

**Systematique** = discipline qui a pour objectifs de **décrire, nommer, identifier, inventorier et classer la diversité** des organismes vivants.

**Taxon** = groupe reconnu dans la **classification**

7 principaux niveaux (RECOFGE) avec nombreux niveaux intermédiaires

Longtemps : **classifications traditionnelles** → basées sur des consensus entre naturalistes, incluant essentiellement des considérations sur la ressemblance entre taxons.

**Trois grands types de classifications au XXe siècle :**

**- Classification phénétique :**

Basée sur une **quantification de la ressemblance** ; calcul d'un **degré de similitude globale (DGS)**  
 Pb : la ressemblance n'est pas forcément corrélée à la parenté (classification artificielle)

**- Classification « évolutionniste » = gradiste :**

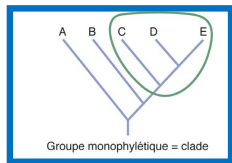
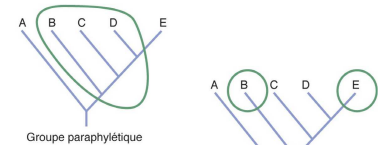
Basée sur des **grades**, « paliers » dans l'évolution (considérations évolutives + considérations de ressemblance)  
 Pb : difficulté pour définir des critères objectifs permettant d'apprécier les « bonds évolutifs » = « sauts adaptatifs » (subjectivité)

**- Classification phylogénétique :**

Basée sur les **liens de parenté (= phylogénie)** entre organismes  
 (!) Ne retient que les **clades**

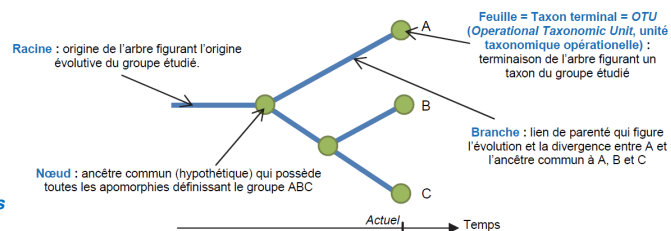
Classifications actuelles

Basée sur



Seuls groupes valides aujourd'hui

**Arbres de parenté**



Produits par

**Reconstruction phylogénétique : 2 approches**

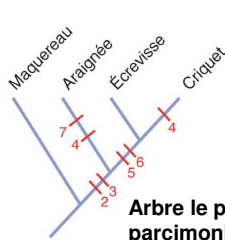
**Analyse cladistique**

**Méthodologie**

- [Sélection de taxons]
- **Choix de caractères** supposés homologues
- **Polarisation des caractères**
- **Extragroupe**
- **Critère ontogénétique**
- **Critère paléontologique**
- Construction des **arbres possibles** avec **placement des innovations**
- Choix de l'**arbre le plus parcimonieux**

Caractères / Taxons	[1] Symétrie bilatérale	[2] Appendices articulés	[3] squelette interne / externe	[4] Respiration branch. / aérienne	[5] Antennes	[6] Mandibules	[7] Chélicères
Maquereau	0	0	0	0	0	0	0
Criquet	0	1	1	1	1	1	1
Ecrevisse	0	1	1	0	1	1	0
Araignée	0	1	1	1	0	0	1

**Matrice de caractères**



Arbre le plus parcimonieux

**Méthodes moléculaires**

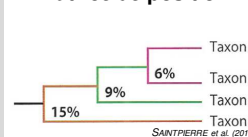
**Méthodologie**

- **Séquençage** des molécules (ADN, ARN, protéines)
- **Alignement des séquences** (production d'une matrice de position)
- **Plusieurs approches :**
- **Méthodes de distance (= phénétiques) :** construction d'une **matrice de distance** et **comparaison** de la divergence (plusieurs modèles)
- **Méthodes probabilistes** (plusieurs modèles)

SAINTPIERRE et al. (2017)

Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9	Pourcentages de différences
Taxon A	A	A	T	C	C	A	C	A	T	12%
Taxon B	A	T	A	C	C	A	C	T	T	18%
Taxon C	A	A	T	C	C	A	C	T	T	30%
Taxon D	T	A	T	C	G	A	G	T	T	

