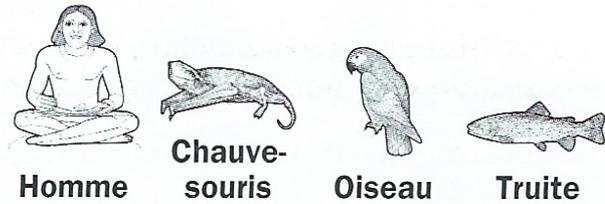


Cladogramme

Construction d'un cladogramme



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

Matrice taxons/caractères

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

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

Caractères non informatifs

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 informatifs

	 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

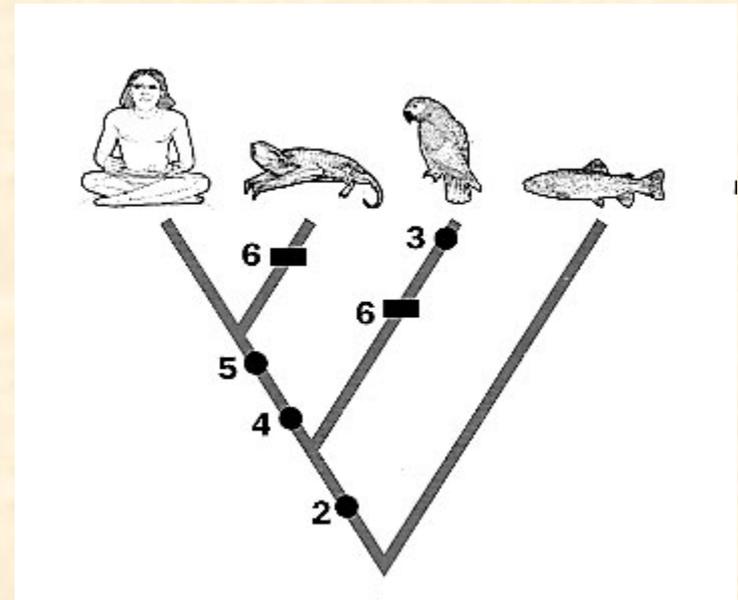
Une simple rangée de petites dents saillantes suffit pour arracher des végétaux au substrat (Saupes)

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

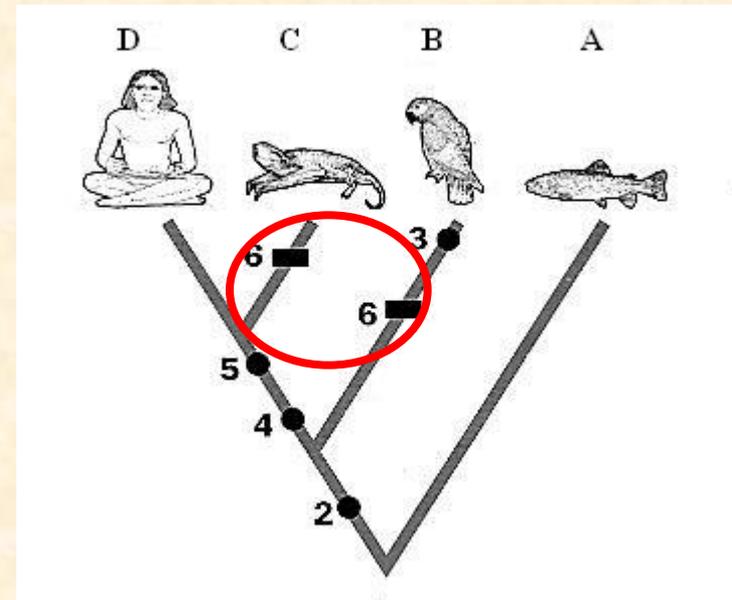
Figure . Matrice de caractères (voir texte). 1: mâchoire (présence/absence), 2: type d'appendices pairs (nageoire rayonnée/membre chiridien), 3: dents (présence/absence), 4: constitution de la mandibule (faite de plusieurs os dont le dentaire/mandibule exclusivement dentaire), 5: réserves vitellines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



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

	 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).

