

ENSEIGNEMENT DE SCIENCES DE LA VIE ET DE LA TERRE (SVT)  
°° SCIENCES DE LA VIE °°  
>> Cours <<

## Chapitre 18

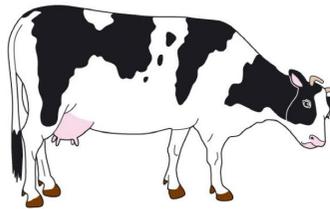
# Classer le vivant

PROPOSITION DE FICHE À COMPLÉTER

## I. La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant

### A. Nature et objectifs de la systématique

**Systématique (définition / objectifs)** : [synonyme proche : **taxonomie** = **taxinomie**]



▲ FIGURE 2. **Classification de la Vache**. D'après SEGARRA *et al.* (2015).

### 2. Le ranking, une histoire de conventions ?

- Rangs taxonomiques = conventions entre systématiciens (pas objectivable)
- En phylogénie : groupes-frères au même rang
- Certains (minoritaires) proposent même de les supprimer (*PhyloCode*)

### 3. L'espèce, une réalité biologique objective ?

- Discussion ancienne et pratiquement insoluble
- Principaux concepts à connaître

Taxon :

Rang taxonomique = niveau taxonomique :

Liste des 7 rangs de base (RECOFGE) :

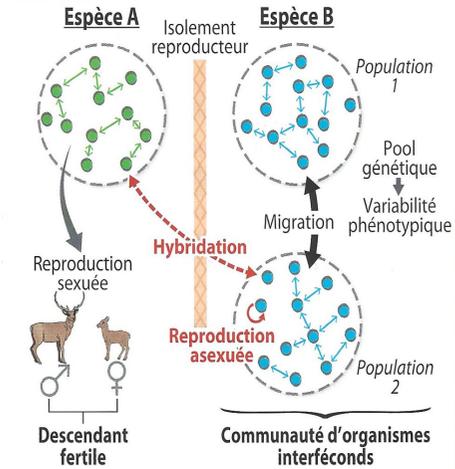
<b>Espèce biologique :</b>	
<u>Critères :</u> - - -	
Intérêts :	<i>Petit schéma</i>
Limites : - - - -	

<b>Espèce phylogénétique = évolutive :</b>	
<u>Critère :</u> -	
Intérêts :	<i>Petit schéma</i>
Limite : -	

<b>Espèce morphologique = phénotypique :</b>	
<u>Critère :</u> -	
Intérêts :	<i>Petit schéma</i>
Limites : - - -	

<b>Espèce écologique :</b>	
<u>Critère :</u> -	
Intérêts :	<i>Petit schéma</i>
Limites : - -	

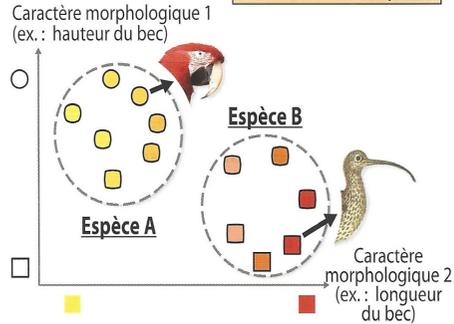
## BIOLOGIQUE



**MAIS :**

- reproduction asexuée, hybridation
- vérification de l'isolement reproducteur ?
- Fossiles ? Procaryotes ?

## PHÉNOTYPIQUE



### Groupe d'organismes qui partagent des critères morphologiques

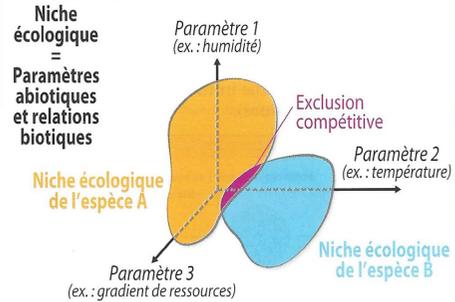


**MAIS :**

- Procaryotes ?
- ressemblance sans parenté
- parenté sans ressemblance

## DES DÉFINITIONS COMPLÉMENTAIRES

## ÉCOLOGIQUE



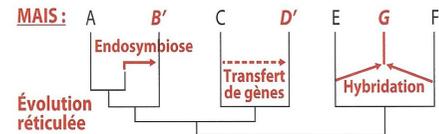
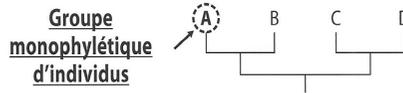
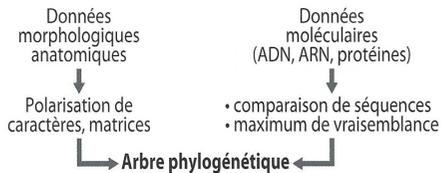
### Groupe d'organismes qui occupent la même niche écologique

2 espèces = 2 niches disjointes

**MAIS :**

- variations spatio-temporelles des niches occupées
- concept peu opérationnel

## PHYLOGÉNÉTIQUE



▲ FIGURE 3. La notion d'espèce. D'après SAINTPIERRE *et al.* (2017).

## C. Les activités du systématicien

### 1. La description et la nomenclature

#### a. Le caractère international de la nomenclature des taxons

- Nomenclature binomiale (binominale) depuis LINNÉ = 2 noms latins / latinisés (Genre + espèce)
- Base de la nomenclature scientifique (noms latins / latinisés) internationale
- ≠ nomenclature vernaculaire (langues nationales ou locales)

#### b. Décrire et nommer les taxons, des activités très encadrées : les codes de nomenclature

- Existence de **règles de nomenclature** régies par des **Codes** (*Code de nomenclature zoologique*, *Code de nomenclature pour les algues, les champignons et les algues...*)
- **Pas les mêmes règles** en fonction des **groupes** !
- Importance des **types**

Types :

#### c. Le barcoding, la description de demain ?

- **Code-barres ADN (DNA barcode)** : séquençage d'un **même locus chez de nombreux organismes** (ex. COI chez les Animaux)
- Utilisation possible en **détermination, phylogénie...**
- (!) **Difficile** à mettre en œuvre sur le **terrain**, **ne renseigne pas** sur la morphologie ou la biologie des espèces, **pas toujours fiable...**

#### d. Combien d'espèces connues et à découvrir ?

Tâche **difficile** : **beaucoup d'espèces** ne sont **pas décrites** !

Causes des difficultés :

- 
- 
- 
- 

Exemples :

- **Vertébrés** : 60 000 spp. connues [estimation : 70 000]
- **Hexapodes** : 1 000 000 spp. [entre 8 000 000 et 100 000 000]
- **Mollusques** : 70 000 spp. [200 000]
- **Embryophytes** : 250 000 spp. [entre 300 000 et 500 000]

### 2. L'identification des taxons et leur inventaire

#### a. Une tâche majeure du systématicien

#### b. La détermination, activité pratique et « pragmatique »

Détermination = Identification :

(!) Bien différencier **trier / ranger / classer**  
→ **Détermination** = activité **pratique** de **tri** où **tout critère** est **utile** dès lors qu'il est **efficace** !

