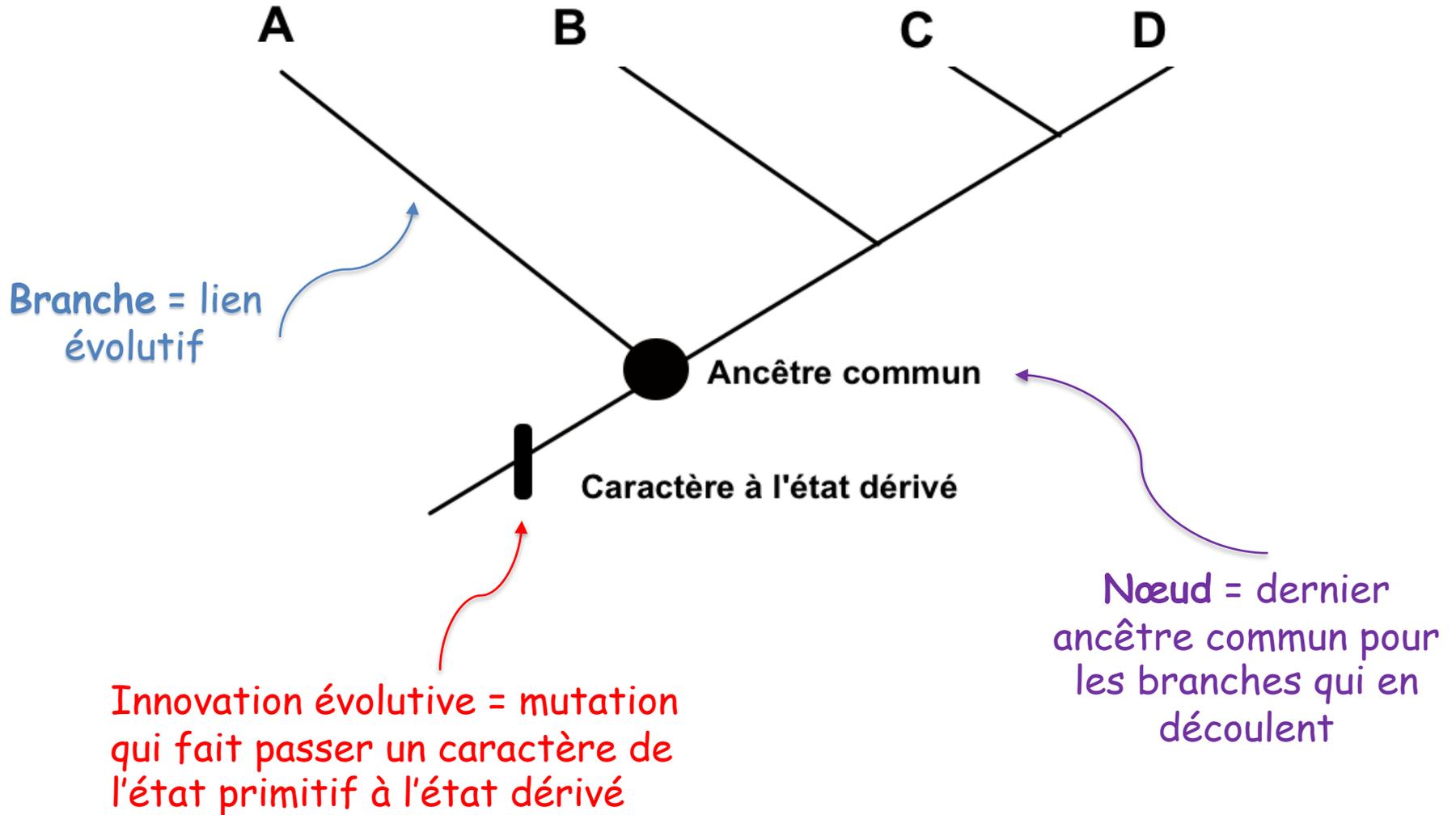


Extrémité de la branche = espèce actuelle et fossile



I. Placer l'Homme au sein des primates par méthode cladistique avec PHYLOGÈNE.

Objectifs

L'établissement de relations de parentés entre les vertébrés actuels s'effectue par comparaison de caractères homologues (embryonnaires, morphologiques, anatomiques et moléculaires). Les primates forment un groupe de mammifères actuellement représenté par des formes arboricoles vivant dans les forêts tropicales ou subtropicales et qui inclut l'Homme.

On cherche à préciser la parenté de l'Homme avec les vertébrés qui lui ressemblent le plus, les primates.

Comprendre la démarche :

Vous allez utiliser les données anatomiques fournies par le logiciel PHYLOGÈNE dans la collection « Archontes » afin de préciser les relations de parenté de l'Homme avec le Bonobo, le chimpanzé, le Gorille, l'Orang-Outan, le babouin, le macaque, le saki, le tarsier, le maki et le tupaïe. Ce dernier sera présent dans la matrice mais il n'appartient pas au groupe d'étude et possède tous les caractères à l'état primitif (on parle **d'extra-groupe**). Une fiche technique est fournie.

I. Placer l'Homme au sein des primates par méthode cladistique.

Mettre en œuvre un protocole :

- 1. Construisez une matrice de caractères (choisir : appendice nasal-narines-orbites-pouce-queue-terminaison des doigts).*
- 2. Codez les états de caractères.*
- 3. Construisez un arbre phylogénétique.*

Exprimer des résultats :

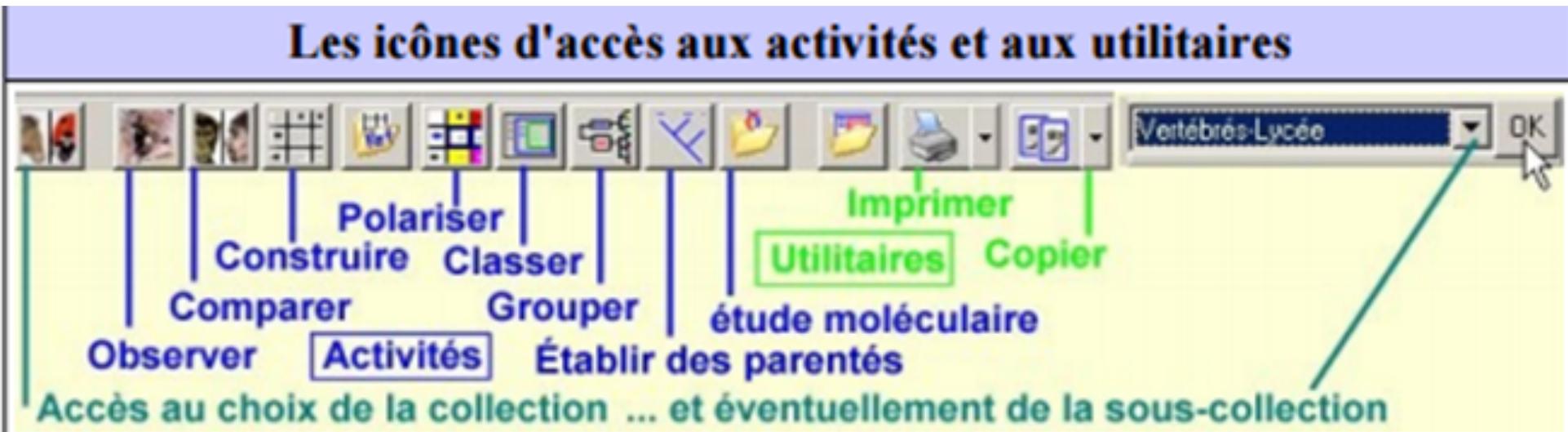
Recopiez l'arbre obtenu et placez les caractères utilisés.

Exploiter les résultats pour répondre au problème :

- 1. Quel est sur cet arbre le(s) plus proche(s) parent(s) de l'Homme ? Justifiez votre réponse.*
- 2. A partir des résultats obtenus, montrez l'utilité des données moléculaires pour préciser les degrés de parenté entre les espèces du groupe d'étude.*

I. CONSTRUCTION D'ARBRES PHYLOGENETIQUE AVEC PHYLOGENE

I. Placer l'Homme au sein des primates par méthode cladistique.



Sélectionner une collection

Vertébrés-Lycée



Unité du vivant Lycée



Végétaux seconde



Vertébrés actuels/fossiles



Vertébrés-Lycée



OK

Phylogène - Collection sélectionnée : Vertébrés-Lycée

Fichier Activités Rechercher Aide Configuration Thèmes

Vertébrés-Lycée OK

Aigle	Amphioxus	Andreolepis	Anguille	Arandaspis	Archaeopteryx	Autruche	Babouin	Boa	Bonobo	Caméléon	Caudiptéryx	Chat sauvage	Cheval	Chimpanzé	Cladoseleache	Coelacanthe
Coelophysis	Compsognathus	Crapaud	Crocodile	Dauphin	Dermoptère	Dingo	Elefant	Eusthenopteron	Gibbon	Gorille	Grenouille	Homme	Hylonomus	Ichtyostega	Kangourou	Kiwi
Lamproie	Lézard	Manchot	Megaurodon	Mésange	Orang-Outan	Oreillard	Orithorynque	Otarie	Pigeon	Placoderme	Plesiadapis	Protoptère	Pteraspis	Purgatorius	Raie	Requin
Rorqual	Saki	Salamandre	Sardine	Tarsier	Thon	Tiktaalik	Tortue	Toupaie	Triton	Vipère						

Phylogène

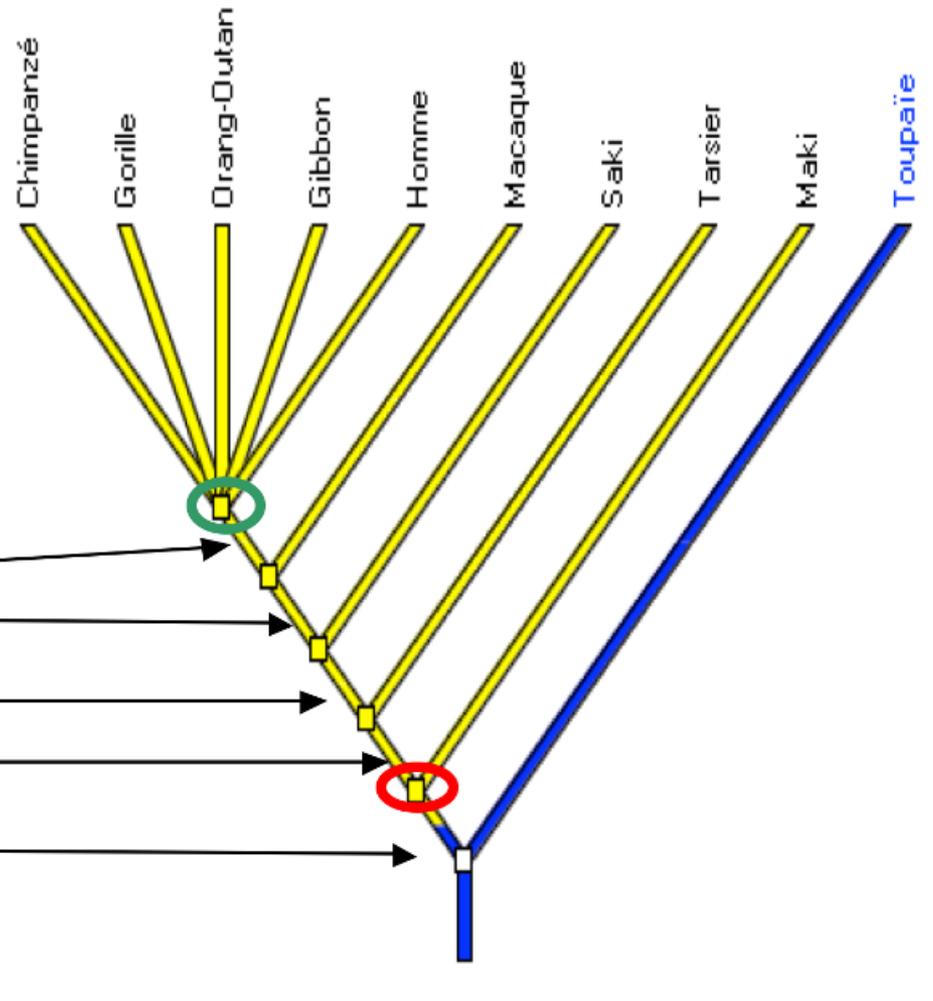
	Appendice nasal	Orbites	Pouce	Queue	Terminaisons des doigts	Narines
Chimpanzé	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Gibbon	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Gorille	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Homme	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Maki	Truffe	Ouvertes	Opposable	Présente	Ongles	Ecartées
Macaque	Nez	Fermées	Opposable	Présente	Ongles	Rapprochées
Orang-Outan	Nez	Fermées	Opposable	Absente	Ongles	Rapprochées
Saki	Nez	Fermées	Opposable	Présente	Ongles	Ecartées
Tarsier	Nez	Ouvertes	Opposable	Présente	Ongles	Ecartées
Toupaïe	Truffe	Ouvertes	Non opposable	Présente	Griffes	Ecartées