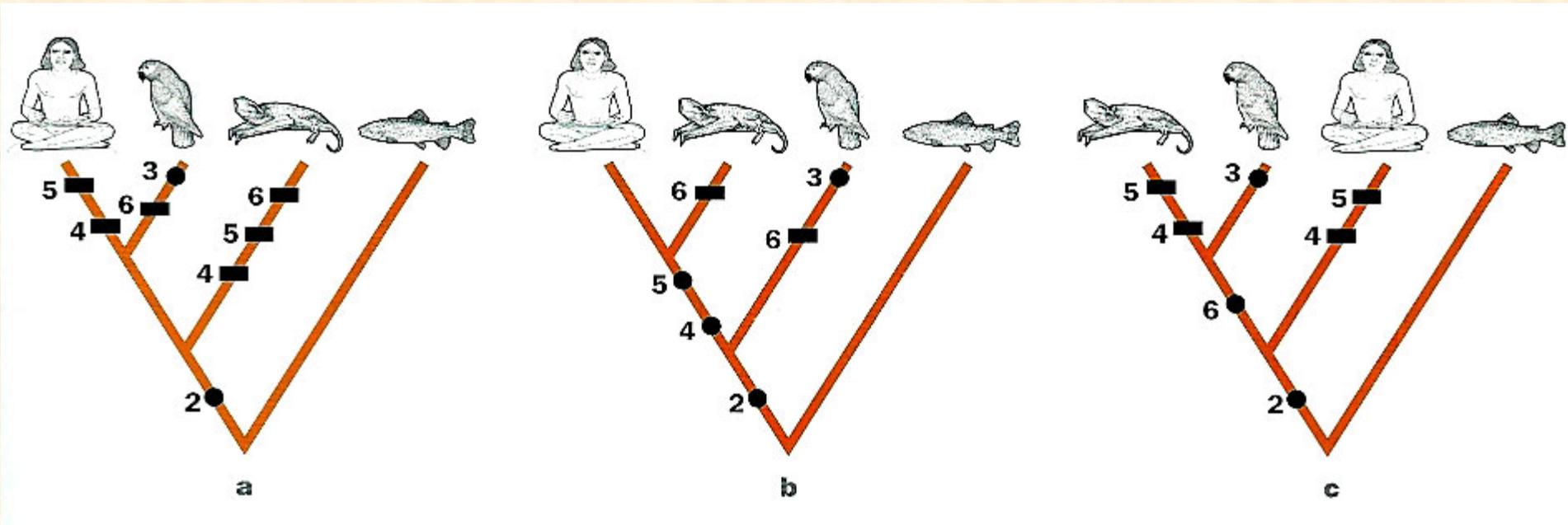


Homologie primaire réfutée

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

c' est une homoplasie.

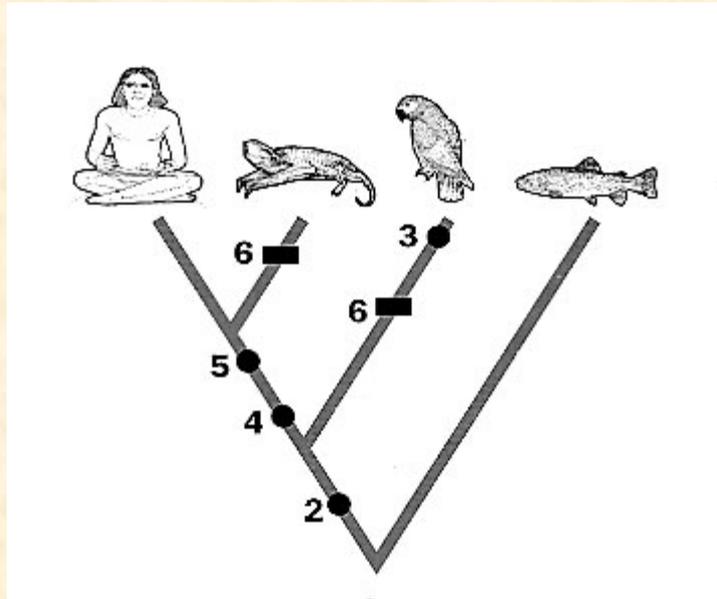
3 arbres possibles :
on retient l'arbre le plus parcimonieux en événements évolutifs
ET
où les nœuds sont porteurs d'innovations génétiques



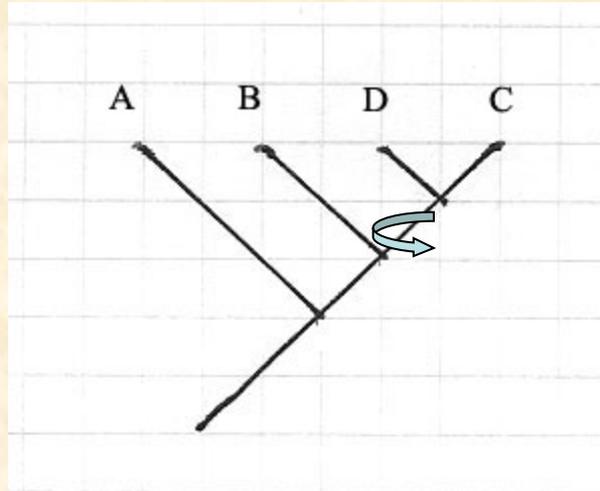
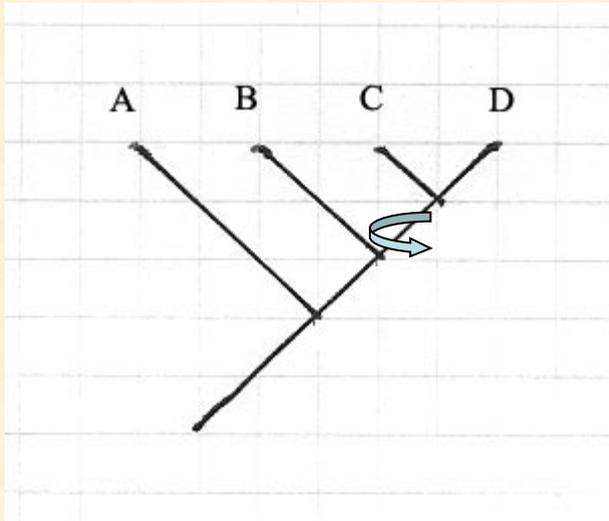
(Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)

