

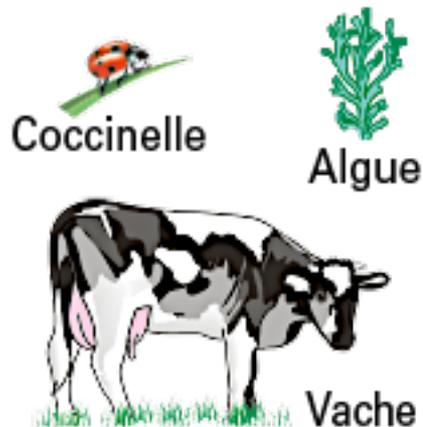
Chapitre 1 – Classer la biodiversité



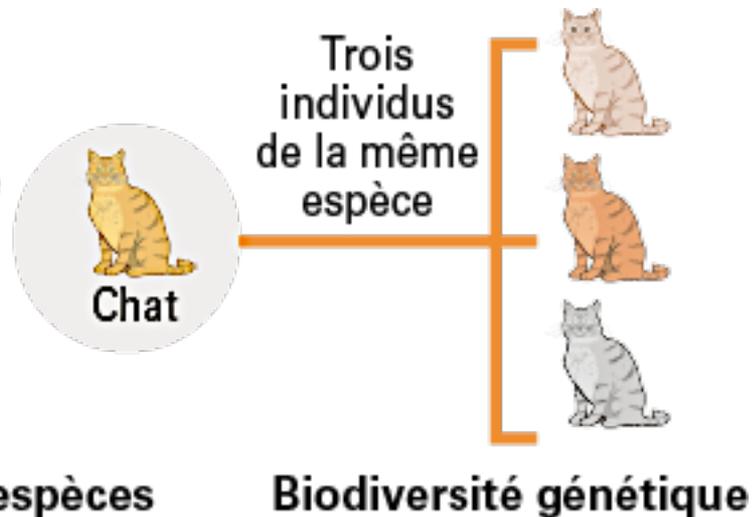
Les 3 niveaux de la biodiversité



Biodiversité des écosystèmes



Biodiversité des espèces



La biodiversité

Biodiversité = diversité des écosystèmes, des espèces ou des variants génétiques au sein d'un espace donné à un moment donné. Cette diversité inclut les éléments et leurs relations.

Espèce = ensemble de populations interfécondes, génétiquement isolées des autres populations des autres espèces et qui exploite une certaine niche écologique.

1. La taxonomie, classification ou tri ?

1.1. Qu'est-ce que classer ?

Ranger, trier, classer

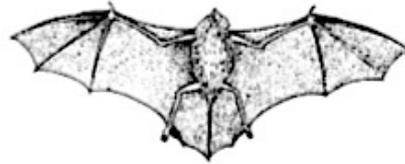
Ranger = organiser des objets selon un critère continu (exemple : ranger du plus petit au plus grand)



Boa constrictor
(LT : jusqu'à 4 m)



Autruche
(LT : 2 m)



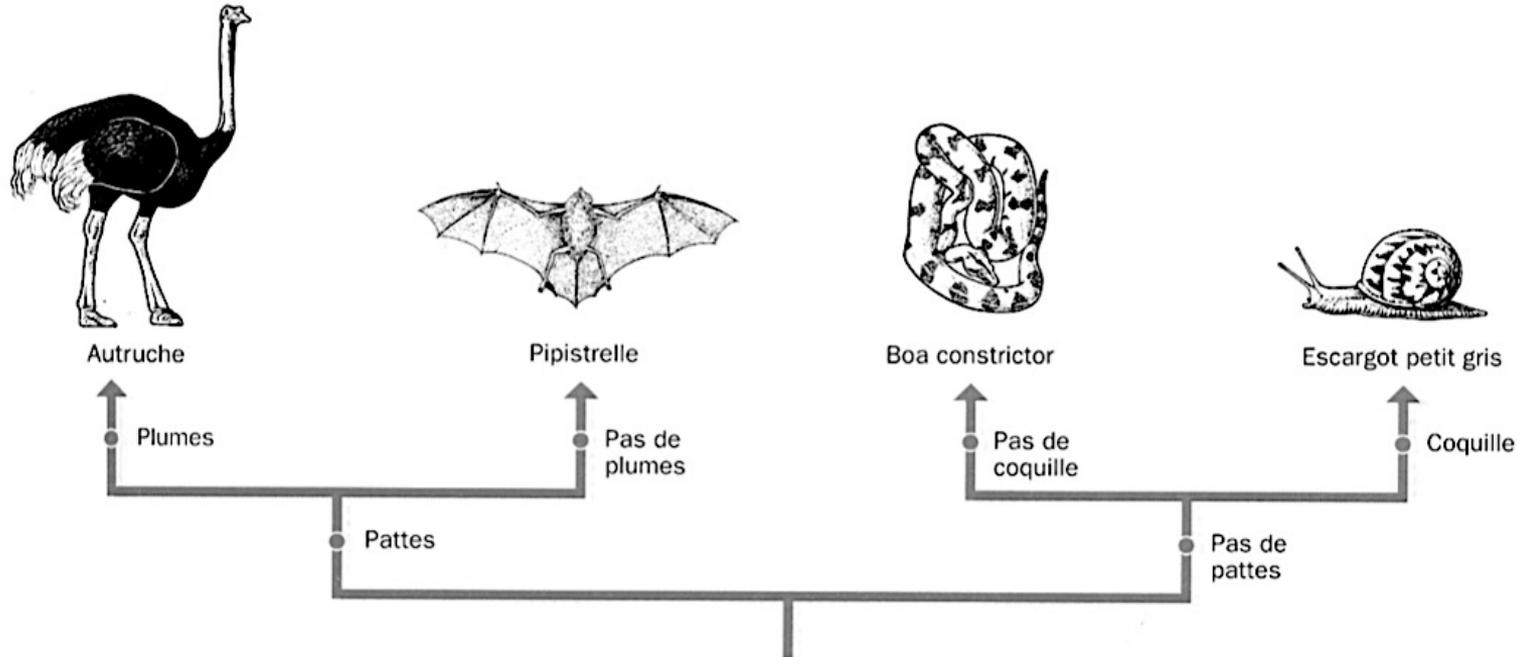
Pipistrelle
(LT : 4 cm, LQ : 2,2 cm)



Escargot petit gris
(LT : 4 cm)

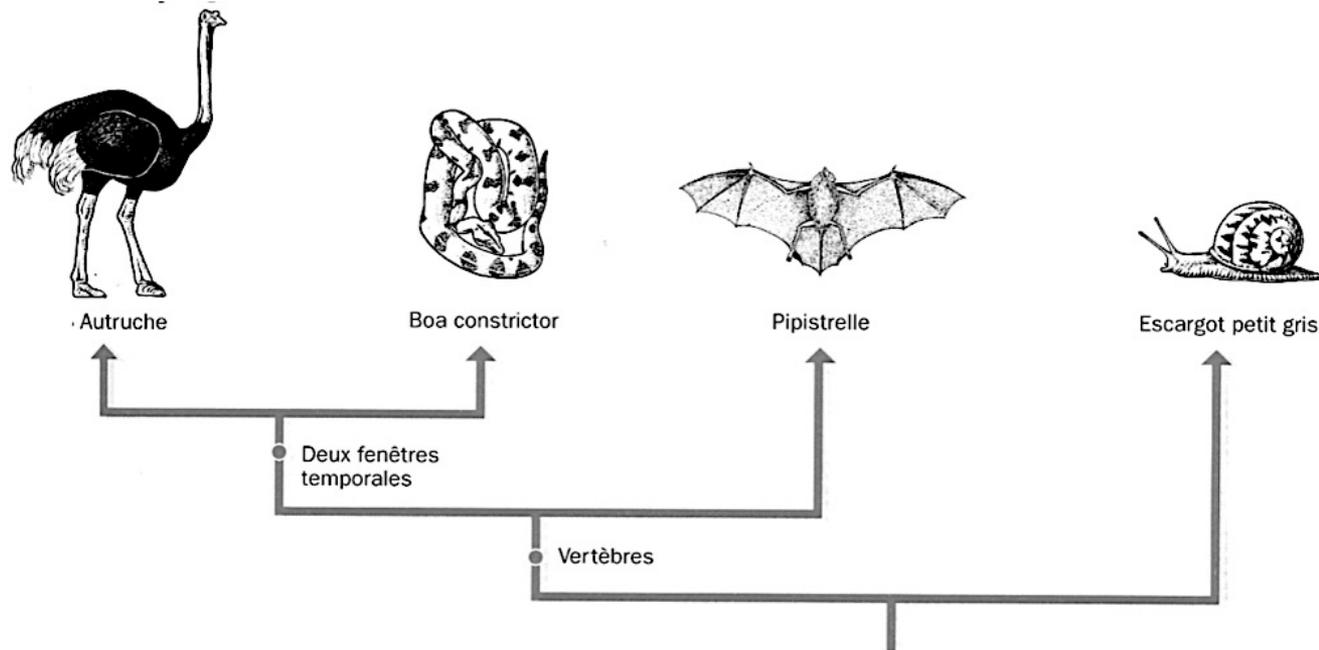
Ranger, trier, classer

Trier = discriminer des objets en fonction d'un critère binaire
(exemple : présence/non présence) ==> clef de détermination



Ranger, trier, classer

Classer = établir des regroupements entre des objets sur la base d'un critère donné afin de former des ensembles sur la base du partage de caractères communs.



Trier et classer selon l'objectif

Identification des espèces par une clé de détermination

Exemple des flores : on groupe par nombre de pétales même si cela n'a aucun sens évolutif.

