

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

Partie 5. Biologie évolutive  
 >> Travaux pratiques <<

TP 5.1.

# TD Diversité des Animaux (Reconstruction phylogénétique)

## Objectifs : extraits du programme

Séance(s)	Connaissances clefs à construire, commentaires, capacités exigibles
Diversité des Animaux (1 séance)	- comparer les plans d'organisation - construire un arbre phylogénétique

## Introduction

Dans ce TP, on se propose de :

- Construire des **arbres phylogénétiques** par **analyse cladistique** sur des **exemples simples** ;
- Construire un **arbre phylogénétique** par une **méthode moléculaire simple** ;
- **Comparer** succinctement les **plans d'organisation animaux** (en lien avec le **chapitre 8** sur les plans d'organisation et les **divers TP de zoologie de la partie 2**).

**Comment construit-on des arbres phylogénétiques ?  
 Que nous enseigne la comparaison des plans d'organisation animaux ?**

## I. Analyse cladistique

### A. Travail à la main

Comment peut-on construire à la main un arbre phylogénétique à partir d'une collection de taxons et de caractères choisis ?

#### Activité 1. Construction d'arbres à la main (intragroupes de 3 ou 4 taxons)

Savoirs à construire	Construction d'arbres phylogénétiques à la main	
Savoir-faire sollicités	Capacité ou attitude visée	Évaluation
	Maîtriser un outil, un geste technique, un logiciel > Polarisation de caractères > Construction d'une matrice de caractères > Construction d'arbres phylogénétiques possibles > Application du principe de parcimonie	
	Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... > Arbres phylogénétiques	

En utilisant la feuille annexe (ou sur papier libre), **construisez** les arbres à partir des collections d'organismes proposées lors de la séance et en utilisant les caractères retenus.

### B. Travail sur Phylogène

Comment peut-on construire à la main avec Phylogène à partir d'une collection de taxons et de caractères choisis ?

#### Activité 2. Construction d'arbres sous Phylogène

Savoirs à construire	Construction d'arbres phylogénétiques avec Phylogène	
Savoir-faire sollicités	Capacité ou attitude visée	Évaluation
	Maîtriser un outil, un geste technique, un logiciel > Logiciel <i>Phylogène</i>	
	Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... > Arbres phylogénétiques	

#### Exercice 2.1. Travail sur une collection de Vertébrés

D'après <http://svt.ac-rouen.fr/productions/phylogene/phylogene.html> (octobre 2015)

Utilisez le logiciel *Phylogène* (Lycée) en employant la **fiche technique**.

1. **Sélectionnez** la collection : « Vertébrés actuels et fossiles ».
2. Dans la collection, **choisissez** les **êtres vivants** suivants : Lézard, Homme, Pigeon, *Archaeopteryx*. **Sélectionnez** les **caractères** anatomiques suivants : crâne et vertèbres, doigts, mâchoire, squelette osseux, ailes, plumes.
3. **Complétez** la **matrice de caractères**.
4. **Construisez** les arbres possibles avec le logiciel (Homme : extragroupe) et **choisissez** le plus parcimonieux.

#### Pistes de réflexion et d'exploitation

Quels caractères possédait l'ancêtre commun au Lézard, au Pigeon et à l'*Archaeopteryx* ? Quels sont les caractères non informatifs dans cette étude ?

## Quelques raccourcis

par Jean François Madre — Dernière modification 30/05/2010 19:11



Ces raccourcis fonctionnent même en mode élève.

