

CONSTRUCTION ET ÉTUDE D'UN ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE



1 Quelques définitions

Phylogénie (phylogenèse) est une reconstruction de l'histoire évolutive des êtres vivants. Le terme phylogenèse a été introduit par Haeckel en 1866. Les fondements de la systématique phylogénétique ou cladistique ont été formulés par Willy Hennig, en 1950.

L'analyse phylogénétique a pour objectif de reconstruire des liens de parenté entre les organismes et d'estimer leurs temps de divergence

Un arbre phylogénétique est une représentation graphique de la phylogenèse d'un groupe de taxons. Les sommets représentent les taxons ou les unités évolutives (OTU – operational taxonomic units).

Les nœuds internes représentent des ancêtres hypothétiques.

Les branches définissent les relations entre les taxons en terme de descendance.

Taxon : Ensemble des organismes reconnus et définis dans chacune des catégories de la classification biologique hiérarchisée. En d'autres termes : contenu concret d'une catégorie. Exemple : *Canis lupus*, le Loup, est un taxon de rang spécifique (catégorie : espèce) ; les canidés (*Chien*, *Loup*, *Renard* .) constituent un taxon de rang familial (catégorie : famille)

La méthode cladistique est basée sur la notion d'homologie. On n'établira des relations de parenté que sur la base du partage des états évolués des caractères (ou homologies). Lorsqu'une nouveauté évolutive apparaît chez un organisme, elle sera transmise à tous ses descendants. On peut donc tenir le raisonnement suivant : lorsque plusieurs être vivants partagent une même nouveauté évolutive (**homologie**), ils l'ont héritée d'un même ancêtre, qui leur est propre (ancêtre commun), et chez qui cette nouveauté est apparue.

Caractère : On appelle (en première approche) caractère tout attribut observable d'un individu. Dans le contexte cladistique, un caractère est une collection d'attributs sur laquelle on fait un pari d'homologie.

Homologie :

Des structures sont homologues lorsqu'elles occupent la même position et qu'elles ont les mêmes connexions avec les structures voisines au sein d'organismes partageant un même plan d'organisation, et ceci quelles que soient leur forme et leur fonction - R. Owen (1843).

Exemple : membres humain, otarie, chauve-souris, tortue, oiseau.

Comment différencier analogie (similitude) et homologie ?

(Exemple : Etude des ailes)

L'étude de caractères embryonnaires permet de montrer que 2 structures de formes et de fonctions différentes ont la même origine embryonnaire, elles doivent avoir une origine phylogénétique commune ce qui peut aboutir à une hypothèse d'homologie.

Les analogies peuvent être dues à des phénomènes de convergence de forme, liées aux adaptations au milieu de vie (exemple : les ailes des oiseaux et des chauve-souris), ou encore à des phénomènes de régression (exemple : l'absence de pattes chez les serpents).

Les organes analogues ne sont donc pas hérités d'un même ancêtre commun, ils ne traduisent pas les relations de parenté.

L'aile chez l'oiseau et le bras de l'homme sont homologues, en tant que patte avant !
Par contre l'aile chez la chauve souris et l'aile chez l'oiseau ne sont pas homologues en tant qu'aile, car la fonction d'aile a été acquise séparément !

2 Polarisation des caractères : État primitif (ancestral) et état dérivé

L'observation de structures dites homologues permet de définir plusieurs états pour un même caractère (ex: nombre de doigts des membres chez les Tétrapodes). Il est essentiel de déterminer quel est l'état primitif et quel est l'état dérivé de chaque caractère étudié. On dit que l'on polarise les caractères.

Il existe un événement évolutif (innovation) permettant le passage d'un état ancestral à un état dérivé.

Pour un caractère donné, l'état qui apparaît le 1er est considéré comme le plus ancestral, l'état qui apparaît dans un 2nd temps est l'état dérivé.

L'état dérivé a été transmis par un ancêtre commun exclusif à un ensemble d'espèces au sein de l'échantillon.

La notion de « caractère dérivé » est RELATIVE : elle est définie par rapport au groupe d'espèces dont on recherche les liens de parenté. Exemple: au sein des vertébrés, la possession d'un placenta est un caractère dérivé mais, au sein des Primates, c'est un caractère ancestral (car les TOUS les primates ont un placenta). Il ne peut donc servir pour établir des relations de parenté au sein des Primates.

Le critère extra-groupe

Il consiste à choisir une espèce extérieure à l'échantillon à classer

Il servira de référence chez qui on postule (hypothèse de travail) que tous les caractères étudiés sont à l'état primitif.

Cette espèce est choisie de manière à ce que son point de branchement dans l'arbre phylogénétique soit antérieur au dernier ancêtre commun à toutes les espèces de l'échantillon à classer.

Les caractères seront ainsi codés pour réaliser une matrice de caractères qui présente pour chaque groupe l'état de chaque caractère utilisé.

0 : état trouvé dans l'extra-groupe - 1 : état dérivé.

Le principe de la méthode cladistique consiste à regrouper les organismes présentant le même état dérivé pour un caractère. Deux organismes ont d'autant plus proches qu'ils partagent un grand nombre de caractères à l'état dérivé.

Autrement dit : "Plus 2 espèces étudiées partagent de caractères dérivés communs, plus elles sont proches ». Ainsi il suffit d'identifier un caractère dérivé commun à plusieurs espèces pour conclure que ces espèces ont une origine commune. Par exemple la bipédie est le caractère dérivé qui permet de classer toutes les espèces fossiles et Homo sapiens, au sein de la lignée humaine.

Les clades

L'arbre permet de définir des groupes ayant une signification phylogénétique, c'est-à-dire des groupes dont tous les membres partagent au moins un attribut exclusif (caractère dérivé propre) qui leur a été légué par un ancêtre commun hypothétique.

Ces groupes sont monophylétiques ; ce sont des clades (ancêtre commun + tous les descendants).

Exemple : Crocodile et Pigeon sont inclus dans un clade, celui des Archosaures.

Les ancêtres communs se trouvent toujours aux noeuds de l'arbre et sont hypothétiques.

Un ancêtre commun est défini par l'ensemble des caractères dérivés des espèces qui en dérivent (= espèces qui lui sont postérieures) : il possède également les caractères ancestraux des groupes dans lesquels il est inclus (groupes antérieurs).

Un ancêtre commun n'est jamais représenté par une espèce fossile : il est toujours hypothétique.

Le principe de parcimonie :

Plusieurs cladogrammes peuvent être établis à partir d'un même ensemble de taxons et de caractères.

Le cladogramme qui sera considéré comme le plus valable (le plus probable) est celui qui sera le plus parcimonieux, c'est-à-dire celui qui supposera le moins de transformations évolutives.

3

La Phylogénie génétique

Les arbres basés sur la quantification des mutations de séquences nucléotidiques (ADN, gènes) et des mutations de séquences peptidiques (protéines, acides aminés) sont interprétés comme suit : des séquences ressemblantes témoignent d'une parenté étroite des espèces qui les possèdent, parenté d'autant plus forte que les ressemblances sont nombreuses (ou les différences sont faibles).

Exemple : Phylogénie de l'ours des cavernes.

Bibliographie

<http://accres.ens-lyon.fr/evolution/evolution/enseignement-de-levolution/syntheses-mises-au-point/liens-de-parente/lire-et-exploiter-un-arbre-phylogenetique#fossiles>

G. Lecointre : Classification phylogénétique du vivant

http://www.edu.upmc.fr/sdv/desdevises/master_bmc/PDFs/Notes_Init_Phylo.pdf