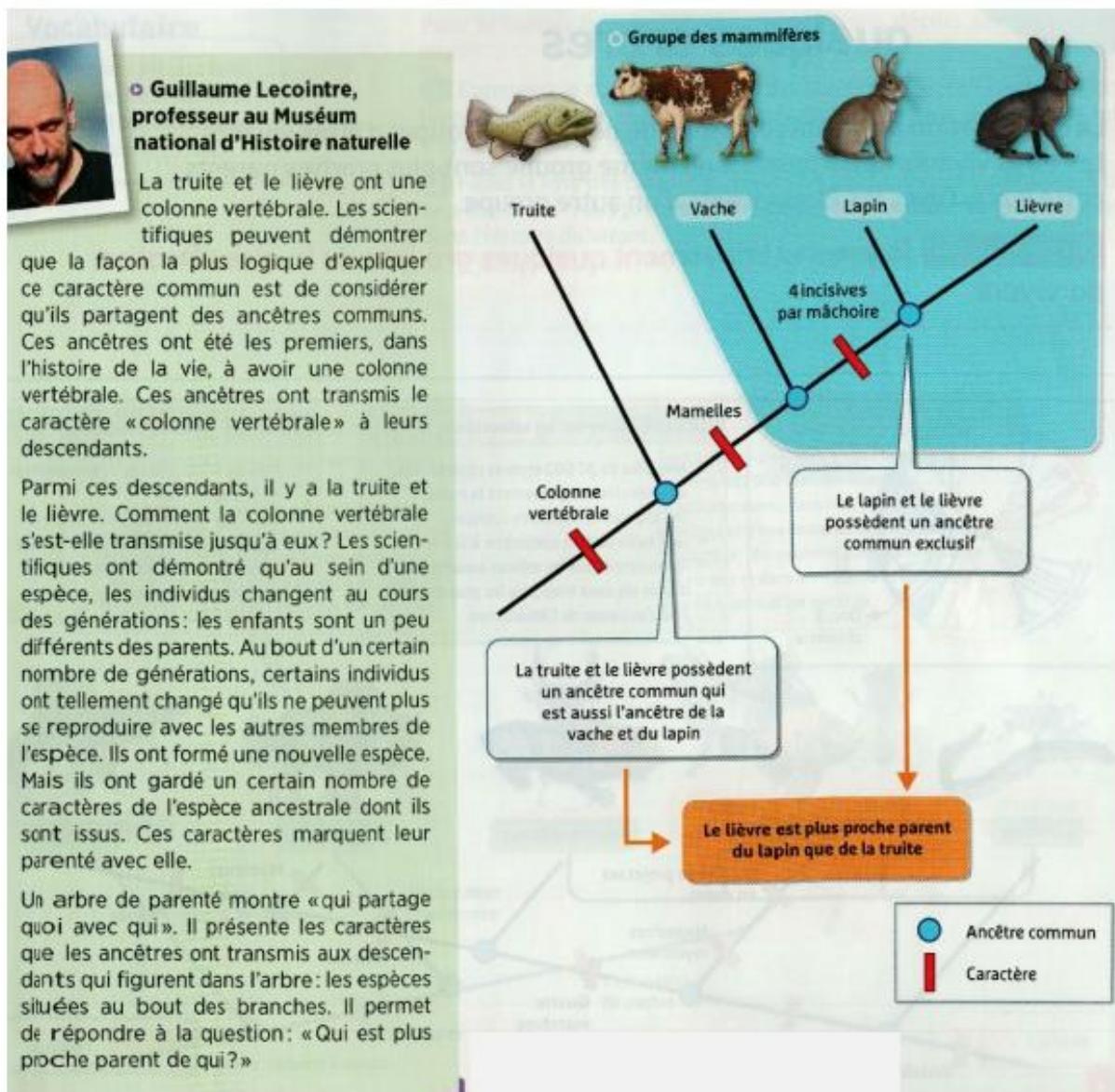


Qu'est-ce qu'un arbre phylogénétique?

Un arbre phylogénétique est une représentation des liens de parentés entre différentes espèces ou groupes (appelés aussi taxons)



LIRE UN ARBRE PHYLOGENETIQUE

L'arbre phylogénétique présente les relations de parenté entre organismes vivants. Il montre qui est proche de qui, et non pas qui descend de qui.