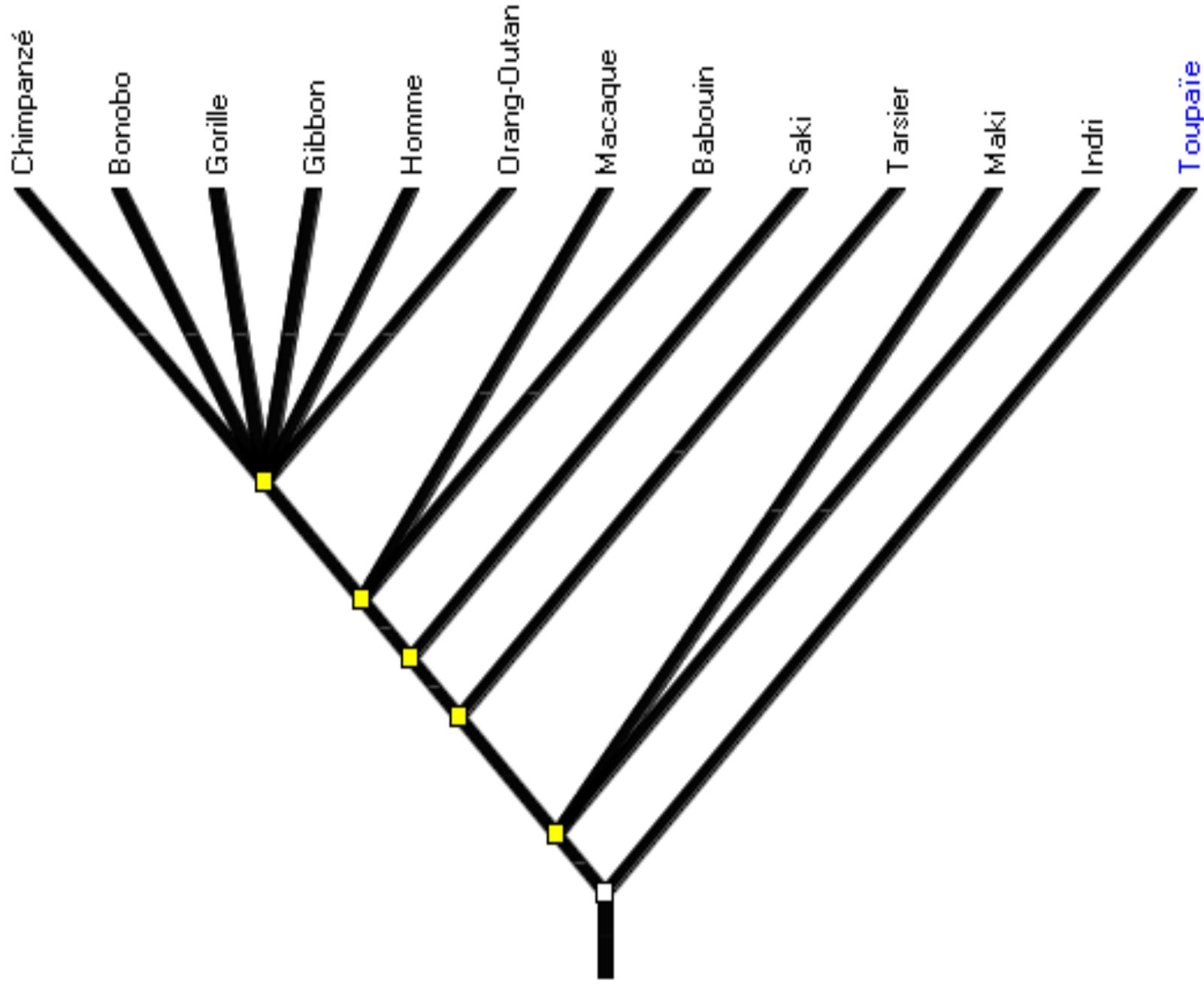
Interprétation :

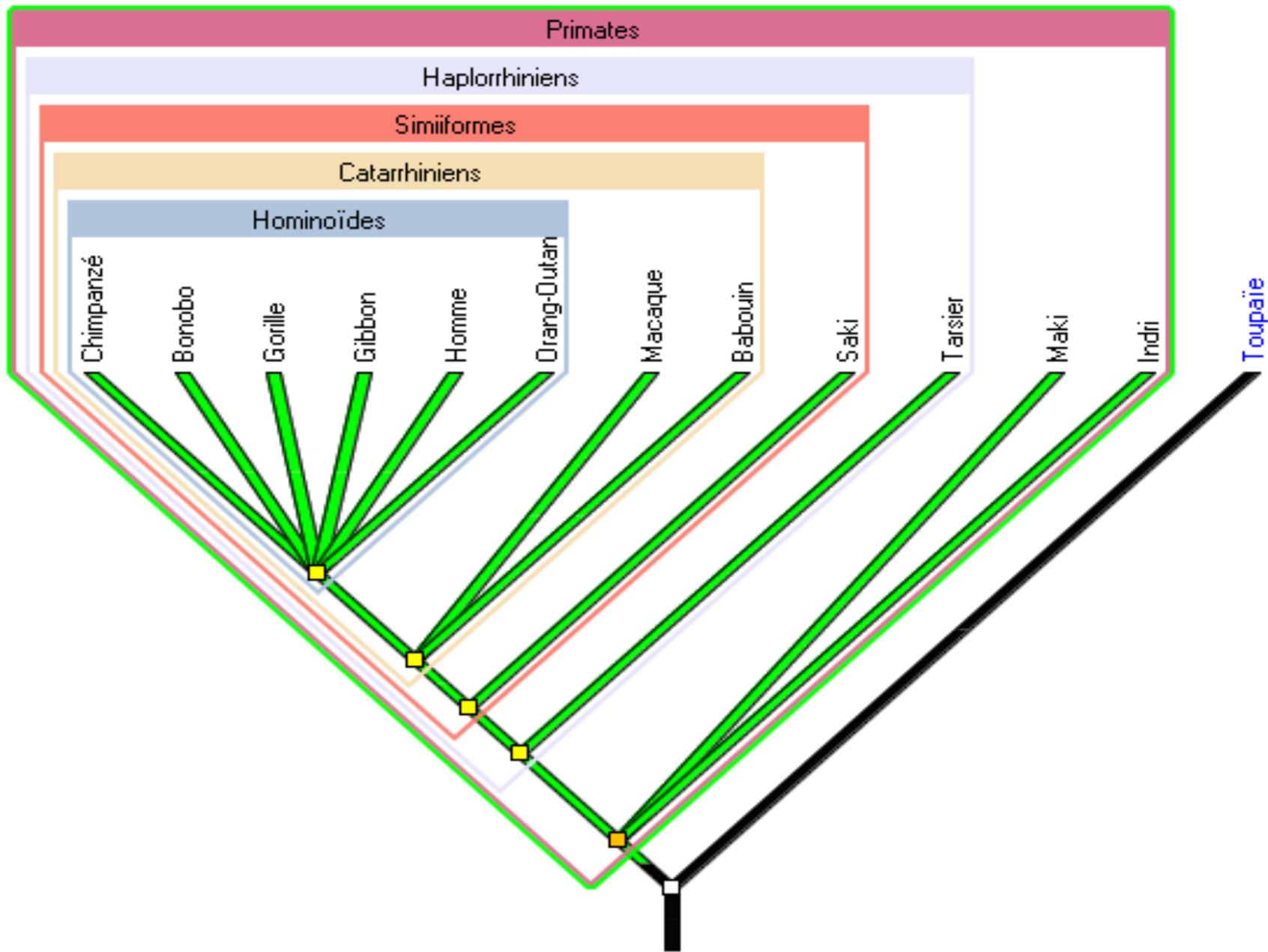
 Dernier Ancêtre Commun aux primates (DAC)

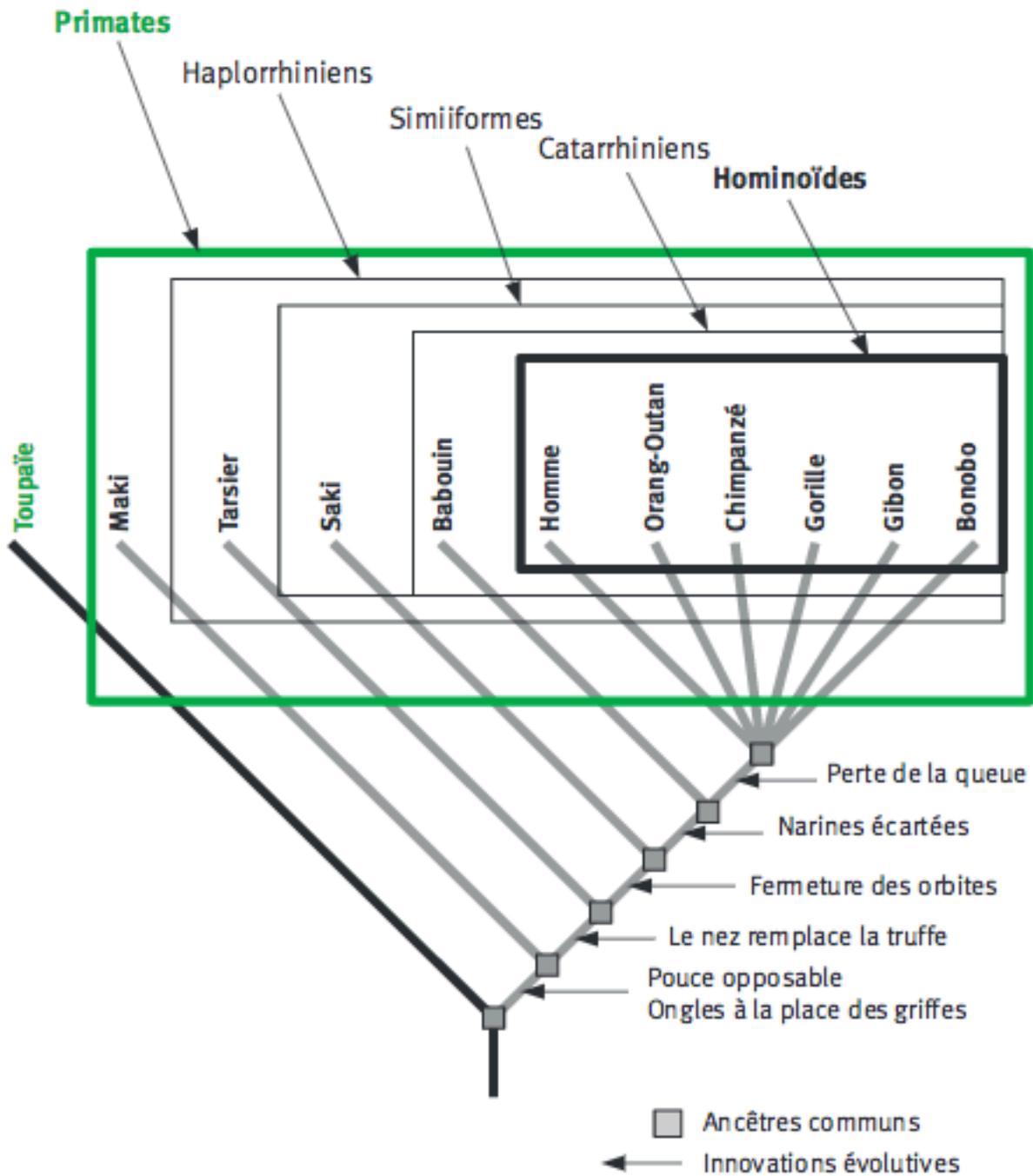
 DAC aux Ch, Go, OO, Gi et H

- Queue absente
- Narines non fendues, rapprochées
- Orbites fermées
- Appendice nasal = nez
- Terminaison des doigts (ongles) et pouce opposable