- Activité **Construire**  
**Remplissage automatique** du tableau (avec les seul taxons et caractères activés : cliquer sur la tableau puis <Ctrl>-T
- Activité **Classer**  
Rangement des lignes et des colonnes (pas toujours optimal) et fusions des colonnes et des boîtes et emboîtement complet : <Ctrl>-T
- Activités **Classer** et **Établir** des parentés (collège ou lycée)  
Rangement des lignes et des colonnes (pas toujours optimal) : <Ctrl>-R
- Activités Dater et Organiser des données paléontologiques  
Positionnement automatique des taxons sur l'axe du temps : <Ctrl>-T

<http://acces.ens-lyon.fr/evolution/logiciels/phylogene/documentation-2011-2012/fonctions-avancees/quelques-raccourcis> (octobre 2015)

### Exercice 2.2. Travail sur le sujet d'écrit du Concours C 2015

D'après Épreuve écrite de Biologie, Concours Agro-véto, voie C, 2015

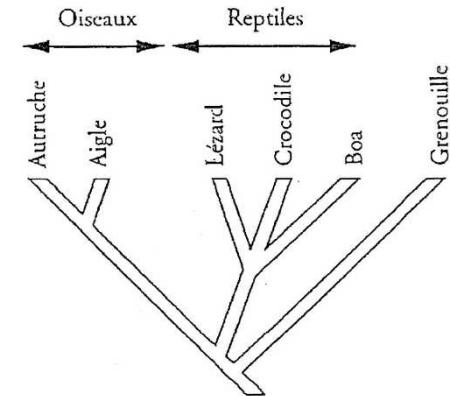
1. Dans les classifications traditionnelles, on définissait les Oiseaux comme des vertébrés ailés, recouverts de plumes et les Reptiles comme un groupe de vertébrés dont le corps est recouvert d'écaillés épidermiques (document 1a). Des scientifiques, dans une approche phylogénétique, ont proposé une nouvelle classification regroupant les Crocodiliens avec les Oiseaux sous le nom d'Archosauriens.

À partir de l'étude des documents 1a et 1b,

- 1.1. Reconstruire l'arbre selon les nouvelles données phylogénétiques en positionnant les innovations évolutives pour les six taxons concernés. Expliciter votre raisonnement pour cette construction.
- 1.2. Sur l'arbre figurant sur le document 1a (**Exemplaire à rendre avec la copie**), positionner les innovations évolutives.
- 1.3. Comparer ces deux arbres et justifier la disparition de la classification phylogénétique du groupe des Reptiles et la création du groupe des Archosauriens. Préciser ce que représentent les Oiseaux dans cette nouvelle construction cladistique.

## DOCUMENT 1

Document 1a : Ancienne classification des vertébrés



Document 1b : Comparaison de quelques caractères anatomiques de ces vertébrés

	Écaillés	Membrane nictitante	Fosse temporale	Fenêtre mandibulaire	Gésier	Plumes
Aigle	<b>sur les pattes</b>	<b>présente</b>	<b>présente</b>	<b>présente</b>	<b>présent</b>	<b>présentes</b>
Autruche	<b>sur les pattes</b>	<b>présente</b>	<b>présente</b>	<b>présente</b>	<b>présent</b>	<b>présentes</b>
Crocodile	<b>sur tout le corps</b>	<b>présente</b>	<b>présente</b>	<b>présente</b>	<b>présent</b>	absentes
Boa	<b>sur tout le corps</b>	absente	<b>présente</b>	absente	absent	absentes
Lézard	<b>sur tout le corps</b>	absente	<b>présente</b>	absente	absent	absentes
Grenouille	absentes	absente	absente	absente	absent	absentes

Les états dérivés des caractères étudiés sont indiqués en gras.

**Réalisez** cet exercice mais en construisant la *matrice* et les deux *arbres* sous *Phylogène*. Puis **reproduisez** les *arbres* à la main.

**Pistes de réflexion et d'exploitation**

Répondez aux questions posées dans le sujet du concours.

## II. Initiation à une méthode moléculaire (WPGMA)

Comment peut-on construire à la main un arbre phylogénétique à partir de séquences comparées ?

### Principales méthodes utilisables en phylogénie moléculaire

On peut les classer en trois catégories principales.