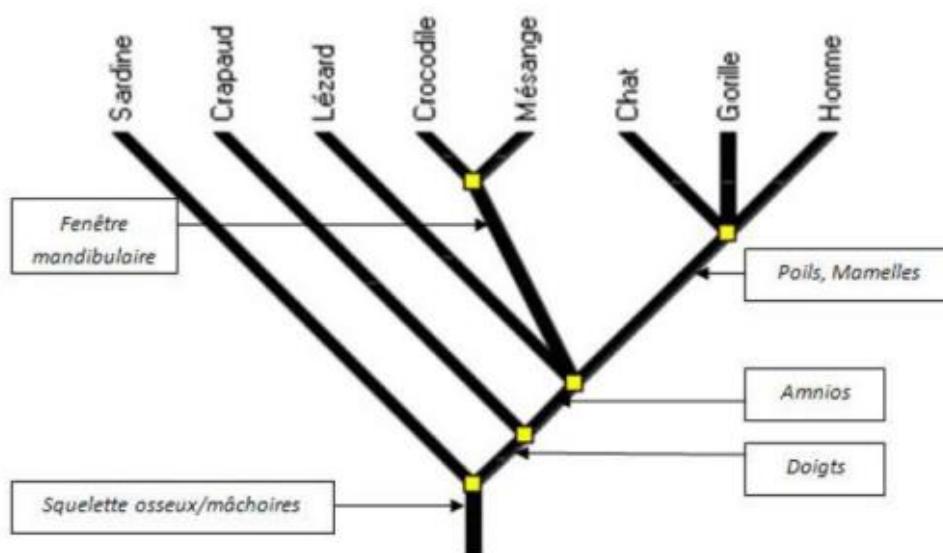
L'arbre phylogénétique montre l'ordre d'apparition des différents groupes d'organismes vivants au cours du temps, mais surtout leurs relations de parenté. Il est fondé sur l'analyse de nombreux caractères chez les espèces qu'il présente.

1- Déterminer l'ordre d'apparition des caractères.

L'ordre d'apparition des caractères se lit de bas en haut.

Ainsi, dans l'exemple ci

-dessous, la première innovation évolutive a été l'apparition du squelette osseux et des mâchoires, puis l'apparition des doigts, l'acquisition de l'amnios,...Il fait apparaître les différentes étapes de l'évolution de manière chronologique.



2- Définir l'apparentement.

Des animaux qui sont rangés dans un même groupe de la classification actuelle partagent des caractères communs. Ainsi, le crocodile et la mésange sont apparentés car ils possèdent les mêmes attributs ou caractères: squelette osseux et mâchoires, doigts, amnios, fenêtre mandibulaire.

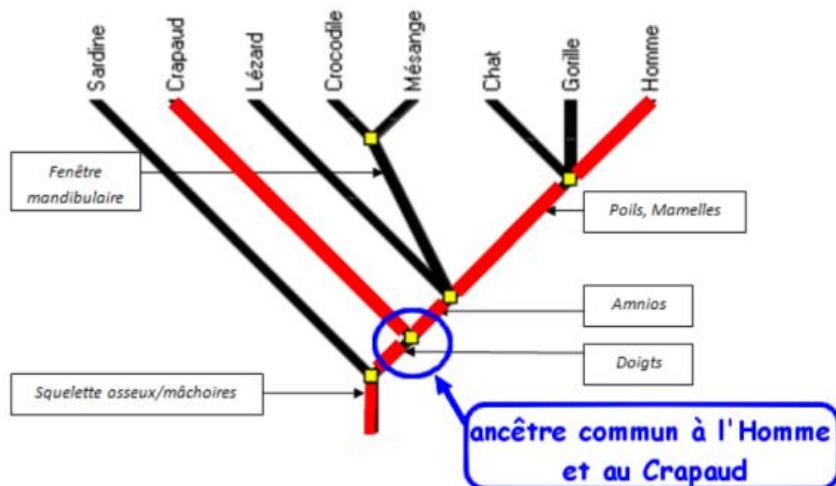
3- Rechercher l'ancêtre commun

Partir à la recherche de l'ancêtre commun de deux êtres vivants revient à chercher le nœud, le niveau de réunion, des branches qui proviennent de deux êtres vivants.

Les caractères de l'ancêtre commun sont ensuite déduits à partir du point de jonction des branches jusqu'au caractère le plus ancien.

Ainsi, dans l'exemple ci

-dessous, l'ancêtre commun au Crapaud et à l'Homme possédait un squelette osseux et des mâchoires mais également des doigts.