■ Ancêtres communs

← Innovations évolutives

II. Utiliser une méthode de distance NJ avec PHYLOGENE

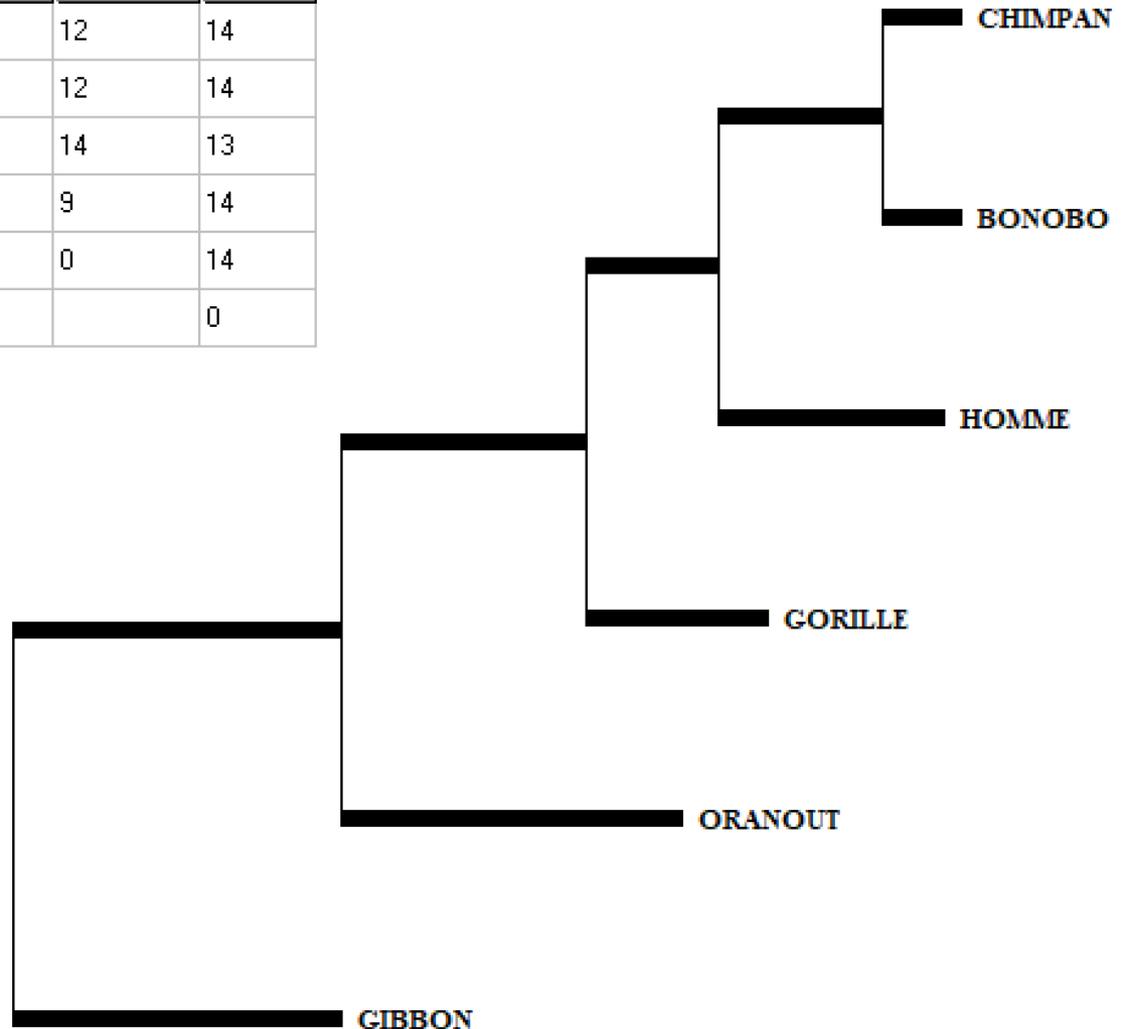
Le logiciel **Phylogène** permet également d'utiliser les données moléculaires, et crée des arbres selon deux méthodes de distance au choix (UPGMA ou *Neighbor Joining*). Nous allons comparer les arbres obtenus chez les Primates hominoïdes pour deux gènes (*COX2*, qui code la cyclooxygénase 2, et *COI*, qui code la cytochrome oxydase I) afin de bien distinguer arbre de gènes et arbre de taxons.

1. Ouvrir le logiciel **Phylogène**.
2. Sélectionnez la collection Archontes (Primates)
3. Cliquer sur l'icône « Étude moléculaire » (petite molécule d'ADN rouge et bleue) et ouvrir le fichier *COX2-Primates.aln*
4. Sélectionnez les séquences suivantes : Bonobo, Chimpanzé, Homme, Gorille, Orang Outan, Gibbon.
5. Affichez la matrice des distances puis l'arbre phylogénétique correspondant (dans « Options », sélectionner « arbre NJ »). Dessinez l'arbre obtenu en cliquant sur arbre.

Renouvelez les opérations 3 à 5 à partir du fichier *COI-Primates.aln*.

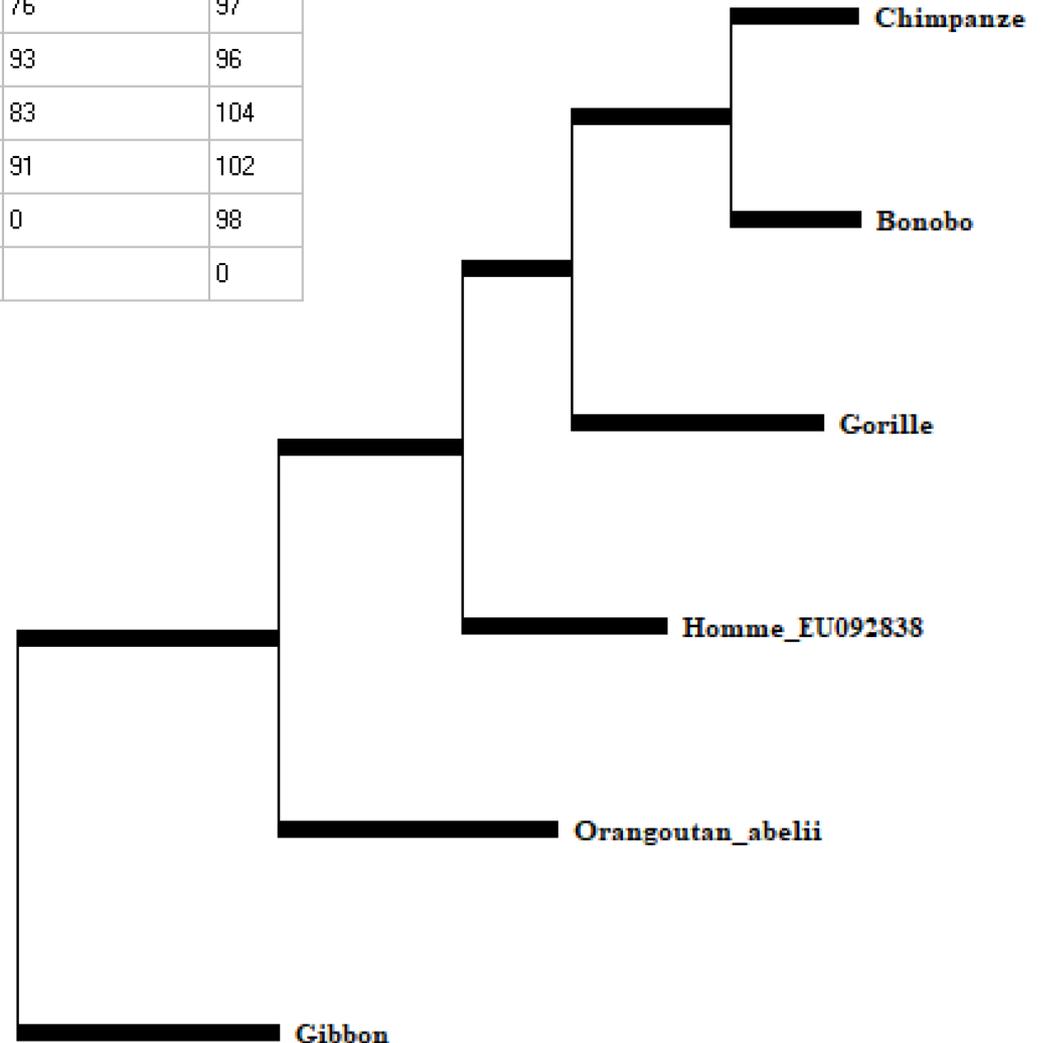
Méthode NJ pour COX2 primate

	BONOBO	CHIMPAN	HOMME	GORILLE	ORANOUT	GIBBON
BONOBO	0	2	6	7	12	14
CHIMPAN		0	6	7	12	14
HOMME			0	7	14	13
GORILLE				0	9	14
ORANOUT					0	14
GIBBON						0



Méthode NJ pour COI primates

	Homme_EU092838	Bonobo	Chimpanze	Gorille	Orangoutan_abelii	Gibbon
Homme_EU092838	0	64	61	65	76	97
Bonobo		0	28	57	93	96
Chimpanze			0	61	83	104
Gorille				0	91	102
Orangoutan_abelii					0	98
Gibbon						0



Matrice des distances pour la molécules Coi

	Homme_EU092839	Bonobo	Chimpanze	Gorille	Orangoutan_abelii	Gibbon
Homme_EU092839	0	64	61	65	74	97
Bonobo		0	28	57	93	96
Chimpanze			0	61	83	104
Gorille				0	91	102
Orangoutan_abelii					0	98
Gibbon						0

Matrice des distances pour la molécules Cox2

	BONOBO	CHIMPAN	HOMME	GORILLE	ORANOUT	GIBBON
BONOBO	0	2	6	7	12	14
CHIMPAN		0	6	7	12	14
HOMME			0	7	14	13
GORILLE				0	9	14
ORANOUT					0	14
GIBBON						0

III. Construction d'un arbre par méthode phénétique avec ANAGENE

Construction de la matrice de distances

Pour construire une matrice de distances, on utilise le logiciel Anagène.

