

# Plan

Historique

Phénétique et cladisme

Origine de la diversité

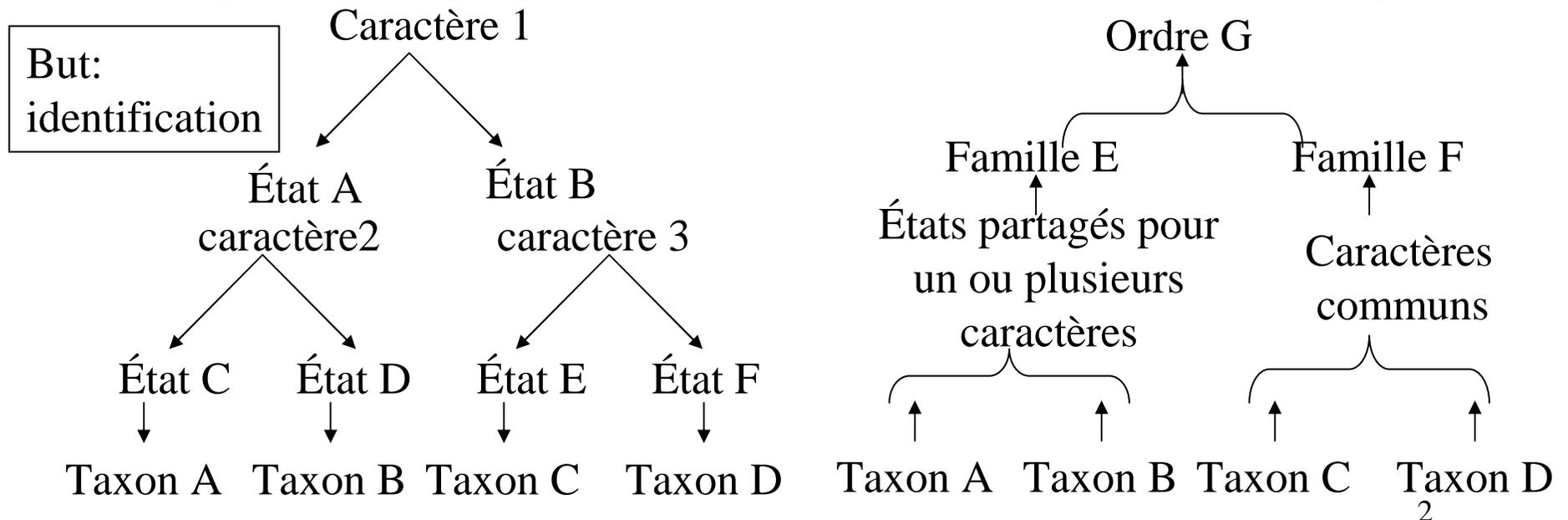
- Hypothèses fondatrices
- LUCA
  1. familles multigéniques
  2. comparaison de génomes
- Raciner l'arbre du vivant

Outils phylogénétiques

- Taxons
- Caractères
- Morphologie ou molécules

# Historique (1)

Classification descendante	Classification ascendante
Essentialistes Césalpin 1519-1603 Tournefort 1656-1708 Linnée 1707-1778 <b>binominalisme</b>	Magnol 1638-1715 <b>1689</b> Adanson 1727-1806 <b>Familles de plantes 1763</b> Nominaliste Buffon 1707-1788