#### a) Les méthodes phénétiques ou méthodes de distance

(!) Ne pas confondre **systématique phénétique** et **méthodes phénétiques** : si les premières **méthodes phénétiques** ont effectivement été inventées dans le cadre de la **systématique phénétique** (en les appliquant alors à des caractères morpho-anatomiques), elles sont **aujourd'hui appliquées à des données moléculaires dans un cadre conceptuel phylogénétique**.

#### Principe

Elles sont basées sur le **pourcentage de divergence** (ou de **similitude**) entre **séquences comparées deux à deux**. On construit pour cela des **tableaux à double entrée taxon-taxon** où l'on reporte ces **pourcentages** : ce sont des **matrices de distances**.

#### Méthodes principales

– L'**UPGMA** (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean*, méthode non pondérée de regroupement par paires par moyenne arithmétique) ou le **WPGMA** (*Weighted Pair Group Method with Arithmetic mean*, méthode non pondérée de regroupement par paires par moyenne arithmétique) sont des **méthodes simples** qui reposent sur une application des **principes phénétiques fondamentaux** : produire des **arbres basés sur la divergence quantifiée** entre **molécules**. Pour admettre la **pertinence phylogénétique** de ces méthodes, il faut adhérer sans réserve à la **théorie neutraliste de l'évolution moléculaire**. Selon cette théorie aujourd'hui bien admise (mais nuancée !), la **plupart des mutations** (et non toutes, contrairement à la caricature de certains détracteurs) sont **neutres à l'échelle moléculaire**. Dès lors, on peut **postuler** que, pour un **gène donné** et au sein d'un **ensemble de taxons donnés**, **les mutations s'accumulent de manière régulière au cours du temps** : c'est ce qu'on appelle **l'horloge moléculaire**. Aussi, l'**UPGMA** et le **WPGMA** postulent que, **plus les séquences se ressemblent, plus les taxons étudiés sont phylogénétiquement proches**. La **racine** sera placée sur la **séquence la plus différente** des autres.

– Le **NJ** (*Neighbour Joining*, rapprochement de voisinage) produit des **arbres non enracinés** sans se baser sur une stricte observance de l'horloge moléculaire, ce qui autorise la **prise en compte de potentielles variations des vitesses d'évolution des séquences** : c'est la raison de son invention en 1987 par SAITOU et NEI qui trouvaient l'**UPGMA** trop artificielle. Tous les taxons sont initialement **placés sur un arbre en étoile** et les taxons sont **regroupés petit à petit les uns après les autres** (on regroupe deux taxons, puis un troisième taxon avec les deux autres, puis un quatrième taxon avec l'ensemble des trois autres...) en construisant **tous les arbres possibles à chaque nouvelle étape** et en **choisissant celui qui présente une taille minimale** (notons qu'une **nouvelle matrice** est construite à chaque étape en appliquant une formule particulière). L'objectif est de **minimiser au maximum la taille de l'arbre final**.

#### Intérêts et limites

– L'**UPGMA** et le **WPGMA** reposent sur l'**horloge moléculaire** de manière **rigide** ; elle n'est donc quasiment plus employée, l'**hypothèse de non-variation des vitesses d'évolution** étant trop **artificielle**.

– Le **NJ** est une **méthode très populaire** depuis son invention : elle est rapide, **facile à mettre en œuvre** et peut s'appliquer à un **grand nombre de séquences**. Néanmoins, le mode de construction ne produit **pas nécessairement l'arbre le plus probable**.

– Ces méthodes **ne permettent pas de voir si un site nucléotidique a subi plus d'une mutation** (mais des **méthodes de correction** peuvent **pondérer** les résultats et **intégrer** cette **possibilité**).

#### b) Les méthodes de parcimonie

##### Principe

Il s'agit non plus de quantifier la divergence des séquences mais de **considérer chaque site (nucléotidique ou peptidique) muté** comme un **caractère**. La **parcimonie** consiste à **minimiser le nombre de « pas » (mutations)** nécessaires pour **passer d'une séquence à une autre** dans un arbre.

