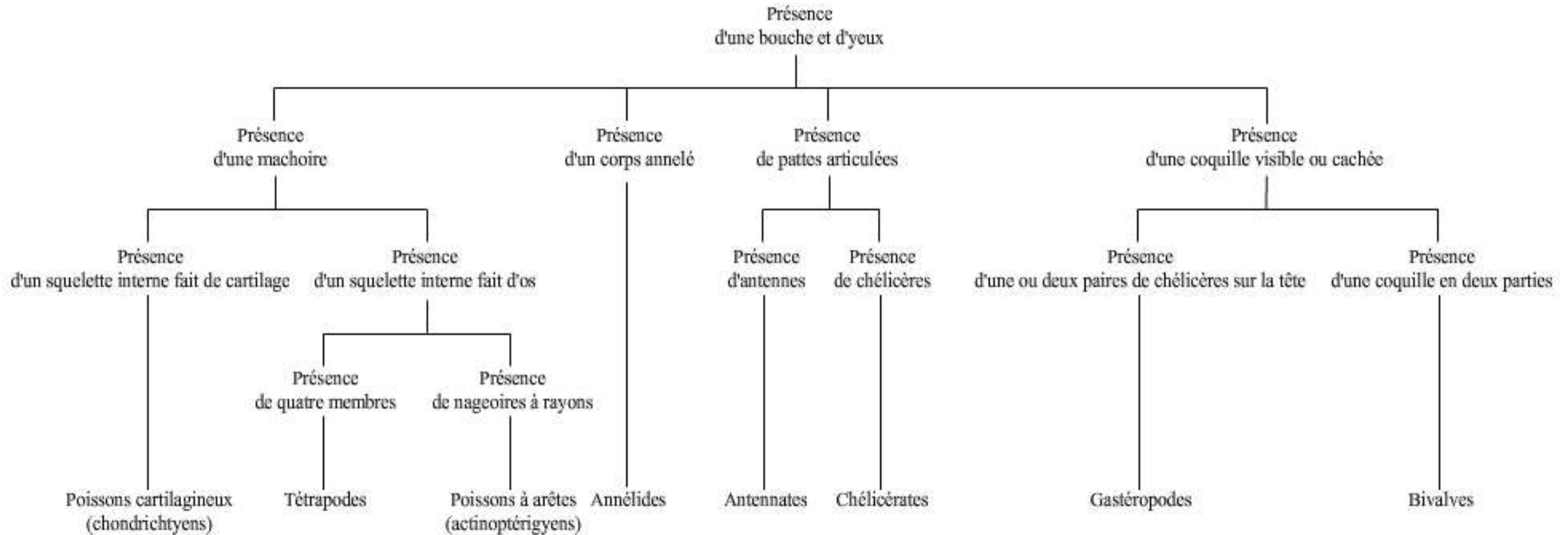




**« Trier, ce n'est pas tracer des ensembles, ce n'est pas créer des groupes. C'est simplement séparer un échantillon d'objets en fonction d'arguments arbitraires ».**

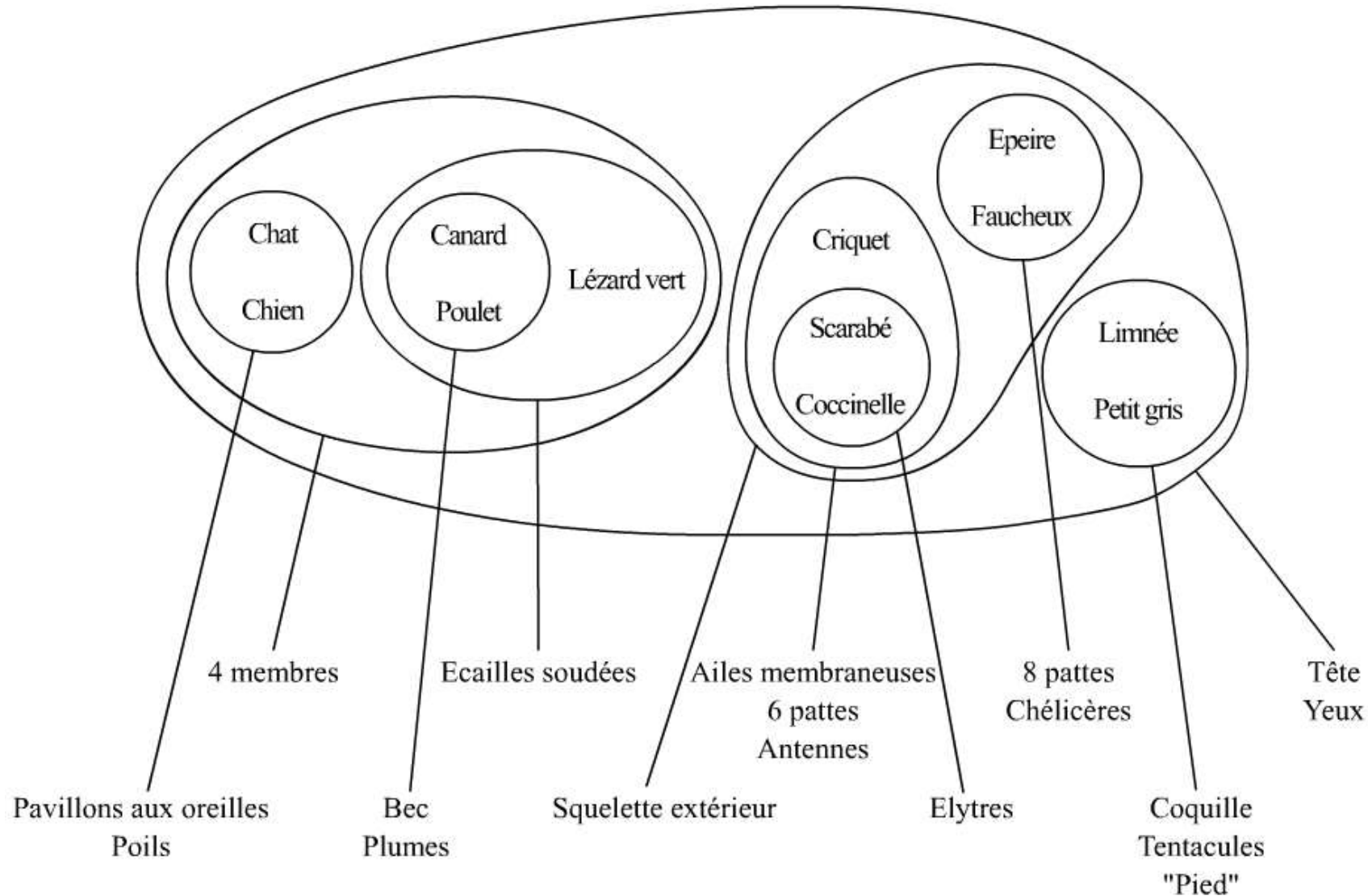


### **Clé de détermination simplifiée**

**Inspiré du livre de SVT de 6ème des éditions Hachette.**



« Classifier, c'est regrouper des objets dans un ensemble, faire un lien entre ces objets qui fait sens ».



### Classement de différents êtres vivants.

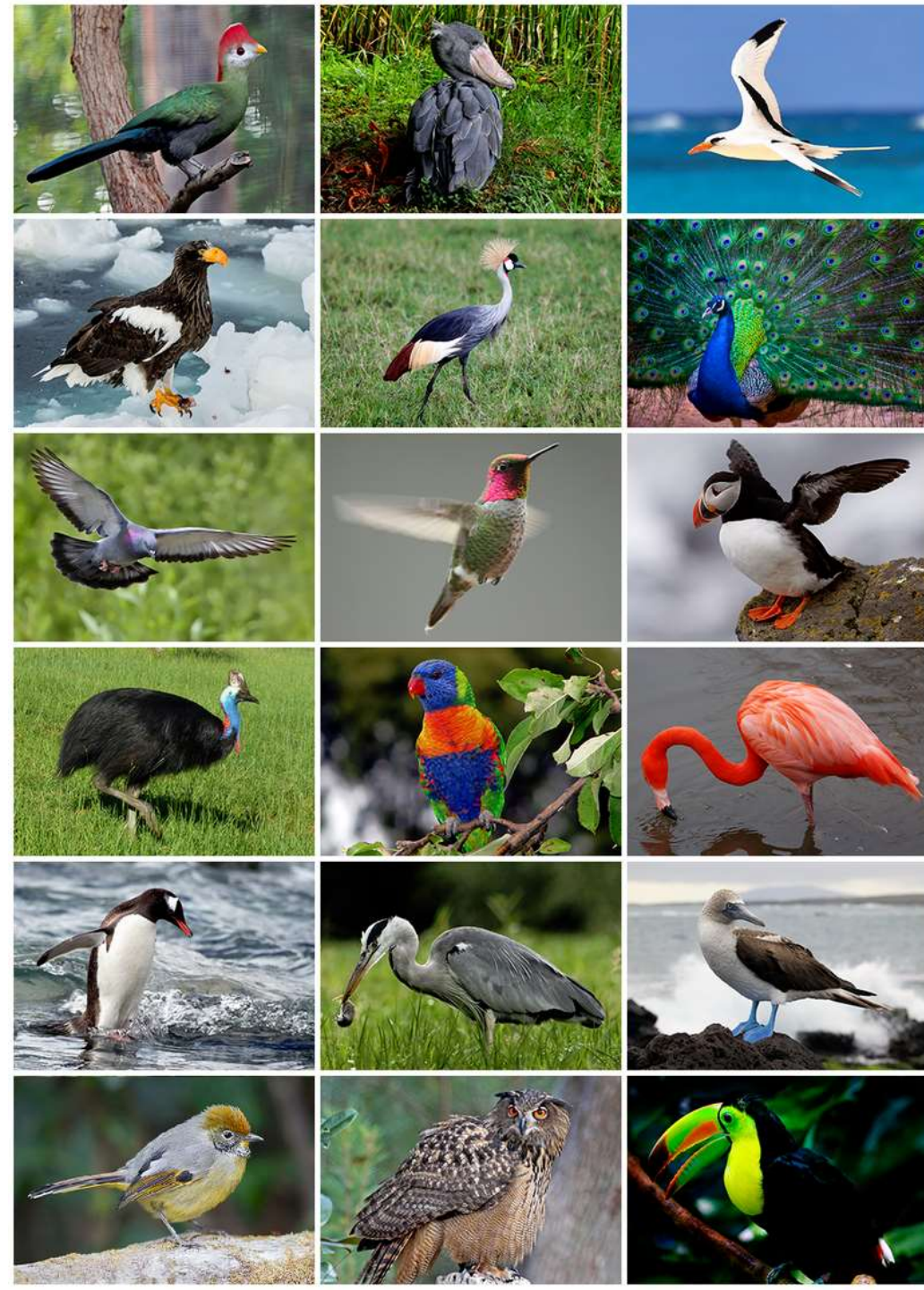


# Oiseaux

## Fruits de mer



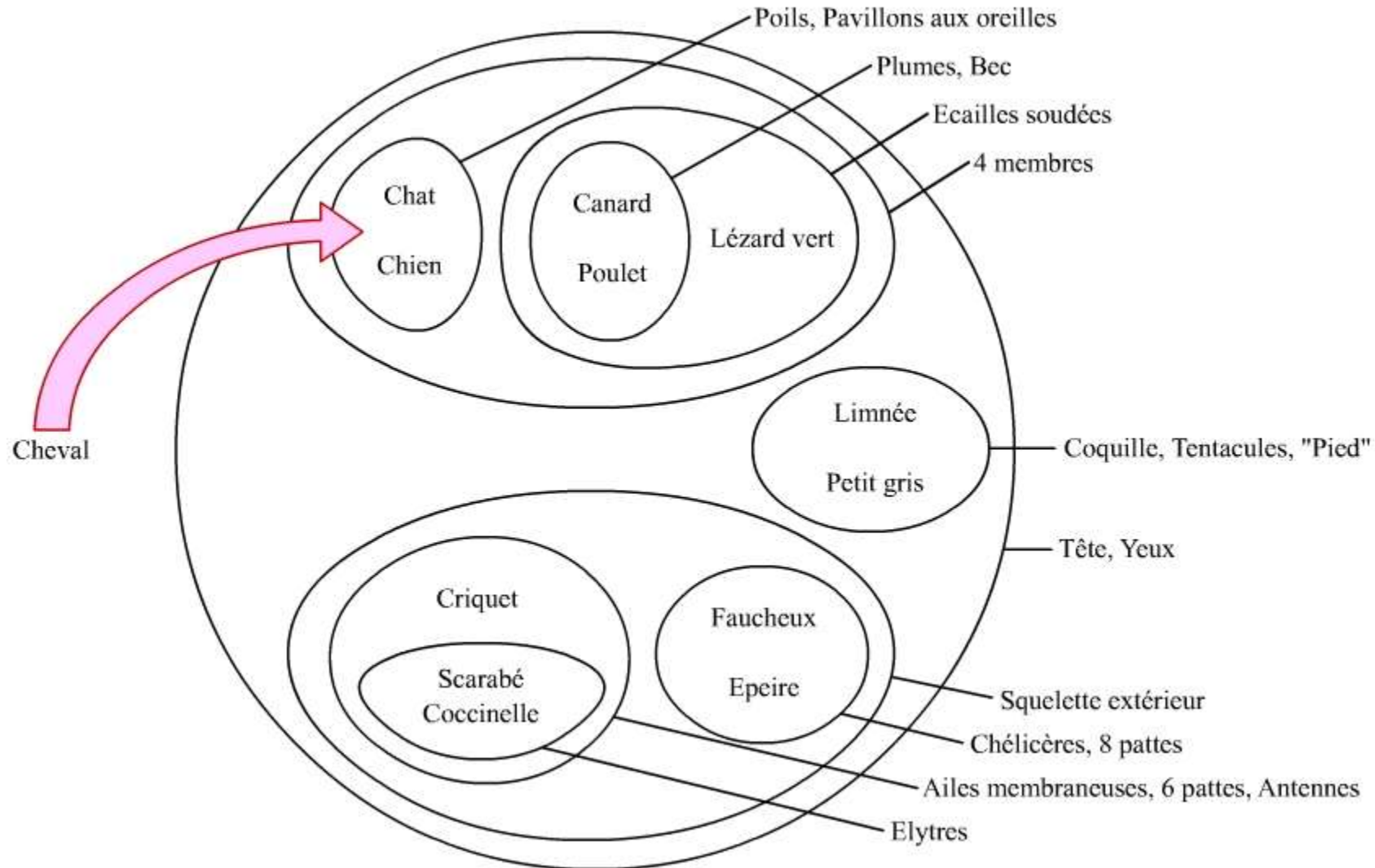
[https://fr.wikipedia.org/wiki/Fruits\\_de\\_mer](https://fr.wikipedia.org/wiki/Fruits_de_mer)



<https://fr.wikipedia.org/wiki/Oiseau>



« Assigner (= ranger) consiste à replacer un objet dans le bon ensemble, en observant si ses propriétés correspondent aux justifications données pour chaque ensemble ».

