
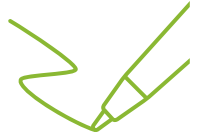


état dérivé (3)
apomorphie

2 états dérivés
différents

Exemple d'évolution du membre antérieur

BILAN



L'arbre phylogénétique, un arbre hypothétique basé sur le partage d'états dérivés des caractères (Vuibert ed 2021, p.720)


Bilan polarisation d'un caractère (d'après A. Denis)

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE

3. Méthode de construction et choix de l'arbre le plus probable

3. 1. Construction et polarisation d'une matrice taxons-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

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

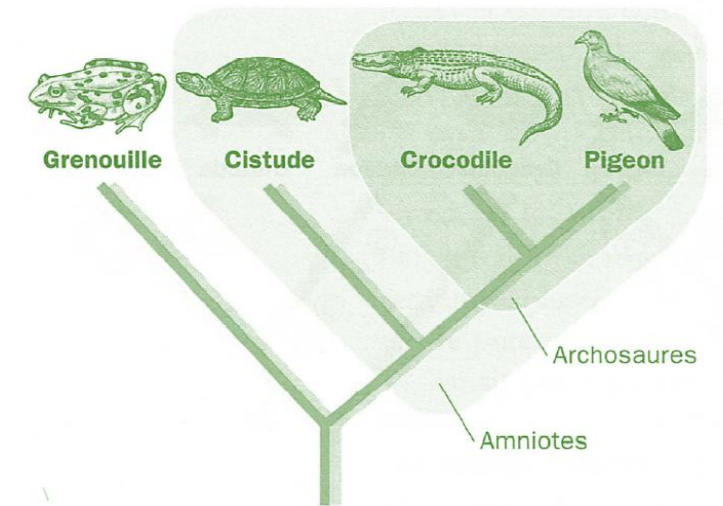
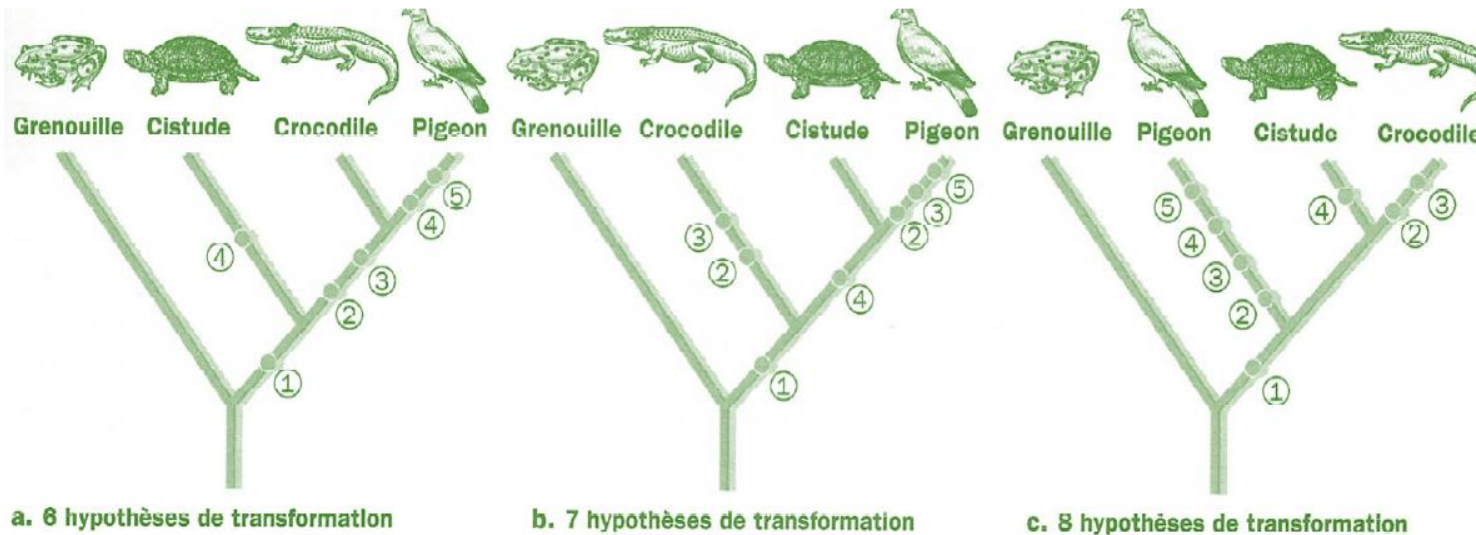
B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



3. Méthode de construction et choix de l'arbre le plus probable

3.2. Construction de plusieurs arbres phylogénétiques possibles

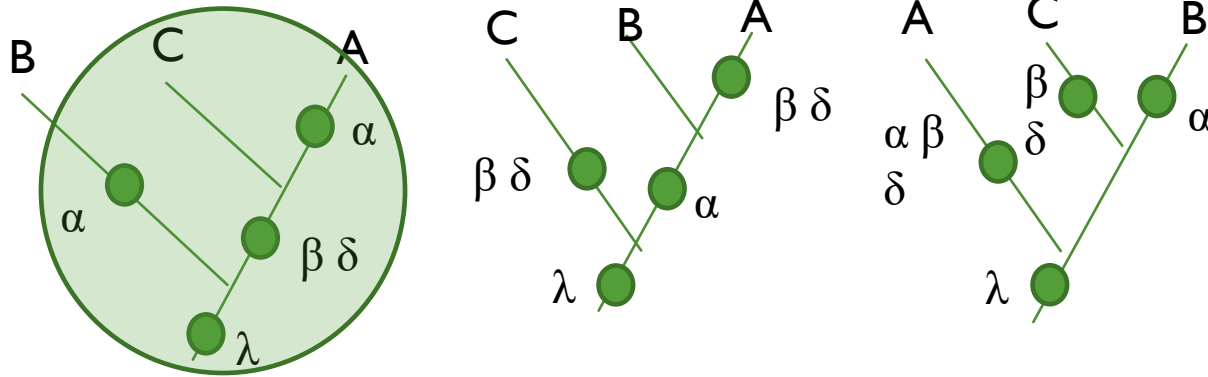
Les innovations évolutives (passage de l'état 0 à l'état 1 pour chaque caractère) sont indiquées sur les branches de l'arbre.



L'arbre le plus parcimonieux est retenu

Application du **principe de parcimonie**: faire la plus grande économie d'hypothèses

Principe de parcimonie



taxon caractère	A	B	C
α	1	1	0
β	1	0	1
λ	1	1	1
δ	1	0	1

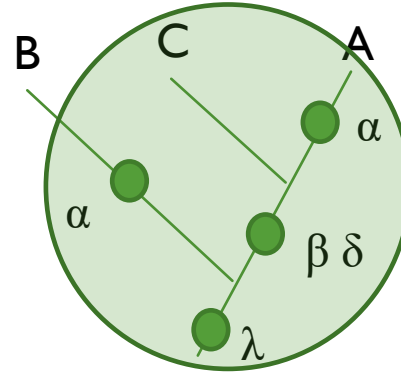
→ On retient 4 caractères dont on suppose qu'ils sont issus d'un ancêtre commun
 → Hypothèse d'homologies primaires.

