

UNITÉ ET DIVERSITÉ DES ÊTRES VIVANTS

LA CLASSIFICATION PHYLOGÉNÉTIQUE

1

RÉFÉRENCES PROGRAMMES

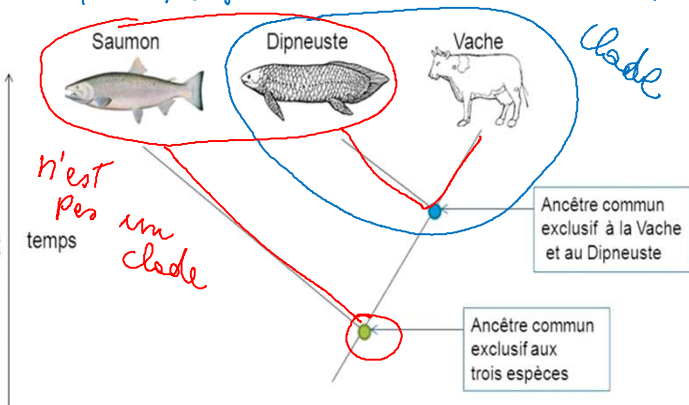
- Sciences générales UAA8 - «De la génétique à l'évolution »
 - Retrouver des liens de parenté entre êtres vivants à partir de données anatomiques, embryologiques, moléculaires ou paléontologiques.
 - Expliquer à l'aide d'un arbre phylogénétique (par exemple : celui des vertébrés) que la classification scientifique actuelle des êtres vivants se fonde sur la théorie de l'évolution.
- Sciences de base UAA5 - « De la génétique à l'évolution »
 - Retrouver des liens de parenté entre êtres vivants à partir de données anatomiques, embryologiques, moléculaires ou paléontologiques.
 - Interpréter la structure d'un arbre phylogénétique.

2

CLADES ET ARBRES...

- Il existe une variété de méthodes pour la classification des êtres vivants
- La méthode la plus utilisée par les scientifiques contemporains est la systématique phylogénétique ou CLADISTIQUE.

Un **clade** (groupe **monophylétique**) est un groupe dont tous les membres sont plus apparentés entre eux qu'avec n'importe quel autre groupe.



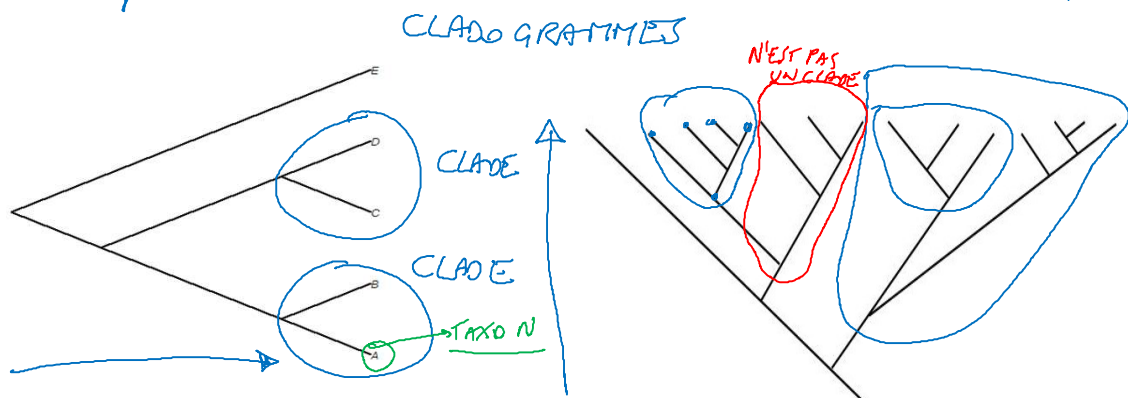
3

Un cladogramme (arbre phylogénétique) est

un ensemble de clades

Le cladogramme spécifie des relations de

degrés de parenté entre les taxons qu'il classe.