L'arbre suivant est le plus parcimonieux en événements évolutifs

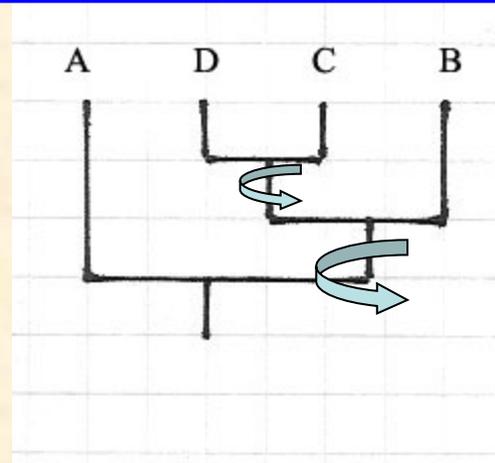
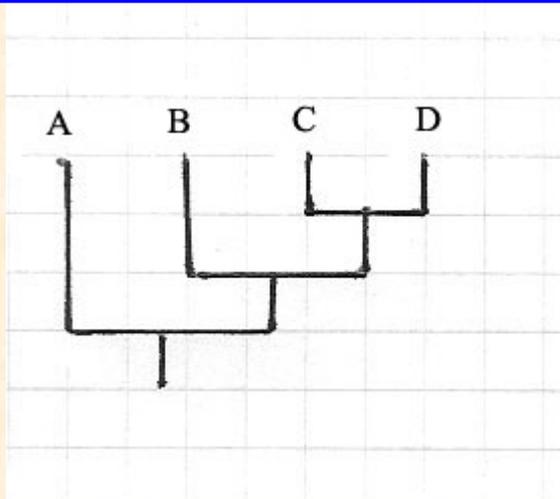
NB : la parcimonie caractérise l'arbre et non l'évolution !



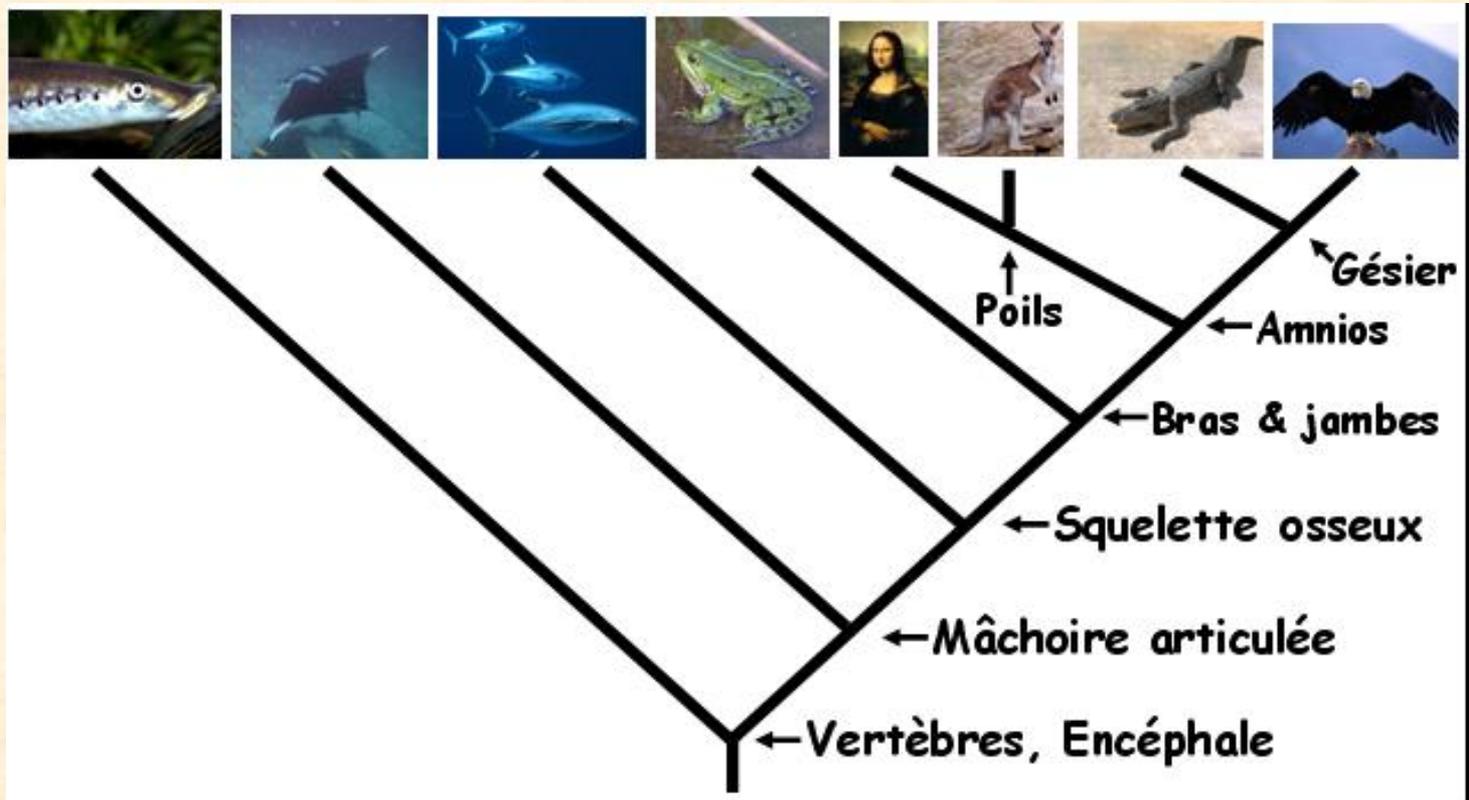
(Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)



