# Phylogenèse et l’arbre de la Vie

Systématique classifier les organismes et établir des caractéristiques.

Les êtres vivants à cause d’un ancêtre commun partagent des caractéristiques.

Taxonomie classification et désignation des organismes.

Homologie ressemblance attribuée à un ancêtre commun.

Caractère ancestral (ou dérivé) spécificité exclusive à un groupe d’espèces apparu chez un ancêtre commun.

Regroupé

Il faut se méfier des caractères analogues.

### Les arbres phylogénétiques

Les arbres phylogénétiques 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 génotypiques 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 soit apparu une seul fois chez par un ancêtre commun soit transmis à la descendance.

Différent rythme d’évolution

on utilise généralement la comparaison du génome.

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | Des individus de la même espèce | Des espèces ayant divergées très 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

2 types de gènes homologues

* Orthologie présent chez des espèces différentes.
* Paralogue gènes issus de la duplication du même gène même groupe les versions du gène ont mutées.

*Exemple :* les récepteurs olfactifs qui réagissent à une odeur spécifique sont issus d’un même gène qui a été dupliqué. À la suite de petites mutations sur les différentes versions des copies, les récepteurs ont réagi à de nouvelles odeurs qui sont apparus ont généré des différences dans une diversité de récepteurs font que l’on est sensible à une grande gamme d’odeurs.

Des lignées qui ont divergé il y a longtemps, peuvent avoir 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 :* un homme possède 4 fois plus de gènes que les levures.

Un gène est capable de coder de multiples protéines.

Polyvalence génomique

### Horloge molécule

L’horloge moléculaire est une méthode permettant de dater les ancêtres communs disparu dont on n’a pas retrouvé de fossile.

Pour déterminer la date de la , on suppose que la vitesse moyenne de mutations pour une séquence d’ADN est constante.

Nombre de substitutions est proportionnel au temps écoulé.

### Théorie de la neutralité

La régularité de l’apparition des mutations serait dû au fait que la majorité des changements de bases ont que peu d’effets sur la valeur adaptative c’est-à-dire qu’elles ne procurerait pas d’avantages ou désavantage à l’individu qui les possèdent. Elle se répandent par dérive génétique.

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

Calibrer avec les données géologiques.