# Historique (2)

## **Anatomie comparée**

Cuvier 1769-1832, fondateur de la **paléontologie**, fixiste

Geoffroy Saint Hilaire 1772-1844, ressemblance entre espèces

abandon de la continuité

précurseur de l'évolutionnisme

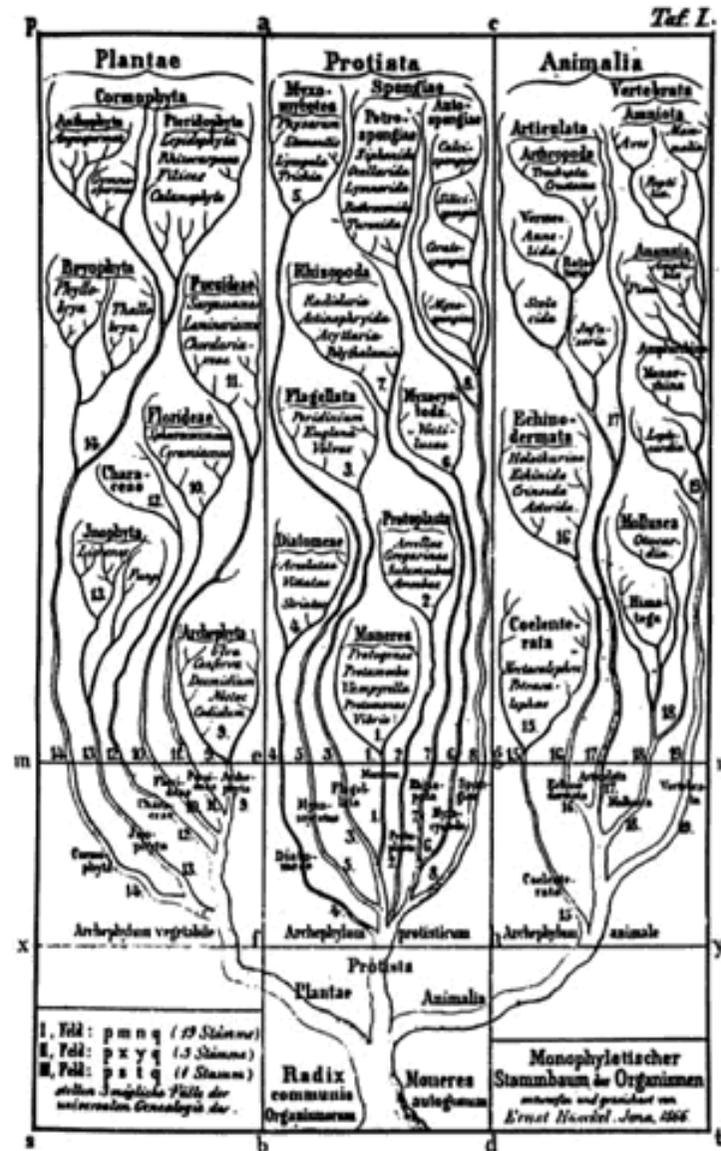
## **Evolutionnisme**

Lamarck 1744-1829, adaptation

Darwin 1809-1882, **1859**: Origine des espèces

Haeckel 1834-1919, **1874**: arbre du vivant

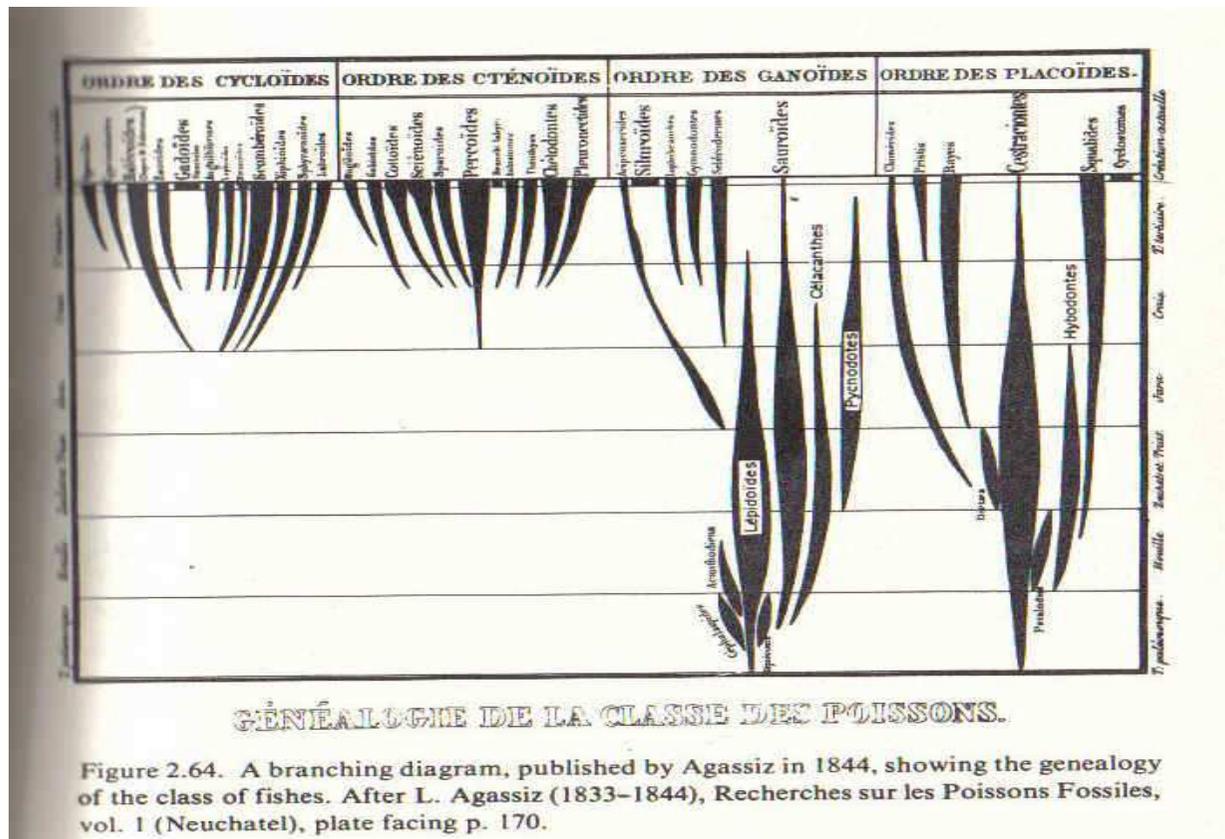
# 1874 L'arbre du vivant de Haeckel



# Historique (3)

Les classifications sont fondées sur le triple parallélisme d'Agassiz (1807-1873), fixiste convaincu.