Trier :

Ranger :

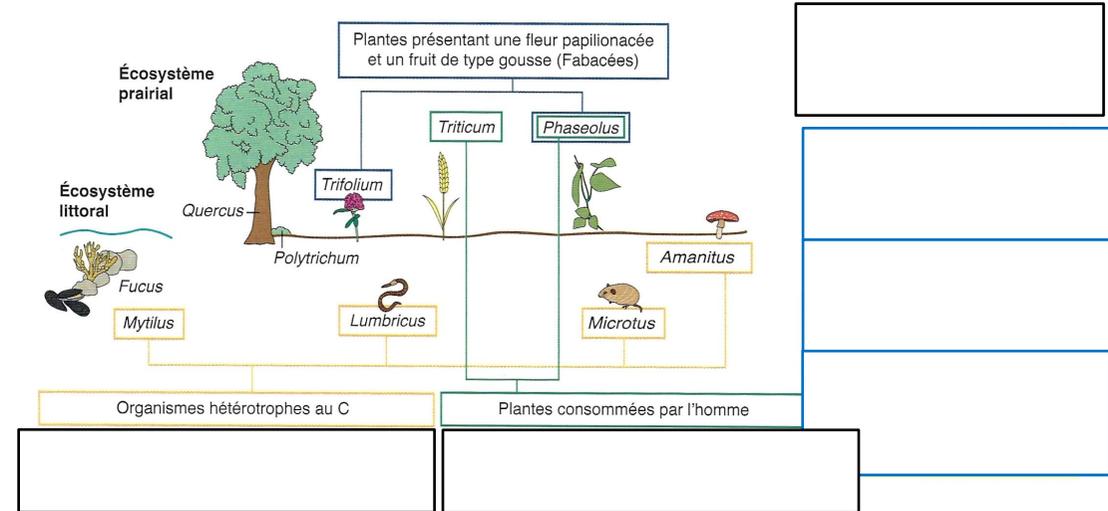
Classer :

- Aide numérique à l'identification  
- Outils moléculaires (empreintes génétiques, DNA barcode...)

### 3. La production de classifications

Classification biologique :

### D. Les modalités de classement et de classification des êtres vivants



▲ FIGURE 6bis. Un aperçu de la diversité des manières de « classer » le vivant.  
D'après SEGARRA, PIÈTRE *et al.* (2023)

#### 1. L'appréciation d'une « ressemblance » entre organismes dans tout classement (systématique ou non), fondée sur des caractères partagés qui peuvent être de nature variée

##### a. Les caractères et leur diversité

▲ FIGURE. Trier / ranger / classer. Utiliser la **figure a** de l'encadré G.

#### c. La conception et l'utilisation d'outils de déterminations (clefs et autres)

- Clefs de détermination :

(!) **Dichotomique** quand il y a seulement **deux alternatives à chaque fois**.

Caractères (au sens systématique) :

Diversité :

- 
- 
- 
- 
- 
- 
-

## b. « Ressemblance » et partage de caractères : la subordination des caractères comme origine des regroupements

Ressemblance :

Principe de subordination des caractères :

- caractères dominants :

- caractères subordonnés :

## c. La possibilité de classements sans valeur systématique

- Classements utilitaires (voire culturels) :

Ex.

- Classements structuraux :

Ex.

- Classements fonctionnels (écologiques, physiologiques, métabolique... ou combinant ces aspects) **fondés sur une similitude fonctionnelle.**

Ex.

## 2. L'existence de trois écoles systématiques dans la deuxième moitié du XXe siècle

Classification traditionnelle :

### a. La systématique « évolutionniste » (= gradiste = éclectique) : un fréquent recyclage des classifications traditionnelles

Grade :

Bond évolutif = saut adaptatif :

- Vision de l'évolution par **étapes**, par « **paliers** » (= grades)
- Fréquent recyclage des **classifications traditionnelles**
- Vision d'une **évolution complexifiante**
- **subjectivité d'appréciation** des frontières entre **grades**

Temps



▲ FIGURE 7. **Vision gradiste de l'évolution des Tétrapodes.** D'après SEGARRA *et al.* (2015)

Temps



Divergence

▲ FIGURE 8. **Illustration du « bond évolutif » réalisé par les Oiseaux selon les gradistes qui justifierait la séparation 'reptiles'-Oiseaux.** D'après SEGARRA *et al.* (2015)

#### Pour information

Il ne faut pas confondre le **gradisme** (qui est un **positionnement qui utilise et reconnaît les grades en systématique**) avec le **gradualisme phylétique** (qui est un **positionnement sur les rythmes de l'évolution postulant que l'évolution est un processus lent et graduel**).

Important : recours à la notion TRADITIONNELLE de l'homologie  
et au concept de plan d'organisation

Homologie (sens traditionnel) :
<i>Le mot a un autre sens dans la vision hennigienne !</i>
<b>Problème</b> : cette homologie-là n'est <b>pas forcément synonyme de parenté</b> !
Plan d'organisation :

### b. La systématique phénétique : des classifications basées sur une quantification de la similitude morpho-anatomique des organismes

Systématique phénétique = taxonomie numérique :
Degré de similitude globale :

- Arbres produits : **phénogrammes**
- Ne pas confondre **systématique phénétique** et **méthodes phénétiques**  
(qui peuvent être utilisées dans une perspective **phylogénétique** sur des **données moléculaires**)

### c. La systématique phylogénétique : des classifications basées sur l'apparement des organismes et la notion d'apomorphie

- Un nom à connaître : **Willi HENNIG** ;  
une date : **1950** (et surtout **1966**, traduction anglaise de son livre)

<b>Systématique phylogénétique = cladisme (= cladistique) : systématique qui ne reconnaît comme valides que des groupes monophylétiques (= clades).</b>
Les <b>taxons</b> sont regroupés sur la base du <b>partage d'innovations évolutives héritées</b> d'un <b>ancêtre commun</b> .

## E. Les arbres de parenté, supports de la systématique phylogénétique

### 1. Nature et lecture des arbres phylogénétiques

Dendrogramme :
Arbre phylogénétique = arbre de parenté :
Multifurcation = polytomie :

(!) **ancêtres** représentés par les **nœuds** ; toujours **hypothétiques** (en ce sens où ils ne correspondent pas à des espèces précises ; la probabilité d'en trouver les fossiles est trop faible... mais ils ont existé, ces ancêtres, bien qu'ayant disparu !)

▲ FIGURE 10. Comprendre un arbre phylogénétique.

Généalogie :
≠ Phylogénie ( <u>au sens de HENNIG</u> ) :

## 2. Monophylie, paraphylie et polyphylie

Groupe monophylétique = clade :
Groupe paraphylétique :
Groupe polyphylétique :

## II. Les caractères utilisés dans l'établissement des liens de parenté

Reconstruction (ou reconstitution) phylogénétique :
---

Le terme « **phylogénie** » a plusieurs sens ; il peut désigner :

- ° les méthodes d'établissement des liens de parenté,
- ° les liens de parenté eux-mêmes
- ° ou encore leur représentation sous forme d'arbres.

### A. L'emploi de caractères variés mais homologues

#### 1. L'homologie dans le cadre phylogénétique

- Le terme « **homologie** » est redéfini par les phylogénéticiens en le centrant sur la parenté

Homologie ( <u>sens moderne hennigien</u> ) = caractère homologue :
<i>Le mot a un autre sens au sens traditionnel (par exemple usité par la systématique éclectique) !</i>
Homologie primaire = hypothèse d'homologie :
Homologie secondaire = homologie avérée = homologie de descendance :

#### 2. Les moyens de détecter l'homologie

- Comment formuler des homologies primaires = poser des hypothèses d'homologies ?