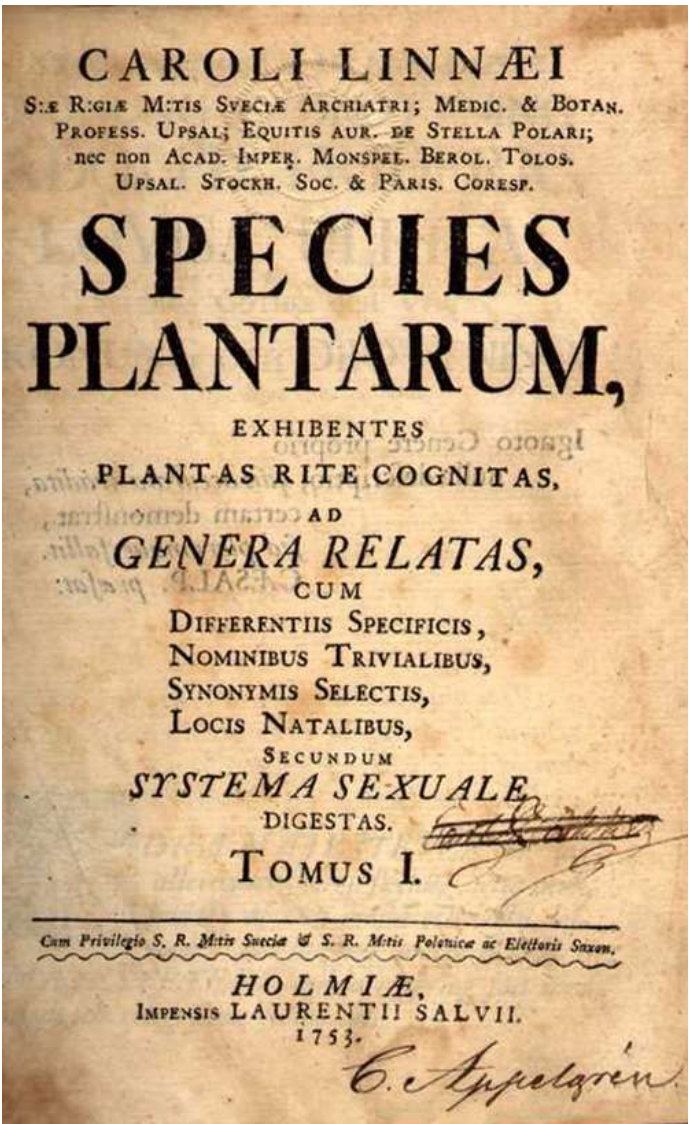


### Exemple d'assignation ou rangement





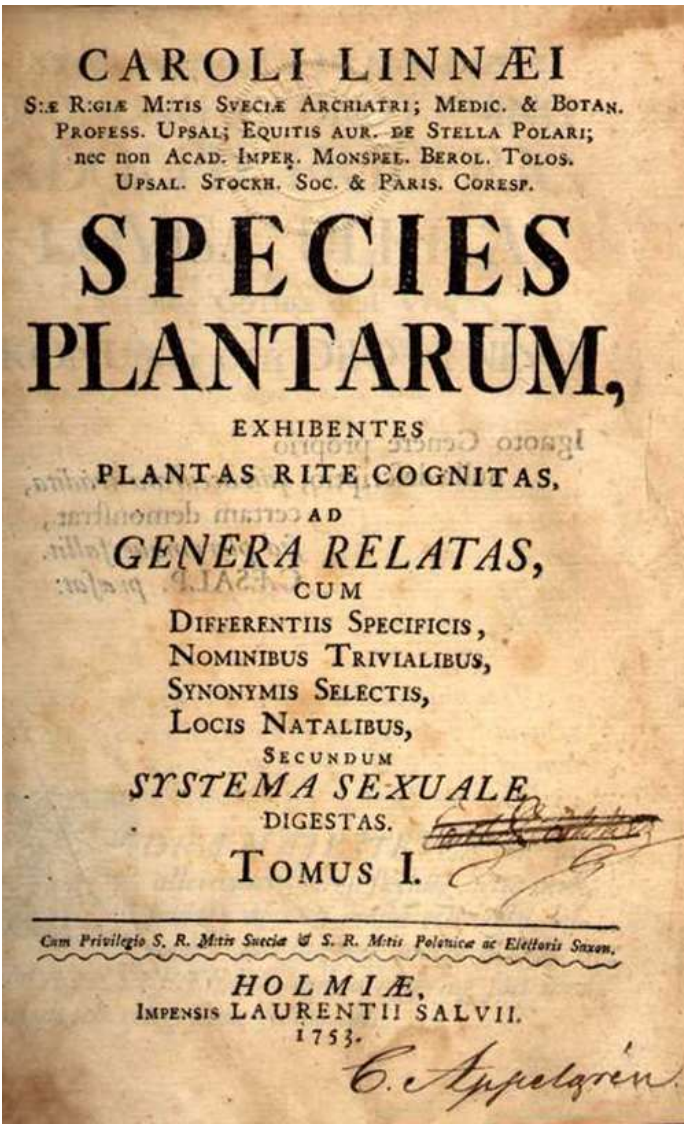
# La dénomination binominale des espèces de Linné



*Medicago sativa*, L. 1753



# La dénomination binominale des espèces de Linné

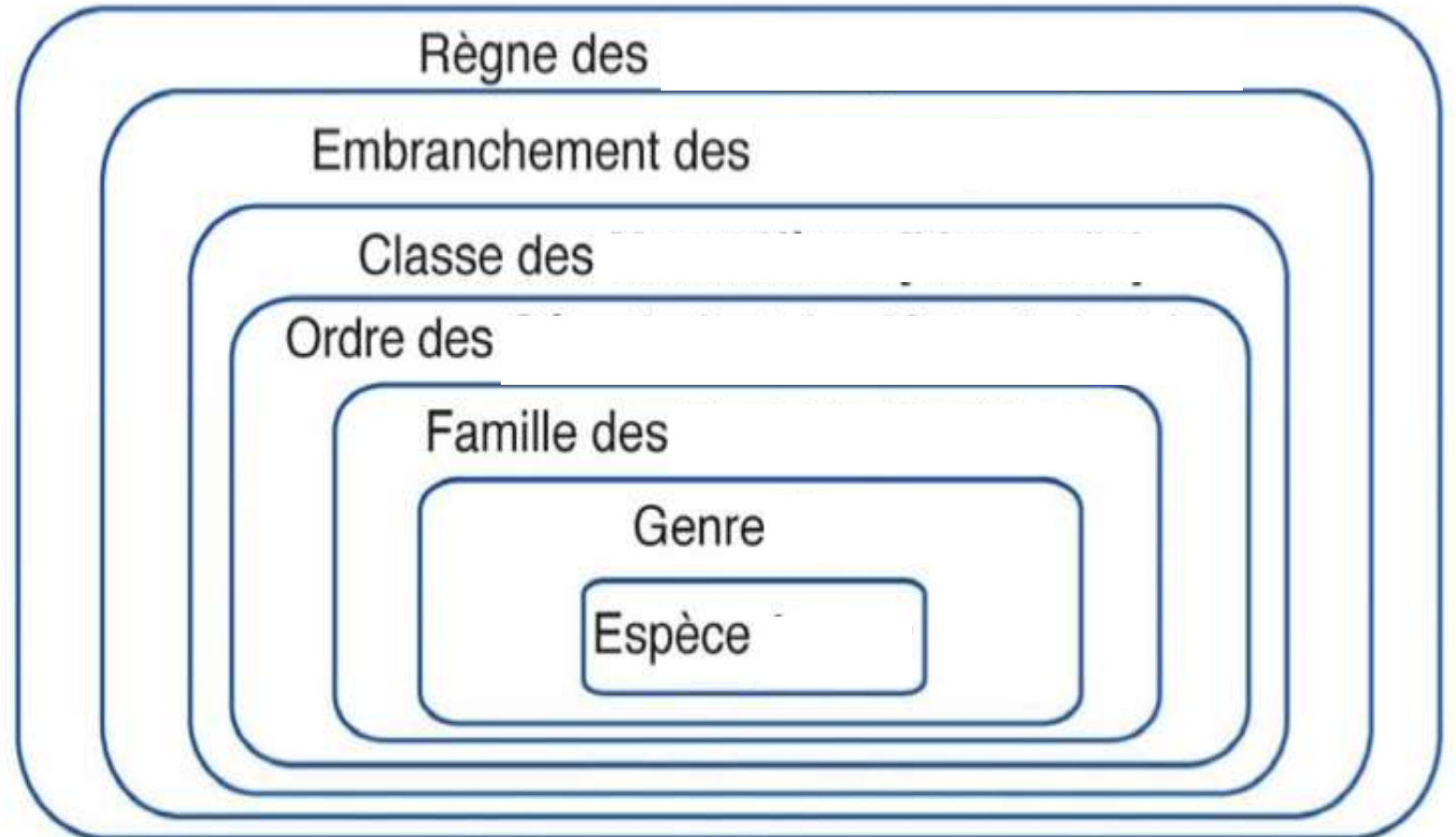


Classification	
Règne	<i>Plantae</i>
Sous-règne	<i>Tracheobionta</i>
Division	<i>Magnoliophyta</i>
Classe	<i>Magnoliopsida</i>
Sous-classe	<i>Rosidae</i>
Ordre	<i>Fabales</i>
Famille	<i>Fabaceae</i>
Sous-famille	<i>Faboideae</i>
Tribu	<i>Trifolieae</i>
Genre	<i>Medicago</i>
Espèce	
	<b><i>Medicago sativa</i></b> L., 1753



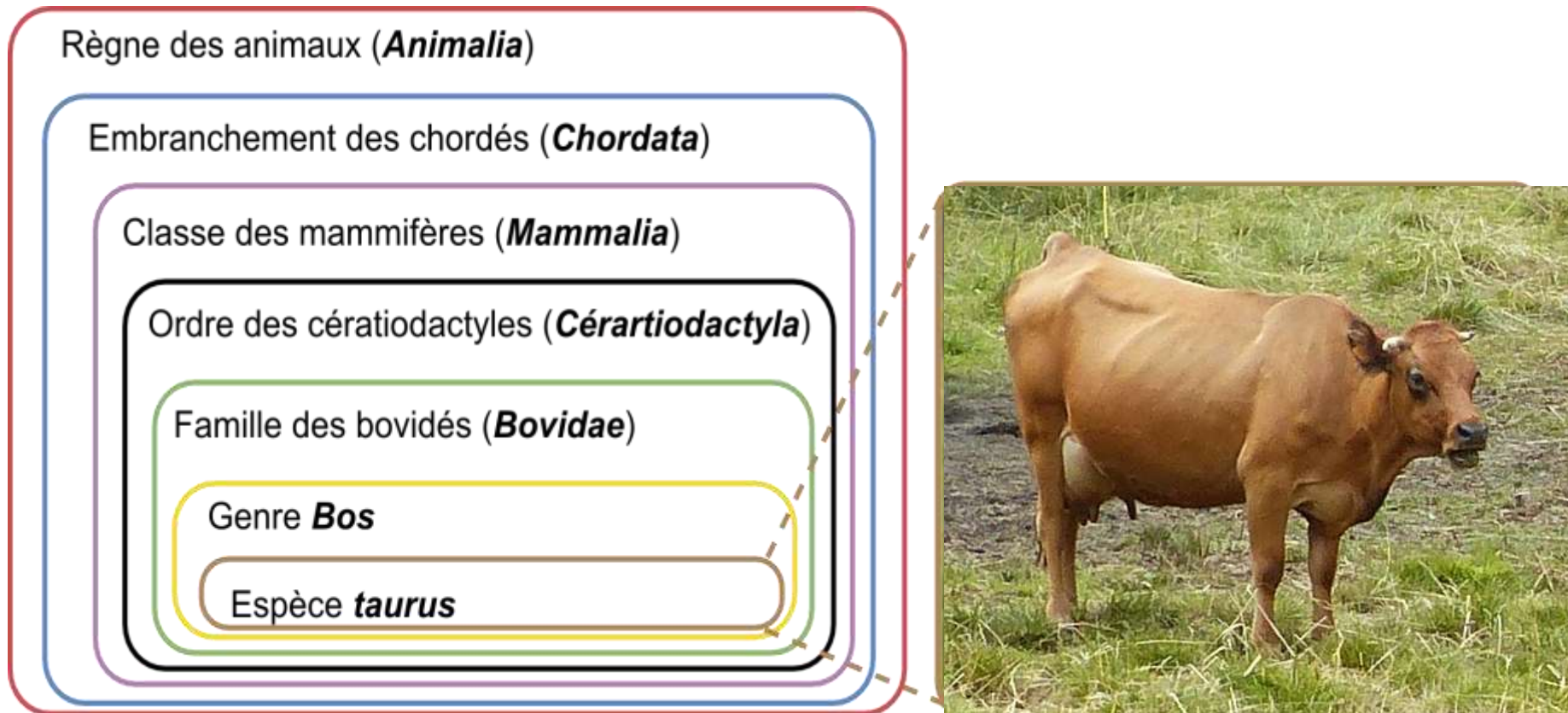


# Document 1. Position taxonomique de la vache.



# Document 1. Position taxonomique de la vache.

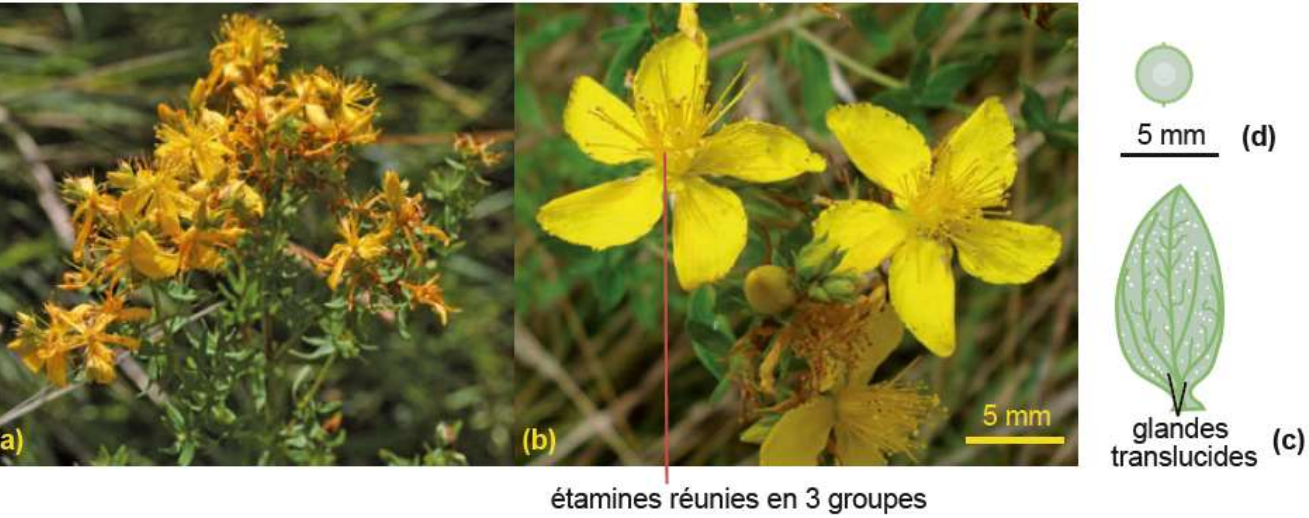
Les 7 rangs formels de Linné, ou comment fabriquer des catégories en l'absence de tout concept évolutif



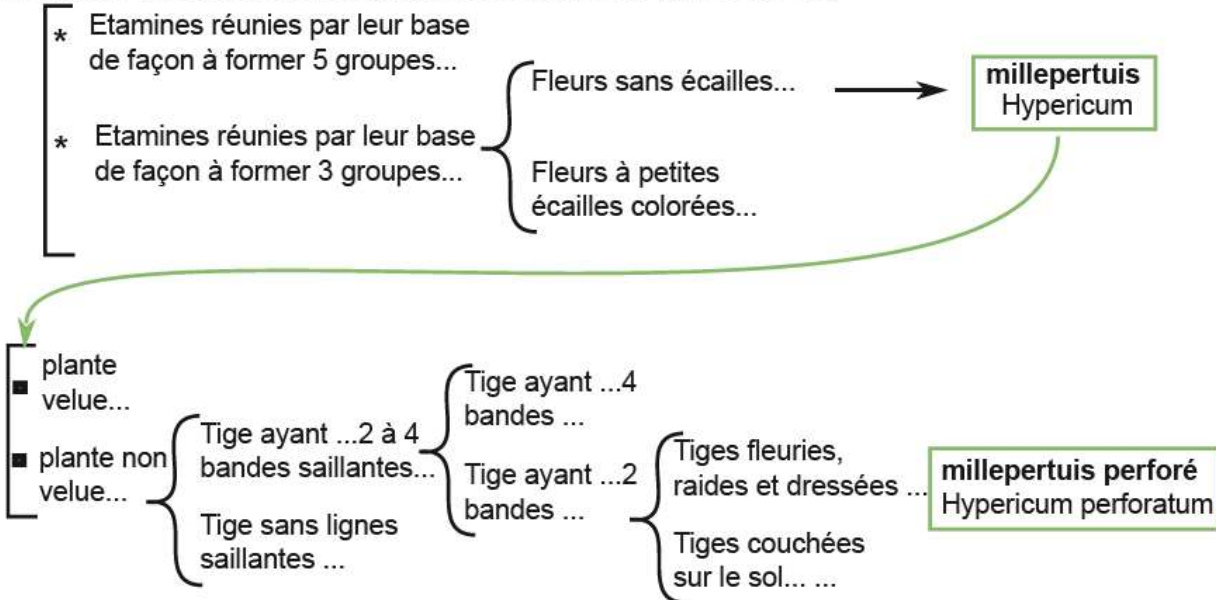


# Identifier des espèces par une clé de détermination

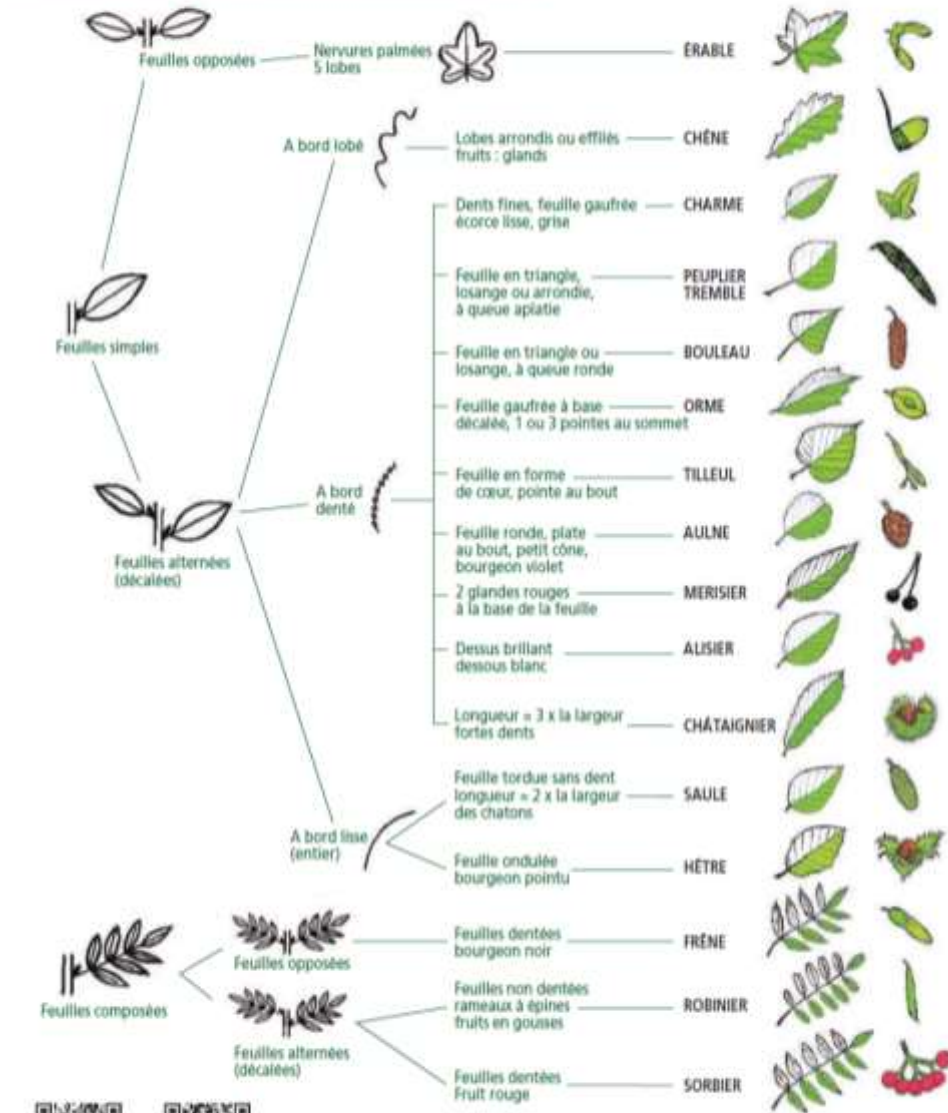
Détermination d'une espèce à l'aide d'une flore :



e) Famille des hypericinées (maintenant appelées hypericacées)