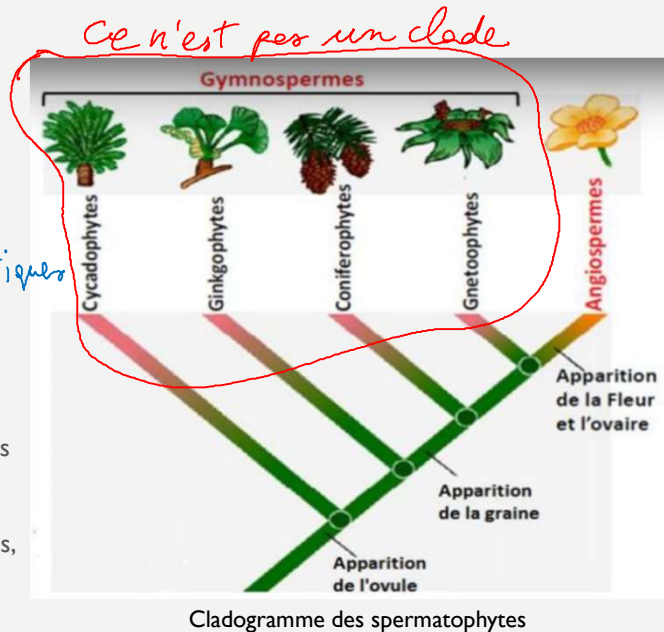


4

Un taxon est

*Un ensemble
d'organismes vivants
ayant certaines caractéristiques
en commun.*

Exemples de taxons (en latin pour les noms scientifiques) : les angiospermes, les mammifères, les vertébrés, les insectes, les félins, les primates, *Homo sapiens*, les plantes, les angiospermes, les champignons, *Rosales*, *Liliopsida*...



5

CONSTRUCTION DES ARBRES PHYLOGÉNÉTIQUES

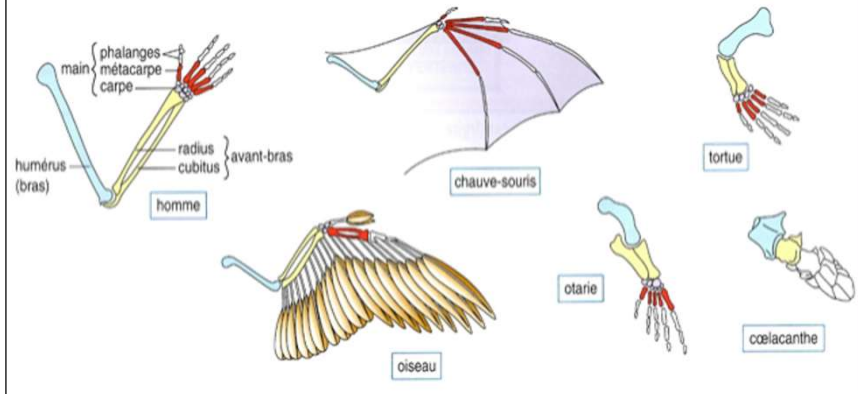
- Chaque branchement d'un arbre phylogénétique est justifié par une ou plusieurs *innovations évolutives*
- Les nœuds de l'arbre phylogénétique représentent des populations d'**ancêtres communs** à partir desquelles **vont émerger deux groupes différant par leurs caractéristiques** (formation de **nouvelles espèces**).
- Une **structure commune** à tout un ensemble d'organismes constitue un argument pour penser que ces organismes possèdent un ancêtre commun chez lequel une telle structure existait (par exemple les glandes mammaires chez les mammifères...).

6

La parenté entre les espèces est révélée par le partage de

certaines ressemblances entre ces espèces
(structures homologues)

HOMOLOGIE : MÊME PLAN D'ORGANISATION



Par exemple les membres antérieurs des vertébrés sont des structures homologues, c'est-à-dire qu'elles peuvent différer d'apparence et de fonction mais qu'elles dérivent toutes de la même partie du corps d'un ancêtre commun car les mêmes os de base se retrouvent et sont agencés de la même manière (ailes des chauve-souris, bras de l'Homme, palette natatoire de la baleine...).