1. Ouvrir Anagène et ouvrir le fichier « *genescdc2.edi* ». Pour cela aller dans Thème 2006, TS, Parentés entre les êtres vivants, relations de parenté, gène *cdc2*

Les séquences de nucléotides du gène *cdc2* chez quelques Eucaryotes s'affichent.

2. Sélectionner les séquences: blé, étoile de mer, maïs, poisson, homme, poulet.

3. Traiter les séquences et les comparer : pour cela, il faut réaliser un “alignement avec discontinuité”. (Aller dans “traiter”, puis choisir “comparer” ou “alignement de séquence”).

4. Sur le nouveau bandeau présentant les alignement, sélectionner la séquence que vous voulez comparer avec celle qui sert de référence; puis dans le bandeau situé en haut de l'écran sélectionner “i” (cercle noir) afin de lire le % d'identité entre les deux séquences comparées.

5. Construire la **matrice de distances** avec l'ensemble de ces données (on rappelle que la méthode phénétique tente de quantifier la ressemblance générale à l'aide d'un indice chiffré appelé “distance”. La distance, dans le cas d'une comparaison de séquence, correspond au nombre de nucléotides ou d'aa différents entre les deux espèces comparées).

Construction de l'arbre phylogénétique par la méthode UPGMA

La méthode UPGMA (méthode non pondérée de regroupement par paires basée sur la moyenne) est un algorithme qui permet de construire un seul arbre à partir d'une matrice de distances, par "agglomération" successive des espèces, des plus proches au plus éloignées.

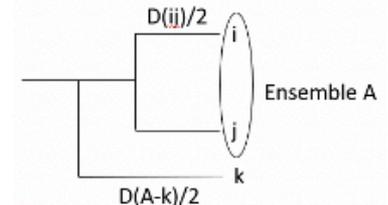
Construire l'arbre phylogénétique correspondant aux espèces considérées.

Pour construire l'arbre on procède de la façon suivante:

1. Trouver les taxons i et j pour lesquels la distance d_{ij} est la plus petite
2. On définit alors un nouvel ensemble (ij) (A par exemple)
3. On commence à tracer l'arbre : placer la racine à égale distance de i et de j , soit à $d_{ij}/2$.

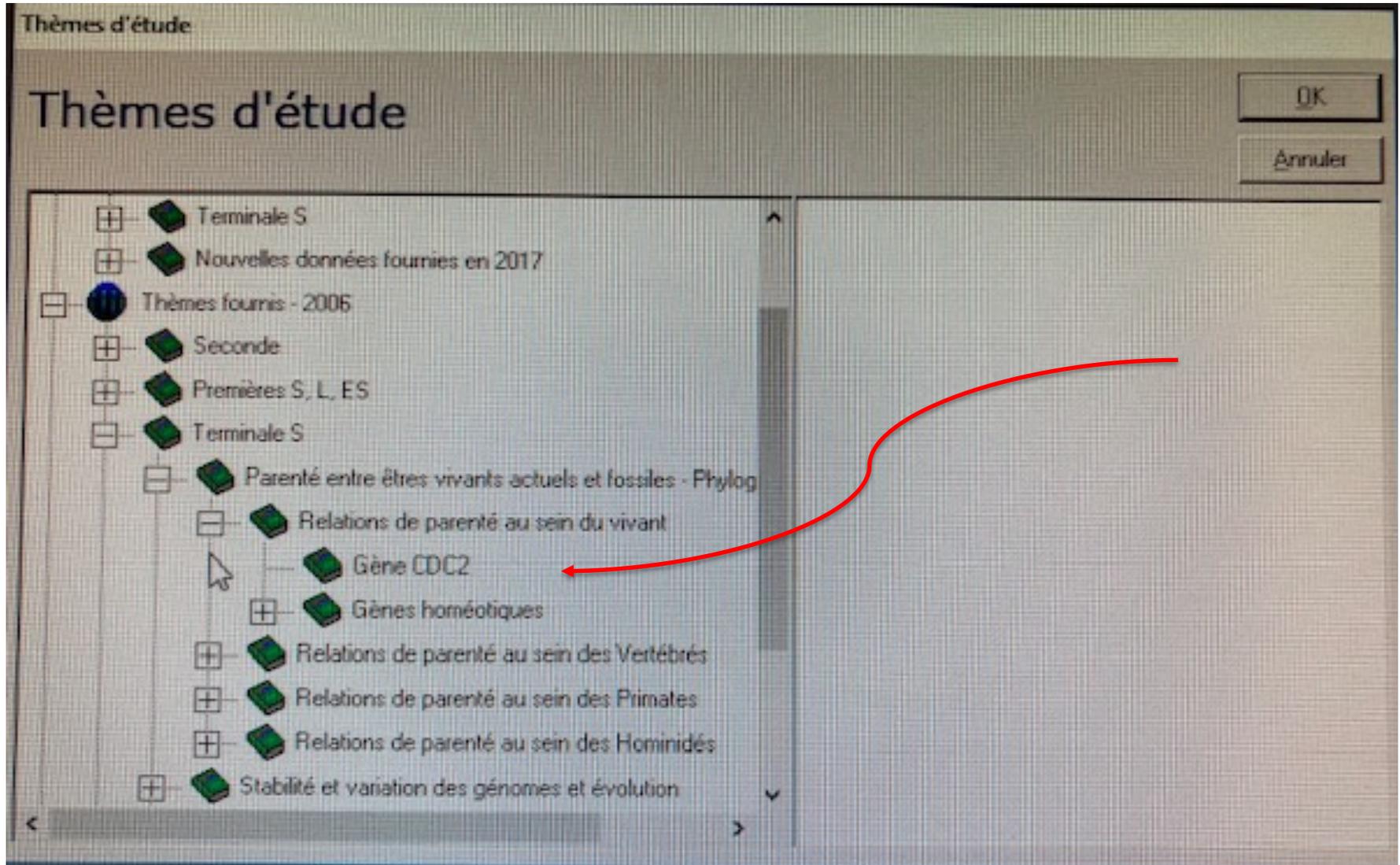


4. On recalcule ensuite une matrice de distances en prenant comme distance "(ij) - chaque autre taxon k ", la moyenne des distances d_{ki} et d_{kj} $d(ij)-k = (d_{ki} + d_{kj})/2$.



5. On identifie à nouveau les taxons ou ensemble de taxons (tel que A) pour lesquels la distance d_{kA} ou $d_{k\text{-autre taxon}}$ est la plus petite.
Et ainsi de suite, reprendre au point 2.

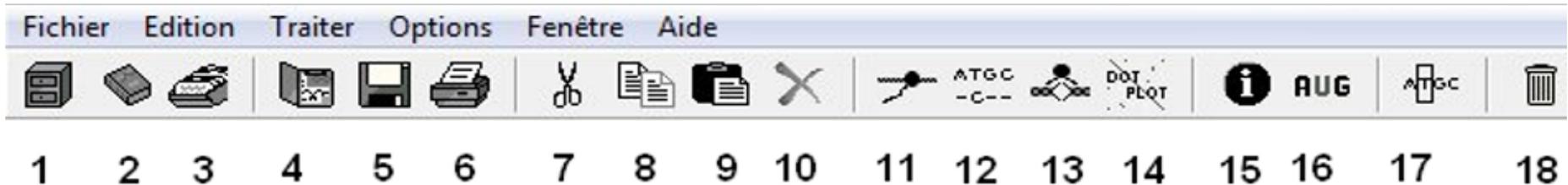
Résultats avec Anagène: gène cdc2



Construction d'un arbre par méthode phénétique

Il faut choisir les séquences communes aux espèces c'est-à-dire les molécules homologues ET choisir une molécule de référence (flèche rouge et en haut).

La comparaison « Alignement avec discontinuité » permet d'obtenir les pourcentages d'identités des séquences.



1. Banque de séquences
2. Thèmes d'étude
3. Programmes et documents
4. Voir le classeur
5. Enregistrer
6. Imprimer
7. Couper

1. Copier
2. Coller
3. Effacer
4. Convertir les séquences
5. Comparer les séquences
6. Action enzymatique

1. Graphique de ressemblance
2. Information sur ligne pointée
3. Code génétique
4. Grand curseur
5. Fermer toutes les fenêtres

	1	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	120	130	140	150	160
gène CDC2 Arabette	ATGGATCAGTACGAGAAGTTGAGAAGATTGGTGAAGCAACTACGGGTGGTTTATAAGGCACGTGACAAAGTACTAATGAGCAATTCCTTTGAGAGAGATCAGGCTAGAGCAGGAGGATGAAGTGTTCCTAGCACAGCAATCAGAGAAATCTCCCTCTTG																
gène CDC2 Blé	ATGGAGCAGTACGAGAAGTTGAGAAGATCGGGGAGGGCACGTACGGGGTGGTTGTACAAGGCCCGGACAGGACCCACCACGAGACCATCGGGCTCAAGAGATCCGCTTGAGCAGGAGGACGAGGGCGTCCCTCCACGGCCATCCCGGAGATCTCGCTCCTC																
gène CDC2 Chou	ATGGATCAGTACGAGAAGTTGAGAAGATCGGGCAAGCAACTTACGGGTGGTTGTACAAGGCACGAGCAAGGTCACCAATGAGACTATTGCTTTGAGAGAGATCCGCTCGAGCAGGAGGATGAAGTGTTCCTAGCACTGCCATTAGAGAAATCTCTCTTTTG																
gène CDC2 Drosoph	ATGGAGGATTTTGAGAAAATTGAGAAGATTGGCGAGGGCACATATGGCGTGGTGTATAAAGTTCGCAATCGCCTGACGGGCCAAATTTGGCAATGAGGAAAATCCGCTTGGAGTCCGACGACGAGGGCGTCCATCAACCGCGATCAGAGAAAATTCGTTGCTT																
gène CDC2 Etoile de	ATGGAGACTACTCGAAGATTGAGAAGATTGGAGAAGGTACCTATGGA																
gène CDC2 Grenouill	ATGGATGAGTATGCAAAAATCGAAAAATGGAGAGGGTACTTATGGG																
gène CDC2 Homme	ATGGAGATTATACAAAATAGAGAAAATGGAGAAGGTACCTATGGA																
gène CDC2 Levure	ATGGAGAATTATCAAAAAGTCAAAAATGGGGAGGCACTATGGC																
gène CDC2 Maïs	ATGGAGCAGTACGAGAAGTTGAGAAGATCGGGGAGGGCACGTACGGG																
gène CDC2 Oursin	ATGGAGACTTTTACCAAGATTGAAAAGTGGGAGAGGTACATATGGT																
gène CDC2 Poisson	ATGGATGACTATCTGAAGATAGAGAAAATGGTGAAGGTACATATGGT																
gène CDC2 Poulet	ATGGAGGATTACACGAAGATAGAGAAGATTGGGAGGTACCTATGGT																
gène CDC2 Rat	ATGGAGGACTATATCAAAATAGAGAAAATCGGAGAGGGACTTATGGT																
gène CDC2 Xénope	ATGGAGCAGTACACTAAAATAGAAAAGATCGGAGAGGGCACATATGGG																

Informations

gène CDC2 Etoile de mer

Séquence d'ADN alignée

longueur : 903 bases (sans compter les discontinuités)