Cette méthode s'appuie sur les **hypothèses suivantes** :

– Les **sites** évoluent **indépendamment** les uns des autres (la séquence peut être considérée comme une **suite de caractères** non ordonnés)

– La **vitesse d'évolution** est **lente** et **constante** au cours du temps.

La méthode de **maximum de parcimonie** examine toutes les **topologies possibles** afin de trouver **l'arbre optimal** (le plus **parcimonieux**).

##### Intérêts et limites

– Cette méthode impose de **réaliser tous les arbres possibles**, ce qui **augmente rapidement** avec le nombre de séquences et rend le **travail très long**, même informatiquement.

– Cette méthode est **cladistique** plutôt que **phénétique** et elle intègre des **états initiaux et dérivés** ; on peut donc se tromper lors de la **polarisation**.

– La méthode ne permet toutefois **pas** de voir si un site a subi des **mutations multiples**, n'utilise **pas tous les sites existants** (mais juste les sites dits « informatifs ») et ne donne **aucune information sur la longueur des branches** (c'est-à-dire la divergence).

#### c) Les méthodes probabilistes

##### Principe

Les **méthodes probabilistes** utilisent des **formules de probabilité** en intégrant d'éventuels **modèles évolutifs** dans leurs algorithmes. Il ne s'agit plus seulement de comparer la divergence des séquences mais la **probabilité pour que les séquences aient muté sur tel ou tel site nucléotidique ou peptidique** (par exemple, on intègre la probabilité de chaque type de mutation). Elles reposent sur des **modèles d'évolution**. Lorsque le **modèle est bien choisi**, ces méthodes sont celles qui **s'approchent le mieux de la réalité**.

#### Méthodes principales

On peut citer deux grandes catégories d'approches :

– La **méthode du maximum de vraisemblance** (**ML**, *maximum likelihood*) : cette méthode travaille sur les **sites considérés comme des caractères** mais intègre la **probabilité que ceux-ci subissent une (ou plusieurs) mutations** en utilisant des modèles évolutifs choisis par le phylogénéticien.

– Les **méthodes bayésiennes** fondées sur le **cadre probabiliste de BAYES** qui sont une méthode calculatoire encore plus **complexe** et **lourde** (donc parfois difficile à mettre en œuvre) mais donnant d'excellents résultats.

##### Intérêts et limites

– Ces méthodes permettent d'obtenir des **résultats jugés très fiables**, en **minimisant les biais** des phylogénies moléculaires classiques. Ils sont considérés comme **les plus prometteurs** aujourd'hui.

– **Aucune référence absolue** n'existe pour **choisir le modèle évolutif pertinent** face à une séquence (et le choix d'un modèle erroné est le biais le plus préjudiciable à ces approches).

– Ces méthodes sont **extrêmement lourdes** d'un point de vue **calculatoire** et **algorithmique** (surtout BAYES) d'où l'emploi d'heuristiques pour limiter le nombre de configurations étudiées, ce qui implique que des possibilités ne soient pas examinées.

### Activité 3. Construction à la main d'une phylogénie moléculaire (WPGMA)

D'après LECOINTRE & LE GUYADER (2009)

Savoirs à construire	Initiation aux phylogénies moléculaires	
Savoir-faire sollicités	Capacité ou attitude visée	Évaluation
	Maîtriser un outil, un geste technique, un logiciel ➤ Phylogénie moléculaire (pour information)	
	Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... ➤ Phylogrammes	

