Document téléchargeable sur le site
https://www.svt-tanguy-jean.com/

Lycée Valentine LABBÉ
41 rue Paul DOUMER – BP 20226
59563 LA MADELEINE CEDEX
CLASSE PRÉPARATOIRE TB
(Technologie & Biologie)

ENSEIGNEMENT DE SCIENCES DE LA VIE ET DE LA TERRE (SVT)
°° SCIENCES DE LA VIE °°

Partie 5. Biologie évolutive
>> Cours <<

Chapitre 22 : fiche de révision à compléter

Systématique et relations de parenté entre organismes

Objectifs : extraits du programme

Connaissances clefs à construire	Commentaires, capacités exigibles
5.2 Systématique et relation de Parenté	La diversité des plans d'organisation constatée à travers les travaux pratiques et les cours est mise en perspective par la présentation des méthodes de classification. **Lien** : Travaux pratiques de la partie 2 (TP de Biologie animale)
Les êtres vivants présentent des similitudes qui peuvent être interprétées comme un héritage provenant d'un ancêtre commun.	- expliciter la différence entre reconnaître, déterminer et classer.
Différentes méthodes sont utilisées pour établir des liens de parenté. La méthode cladistique, qui utilise des caractères homologues, fonde la classification phylogénétique.	- présenter la notion de caractères (caractères morphologique, tissulaire et moléculaire) - présenter les notions d'homologie primaires et secondaires et discuter de leur prise en compte dans la classification - discuter des limites d'une classification phénétique. - présenter succinctement et commenter l'arbre phylogénétique des Eucaryotes, - à partir d'exemples choisis dans cet arbre présenter la notion de groupes paraphylétique et polyphylétique - identifier quelques synapomorphies des clades vus au travers des travaux pratiques (Vertébrés / Mammifères / Téléostéens, Arthropodes / Crustacés/ Insectes, Embryophytes / Angiospermes) **Liens** : D'autres clades seront vus au travers d'une approche phylogénétique en travaux pratiques au cours de la deuxième année (TP 5.3. Biodiversité et phylogénie des organismes photosynthétiques + TP 5.4. Biodiversité des Angiospermes + TP 4.2. Les mycètes dans les écosystèmes).

I. La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant

A. Nature et objectifs de la systématique

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

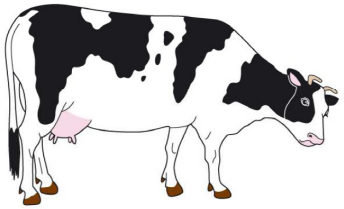
B. Les taxons, objets d'étude de la systématique

1. Notions de taxon et de rang taxonomique

Taxon :

Rang taxonomique = niveau taxonomique :

Liste des 7 rangs de base (RECOFGE) :



⮝ **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

Espèce biologique :

Critères :
-
-
-

Intérêts :

Limites :
-
-
-
-

Petit schéma

Espèce morphologique = phénotypique :

Critère :
-

Intérêts :

Limites :
-
-
-

Petit schéma

Espèce phylogénétique = évolutive :

Critère :
-

Intérêts :

Limite :
-

Petit schéma

Espèce écologique : Critère : -	
Intérêts :	*Petit schéma*
Limites : - -	

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 :

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

3. La production de classifications

Classification biologique :
Caractère : *Définition précisée dans le contexte phylogénétique plus loin.*
Principe de subordination des caractères (caractères dominants / caractères subordonnés) :

D. Les trois écoles systématiques de la deuxième moitié du XXe siècle

1. 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**

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

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

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) : *Le mot a un autre sens dans la vision hennigienne !* **Problème** : cette homologie-là n'est **pas forcément synonyme de parenté** !
Plan d'organisation :

2. 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**)*

3. La systématique phylogénétique : des classifications basées sur l'apparentement des organismes et la notion d'apomorphie

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

Systématique phylogénétique = cladisme (= cladistique) : *systématique qui ne reconnaît comme valides que des groupes monophylétiques (= clades).*

Les **taxons** sont regroupés sur la base du **partage d'innovations évolutives héritées** d'un **ancêtre commun**.

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 (au sens de HENNIG) :

2. Monophylie, paraphylie et polyphylie

Groupe monophylétique = clade :
Groupe paraphylétique :
Groupe polyphylétique :

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

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. La diversité des caractères utilisables

Caractère (au sens systématique) :

Diversité :
-
-
-
-
-
-

2. L'emploi de caractères homologues

a. L'homologie dans le cadre phylogénétique

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

Homologie (sens moderne hennigien) = caractère homologue :

Le mot a un autre sens au sens traditionnel (par exemple usité par la systématique éclectique) !

