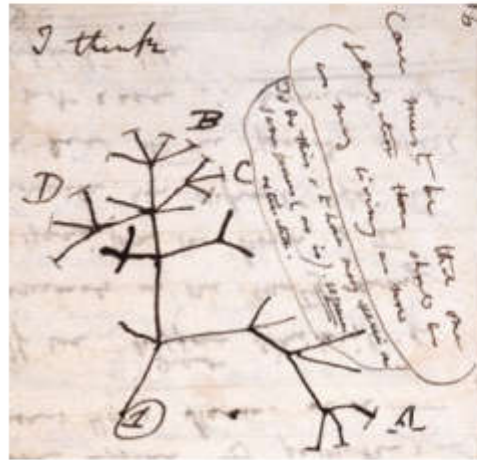
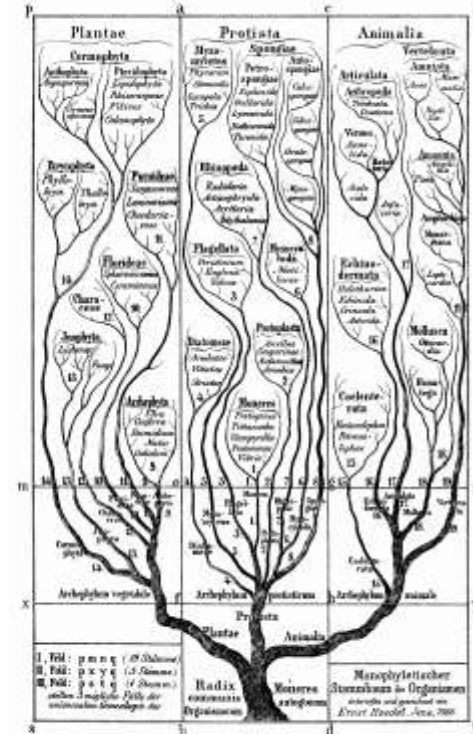


INITIATION À LA PHYLOGÉNIE MOLÉCULAIRE



Darwin, 1837



Haeckel, 1866

phylogénie = taxonomie + évolution

1. Introduction

-La phylogénie correspond à l'étude des relations d'évolution entre des groupes d'organismes (espèces, populations). Ce qui permet retracer les principales étapes de l'évolution des organismes depuis un ancêtre commun et ainsi de classifier plus précisément les relations de parentés entre les êtres vivants.

-La taxonomie c'est la discipline qui consiste à classifier, identifier et nommer les organismes. Ceci est Basé sur les caractéristiques communes des espèces.

2. Les données de la phylogénie

2.1. Données phénotypique

Correspondent aux caractères observables (aux différents états : morphologiques, biochimiques et physiologiques) patterns binaires (de type présence d'un caractère donné / absence de ce même caractère) . Exemple:

matrice de caractères

	1. Sacs aériens	2. Appendices pairs	3. Mandibule	4. Glandes mammaires	5. Ailes	6. Dents	7. Colonne vertébrale
Truite	0	0	0	0	0	0	0
Chauve-souris	1	1	1	1	1	0	0
Homme	1	1	1	1	0	0	0
Pigeon	1	1	0	0	1	1	0

2.2. Données moléculaires

Ce sont des marqueurs le plus souvent des séquences particulières de gènes (d'ARNm, RFLPs, Microsatellites, SNPs, ITS).