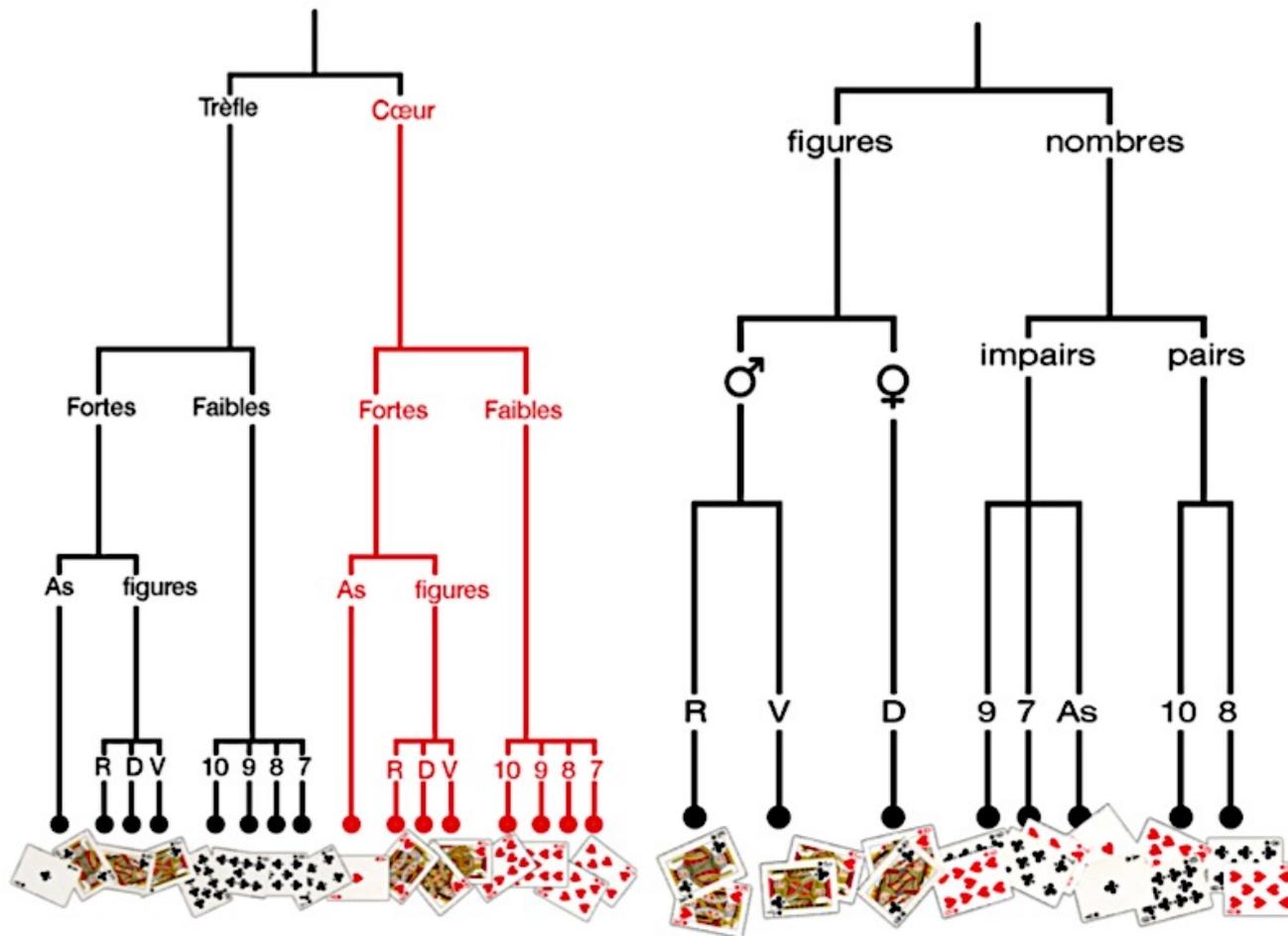
Classer en groupes fonctionnels

En écologie, on groupe les pollinisateurs alors que les espèces n'ont aucun lien évolutif.

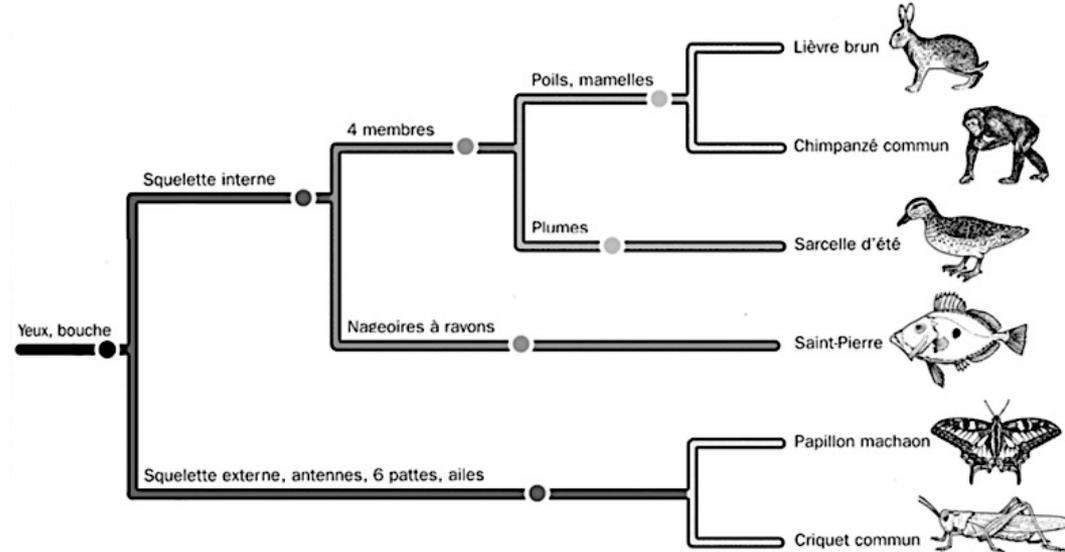
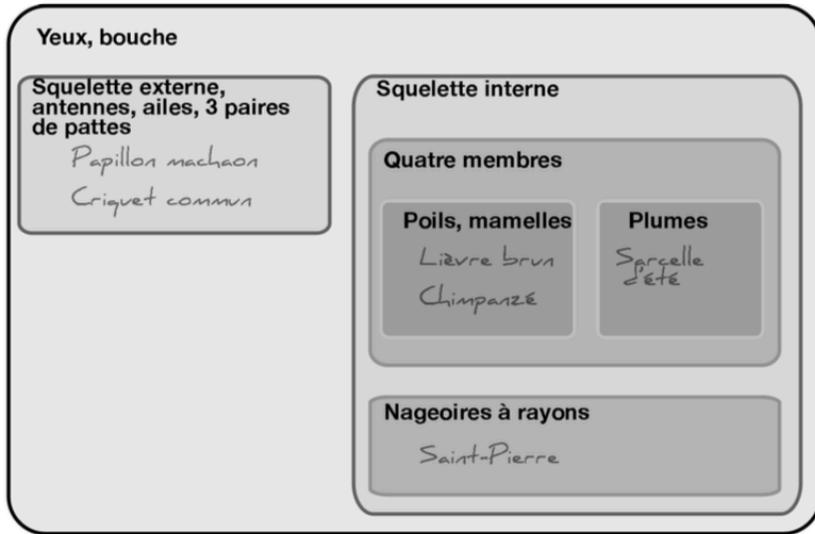
Classer au sens phylogénétique

Reconstituer les liens de parenté entre espèces en cherchant les ressemblances.

Une classification est un arbre



Boîtes et arbres



Classer une collection consiste à placer les objets dans des catégories, de façon non-équivoque (chaque objet est dans une et une seule boîte) et de façon récursive. Toute cette logique d'emboîtement, dès lors qu'elle n'est pas équivoque, peut être présentée de façon simple sous forme d'un arbre.

1. La taxonomie, classification ou tri ?

1.2. Une histoire des classifications

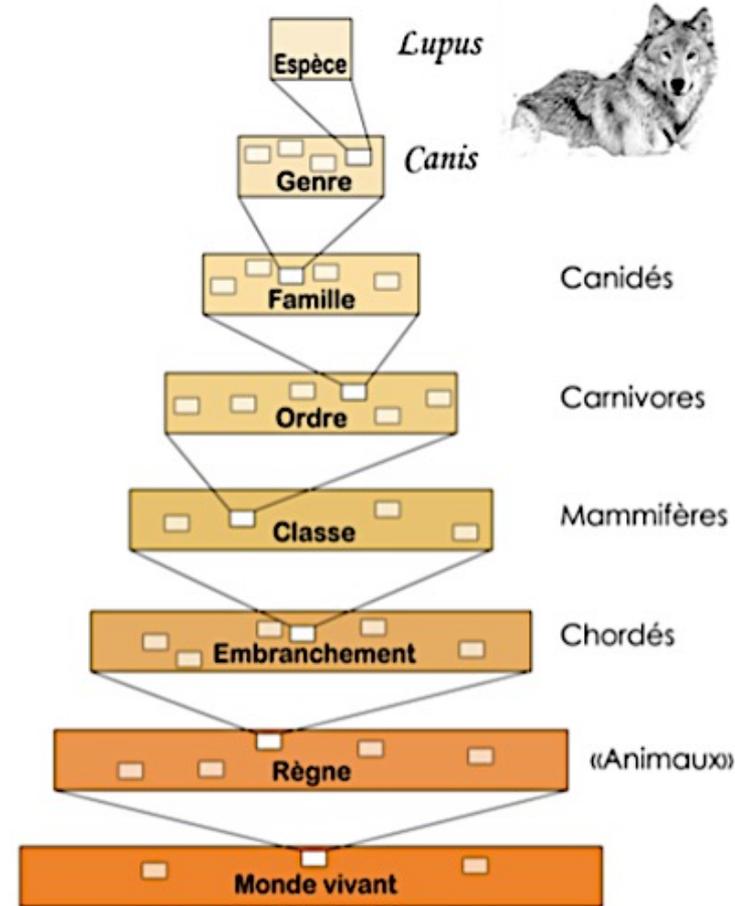
Histoire des classifications

Karl von Linné (1707-1778)

« Il y a autant d'espèces que l'être suprême a produit dès le début de formes différentes »

Ses apports :