Homologie primaire = hypothèse d'homologie :

Homologie secondaire = homologie avérée = homologie de descendance :

b. Les moyens de détecter l'homologie

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

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

Principe des connexions :

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…

β. L'emploi des données embryologiques (embryologie comparée)

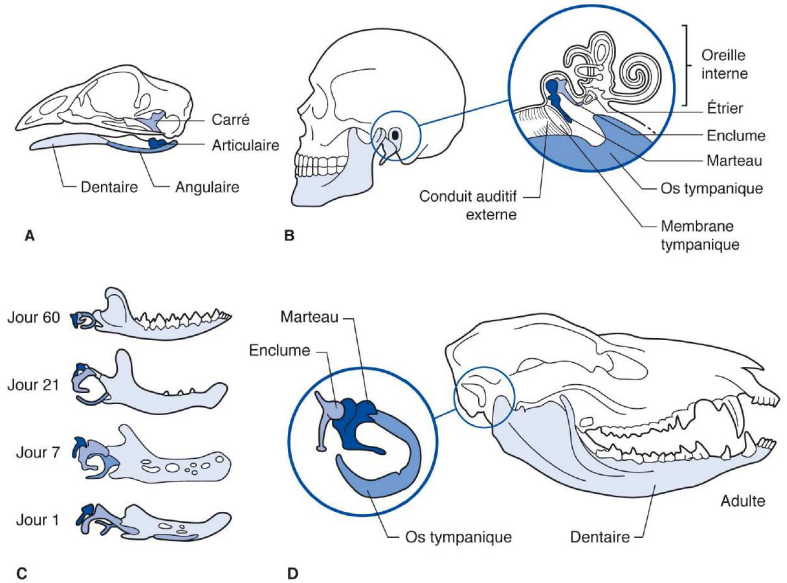


FIGURE 14. Homologie détectée par des données embryologiques. A. Os mandibulaires d'Oiseaux (parmi lesquels le dentaire, l'angulaire, l'articulaire et le carré). B. Os mandibulaire et os de l'oreille moyenne chez l'Homme (la mandibule est réduit e au dentaire ; l'os tympanique, l'enclume et le marteau 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 :

γ. Le recours aux données du registre fossile

Principe appliqué :

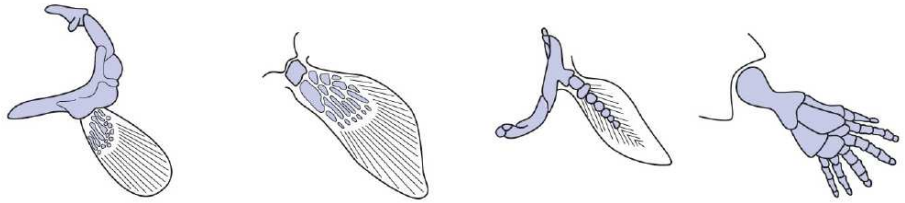


FIGURE 15. Morphocline du membre antérieur de Vertébrés. Seule l'étude du registre fossile a permis de montrer la **filiation** entre ces différents **états de caractères**.
D'après SEGARRA *et al.* (2015)

3. Cas de l'homologie moléculaire

Critère de l'homologie moléculaire :

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.
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 chiridien*** *=* ***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

Capacité exigible	✓ **Présenter** les notions d'homologie primaires et secondaires, et **discuter** de leur prise en compte dans la classification.

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 :

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**…

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

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 précédence géologique)

Critère paléontologique = critère de la précédence géologique :

Limites de cette étape :
-

-

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'issu d'une investigation cladistique.*

Limites de cette étape :
-

-

-

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

Capacité exigible	✓ **Discuter** des limites d'une classification phénétique.

