

**SV-K-2 : Une approche phylogénétique de la biodiversité.
SV-K-2-1 : TP Classer la biodiversité.**

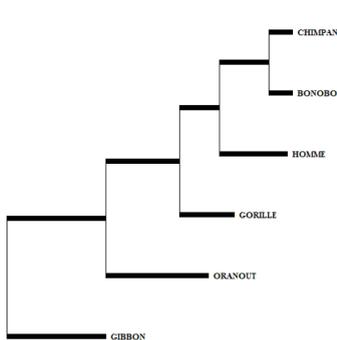
CORRIGÉ

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

1. La présence d'un pouce opposable et d'ongle à la terminaison des doigts sont les deux caractères qui permettent de placer un organisme les possédant parmi les primates.
2. A partir des résultats obtenus, il n'est pas possible à partir des données morpho-anatomiques d'établir des liens de parentés entre H, Ch, Go, OO et Gi car ils possèdent tous les mêmes états de caractères à l'état dérivés c'est à dire le même ancêtre commun. Ceci montre l'utilité des données moléculaires pour préciser les degrés de parenté entre les espèces du groupe d'étude.

II. Utiliser une méthode de distance NJ

1. La COX2 (cytochrome oxydase) est une enzyme indispensable à la respiration cellulaire. Elle est présente chez tous les êtres vivants. C'est donc une molécule intéressante pour comparer les organismes vivants car elle n'est pas spécifique à l'un deux et elle est universellement représentée. La comparaison des séquences protéiques de COX2 pour différents primates a permis de construire l'arbre moléculaire ci-dessus.
- 2.



Méthode NJ pour COI primates



Méthode NJ pour COI primates

3. La longueur des branches est proportionnelle au pourcentage de différences (c'est-à-dire de mutations) dans les séquences protéiques des espèces étudiées. Les données moléculaires utilisées ici montrent que le plus proche parent de l'homme est le poulet.
4. Il est probable que "l'horloge moléculaire" diffère selon les protéines considérées et donc les gènes qui les codent. Le taux de mutation n'est pas nécessairement le même pour ces deux protéines. Le **taux de mutation**, communément noté μ , compris entre 10^{-11} et 10^{-4} , est une estimation de la probabilité qu'une mutation se produise par division cellulaire. Il représente la probabilité qu'une mutation se produise au cours de la vie d'une cellule bactérienne. Il ne faut pas le confondre avec la **fréquence de mutation**, proportion de cellules mutantes présentes dans une culture.

III. Construction d'un arbre par méthode phénétique

	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-Mais	EM	Hom	Poi	Pol
A=Blé-Mais					
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-Mais (A)

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

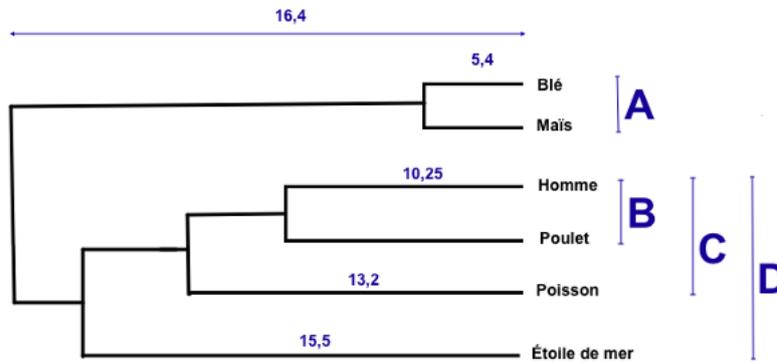
Calcul par rapport au couple Homme-Poulet (B)