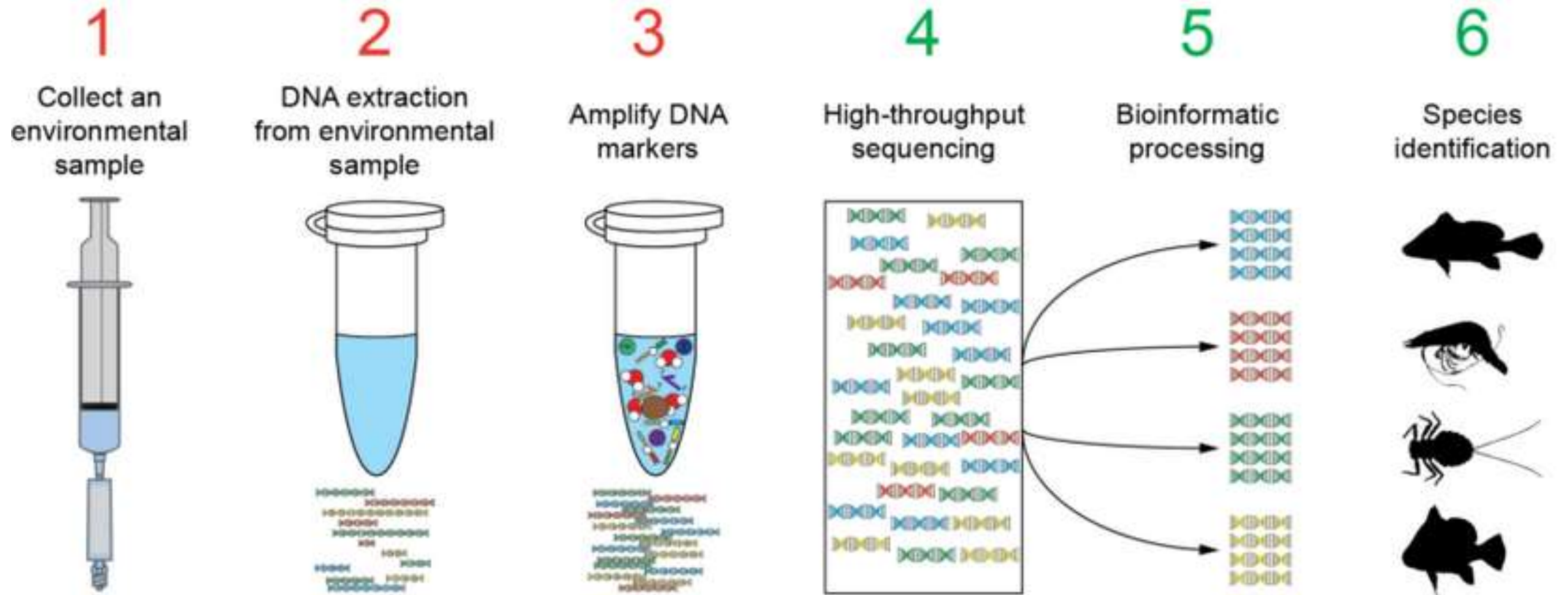
Pour reconnaître un feuillus, il faut savoir « lire » ses feuilles



Direction Générale  
2, avenue de St-Mandé  
75570 Paris Cedex 12  
Tél. 01 40 19 58 00  
www.onf.fr

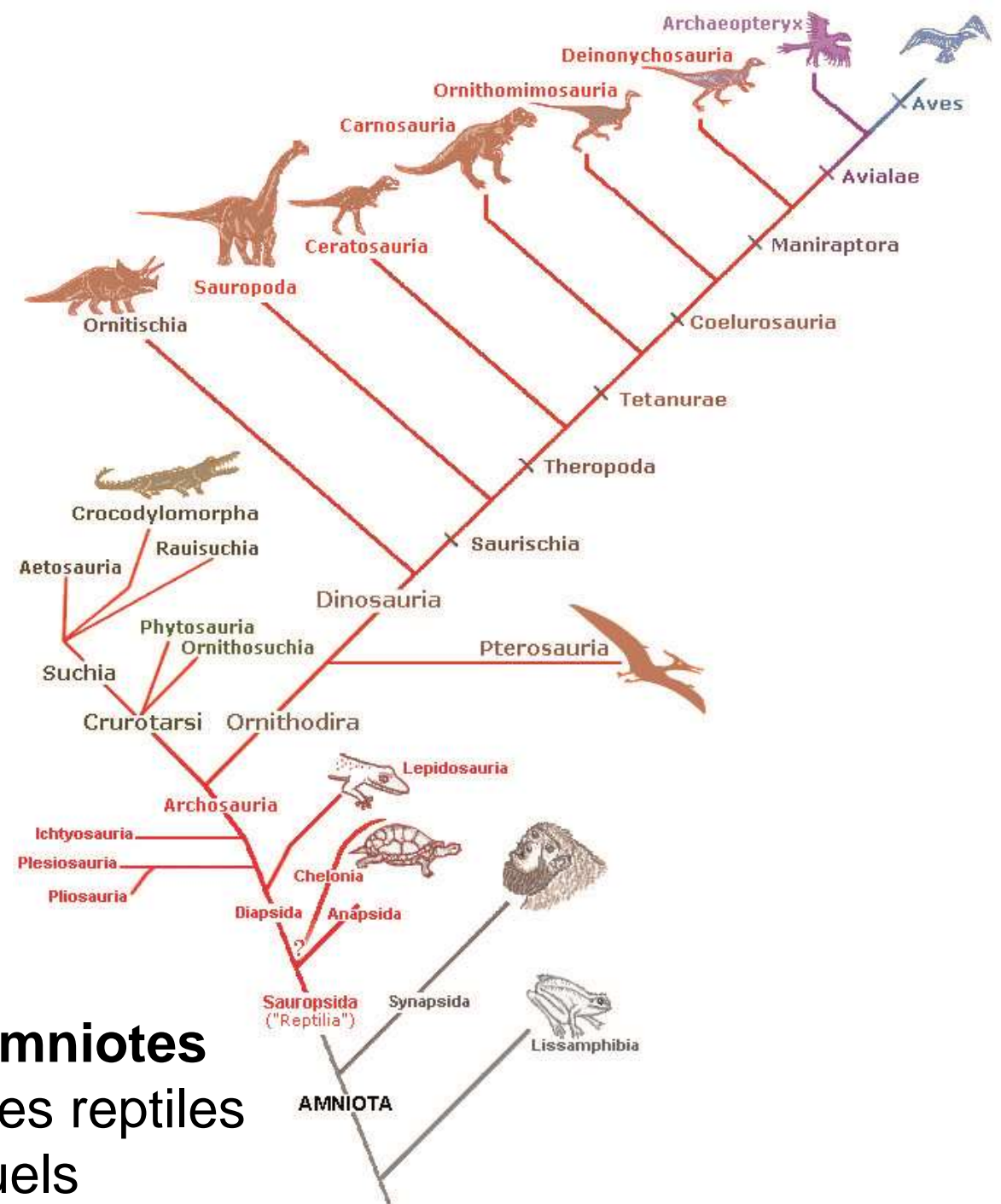
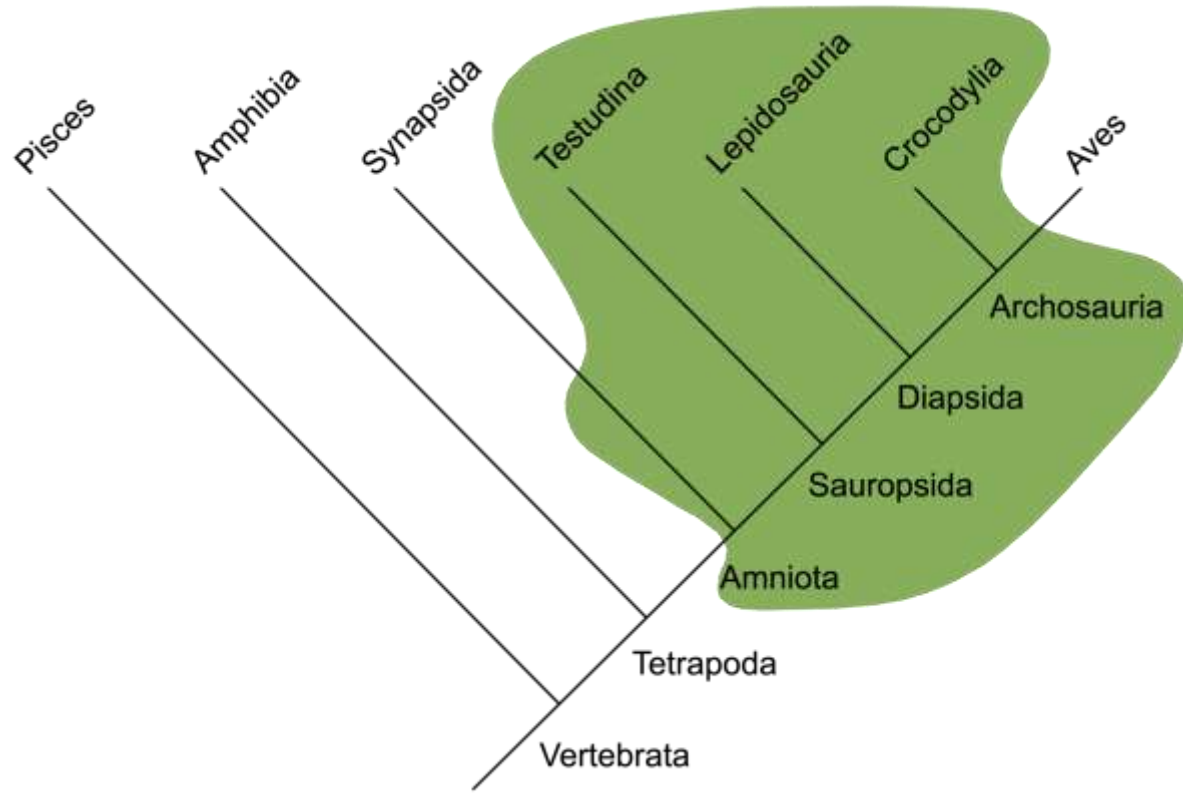
# Identifier des espèces par le barcodage (ou barcoding)

- Pour les animaux : gène CO1 (codant la sous-unité 1 de la cytochrome oxydase)
- Pour les végétaux : deux séquences plastidiales
- Pour les bactéries : séquence d'ADN codant l'ARNr 16 S





# Les reptiles, un groupe paraphylétique



**Cladogramme des Amniotes**  
 En vert, brun, rouge, les reptiles préhistoriques ou actuels

# Document 2. Les caractères utilisés pour établir une classification

## Caractères moléculaires

Histone H1 (residues 120-180)

HUMAN	KKASKPKKAASKAPT	KKPKATPVKKAKKK	LAATPKKAKKPK	TVKAKPVKASKPKKAKPVK
CHIMP	KKASKPKKAASKAPT	KKPKATPVKKAKKK	LAATPKKAKKPK	TVKAKPVKASKPKKAKPVK
MOUSE	KKAAKPKKAASKAPS	KKPKATPVKKAKKK	PAATPKKAKKPK	VVKVKPVKASKPKKAKTVK
RAT	KKAAKPKKAASKAPS	KKPKATPVKKAKKK	PAATPKKAKKPK	IVKVKPVKASKPKKAKPVK
COW	KKAAKPKKAASKAPS	KKPKATPVKKAKKK	PAATPKTKKPK	TVKAKPVKASKPKKTKPVK
	***:*****:	*****:	*****:	** *****:*

NON-CONSERVED AMINO ACIDS

Conservative      Conservative      Non-conservative      Conservative      Non-conservative      Semi-conservative      Non-conservative

[https://fr.wikipedia.org/wiki/S%C3%A9quence\\_homologue](https://fr.wikipedia.org/wiki/S%C3%A9quence_homologue)

## Caractères embryologiques

Manuel de T°S, Nathan Ed., 2002.

