

En prenant l'exemple des Vertébrés, présentez les principes de la classification phylogénétique

Vertébrés : Métazoaires ayant un système nerveux dorsal, un squelette interne, une colonne vertébrale et un crâne.
Classification phylogénétique : C'est un système de classification des êtres vivants qui a pour objectif de rendre compte des degrés de parenté entre les espèces et qui permet donc de comprendre leur histoire évolutive (ou phylogénie). C'est Willi Henning qui a mis en place les méthodes principales de la systématique phylogénétique (1950).

PROBLEMATIQUE : Quels sont les critères et les principes de la classification phylogénétique ?

I- Les différents caractères pour fonder une classification

- Les caractères morphoanatomiques :** Ce sont les **caractères** les plus accessibles et historiquement, les premiers à avoir été employés (notion d'espèce typologique). Ces caractères permettent de classer les vertébrés en fonction de leurs **attributs** (présence de pattes, plumes, gésier, estomac à 4 poches des ruminants...). De plus, les caractères liés au squelette permettent d'intégrer les fossiles.
- Les caractères embryologiques :** Grandes similarités concernant le développement embryonnaire. L'acquisition du plan d'organisation se fait au cours des 1ers stades du développement embryonnaire : formation des axes (A-P puis D-V), régionalisation du corps (formation des somites). Dans de nombreux cas, la classification phylogénétique se base sur la présence de caractères qui peuvent disparaître à l'état juvénile ou adulte. C'est le cas de l'amnios et de la chorde.
- Les caractères moléculaires :** Dans de nombreux cas, la résolution d'un arbre reste complexe. Dans ce cas, on fait appel à des séquences moléculaires (ADN, ARN, protéines) conservées telles que : hémoglobine, cytochrome c, ARN18S et 16S. On parle alors de **phylogénie moléculaire**.
- La notion d'homologie et d'homoplasie :** les homologies correspondent à des ressemblances de structures qui entretiennent les mêmes connexions, relations topologiques avec les structures voisines, quelles que soient leur forme ou leurs fonctions. (ex membre chirodien des tétrapodes). **L'homologie** est d'abord une hypothèse qui doit être testée par la réalisation d'un arbre. Lorsque la ressemblance n'est pas basée sur une homologie, on parle d'**homoplasie**. Celle-ci peut résulter d'une **convergence** ou d'une **réversion**. Enfin, **l'analogie** concerne la similarité de fonction (ni synonyme d'homoplasie ni d'homologie).

II- La construction de l'arbre phylogénétique

- Matrice de caractères et polarisation des caractères : notion d'état ancestral et d'état dérivé :** Les critères employés permettent d'établir une matrice de caractères. Ce tableau récapitule les caractères et permet de **classer les espèces au sein de groupes emboîtés**. La détermination des états ancestraux (**plésiomorphie**) et des états dérivés (**apomorphies**) peut se faire soit pas comparaison des caractères, soit par inclusion d'un extra-groupe. Après polarisation, on va également **coder les caractères**. Par convention, les caractères ancestraux (extra groupe) sont notés 0 alors que les caractères dérivés sont notés 1.
- Le critère de parcimonie et le choix d'un arbre consensus :** La réalisation de l'arbre est ensuite une construction basée sur des **hypothèses de transformations** (apparition/disparition d'un caractère). Ces transformations doivent respecter le **principe d'économie d'hypothèses (parcimonie)**.
- L'enracinement de l'arbre et la notion d'extra-groupe :** Le **critère extra-groupe** consiste à choisir une espèce extérieure à l'échantillon. Elle constitue une référence externe pour laquelle on postule que tous les caractères sont ancestraux/primitifs. Ceci nécessite des connaissances préalables sur l'histoire évolutive de cette espèce (branchement antérieur à tous les autres). Le choix de cette espèce nécessite une possibilité de comparaison (ver de terre ou paramécie sont peu judicieux pour l'extra-groupe des Vertébrés).

III- L'utilisation de l'arbre phylogénétique

- L'histoire évolutive du groupe et la notion de groupe monophylétique :** L'arbre permet d'identifier des **groupes monophylétiques** (groupe partageant un attribut exclusif ou caractère dérivé propre). Ces groupes sont appelés clades et comprennent l'ancêtre commun exclusif et la totalité de ses descendants. On peut également identifier les **groupes frères** (groupes de même rang ex : crocodyliens et oiseaux).
- Les groupes polyphylétiques et paraphylétiques : impropres à traduire l'évolution :** Les **groupes paraphylétiques** sont des groupes dont l'ancêtre commun est partagé avec d'autres groupes. C'est le cas des **Poissons** et des **Reptiles**. Ces groupes sont souvent basés sur une absence d'un caractère (comme Invertébrés ...) et n'ont pas de signification évolutive. Il en va de même pour les **groupes polyphylétiques** constitués de plusieurs groupes monophylétiques distincts (*exemple : les algues mais c'est hors sujet ici*).
- La phénétique et les distances évolutives :** La phénétique permet d'inclure des **distances** pour les branches. Celles-ci peuvent être identifiées notamment par l'analyse des séquences nucléiques et protéiques. (ex : **distances UGPMA**).