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

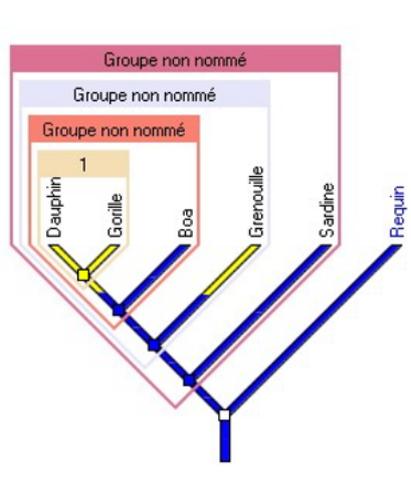
Calcul par rapport au couple B-poisson (C)

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

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



IV. Utiliser la méthode cladistique.



Problème des doigts : régression chez le boa
 1 : Mammifères ; 2 : amniotes ; 3 : tétrapodes ; 4 : vertébrés

Utilisation de la méthode de parcimonie

- Le choix de la grenouille comme extragroupe se justifie car c'est le seul organisme parmi ceux étudiés pour lequel tous les caractères sont à l'état primitif. L'amnios étant une adaptation à la vie aérienne qui a eu lieu très tôt dans l'évolution des Tétrapodes, cela suggère que séparation vis-à-vis des autres taxons a eu lieu lors de la conquête du milieu terrestre.
- Connaissant l'extragroupe, codez les caractères dans le tableau ci-dessous en notant 0 l'état ancestral (primitif) et 1 l'état dérivé.
- Quels sont les caractères informatifs, que vous retiendrez seuls dans la suite ?
 Le caractère 1 n'est pas informatif car il ne permet pas de discriminer les 4 espèces du groupe d'étude.
 Le caractère 5 n'est pas informatif car il ne permet pas de produire un regroupement au sein du groupe d'étude car la méthode cladistique n'autorise pas de regroupements sur la base de caractères primitifs partagés (symplesiomorphies)
 Le caractère 6 est une autapomorphie i.e un caractère à l'état dérivé propre à un seul taxon (Gorille)
 Les caractères 2,3,4,8 et 9 sont informatifs car ils présentent au moins deux fois l'état dérivé au sein du groupe d'étude.

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

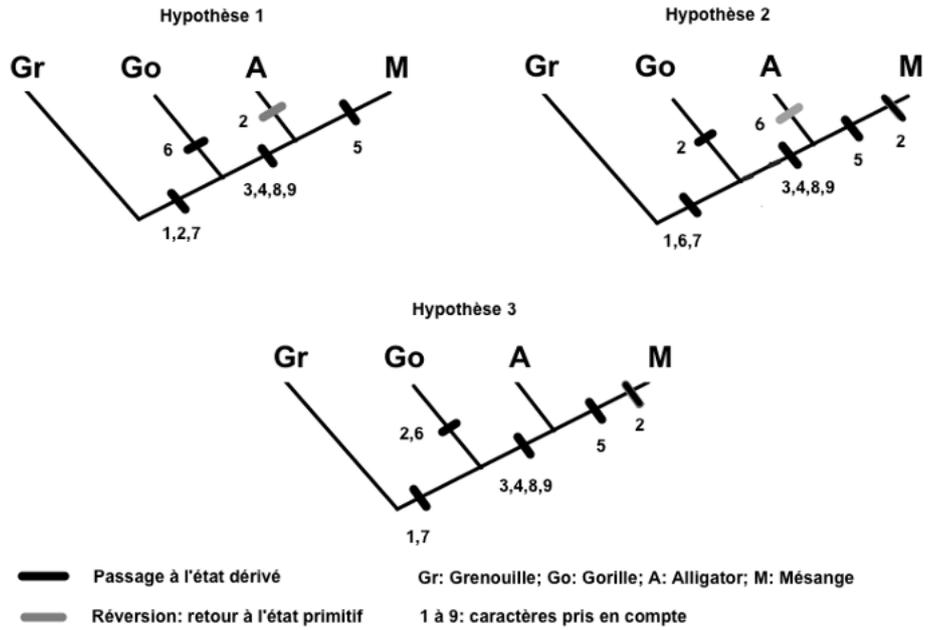
4. Dessinez les **trois arbres possibles** pour les taxons Mésange, Gorille et Alligator, en prenant Grenouille comme **extragroupe**.