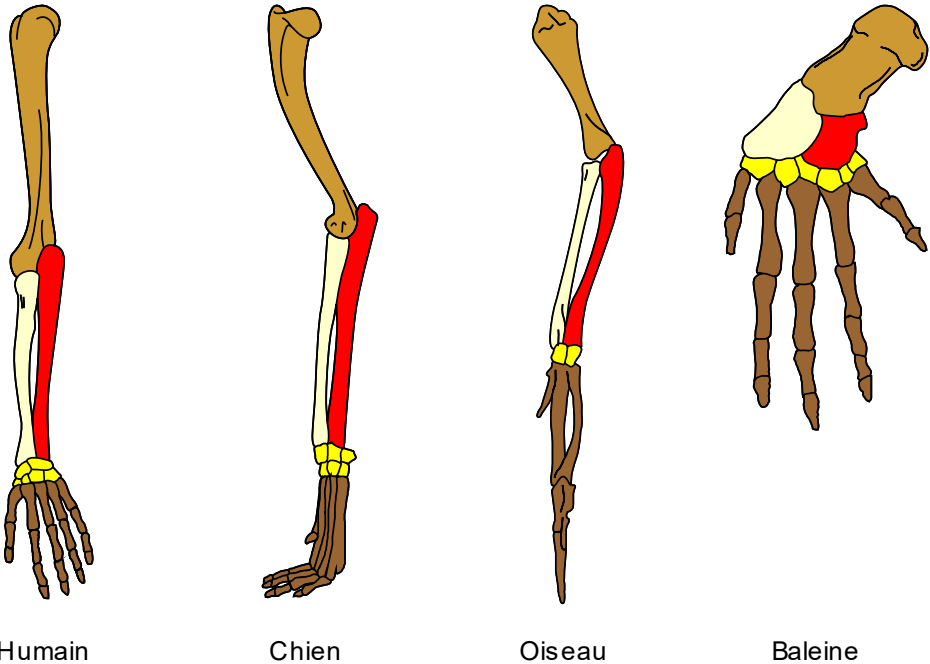


## Caractères fonctionnels

Ex : modalités de dispersion des graines



## Caractères anatomiques



Humain

Chien

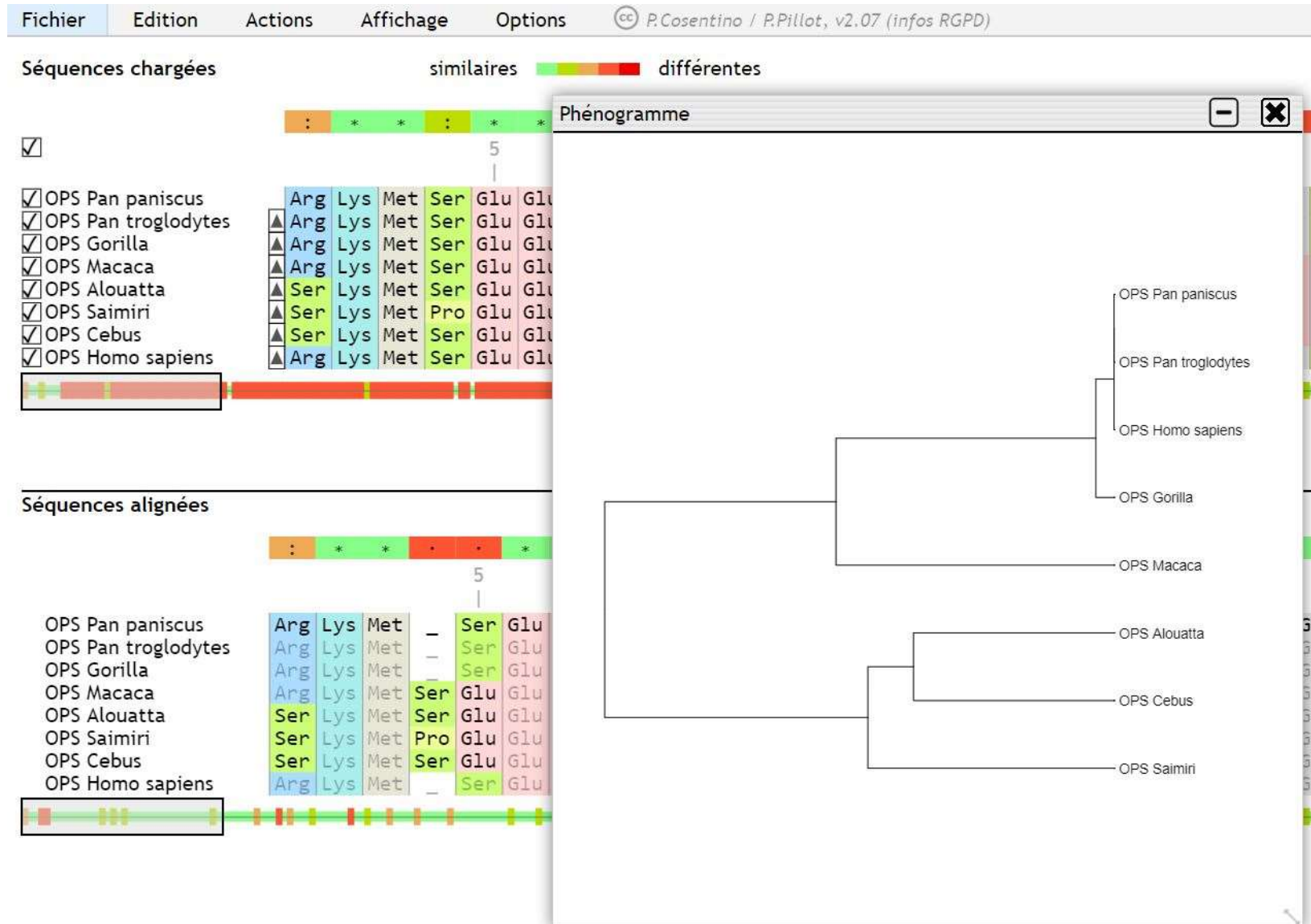
Oiseau

Baleine

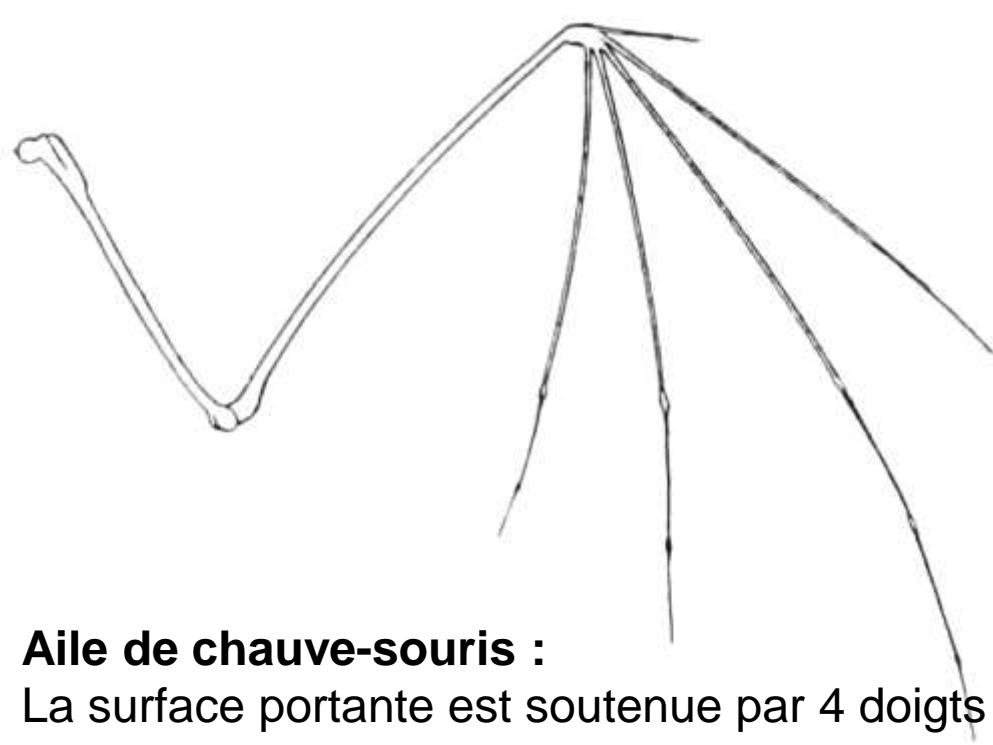
[https://fr.wikipedia.org/wiki/Membre\\_chiridien](https://fr.wikipedia.org/wiki/Membre_chiridien)



# Exemple de phénogramme construit avec Génigen2



# Exemple d'homoplasie : l'aile, convergence évolutive de structure et de fonction

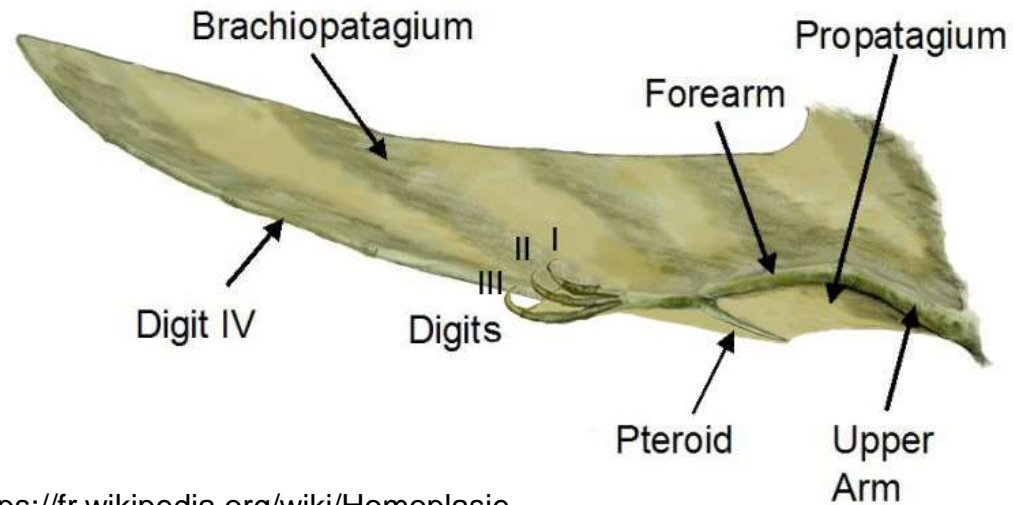


## Aile de chauve-souris :

La surface portante est soutenue par 4 doigts

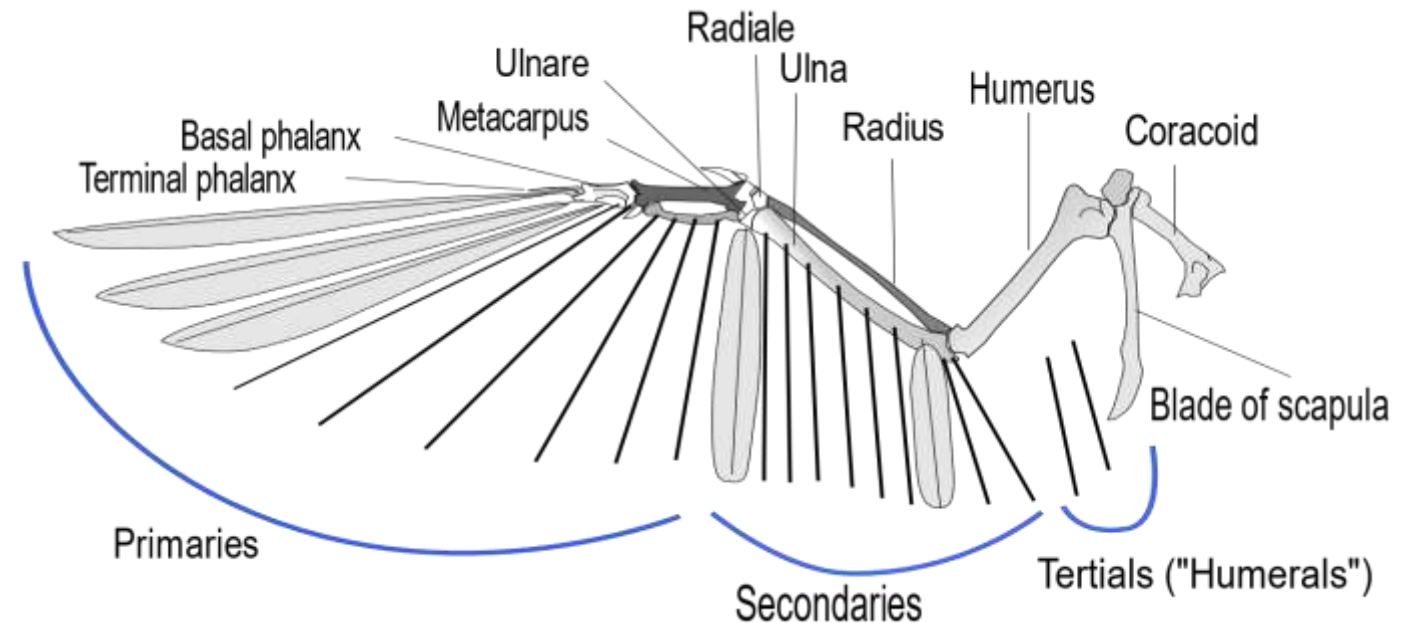
## Aile de ptérosaure :

La surface portante est soutenue par 1 seul doigt



## Aile d'oiseau :

la surface portante est constituée de plumes

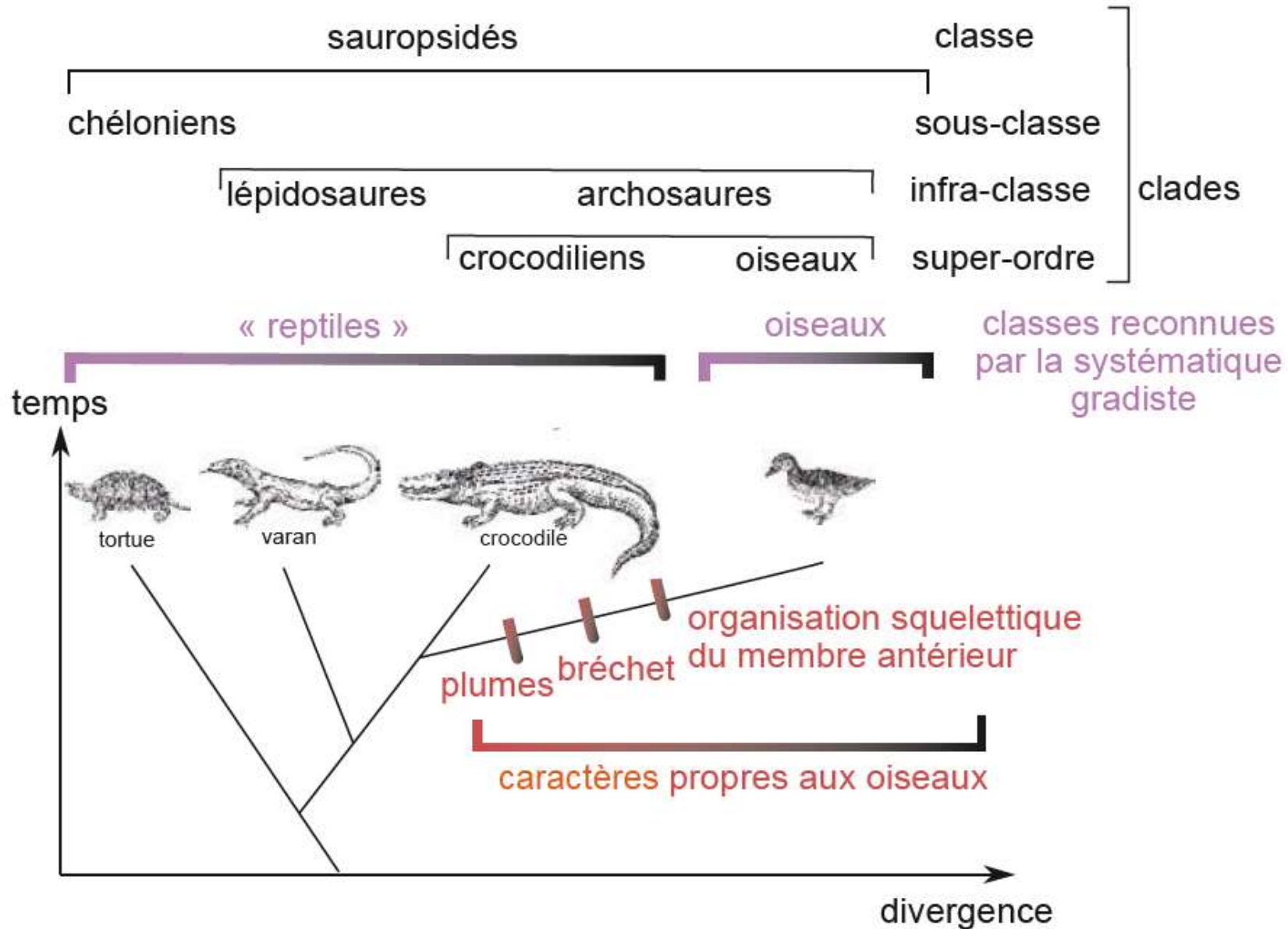




## Document 11. Diverses méthodes de construction des arbres.

	<b>Méthode du maximum de parcimonie</b>	<b>Méthode du maximum de vraisemblance</b>	<b>Méthode des distances Neighbor-Joining (NJ)</b>
<b>Principe</b>	Construire tous les arbres possibles	Proposer une valeur de vraisemblance (calcul de probabilité) à un arbre donné, en prenant en compte un modèle de transformation de séquences	Evaluer la distance séparant deux taxons en calculant le pourcentage de différences entre les nucléotides (méthode phénétique)
<b>Choix de l'arbre</b>	Le plus économe en transformations (principe de parcimonie)	Le plus probable (vraisemblance maximale)	Pas de choix : chaque consigne les distances mesurées
<b>Domaine d'application</b>	Tous les caractères (y compris moléculaires)	Caractères moléculaires	
<b>Avantages</b>	Consigne l'évolution des caractères dans l'ensemble de l'arbre Permet de distinguer convergence et homologie		
	Rapide	Fiable	Rapide Permet de traiter des arbres lourds
<b>Inconvénients</b>	Nécessite la construction d'un nombre élevé d'arbres	Tributaire de la qualité du modèle d'évolution Calculs souvent très longs	Ne permet pas de suivre l'évolution des caractères au sein de l'arbre

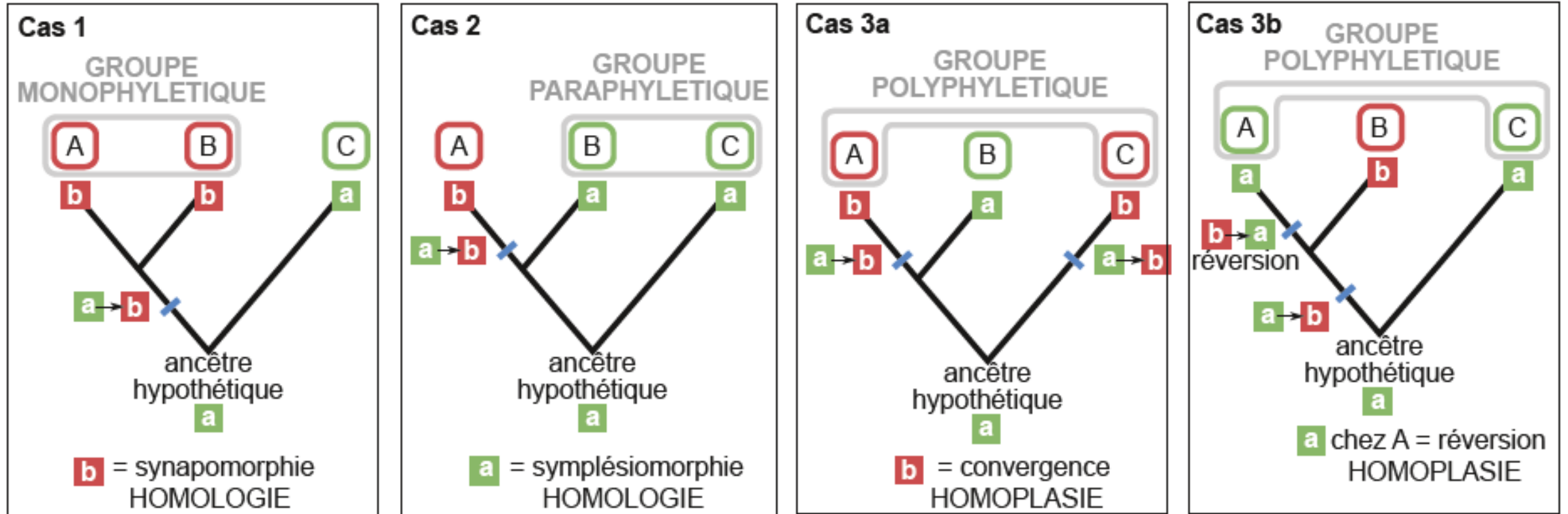
# Document 3. Classification gradiste et cladiste des sauropsidés.