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. Difficultés transversales des approches moléculaires

Limites des phylogénies moléculaires :
-

-

-

-

-

4. La phylogénie moléculaire à l'heure de la génomique

- De plus en plus : phylogénies sur ***plusieurs gènes*** (= phylogénies multi-locus)
- Et maintenant… avec les **génomes 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***)

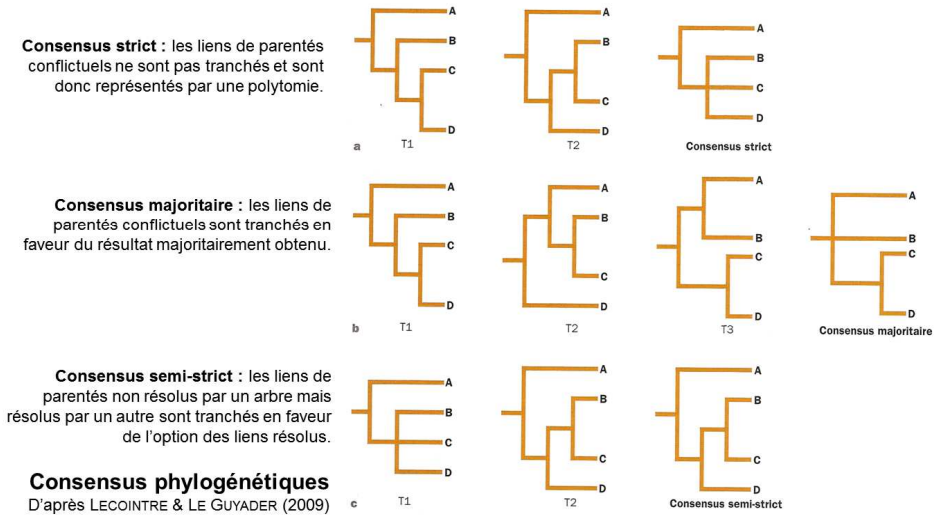
3. L'existence de conflits phylogénétiques

- 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** :



Consensus phylogénétiques
D'après LECOINTRE & LE GUYADER (2009)

FIGURE 19. Techniques de consensus (= compilation d'arbres différents).
[*Pour information ?*]

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).

E. Bilan

- Voir figure 21.