On se propose de construire, par le biais de la **méthode WPGMA**, une **phylogénie simple de quelques Vertébrés** à partir des **séquences peptidiques** de leurs **globines alpha** (**document a**).

```

ESPÈCES          Séquences alignées
-----
Carpe commune    SLSDKDKAAV KIAWAKISPK ADDIGAEALG RMLTVYPQTK TYFAHWADLS PGSGPVKHGK
Homme             V--PA--TN-  -A--G-VGAH  -GEY-----E  --FLSF-T--  ---P-F*---  H--AQ--GHG
Roussette        V--SA--TNI  -A--D-VGGN  -GEY-----E  --FLSF-T--  ---P-F*---  H--AQ--GHG
Coq domestique  V--AA--NN-  -GIFT--AGH  -EEY---T-E   --F-T--P--  ---P-F*---  H--AQI-GHG

          Séquences alignées
          -----
KVIMGAVGDA VSKIDDLVGG LASLSELHAS KLRVDPANFK ILANHIVVGI MFYLPGDFFP
-KVAD-LTN- -AHV--MPNA -SA--D---H  -----V--- L-SHCLL-TL AAH--AE-T-
-KVGD-LTN- -GHL---P-A  -SA--D---Y  -----V--- L-SHCLL-TL ANH--S--T-
-KVVA-LIE- ANH---IA-T -SK--D---H  -----V--- L-GQCFLL-VV AIHH-AALT-

-- Séquences alignées --
EVHMSVDKFF QNLALALSEK YR
A--A-L---L ASVSTV-TS- --
A--A-L---L ASVSTV-TS- --
---A-L---L CAVGTV-TA- --
    
```

Séquences alignées d'une portion de l'hémoglobine  $\alpha$ . Les lettres correspondent au code des acides aminés. Un tiret signifie identité par rapport à l'acide aminé de la première ligne; une étoile l'absence de l'acide aminé.

#### A DOCUMENT a. Matrice de position comparant les séquences alignées de globines $\alpha$ de quatre Vertébrés.

1. On appelle **distance** ou **divergence** le pourcentage de nucléotides qui diffèrent entre les gènes de deux espèces étudiées (notons qu'un **nucléotide absent** est compté comme une **différence** dans la séquence). **Recopiez et complétez** la **matrice de distance** (**document b**) en utilisant les séquences proposées.

Taxons / Taxons	Carpe	Homme	Roussette	Coq
Carpe	0,00	-	-	-
Homme		0,00	-	-
Roussette			0,00	-
Coq				0,00

#### A DOCUMENT b. Matrice de distance à compléter.

2. On admettra que **toutes les séquences évoluent à la même vitesse dans toutes les branches de l'arbre** (ce qui constitue un postulat de la méthode WPGMA) et que les pourcentages calculés reflètent les différences pour l'extrait de **séquence peptidique de l'hémoglobine**. En utilisant la **matrice** produite à la question précédente, **construisez un phylogramme WPGMA** des taxons proposés en employant la méthode expliquée :

- Dans la matrice des distances, trouver les taxons  $i$  et  $j$  pour lesquels la distance  $d_{ij}$  est la plus petite.
- Mettre la racine à égale distance de  $i$  et de  $j$ , soit à  $d_{ij}/2$ .
- Créer un nouvel ensemble qu'on peut nommer  $X$  incluant  $i$  et  $j$ . Si  $i$  et  $j$  sont les deux derniers ensembles, l'arbre est complet.
- Recalculer une matrice de distance en prenant comme distance de  $X$  à chaque taxon  $k$ , la moyenne des distances  $d_{ki}$  et  $d_{kj}$  :  $d_{Uk} = (d_{ki} + d_{kj}) / 2$
- À partir de cette nouvelle matrice (dans laquelle il y a une entrée de moins car  $i$  et  $j$  ont été agglomérés en un ensemble  $U$ ), retourner à la première étape.

Notez qu'on vous demande un **phylogramme**, c'est-à-dire un arbre phylogénétique dont la longueur est proportionnelle à la divergence des molécules : vous devrez donc faire des branches dont la taille sera égale à chaque fois à  $d_{ij}/2$ .

### III. Anatomie comparée chez les Métazoaires

Comment la comparaison des plans d'organisation des Métazoaires vus en TP nous renseigne sur l'évolution des Animaux ?

#### Activité 4. Construction d'un tableau comparatif du plan d'organisation de la Souris, le Téléostéen, l'Écrevisse et le Criquet

<b>Savoirs à construire</b>	Anatomie comparée, homologie, convergence	
<b>Savoir-faire sollicités</b>	<b>Capacité ou attitude visée</b>	<b>Évaluation</b>
	Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... ➤ Tableau	

Reproduisez (en grand !) et complétez le tableau ci-dessous.