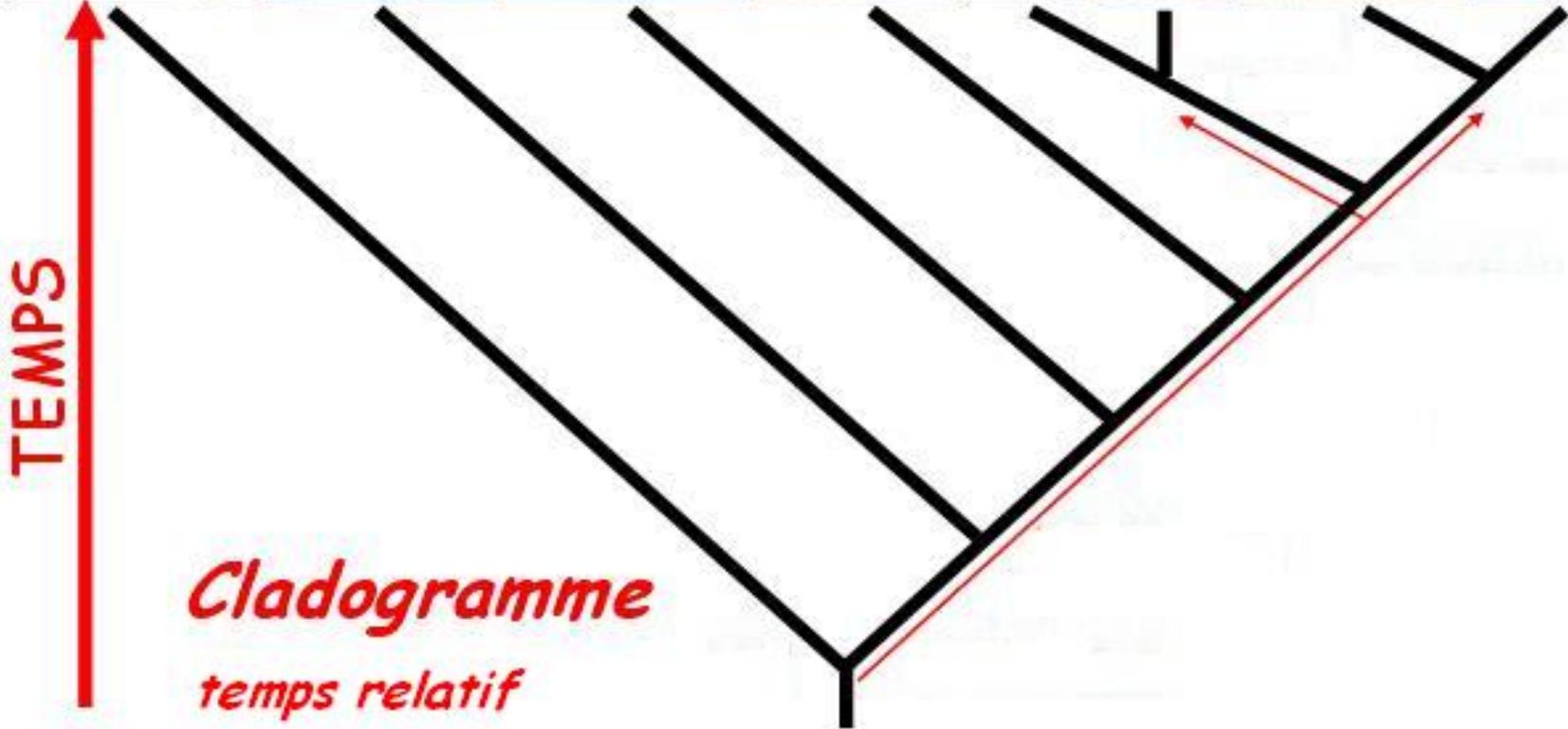
4 cladogrammes identiques: de forme en « V » ou en « U » et avec rotation au niveau des nœuds



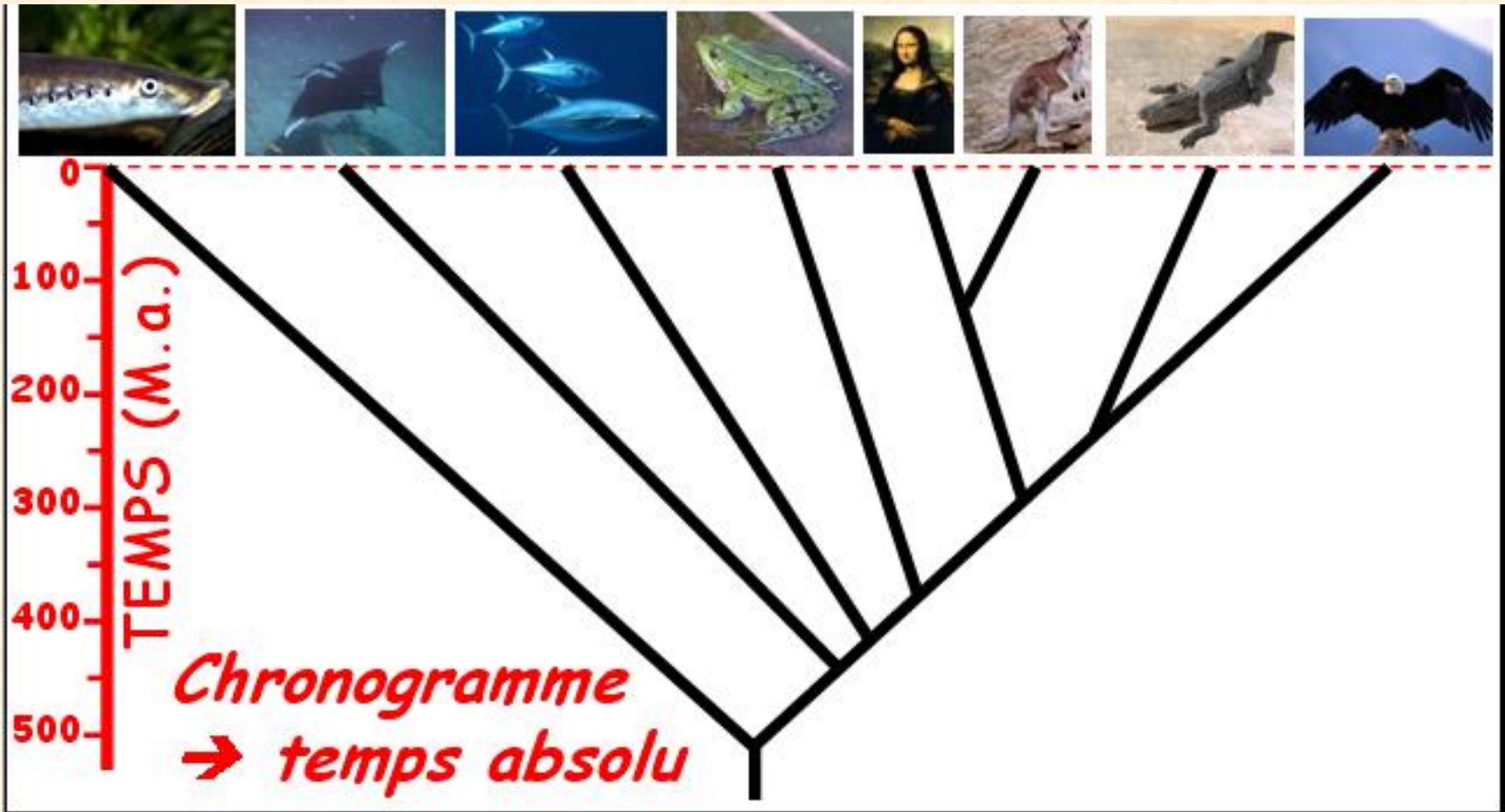
Dans un cladogramme chaque nœud peut-être renseigné