7



Analogie = même fonction, mais plan d'organisation différent

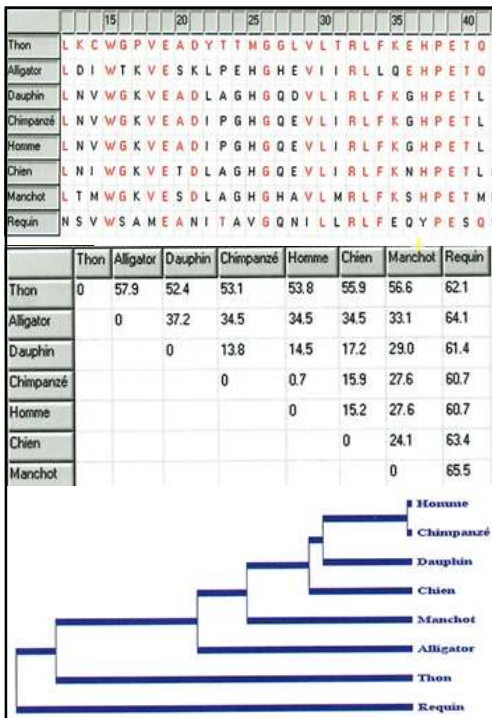
Lorsque des structures se ressemblent (et remplissent éventuellement la même fonction)

mais ont *deux origines évolutives complètement distinctes* on parle de *structures analogues*

L'aile des Oiseaux (ou des chauve-souris) et celle des Insectes Ptérygotes sont **analogues** : elles se ressemblent superficiellement (et remplissent des fonctions identiques), mais ont **deux origines totalement distinctes**.

NB: dans la **construction d'un arbre phylogénétique** il faut **prendre en considération que des structures homologues**, pas analogues.

8



Les ressemblances héritées d'un ancêtre commun peuvent également être décelées à *l'échelle moléculaire*

Par exemple, les similitudes de l'**hémoglobine** sont plus grandes entre certaines espèces (chimpanzés, Homme) que celles observées entre d'autres espèces (chien et chimpanzé). Il en va de même lorsque l'on compare les séquences d'ADN.

La concordance entre les similitudes observées aux niveaux morphologique et moléculaire est un argument fort *en faveur de la parenté des êtres vivants et de leur évolution.*

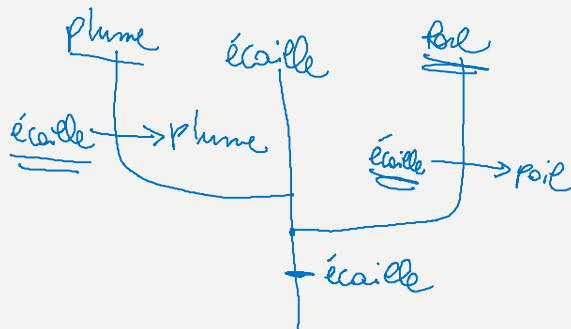
9

La comparaison des **caractères morphologiques ou moléculaires homologues** n'est pas simple car, au cours de l'évolution, **un caractère peut se transformer**, c'est-à-dire passer d'un **état ancestral** à un **état dérivé** = **innovation évolutive**

L'innovation évolutive est une **modification génétique** (mutation) fixée dans une population parce qu'elle se manifeste par une **modification d'un caractère (phénotype)** qui **apporte un avantage** à son porteur par rapport à l'état de caractère ancestral.

Le partage de cette innovation évolutive par différents organismes est une signature de parenté.

Par exemple, **l'écaille** est un état ancestral qui a évolué soit vers la **plume** chez les oiseaux soit vers le **poil** chez les mammifères. Le fait de posséder des poils est donc une innovation évolutive signifiant que tous les organismes possédant des poils sont plus proches parents entre eux qu'avec ceux qui n'en portent pas.