Vous mettez en lumière :

- les **taxons aquatiques** et les **taxons aériens** ;
- les **caractères partagés par les Arthropodes** et les **caractères partagés par les Vertébrés (homologies)**
- les **analogies** et **convergences** liées à l'adaptation au **milieu aquatique** ou **terrestre**.

Taxon	Fonctions de relation				Fonctions de nutrition			Fonctions de reproduction
	Système nerveux	Systèmes sensoriels	Tégument	Squelette et motilité	Respiration	Circulation	Excrétion azotée	
Crustacé								
Téléostéen								
Insecte								
Mammifère								

### 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>re</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, 2e édition (1e édition 2007).
- BERTHET, J. (2006). *Dictionnaire de Biologie*. De Boeck Université, Bruxelles (Belgique).
- BREUIL, M. (2007). *Biologie 1<sup>re</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>re</sup> édition 1995).
- [CAMPBELL, N. A.], J. B. REECE, L. A. URY, M. L. CAIN, S. A. WASSERMAN, P. V. MINORSKY, R. B. JACKSON (2012). *Campbell Biologie*. Adaptation française J. FAUCHER & R. LACHAÎNE. Pearson, Paris (4e édition).
- 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.
- DENGEUD, 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.
- DENGEUD, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2013). *Biologie-Géologie BCPST-véto 1<sup>re</sup> année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- DENGEUD, 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>re</sup> 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 collaborateurs (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 (2010a). *Biologie tout-en-un BCPST 1<sup>re</sup> année*. Dunod, Paris, 2<sup>e</sup> édition (2009), réimpression corrigée (2010) (1<sup>re</sup> édition 2006).
- PEYCRU, P. (dir.), J.-C. BAEHR, F. CARIU, 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>re</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>re</sup> année*. Dunod, Paris, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>re</sup> édition 2006).
- PEYCRU, P., D. GRANDPERRIN, C. PERRIER (dir.), B. AUGÈRE, J.-F. BEAUX, F. CARIU, 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>re</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>e</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>e</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>e</sup> édition 2000).
- SEGARRA, J. (dir.), É. CHAUVET, C. COLSON-PROCH, M. HUILLE, M. LABROUSSE, F. LOUET, F. METZ & E. PIÈTRE (2014). *Biologie BCPST 1<sup>re</sup> année*. Ellipses, Paris.
- SEGARRA, J. (dir.), G. BAILLY, O. CHASSAING, D. FAVRE, T. JEAN, F. METZ, C. MEUNIER & E. PIÈTRE (à paraître). *Biologie BCPST 2<sup>e</sup> année*. Ellipses, Paris.
- SERRE, J.-L. (2006a). *Génétique*. Dunod, Paris, 3<sup>e</sup> édition (1<sup>e</sup> 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), 2<sup>e</sup> édition (1<sup>e</sup> édition 2000).
- THOMAS, F., T. LEFÈVRE & M. RAYMOND (dir.) (2010). *Biologie évolutive*. De Boeck, Bruxelles.

## Plan du TD

<b>Objectifs : extraits du programme</b>	<b>1</b>
<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>I. Analyse cladistique</b>	<b>1</b>
A. Travail à la main	1
B. Travail sur <i>Phylogène</i>	1
<b>II. Initiation à une méthode moléculaire (WPGMA)</b>	<b>3</b>
<b>III. Anatomie comparée chez les Métazoaires</b>	<b>5</b>
<b>Références</b>	<b>5</b>
<b>Plan du TD</b>	<b>6</b>
<b>Annexe I. Correction de l'activité 3</b>	<b>7</b>
<b>Annexe I. Correction de l'activité 4</b>	<b>7</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 mai 2018. Dernière révision : mars 2020. Contact : [Tanguy.Jean4@gmail.com](mailto: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.