- Plusieurs arbres possibles à partir d'une matrice de caractères
- Application du **principe de parcimonie** = arbre le plus économe en hypothèses de transformation = rasoir d'**Occam** (ou **Ockham**)
- Contradiction interne dans la matrice
 - **Homoplasie** (caractère α) : partage d'états dérivés ne provient pas toujours de synapomorphies
 - ⇒ Pari d'homologie gagné pour les caractères β , λ et δ
 - ⇒ Pari d'homologie perdu pour le caractère α → convergence évolutive liée à des pressions de sélections similaires - Ex : nageoire des dauphins et des

Téléostéens

Homologie primaire VS secondaire

- Principe de la phylogénie :
 - Retracer une **histoire évolutive**
 - En se basant sur le **partage d'attributs (caractères)** communs apparus chez un **ancêtre** hypothétique



taxon caractère	A	B	C
α	1	1	0
β	1	0	1
λ	1	1	1
δ	1	0	1

- Problème** : ce partage d'attributs ne provient pas forcément d'une histoire évolutive commune
- ⇒ Comment savoir si le caractère retenu correspond bien à une **homologie** ?
- Nécessité d'une **hypothèse d'homologie primaire**
- ⇒ Pari que ce partage d'attribut correspond à une histoire évolutive

Ici: $\alpha, \beta, \lambda, \delta$ sont des homologies primaires

à l'issue de la validation de l'arbre le plus parcimonieux, β, λ, δ passent au rang d'homologie secondaire mais α a perdu son pari d'homologie: c'est une convergence évolutive ou homoplasie

Homologie primaire = sont homologues (homologie primaire), deux attributs qui, pris chez des espèces différentes, entretiennent avec les structures voisines les mêmes connexions topologiques, et ceci qu'elles que soient leurs formes et leurs fonctions. On parie qu'à cette correspondance des connexions doit correspondre une même origine phylogénétique. C'est l'arbre phylogénétique final qui donnera la réponse

Homologie secondaire = deux attributs sont homologues (homologie secondaire) s'ils sont hérités par voie d'ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homologie secondaire.

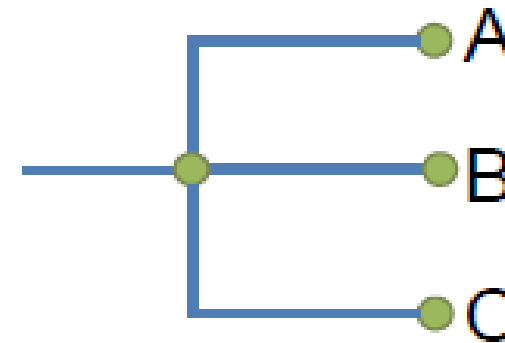
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

B. CHOISIR DES CARACTÈRES DE COMPARAISON ET CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



4. Des arbres irrésolus

- arbre **irrésolu** au moins 3 taxons séparés les uns des autres par un nœud.
= **multifurcation**
 - ⇒ Lever une irrésolution nécessite de trouver de nouveaux caractères homologues (souvent moléculaires)



Arbre irrésolu = râteau = multifurcation

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

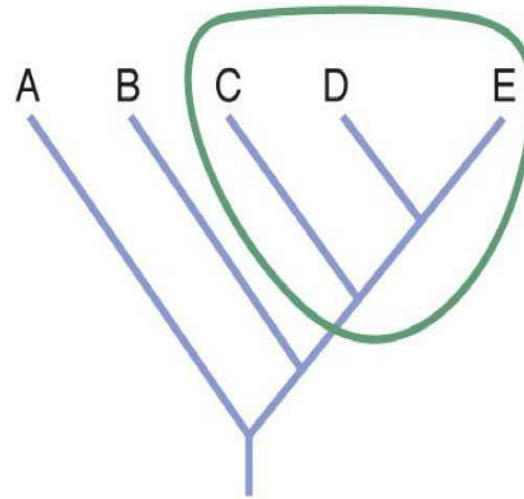
III. Utilisation de données moléculaires

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

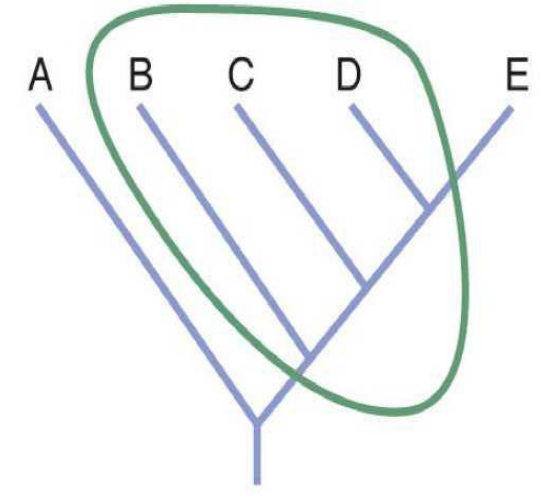
C. INTERPRÉTER LES ARBRES PHYLOGÉNÉTIQUES: LIRE DES SCÉNARIIS ÉVOLUTIFS

I. Différents types de groupes

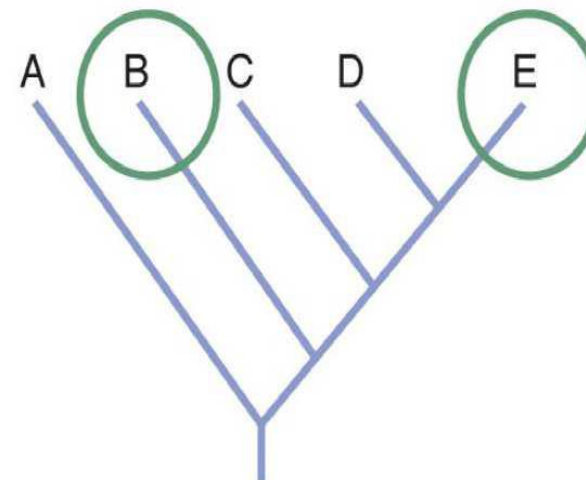
- Un **groupe monophylétique** (= clade) = un ancêtre et tous ses descendants
 - classifications modernes = cladogramme
- Un **groupe paraphylétique** = un ancêtre et une partie de ses descendants (alors que d'autres sont exclus).
 - ✓ Ex: « reptiles », « poissons »
- Un **groupe polyphylétique** = des organismes sans ancêtre commun immédiat
 - rassemblés sur la base de caractères convergents
 - ✓ Ex: « végétaux » compris comme tous les organismes chlorophylliens); « pachydermes »