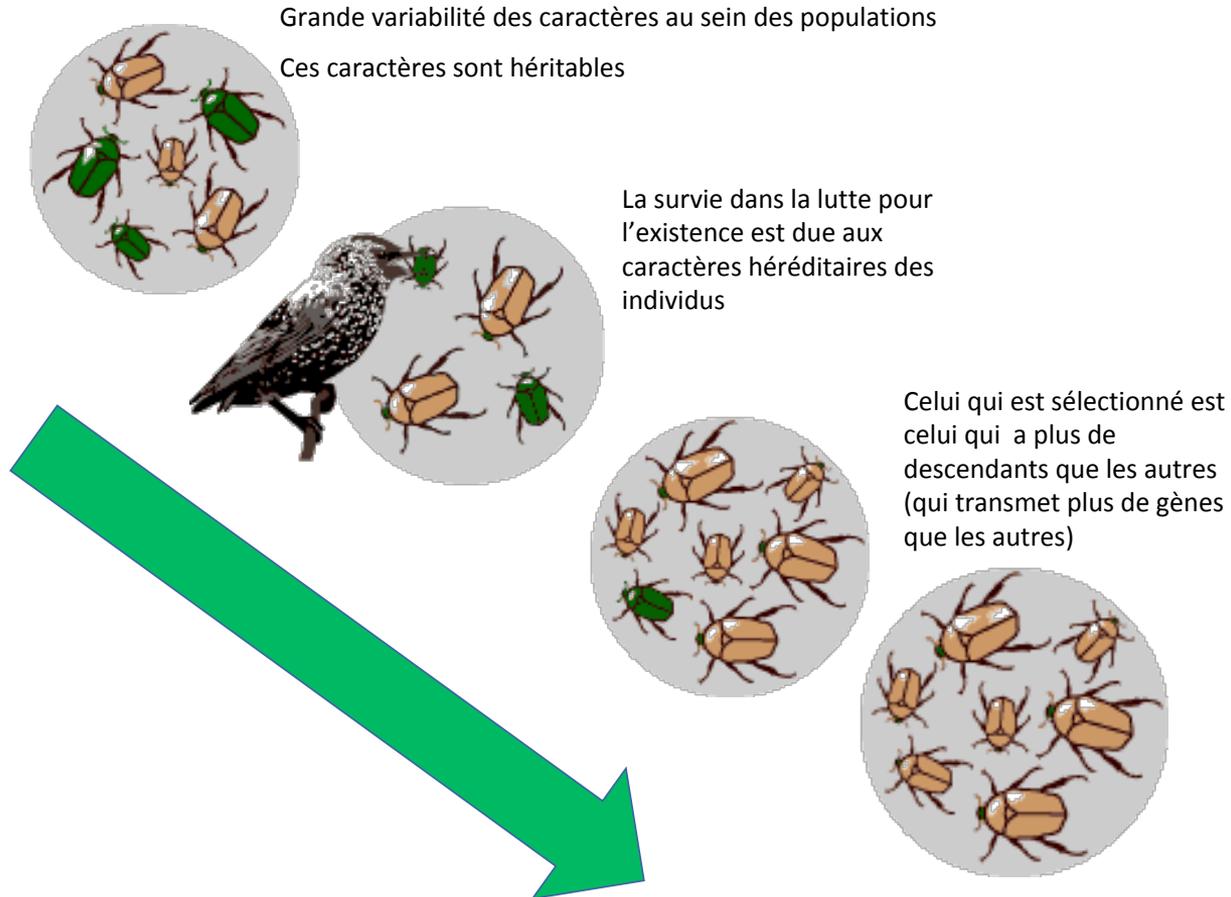
- nomenclature binominale : genre espèce
- 7 subdivisions hiérarchiques



Histoire des classifications

- Les botanistes **Bernard** (1799-1876) & **de Jussieu** (1686-1758) hiérarchisent les caractères les uns par rapport aux autres. Un taxon est défini par peu de caractères, partagés par l'ensemble du groupe.
- Cette méthode fut ensuite appliquée par **Cuvier** dans le monde animal (1769-1832).
- Vision transformiste du vivant (**Lamarck** 1744-1829).
- **Darwin** (1809-1882) et **Wallace** (1823-1913) proposent la théorie de la sélection naturelle : un attribut retrouvé à l'état identique chez plusieurs espèces actuelles a probablement été légué par un ancêtre commun (hypothétique) à ces espèces => nouvelle manière de classer basée sur la phylogénie.

La notion de pression de sélection



2. L'établissement d'une classification

2.1. Les classifications passées

Deux approches dépassées

1. La systématique phénétique

Il s'agit de compter les similitudes entre taxons.

Mais les ressemblances ne sont pas forcément des liens de parenté (exemple des ailes des oiseaux et insectes).

Approche encore intéressante pour les molécules (=> méthode phénétique encore d'actualité).

Exemple : on prend les caractères :

- fenêtré mandibulaire,
- température (endothermie),
- Plumes
- bréchet

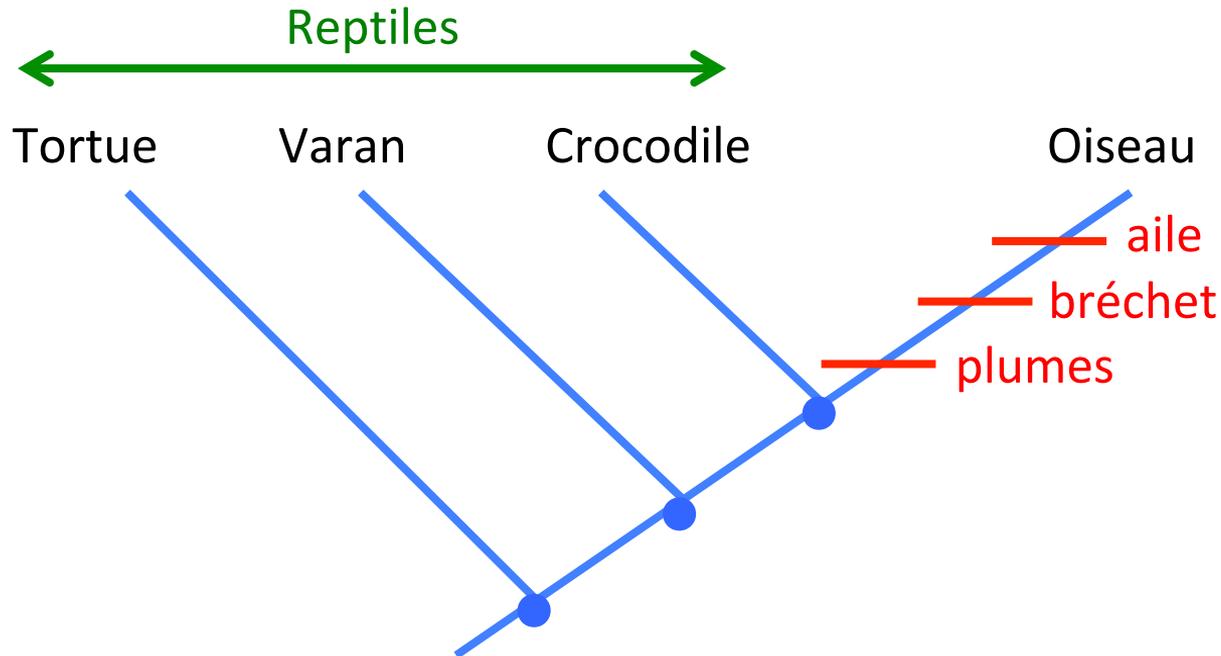
et on compte les différences.

	AIGLE	MESANGE	CROCODILE	LEZARD
AIGLE	0			
MESANGE	0	0		
CROCODILE	3	3	0	
LEZARD	4	4	1	0

Deux approches dépassées

2. La systématique fonctionnelle, ou école gradiste

L'évolution repose sur des sauts évolutifs qui complexifient le plan d'organisation. Dans ce modèle, les « Reptiles » existent...



2. L'établissement d'une classification

2.2. La classification phylogénétique

La classification phylogénétique

Elle ne reconnaît que des **clades** = **groupes monophylétiques**, c'est-à-dire des groupes rassemblant un ancêtre commun et l'**intégralité** de ses descendants.

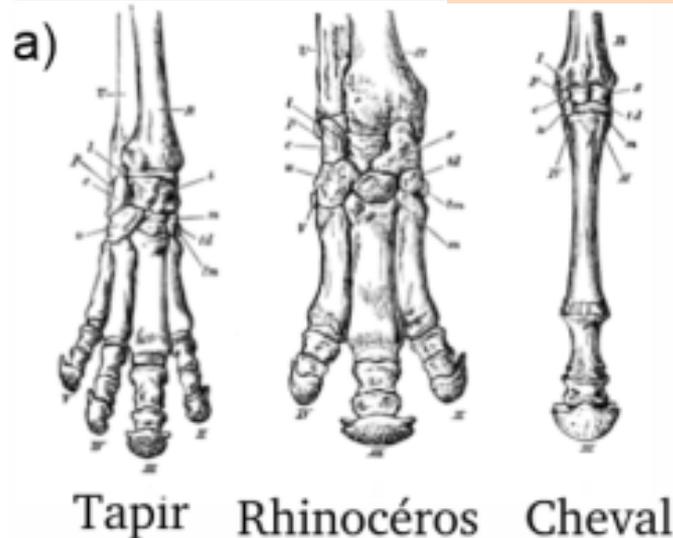
La classification est ici fondée sur la phylogénie des êtres vivants : les organismes sont groupés en taxons définis par des **innovations évolutives** (= **apomorphies**) présentes chez l'ancêtre commun du groupe et généralement conservées par ses descendants (mais dont certaines peuvent être secondairement perdues ou transformées dans une partie de la descendance).