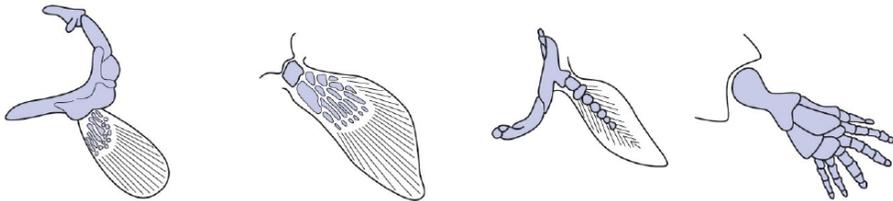
##### a. L'utilisation du principe des connexions morpho-anatomiques (anatomie comparée)

Principe des connexions :
---------------------------

▲ FIGURE 12. Monophylie, paraphylie, polyphylie. D'après SEGARRA *et al.* (2015)

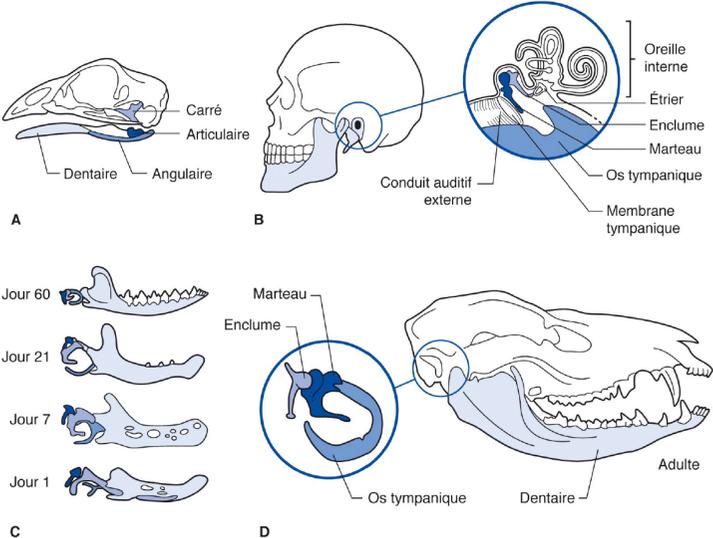
**c. Le recours aux données du registre fossile**

Principe appliqué :



**▲ FIGURE 13. Homologie du membre antérieur de Mammifères. Dauphin (A). Chauve-souris (B). Homme (C). Plan d'organisation commun (D). Le radius est coloré.**  
D'après SEGARRA *et al.* (2015). *Oui à simplifier même si c'est difficile...*

**b. L'emploi des données embryologiques (embryologie comparée)**



**▲ FIGURE 15. Morphocline du membre antérieur de Vertébrés.** Seule l'étude du registre fossile a permis de montrer la **filiation** entre ces différents **états de caractères**.  
D'après SEGARRA *et al.* (2015)

**3. Cas de l'homologie moléculaire**

Critère de l'homologie moléculaire :

**▲ FIGURE 14. Homologie détectée par des données embryologiques.** A. Os mandibulaires d'Oiseaux (parmi lesquels le dentaire, l'angulaire, l'articulaire et le carré). 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). C. Développement de ces os chez un Mammifère Marsupial. D'après SEGARRA *et al.* (2015)

Principe appliqué :

## B. La distinction des états primitifs et dérivés de caractères

### 1. Notions d'état primitif et dérivé de caractère

État primitif (= ancestral = plésiomorphe)  
de caractère = plésiomorphie :

État dérivé (= évolué = apomorphe)  
de caractère = apomorphie :

FIGURE 16. États primitif et dérivé : exemple du membre antérieur des Vertébrés. <sup>▲</sup>  
D'après SEGARRA *et al.* (2015)

### 2. Relativité des plésiomorphies et apomorphies

- un caractère est toujours **dérivé** ou **primitif** *au sein d'un groupe donné*.

Ex. **membre chirodien** = **apomorphie** au sein des **Vertébrés**, mais **plésiomorphie** au sein des **Tétrapodes**.

### 3. Existence possible de multiples états dérivés

États intermédiaires :

Morphocline :

## C. La nécessité d'évacuer les fausses homologies

### 1. Les analogies, ressemblances fonctionnelles rarement prises pour des homologies

Analogie :

Exemple :

## 2. Les homoplasies, similitudes structurales ou embryologiques trompeuses

Homoplasie :

Convergence évolutive :

Exemple :

(!) On peut parler de **parallélisme** pour une **convergence entre taxons très proches**.

Réversion évolutive :

Exemple :

<sup>▲</sup> FIGURE 17. **Homologie avérée et homoplasies**. D'après SEGARRA *et al.* (2015)

### 3. Cas des données moléculaires : la difficulté de reconnaître les gènes orthologues

Paralogie :

Exemple :

Orthologie :

Exemple :

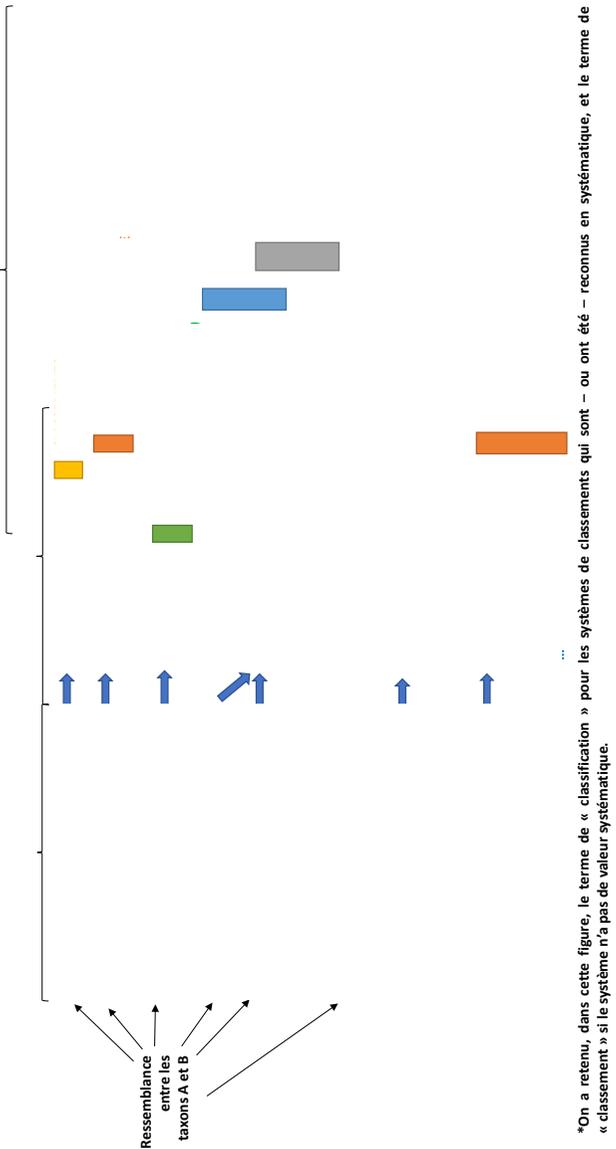
Métalogie :

Exemple :

Une phylogénie moléculaire de taxons doit reposer sur l'étude de **molécules orthologues** mais il est fréquemment **difficile d'en vérifier les conditions...**

**D. En guise de conclusion : une réflexion sur le statut de la ressemblance dans les classements d'organismes**

▲ FIGURE 18. Homologies géniques au travers d'un exemple théorique simple.  
D'après SEGARRA *et al.* (2015)



▲ FIGURE 18bis. La ressemblance et les classements.  
D'après SEGARRA, PIÈTRE *et al.* (2023)

### III. Méthodes de construction et de validation des arbres phylogénétiques

- Existence de **méthodes variées** pour construire les **arbres phylogénétiques**
- **Aucune n'est irréprochable** → **résultats toujours hypothétiques**

#### A. Construction d'arbres à partir de caractères polarisés : l'analyse cladistique

##### 1. Principes de l'analyse cladistique

- Utilisation de **caractères polarisés**

Caractères polarisés :