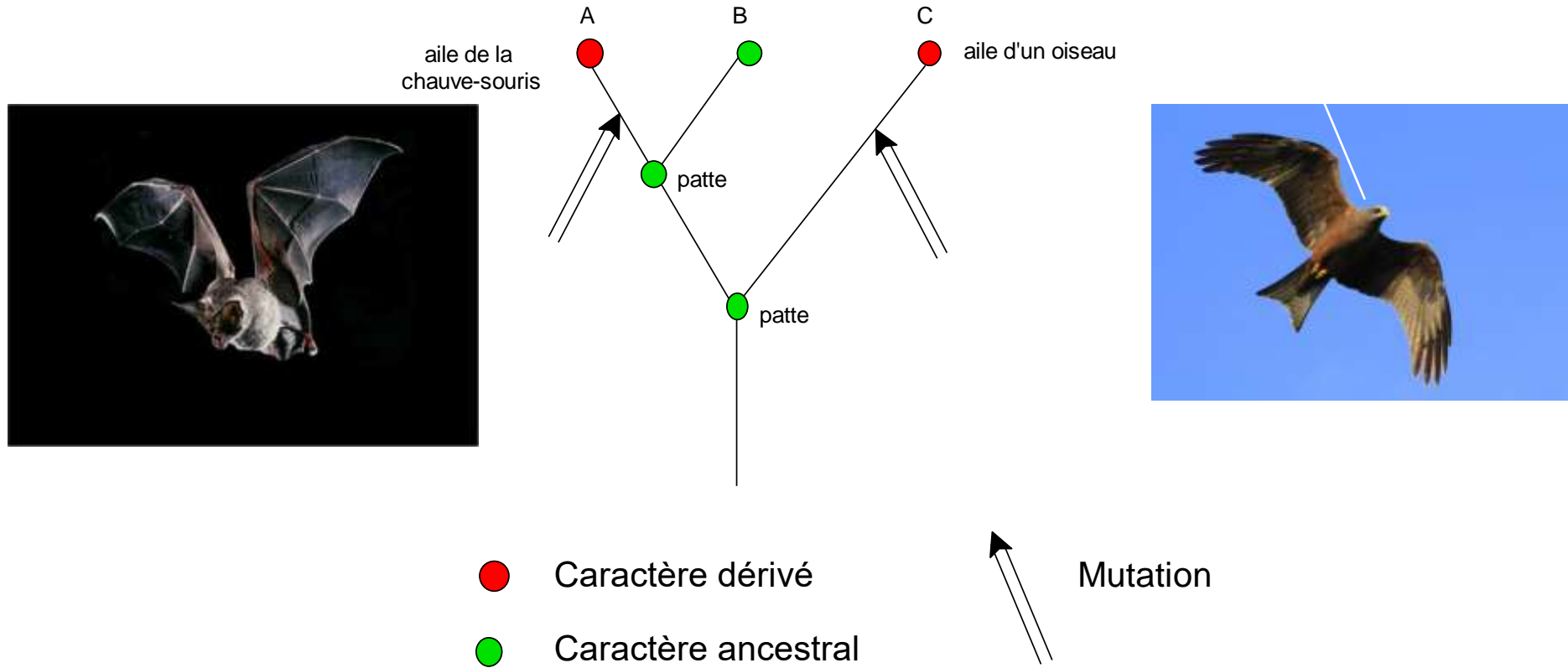
## Document 4. Différents types de ressemblances :

homologie secondaire (cas 1), homologie primaire (cas 2, état de symplésiomorphie) et homoplasies (cas 3a et 3b).



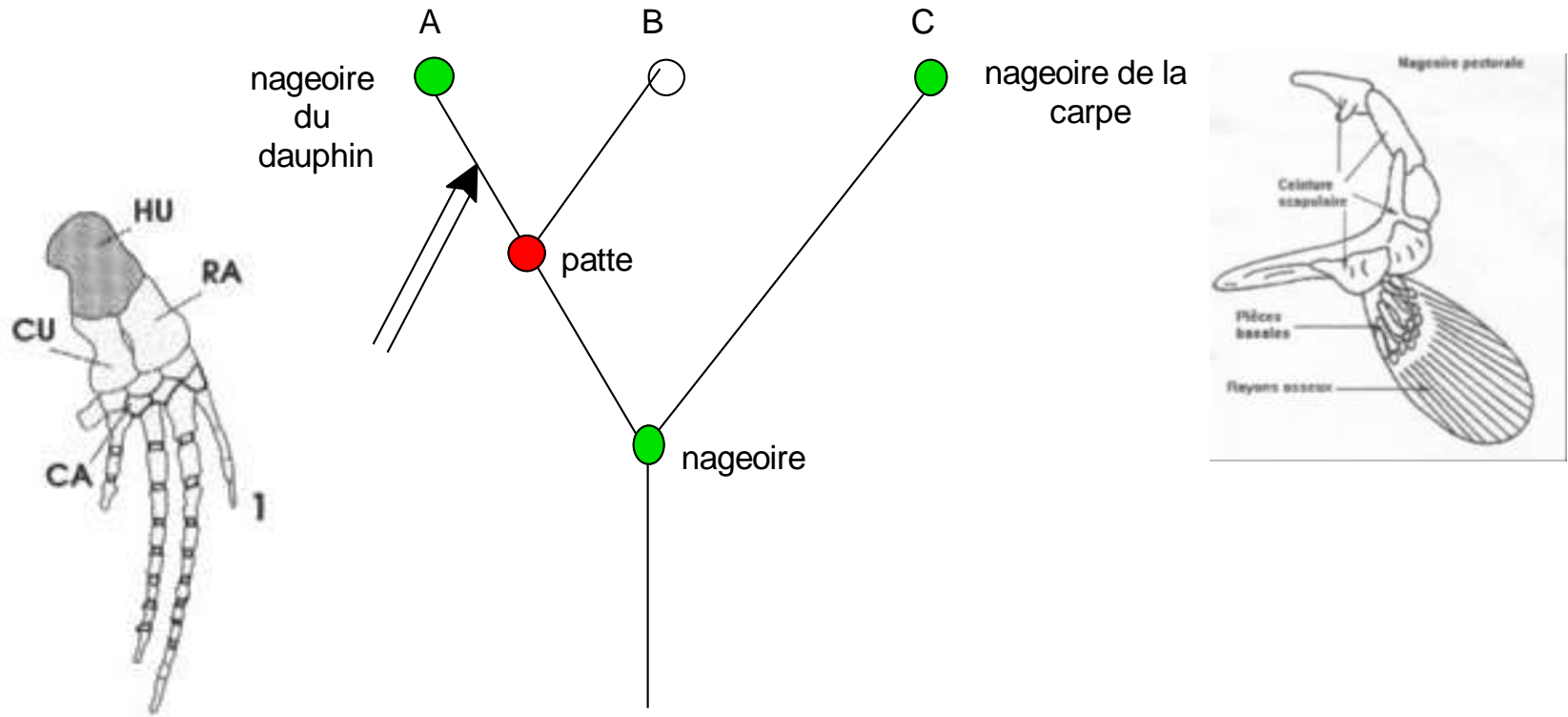
# Homoplasie par convergence

## Convergence



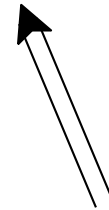


# Homoplasie par réversion



● Caractère dérivé

● Caractère ancestral



Réversion

Homoplasies chez les Embryophytes résultant d'une convergence adaptative



Disamare d'érable



Graine ailée de pin

## Structures homologues chez les Embryophytes



Fruit sec

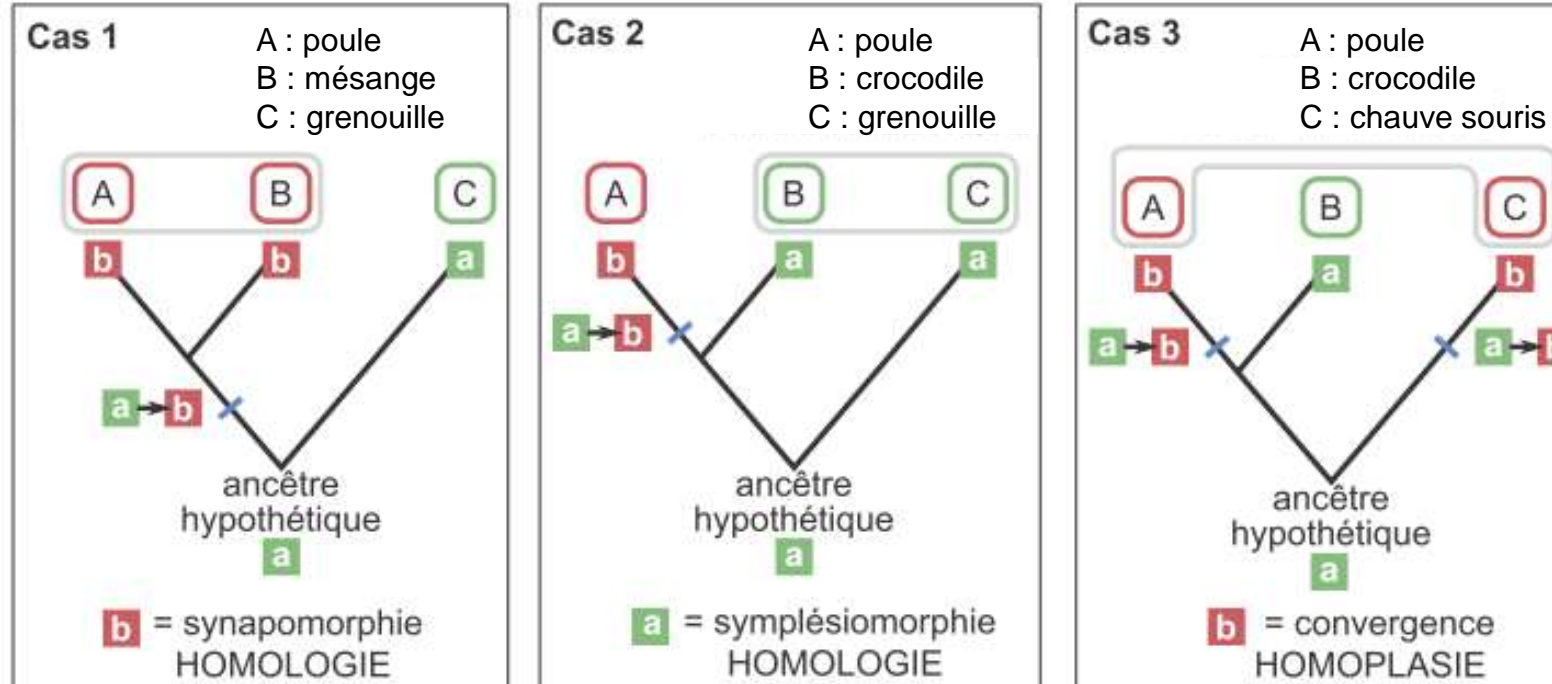


Fruit charnu



# - Analyses des ressemblances entre des taxons

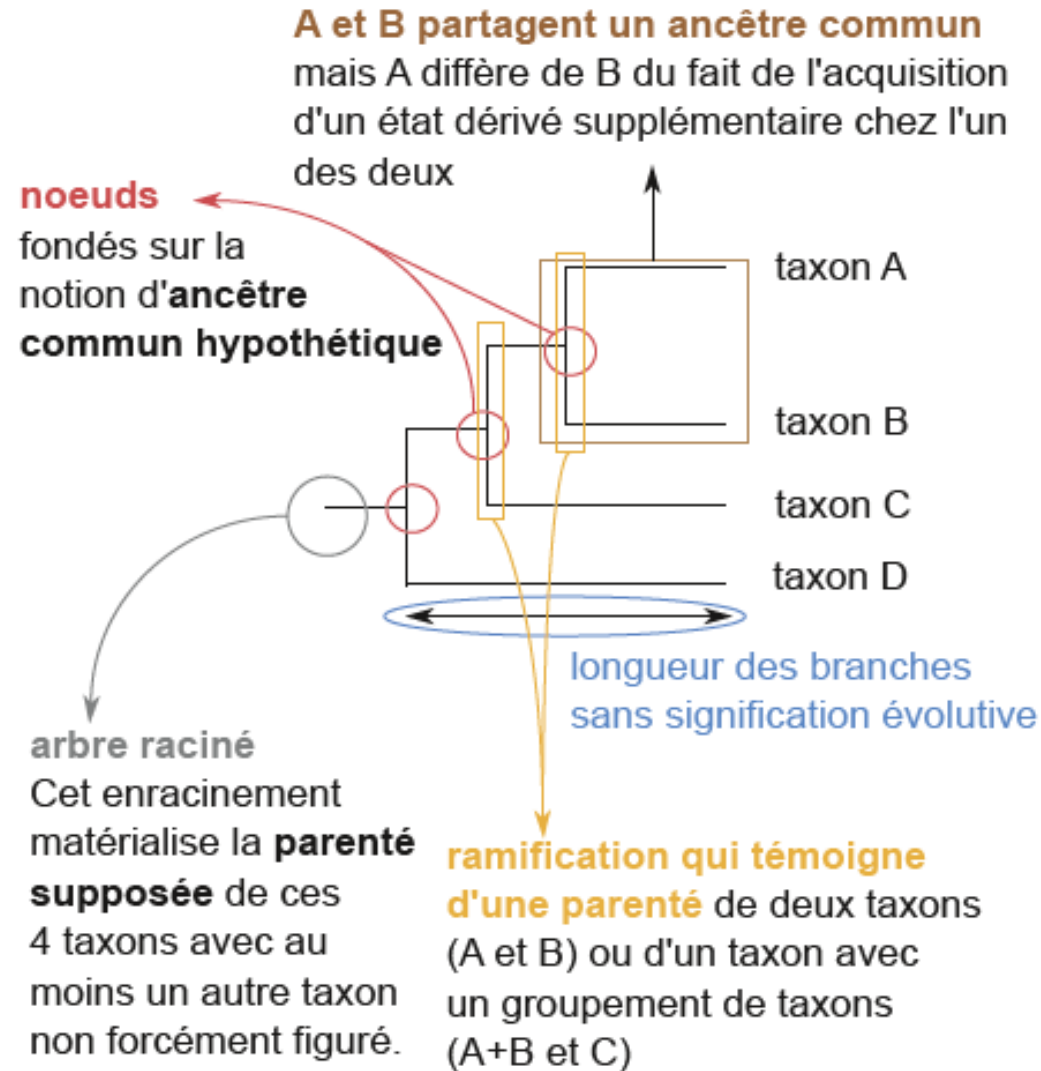
*Peycru P. & al. Biologie pour BCPST 2. Dunod 2014*