Rechercher la ressemblance pour classer

La ressemblance peut être évaluée :

- soit par l'analyse de caractères = méthode **cladistique**
- soit par la comparaison quantifiée de distances évolutives = méthode **phénétique**

Exemples de caractères



b)

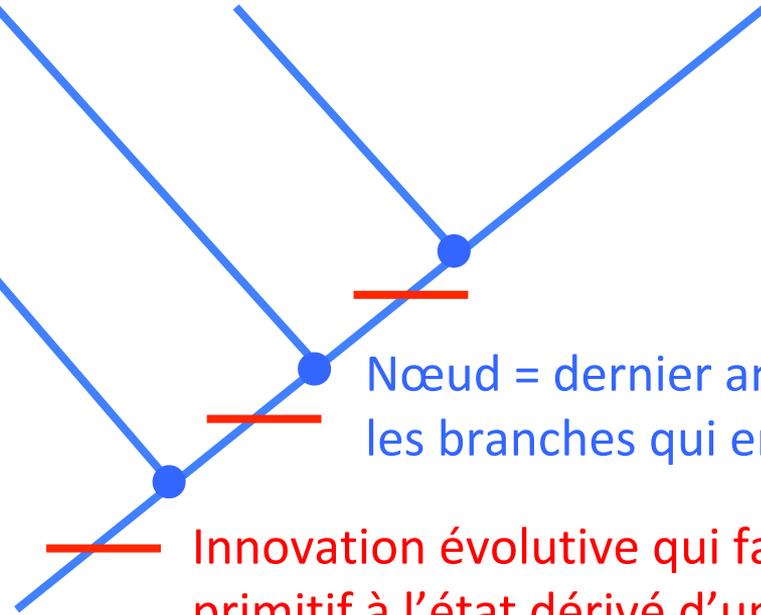
.PSIFTRK..	YGSLSKEEAREN	AKQIEEVA	CSTANQ
.ESIFSRK..	YRLLGKQEAHEN	AKTIEELCF	FALADE
.ACFESQS..	FARIELADAQEH	ARAIIEEVA	FGAAQE
.PSFISRK..	YGLLSKEEAEE	DAKKIEEVA	FAAANQ
.DTILCKR..	YGAVPAADAEP	ARGIEAEAF	DAAA
.PSILSQR..	YGAVPEAEAGR	AAAAVEAE	AYAAVTE
.TSVLSKR..	YGTIPKEEASE	ASRRIEEE	AFSGAST
TTTALRKRYR	YGAVPAADAER	AAAVEAQAF	DAASA
.VSFFSRK..	YGLLSKEEAEN	AKRIEETA	FLAND
.ESILSKR..	YGTLSKSDATT	VAKLIEEE	AYGVASN
.PSVLTKR..	YGTMSADEASA	AAIQIEDE	AFSVANA
.QSVLSKR..	YGVIPPEEDAT	SAARIEEE	AFSVASV
.PSILSKR..	YGTLPQDEASE	TARLIEEE	AFAAAGS
.PSIFSRK..	YGLLSVEEAEQ	DAKRIEDL	AFATANK
.KTIFTEK..	YGSLTKDQAT	ENAKRIEDI	AFSTANQ
.PSVLSKR..	YGTISHDEAES	AARRIEDE	AFGVANT

Un cladogramme

Extrémité de la branche = espèce actuelle ou fossile

Espèce 1 Espèce 2 Espèce 3 Espèce 4

Branche = lien évolutif

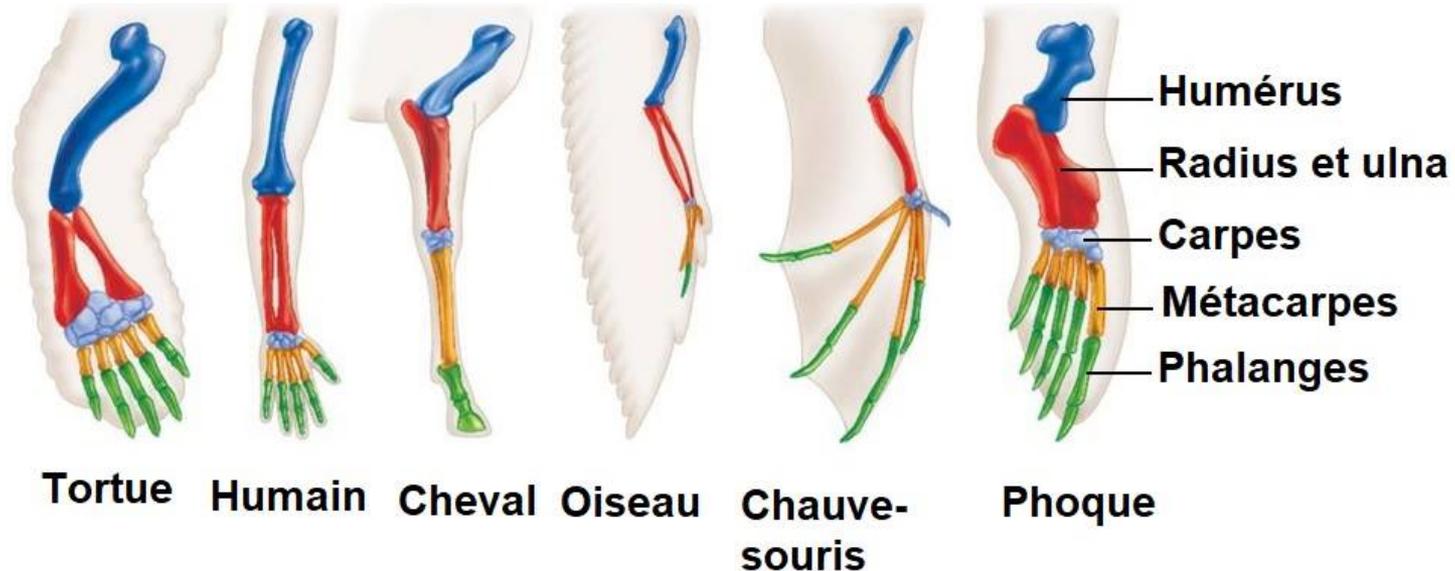


Nœud = dernier ancêtre commun entre les branches qui en découlent

Innovation évolutive qui fait passer de l'état primitif à l'état dérivé d'un caractère

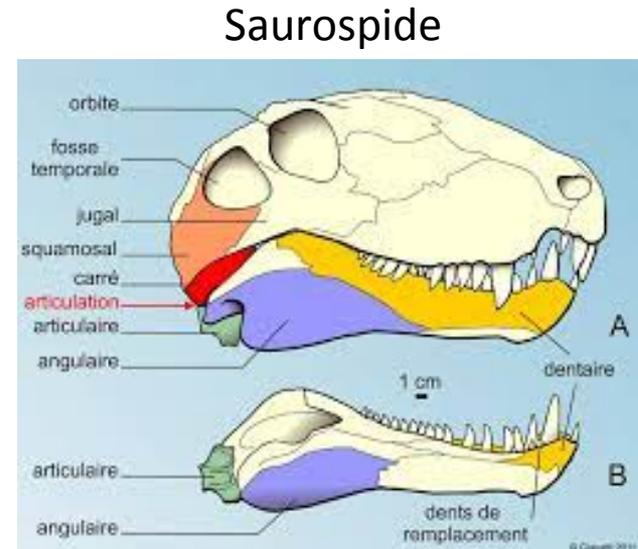
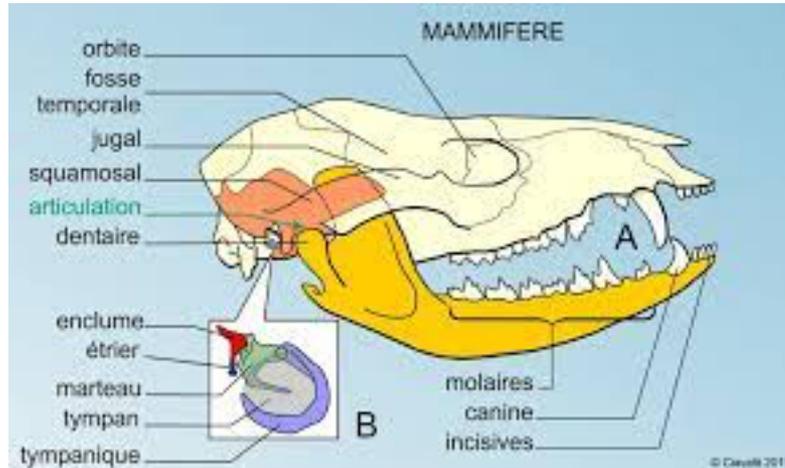
Notion d'homologie

Principe de connexion : deux structures qui entretiennent les mêmes rapports avec les structures voisines dans deux organismes différents sont potentiellement homologues.



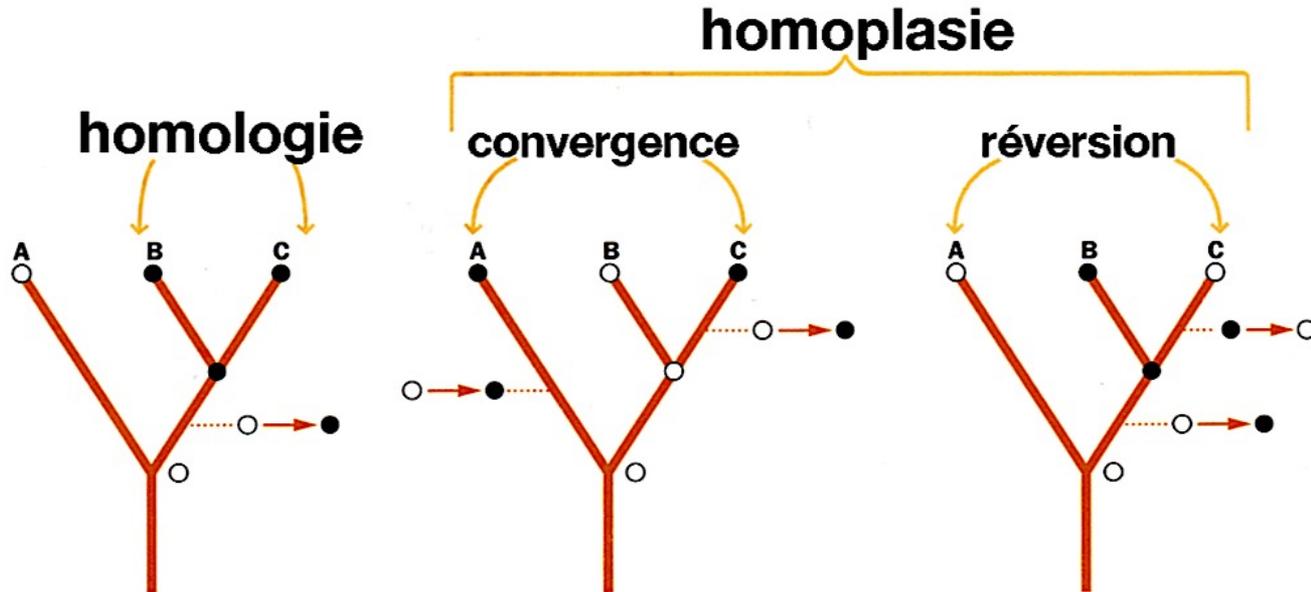
Notion d'homologie

Deux structures ayant une même origine embryologique chez deux taxons différents, sont susceptibles d'avoir une même origine phylogénétique.