- **2 principes** sur lesquelles se fondent la **construction d'arbres** :

*Contrairement à ce qu'on entend parfois dans la bouche des candidats au concours, **aucun caractère n'est redondant en analyse cladistique** : en effet, un lien phylétique sur un arbre est d'autant plus solide qu'il est étayé par de nombreux caractères qui l'appuient.*

##### 2. Une méthode largement informatisée

- Réalisable **à la main** si **quelques taxons**
- Au-delà : impossible ; nécessité de **recours à l'outil informatique**

##### 3. Les différentes étapes de la méthode

###### a. Le choix des caractères

Limite de cette étape :

-

#### b. La polarisation des caractères et la construction d'une matrice de caractère

▲ **Exemple de matrice de caractères. (figure c de l'encadré H)**

##### 1e méthode de polarisation : la comparaison à un extragroupe

Extragroupe = groupe externe = *outgroup* :

≠ Groupe interne = groupe d'étude = intragroupe = *ingroup*

Limites de cette étape :

-

-

##### 2e méthode : le critère ontogénétique (peu usité)

Principe de récapitulation :

Limite de cette étape :

-

##### 3e méthode : le critère paléontologique (= critère de la précédenace géologique)

Critère paléontologique = critère de la précédenace géologique :

Limites de cette étape :

-  
-

▼ **TABLEAU IV. Méthodes de polarisation des caractères : une vue d'ensemble.**  
D'après SEGARRA, PIÈTRE *et al.* (2023)

Méthode	Principe	Limites
<b>Comparaison à un extragroupe</b> (utilisée en BCPST)	Il s'agit de choisir un taxon ( <b>groupe externe</b> ou <b>extragroupe</b> ) dont on est sûr qu'il est à l'extérieur du <b>groupe d'étude</b> ( <b>groupe interne</b> ou <b>intragroupe</b> ). On postule que l'extragroupe présente l' <b>état primitif</b> de tous les <b>caractères retenus</b> dans le cadre de l'étude. Cela ne veut pas dire que le taxon ne possède pas de caractères dérivés propres mais les caractères <b>retenus dans l'étude</b> sont considérés conventionnellement comme étant à l'état primitif chez ce taxon.	<ul style="list-style-type: none"><li>– On ne tient pas compte de l'<b>évolution de l'extragroupe</b> qui a pu acquérir des états dérivés de caractères, y compris de manière convergente avec des taxons du groupe interne.</li><li>– La <b>désignation</b> de l'extragroupe est <b>arbitraire</b> par nature et s'appuie sur ce qu'on sait déjà (ou ce qu'on croit savoir) de l'évolution des organismes : il s'agit donc d'une étape subjective pouvant biaiser l'étude.</li></ul>
<b>Critère paléontologique</b> (= critère de la précedence géologique)	On postule qu'un <b>état</b> qui en <b>précède un autre</b> dans les archives fossiles est <b>primitif</b> , l'autre étant <b>dérivé</b> .	<ul style="list-style-type: none"><li>– Le <b>registre fossile</b> est <b>incomplet</b> par nature et parfois très peu étendu pour certains taxons : on est limité par la disponibilité même de l'information.</li><li>– Des <b>fossiles anciens</b> ont très bien pu subir une <b>évolution très rapide</b> et indépendante, ce qui biaise alors cette méthode de polarisation.</li></ul>
<b>Critère ontogénétique</b> (peu usité)	On applique le <b>principe de récapitulation</b> formulé par Haeckel à la fin du XIX <sup>e</sup> siècle et qui peut se résumer comme suit : l'ontogenèse résume la phylogenèse (c'est-à-dire : le développement résume l'évolution). Il s'agit d'admettre que l' <b>ordre chronologique</b> d'apparition des états au cours du <b>développement</b> correspond à l'ordre d'apparition des états dans l'histoire évolutive des organismes, ce qui est <b>faux</b> dans bien des cas	Ce principe est vrai pour certains caractères et <b>faux</b> pour de nombreux autres. Pour la plupart des biologistes, ce critère seul est rarement utilisé ; c'est la méthode de polarisation la moins employée mais elle peut se révéler intéressante en complément d'une autre méthode.

### c. La construction des arbres possibles (avec placement des innovations)

(!) Si **extragroupe** : toujours en **position basale** ⇒ enracinement de l'arbre

### ▲ Arbres possibles. (figure e de l'encadré H)

**On choisit un cas où les homoplasies sont des convergences.  
+ entourer l'arbre le plus parcimonieux**

### d. Le choix de l'arbre le plus parcimonieux

Principe de parcimonie :

- Émergence des **homologies de descendance** et des **homoplasies**

*On dit parfois que l'**homologie** est un « pari » (homologie primaire = hypothèse d'homologie) que l'on peut « gagner » (homologie secondaire) ou « perdre » (homoplasie) à l'issue d'une investigation cladistique.*

Limites de cette étape :

-  
-  
-

## B. Construction d'arbres à partir de séquences nucléotidiques ou peptidiques : les phylogénies moléculaires

### 1. Intérêt des phylogénies moléculaires

Limites de l'analyse cladistique :

-  
-

- **Études moléculaires** = autre possibilité de reconstruction phylogénétique
- Doivent s'opérer sur des **séquences (ADN, ARN, protéines) orthologues**  
(ce qui n'est pas toujours aisé à contrôler)
- Méthodes **très utilisées de nos jours**, surtout maintenant que le **séquençage** est **rapide** et **peu coûteux**
- Pour beaucoup de groupes ayant une **morphologie trop « simple »** : **seule voie d'accès** à la phylogénie

### 2. Grands principes communs aux phylogénies moléculaires

- Existence de **multiples méthodes** (aucune n'est à connaître en détail)
- Étapes classiques :
  - **Séquençage**
  - **Alignement des séquences** ⇒ construction d'une **matrice de position**
  - **Traitement des données**, souvent avec utilisation d'une **matrice de distance** (montrant le degré de similitude ou de divergence des séquences), en appliquant un **algorithme produisant les arbres**
- Ce travail est, dans les faits, presque toujours **informatisé** de nos jours

### 3. Diversité des phylogénies moléculaires

▼ **TABLEAU V. Quelques grandes méthodes de production des phylogénies moléculaires.**  
D'après SEGARRA, PIÈTRE *et al.* (2023)

Famille de méthodes	Principe	Diversité	Limites


#### 4. Difficultés transversales des approches moléculaires

Limites des phylogénies moléculaires :

- 
- 
- 
- 
- 

#### 5. La phylogénie moléculaire à l'heure de la génomique

- De plus en plus : phylogénies sur **plusieurs gènes** (= **phylogénies multi-locus**)
- Et maintenant... avec les **génomés entiers** = **phylogénomique**

### C. Des arbres hypothétiques et compilables

#### 1. Des résultats toujours hypothétiques

#### 2. Une plausibilité des résultats vérifiable par des tests statistiques

- Existence de **tests statistiques** vérifiant la **robustesse** des **arbres** (exemple : *bootstrap*)

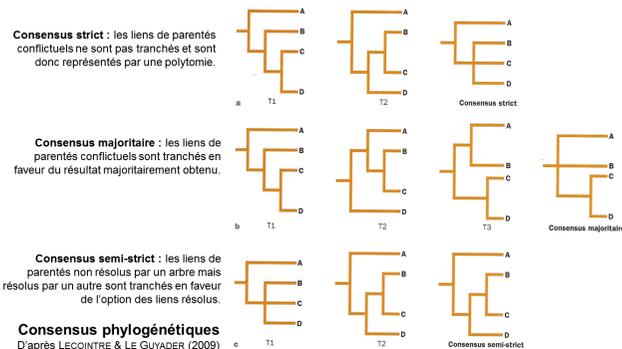
#### 3. L'existence de conflits phylogénétiques