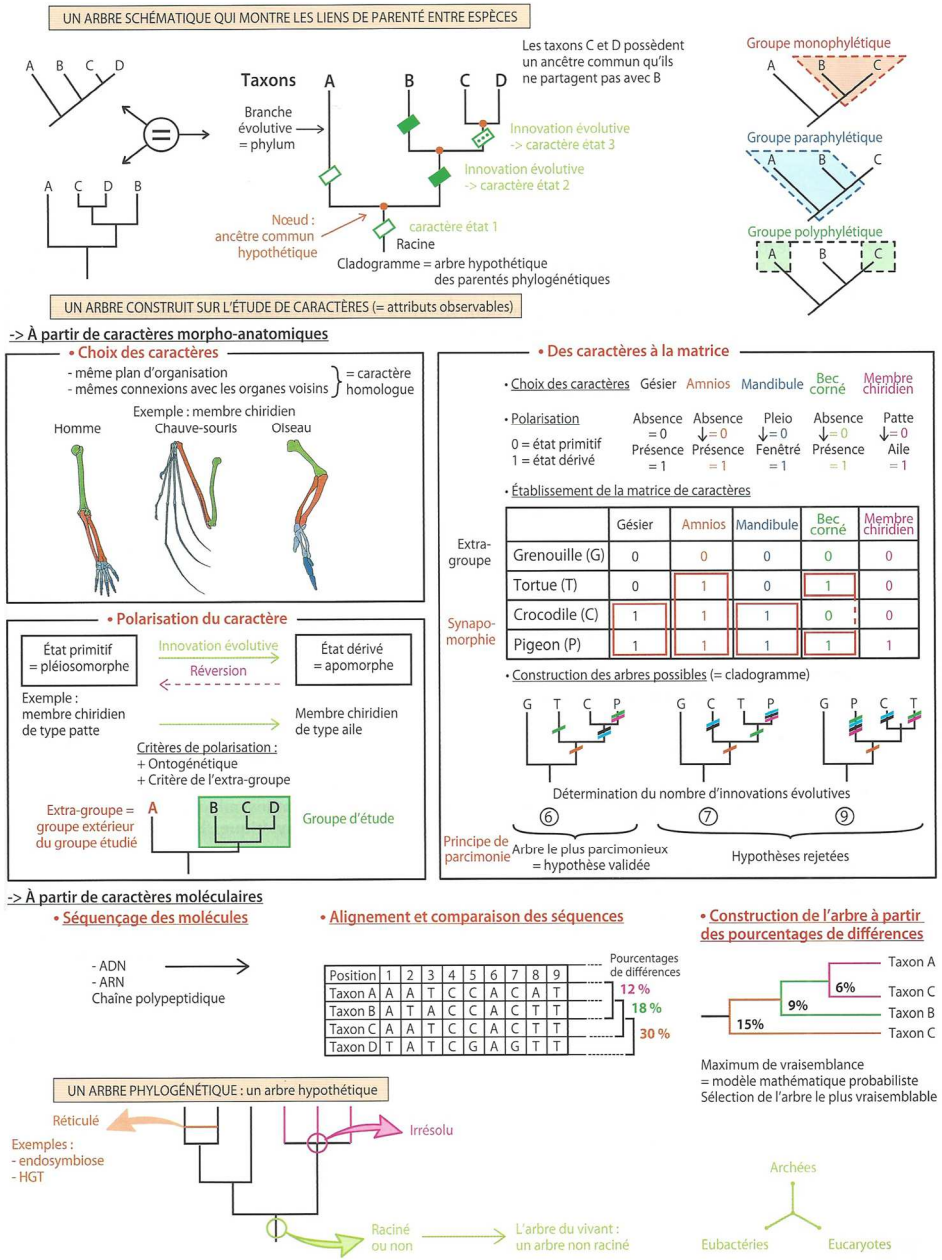


FIGURE 21. Arbres phylogénétiques et reconstruction phylogénétique.
D'après SAINTPIERRE *et al.* (2017).

IV. Phylogénie du vivant : morceaux choisis

A. Structure fondamentale de l'arbre du vivant : trois domaines (Eubactéries, Archées, Eucaryotes)

Eubactéries [Eubacteria] : ensemble d'organismes fondamentalement **unicellulaires** (avec quelques exceptions où l'on peut parler de **pluricellularité rudimentaire**) et **procaryotes**, aux modes de nutrition très variés, regroupant la grande majorité des espèces de procaryotes connues. Les **Cyanobactéries** sont une lignée d'Eubactéries qui présente une **compartimentation rudimentaire** (présence de **thylakoïdes**). [Environ 10 000 espèces décrites]

- **Acide muramique** (peptidoglycane particulier) dans la paroi
- Initiation de la **transcription** par une N-formylméthionine

Archées [Archaea] : ensemble d'organismes **unicellulaires procaryotes** colonisant surtout les milieux de vie à conditions extrêmes mais dont on pense aujourd'hui qu'ils sont répandus dans la plupart des milieux. [Plus de 400 espèces connues]

- Présence de **phospholipides particuliers** dans les **membranes cellulaires** (présence d'une laision éther entre le glycérol et les acides gras des phospholipides – *et non ester comme chez les autres organismes*) ; lipides en **monocouches** ou en **bicouches**
- Organisation tridimensionnelle particulière des **ribosomes**

Eucaryotes [Eukarya] : ensemble des organismes **uni- ou pluricellulaires** caractérisés par des cellules avec un **noyau** et des **compartiments** internes limités par une membrane. [Près de 2 000 000 d'espèces décrites]

- Essentiel du **génome** contenu dans un **noyau** délimité par une **enveloppe (double membrane)**
- Microtubules constitutés de **tubuline**
- Présence de **mitochondries** qui réalisent la respiration cellulaire (*les mitochondries peuvent être secondairement perdues par certains taxons*)
- Division cellulaire particulière (**mitose**) faisant intervenir les centrioles et des fuseaux de microtubules
- Existence d'une véritable **reproduction sexuée** (*parfois perdue*, pouvant coexister avec une reproduction asexuée)
- Compactage de l'ADN en **chromosomes** lors de la division cellulaire

FIGURE 22. Arbre du vivant (ARN 18S-16 S, *Neighbour Joining*). D'après SEGARRA *et al.* (2015).
À connaître !

(!) Des **études récentes** font émerger les **Eucaryotes au sein** même des **Archées** qui deviennent alors **paraphylétiques** pour ces dernières !