Homologie n'est pas homoplasie

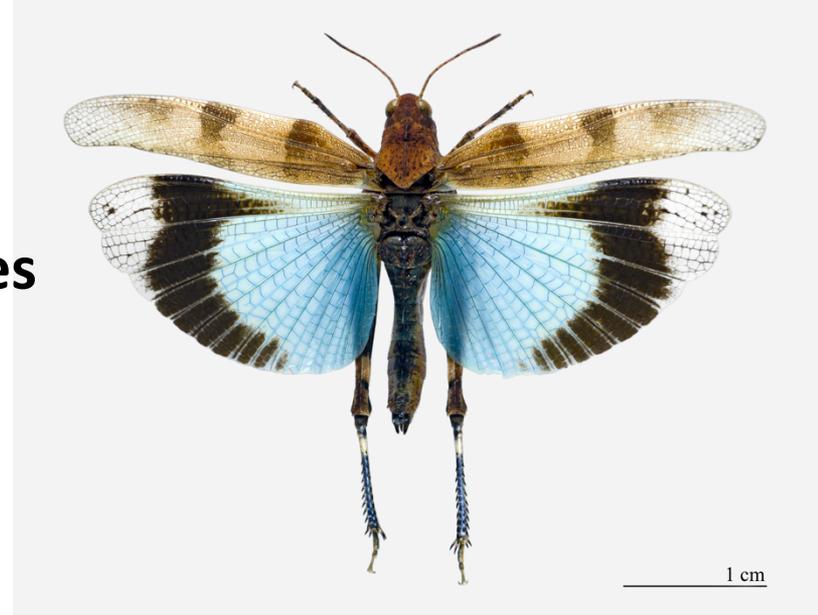
Homoplasie = ressemblance entre des espèces différentes, non héritée d'un ancêtre commun \approx **analogie** (fonction commune de 2 organes d'origine différente)



Homologues et analogues



Membres homologues



**Ailes
analogues**

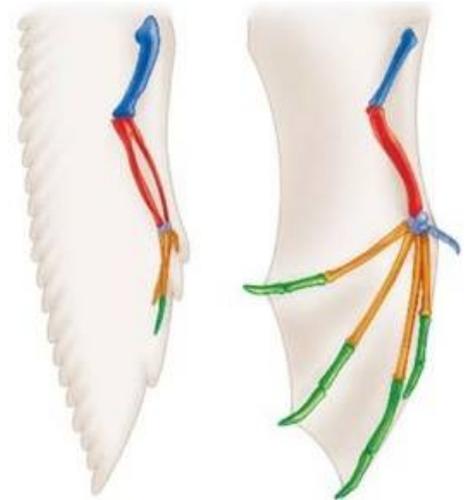
Homologues = hérités d'un ancêtre commun
Analogues = non hérités d'une structure
d'origine commune mais fonction identique

Le cas des ailes de Vertébrés

L'aile des oiseaux et l'aile des Chauve-Souris sont :

- homologues car issues des membres antérieurs de Vertébrés ;
- homoplasiques car issues d'une convergence évolutive.

Ici, homologie et homoplasie ne s'excluent pas !



Oiseau

Chauve-
souris

Un critère écologique n'est pas recevable

Un végétal aquatique est une algue ? NON !



La Zostère, une
Angiosperme aquatique

Polarisation d'un caractère

Polarisation = détermination de l'état ancestral ou nouveau

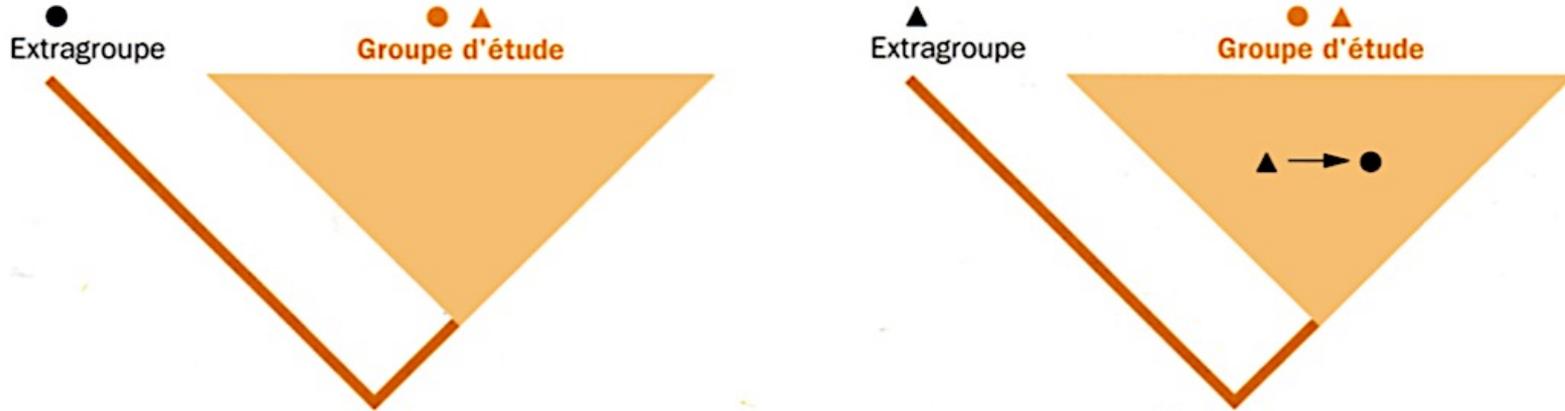
Plusieurs critères peuvent être utilisés pour préciser quel est l'état **primitif (= plésiomorphe)** et quel est l'état **évolué (= apomorphe)** du caractère étudié, ce qui traduit sa **polarisation**.

Exemple : endosquelette des Vertébrés

Plésiomorphie = cartilage (critère paléontologique)

Apomorphie = os

L'extra-groupe

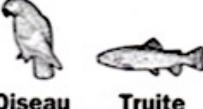


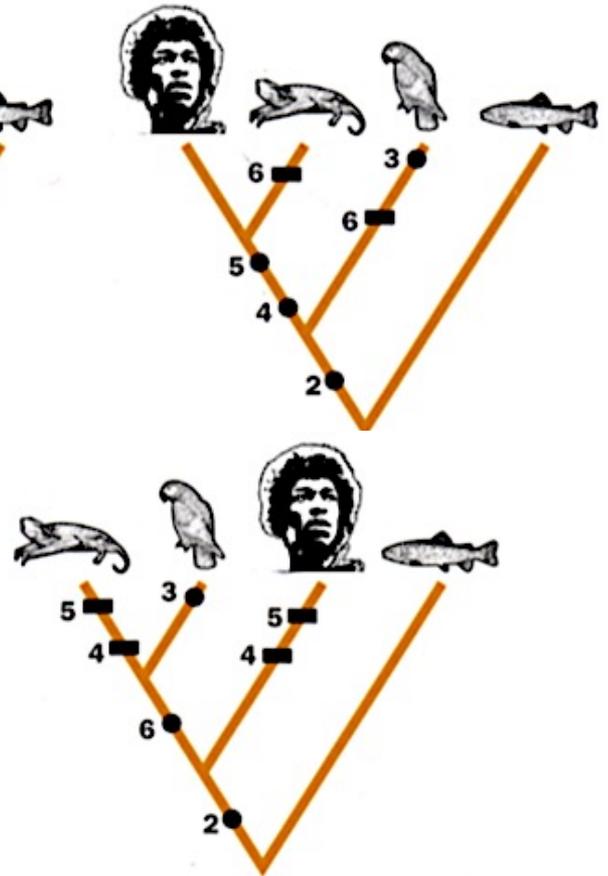
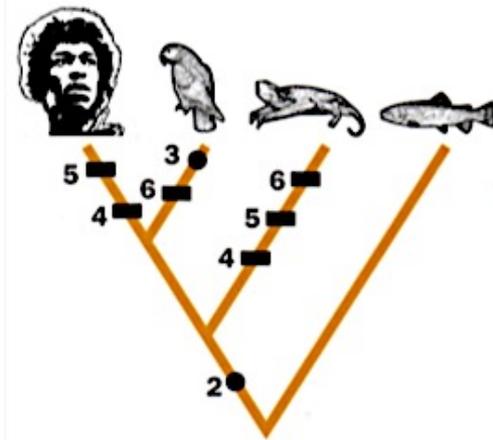
Extra-groupe = espèce dont on pense *a priori* qu'elle n'appartient pas à ce groupe

état du caractère déjà présent dans l'extra-groupe = **état primitif**

L'état évolué apparaît au sein des espèces du groupe étudié (hypothèse à vérifier au risque d'obtenir un arbre erroné).