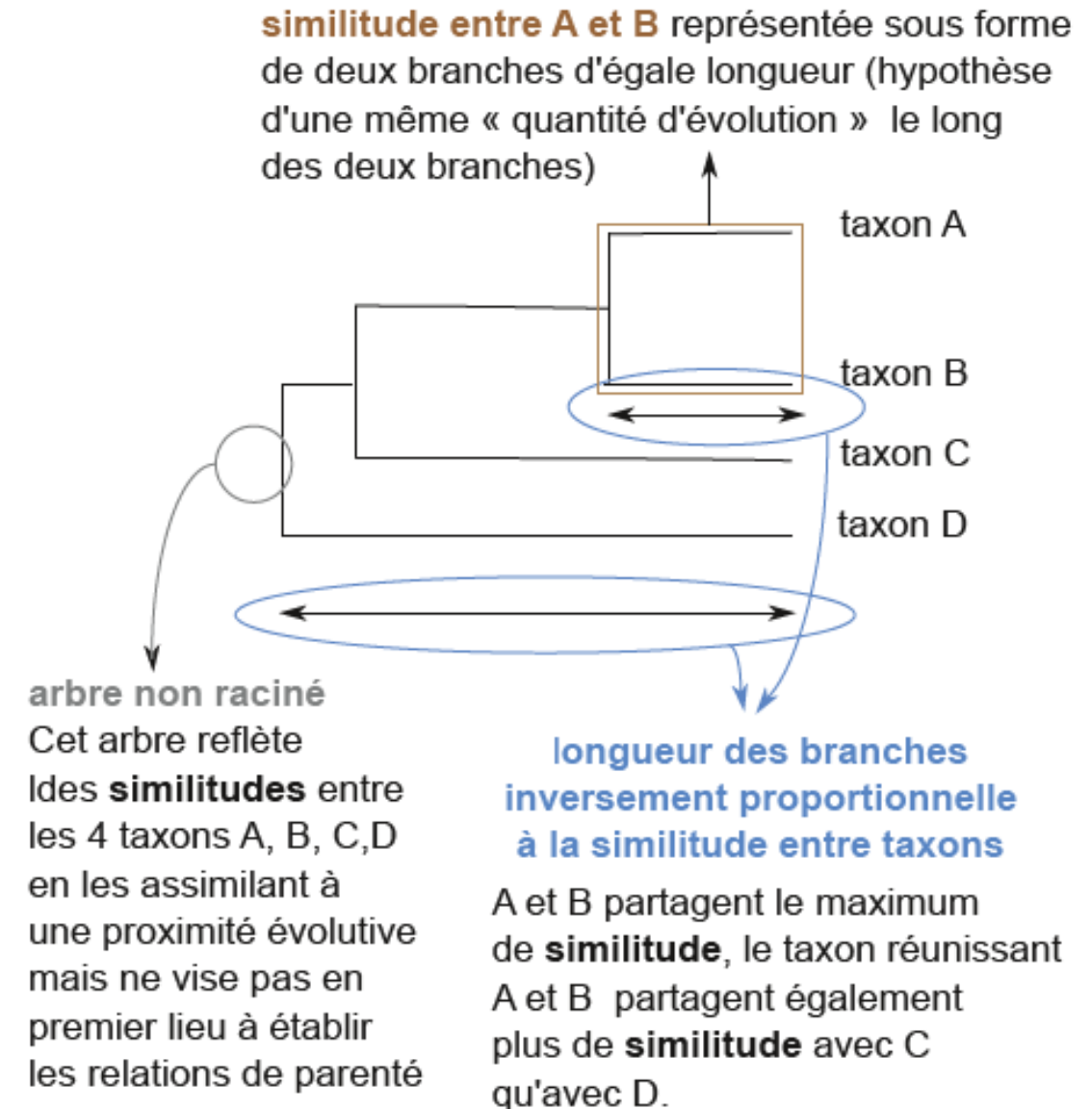
Homologie secondaire  
Condition nécessaire pour  
défini un clade

Identique pour le  
raisonnement  
biologique évolutionniste

# Document 5. Organisation comparée d'un cladogramme et d'un phénogramme.

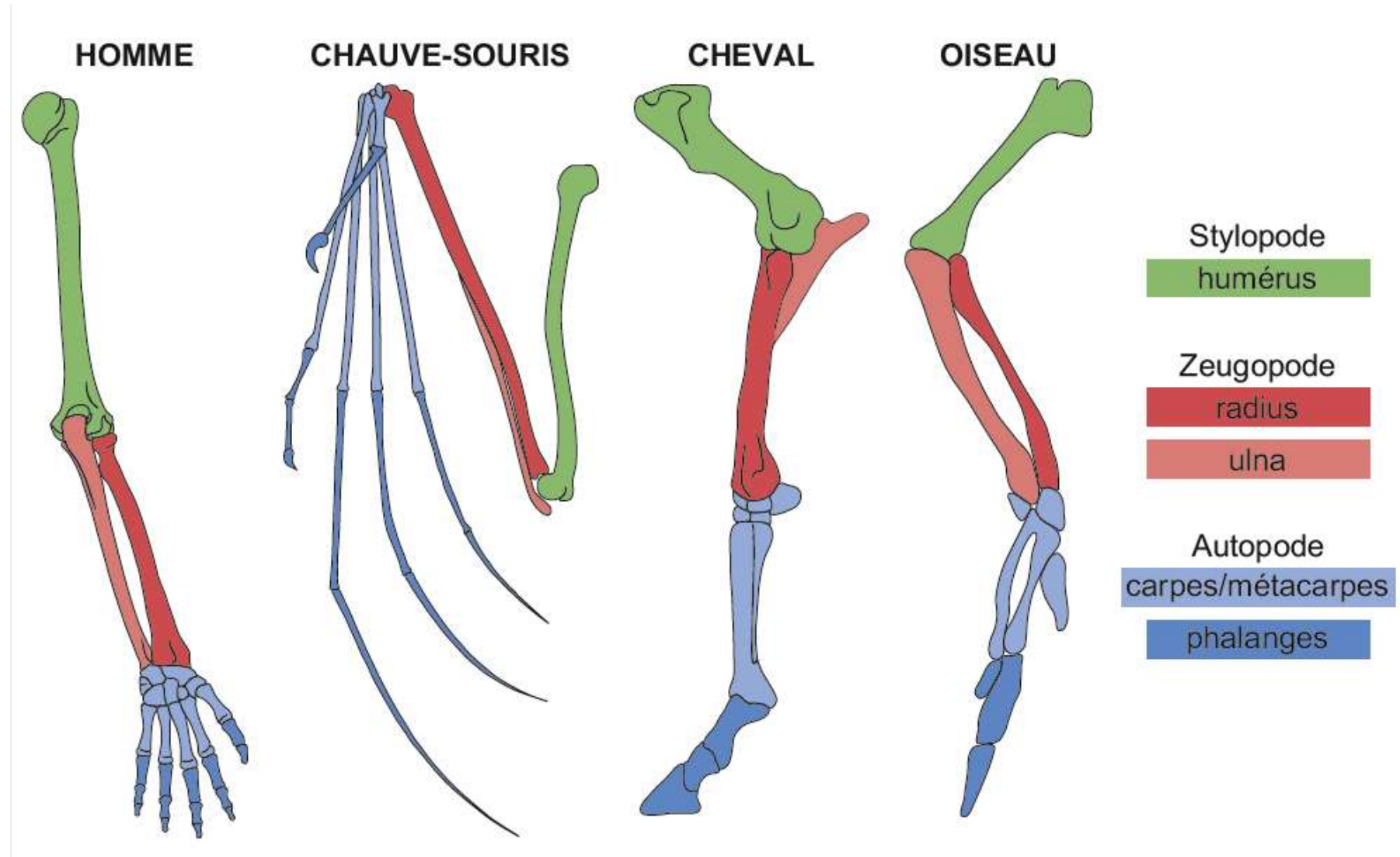


**CLADOGRAMME**



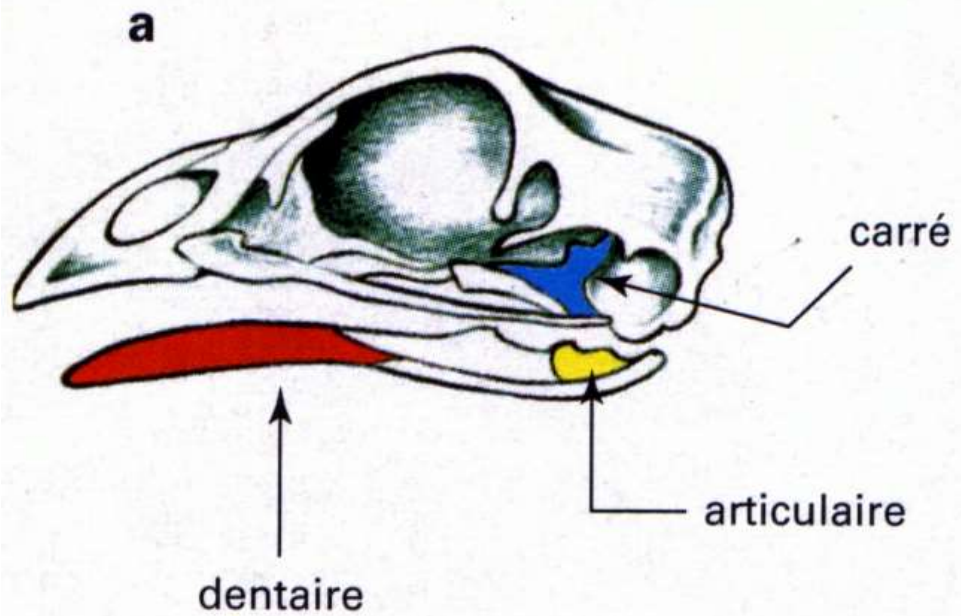
**PHÉNOGRAMME**

## Document 6. Le membre chiridien des vertébrés.



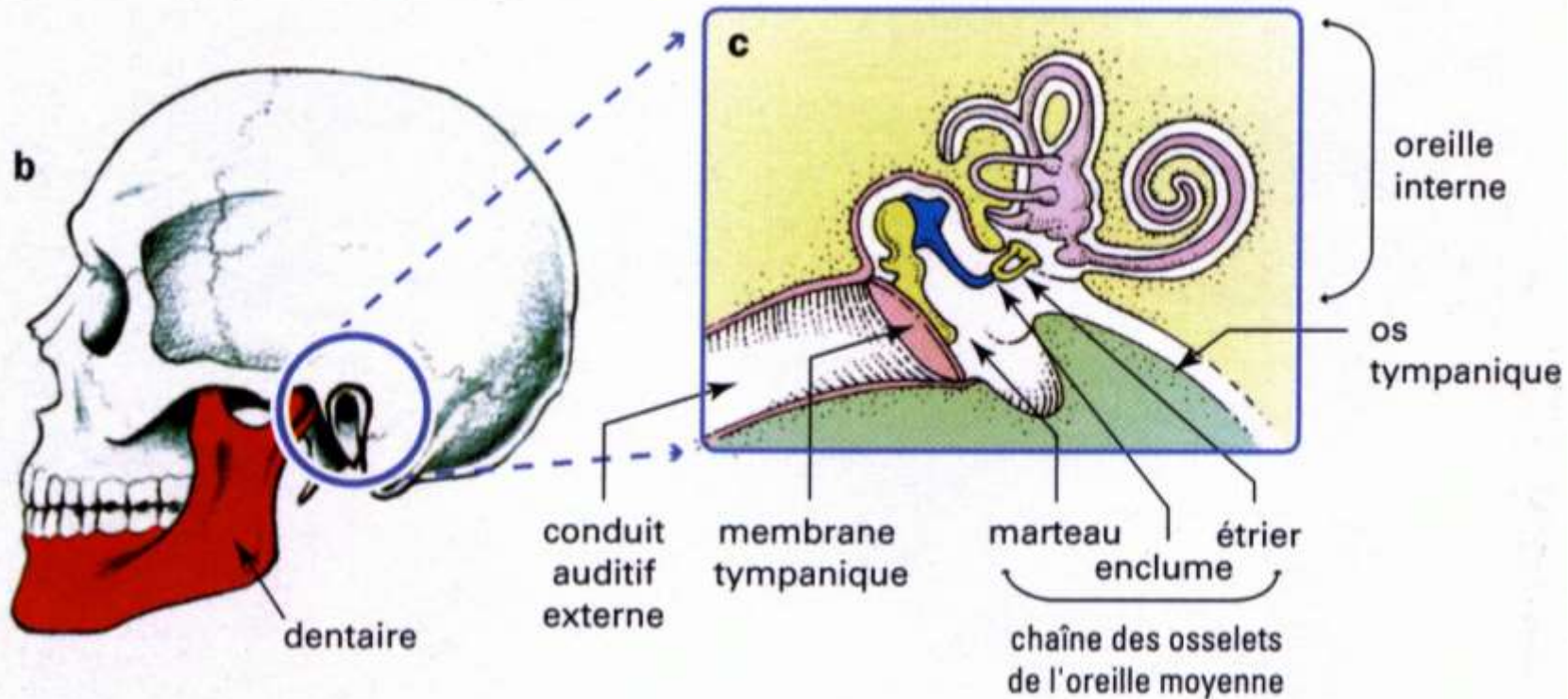
→ Principe de connexion anatomique





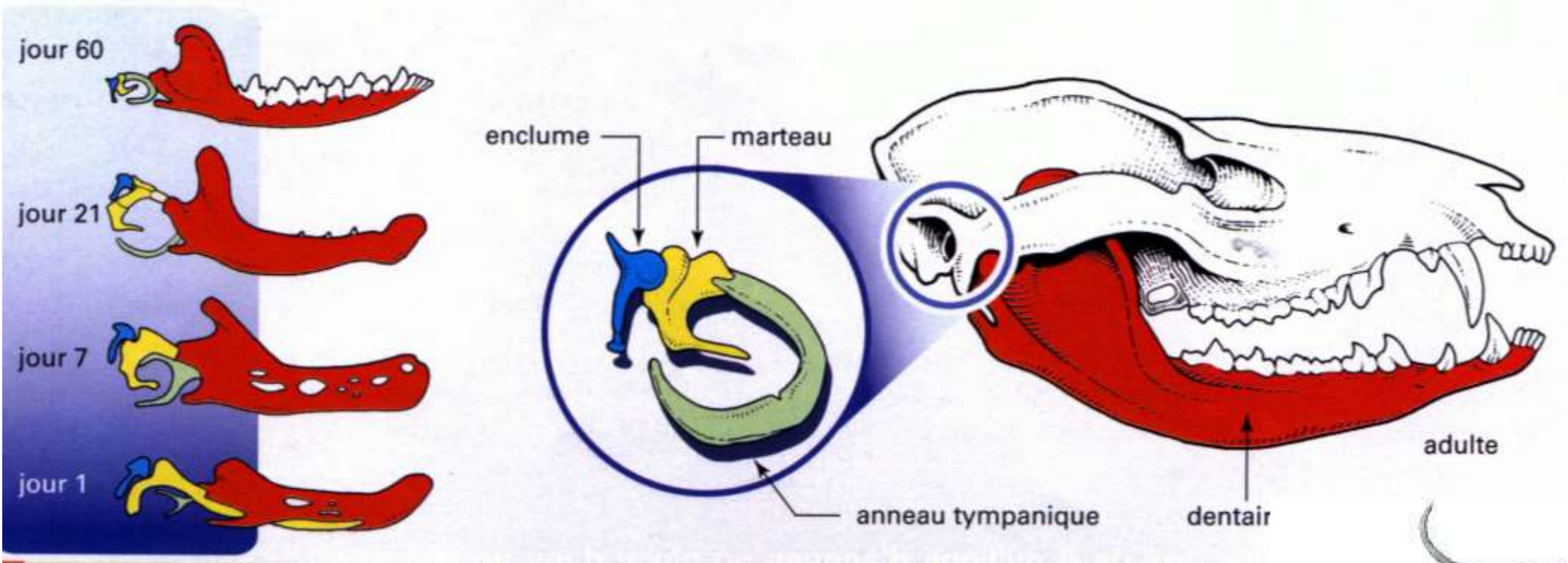
# Document 7. Comparaison de l'organisation de la mandibule chez les Mammifères et d'autres Vertébrés.

Manuel de T°S, Belin Ed., 2002.



# Développement de la mandibule d'un Mammifère marsupial, la Sarigue, et organisation de l'oreille moyenne chez l'adulte.

Manuel de T°S, Belin Ed., 2002.