Groupe monophylétique = clade



Groupe paraphylétique

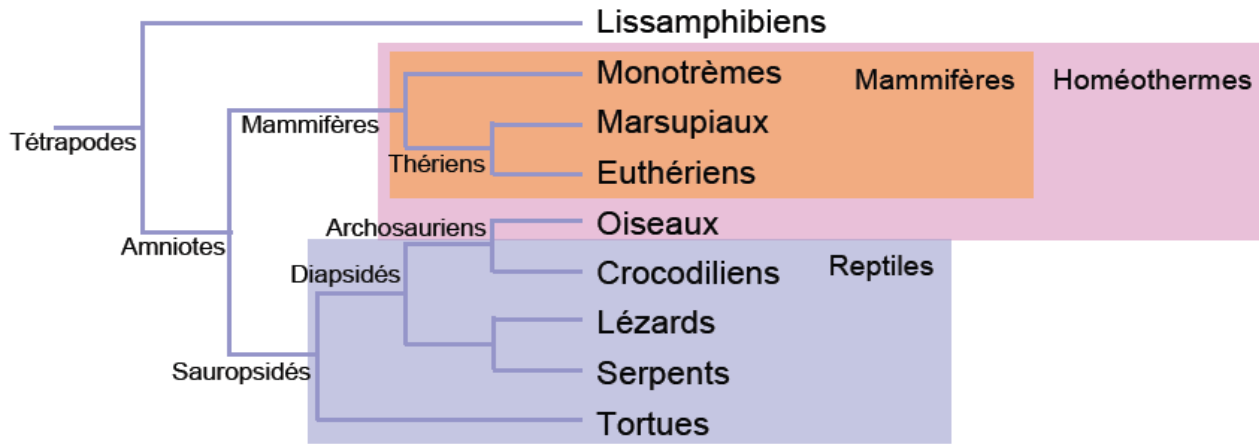


Groupe polyphylétique

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

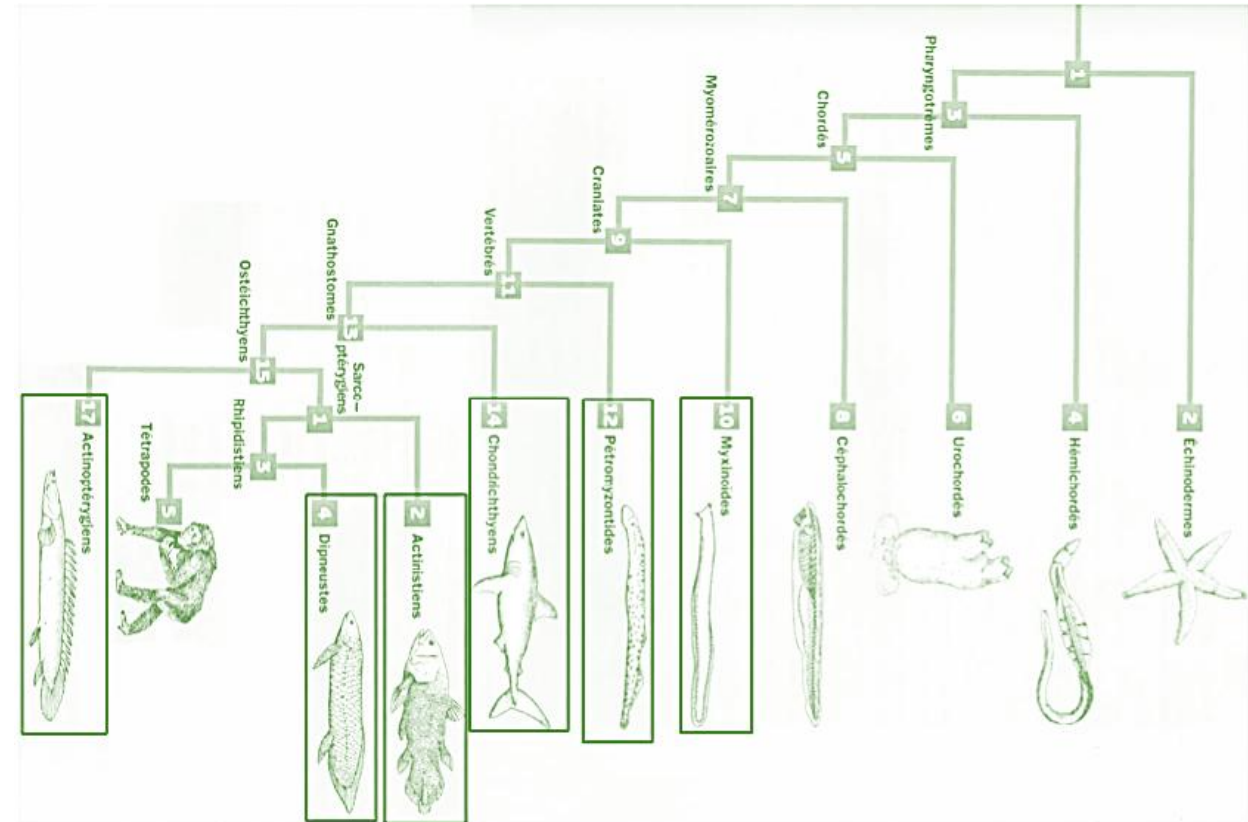
C. INTERPRÉTER LES ARBRES PHYLOGÉNÉTIQUES: LIRE DES SCÉNARIIS ÉVOLUTIFS

I. Différents types de groupes



Exemples de groupes non monophylétiques : pas de sens phylogénétique mais un sens « écologique »

Les reptiles forment un groupe **paraphylétique**.
Les homéothermes forment un groupe **polyphylétique**.
Les poissons forment un groupe **paraphylétique**.



Phylogénie des Deutérostomiens, montrant la position systématique des « poissons » au sein des autres vertébrés. Modifié d'après Classification phylogénétique du vivant, Lecointre et Le Guyader, Belin 3e édition, 2001.