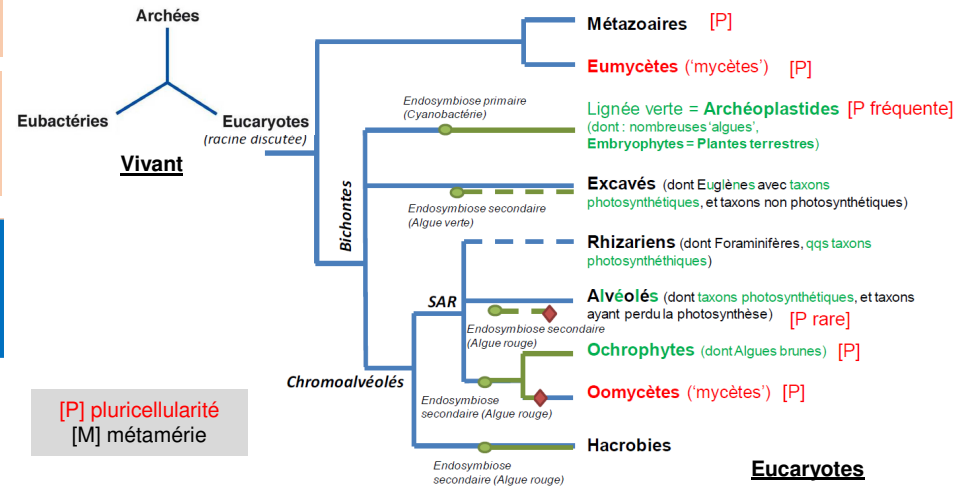
**Matrice de position**



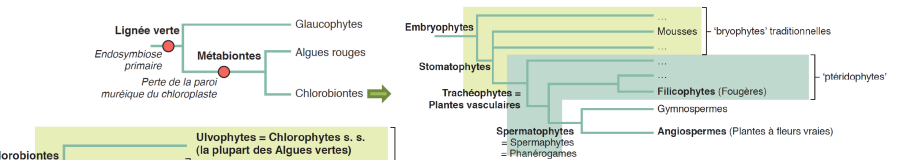
**Phénogramme**

(!) Possibilité d'étude sur **plusieurs locus (phylogénies multi-locus)**, voire des **génomés entiers (phylogénomique)**

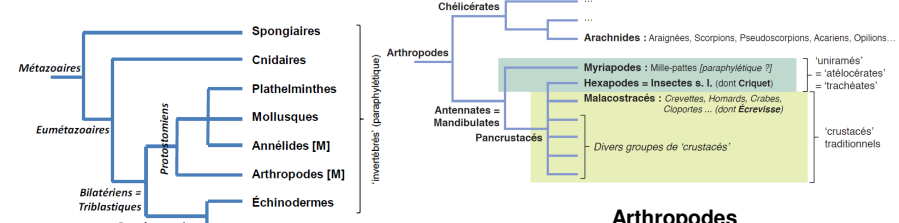
**Grands traits de la phylogénie du vivant**



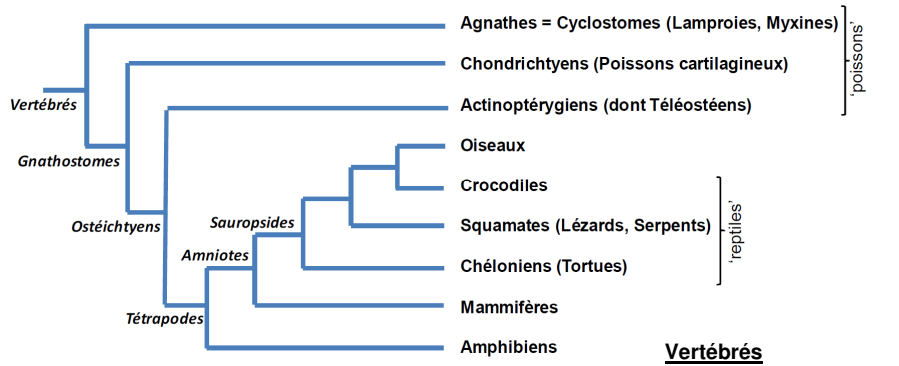
[P] pluricellularité [M] métamérie



**Lignée verte + Chlorobiontes**



**Métazoaires**



Dans tous les cas : **résultats toujours hypothétiques** / possibilité de **croiser les études (consensus)**