CONSTRUIRE UN ARBRE PHYLOGENETIQUE

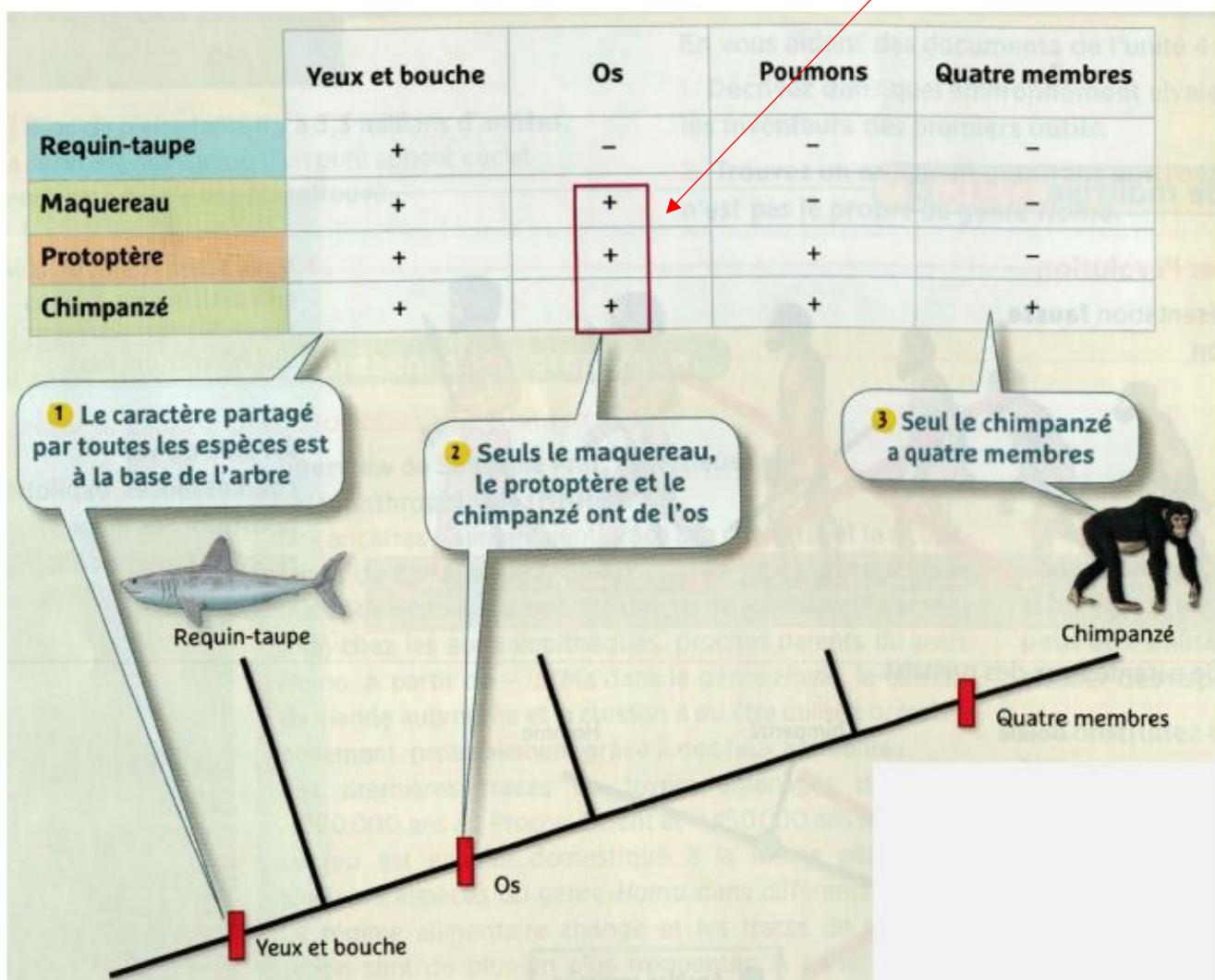
La construction d'un arbre phylogénétique repose sur la comparaison de caractères dits homologues entre groupes ou espèces différents. Ces caractères peuvent être embryonnaires, moléculaires, morphologiques. On représente couramment une parenté par un arbre phylogénétique.