Conclusion : La classification phylogénétique a pour objectif d'identifier les relations de parentés pour identifier « qui est proche de qui ». Ceci permet notamment de mieux comprendre l'histoire évolutive d'un groupe. Insister sur l'aspect théorique, mathématique et probabiliste des arbres construits.

		Caractéristiques de la structure			
		structures similaires et de même origine phylogénétique	structures similaires et d'origine phylogénétique différente	structures différentes et de même origine phylogénétique	structures différentes et d'origine phylogénétique différente
Fonction	similaire	ANALOGIE et HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 membre antérieur gauche de moulin 2 membre antérieur gauche de vache	ANALOGIE et HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 langue de fourche 2 langue de poisson	ANALOGIE et HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 aile de chauve-souris 2 aile de pigeon	ANALOGIE et HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 aile de mouche 2 aile de pigeon
	différente	HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 membre antérieur gauche de moulin 2 aile de pigeon	HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 membre postérieur gauche de moulin 2 aile de pigeon	HOMOLOGIE SECONDAIRE 1 Aptenostelade de type 2 aile de vache	STRUCTURES NON COMPARABLES 1 aile de mouche 2 aile de pigeon

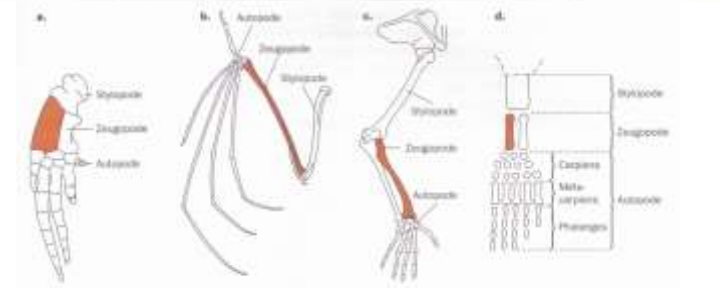


Fig. 1.7. Squelette d'un membre antérieur de dauphin (a), de chauve-souris (b) et d'homme (c); plan d'organisation commune (d). La chorde est colorée.

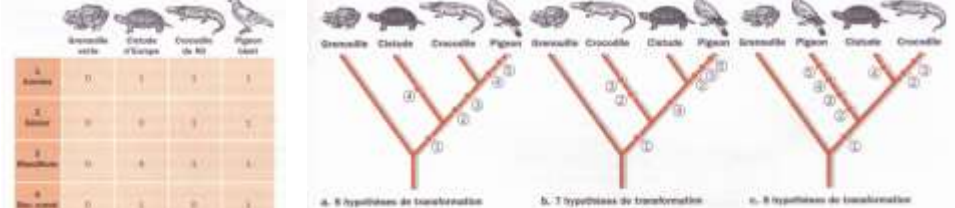


Fig. 1.12. Les trois arbres possibles avec la collection donnée (Grenouille verte, Crapaud, Grenouille de NO, Pigeon, etc.) (extra-groupe : grenouille verte). Les chiffres placés sur les branches correspondent aux transformations des caractères. 1 : présence d'un anneau; 2 : présence d'un gésier; 3 : mandibule fendue; 4 : présence d'un bec corné; 5 : présence d'os; 6 : ailes; 7 : présence d'apomorphies de transformations; l'arbre b est l'arbre le plus parcimonieux.

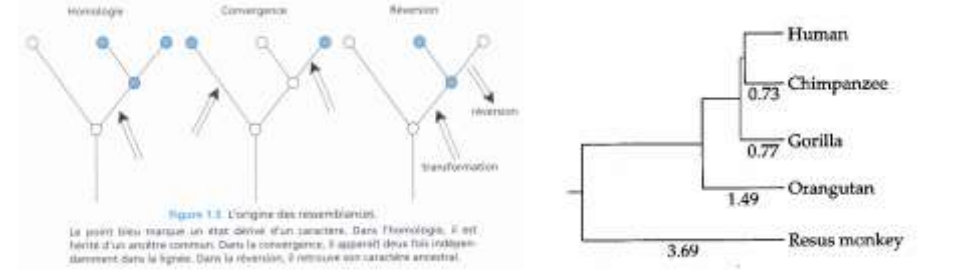


Figure 1.3. L'origine des ressemblances. Le point bleu marque un état dérivé d'un caractère. Dans l'homologie, il est hérité d'un ancêtre commun. Dans la convergence, il apparaît deux fois indépendamment dans la lignée. Dans la réversion, il retrouve son caractère ancestral.