- **Conflits phylogénétiques** = **arbres équiprobables** (dans une même étude) ou **arbres issus d'études différentes** proposant des **liens phylétiques différents**

⇒ Résolution : application de **méthodes de consensus**

(!) Les **phylogénies multi-locus** font souvent du **consensus**

Quand des **arbres statistiquement aussi fiables** arrivent à des **résultats discordants**, on peut les combiner en appliquant des techniques de **consensus** :



▲ FIGURE 19. **Techniques de consensus (= compilation d'arbres différents).**

### D. Utilisations et conséquences des résultats phylogénétiques

#### 1. Aperçu de la diversité des applications des phylogénies de taxons

##### a. La production de classifications phylogénétiques

##### b. La compréhension de l'évolution des taxons et de certains caractères : l'élaboration de scénarios évolutifs

Scénario évolutif :

##### c. La mise en évidence de l'impact des relations interspécifiques dans l'évolution : les phylogénies en miroir et la cospéciation

Cospéciation :

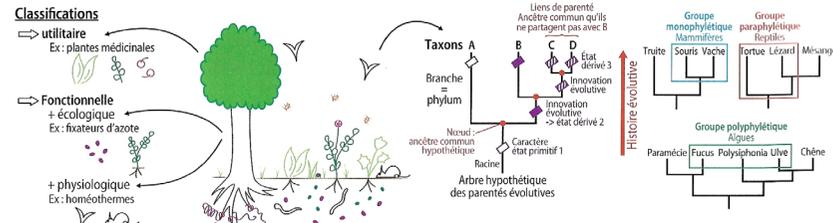
Cophylogénie = phylogénie en miroir :

Coévolution :

#### 2. D'autres emplois possibles des méthodes de reconstruction phylogénétique (pour information)

- **On peut appliquer les méthodes de reconstruction phylogénétique à d'autres données que des taxons, comme des individus, des populations ou même... les langues humaines (encadré I).**

**DIFFÉRENTES MANIÈRES DE CLASSER LA BIODIVERSITÉ**



**UN ARBRE PHYLÉGNETIQUE SE CONSTRUIT SUR L'ÉTUDE DE CARACTÈRES**

**À PARTIR DE CARACTÈRES MORPHO-ANATOMIQUES**

**Choix des caractères**

- même plan d'organisation
- mêmes connexions avec les organes voisins = caractère homologues
- Exemple: membre chiroïdien

**Polarisation du caractère**

- État primitif = pléiosomorphie
- Innovation évolutive
- Réversion
- État dérivé = apomorphie

Exemple: Membre chiroïdien de type patte -> Membre chiroïdien de type aile

**Critères de polarisation:**

- + Ontogénétique
- + Critère de l'extragroupe

Extragroupe = groupe externe du groupe étudié

Caractères à l'état ancestral

**Des caractères à la matrice**

**Choix des caractères**

	Gésier	Amnios	Mandibule	Bec corné	Membre chiroïdien
Extragroupe					
Grenouille (G)	0	0	0	0	0
Tortue (T)	0	1	0	1	0
Crocodile (C)	1	1	1	0	0
Pigeon (P)	1	1	1	1	1

**Polarisation**

- Absence = 0
- Présence = 1
- 0 = état primitif
- 1 = état dérivé

**Établissement de la matrice de caractères**

	Gésier	Amnios	Mandibule	Bec corné	Membre chiroïdien
Extragroupe					
Grenouille (G)	0	0	0	0	0
Tortue (T)	0	1	0	1	0
Crocodile (C)	1	1	1	0	0
Pigeon (P)	1	1	1	1	1

**Construction des arbres possibles (= cladogramme)**

Principe de parcimonie

Arbre le plus parcimonieux = hypothèse validée

Hypothèses rejetées

**À PARTIR DE CARACTÈRES BIOCHIMIQUES OU MOLÉCULAIRES**

**OUTILS MOLÉCULAIRES**

- Séquençage des molécules: ADN, ARN, Protéines
- Identification: Pigments, ...

**Alignement et comparaison des séquences homologues**

Position	1	2	3	4	5
sp A	A	T	T	C	G
sp B	A	A	T	C	G
sp C	A	T	T	G	G
sp D	A	A	T	G	G

**BIOINFORMATIQUE**

**Méthode des distances**

Matrice des distances

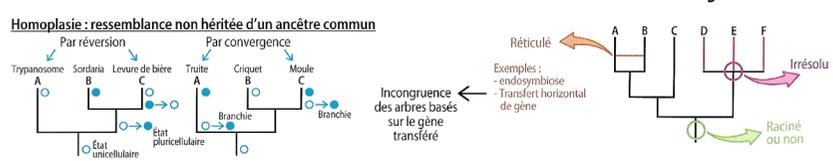
	A	B	C	D
A	-	$d_{A,B}$	$d_{A,C}$	$d_{A,D}$
B		-	$d_{B,C}$	$d_{B,D}$
C			-	$d_{C,D}$
D				-

Arbre des distances évolutives

**Méthodes statistiques** (maximum vraisemblance)

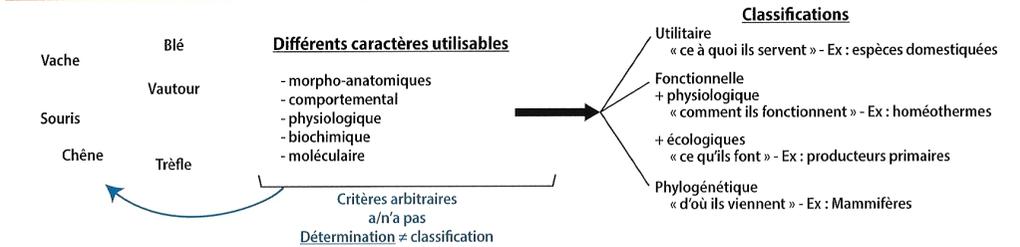
Arbre ayant la plus forte vraisemblance / modèle évolutif

**UN ARBRE PHYLÉGNETIQUE: UN ARBRE EN CONSTRUCTION**

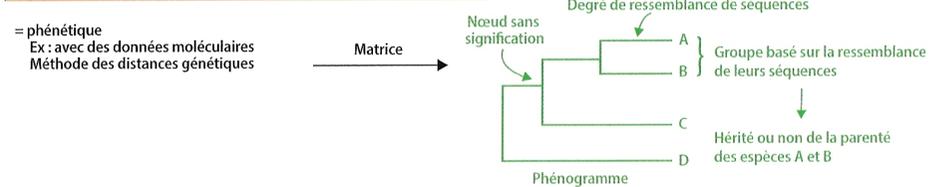


**FIGURE 21. Arbres phylogénétiques et reconstruction phylogénétique.**  
D'après SAINTPIERRE, BORDI *et al.* (2021).

**Trier, classer: des objectifs différents**



**Établir une classification basée sur la ressemblance**

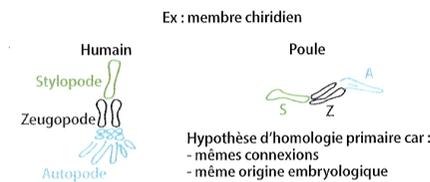


**Établir une classification évolutive**

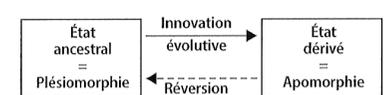
→ Utilisation de tous les caractères connus, séquences incluses