B. Structure de l'arbre des Eucaryotes

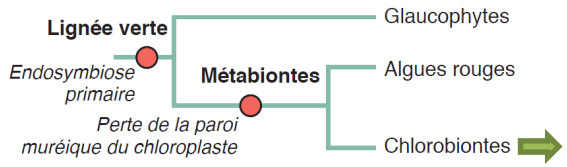
- Caractère **convergent** de la **pluricellularité ⇒ polyphylie des 'pluricellulaires'**
  [NB : parfois **réversion**, exemple des 'levures' dans les Eumycètes]
- Caractère **convergent** de l'acquisition des **plastes**
  ⇒ polyphylie des 'eucaryotes photosynthétiques'
  (!) **Scénarios d'endosymbiose** à connaître (on peut revoir le chapitre 1)
- **Racine de l'arbre discutée**

FIGURE 23. Arbre simplifié des Eucaryotes. *Même légendes que l'encadré J. Original.*

C. Structure de l'arbre des Embryophytes

- Paraphylie des 'bryophytes' traditionnelles, des 'ptéridophytes'
- NB au sein des Angiospermes : 'dicotylédones' paraphylétiques, Monocotylédones monophylétiques

FIGURE 24. Endosymbiose mitochondriale et endosymbiose primaire de Cyanobactérie (rappels). D'après SEGARRA *et al.* (2015).



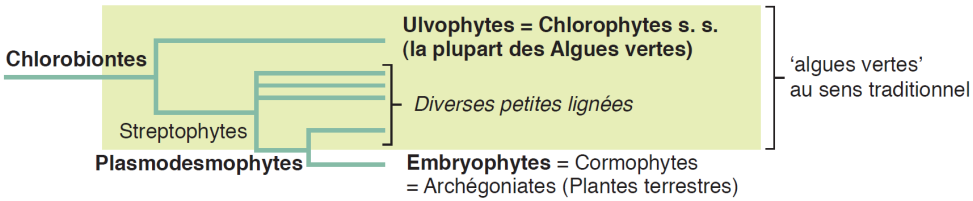


FIGURE 25. Arbre (simplifié) des Archéoplastides et des Chlorobiontes. D'après SEGARRA *et al.* (2015).

FIGURE 26. Arbre des Embryophytes : une vision simplifiée. D'après SEGARRA *et al.* (2015).

Caractères dérivés des Embryophytes (= Plantes terrestres)

-
-
-
-
-

Caractères dérivés des Angiospermes

-
-
-

D. Structure de l'arbre des Métazoaires

FIGURE 29. Arbre simplifié des Métazoaires. *Original.*

E. Structure de l'arbre des Arthropodes

- Deux **grandes groupes monophylétiques** : Chélicérates et Antennates = Mandibulates
- **Paraphylie** des **'uniramés'** (= 'atélocérates') et des **'crustacés'** traditionnels

Caractères dérivés des Arthropodes

-
-
-
-

Caractères dérivés des Pancrustacés

-
-
-

*Caractéristiques des **'crustacés'** (groupe paraphylétique !) :*

Il ne s'agit donc PAS de caractères dérivés

- ***Appendices** fondamentalement **biramés** (= deux séries d'articles)*
- ***2 paires d'antennes***

Caractères dérivés des Hexapodes (= Insectes au sens large)

-
-
-
-
-
-

Caractères dérivés des Insectes au sens strict (= Ectognathes)

-
-
-
-
-

FIGURE 30. Arbre phylogénétique simplifié des Arthropodes (à connaître).
D'après SEGARRA *et al.* (2015).

F. Structure de l'arbre des Vertébrés

- **'poissons'** et **'reptiles'** = groupes **paraphylétiques**
- **Sauropsides** (monophylétiques) = anciens 'reptiles' + Oiseaux
- certains groupes classiques de **'poissons'** sont **redéfinis** de manière à incorporer les **Tétrapodes**

FIGURE 32. Phylogénie simplifiée des Vertébrés. *Original.*

Caractères dérivés des Vertébrés
▪
▪
▪
▪
▪
Caractères dérivés des Mammifères
▪
▪
▪
Caractères dérivés des Téléostéens
▪
▪