10

L'arbre simplifié des vertébrés a été construit grâce aux informations apportées par *une*

matrice ou tableau d'état des caractères

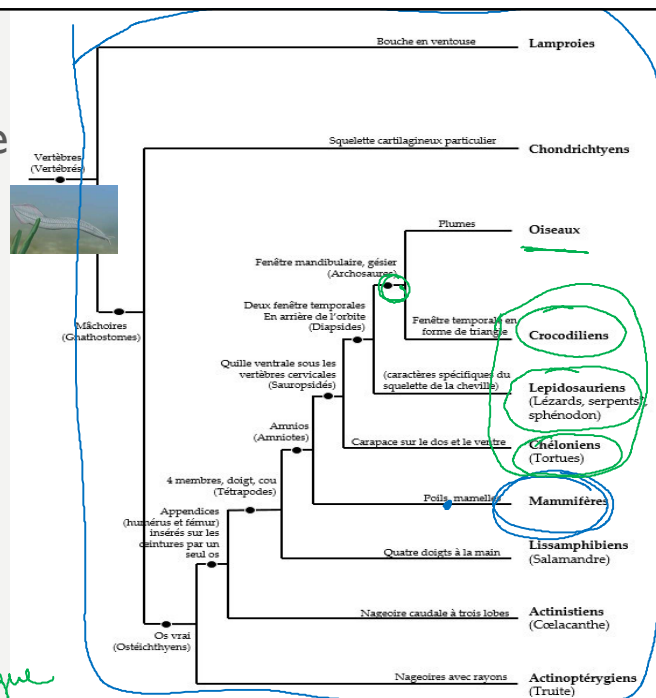
	Lamproies	Chondrichthyens	Actinoptérygiens	Actinistiens	Lissamphibiens	Mammifères	Chéloniens	Lépidosauriens	Crocodyliens	Oiseaux
Vertèbres	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
Mâchoires		X	X	X	X	X	X	X	X	X
Os			X	X	X	X	X	X	X	X
Appendices pairs (humérus et fémur) insérés sur les ceintures par un seul os				X	X	X	X	X	X	X
4 membres					X	X	X	X	X	X
Amnios						X	X	X	X	X
Quille ventrale sous les vertèbres cervicales							X	X	X	X
Deux fenêtres temporales en arrière de l'orbite								X	X	X
Fenêtre mandibulaire									X	X

11

Un clade (ou groupe monophylétique) regroupe *un ancêtre commun avec tous ses descendants.*

Exemples :

- Les vertébrés *sont un groupe monophylétique*
- Les mammifères *sont un groupe monophylétique*
- Les reptiles *ne sont pas un groupe monophylétique*



* Certains fossiles comme celui d'*Eupodophis discouensi* témoignent de l'existence passée de serpents « à pattes ».

12

Les ancêtres communs représentés sur les arbres phylogénétiques (les nœuds) *sont hypothétiques*