► En utilisant des caractères morpho-anatomiques

① **Choix des caractères homologues**



② **Polarisation à l'aide de l'extra-groupe**



③ **Établissement de la matrice de caractères**

0 = ancestral

1 = dérivé

Caractère

	1	2	3	4
A	0	0	0	0
B	0	1	1	0
C	0	0	1	1
D	0	0	1	1

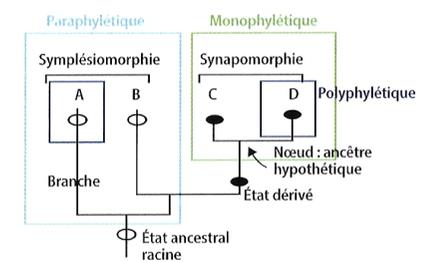
Espèces

Extra-groupe

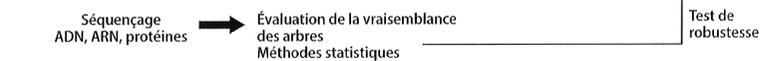
Partage d'états dérivés = synapomorphie = informatif

Partage d'états ancestraux = sympléiosomorphie ↔ non informatif

④ **Arbre phylogénétique**

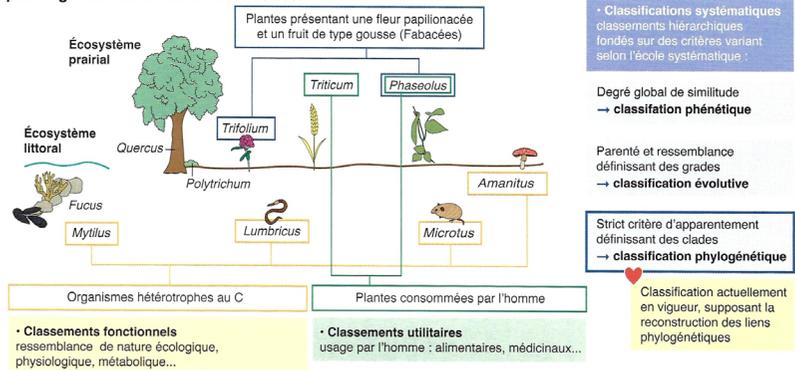


► En complétant avec des données moléculaires

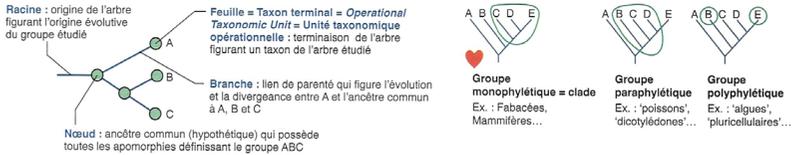


**FIGURE 22. Arbres phylogénétiques et reconstruction phylogénétique.**  
D'après DAUTEL *et al.* (2021).

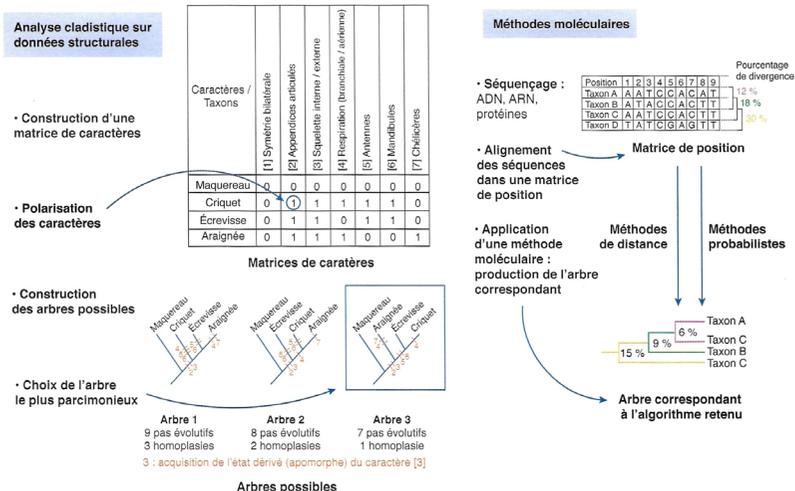
• Les organismes vivants peuplent tous les milieux et présentent une diversité que l'homme peut organiser selon des critères variés.



• Les arbres phylogénétiques mettent en lumière des liens de parenté et définissent trois types de groupes dont seuls les groupes monophylétiques ou clades fondent les classifications dites phylogénétiques.



• Les arbres phylogénétiques sont construits par deux grands types d'approches.



• Les arbres phylogénétiques peuvent : - être réfutés et sont toujours hypothétiques, - être croisés avec d'autres arbres pour produire des arbres consensuels, - voir leur robustesse évaluée par des tests statistiques (ex. *bootstrap*), - permettre de comprendre l'évolution des organismes mais aussi des caractères ainsi que leur origine, autorisant la mise au point de scénarios évolutifs (voir BCPST2).

▲ FIGURE 23. Arbres phylogénétiques et reconstruction phylogénétique. D'après SEGARRA, PIÈTRE *et al.* (2023).