→ Une origine embryologique commune

La Sarigue ou opossum est un petit Marsupial arboricole d'Amérique





# Changement d'affectation d'os entre la mandibule et l'oreille moyenne chez divers Vertébrés fossiles du Permo-Trias

## Les Thérapside (il y a 280 millions d'années)

Mâchoire constituée de plusieurs os  
Os mandibulaire large et long  
Premières dents spécialisées (canines)  
Articulation de la mâchoire formée par les os articulaire et carré

### Code de couleurs des os

 Articulaire	 Mandibule
 Carré	 Temporal



## Les premiers Cynodontes (il y a 260 millions d'années)

La mandibule est l'os le plus gros de la mâchoire inférieure  
Des dents à plusieurs cuspidés (pointes)  
Articulation de la mâchoire formée par les os articulaire et carré



## Les Cynodontes plus évolués (il y a 220 millions d'années)

Mâchoire inférieure constituée par l'os mandibulaire  
Dents présentant des cuspidés (pointes) à disposition complexe  
Deux articulations : entre os articulaire et os carré / entre mandibule et os temporal



## Les derniers Cynodontes (il y a 195 millions d'années)

Mâchoire inférieure constituée par l'os mandibulaire  
Une seule articulation : entre mandibule et os temporal  
Os articulaire et os carré sont localisés vers la région de l'oreille (invisible sur cette illustration) et ont une fonction de transmission des sons

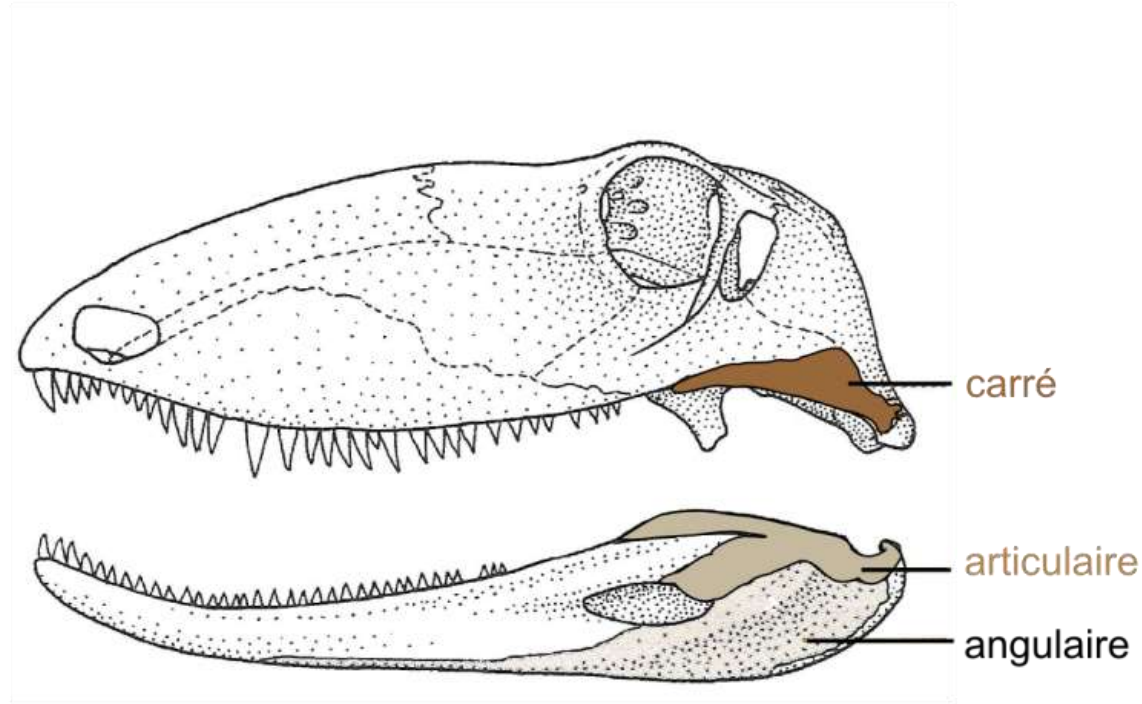


→ Des données paléontologiques

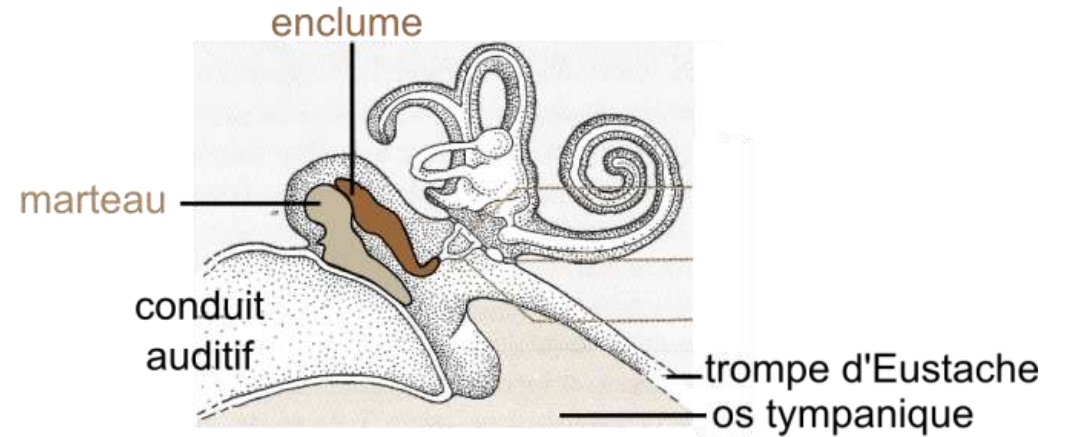


## - Les critères d'établissement d'une homologie primaire

Lecointre G. & Le Guyader H. Classification phylogénétique du vivant. Belin 2001 page 20



Ophiacodon



Mammifère

b) Homologie des os de l'oreille moyenne des Mammifères avec ceux de l'articulation de la mandibule d'autres Vertébrés

# → Des données moléculaires

## Histone H1 (residues 120-180)

HUMAN	KKASKPKKAASKAPT	KKPKATPVKKAKKK	LAATPKKAKKPKTVKAKPVKASKPKKAKPVK
CHIMP	KKASKPKKAASKAPT	KKPKATPVKKAKKK	LAATPKKAKKPKTVKAKPVKASKPKKAKPVK
MOUSE	KKAAPKKAASKAPS	KKPKATPVKKAKKK	PAATPKKAKKPKVVKVPVKASKPKKAKTVK
RAT	KKAAPKKAASKAPS	KKPKATPVKKAKKK	PAATPKKAKKPKIVKVPVKASKPKKAKPVK
COW	KKAAPKKAASKAPS	KKPKATPVKKAKKK	PAATPKKTKKPKTVKAKPVKASKPKKTKPVK
	*** :	***** :	***** : ***** ** . ***** : * **

NON-CONSERVED  
AMINO ACIDS

Conservative      Conservative      Non-conservative      Conservative      Non-conservative      Semi-conservative      Conservative      Non-conservative

Deux séquences nucléotidiques ou peptidiques sont homologues si plus de 20 % de leurs séquences alignées sont identiques

# Des conditions pour pouvoir utiliser un caractère dans une démarche cladistique :

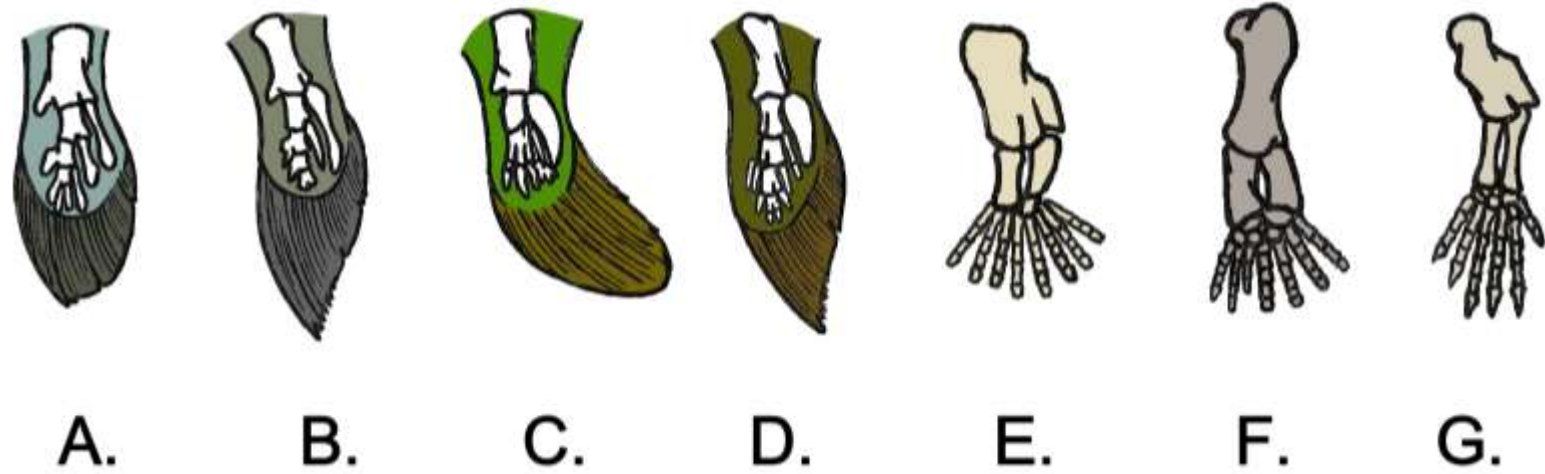
→ Exister sous au moins deux états

→ Être polarisable :

- État ancestral = plésiomorphie
- État dérivé = apomorphie

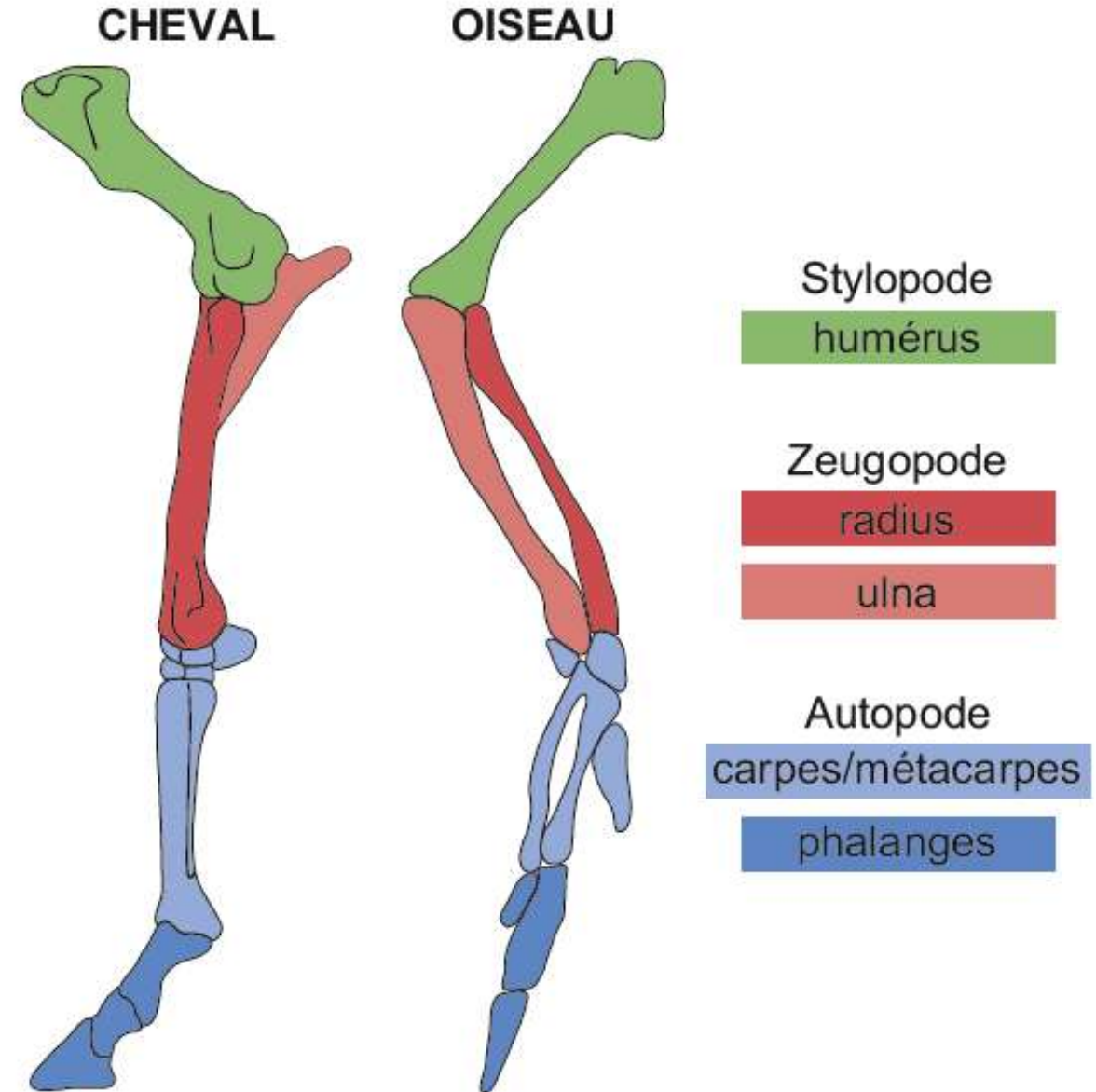
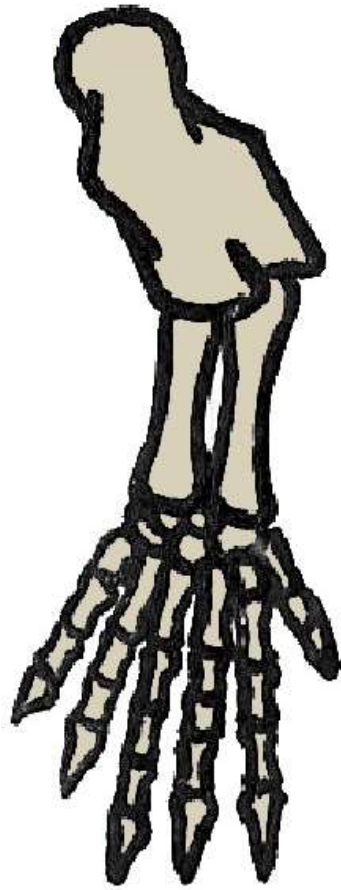
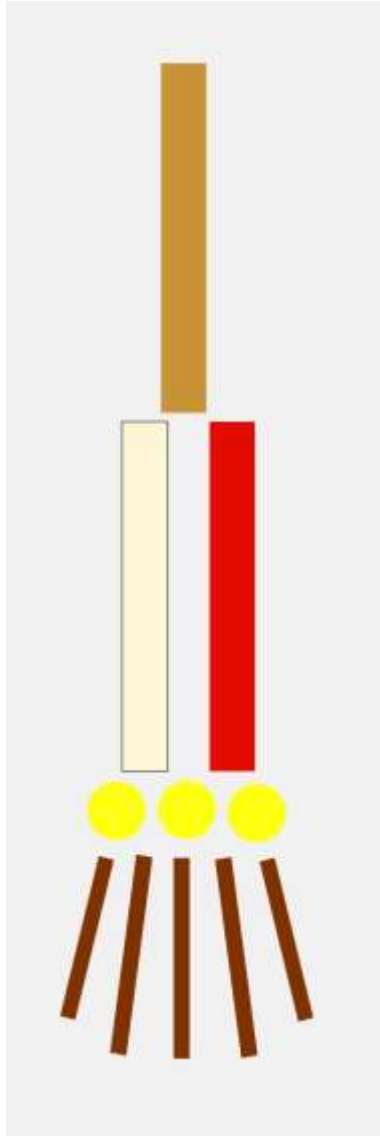


Homologie entre la structure de l'endosquelette ichtyen (pterygium) des vertébrés à membres charnus et celui de l'endosquelette chiridien (chiridium) des premiers tétrapodes



Le caractère « membres pairs » a deux états :	
État ancestral	État dérivé
2 paires de nageoires des poissons (9 et 10)	2 paires de pattes (lézard)

# Le membre chiridien : état ancestral et états dérivés



# Des conditions pour pouvoir utiliser un caractère dans une démarche cladistique :

→ Exister sous au moins deux états

→ Être polarisable :

- État ancestral = plésiomorphie
- État dérivé = apomorphie

→ Être suffisamment représenté sous ses deux états



# Document 8. Caractéristiques de quatre squamates.

		python	varan	<i>Leptotyphlops</i>	<i>Pachyrhachis</i>
A	<b>Corps allongé</b>	Oui	Oui	Oui	Oui
B	<b>Nb de vertèbres précloacales</b>	Plus de 140	Moins de 140	Plus de 140	Plus de 140
C	<b>Yeux</b>	Développés	Développés	Rudimentaires	Développés
D	<b>Nombre de foramens dentaires</b>	Au plus 2	Au moins 3	Au plus 2	Au plus 2
E	<b>Membres postérieurs</b>	Réduits ou absents	Développés	Réduits ou absents	Développés



**Document 9. Matrice taxons – caractères  
établie à partir du document 8.**

	<b>varan</b>	<b><i>Pachyrhachis</i></b>	<b>python</b>	<b><i>Leptotyphlops</i></b>
	0			
	0			
	0			
	0			
	0			

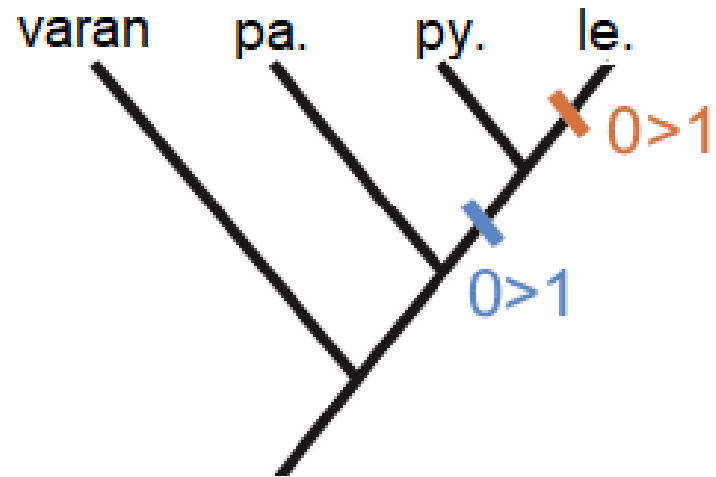
**Document 9. Matrice taxons – caractères  
établie à partir du document 8.**

	<b>varan</b>	<b><i>Pachyrhachis</i></b>	<b>python</b>	<b><i>Leptotyphlops</i></b>
<b>A</b>	0	0	0	0
<b>C</b>	0	0	0	1
<b>E</b>	0	0	1	1
<b>B</b>	0	1	1	1
<b>D</b>	0	1	1	1