II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

C. INTERPRÉTER LES ARBRES PHYLOGÉNÉTIQUES: LIRE DES SCÉNARIIS ÉVOLUTIFS

I. Différents types de groupes

Remise en cause de certains groupes

Ex : Les poissons

- La construction de l'arbre permet de mettre en évidence des groupes **paraphylétiques** (non monophylétiques)
- ⇒ Paraphylétique : se dit d'un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et une partie seulement des descendants connus. Exemple de groupe paraphylétique : les poissons.
- ✓ Ex : Le cœlacanthe et le dipneuste sont plus proches des tétrapodes qu'ils ne le sont de n'importe quel autre poisson
- Les classifications traditionnelles (aujourd'hui à l'abandon) prennent en compte des caractères qui ne sont pas exclusifs au groupés créés ce qui génère des **groupes paraphylétiques**

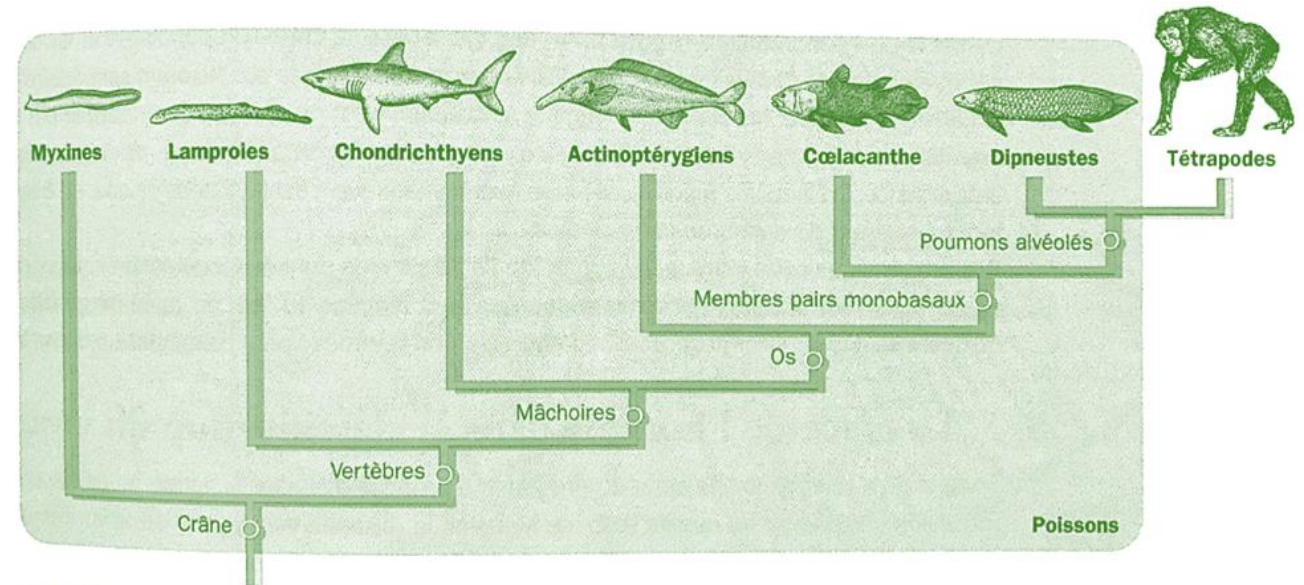
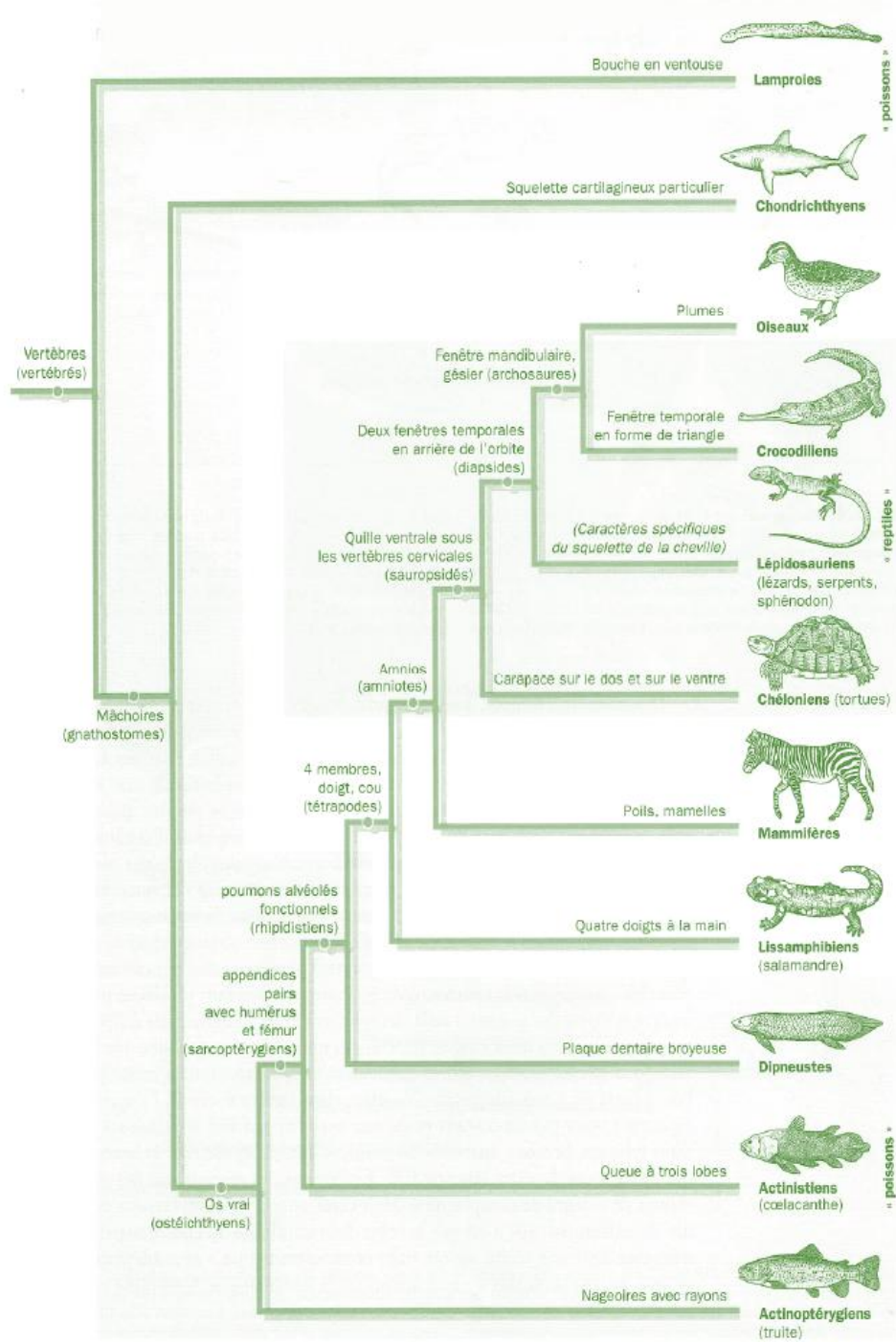