-> 566 bases identiques à la séquence de référence gène CDC2 Blé, soit 62,7 % d'identité

le signe - représente les identités
le signe _ représente les discontinuités

Commentaires :
Etoile de mer

	1	10	20	30	40
Traitement	alignement multiple de séquences d'ADN				
Identifiés	*****	*****	*****	*****	*****
gène CDC2 Blé	ATGGAGCAGTACGAGAAGTTGAGAAGATCGGGGAGGGCACGTACGGG				
gène CDC2 Etoile de	-----AG-C---TC---A-T-----T--A--A--T--C--T--A				
gène CDC2 Homme	-----AG-T--TACC--AA-A-----A-T--A--A--T--C--T--A				
gène CDC2 Maïs	-----TG-C--TCT---A-A-----A-T--T--A--T--A--T--T				
gène CDC2 Poisson	-----G-T---AC---A-A-----T-----A--T--C--T--T				
gène CDC2 Poulet	-----G-T---AC---A-A-----T-----A--T--C--T--T				

ONDIP-INRP Anagène

Fichier Edition Traiter Options Fenêtre Aide

Affichage des séquences

	1	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	120	130	140	150	160
gène CDC2 Arabette	ATGGATCAGTACGAGAAAGTTGAGAAGATTGGTGAAGGAACTTACGGTGTGGTTTAAAGGCACCTGACAAAGTGACTAATGAGACAAATTGCTTTGAAGAAGATCAGGCTAGAGCAGGAGGATGAAGGTGTTCCTAGCACAGCAATCAGAGAAATCTCCCTCTTG																
gène CDC2 Blé	ATGGAGCAGTACGAGAAGGTGGAGAAGATCGGGGAGGGCAGCTACGGGGTGGTGTACAGGCCCGGGACAGGACCACCAACGAGACCATCGGCTCAAGAAGATCCGCTCGAGCAGGAGGACGAGGGCGTCCCTCCACCGCCATCCGCGAGATCTCGCTCCTC																
gène CDC2 Chou	ATGGATCAGTACGAGAAAGTTGAGAAGATCGGGGAGGAACTTACGGTGTGTGTACAAAGCCAGGACAGAGGTCACCAATGAGACTATTGCTTTGAAGAAGATCCGCTCGAGCAGGAGGATGAAGGTGTTCCTAGCACTGCCATTAGAGAAATCTCTCTTTTG																
gène CDC2 Drosoph	ATGGAGGATTTTGAGAAAATGAGAAGATTGGCGAGGGCACATATGGCTGGTGTATAAAGTCCCAATCGCTGACGGGCCAAATTGGCAATGAAGAAAATCCGCTTGGAGTCCGACGACGAGGCGTTCCATCAACCGCATCAGAGAAATTCGTTGCTT																
gène CDC2 Etoile de	ATGGAAAGACTACTCGAAGATTGAGAAGATTG																
gène CDC2 Grenouill	ATGGATGAGTATGCAAAAATCGAAAAAATTC																
gène CDC2 Homme	ATGGAAAGTATACCAAAATAGAGAAAATTC																
gène CDC2 Levure	ATGGAGAATTATCAAAAAGTCAAAAAAATTC																
gène CDC2 Maïs	ATGGAGCAGTACGAGAAGGTGGAGAAGATCG																
gène CDC2 Oursin	ATGGAGCACTTACCAAGATTGAAAAGTTGG																
gène CDC2 Poisson	ATGGATGACTATCTGAAGATAGAGAAAATTC																
gène CDC2 Poulet	ATGGAGGATTACAGGAAGATAGAGAAGATTC																
gène CDC2 Rat	ATGGAGGACTATATCAAAATAGAGAAAATTC																
gène CDC2 Xénope	ATGGAGGAGTACACTAAAATAGAAAAGATCG																

Sélection : 0/14 lignes

Informations

gène CDC2 Homme

Séquence d'ADN alignée

longueur : 894 bases (sans compter les discontinuités)

-> 532 bases identiques à la séquence de référence gène CDC2 Blé, soit 59,5 % d'identité

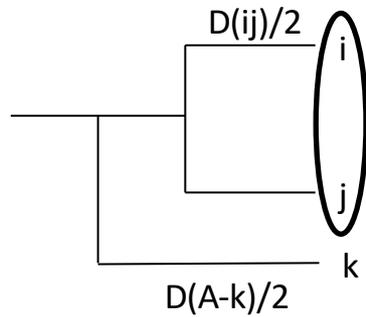
le signe - représente les identités
le signe _ représente les discontinuités

Commentaires :
CDC2 homo sapiens

Comparaison avec alignement

	1	10	20	30
Traitement	0			
Identités	***** **			
gène CDC2 Blé	ATGGAGCAGTACGAGAAGGTGGAGAAGATCG			
gène CDC2 Etoile de	---AG-C---TC---A-T-----T---			
gène CDC2 Homme	---AG-T--TACC--AA-A-----A-T---			
gène CDC2 Maïs	-----T-----T-----T-----T---			
gène CDC2 Poisson	---TG-C--TCT---A-A-----A-T---			
gène CDC2 Poulet	---G-T--AC---A-A-----T---			

Sélection : 0/8 lignes



	Blé	EM	Homme	Maïs	Pois	Poulet
Blé		34,8	38,3	10,8	37,1	39,3
Étoile de mer (EM)	36,1		33,6	37,2	29,1	33,4
Homme	38,9	22,9		39,4	24,5	19,7
Maïs	10,8	34,9	38,8		36,9	38,4
Poisson (pois)	38,7	29,6	26,7	38,6		27
Poulet	41,1	34,1	21,3	40,2	27,2	

	Blé	EM	Hom	Mais	Poi	Pol
Blé						
EM	35,5					
Hom	33,6	28,3				
Mais	10,8	36,1	39,1			
Poi	32,9	29,4	25,6	37,75		
Pol	40,2	33,8	20,5	39,3	27,1	

Calcul des moyennes

	A=Blé-Maïs	EM	Hom	Poi	Pol
A=Blé-Maïs					
EM	35,8				
Hom	36,3	28,3			
Poi	35,5	29,4	25,6		
Pol	39,8	33,8	20,5	27,1	

Calcul par rapport au couple Blé-Maïs (A)

	A=Blé-Maïs	EM	B=Hom-Pol	Poi
A=Blé-Maïs				
EM	35,8			
B=Hom-Pol	35,9	30,8		
Poi	35,5	29,4	26,4	

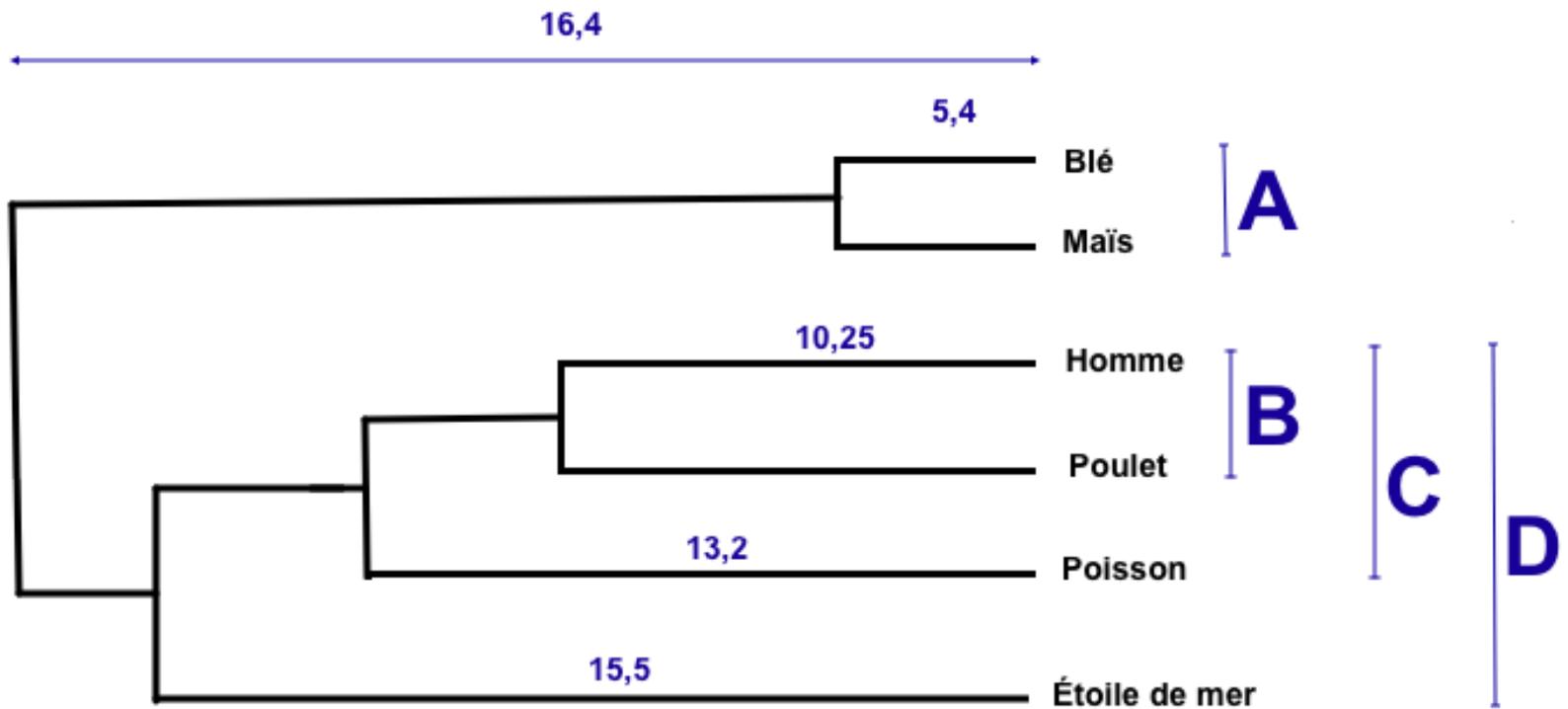
Calcul par rapport au couple Homme-Poulet (B)

	Blé-Maïs=A	EM	C=B+Poi
A=Blé-Maïs			
EM	35,8		
C=B+Poi	35,7	30,1	

Calcul par rapport au couple B-poisson (C)

	Blé-Maïs=A	D=C+EM
A=Blé-Maïs		
D=C+EM	32,8	

Calcul par rapport au couple C-Étoile de mer (D)



IV. Utiliser la méthode cladistique.

Utilisation de la méthode cladistique

1. Ouvrez le logiciel Phylogène et choisissez la collection des « Vertébrés-Lycée ».
2. Construisez une matrice taxons-caractères / l'icône « Construire une matrice »
3. Sélectionnez les taxons suivants : Boa, Dauphin, Grenouille, Gorille, Requin, Sardine
4. Sélectionnez les caractères suivants : Allaitement, Amnios, Branchies, Doigts, Squelette osseux
5. Complétez la matrice en cliquant sur chaque case ; vérifiez-la.
6. Cliquez alors sur l'icône « Polariser et coder les états de caractère ».
7. Choisissez l'extragroupe et coloriez les états primitifs selon l'extragroupe.
8. Coloriez ensuite les états dérivés. Cliquez sur « Vérifier » quand tout est fini.
9. Cliquez sur l'icône « établir des parentés » (petit arbre)
10. Cliquez sur tous les taxons et construisez l'arbre.

Utilisation de la méthode de parcimonie

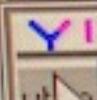
La **méthode de parcimonie** se pratique aujourd'hui surtout par le traitement informatique de caractères moléculaires (après alignement des séquences). Toutefois, il est possible de l'utiliser sur d'autres types de caractères, et de le faire « à la main ».

On se propose de classer 5 espèces de Tétrapodes (en comptant l'extragroupe) à partir de caractères morphologiques, anatomiques et biochimique. Vous classerez ces taxons en utilisant la **méthode de parcimonie**.

La grenouille représentera l'extragroupe.