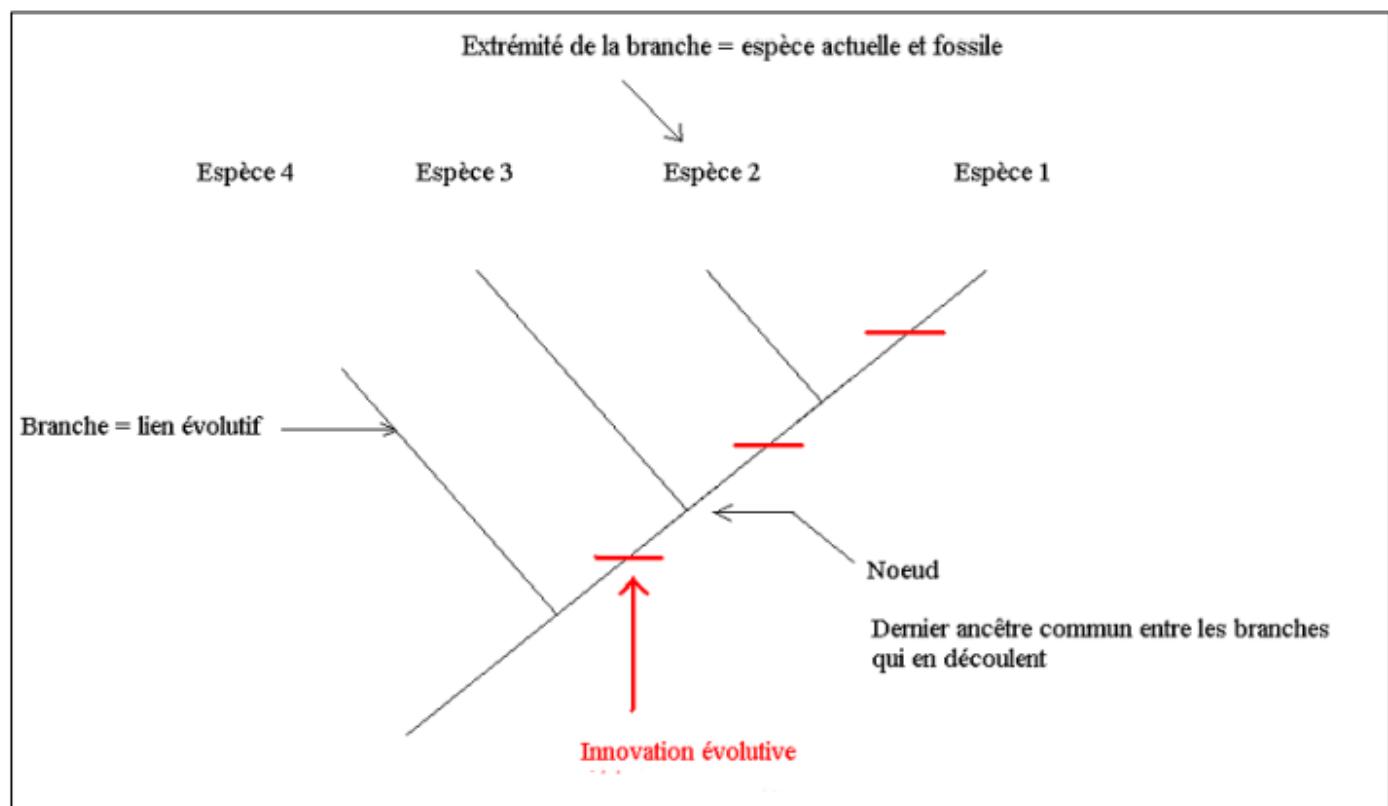
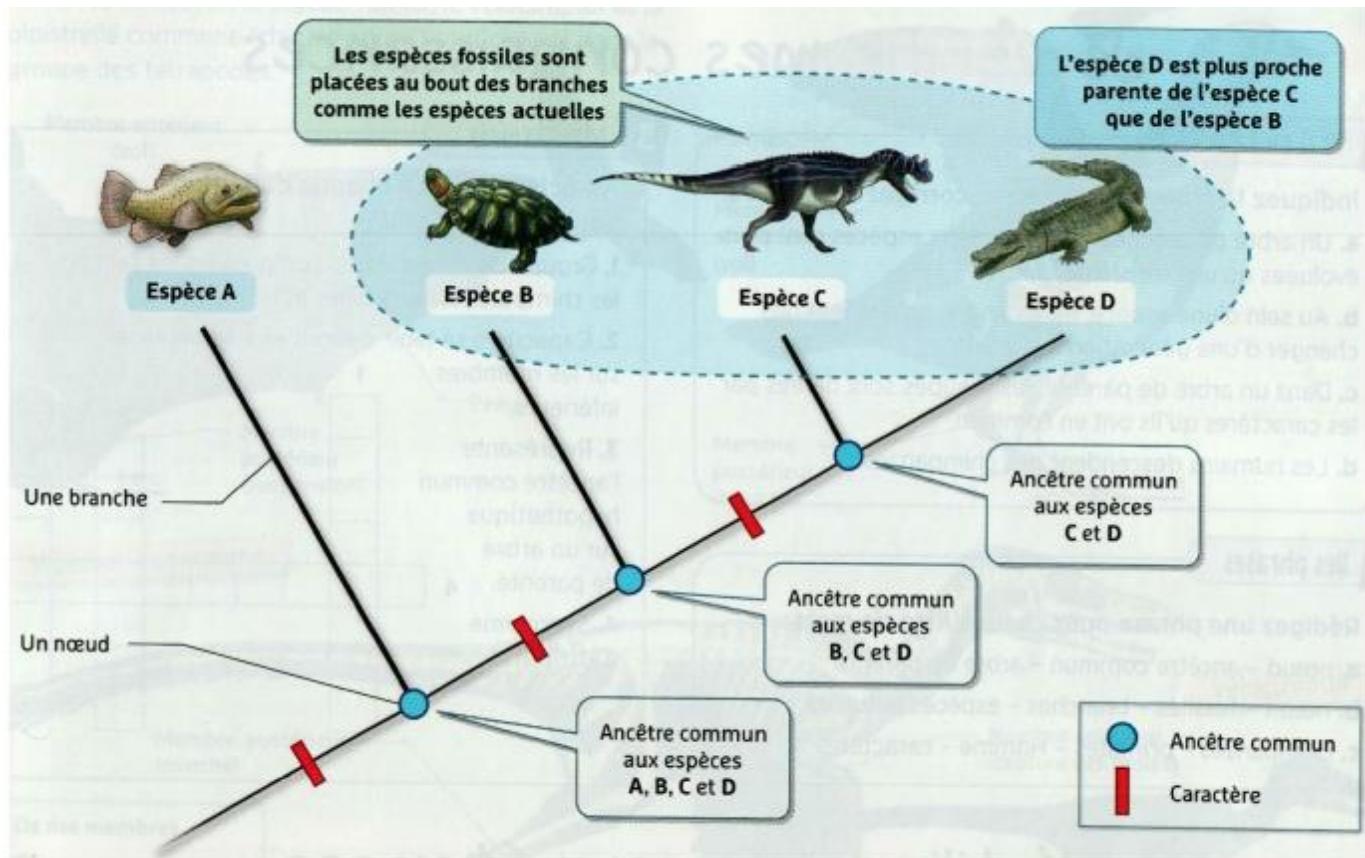