De la matrice à l'arbre = cladogramme

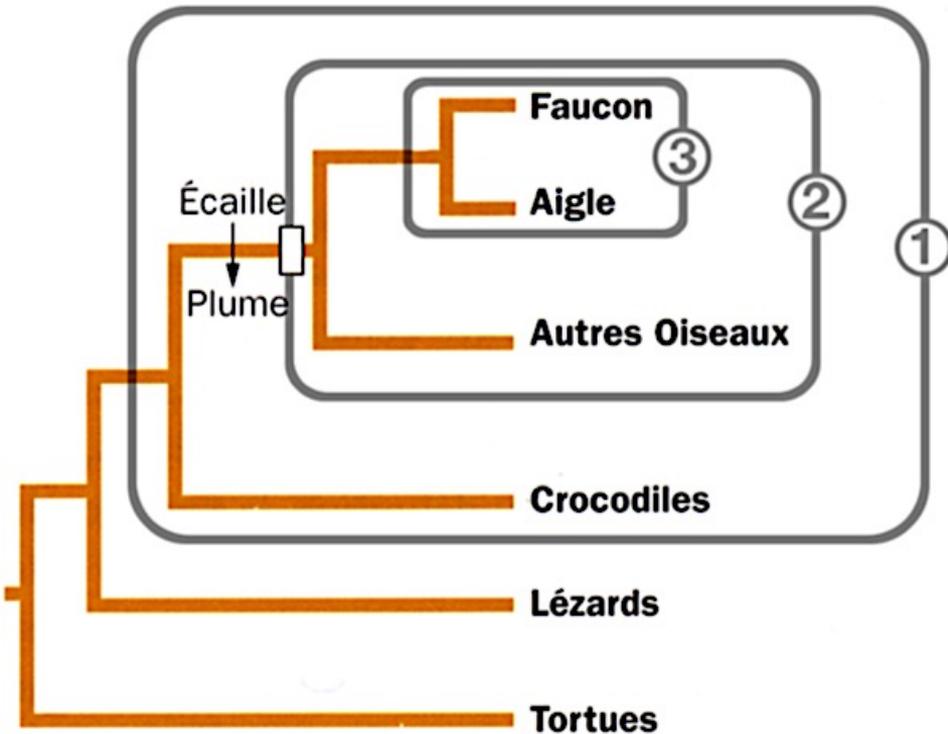
			
1 Mâchoire	0	0	0
2 Membres	1	1	0
3 Dents	0	0	1
4 Constitution de la mandibule	1	1	0
5 Réserves vitellines de l'œuf	1	1	0
6 Ailes	0	1	0



Principe de parcimonie

Quelques termes

Pour l'ensemble du groupe, écaïlle = caractère ancestral = **plésiomorphie**.

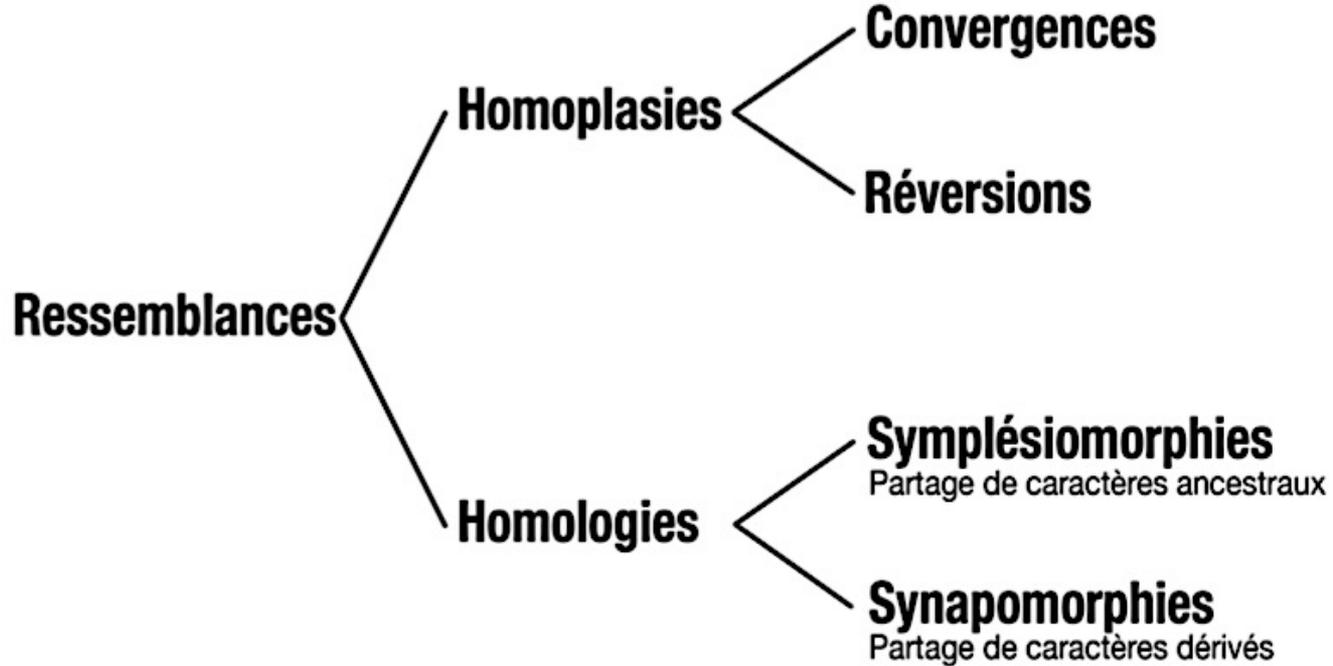


Écaïlle = **symplesiomorphie** = partage d'une plésiomorphie, ici pour les groupes 1, 2 et 3.

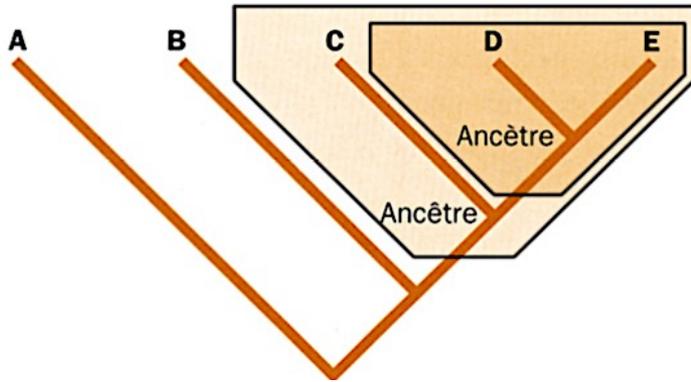
groupe des Oiseaux : plume = caractère dérivé = **apomorphie**

Plume = **synapomorphie** = partage de l'apomorphie par les groupes 2 et 3.

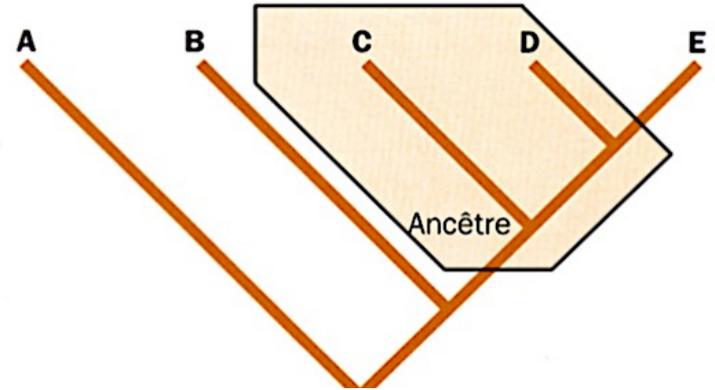
BILAN



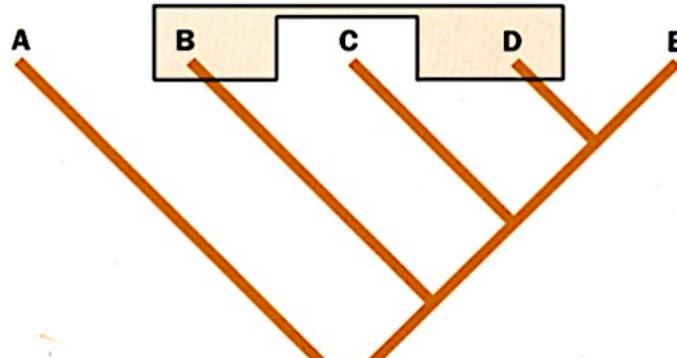
Les groupes



Groupes monophylétiques



Groupe paraphylétique



Groupe polyphylétique

Bilan

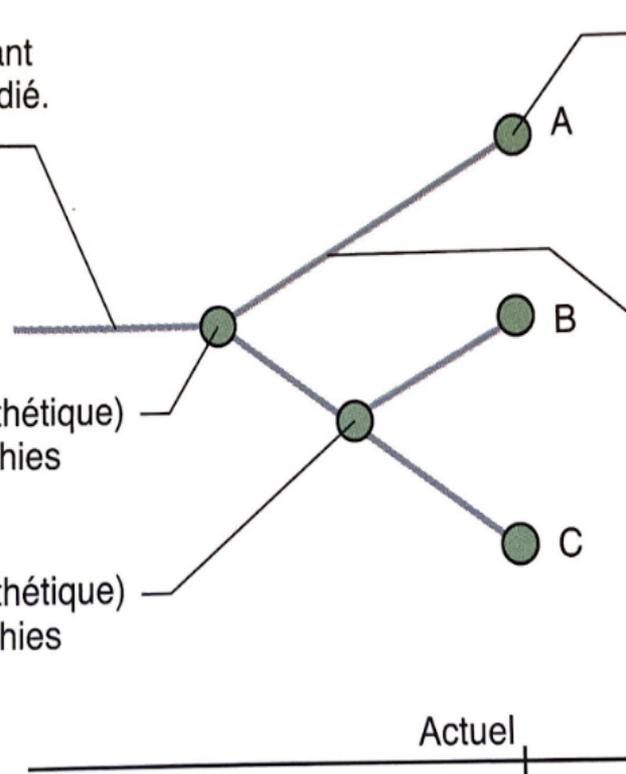
Racine : origine de l'arbre figurant l'origine évolutive du groupe étudié. Elle n'est pas toujours connue.