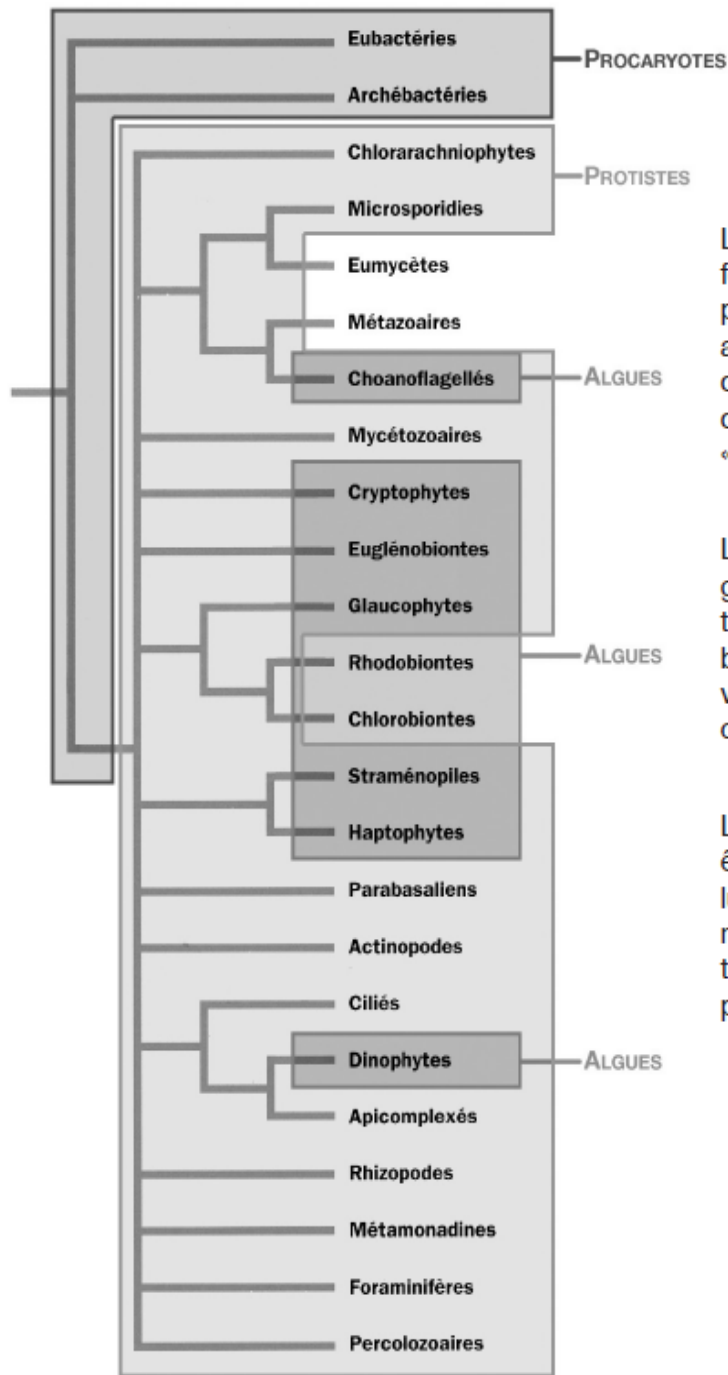
Fig. 8.4. Phylogénie des vertébrés (avec sept groupes : myxines, lamproies, chondrichthyens, actinoptérygiens, cœlacanthe, dipneustes, tétrapodes) montrant ce que sont les « poissons ».

les poissons, un groupe paraphylétique



Classification des Vertébrés

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



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.

Classification du Vivant (B Anselme)

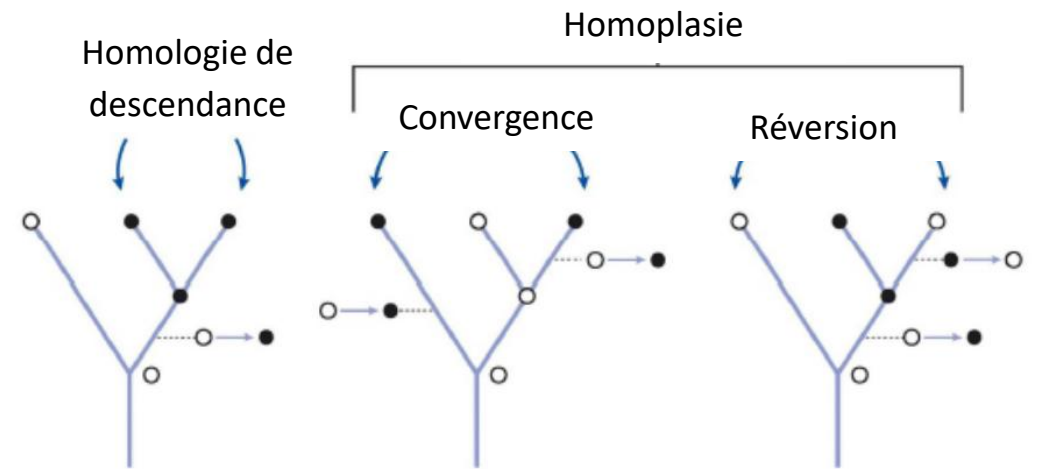
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

C. INTERPRÉTER LES ARBRES PHYLOGÉNÉTIQUES: LIRE DES SCÉNARIIS ÉVOLUTIFS

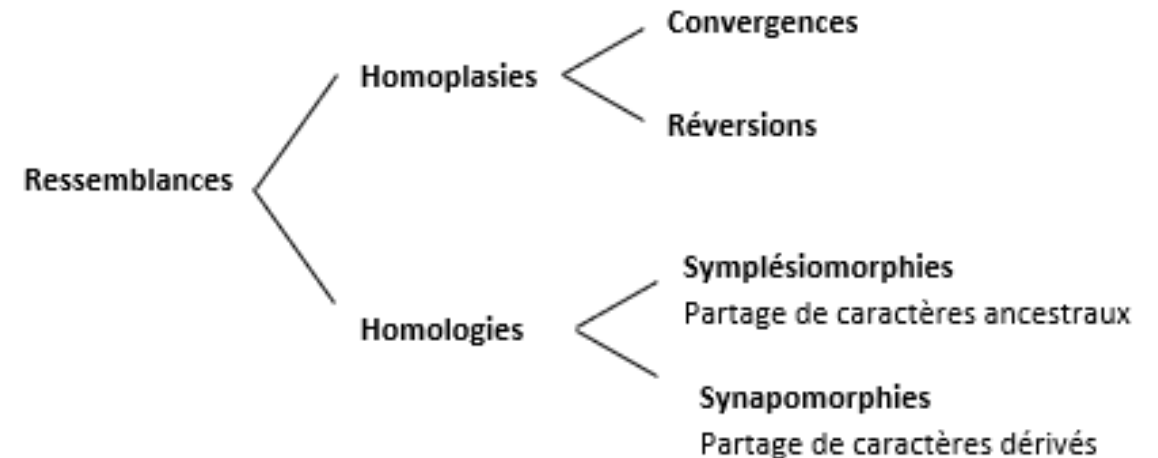
2. Différentes interprétations des ressemblances

- **homoplasie** = ressemblance (structurale, embryologique, biochimique...) susceptible d'être considérée comme une homologie mais qui n'en est pas une
 - ⇒ DéTECTÉE après construction de l'arbre et validation par principe de parcimonie
 - 2 grands types d'homoplasies :
 - ✓ Homoplasie par **convergence évolutive**
 - ✓ Homoplasie par **réversion évolutive** : retour d'un caractère à son état primitif

Homoplasie : révélée par la validation de l'arbre
Homoplasie due à une **convergence évolutive** ou à une **réversion**.



