

## Construire un arbre phylogénétique (à l'aide du logiciel phylogène) pour reconstituer l'histoire évolutive d'un groupe

La construction d'un arbre évolutif ou **arbre phylogénétique** est basée sur le partage de **caractères dérivés**. Un caractère dérivé correspond à une **innovation évolutive** : on considère alors que toutes les espèces qui partagent cette innovation l'ont hérité d'un ancêtre commun qui est la première espèce à en être dotée. L'ancêtre commun reste virtuel : ce n'est pas un fossile mais son existence est avérée par simple raisonnement logique. De proche en proche, on peut ainsi reconstituer l'histoire évolutive d'un groupe.

- **Sélectionner** la collection « *Archontes (primates)* »
- **Choisir** "Construire" puis **sélectionner** : - les espèces souhaitées + le Tupaie (qui servira d'extragroupe car il possède tous les caractères à l'état primitif).  
- les caractères à comparer (tous sauf *knuckle walking*)
- **Compléter** le tableau en choisissant une proposition parmi celles fournies (les documents fournis par "Phylogène" en bas et à droite de l'écran permettent de faire ce choix)
- **Vérifier** (à l'aide du bouton placé sous le tableau l'exactitude des informations collectées) et **corriger** les erreurs éventuelles. Le tableau obtenu porte le nom de « matrice taxon-caractères »
- **Choisir** « *polariser* ». L'extragroupe est représenté par le Tupaie (elle possède tous les caractères à l'état primitif). En utilisant les commandes en bas de la page, **colorer** les états primitifs selon l'extragroupe puis **colorer** de la même manière les états dérivés identiques.
- **Vérifier** le codage et corriger les erreurs éventuelles
- **Choisir** « *Etablir des parentés* » pour classer les espèces selon l'état des caractères qu'elles possèdent. Le classement se fait dans la fenêtre "matrice taxon-caractère"
- **Choisir** « *Organiser le tableau* » et classer les caractères dérivés des plus partagés (gauche du tableau) au moins partagés (droite du tableau) et les espèces ayant acquis le moins de caractères dérivés (bas du tableau) aux taxons ayant acquis le plus de caractères dérivés (haut du tableau) ; les taxons et les caractères se déplacent à l'aide de la souris.
- **Cliquer** sur « *choisir les taxons* » en mode « *édition* » et **construire** l'arbre phylogénétique : **cliquer sur les espèces** une par une et les **brancher** correctement en fonction des caractères dérivés qu'ils partagent avec les autres taxons déjà saisis.
- Quand les branchements sont achevés **passer** en mode "*exploration*" et **afficher** les boîtes de l'arbre.  
*Attention : chaque nœud doit être justifié par un état dérivé commun*

## Préciser les relations de parenté au sein des Hominoïdes (à partir des données moléculaires)

Pour construire un arbre phylogénétique à partir de données moléculaires, on ne prend pas en compte l'état primitif et l'état dérivé d'un caractère mais le **degré de ressemblance** entre les séquences de **molécules homologues**. On établit alors une « **matrice des distances** » qui comptabilise les différences ou les similitudes de séquences entre les espèces prises deux à deux. Alors que la méthode de classification utilisée pour les données morphologiques et anatomiques ne donnait qu'un arbre possible, les parentés obtenues à partir des données moléculaires ne sont pas exactement les mêmes selon la molécule utilisée, d'où la nécessité de comparer en fait plusieurs molécules pour pouvoir conclure valablement.

- « *Fichier* » « *Ouvrir* » « *Fichier de molécules* » « **Archontes** » « *molécules* » puis choisir le fichier de molécules « *COX2\_Primates* »
- Sélectionner uniquement les espèces d'hominoïdes (Homme, Gibbon, Gorille, Orang-outang et le Chimpanzé)
- Observer les différences dans les séquences d'acides aminés : afficher la matrice des distances (qui comptabilise les différences dans ces séquences)
- Afficher l'arbre phylogénétique établi à partir des données moléculaires et cliquer sur le bouton permettant d'indiquer le nombre de différences sur les branches.