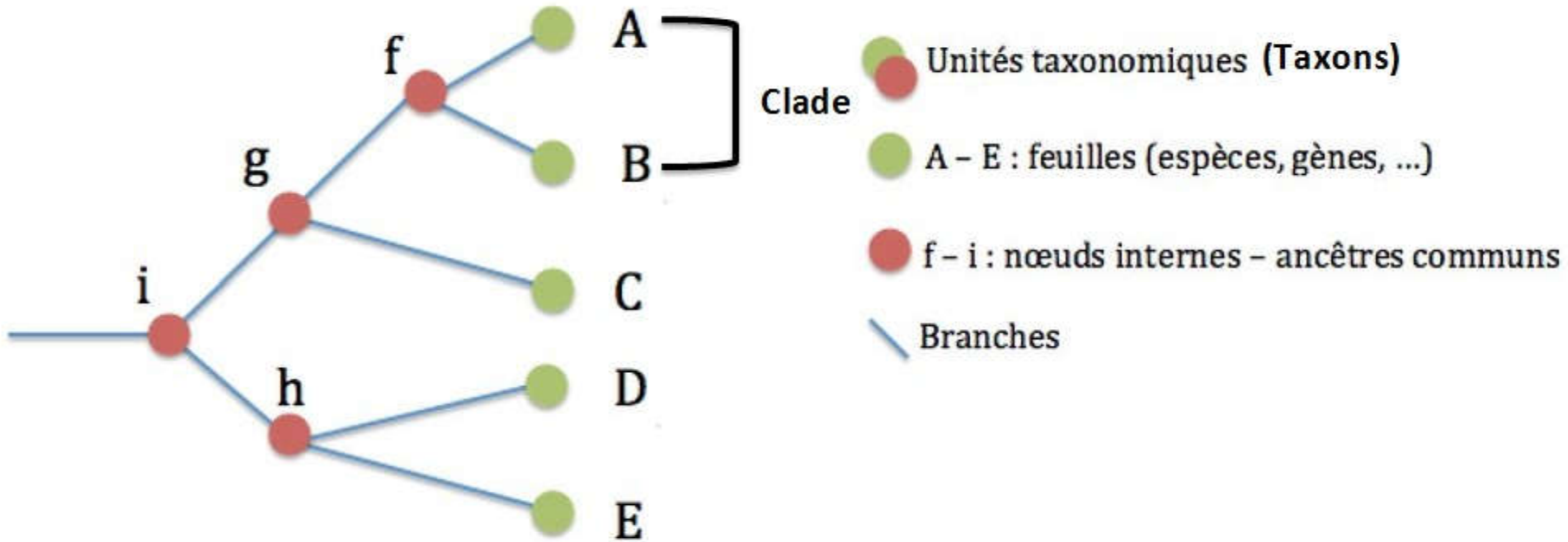
alignement multiple de séquences *homologues*

goshawk	GALS	KLSD	LHAQ	KLRV	DPVN	FKLL	GQC	FLVV	VAIH	HP	SVLT	PEV	HASL	DKFL	CAVG	NVLT	TAKY	R		
vulture	GALS	KLSD	LHAQ	KLRV	DPVN	FKLL	GQC	FLVV	VAIH	HP	SVLT	PEV	HASL	DKFL	CAVG	NVLT	TAKY	R		
duck	GALS	KLSD	LHAQ	KLRV	DPVN	FKFL	GHC	FLVV	VAIH	HP	PAALT	PEV	HASL	DKFM	CAVG	AVLT	TAKY	R		
alligator	GALC	RSEL	HAHS	LRVD	DPVN	FKFL	AHC	VLVV	FAIH	HP	SALS	PEI	HASL	DKFL	CAV	SAVLT	SKY	R		
lesser	GALS	S	DLHA	H	KLRV	DPVN	FKLL	SH	CLLV	T	LACH	HP	AEFT	PAV	HASL	DKFF	SAV	STVLT	SKY	R
giant	GALS	S	DLHA	H	KLRV	DPVN	FKLL	SH	CLLV	T	LASH	HP	AEFT	PAV	HASL	DKFF	SAV	STVLT	SKY	R
moose	GTLS	DLSD	LHAH	KLRV	DPVN	FKLL	SHT	LLV	T	LAAH	LP	SDFT	PAV	HASL	DKFL	ANV	STVLT	SKY	R	
axolotl	ATLV	KLSD	KHAH	DLMV	DP	AEFP	RLA	EDIL	VVL	GFHL	PAK	FTY	AVQ	CS	IDK	FLHV	TMRL	CI	SKY	R

3. Arbre de Phylogénie

- Premier objectif des études phylogénétiques: Reconstruire l'arbre de vie de toutes les espèces vivantes à partir des données génétiques observées.
- Un graphe connexe acyclique; Ensemble de nœuds (ou sommets) connectés par des arêtes (ou branches) de telle sorte que toute paire de nœuds est reliée par exactement un chemin.

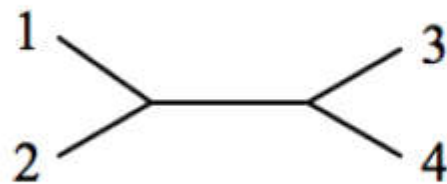
3.1. Structure d'un arbre phylogénétique



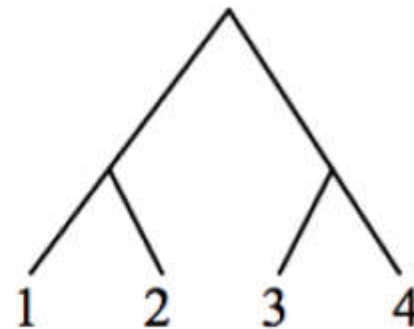
3.2. Arbre enraciné et Arbre non-enraciné

- Dans l'arbre enraciné, la racine représente l'ancêtre commun le plus récent de tous les taxons considérés. Un arbre enraciné est donc dirigé et prend un « chemin évolutif » de l'ancêtre commun aux taxons actuels.

- Un arbre non-enraciné ne représente que les relations entre les taxons.



(a) Arbre non raciné



(b) Arbre raciné

3.3. Méthodes de construction