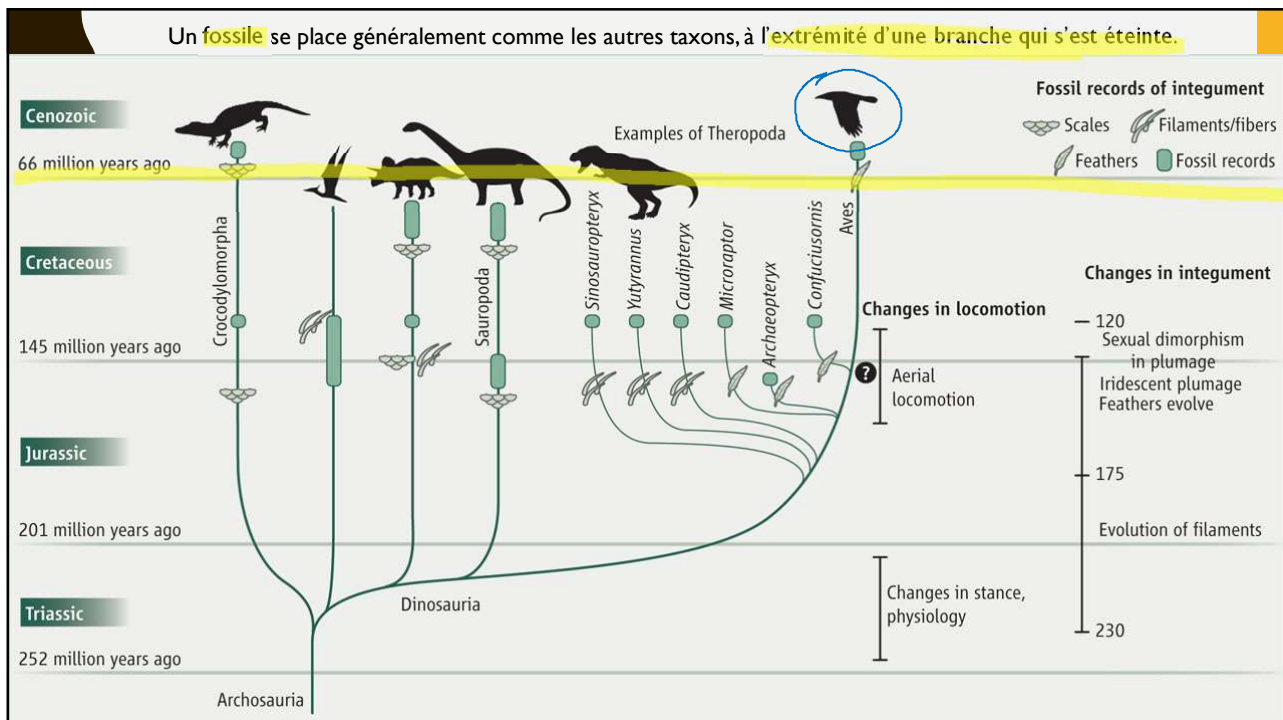
Leur **portrait-robot** peut être établi à partir des groupes de **caractères partagés par les descendants** ; ils ne correspondent pas forcément à des espèces fossiles précises.



Portrait (imaginaire) de notre arrière arrière arrière ... grand-parent... il y a environ 530 millions d'années.

13

Un **fossile** se place généralement comme les autres taxons, à l'**extrémité d'une branche qui s'est éteinte**.



14

LIRE UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE PERMET DE :

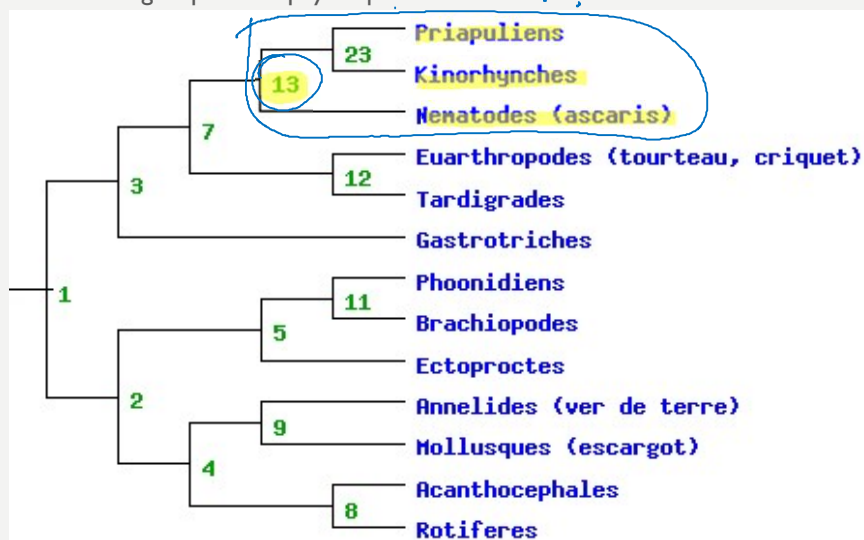
- Préciser le degré de parenté entre différentes espèces : par exemple dans la faune actuelle, le groupe le plus apparenté aux oiseaux est, actuellement, celui des crocodiles : tous possèdent en commun plusieurs caractères qui leur sont propres (gésier, membrane nictitante, différents caractères génétiques...)
- définir des clades ou groupes monophylétiques qui seront utilisés pour établir la classification phylogénétique du vivant ;
- donner certaines caractéristiques du plus récent ancêtre commun à partir des états des caractères partagés par ses descendants.