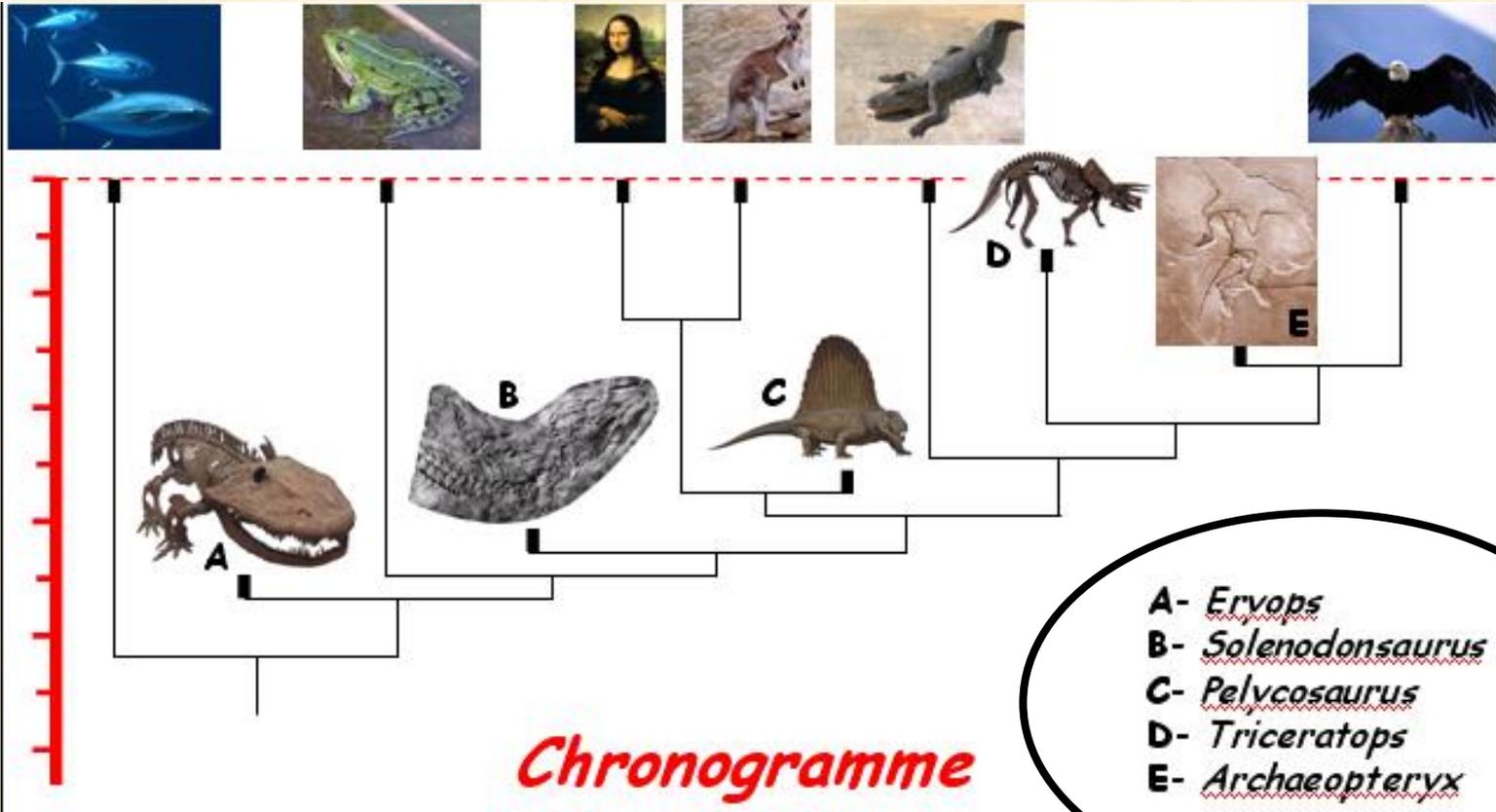
(Gilles Escarguel)



(Gilles Escarguel)



(Gilles Escarguel)