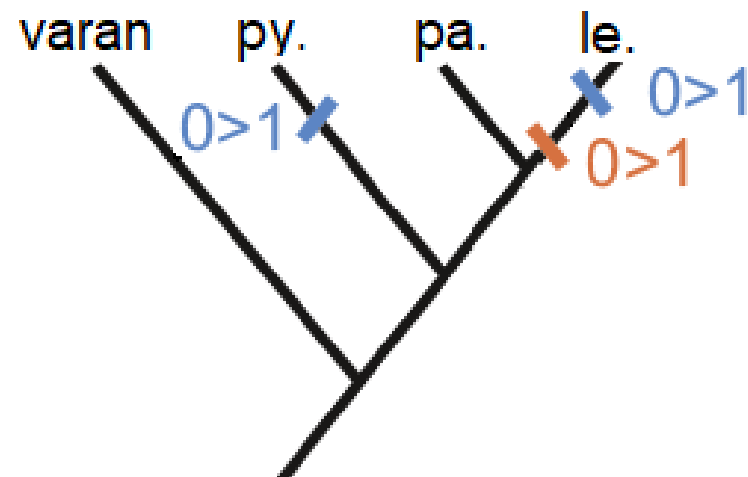


	varan	Pa.	Py.	Le.
C	0	0	0	1
E	0	0	1	1

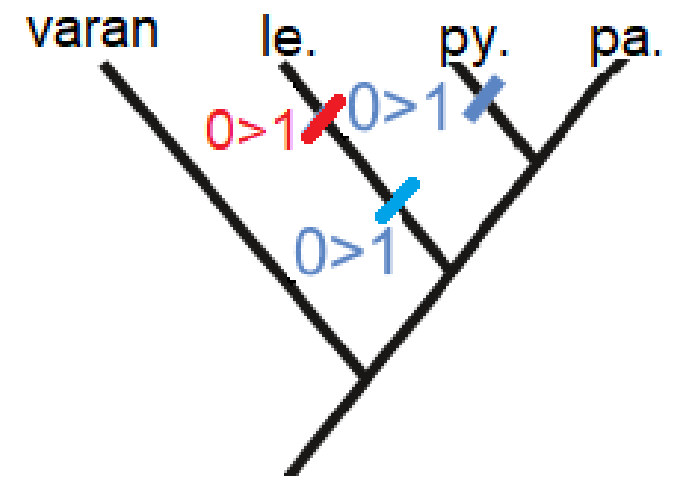
**Document 10. Matrice taxons – caractères simplifiée, arbres possibles et hypothèses correspondantes.**



arbre 1  
N = 2



arbre 2  
N = 3



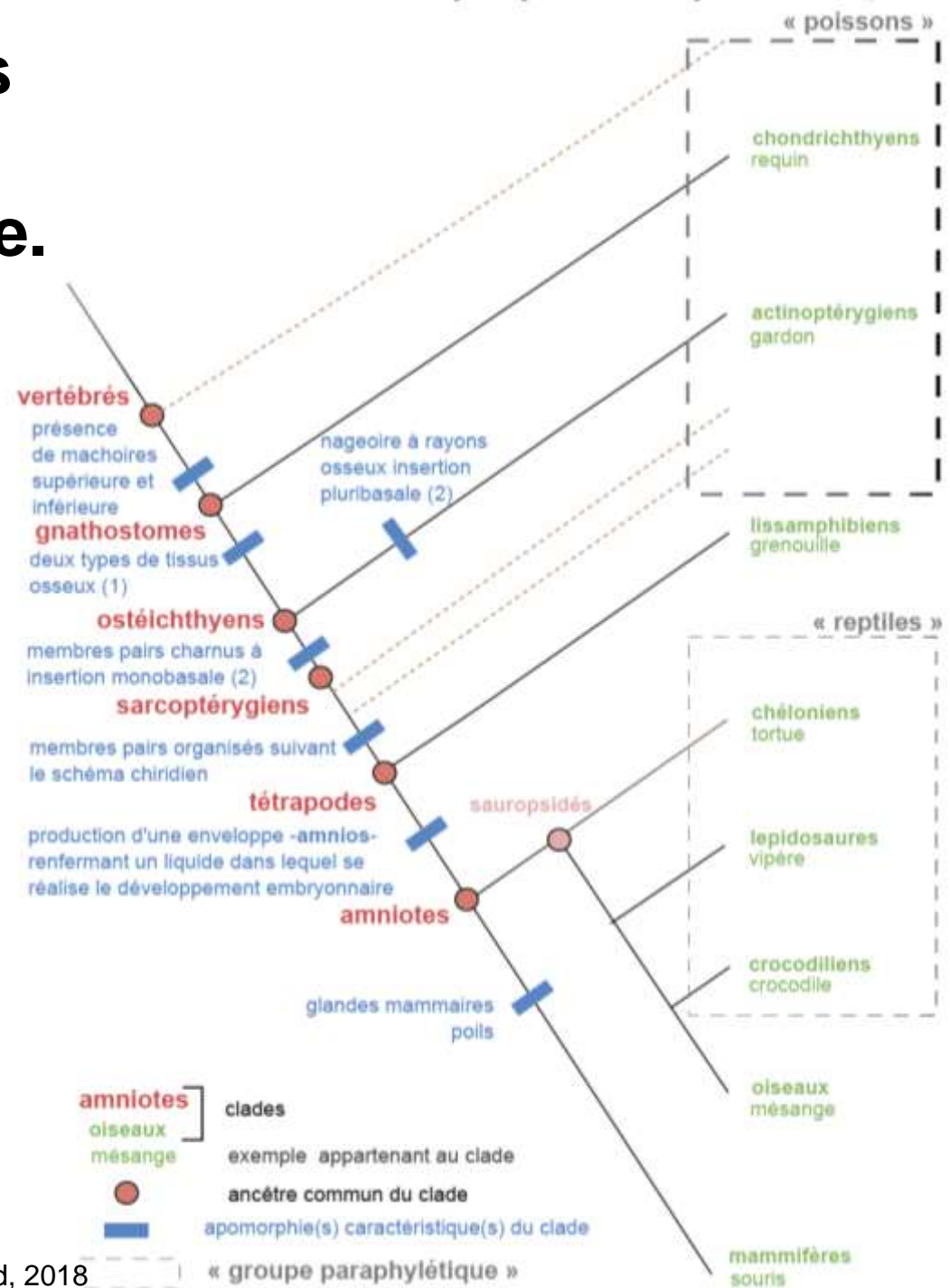
arbre 3  
N = 3

## Document 11. Diverses méthodes de construction des arbres.

	<b>Méthode du maximum de parcimonie</b>	<b>Méthode du maximum de vraisemblance</b>	<b>Méthode des distances Neighbor-Joining (NJ)</b>
<b>Principe</b>	Construire tous les arbres possibles	Proposer une valeur de vraisemblance (calcul de probabilité) à un arbre donné, en prenant en compte un modèle de transformation de séquences	Evaluer la distance séparant deux taxons en calculant le pourcentage de différences entre les nucléotides (méthode phénétique)
<b>Choix de l'arbre</b>	Le plus économe en transformations (principe de parcimonie)	Le plus probable (vraisemblance maximale)	Pas de choix : chaque consigne les distances mesurées
<b>Domaine d'application</b>	Tous les caractères (y compris moléculaires)	Caractères moléculaires	
<b>Avantages</b>	Consigne l'évolution des caractères dans l'ensemble de l'arbre Permet de distinguer convergence et homologie		
	Rapide	Fiable	Rapide Permet de traiter des arbres lourds
<b>Inconvénients</b>	Nécessite la construction d'un nombre élevé d'arbres	Tributaire de la qualité du modèle d'évolution Calculs souvent très longs	Ne permet pas de suivre l'évolution des caractères au sein de l'arbre

# Document 12. Cladogramme des vertébrés et apomorphies caractéristiques de chaque clade.

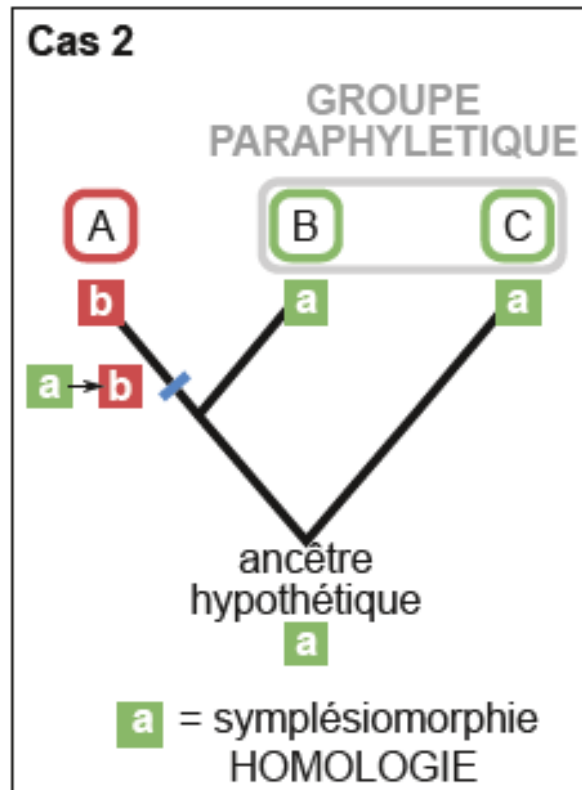
- (1) Les ostéichthyens se caractérisent par la présence de deux types de tissus osseux : l'os endochondral formé en substitution d'un tissu initial cartilagineux et l'os dermique formé directement à partir de cellules dermiques indifférenciées ;
- (2) suivant le nombre de pièces squelettiques qui insèrent le membre aux ceintures de l'animal, on distingue l'insertion monobasale des sarcoptérygiens et l'insertion pluribasale des actinoptérygiens.



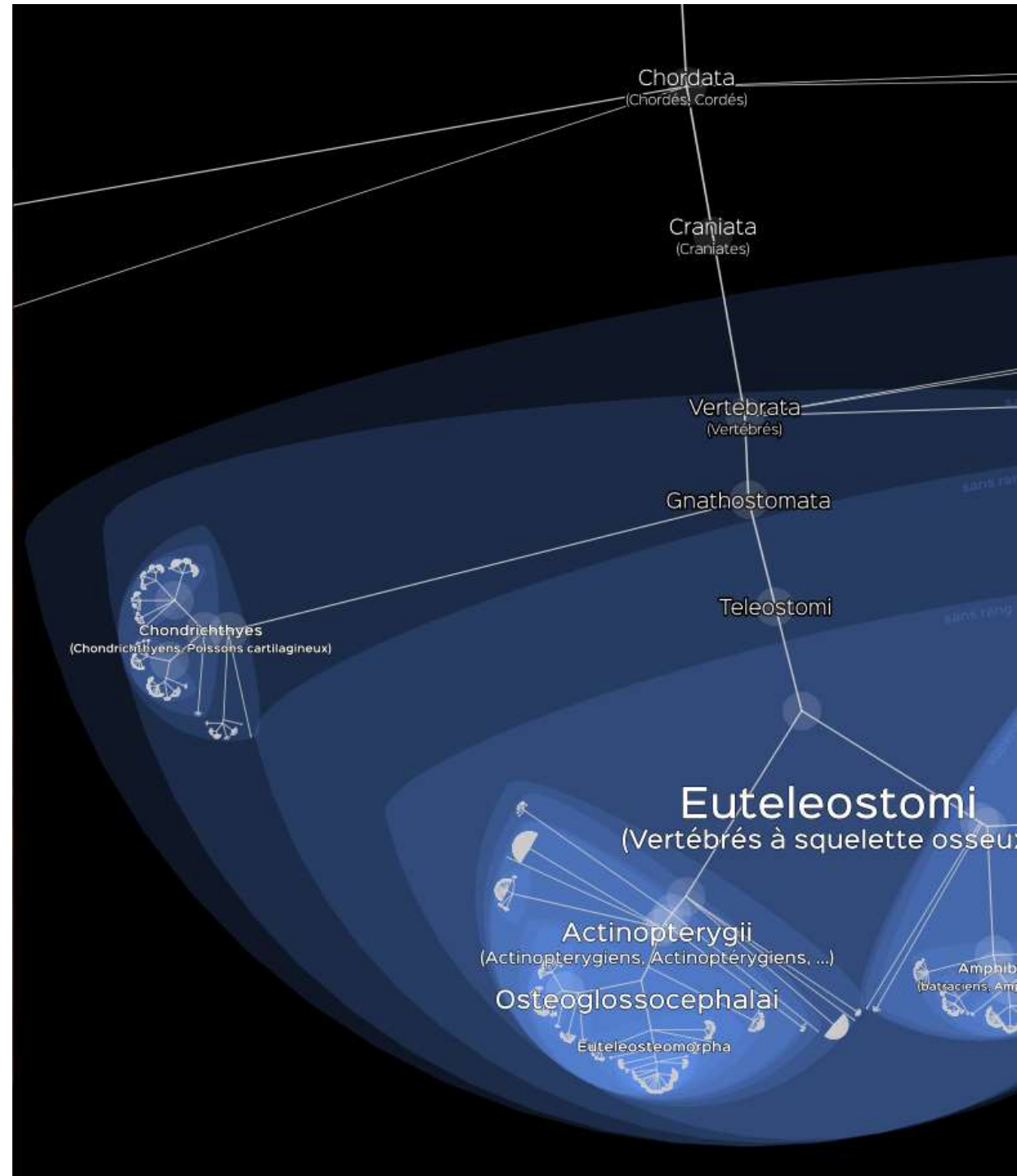


# Les poissons, groupe polyphylétique

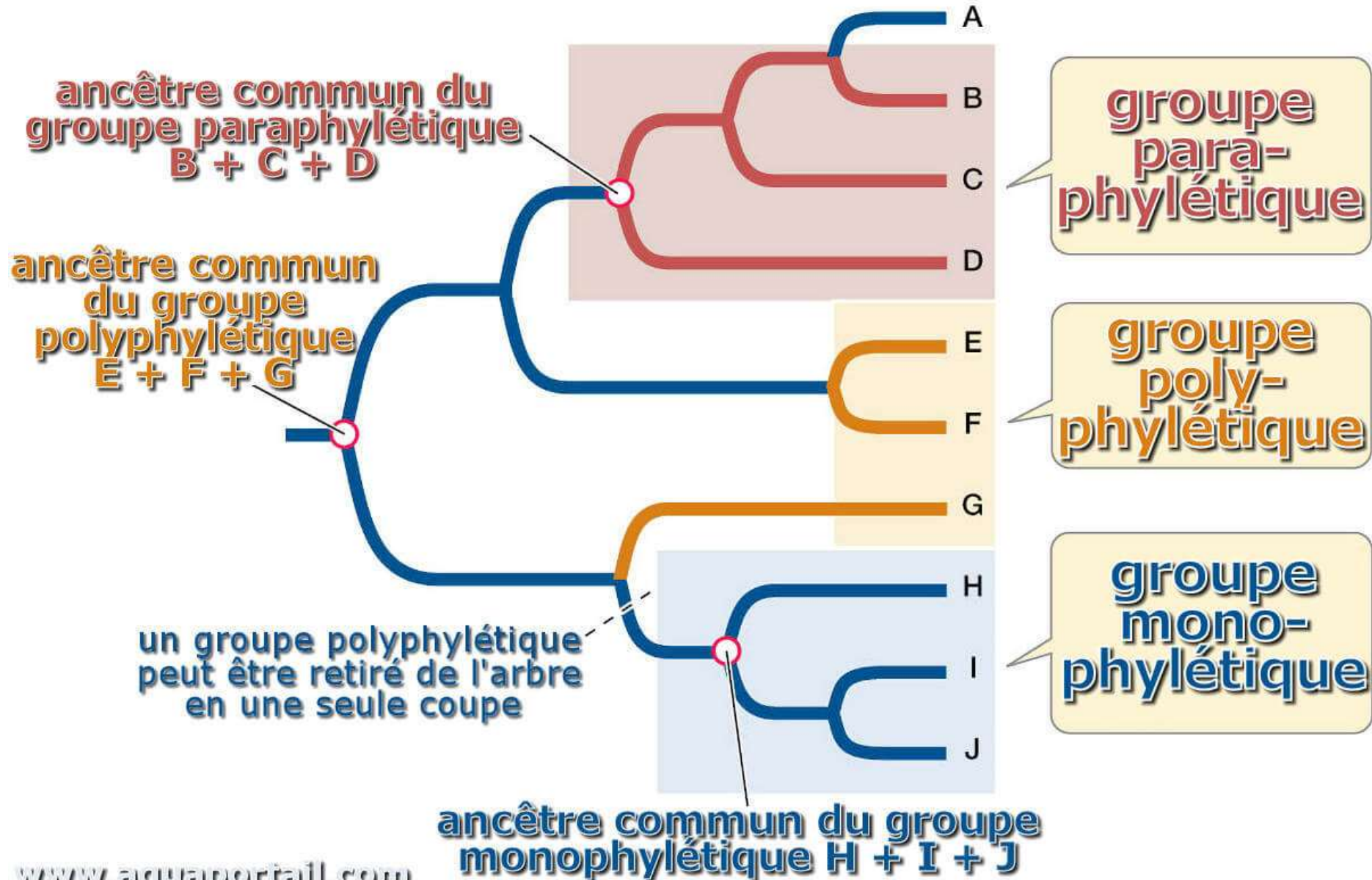
→ Les ressemblances globales relèvent de symplésiomorphies



<https://lifemap-fr.univ-lyon1.fr/>



# Document 13. Les différents groupes d'espèces.



## Document 4. Différents types de ressemblances :

homologie secondaire (cas 1), homologie primaire (cas 2, état de symplésiomorphie) et homoplasies (cas 3a et 3b).