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 1e 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, 2e édition (1e édition 2007).
BERTHET, J. (2006). *Dictionnaire de Biologie.* De Boeck Université, Bruxelles (Belgique).
BREUIL, M. (2007). *Biologie 1re année BCPST-véto.* Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
BREUIL, M. (2009). *Biologie 2e année BCPST-véto.* Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
CAMPBELL, N. A. & J. B. REECE (2004). *Biologie.* De Boeck Université, Bruxelles, 2e édition (1e 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 (4e edition).
CHASSANY, V., M. POTAGE & M. RICOU (2012). *Mini manuel de Biologie végétale.* Dunod, 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.
DENŒUD, J., T. FERROIR, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON, M.-L. PONS & F. TEJEDOR (2011). *Biologie-Géologie BCPST-véto 2e année.* Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
DENŒUD, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2013). *Biologie-Géologie BCPST-véto 1e année.* Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
DENŒUD, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON, M.-L. PONS & F. TEJEDOR (2014). *Biologie-Géologie BCPST-véto 2e année.* Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
GODINOT, C., H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2010). *Biologie-Géologie 1re année BCPST-véto.* Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
HALL, B. K. & B. HALLGRIMSSON (2008). *Strickberger's evolution.* Jones and Bartlett, Sudbury, MA (USA), 4e édition (1e édition par M. W. Strickberger 1990).
HARRY, M. (2008). *Génétique moléculaire et évolutive.* Maloine, Paris, 2e édition (1e 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, 3e édition (1e édition 2001).
LECOINTRE, G. & H. LE GUYADER (2013). *Classification phylogénétique du vivant Plantes à fleurs. Cnidaires. Insectes. Squamates. Oiseaux. Téléostéens.* Belin, Paris.
MEYER, S., C. REEB & R. BOSDEVEIX (2008). *Botanique. Biologie et physiologie végétales.* Maloine, Paris, 2e édition (1e 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 colloborateurs (2003). *Dictionnaire raisonné de Biologie.* Frison-Roche, Paris.
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 (2010*a*). *Biologie tout-en-un BCPST 1re année.* Dunod, Paris, 2e édition (2009), réimpression corrigée (2010) (1e édition 2006).
PEYCRU, P. (dir.), J.-C. BAEHR, F. CARIOU, D. GRANDPERRIN, C. PERRIER, J.-F. FOGELGESANG & J.-M. DUPIN (2010*b*). *Biologie tout-en-un BCPST 2e année.* Dunod, Paris, 2e édition (1e 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 1re année.* Dunod, Paris, 3e édition (1e 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 2e année.* Dunod, Paris, 3e édition (1e 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, 2e édition (1e édition 2010).
RIDLEY, M. (1997). *Évolution.* De Boeck, Bruxelles, traduction de la 2e édition américaine (1996).
RIDLEY, M. (2004). *Evolution.* Blackwell, Malden, MA, USA, 3e édition (1e édition 1993).
SCHUH, R. T. & A. W. BROWNER (2009). *Biological systematics. Principles and applications. Second edition.* Cornell University Press, New York, USA (1e édition 2000).
SAINTPIERRE, F., C. BORDI (dir.), M. ALGRAIN, Y. KRAUSS, I. MOLLIÈRE & H. CLAUCE (2017). *Mémento Biologie BCPST 1re et 2e années.* Vuibert, Paris.
SEGARRA, J. (dir.), É. CHAUVET, C. COLSON-PROCH, M. HUILLE, M. LABROUSSE, F. LOUET, F. METZ & E. PIÈTRE (2014). *Biologie BCPST 1re année.* Ellipses, Paris.
SEGARRA, J., E. PIÈTRE (dir.), G. BAILLY, O. CHASSAING, D. FAVRE, T. JEAN, F. METZ & C. MEUNIER (2015). *Biologie BCPST 2e année.* Ellipses, Paris.
SERRE, J.-L. (2006a). *Génétique.* Dunod, Paris, 3e édition (1e édition 2001).
SOLIGNAC, M., G. PERIQUET, D. ANXOLABÉHÈRE & C. PETIT (1995a). *Génétique et évolution. Tome I. La variation, les gènes dans les populations.* Hermann, Paris.
SOLIGNAC, M., G. PERIQUET, D. ANXOLABÉHÈRE & 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), 2e édition (1e édition 2000).
THOMAS, F., T. LEFÈVRE & M. RAYMOND (dir.) (2010). *Biologie évolutive.* De Boeck, Bruxelles.