Interprétations des ressemblances (Segarra et al. 2015)



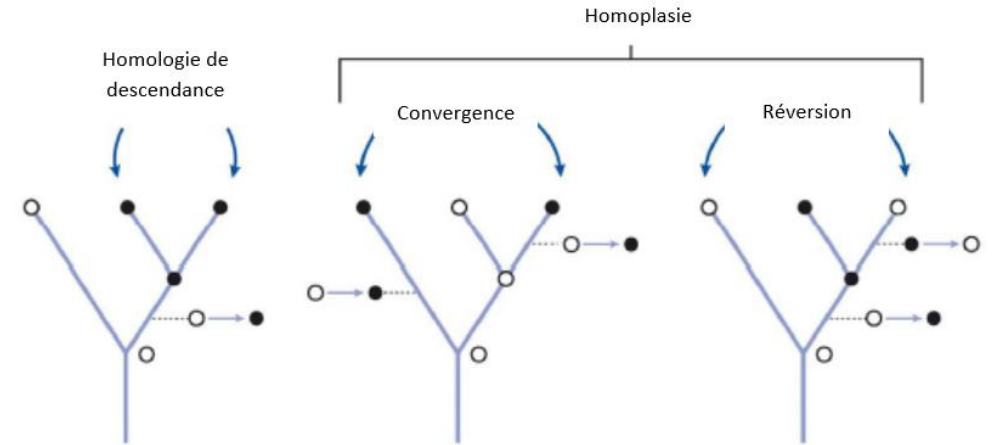
II. CONSTRUIRE ET INTERPRÉTER LES CLASSIFICATIONS PHYLOGÉNÉTIQUES

C. INTERPRÉTER LES ARBRES PHYLOGÉNÉTIQUES: LIRE DES SCÉNARIIS ÉVOLUTIFS

2. Différentes interprétations des ressemblances

Exemple d'homoplasie par convergence évolutive

- ✓ La langue du tamanoir et du pangolin
- ✓ La patte de la courtilière et de la taupe



Langues du pangolin (gauche) et du tamanoir (droite) à structure cylindrique et présentant une substance gluante



Pattes antérieures droites de courtilière (gauche) et de taupe (droite), adaptation au fouissement de la terre

<https://www.insectes-net.fr/courtiliere/court2.html>

SV-K-2-I Classer la biodiversité

PLAN DU COURS

I. Comment classer le vivant?

- A. Trier ou classer: des activités différentes
- B. Types de classification et leurs objectifs
- C. Les caractères utilisés pour classer la biodiversité
- D. La notion de ressemblance et les différents types de classification

II. Construire et interpréter les classifications phylogénétiques

- A. Représentation d'un arbre phylogénétique
- B. Choisir des caractères de comparaison et construire un arbre phylogénétique
- C. Interpréter les arbres phylogénétiques: lire des scénarii évolutifs

III. Utilisation de données moléculaires

III. UTILISATION DE DONNÉES MOLÉCULAIRES

- Analyse quantitative basée sur de degrés de ressemblance
- Etapas:
 - Séquençage de molécules de différentes espèces (ADN,ARN, polypeptide)
 - Alignement et comparaison des séquences
 - Construction d'une **matrice des distances** rassemblant les % de **différences** entre séquences
 - Construction d'un arbre, appelé **phénogramme**, dont la longueur des branches est **proportionnelle au pourcentage de différences** (divisé par 2) et la racine au point moyen de l'ensemble des distances (méthode UPGMA par exemple pour la construction de l'arbre).
- Des méthodes statistiques comme la méthode du **maximum de vraisemblance** permettent de tester la vraisemblance de la position des branches et de leur longueur.

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

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

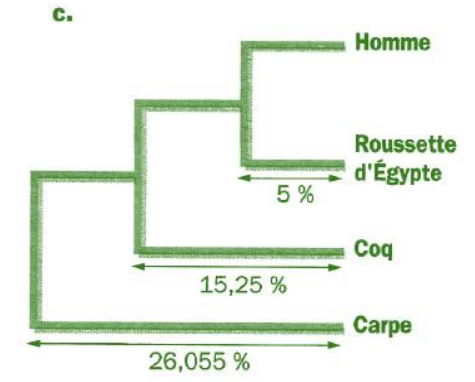
KVIMGAVGDA	VSKIDDLVGG	LASLSELHAS	KLRVDPANFK	ILANHIVVGI	MFYLPGDFFPP
-KVAD-LTN-	-AHV--MPNA	-SA--D---H	-----V---	L-SHCLL-TL	AAH--AE-T-
-KVG-D-LTN-	-GHL---P-A	-SA--D---Y	-----V---	L-SHCLL-TL	ANH--S--T-
-KVVA-LIE-	ANH---IA-T	-SK--D---H	-----V---	L-GQCFL-VV	AIHH-AALT-

— 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



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

CONCLUSION

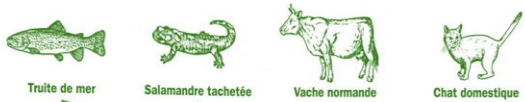
Sélectionner un jeu de données
Groupe d'étude/groupe externe
Ensemble de caractères homologues

Construire une phylogénie



Méthode cladistique
Sélection des caractères informatifs =
homologie primaire
⇒ Matrice de caractères

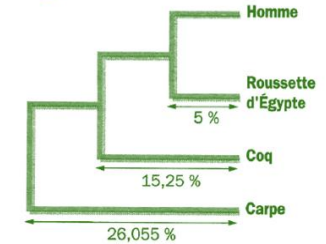
	1	2	3	4	5	6	7	8	9
A									
B									
C									
D									
E									