Feuille = Taxon terminal = OTU (Operational Taxonomic Unit, unité taxonomique opérationnelle) : terminaison de l'arbre figurant un taxon du groupe étudié

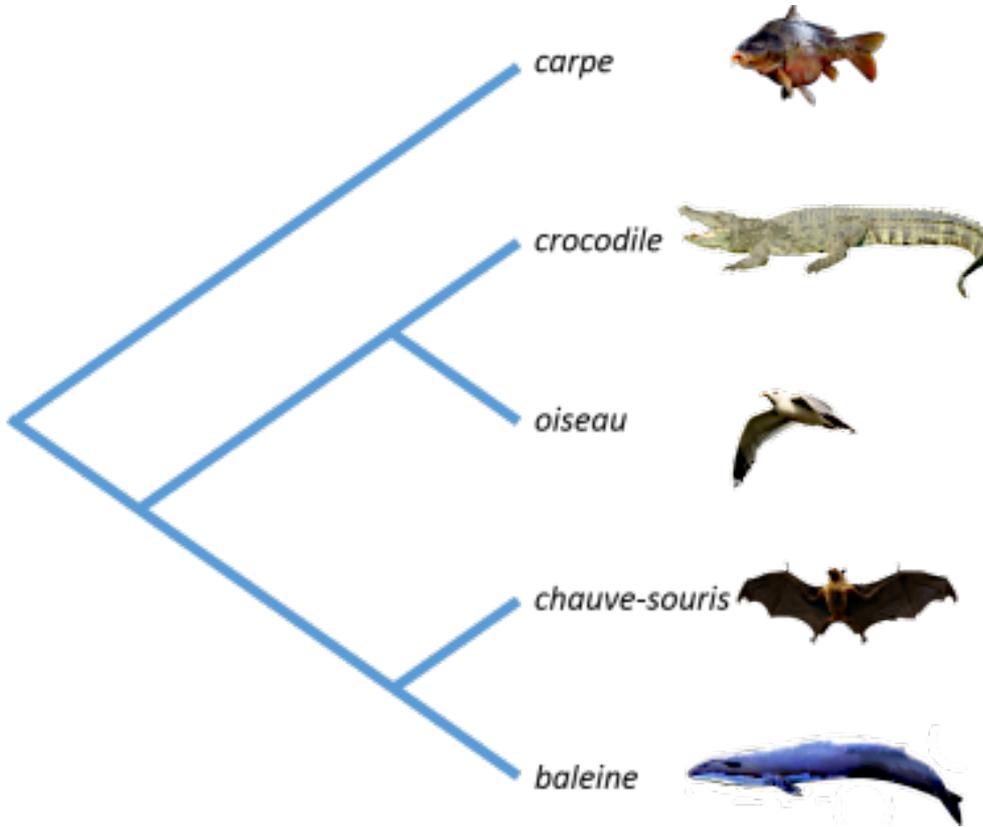
Nœud : ancêtre commun (hypothétique) qui possède toutes les apomorphies définissant le groupe ABC

Branche : lien de parenté qui figure l'évolution et la divergence entre A et l'ancêtre commun à A, B et C

Nœud : ancêtre commun (hypothétique) qui possède toutes les apomorphies définissant le groupe BC



Exercice intégré

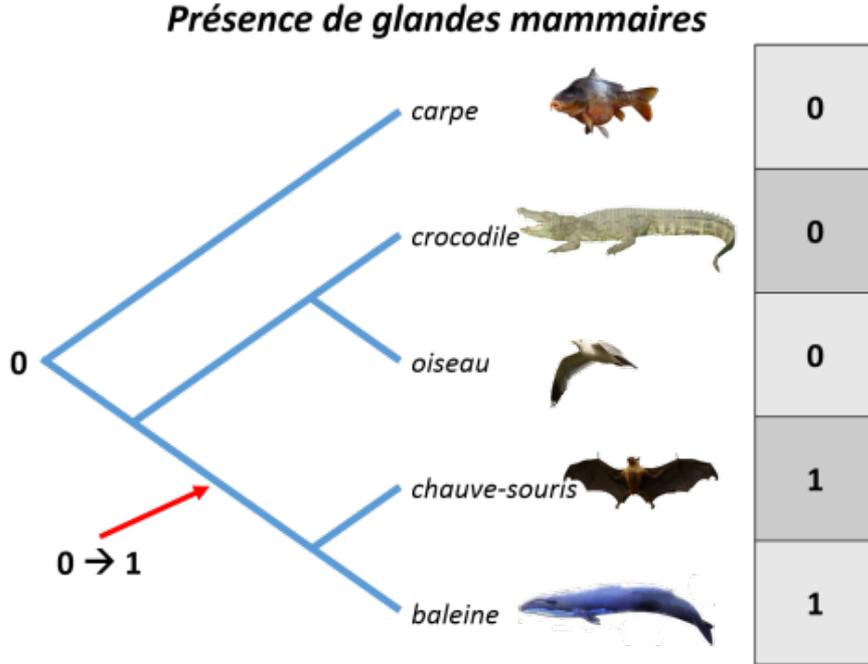


Considérons cet arbre.

Comment analyser le caractère « glandes mammaires » ?

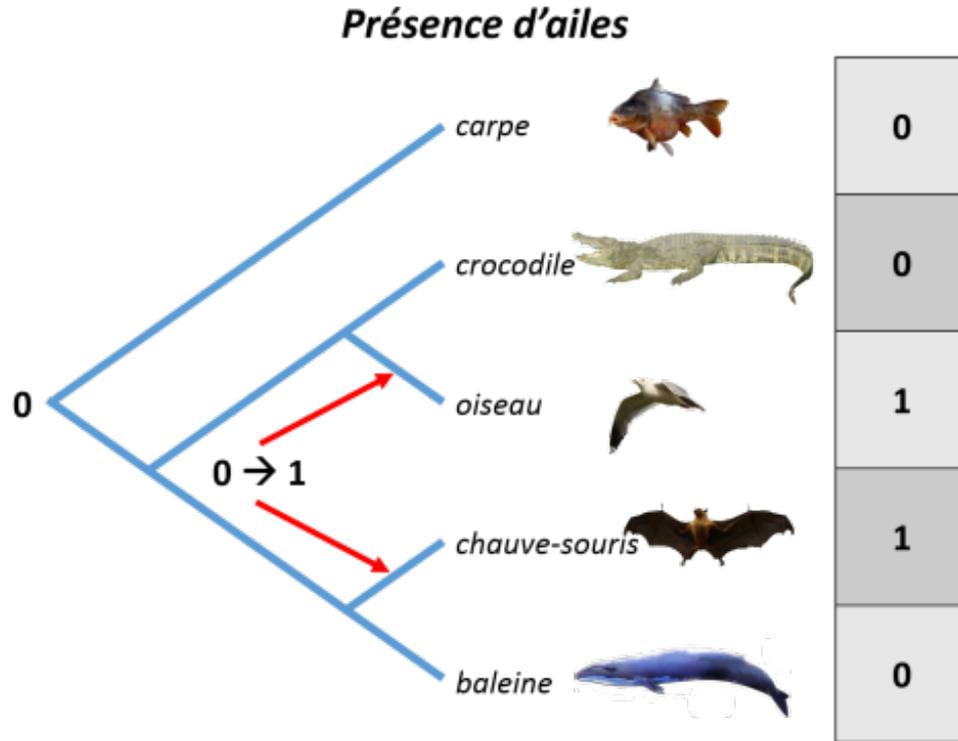
Comment analyser le caractère « ailes » ?

Exercice intégré



- la présence de glandes mammaires (caractère dérivé) est une **apomorphie**.
- l'absence de glandes mammaires (caractère ancestral) est une **plésiomorphie**.
- le partage par les mammifères de la même apomorphie (présence de glandes mammaires) est une **synapomorphie**.
- le partage par les autres espèces de la plésiomorphie (absence de glandes mammaires) est une **symplesiomorphie**.

Exercice intégré



La présence d'ailes est une homoplasie

2. L'établissement d'une classification

2.3. Quantifier la proximité des espèces

C'est la méthode phénétique (différente de la systématique phénétique dépassée)

La méthode phénétique

Quantification de la proximité entre OTU (operationnal taxonomic unit)

Intérêts

- Permet de comparer des espèces très éloignées ;
- La ressemblance moléculaire représente plus souvent une homologie qu'une homoplasie ;
- Inutile de polariser les caractères ;
- Avoir une idée de la proximité (longueur des branches de l'arbre)

Cette méthode nécessite de comparer des séquences **homologues**, qui ont au moins 80 % de similitude.