## Références

- ALBERTS, B., A. JOHNSON, J. LEWIS, M. RAFF, K. ROBERTS & P. WALTER (2004). *Biologie moléculaire de la cellule. Quatrième édition*. Traduction de la quatrième édition américaine (2002) par F. LE SUEUR-ALMOSNI. Flammarion, Paris. Première édition américaine 1983 (1986 1<sup>ère</sup> édition française).
- ALLANO, L. & A. CLAMENS (2010). *Faits et mécanismes de l'évolution biologique*. Ellipses, Paris.
- BABIN, C. (1991). *Principes de paléontologie*. Armand Colin, Paris.
- BAUTZ, A.-M. & A. BAUTZ (coll. D. CHARDARD) (2010). *Mini-manuel de Biologie animale*. Dunod, Paris, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2007).
- BERTHET, J. (2006). *Dictionnaire de Biologie*. De Boeck Université, Bruxelles (Belgique).
- BREUIL, M. (2007). *Biologie 1<sup>ère</sup> année BCPST-véto*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- BREUIL, M. (2009). *Biologie 2<sup>e</sup> année BCPST-véto*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- CAMPBELL, N. A. & J. B. REECE (2004). *Biologie*. De Boeck Université, Bruxelles, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 1995).
- [CAMPBELL, N. A.], J. B. REECE, L. A. URY, M. L. CAIN, S. A. WASSERAMN, P. V. MINORSKY, R. B. JACKSON (2012). *Campbell Biologie*. Adaptation française J. FAUCHER & R. LACHAÎNE. Pearson, Paris (4<sup>e</sup> édition).
- CHASSANY, V., M. POTAGE & M. RICOU (2012). *Mini manuel de Biologie végétale*. Dunod, Paris.
- DAUTEL, O. (dir.), C. BORDI, F. SAINTPIERRE, M. ALGRAIN-PITAVY, M. QUERTINIEZ, A. PROUST, M. VABRE A. HELME-GUIZON & B. MOLLIER (2019). *Biologie Géologie BCPST 2<sup>e</sup> année*. Vuibert, Paris.
- DAUTEL, O. (dir.), M. ALGRAIN-PITAVY, C. BORDI, A. HELME-GUIZON, B. MOLLIER, A. PROUST, M. QUERTINIEZ, F. SAINTPIERRE & M. VABRE (2021). *Prépas scientifiques BCPST 1<sup>ère</sup> année. Biologie Géologie. Tout-en-un*. Vuibert, Paris.
- DE WEVER, P., B. DAVID & D. NÉRAUDEAU (Coll. J. BROUTIN) (2010). *Paléobiosphère. Regards croisés des Sciences de la Vie et de la Terre*. Vuibert, Paris.
- DELÉAGE, G. & M. GOUY (2013). *Bioinformatique. Cours et cas pratiques*. Dunod, Paris.
- DENÉAUX, J., T. FERROIR, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON, M.-L. PONS & F. TEJEDOR (2011). *Biologie-Géologie BCPST-véto 2<sup>e</sup> année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- DENÉAUX, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2013). *Biologie-Géologie BCPST-véto 1<sup>ère</sup> année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- DENÉAUX, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON, M.-L. PONS & F. TEJEDOR (2014). *Biologie-Géologie BCPST-véto 2<sup>e</sup> année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- GODINOT, C., H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2010). *Biologie-Géologie 1<sup>ère</sup> année BCPST-véto*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- HALL, B. K. & B. HALLGRIMSSON (2008). *Strickberger's evolution*. Jones and Bartlett, Sudbury, MA (USA), 4<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition par M. W. Strickberger 1990).
- HARRY, M. (2008). *Génétique moléculaire et évolutive*. Maloine, Paris, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2001).
- HENNIG, W. (1966). *Phylogenetic Systematics*. University of Illinois Press, Urbana, Illinois (USA).
- LAFON, C. (2003). *La biologie autrement. 100 questions de synthèse*. Ellipses, Paris.
- LE GUYADER, H. (dir.) (1998). *L'Évolution*. Belin-Pour la Science, Paris.
- LECOINTRE, G. (dir.) (2004). *Comprendre et enseigner la classification du vivant*. Belin, Paris.
- LECOINTRE, G. (dir.), C. FORTIN, G. GUILLOT & M.-L. LE LOUARN-BONNET (2009). *Guide critique de l'évolution*. Belin, Paris.
- LECOINTRE, G. & H. LE GUYADER (2009). *Classification phylogénétique du vivant*. Illustrations D. VISSET. Belin, Paris, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2001).
- LECOINTRE, G. & H. LE GUYADER (2013). *Classification phylogénétique du vivant Plantes à fleurs. Chnidaires. Insectes. Squamates. Oiseaux. Téléostéens*. Belin, Paris.
- MEYER, S., C. REEB & R. BOSDEVEIX (2008). *Botanique. Biologie et physiologie végétales*. Maloine, Paris, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2004).
- MORÈRE, J.-L., R. PUJOL (coord.), J.-C. CALLEN, L. CHESNOY, J.-P. DUPONT, A.-M. GIBERT-TANGAPREGASSOM, G. RICOU, N. TOUZET (dir.) et collaborateurs (2003). *Dictionnaire raisonné de Biologie*. Frison-Roche, Paris.
- PERRIER, C. & J.-F. BEAUX (dir.), A. BOUFFIER, L. BOUGEOIS, P. CARRÈRE, T. DARRIBÈRE, J. DÉMARET-NICOLAS, A. EMOND, S. MAURY, O. MONNIER, T. SOUBAYA, A. VERGNAUD & A. WOEHLÉ (2021). *Biologie-Géologie BCPST 1. Tout-en-un*. Dunod, Malakoff (F).
- PERRIÈRE, G. & C. BROCHIER-ARMANET (2010). *Concepts et méthodes en phylogénie moléculaire*. Springer, Berlin (D).
- PEYCRU, P. (dir.), J.-F. FOGELGESANG, D. GRANDPERRIN, B. AUGÈRE, J.-C. BAEHR, C. PERRIER, J.-M. DUPIN & C. VAN DER REST (2010a). *Biologie tout-en-un BCPST 1<sup>ère</sup> année*. Dunod, Paris, 2<sup>e</sup> édition (2009), réimpression corrigée (2010) (1<sup>ère</sup> édition 2006).
- PEYCRU, P. (dir.), J.-C. BAEHR, F. CARIOU, D. GRANDPERRIN, C. PERRIER, J.-F. FOGELGESANG & J.-M. DUPIN (2010b). *Biologie tout-en-un BCPST 2<sup>e</sup> année*. Dunod, Paris, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2007).
- PEYCRU, P., D. GRANDPERRIN, C. PERRIER (dir.), B. AUGÈRE, T. DARRIBÈRE, J.-M. DUPIN, C. ESCUYER J.-F. FOGELGESANG, & C. VAN DER REST (2013). *Biologie tout-en-un BCPST 1<sup>ère</sup> année*. Dunod, Paris, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2006).
- PEYCRU, P., D. GRANDPERRIN, C. PERRIER (dir.), B. AUGÈRE, J.-F. BEAUX, F. CARIOU, P. CARRÈRE, T. DARRIBÈRE, J.-M. DUPIN, C. ESCUYER, J.-F. FOGELGESANG, S. MAURY, É. QUÉINNEC, E. SALGUEIRO & C. VAN DER REST (2014). *Biologie tout-en-un BCPST 2<sup>e</sup> année*. Dunod, Paris, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2007).
- PRAT, D., A. RAYNAL-ROQUES & A. ROQUENANT (dir.) (2008). *Peut-on classer le vivant ? Linné et la systématique aujourd'hui*. Belin, Paris.
- RAVEN, P. H., G. B. JOHNSON, J. B. LOSOS, S. S. SINGER (2007). *Biologie*. De Boeck, Bruxelles.
- REVIERS, B. DE (2002, 2003). *Biologie et phylogénie des algues. Tome 1. Tome 2*. Belin, Paris.
- RICHARD, D. (dir.), P. CHEVALET, S. FOURNEL, N. GIRAUD, F. GROS, P. LAURENTI, F. PRADÈRE & T. SOUBAYA (2012). *Biologie. Tout le cours en fiches. Licence. CAPES. Prépas*. Dunod, Paris, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2010).
- RIDLEY, M. (1997). *Évolution*. De Boeck, Bruxelles, traduction de la 2<sup>e</sup> édition américaine (1996).
- RIDLEY, M. (2004). *Evolution*. Blackwell, Malden, MA, USA, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 1993).
- SCHUH, R. T. & A. W. BROWNER (2009). *Biological systematics. Principles and applications. Second edition*. Cornell University Press, New York, USA (1<sup>ère</sup> édition 2000).
- SAINTPIERRE, F., C. BORDI (dir.), M. ALGRAIN, Y. KRAUSS, I. MOLLIERE & H. CLAUCE (2017). *Mémento Biologie BCPST 1<sup>ère</sup> et 2<sup>e</sup> années*. Vuibert, Paris.
- SAINTPIERRE, F., C. BORDI (dir.), M. ALGRAIN-PITAVY, A. DENIS, L. GERAY & I. MOLLIERE (2021). *Mémento Biologie BCPST 1<sup>ère</sup> et 2<sup>e</sup> années*. Vuibert, Paris, 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2017).
- SEGARRA, J. (dir.), É. CHAUVET, C. COLSON-PROCH, M. HUILLE, M. LABROUSSE, F. LOUET, F. METZ & E. PIÈTRE (2014). *Biologie BCPST 1<sup>ère</sup> année*. Ellipses, Paris.
- SEGARRA, J., E. PIÈTRE (dir.), G. BAILLY, O. CHASSAING, D. FAVRE, T. JEAN, F. METZ & C. MEUNIER (2015). *Biologie BCPST 2<sup>e</sup> année*. Ellipses, Paris.
- SEGARRA, J., E. PIÈTRE (dir.), C. AHYERRE, G. BAILLY, É. CHAUVET, D. FAVRE, M. HUILLE, T. JEAN, F. METZ, C. PROCH & F. SONTONNAX (2023). *Biologie BCPST 1<sup>ère</sup> année. 2<sup>e</sup> édition*. Ellipses, Paris.
- SERRE, J.-L. (2006a). *Génétique*. Dunod, Paris, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2001).
- SOLIGNAC, M., G. PERIQUET, D. ANXOLABÈRE & C. PETIT (1995a). *Génétique et évolution. Tome I. La variation, les gènes dans les populations*. Hermann, Paris.
- SOLIGNAC, M., G. PERIQUET, D. ANXOLABÈRE & C. PETIT (1995b). *Génétique et évolution. Tome II. L'espèce, l'évolution moléculaire*. Hermann, Paris.
- STEARNS, S. C. & R. F. HOEKSTRA (2005). *Evolution : an introduction*. Oxford University Press, Oxford (UK), 2<sup>e</sup> édition (1<sup>ère</sup> édition 2000).
- THOMAS, F., T. LEFÈVRE & M. RAYMOND (dir.) (2010). *Biologie évolutive*. De Boeck, Bruxelles.