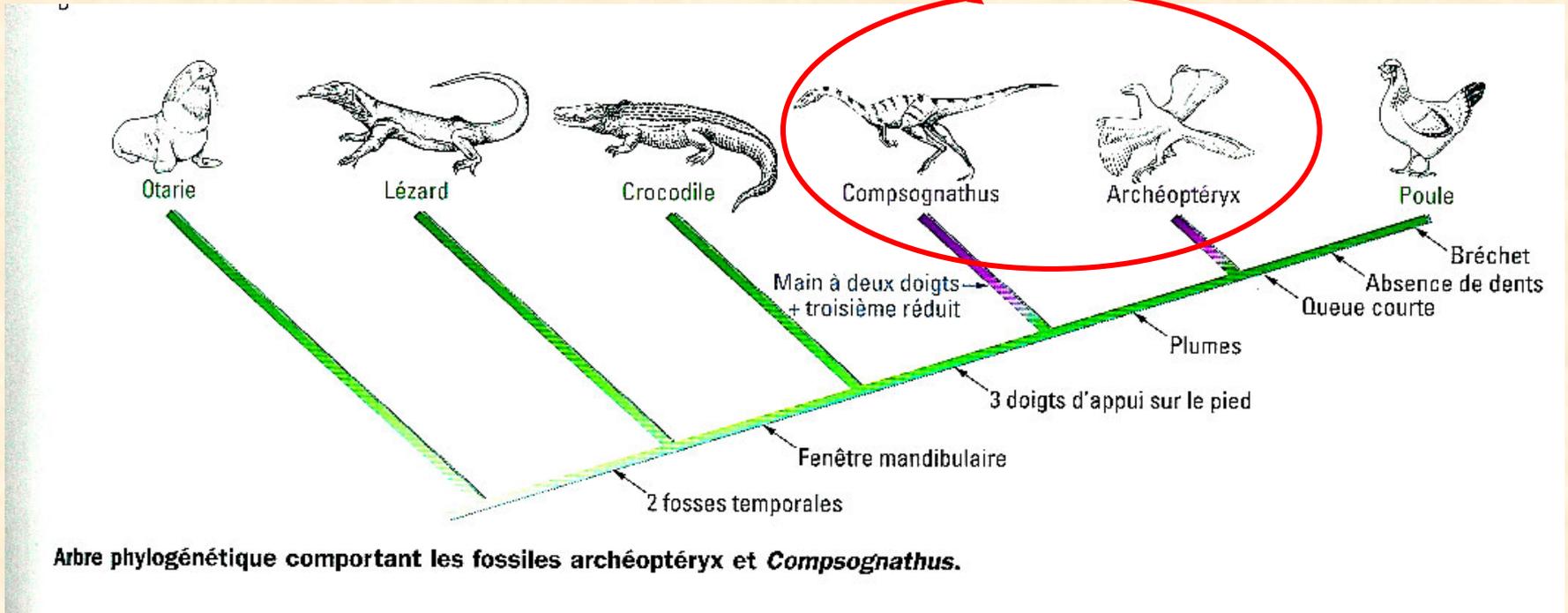


(Gilles Escarguel)

La place des fossiles



La place des fossiles



(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

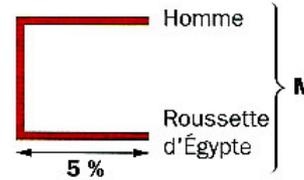
	Carpe commune	Homme	Roussette d'Égypte	Coq domestique
Carpe commune	0,00			
Homme	52,11	0,00		
Roussette d'Égypte	50,70	9,93	0,00	
Coq domestique	52,82	29,79	31,21	0,00

(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 $10/2 = 5\%$



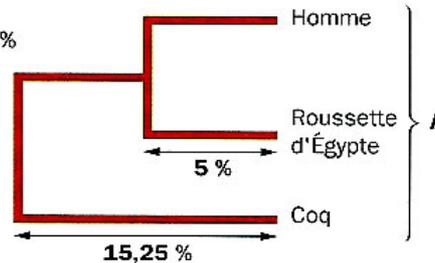
1° étape :
 Recherche de la plus petite distance

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

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

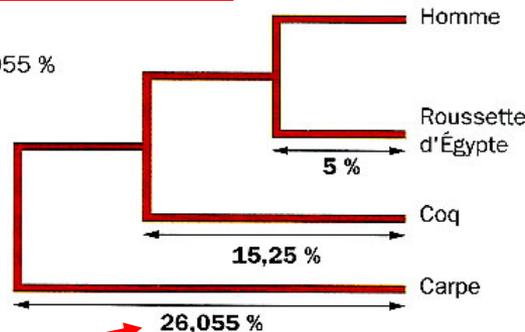
• Distance la plus petite :
 $d(\mathbf{M}, \text{coq}) = 30,5\%$
 Racine à $30,5/2 = 15,25\%$