Interview de Guillaume Técolat, chercheur en systématique et évolution

Au sein d'une espèce, des caractères héréditaires nouveaux apparaissent. Certains d'entre eux conduisent à la transformation des espèces, souvent sur des durées imperceptibles pour nous : c'est l'**évolution**. La biodiversité actuelle est ainsi le résultat d'une longue histoire. Pour tenter de la reconstituer, les scientifiques étudient des échantillons d'espèces et comparent leurs caractères. Si un caractère X est présent chez certaines espèces d'un échantillon et pas chez d'autres, alors les scientifiques posent l'hypothèse que toutes les espèces qui possèdent ce caractère sont issues d'un ancêtre commun.

Chez cet ancêtre, le caractère X, qualifié d'**innovation évolutive**, est pour la première fois apparu, et il l'a transmis à toute sa descendance. En analysant de la sorte de nombreux caractères, les scientifiques peuvent construire un **arbre de parenté** des espèces de l'échantillon. Si les espèces ayant le caractère X sont ensemble sur l'arbre, l'hypothèse est validée (dans le cas contraire, elle est rejetée) et les espèces ayant le caractère X sont plus proches parentes entre elles qu'avec d'autres espèces de l'échantillon. Elles forment alors un groupe de la **classification du vivant**.





Le nombre de nœuds entre les branches, qui représente autant d'ancêtres communs hypothétiques, indique le degré de parenté entre les espèces. Plus il y a de nœuds et donc d'ancêtres entre deux espèces, plus leur parenté est éloignée, c'est-à-dire que leur ancêtre commun est ancien.