Plan du chapitre

Objectifs : extraits du programme 1
Introduction 1

I. La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant 2
A. Nature et objectifs de la systématique 2
B. Les taxons, objets d'étude de la systématique 2
1. Notions de taxon et de rang taxonomique 2
2. Le *ranking*, une histoire de conventions ? 2
3. L'espèce, une réalité biologique objective ? 4
a. Une discussion ancienne… et insoluble 4
b. La définition biologique, définition fréquemment avancée 4
c. Le concept morphologique, concept le plus utilisé au quotidien 4
d. D'autres conceptions 5
C. Les activités du systématicien 5
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 *barcoding*, la description de demain ? 7
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 10
D. Les trois écoles systématiques de la deuxième moitié du XXe siècle 10
1. La systématique « évolutionniste » (= gradiste = éclectique) : un fréquent recyclage des classifications traditionnelles 10
a. Une classification fondée sur une vision de l'évolution par « paliers » 10
b. Le recours à la conception traditionnelle de l'homologie 10
2. La systématique phénétique : des classifications basées sur une quantification de la similitude morpho-anatomique des organismes 11
3. La systématique phylogénétique : des classifications basées sur l'apparentement des organismes et la notion d'apomorphie 11
E. Les arbres de parenté, supports de la systématique phylogénétique 11
1. Nature et lecture des arbres phylogénétiques 11
2. Monophylie, paraphylie et polyphylie 12

II. Les caractères utilisés dans l'établissement des liens de parenté 13
A. L'emploi de caractères variés mais homologues 13
1. La diversité des caractères utilisables 13
2. L'emploi de caractères homologues 13
a. L'homologie dans le cadre phylogénétique 13
b. Les moyens de détecter l'homologie 13
α. L'utilisation du principe des connexions morpho-anatomiques (anatomie comparée) 13
β. L'emploi des données embryologiques (embryologie comparée) 13
γ. Le recours aux données du registre fossile 14
3. Cas de l'homologie moléculaire 14
B. La distinction des états primitifs et dérivés de caractères 14
1. Notions d'état primitif et dérivé de caractère 14
2. Relativité des plésiomorphies et apomorphies 14
3. Existence possible de multiples états dérivés 15
C. La nécessité d'évacuer les fausses homologies 15
1. Les analogies, ressemblances fonctionnelles rarement prises pour des homologies 15
2. Les homoplasies, similitudes structurales ou embryologiques trompeuses 15
3. Cas des données moléculaires : la difficulté de reconnaître les gènes orthologues 15

III. Méthodes de construction et de validation des arbres phylogénétiques 16
A. Construction d'arbres à partir de caractères polarisés : l'analyse cladistique 16
1. Principes de l'analyse cladistique 16
2. Une méthode largement informatisée 16
3. Les différentes étapes de la méthode 17
a. Le choix des caractères 17
b. La polarisation des caractères et la construction d'une matrice de caractère 17
α. 1e méthode de polarisation : la comparaison à un extragroupe 17
β. 2e méthode : le critère ontogénétique (peu usité) 19
γ. 3e méthode : le critère paléontologique (= critère de la précédence géologique) 19
c. La construction des arbres possibles 19
d. Le choix de l'arbre le plus parcimonieux 19
B. Construction d'arbres à partir de séquences nucléotidiques ou peptidiques : les phylogénies moléculaires 20
1. Intérêt des phylogénies moléculaires 20
2. Grands principes communs aux phylogénies moléculaires 20
3. Difficultés transversales des approches moléculaires 20
4. La phylogénie moléculaire à l'heure de la génomique 20
C. Des arbres hypothétiques et compilables 20
1. Des résultats toujours hypothétiques 20
2. Une plausibilité des résultats vérifiable par des tests statistiques 21
3. L'existence de conflits phylogénétiques 21
D. Utilisations et conséquences des résultats phylogénétiques 21
1. Aperçu de la diversité des applications des phylogénies de taxons 21
a. La production de classifications phylogénétiques 21
b. La compréhension de l'évolution des taxons et de certains caractères : l'élaboration de scénarios évolutifs 21
c. La mise en évidence de l'impact des relations interspécifiques dans l'évolution : les phylogénies en miroir et la cospéciation 21
2. D'autres emplois possibles des méthodes de reconstruction phylogénétique (*pour information*) 22
E. Bilan 22

IV. Phylogénie du vivant : morceaux choisis 23
A. Structure fondamentale de l'arbre du vivant : trois domaines (Eubactéries, Archées, Eucaryotes) 23
B. Structure de l'arbre des Eucaryotes 24
C. Structure de l'arbre des Embryophytes 25
D. Structure de l'arbre des Métazoaires 26
E. Structure de l'arbre des Arthropodes 27
F. Structure de l'arbre des Vertébrés 27

Références 29
Plan du chapitre 30

© 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 octobre 2015 (version ATS Bio) • Adapt. mai 2018. Révisé mars 2019. Contact : Tanguy.Jean4@gmail.com
Adresse de téléchargement : https://www.tanguy-jean-svt.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.