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



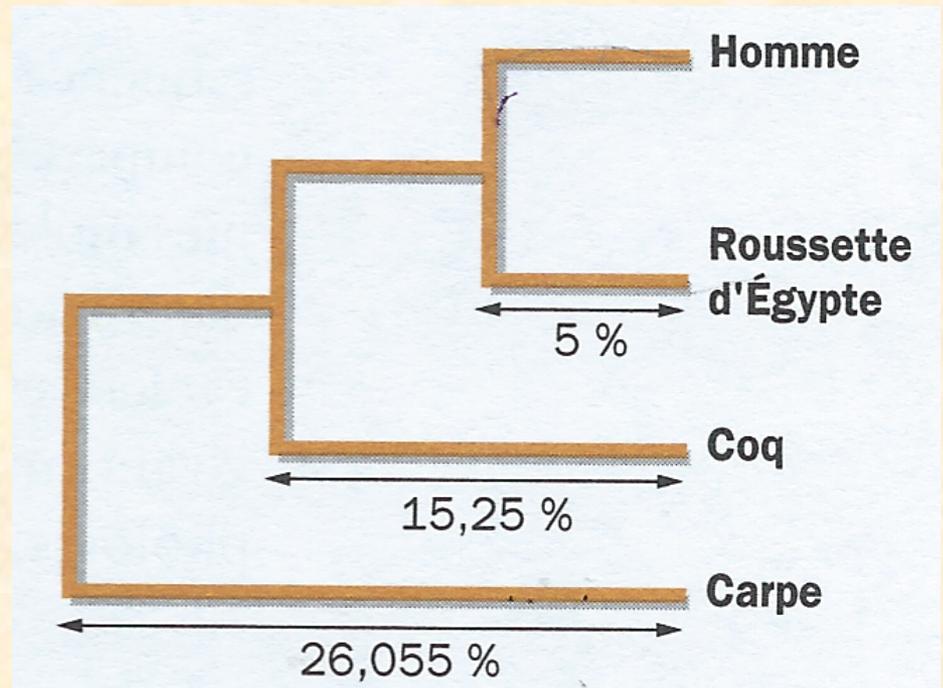
4° étape : on recalcule pour **A** = ensemble **M+coq**

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

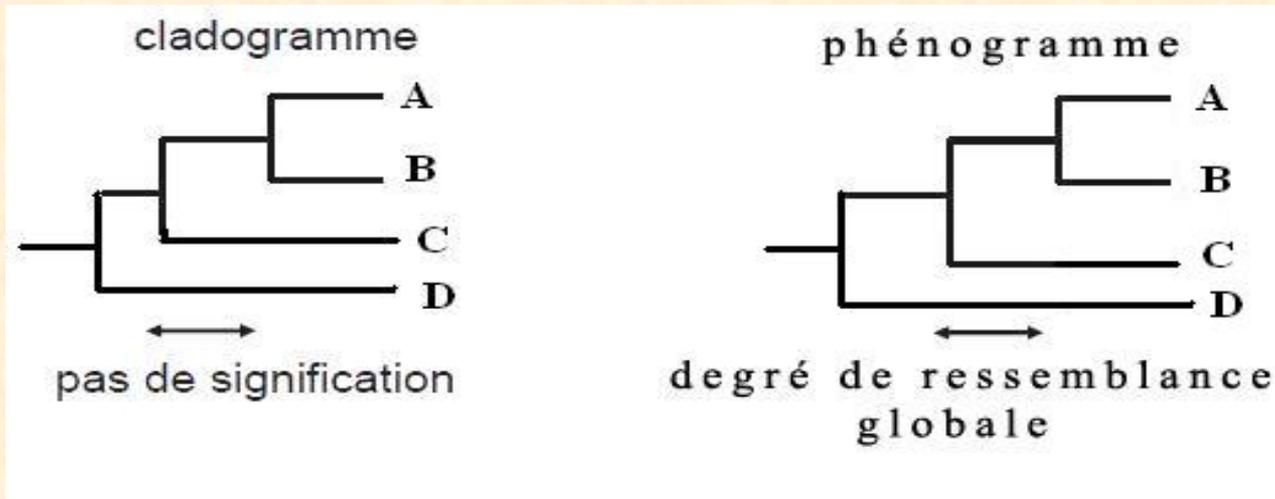
Un phénogramme

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



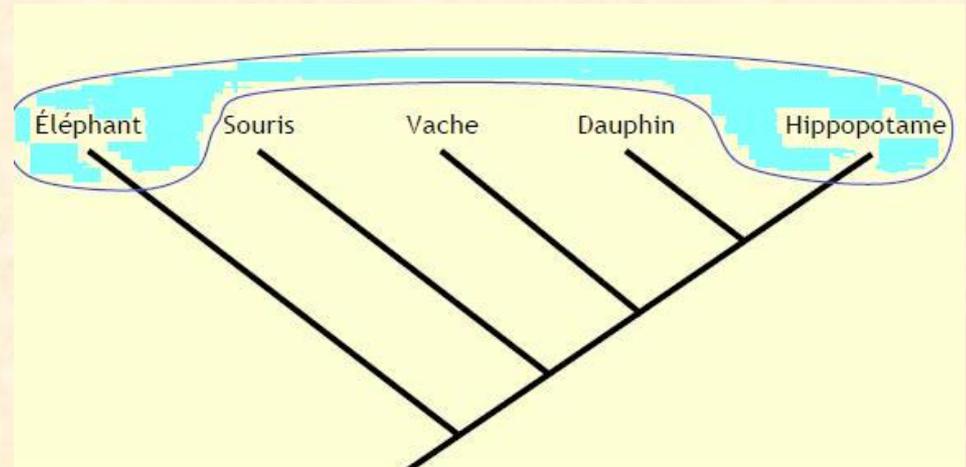
→ En phénétique , il n' y a pas de « pari » c' est à dire de référence à un modèle d' évolution.