Analyse de séquences

```

P11716_rabbit      QHVASGLWLTYAAPDPKALRLGVLKKKAILHQEGHMDDALFLTRCQEEES 398
NP_000531_human   QHVASGLWLTYAAPDPKALRLGVLKKKAMLHQEGHMDDALSLTRCQEEES 397
AAA31119_pig      QHVASGLWLTYAAPDPKALRLGVLKKKAILHQEGHMDDALSLTRCQEEES 398
ABC46714_equus    QHVASGLWLTYAAPDHKALRLGVLKKKAMLHQEGHMDDALSLTRCQHEES 394
NP_033135_mouse   QHVASGLWLTYAAPDPKALRLGVLKKKAMLHQEGHMDDALSLTRCQEEES 399
AAL09307_dog      QHVASGLWLTYAAPDPKALRLGVLKKKAMLHQEGHMDDALSLTRCQEEES 334
ABY50125_turkey   QHAASGLWLTYAAADTKALRLGLMKRRPILHQEGHMDDALSLSRSQGEES 397
GQ337080_chicken -----ALSLSRSQGEES 12

P11716_rabbit      QAARMIHSTAGLYNQFIKGLDSFSGKPRGSGPPAGPALPIEAVILSLQDL 448
NP_000531_human   QAARMIHSTAGLYNQFIKGLDSFSGKPRGSGPPAGTALPIEGVILSLQDL 447
AAA31119_pig      QAARMIYSTAGLYNHFIKGLDSFSGKPRGSGAPAGTALPIEGVILSLQDL 448
ABC46714_equus    QAARMIYSTAGLYNQFIKGLDSFSGKPRGSGPPAGTALPIEGVILSLQDL 444
NP_033135_mouse   QAARMIYSTAGLYNQFIKGLDSFSGKPRGSGPPAGSALPIEGVILSLQDL 449
AAL09307_dog      QAARMIYSTAGLYNQFIKGLDSFSGKPRGSGPPAGTALPIEGVILSLQDL 384
ABY50125_turkey   QAARMIYSTAGLYGSFIRSLDALSSRGRGGG-AGNAALPIAAVILSLRDL 446
GQ337080_chicken  QAARMIYSTAGLYGSFIRSLDALSSRGRGGG-AGNAALPIAAVILSLRDL 61

P11716_rabbit      IGYFEPPEEELQHEEKQSKLRLSLRNQSLFQEEGMLSLVLCIDRLNVYT 498
NP_000531_human   IIYFEPPEEELQHEEKQSKLRLSLRNQSLFQEEGMLSMVLCIDRLNVYT 497
AAA31119_pig      IGYFEPPEEELQHEEKQSKLRLSLRNQSLFQEEGMLSLVLCIDRLNVYT 498
ABC46714_equus    IGYMEPPPEEELQHEEKQSKLRLSLRNQSLFQEEGMLALVLCIDRLNVYT 494
NP_033135_mouse   IGYFEPPEEELQHEEKQSKLRLSLRNQSLFQEEGMLSLVLCIDRLNVYT 499
AAL09307_dog      IGYFEPPEEELQHEEKQSKLRLSLRNQSLFQEEGMLSLVLCIDRLNVYT 434
ABY50125_turkey   IAYFRAPHTELQHEQRQNRSLRRRQDLFQEEGMISLVLCIDRLNVYS 496
GQ337080_chicken  IGYFRAPHTELQHEQRQSRSLRRRQDLFQEEGMISLVLCIDRLNVYS 111

P11716_rabbit      TAAHFAEYAGEEAAESWKEIVNLLYELLASLIRGNRNCALFSTNLDWV 548
NP_000531_human   TAAHFAEFAGEEAAESWKEIVNLLYELLASLIRGNRNCALFSTNLDWL 547
AAA31119_pig      TAAHFAEFAGEEAAESWKEIVNLLYELLASLIRGNRNCALFSTNLDWL 548
ABC46714_equus    TAAHFAEFAGEEAAESWKEIVNLLYELLASLIRGNRTNCALFSTNLDWL 544
NP_033135_mouse   TAAHFAEFAGEEAAESWKEIVNLLYELLASLIRGNRTNCALFSTNLDWL 549
AAL09307_dog      TAAHFAEFAGEEAAESWKEIVNLLYELLASLIRGNRNCALFSTNLDWL 484
ABY50125_turkey   TAAHFAEFAGEEAAASWKEIVNLLYELLASLIRGNRTNCALFSTNLDWL 546
GQ337080_chicken  TAAHFAEFAGEEAAASWKEIVNLLYELLASLIRGNRTNCALFSTK----- 156

```

Figure 3 - Alignment of chicken α RyR amino acid sequence with published skeletal muscle RyR α and 1 isoforms from different species.

Les méthodes phénétiques

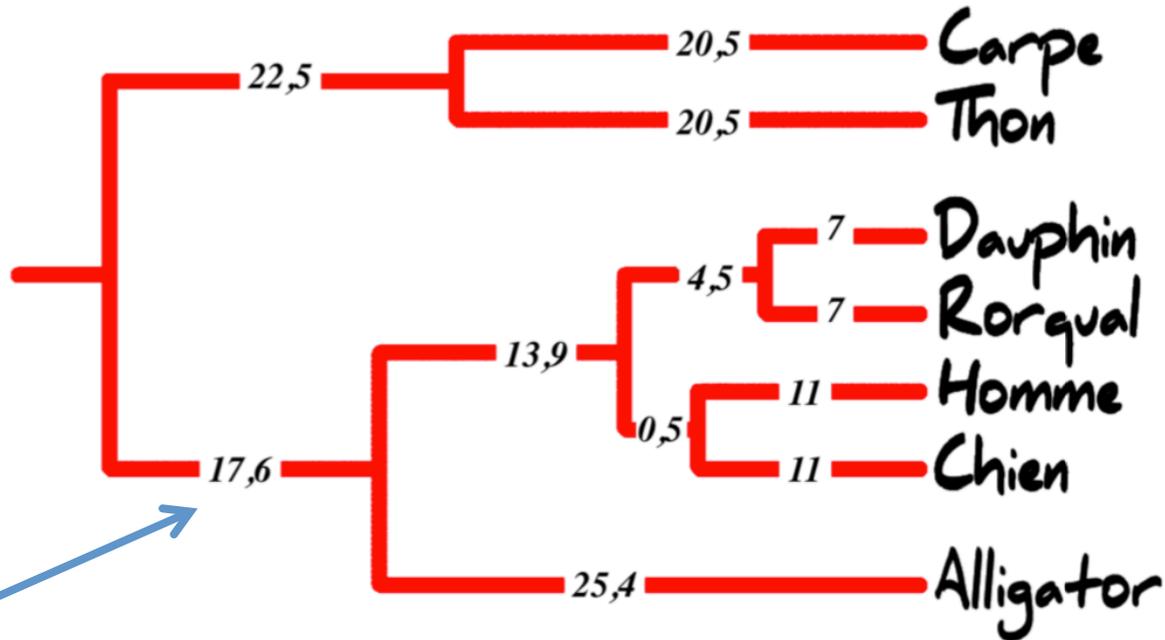
Méthode UPGMA : regrouper récursivement sous un même ancêtre les couples d'OTU présentant la distance évolutive la plus faible. La distance des OTU à cet ancêtre est égale à la moitié de la distance évolutive entre les OTU considérées.

Méthode Neighbor-joining : basée sur le principe d'évolution minimale qui fait l'hypothèse que l'arbre vrai est l'arbre de plus petite longueur tel que les longueurs de ses branches décrivent le plus fidèlement possible les distances évolutives entre les taxons considérés.

Quantification de la différence (%)

	CARPE	THON	ALLIGATOR	DAUPHIN	RORQUAL	HOMME	CHIEN
CARPE	0	41	85	84	86	80	84
THON		0	84	76	79	78	81
ALLIGATOR			0	53	52	49	49
DAUPHIN				0	14	21	24
RORQUAL					0	24	23
HOMME						0	22
CHIEN							0

Convertir en arbre = phénogramme



Distance évolutive évaluée grâce au nombre de différences

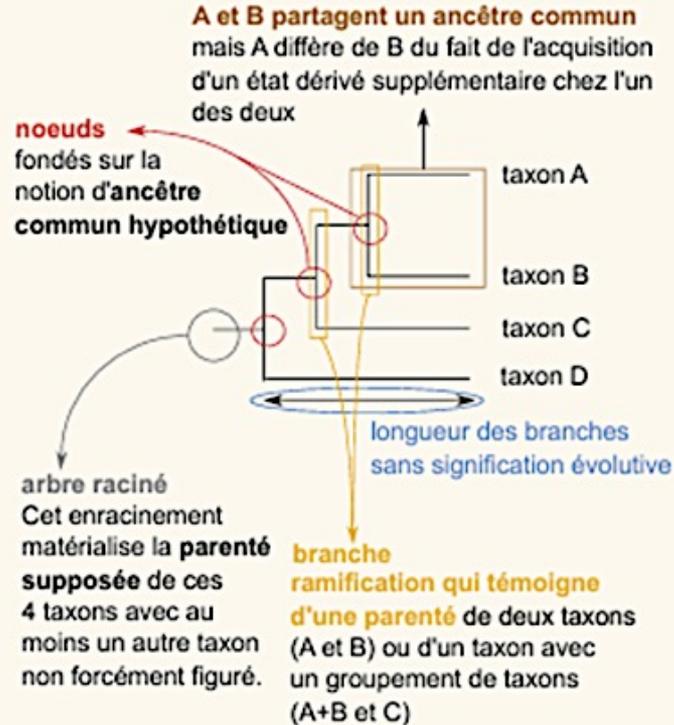
CONCLUSION

La construction des arbres

Méthode	Méthode du maximum de parcimonie	Méthode UPGMA ou Neighbor-joining
Principe	Construire les arbres possibles et appliquer le principe de parcimonie	Évaluer la distance entre 2 taxons en calculant le % de différences
Caractères	Tout type de caractères	Caractères moléculaires
Avantages	Représente l'évolution et permet de distinguer convergence et homologie	Permet de traiter des arbres lourds
Inconvénients	Nécessite d'envisager de très nombreux arbres	Ne permet pas de suivre l'évolution

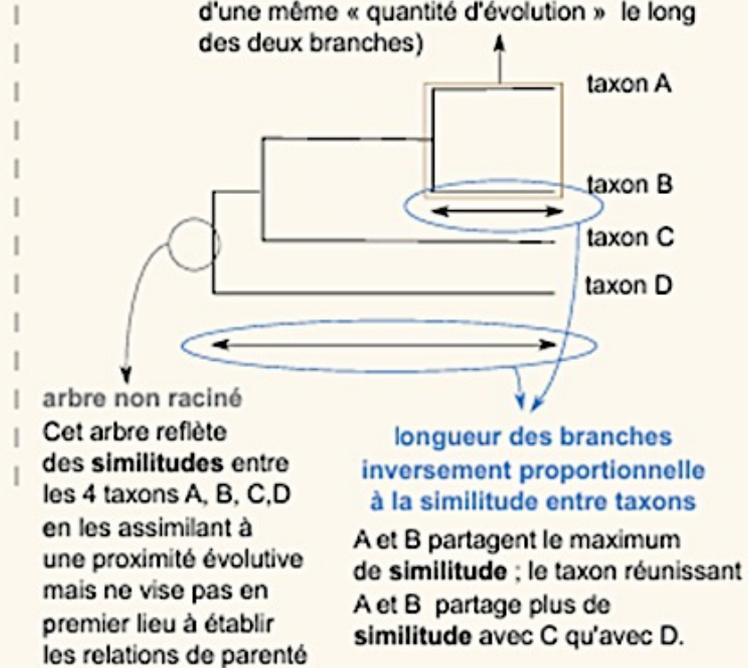
La méthode du maximum de vraisemblance est une méthode UPGMA étendue à de nombreuses séquences

Cladogramme ou phénogramme ?



Nature des ressemblances

similitude entre A et B représentée sous forme de deux branches d'égale longueur (hypothèse d'une même « quantité d'évolution » le long des deux branches)



Degré de similitude globale