# Plan du chapitre

<b>Objectifs : extraits du programme</b>	<b>1</b>
<b>Introduction</b>	<b>2</b>
<b>I. La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant</b>	<b>2</b>
<b>A. Nature et objectifs de la systématique</b>	<b>2</b>
<b>B. Les taxons, objets d'étude de la systématique</b>	<b>2</b>
1. Notions de taxon et de rang taxonomique	2
2. Le <i>ranking</i> , une histoire de conventions ?	3
3. L'espèce, une réalité biologique objective ?	3
a. Une discussion ancienne... et insoluble	5
b. La définition biologique, définition fréquemment avancée	5
c. Le concept morphologique, concept le plus utilisé au quotidien	5
d. D'autres conceptions	5
<b>C. Les activités du systématicien</b>	<b>5</b>
1. La description et la nomenclature	5
a. Le caractère international de la nomenclature des taxons	5
b. Décrire et nommer les taxons, des activités très encadrées : les codes de nomenclature	5
c. Le <i>barcoding</i> , la description de demain ?	8
d. Combien d'espèces connues et à découvrir ?	8
2. L'identification des taxons et leur inventaire	9
a. Une tâche majeure du systématicien	9
b. La détermination, activité pratique et « pragmatique »	9
c. La conception et l'utilisation d'outils de déterminations (clefs et autres)	10
3. La production de classifications et la recherche de parentés entre organismes	10
<b>D. Les modalités de classement et de classification des êtres vivants</b>	<b>10</b>
1. L'appréciation d'une « ressemblance » entre organismes dans tout classement (systématique ou non), fondée sur des caractères partagés qui peuvent être de nature variée	11
a. Les caractères et leur diversité	11
b. « Ressemblance » et partage de caractères : la subordination des caractères comme origine des regroupements	11
c. La possibilité de classements sans valeur systématique	11
2. L'existence de trois écoles systématiques dans la deuxième moitié du XXe siècle	11
a. La systématique « évolutionniste » (= gradiste = éclectique) : un fréquent recyclage des classifications traditionnelles	11
α. Une classification fondée sur une vision de l'évolution par « paliers »	11
β. Le recours à la conception traditionnelle de l'homologie	12
b. La systématique phénétique : des classifications basées sur une quantification de la similitude morpho-anatomique des organismes	12
c. La systématique phylogénétique : des classifications basées sur l'appareillement des organismes et la notion d'apomorphie	13
<b>E. Les arbres de parenté, supports de la systématique phylogénétique</b>	<b>13</b>
1. Nature et lecture des arbres phylogénétiques	13
2. Monophylie, paraphylie et polyphylie	14
<b>II. Les caractères utilisés dans l'établissement des liens de parenté</b>	<b>14</b>
<b>A. L'emploi de caractères homologues</b>	<b>14</b>
1. L'homologie dans le cadre phylogénétique	14
2. Les moyens de détecter l'homologie	14
a. L'utilisation du principe des connexions morpho-anatomiques (anatomie comparée)	14
b. L'emploi des données embryologiques (embryologie comparée)	15
c. Le recours aux données du registre fossile	15
3. Cas de l'homologie moléculaire	15
<b>B. La distinction des états primitifs et dérivés de caractères</b>	<b>16</b>
1. Notions d'état primitif et dérivé de caractère	16
2. Relativité des plésiomorphies et apomorphies	16

3. Existence possible de multiples états dérivés	16
<b>C. La nécessité d'évacuer les fausses homologies</b>	<b>16</b>
1. Les analogies, ressemblances fonctionnelles rarement prises pour des homologies	16
2. Les homoplasies, similitudes structurales ou embryologiques trompeuses	16
3. Cas des données moléculaires : la difficulté de reconnaître les gènes orthologues	17
<b>D. En guise de conclusion : une réflexion sur le statut de la ressemblance dans les classements d'organismes</b>	<b>17</b>
<b>III. Méthodes de construction et de validation des arbres phylogénétiques</b>	<b>18</b>
<b>A. Construction d'arbres à partir de caractères polarisés : l'analyse cladistique</b>	<b>18</b>
1. Principes de l'analyse cladistique	18
2. Une méthode largement informatisée	18
3. Les différentes étapes de la méthode	18
a. Le choix des caractères	18
b. La polarisation des caractères et la construction d'une matrice de caractère	18
α. 1 <sup>er</sup> méthode de polarisation : la comparaison à un extragroupe	19
β. 2 <sup>e</sup> méthode : le critère ontogénétique (peu usité)	19
γ. 3 <sup>e</sup> méthode : le critère paléontologique (= critère de la précedence géologique)	19
c. La construction des arbres possibles	21
d. Le choix de l'arbre le plus parcimonieux	21
<b>B. Construction d'arbres à partir de séquences nucléotidiques ou peptidiques : les phylogénies moléculaires</b>	<b>22</b>
1. Intérêt des phylogénies moléculaires	22
2. Grands principes communs aux phylogénies moléculaires	22
3. Diversité des phylogénies moléculaires	22
4. Difficultés transversales des approches moléculaires	22
5. La phylogénie moléculaire à l'heure de la génomique	22
<b>C. Des arbres hypothétiques et compilables</b>	<b>23</b>
1. Des résultats toujours hypothétiques	23
2. Une plausibilité des résultats vérifiable par des tests statistiques	23
3. L'existence de conflits phylogénétiques	24
<b>D. Utilisations et conséquences des résultats phylogénétiques</b>	<b>24</b>
1. Aperçu de la diversité des applications des phylogénies de taxons	24
a. La production de classifications phylogénétiques	24
b. La compréhension de l'évolution des taxons et de certains caractères : l'élaboration de scénarios évolutifs	24
c. La mise en évidence de l'impact des relations interspécifiques dans l'évolution : les phylogénies en miroir et la cospéciation	24
2. D'autres emplois possibles des méthodes de reconstruction phylogénétique ( <i>pour information</i> )	24
<b>Bilan</b>	<b>25</b>
<b>Références</b>	<b>27</b>
<b>Plan du chapitre</b>	<b>28</b>

© Tanguy JEAN. Les textes et les figures originales sont la propriété de l'auteur. Les figures extraites d'autres sources restent évidemment la propriété des auteurs ou éditeurs originaux.

Document produit en l'état en juin 2023 (inspiré d'un support d'ATS Bio, adapté en mars 2018, mars 2020)

Dernière actualisation : *idem*.

Contact : [Tanguy.Jean4@gmail.com](mailto:Tanguy.Jean4@gmail.com)

Adresse de téléchargement : <https://www.svt-tanguy-jean.com/>



Ces données sont placées sous licence *Creative Commons Attribution – Pas d'Utilisation commerciale 4.0 CC BY NC* qui autorise la reproduction et la diffusion du document, à condition d'en citer explicitement la source et de ne pas en faire d'utilisation commerciale.