Organiser le tableau



Choisir les taxa

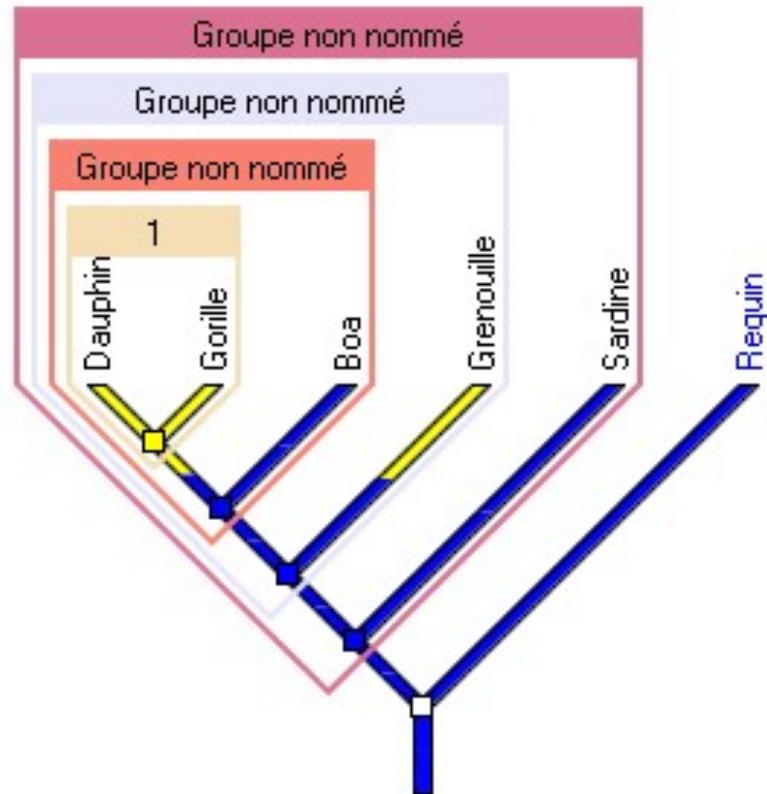


Afficher les Documents

RAZ

Remettre à zéro

	Amnios	Allaitement	Branchies	Squelette osseux	Doigts
Dauphin	Présent	Oui	Absentes	Oui	Présents
Gorille	Présent	Oui	Absentes	Oui	Présents
Boa	Présent	Non	Absentes	Oui	Absents
Grenouille	Absent	Non	Absentes	Oui	Présents
Sardine	Absent	Non	Présentes	Oui	Absents
Requin	Absent	Non	Présentes	Non	Absents



Pbe doigts: régression chez le boa

1: Mammifères

2: amniotes

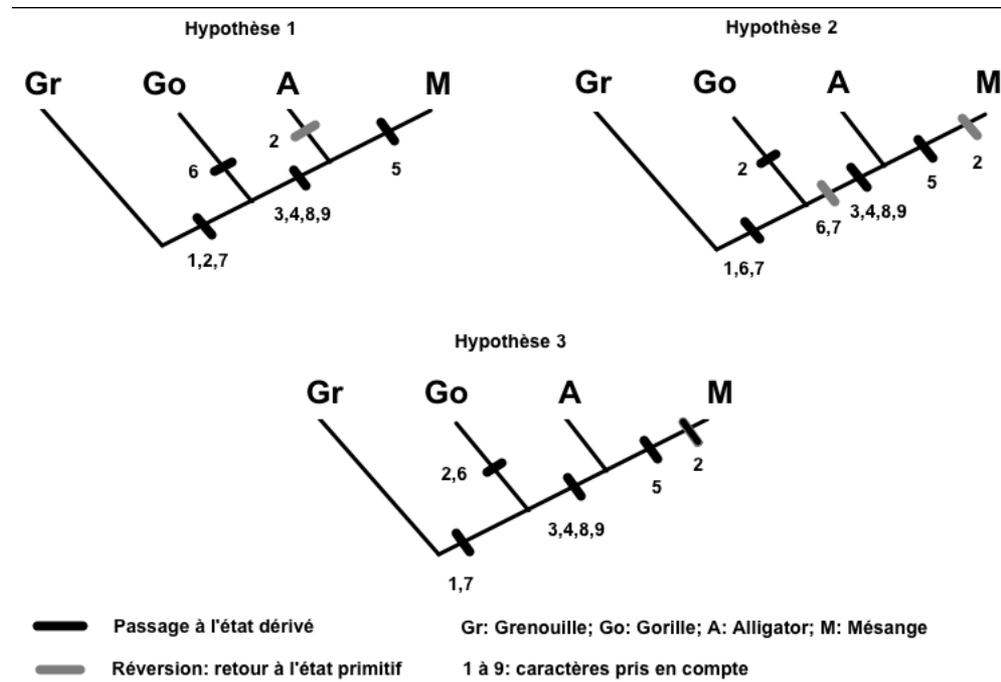
3: tétrapodes

4: vertébrés

N°	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Caractère/ espèce	Amnios	Homéothermie	Gésier	Mandibule, fenêtre	Plumes	Mamelles	Mucus sur la peau	Queue	Excrétion d'ornithine
Grenouille	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mésange	1	1	1	1	1	0	1	1	1
Alligator	1	0	1	1	0	0	1	1	1
Gorille	1	1	0	0	0	1	1	0	0
Lézard	1	0	0	0	0	0	1	1	1

N°	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Caractère/espèce	Amnios	Homéothermie	Gésier	Mandibule, fenêtre	Plumes	Mamelles	Mucus sur la peau	Queue	Excrétion d'ornithine
Grenouille	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mésange	1	1	1	1	1	0	1	1	1
Alligator	1	0	1	1	0	0	1	1	1
Gorille	1	1	0	0	0	1	1	0	0
Lézard	1	0	0	0	0	0	1	1	1

N°	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Grenouille	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Mésange	1	1	1	1	1	0	1	1	1
Alligator	1	0	1	1	0	0	1	1	1
Gorille	1	1	0	0	0	1	1	0	0



V. Exercices d'entraînement (*in Classification phylogénétique du vivant* *G Lecointre & H Le Guyader, Belin*)

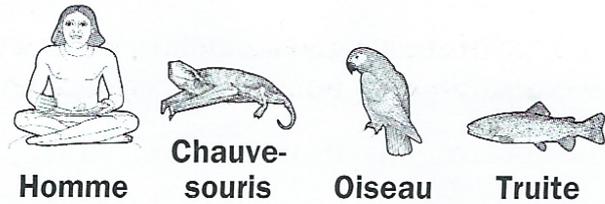
Exercice 1 : Construction d'un cladogramme

Le **document 1** ci-dessous présente six caractères ainsi que leurs états chez quatre vertébrés. Le **document 2** est la **matrice taxons/caractères** correspondante.

La truite est extérieure à l'ensemble (homme, oiseau, chauve-souris) grâce à une série d'informations extérieure à cette analyse.

A partir de l'analyse de ces données, proposez un cladogramme le plus parcimonieux possible pour les 3 espèces homme, oiseau et chauve-souris.

Construction d'un cladogramme



Matrice taxons/caractères

La truite est extérieure à l'ensemble (homme, oiseau, chauve-souris) grâce à une série d'informations extérieure à cette analyse.

	Homme	Chauve-souris	Oiseau	Truite
1 Mâchoire	0	0	0	0
2 Membres	1	1	1	0
3 Dents	0	0	1	0
4 Constitution de la mandibule	1	1	0	0
5 Réserves vitellines de l'œuf	1	1	0	0
6 Ailes	0	1	1	0

Matrice de caractères (voir texte). 1: mâchoire (présence/absence), 2: type d'appendices pairs (nageoire rayonnée/membre chiridien), 3: dents (présence/absence), 4: constitution de la mandibule (faite de plusieurs os dont le dentaire/mandibule exclusivement dentaire), 5: réserves vitellines de l'œuf (énormes/quasi-nulles), 6: appendice pair antérieur (aile/pas d'aile).

Par convention, on note 0 l'état de caractère trouvé dans l'extragroup

La présence des mâchoires ou d'un membre chiridien ne permet pas de discriminer 2 des 3 espèce du groupe d'étude

L'acquisition du caractère dérivé « absence de dents » est propre à un seul taxon.

Pas de regroupement sur la base de synapomorphies (caractères primifs partagés)

Caractères non informatifs

Caractères informatifs



Homme



Chauve-souris



Oiseau



Truite

	Homme	Chauve-souris	Oiseau	Truite
1 Mâchoire	0	0	0	0
2 Membres	1	1	1	0
3 Dents	0	0	1	0
4 Constitution de la mandibule	1	1	0	0
5 Réserves vitellines de l'œuf	1	1	0	0
6 Ailes	0	1	1	0



Prédateurs

Le maintien des proies peut être assuré par des crocs (canines) ou bien par séries de petites dents acérées dirigées vers l'intérieur de la bouche.



Les dents pharyngiennes: dents présentes sur le cinquième arc branchial

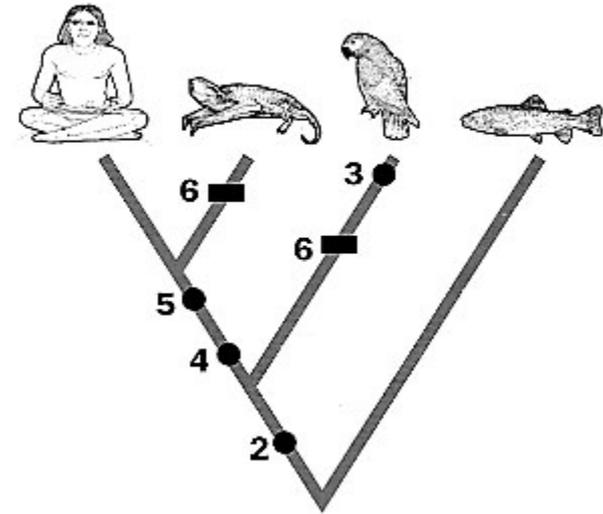
Herbivores

Une simple rangée de petites dents saillantes suffit pour arracher des végétaux au substrat (Saupes)

Détritivores

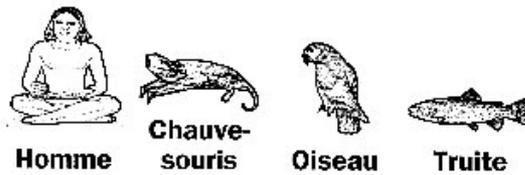
La présence de dents n'est pas indispensable; les Muges ne possèdent que des dents pharyngiennes qui ont un simple rôle de broyage.

	 Homme	 Chauve-souris	 Oiseau	 Truite
1 Mâchoire	0	0	0	0
2 Membres	1	1	1	0
3 Dents	0	0	1	0
4 Constitution de la mandibule	1	1	0	0
5 Réserves vitellines de l'œuf	1	1	0	0
6 Ailes	0	1	1	0



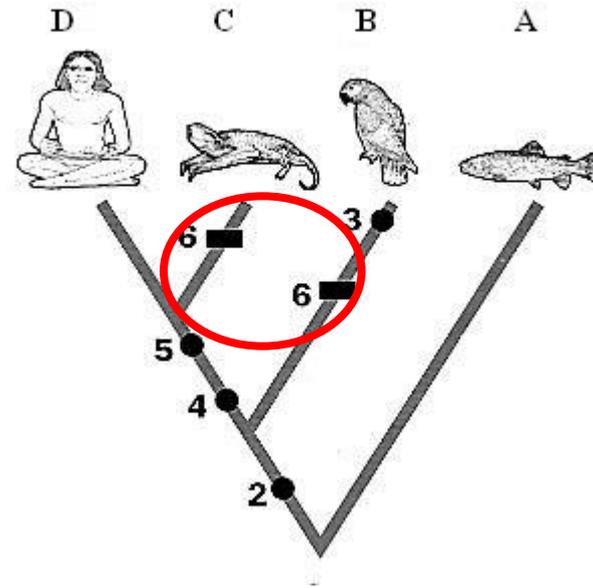
La truite est l'extra groupe:
l'arbre est raciné

Figure . Matrice de caractères (voir texte). 1: mâchoire (présence/absence), 2: type d'appendices pairs (nageoire rayonnée/membre chiridien), 3: dents (présence/absence), 4: constitution de la mandibule (faite de plusieurs os dont le dentaire/mandibule exclusivement dentaire), 5: réserves vitellines de l'œuf (énormes/quasi-nulles), 6: appendice pair antérieur (aile/pas d'aile).