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

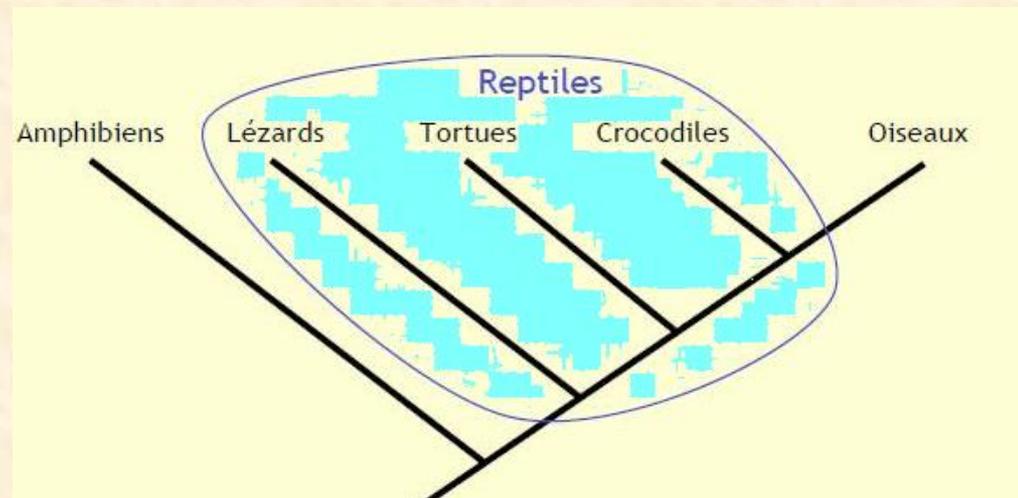
- ✓ d' homologues II (phylogénétiquement parlant)
- ✓ d' homoplasies (sans signification phylogénétique)
- ✓ de partage de caractère à l' état primitif (sans signification phylogénétique)

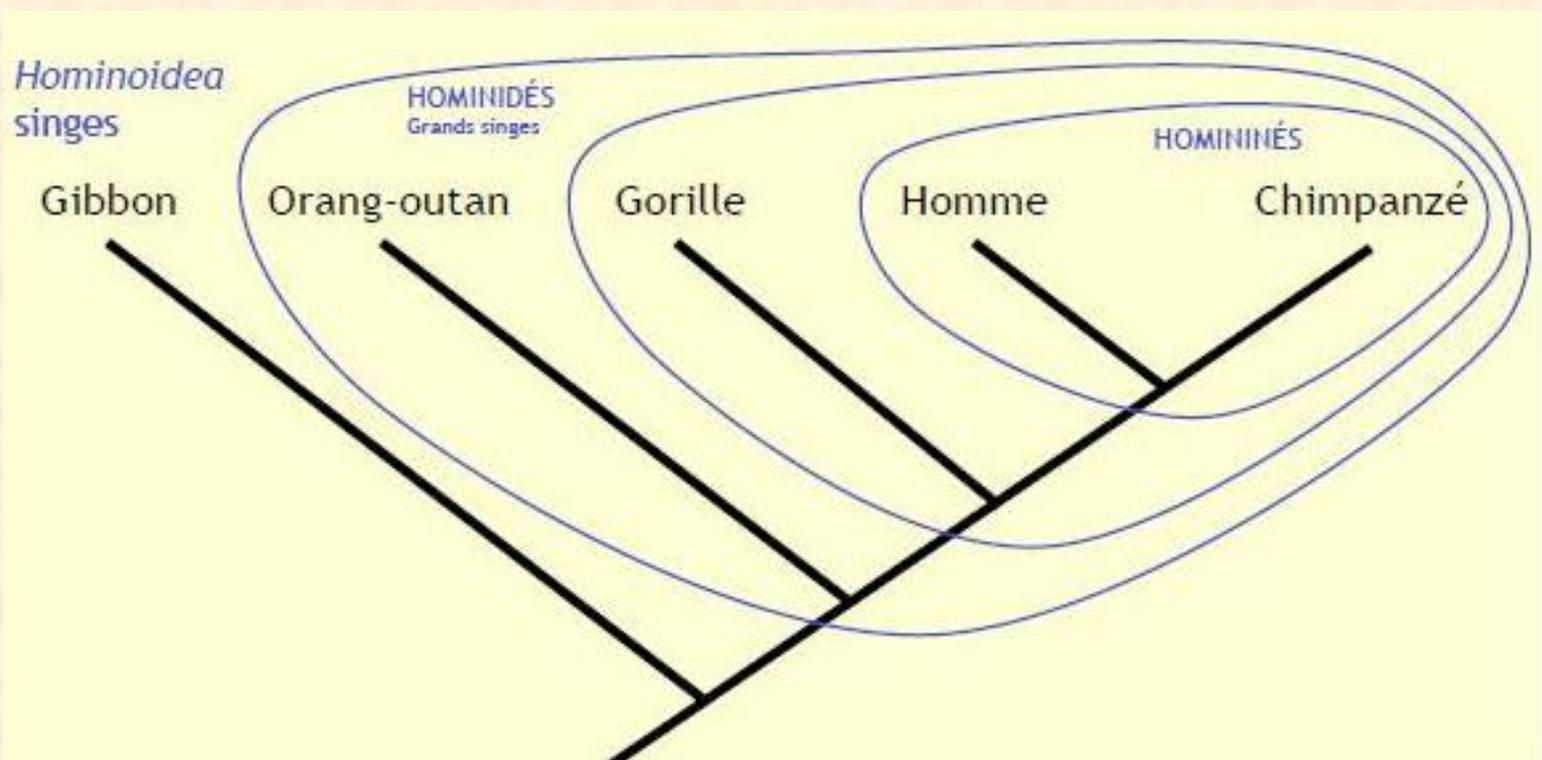
Si dans le jeu de données étudié, il n'y a pas d'homoplasies alors le degré de similitude globale reflète le degré de parenté et le phénogramme et le cladogramme sont identiques.

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 ?

