

Les relations de parenté

Objectif : déterminer les relations de parenté entre différentes espèces actuelles ou fossiles. Les représenter sous forme d'arbre. Argumenter les noms des phylums.

On établit des relations de parenté entre espèces par la recherche de caractères partagés par un certain nombre d'espèces. Il faut que ces caractères soient des "nouveautés". Une nouveauté évolutive est l'apparition d'un nouveau plan d'organisation ou d'un nouvel organe, ou bien leur transformation ou leur disparition. L'état qui préexistait est qualifié de **primitif ou ancestral**. Le nouvel état est dit **dérivé**. Ainsi, en prenant en compte l'ordre d'apparition des différents caractères des classes de Vertébrés au cours du temps, on peut être amené à définir, pour un même caractère, un état primitif et un état dérivé (exemple : les branchies constituent un état primitif et les poumons un état dérivé...) Remarque : on parle aussi d'homologie pour les états dérivés ; parfois on dit caractères évolués, ou caractère apomorphes pour les caractères dérivés. Plésiomorphe pour les caractères ancestraux.

Utilisation du logiciel phylogène.

C'est la **méthode cladistique** qui est utilisée ici pour établir des relations de parenté entre des êtres vivants à partir de données anatomiques.

Chemin à suivre dans le logiciel « phylogène » : Fichier : ouvrir / fichier d'images / Verteb.phg / Cliquer sur un animal

Comparer / données anatomiques / organes locomoteurs ou un autre fichier. Vous pouvez comparer 4 animaux en même temps.

- Choisir quelques taxons (exemple : un oiseau, un mammifère, un poisson, etc.) et sélectionner des caractères.
- A partir de l'observation de documents, et de la comparaison des données pour les différents taxons, identifier les états de chaque caractère considéré, pour chaque taxon.
- Consigner les résultats de ces observations dans une matrice taxons/caractères.

Recopier la matrice sur votre compte-rendu.

Construire alors le cladogramme à partir des données de la matrice.

Lorsque l'on clique sur un caractère, un code couleur apparaît :

*en jaune: état dérivé du caractère
en bleu : état primitif du caractère*

Déplacement des branches de l'arbre:

cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris

sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite (lorsque le branchement est possible, un symbole apparaît)

Vérifier l'arbre obtenu.

On accède au fichier de codage ainsi qu'à d'autres options en cliquant avec le bouton droit de la souris sur le fond vert, ce qui ouvre une fenêtre de dialogue. Cliquer alors sur « exemple d'arbre »

Utilisation du logiciel treeconw.

C'est la **méthode phénétique** qui est utilisée ici pour établir des relations de parenté entre des êtres vivants à partir de données anatomiques.

Plus le nombre de différences entre séquences est faible, plus la parenté est étroite. On compte donc les différences entre les chaînes prises deux à deux et à partir de cette matrice, on calcule un arbre.

Pour mieux comprendre ce qui se passe, vous pouvez ouvrir les fichiers *.seq avec un éditeur de texte, et regarder comment ils sont construits.

Mise en œuvre du logiciel

Lancer le logiciel Treeconw.

1. Cliquer sur « Distance estimation », puis « Start distance estimation ».
 - 1.1. Dans treeconw\data, choisir un des fichiers anatoglo01.seq ou anatofos01.seq
 - 1.2. « Sequence Type » : toutes les séquences présente dans \DATA sont au format TREECON (donc rien à faire). Par contre vous devez indiquer si votre séquence est un ADN/ARN ou une protéine. Ici, elle sont au format RFLP (suite de 1 et de 0 indiquant caractère absent ou présent)
 - 1.3. « Select sequences » : en fonction de votre projet.
 - 1.4. Options : dans un premier temps, choisissez les options par défaut (= méthode de Nei & Li, insertion non prises en compte, alignement sur toutes les positions, sans analyse bootstrap). Dans une seconde étape, vous pouvez changer ces para-

mètres pour voir si l'arbre obtenu est différent.

- 1.5. Quand le calcul est fini, cliquer sur OK.
2. Infer tree topology ; start infering.
 - 2.1. Méthode NeighborJ sans analyse des bootstrap.
 - 2.2. Quand le calcul est fini, cliquer sur OK.
3. Root unrooted tree ; start rooting.
 - 3.1. Single sequence sans analyse de bootstrap.
 - 3.2. Choisissez icelui que vous supposez être « extérieur », le plus primitif, le moins évolué, le plus ancien ou différent.
 - 3.3. Quand le calcul est fini, cliquer sur OK.
4. Draw phylogenetic tree
 - 4.1. file open new
 - 4.2. modifiez l'apparence de l'arbre (zoom et écartements vertical et horizontal).

S'il vous reste du temps, ou que vous voulez vraiment comprendre en détails, il existe de nombreux logiciels utilisés par les chercheurs pour construire des arbres ; par exemple

Utilisation du logiciel Dollop

Ce logiciel est un logiciel utilisé par les chercheurs travaillant sur l'évolution, quand ils cherchant à construire les arbres phylétiques le plus exactement possible. Le logiciel calcule **tous** les arbres possibles puis sélectionne tous ceux qui correspondent au minimum de mutations nécessaires pour les obtenir. (Principe de parcimonie). Le fichier d'entrée contient une matrice comme celle que vous avez construite avec phylogène. Le fichier de sortie (treefile) décrit tous les arbres phylétique obtenus (Vous pouvez voir ce format brut en ouvrant treefile avec un éditeur de texte). On peut visualiser ces arbres en ouvrant treefile (c:\progs\biologie\phylip\treefile) avec le logiciel treeview.

Vous pouvez aussi chercher l'exemple donné par Emmanuel DOUZERY & Sylvain GLÉMIN sur Internet, concernant les ruminant, les suiformes et les cétacés (les réponses sont dans la page)

Dans ce texte, vous trouverez les mots importants dans leur contexte.

Sont homologues deux structures qui, prises dans des êtres différents, conservent la même organisation fondamentale - le même plan - et les mêmes connexions essentielles avec les organes avoisinants et ce, malgré les variations d'aspect de ces structures (Owen, 1843). Cette définition est celle de l'homologie de position dont on tire les liens de parenté. Historiquement, cette notion remonte à Geoffroy Saint Hilaire (1825). De nos jours, on l'appelle aussi homologie primaire, car elle correspond aux hypothèses d'homologie formulées en début d'analyse phylogénétique.

L'homologie désigne également la similarité chez une ou plusieurs es-

pèces, d'organes ou de parties d'organes, lorsque l'on peut présumer que cette correspondance provient de l'héritage d'un ancêtre commun. Cette définition est celle de l'homologie de filiation, ou encore homologie secondaire. Le concept de filiation étant lié à un arbre, l'homologie secondaire entre caractères est révélée par l'arbre le plus parcimonieux. En l'absence de preuve contraire, deux caractères similaires sont à priori présumés homologues.

L'homologie s'oppose à l'homoplasie : similarité chez une ou plusieurs espèces, d'organes, de parties d'organes, ou de séquences d'ADN ou de protéines, lorsque l'on peut présumer que cette correspon-

dance ne provient pas de l'héritage d'un ancêtre commun. On distingue plusieurs cas d'homoplasies : l'analogie (l'aile de mouche et l'aile d'oiseau), la convergence (les dents des Carnivores et des marsupiaux analogues), la réversion (le membre tétrapode des cétacé est "redevenu" une nageoire). L'analyse fine des caractères et de leur homologie primaire permet plus souvent de détecter des homoplasies. Celles qui n'auront pas été décelées seront révélées par l'arbre le plus parcimonieux.