	Homme	Chauve-souris	Oiseau	Truite
1				
Mâchoire	0	0	0	0
2				
Membres	1	1	1	0
3				
Dents	0	0	1	0
4				
Constitution de la mandibule	1	1	0	0
5				
Réserves vitellines de l'œuf	1	1	0	0
6				
Ailes	0	1	1	0

Figure . Matrice de caractères (voir texte). 1: mâchoire (présence/absence), 2: type d'appendices pairs (nageoire rayonnée/membre chridien), 3: dents (présence/absence), 4: constitution de la mandibule (faite de plusieurs os dont le dentaire/mandibule exclusivement dentaire), 5: réserves vitellines de l'œuf (énormes/quasi-nulles), 6: appendice pair antérieur (aile/pas d'aile).

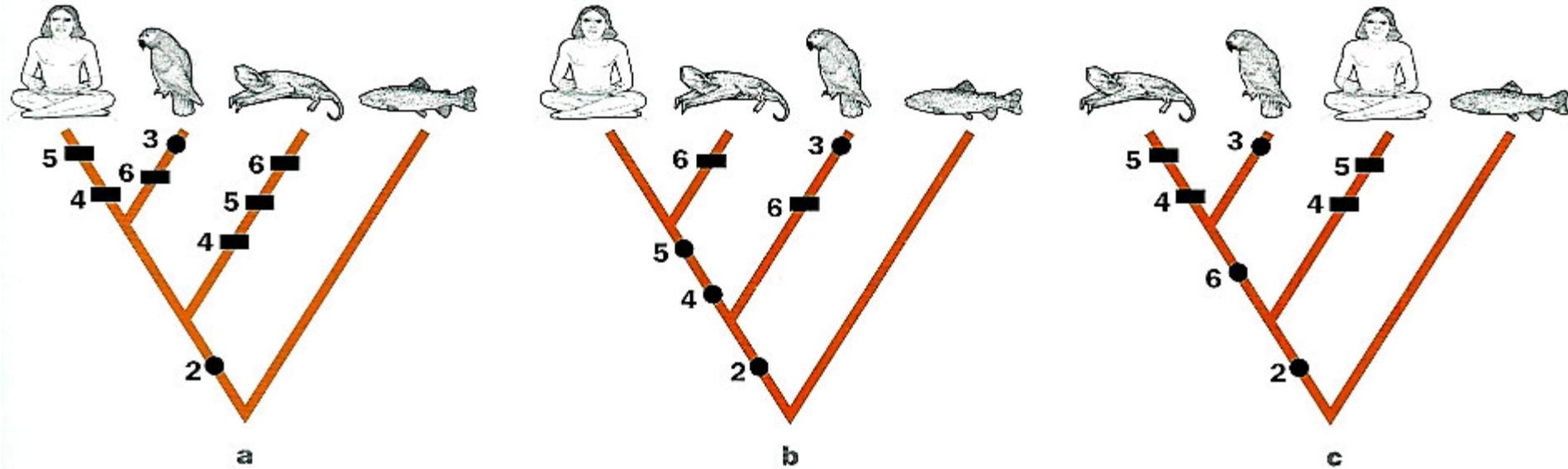


Homologie primaire réfutée

L' aile est apparue 2 fois dans l' histoire phylogénétique de l' échantillon de taxons :

c' est une homoplasie.

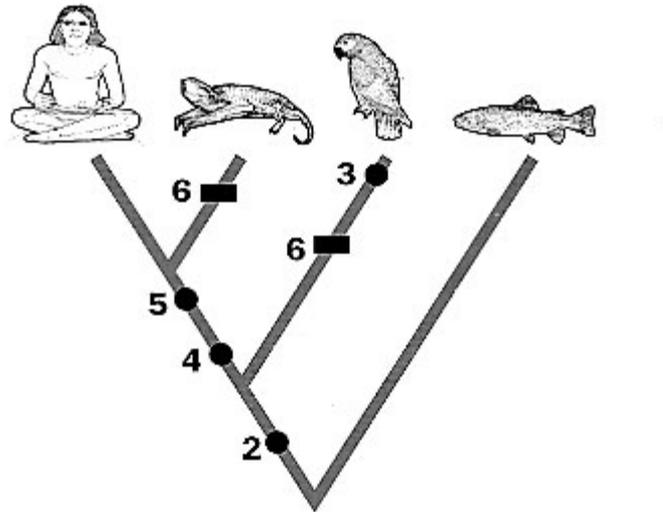
3 arbres possibles :
on retient l'arbre le plus parcimonieux en événements évolutifs
ET
où les nœuds sont porteurs d'innovations génétiques



(Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)

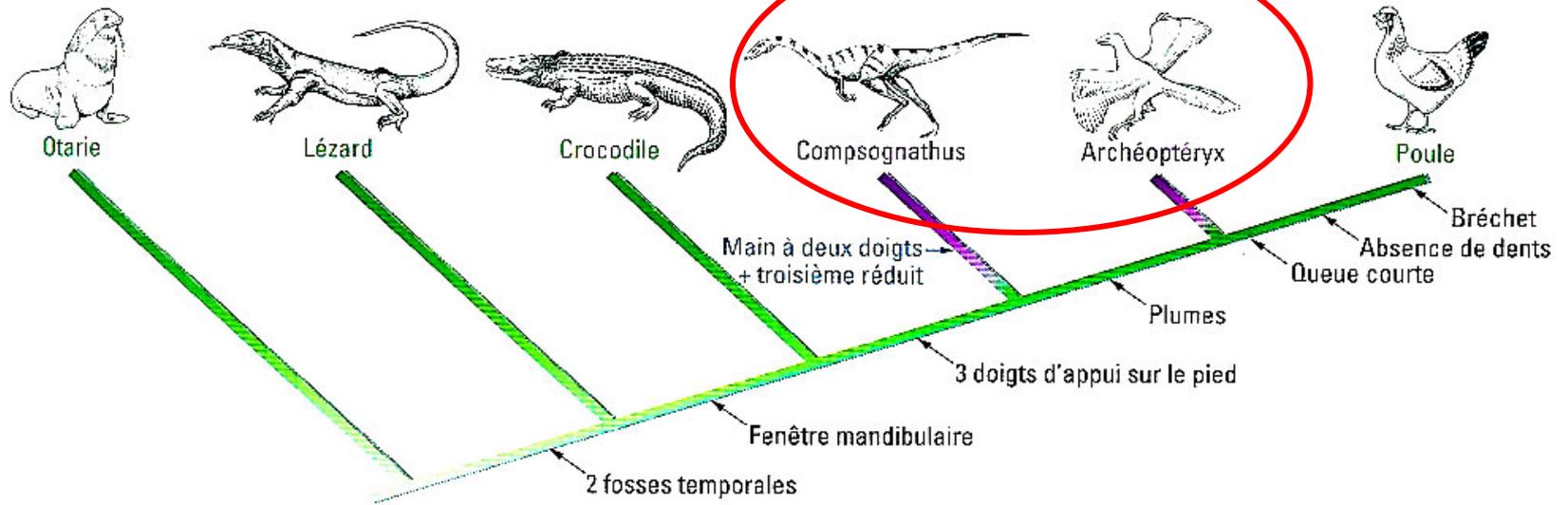
L'arbre suivant est le plus parcimonieux en événements évolutifs

NB : la parcimonie caractérise l'arbre et non l'évolution !



(Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)

La place des fossiles



Arbre phylogénétique comportant les fossiles archéoptéryx et *Compsognathus*.

(manuel TS Belin)

Phénogramme

Construction d'un phénogramme

Matrice de distances :

Les valeurs correspondent au nombre d'AA (ou de bases) différents entre les séquences étudiées divisé par le nombre de sites examinés (% de différence)

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

Matrice des distances =
% de différences entre
les organismes étudiés

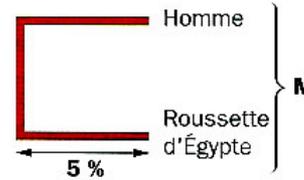
	Carpe commune	Homme	Roussette d'Égypte	Coq domestique
Carpe commune	0,00			
Homme	52,11	0,00		
Roussette d'Égypte	50,70	9,93	0,00	
Coq domestique	52,82	29,79	31,21	0,00

(Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)

Différentes méthodes permettent la construction de l'arbre. Elles sont rapides. La méthode UPGMA est la plus simple et peut être réalisée à la main.

	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

• Distance la plus petite :
 $d(\text{homme, roussette}) \approx 10\%$
 Racine à $10/2 = 5\%$



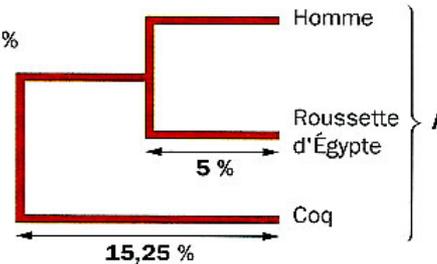
1° étape :
Recherche de la plus petite distance

• $d(\mathbf{M}, \text{carpe}) = (52,11 + 50,70)/2 = 51,40\%$
 $d(\mathbf{M}, \text{coq}) = (29,79 + 31,21)/2 = 30,5\%$

2° étape : on recalcule les distances pour **M** le nouvel ensemble homme + roussette

	M	Carpe	Coq
M	0,00		
Carpe	51,4	0,00	
Coq	30,5	52,82	0,00

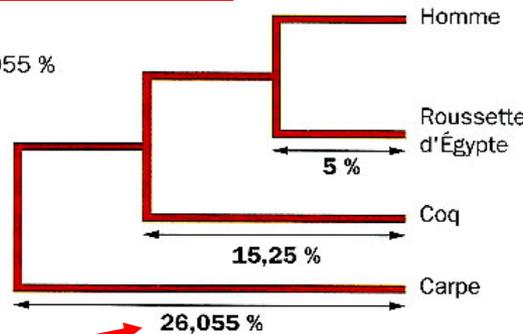
• Distance la plus petite :
 $d(\mathbf{M}, \text{coq}) = 30,5\%$
 Racine à $30,5/2 = 15,25\%$



3° étape :
Recherche de la nouvelle plus petite distance

• $d(\mathbf{A}, \text{carpe}) = (52,82 + 51,4)/2 = 52,11\%$
 Racine à $52,11/2 = 26,055\%$