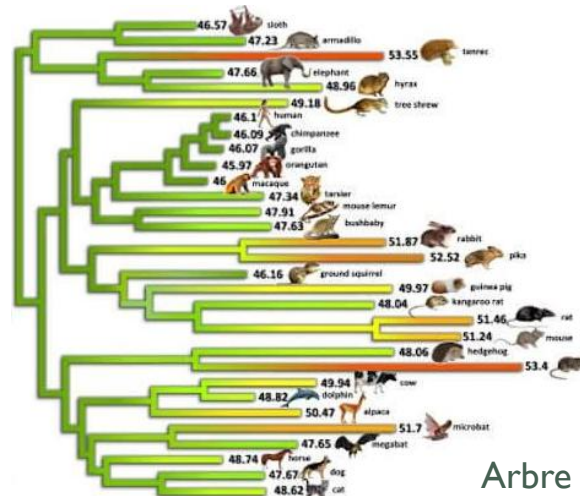
cladogramme

Méthode phénétique
Choix d'une distance évolutive
⇒ Matrice des distances

	A	B	C	D	E
A					
B					
C					
D					
E					



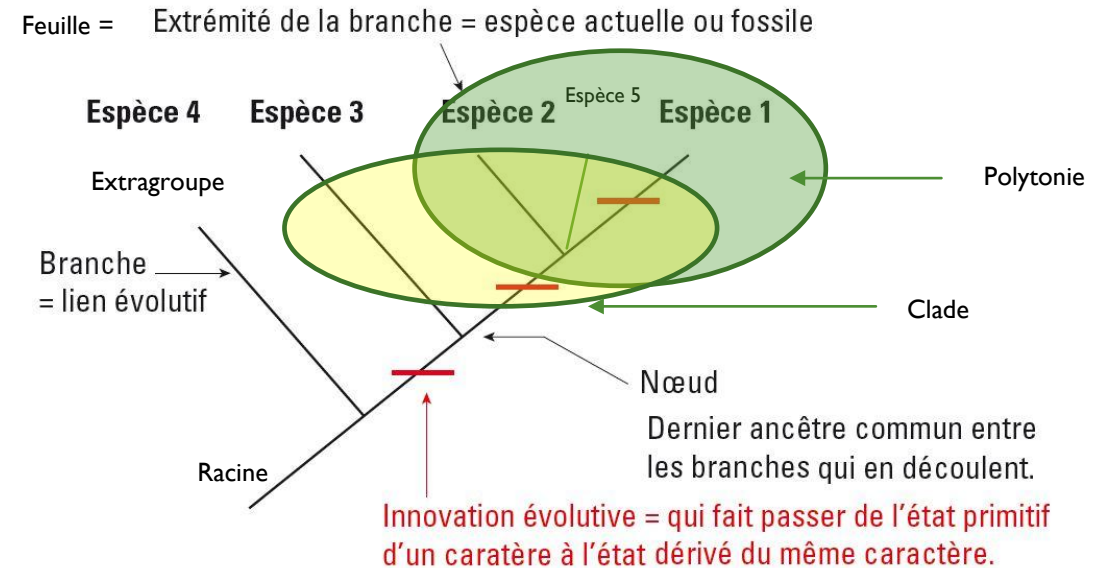
phénogramme



Arbre phylogénétique

VOCABULAIRE D'ANALYSE D'UN ARBRE

- ✓ **Cladogramme** : schéma donnant les relations de parenté et les transformations des caractères sur l'arbre (innovations évolutives)
- ✓ **Extra groupe** : taxon externe au groupe sur lequel on cherche à construire une phylogénie (=construire des clades)
- ✓ **Branche** : segment entre deux intersections
- ✓ **Racine** : branche la plus profonde
- ✓ **Nœud** : AC
- ✓ **Feuille** : taxon terminal
- ✓ **Clade** : tout ce qui descend d'un nœud donné
- ✓ Possible râteau ou irrésolution ou polytonie



VOCABULAIRE D'ANALYSE D'UN ARBRE

Taxon : ensemble d'organismes regroupés en tant qu'unité formelle. Ex: les canidés (chien, loup, renard, fennec, ...) constituent un taxon de rang familial (une famille).

Monophylétique : se dit d'un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et la totalité de ses descendants connus. Ex : les oiseaux

Clade : groupe monophylétique.

Groupes-frères : au sein d'un échantillon donné, deux groupes sont qualifiés de groupes-frères lorsqu'ils partagent un ancêtre commun exclusif, c'est-à-dire non partagé par le reste du groupe.

Paraphylétique : se dit d'un groupe comprenant un ancêtre commun hypothétique et une partie seulement des descendants connus. Exemple de groupe paraphylétique : les poissons.

Polyphylétique : se dit d'un groupe ne comprenant pas d'ancêtre commun hypothétique. Ex: les pachydermes

Phylogénétique : se dit d'un arbre traduisant des relations de parenté, c'est-à-dire des relations de groupes-frères. Un arbre phylogénétique, permet de répondre à la question : "qui est plus proche de qui?". Un arbre est qualifié de phylogénétique lorsqu'il donne la solution des homologies et des homoplasies.

Homologie : similarité d'organes ou de parties d'organes chez plusieurs espèces, dont on peut faire le pari qu'elle est héritée par ascendance commune.

Comment identifier des organes homologues : anatomie comparée (cf 19^e siècle), principe de connexions, origine embryologique

VOCABULAIRE D'ANALYSE D'UN ARBRE

Homologie primaire : sont homologues (homologie primaire), deux attributs qui, pris chez des espèces différentes, entretiennent avec les structures voisines les mêmes connexions topologiques, et ceci qu'elles que soient leurs formes et leurs fonctions. On parie qu'à cette correspondance des connexions doit correspondre une même origine phylogénétique. C'est l'arbre phylogénétique final qui donnera la réponse.

Homologie secondaire : deux attributs sont homologues (homologie secondaire) s'ils sont hérités par voie d'ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homologie secondaire.

Analogie : deux structures sont analogues si elles partagent la même fonction mais ne sont pas homologues

Ex : aile de chauve-souris et aile de papillon

Homoplasie : similarité d'attributs chez plusieurs espèces, qui n'est pas héritée par ascendance commune. C'est l'arbre phylogénétique qui, au final, établit l'homoplasie.

Plésiomorphe : se dit de l'état ancestral (primitif) d'un caractère.

Synplésiomorphe (caractère) : caractère plésiomorphe présent chez deux ou plusieurs taxons.

Synapomorphe (caractère) : caractère apomorphe partagé par deux ou plusieurs taxons.

Les groupes monophylétiques sont construits sur partage de synapomorphies et non de synplésiomorphies = cladistique (Willi Hennig fin des années 1960)

SUJETS D'ORAUX

- Comment peut-on classer le vivant ?
- Qu'est-ce qu'un arbre phylogénétique ?