15

EXERCICES

L'arbre ci-dessous représente les relations entre différents taxons de Protostomiens.

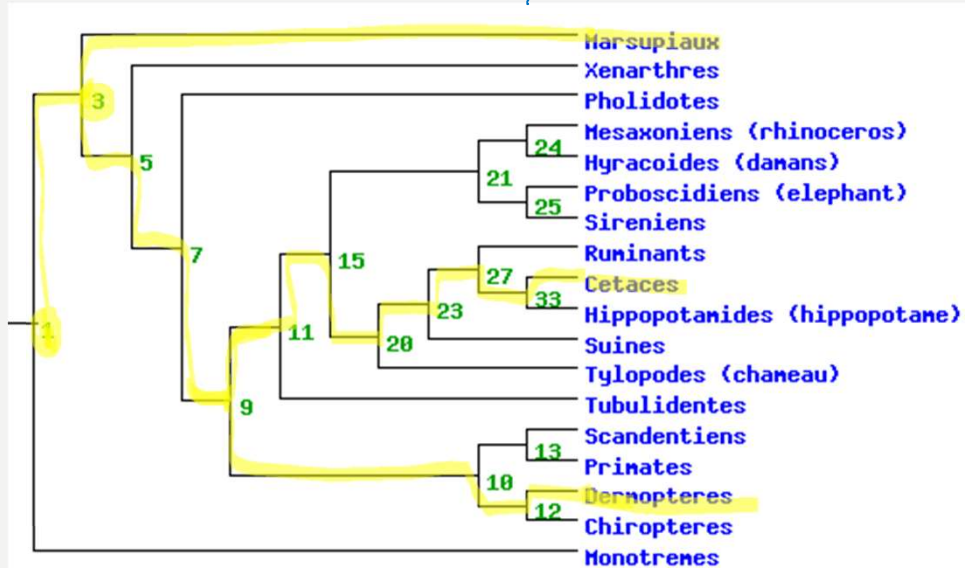
Le groupe formé des taxons Nématodes, Kinorhynches et Priapuliers est-il un groupe monophylétique ? *OUI !*



16

L'arbre ci-dessous représente les relations entre différents taxons de Mammifères.

Donner tous les ancêtres communs des taxons Dermoptères, Marsupiaux et Cétacés.

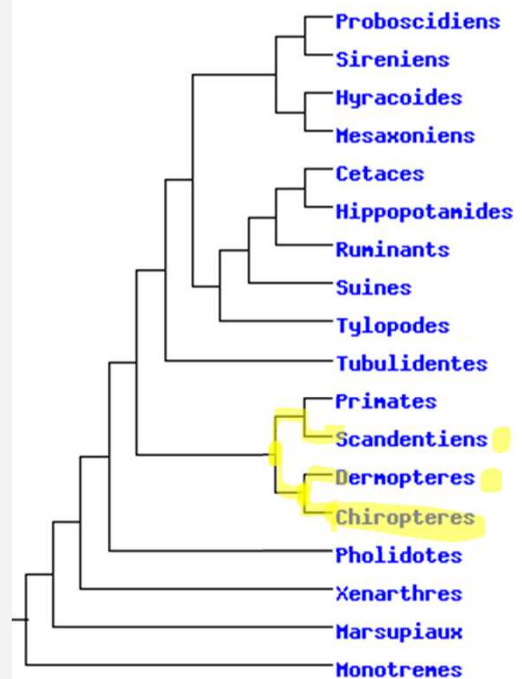


17

L'arbre ci-contre représente les relations entre différents taxons de Mammifères.

Le taxon Chiroptères est

- plus apparenté au taxon Scandentiens qu'au taxon Dermoptères
- plus apparenté au taxon Dermoptères qu'au taxon Scandentiens
- aussi apparenté au taxon Scandentiens qu'au taxon Dermoptères



18