	A	Carpe
A	0,00	
Carpe	52,11	0,00



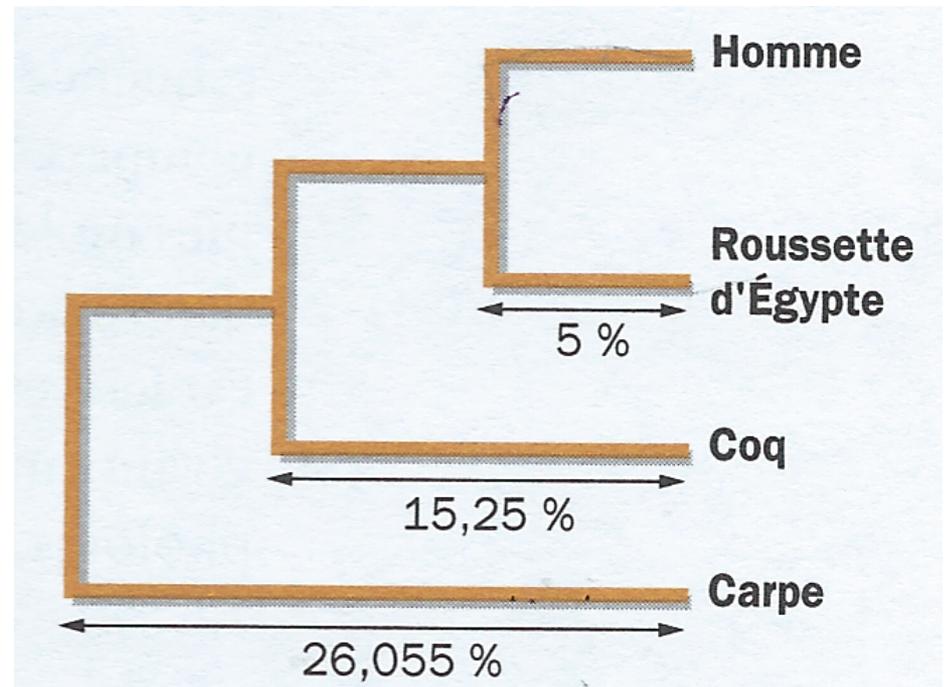
4° étape : on recalcule pour **A = ensemble M+coq**

Figure 14. Calcul d'un arbre par la méthode UPGMA. Les matrices de distances sont tirées des séquences (fig. 13). Le nombre donné est un pourcentage d'acides aminés différents entre deux séquences.

	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

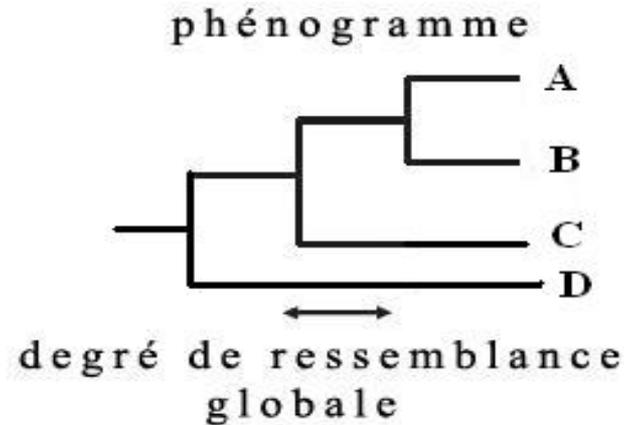
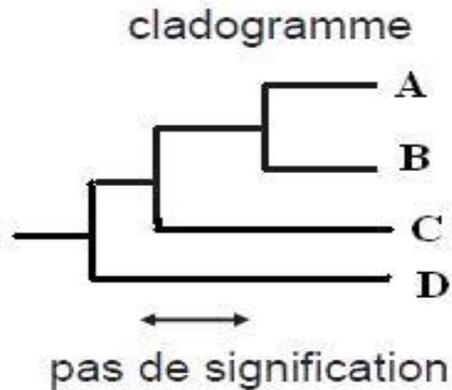
Un phénogramme

Les données de séquences ne sont pas forcément analysées à l'aide de distances et peuvent faire l'objet d'une approche cladistique !!!



(Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)

Quelle différence entre un cladogramme et un phénogramme ?
L' image peut être la même mais la méthode et l'interprétation
diffèrent



→ En phénétique , il n'y a pas de « pari » c'est à dire de référence à un modèle d'évolution.

→ La phénétique ne se soucie pas du fait que la ressemblance globale résulte d'une combinaison:

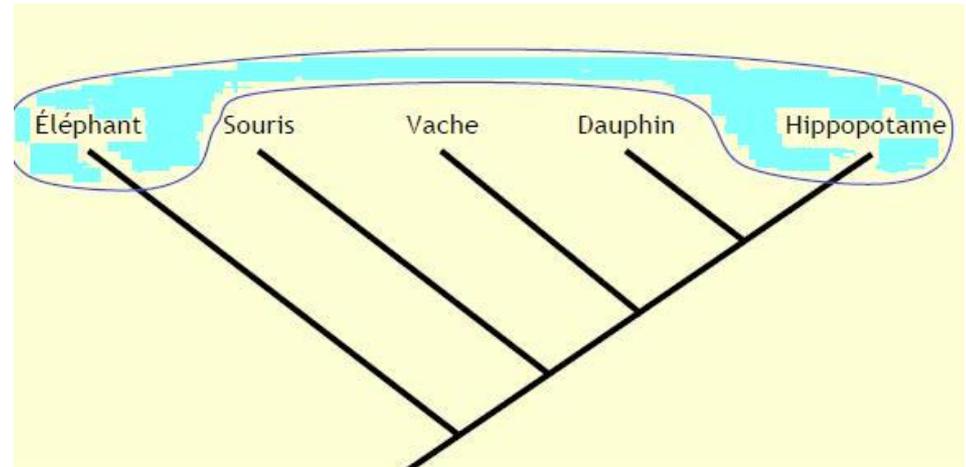
✓ d'homologies II (phylogénétiquement parlant)

✓ d'homoplasies (sans signification phylogénétique)

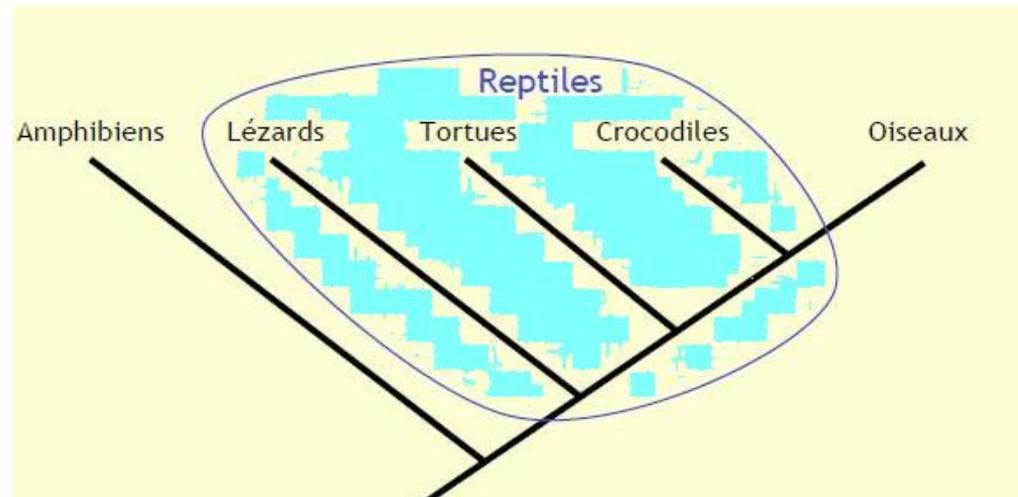
✓ de partage de caractère à l'état primitif (sans signification phylogénétique)

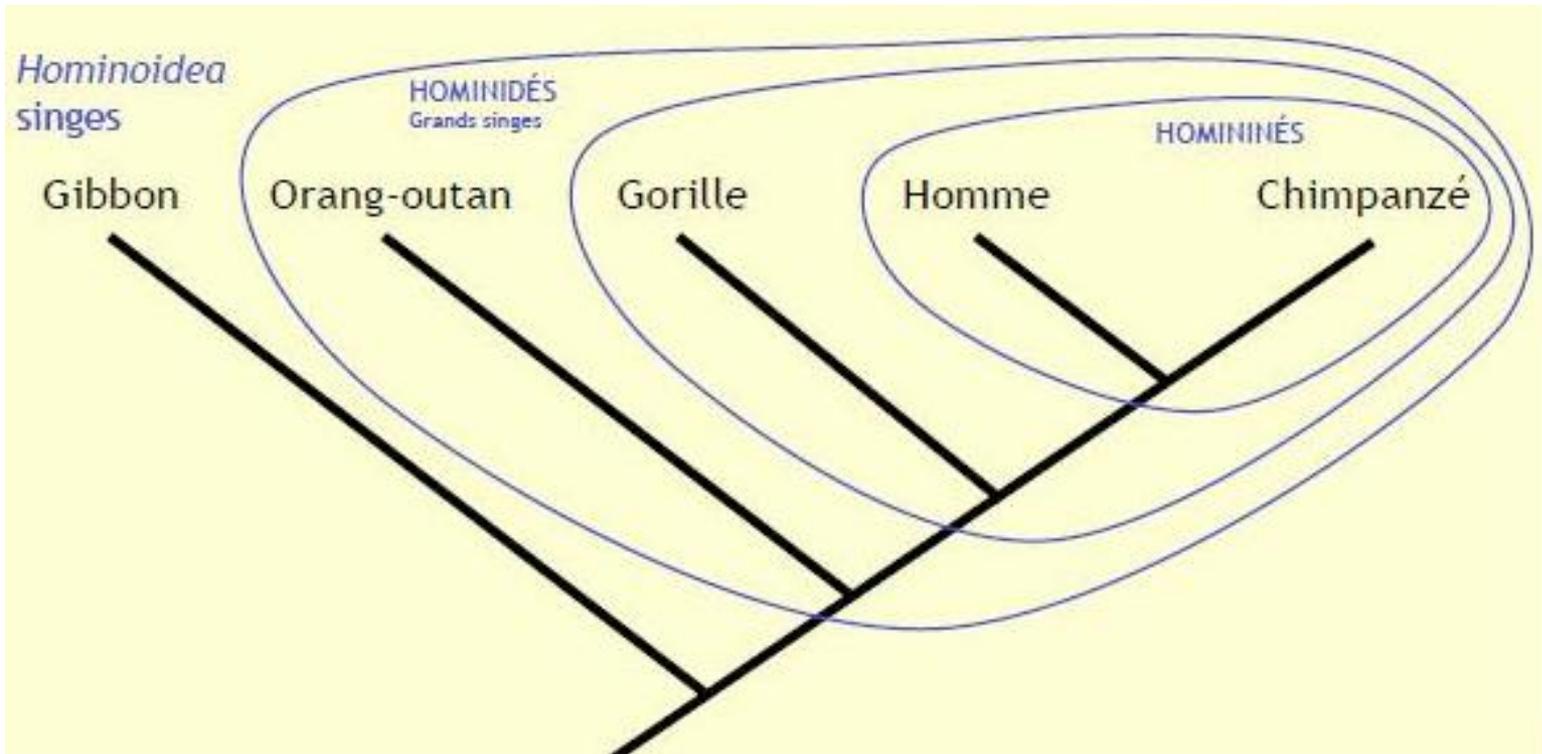
Si dans le jeu de données étudié, il n'y a pas d'homoplasies alors le degré de similitude globale reflète le degré de parenté et le phénogramme et le cladogramme sont identiques.

S'il y a de l'homoplasie dans les données, le phénogramme fabrique des groupes dits polyphylétiques en cladistique.



Si les données contiennent beaucoup de caractères à l'état primitif, le phénogramme fabrique des groupes dits paraphylétiques.





Groupe monophylétique (= clade) qui comprend un ancêtre commun exclusif et hypothétique et tous ses descendants

GROUPES

polyphylétique

monophylétique

paraphylétique

groupe monophylétique, paraphylétique ou polyphylétique ?