I. MORPHOLOGIE ET ANATOMIE

A. PLAN D'ORGANISATION ET POSITION SYSTÉMATIQUE

- Eucaryotes (*les cellules contiennent des organites, notamment un noyau*)
- Unikontes (*spermatozoïdes uniflagellés*)
- ... Métazoaires (*existence de jonctions cellulaires de type desmosome*)
- Bilatérien (*symétrie bilatérale*)
- Deutérostomiens (*le premier orifice du tube digestif à se former est l'anus*)
- Chordés (*existence d'une chorde embryonnaire*)
- Vertébrés (*présence de vertèbres*)
- Tétrapodes (*présence de quatre membres chirodiens*)
- Amniotes (*l'embryon est protégé par une membrane, l'amnios*)
- Mammifères (*les femelles allaitent leurs jeunes*)
- Placentaires (*un placenta nourrit l'embryon jusqu'à la parturition*)
- Rongeurs (*une incisive à croissance continue par demi-mâchoire*)
- Famille des Muridés
- Genre *Mus*
- Espèce *musculus*



POSITION SYSTÉMATIQUE DU MAQUEREAU



Eucaryotes (les cellules contiennent des organites, notamment un noyau)

Unikontes (*spermatozoïdes uniflagellés*)

Métazoaires (*existence de jonctions cellulaires de type desmosome*)

Bilatérien (*symétrie bilatérale ; déplacement des aliments dans le tube digestif parallèle à l'axe de polarité antéro-postérieur ; tube digestif non ramifié ; organisation d'un système nerveux central.*)

Deutérostomiens (*le premier orifice du tube digestif à se former est l'anus ; système nerveux central dorsal*)

Chordés (*existence d'une chorde embryonnaire*)

Crâniates (*présence d'un crâne ; squelette minéralisé par du phosphate de calcium*)

Vertébrés (*présence de vertèbres ; ligne sensorielle latérale ; contrôle nerveux du cœur ; rate et pancréas individualisés*)

Gnathostomes (*mâchoire constituée par une mandibule supérieure et une mandibule inférieure ; hémoglobine tétramérique avec deux sous-unités différentes*)

Ostéichtyens (*membrane des nageoires soutenues par des rayons – lépidotriches -*)

Actinoptérygiens (*écailles articulées entre elles en système « tenon – mortaise »*)

Téléostéens (*symétrie apparente de la nageoire caudale*)

Famille des Scombrinés

Genre *scomber*

Espèce *scombrus*

I. ETUDE MORPHOLOGIQUE ET POSITION SYSTEMATIQUE

A. POSITION SYSTEMATIQUE

I. Position des Mollusques au sein des Métazoaires

- Eucaryotes (les cellules contiennent des organites, notamment un noyau)
- Unikontes (spermatozoïdes uniflagellés)
- ... Métazoaires (existence de jonctions cellulaires de type desmosome)
- Bilatérien (symétrie bilatérale, triblastique, synapse cholinergique, système nerveux central)
- Protostomiens (le premier orifice du tube digestif à se former est la bouche, hyponeurie, squelette externe)
- Mollusques (corps mou, manteau sécrétant coquille calcaire)
- Bivalves- Lamellibranche (deux valves symétriques, branchies bipectinées)
- Mytilidés (Coquille fermée par deux muscles de taille différente avec charnière allongée)
- Genre Mytilus
- Espèce edulis

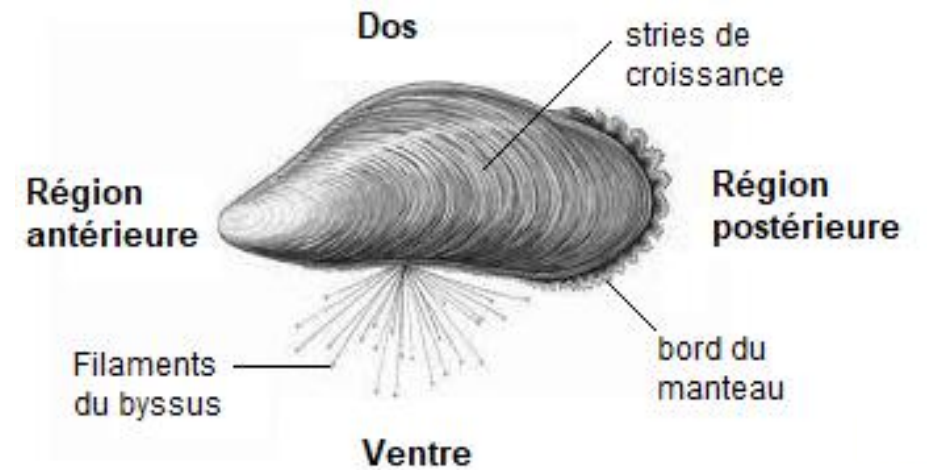


Figure 1 : Vue générale de l'animal

POSITION SYSTÉMATIQUE DE *LOCUSTA MIGRATORIA*

Eucaryotes (les cellules contiennent des organites, notamment un noyau)

Unikontes (spermatozoïdes uniflagellés)

Métazoaires (existence de jonctions cellulaires de type desmosome)

Bilatérien (symétrie bilatérale)

Protostomiens (le premier orifice du tube digestif est la bouche)

Ecdysozoaire (le corps est recouvert d'une cuticule perdue lors de la mue)

Euarthropodes (le corps est métamérisé et articulé, et les appendices sont articulés)

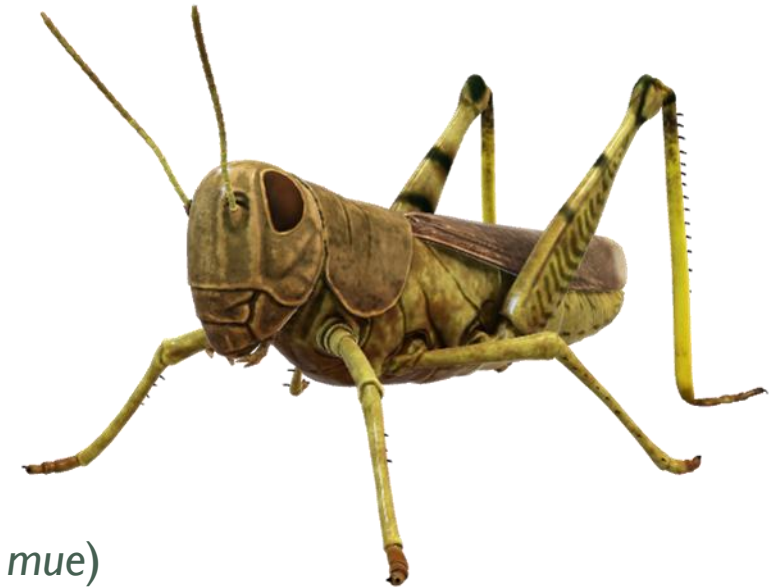
Mandibulates/Antennates (la bouche porte des mandibules, et la tête porte des antennes)

Insectes (trois paires d'appendices ambulatoires thoraciques)

Orthoptères (les ailes sont droites et repliées le long du corps)

Famille des Acrididés Genre *Locusta*

Espèce *migratoria*



EMBRYOPHYTE

Embryon aux dépens de plante

Cormus

Cuticule

sporopollénine

STOMATOPHYTE

stomates

TRACHÉOPHYTE

Vaisseaux de Xylème

Bois, lignine

EUPHYLLOPHYTE

Rameaux latéraux

SPERMATOPHYTE

Grain de pollen (siphonogamie)

Ovule donnant graine

ANGIOSPERME

Fleur vraie

Carpelle donnant fruit

Double fécondation