5.

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

6. Placez les **transformations évolutives** (changements d'état des caractères) sur les différents arbres.

7. L'arbre 1 est le plus parcimonieux car il montre une seule réversion pour le caractère 2 chez l'alligator.

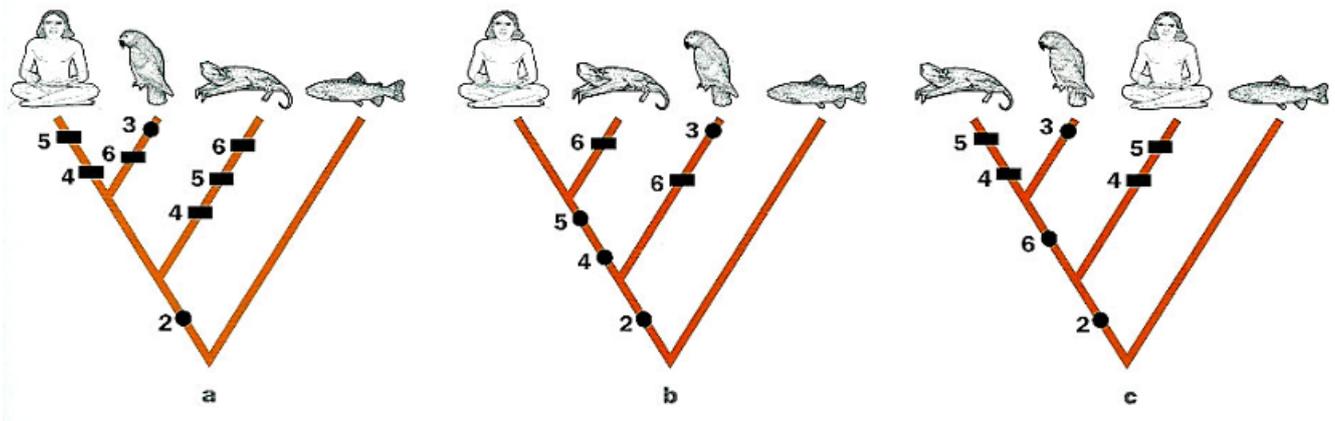


V. Exercices d'entraînement

Exercice 1 (Guide critique de l'évolution G Lecointre chez Belin)

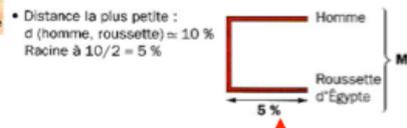
3 arbres sont possibles. Nous retenons l'arbre le plus parcimonieux en événements évolutifs et où les nœuds sont porteurs d'innovations génétiques. L'arbre 2 est le plus parcimonieux car le plus économique en événements évolutifs (apparition de l'état dérivé du caractère 6 dans 2 lignées différentes).

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



Exercice 2

	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

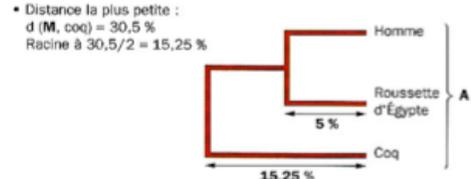


1° étape : Recherche de la plus petite distance

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

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

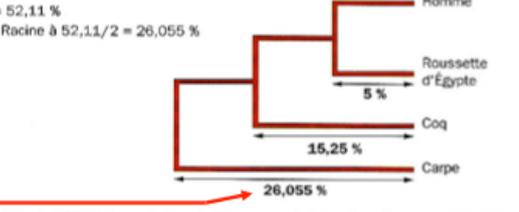


3° étape : Recherche de la nouvelle plus petite distance

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

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

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



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

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

