

## Phylogénèse et l'arbre de la Vie

**Systématique** classifie les organismes et établit les caractéristiques propres à chaque groupe.

**Taxonomie** classification et désignation des organismes.

**Homologie** ressemblance attribuée à un ancêtre commun.

**Caractère ancestral (ou dérivé)** spécificité exclusive à un groupe d'espèces

Certaines caractéristiques que partagent tous les êtres vivants suggèrent une origine commune à la Vie. La diversité des formes, des tailles, des organisations sont le résultat de l'accumulation de petites modifications apparues spontanément chez certains individus et leur ayant permis de laisser plus de descendants dans un milieu donné. L'évolution se présente comme un processus graduel à la fois continu et discontinu.

On reconstitue l'histoire évolutive du vivant en supposant que plus deux espèces se ressemblent, plus la probabilité qu'elles sont divergées récemment. Cependant, certains caractères dit analogues sont le résultat d'une convergence évolutive.

### Les arbres phylogénétiques

Les arbres phylogénétiques sont une représentation des relations de parenté entre les espèces en fonction du temps. Ils sont construits suivant deux principes :

- Parcimonie maximale (le moins de données possible).
- Probabilité (le plus probable).

L'arbre retenu est celui qui minimise le nombre de changements génétiques et le nombre de caractères dérivés.

Cela s'appuie sur l'hypothèse que, comme les êtres vivants sont apparentés, il est plus probable qu'un caractère présent chez plusieurs

espèces soit apparu une seule fois chez un ancêtre commun et est été transmis à la descendance.

Rmq : Tous les caractères ne sont pas soumis au même rythme d'évolution.

Le séquençage de l'ADN a fourni un nouveau moyen pour établir les arbres phylogénétiques. La comparaison des génomes a permis de :

- corroborer et de redéfinir la parenté entre certains groupes d'êtres vivants
- d'élargir l'étude de la parenté à :

	Des individus de la même espèce	Des espèces ayant divergées très tôt dans l'évolution
Type de séquence d'ADN	Qui évolue vite	« stable »
Exemple	ADN mitochondrie	Séquences qui codent les ribosomes

**Famille de gènes** groupe de gènes ayant une origine commune à l'intérieur d'un génome.

### Les gènes homologues

Il existe de 2 types de gènes homologues :

- Orthologie, présent chez des espèces différentes.
- Paralogie, gènes issus de la duplication d'un gène. Ils forment un groupe de gènes apparentés.

*Exemple : les récepteurs olfactifs sont issus de la duplication d'un gène et de la mutation des différentes copies. La structure des récepteurs a été modifiée les rendant sensibles à d'autres types de molécules.*

Rmq : Des lignées qui ont divergé il y a longtemps, peuvent partager de nombreux gènes orthologues.

*Exemple* : le dernier ancêtre commun aux souris et aux hommes vivait il y a 65 millions d'années pourtant 99% de nos gènes sont orthologues.

Le nombre de gènes produit par duplication n'est pas suffisant pour expliquer la complexité phénotypique d'un organisme.

*Exemple* : l'Homme ne possède que 4 fois plus de gènes que les levures.  
La différence Un gène est capable de coder de multiples protéines.

**Polyvalence génomique** capacité d'un gène a codé plusieurs protéines.

### **Horloge molécule**

L'horloge moléculaire est une méthode permettant de dater les ancêtres communs disparus dont aucun fossile n'a été retrouvé.

Pour déterminer la date du dernier ancêtre commun c'est-à-dire celle de la séparation de deux espèces, on suppose que la vitesse moyenne de mutations pour une séquence d'ADN est constante. La date du dernier ancêtre commun est alors proportionnel au nombre de substitutions entre les deux génomes.

Rmq : Lorsque cela est possible, on vérifie que les résultats obtenus corroborent aux relevés géologiques.

### **Théorie de la neutralité**

La régularité de l'apparition des mutations serait dû au fait que la majorité des changements de bases n'ont eu que peu d'effets sur la valeur adaptative des individus qui les possèdent c'est-à-dire qu'elles ne procureraient pas d'avantages ou désavantage. Elle se seraient alors répandu par dérive génétique dans la population.

Cela serait vrai notamment sur les séquences d'ADN d'une importance secondaire comme celles qui ne codent pas pour des protéines.