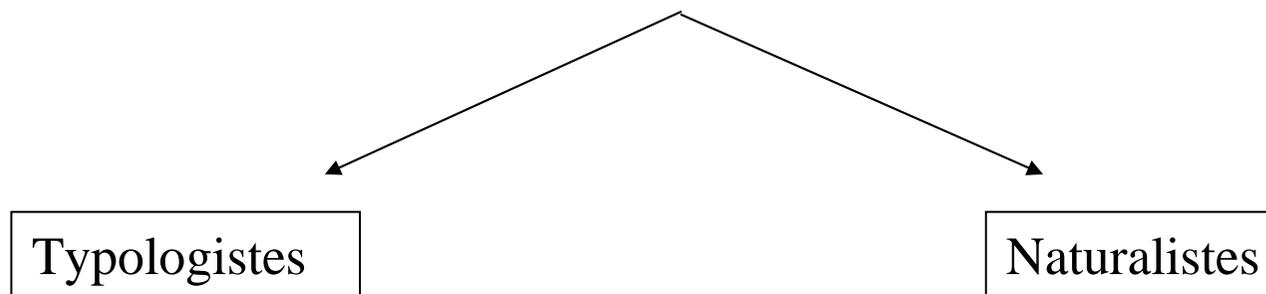
- Histoire des fossiles
- Développement embryonnaire
- Rang dans la classification



# Historique (4)

## Naissance de la génétique

- Mendel 1823-1883, 1866 publication de la théorie
- Weisman 1834-1914, **1883**: lignée germinale, lignée somatique
- De Vries 1848-1935, ca **1900** redécouverte de Mendel
- Bateson 1861-1926
- Morgan 1866-1945



# Historique (5)

Environs de 1850: **Évolutionnisme**

**Génétiens**

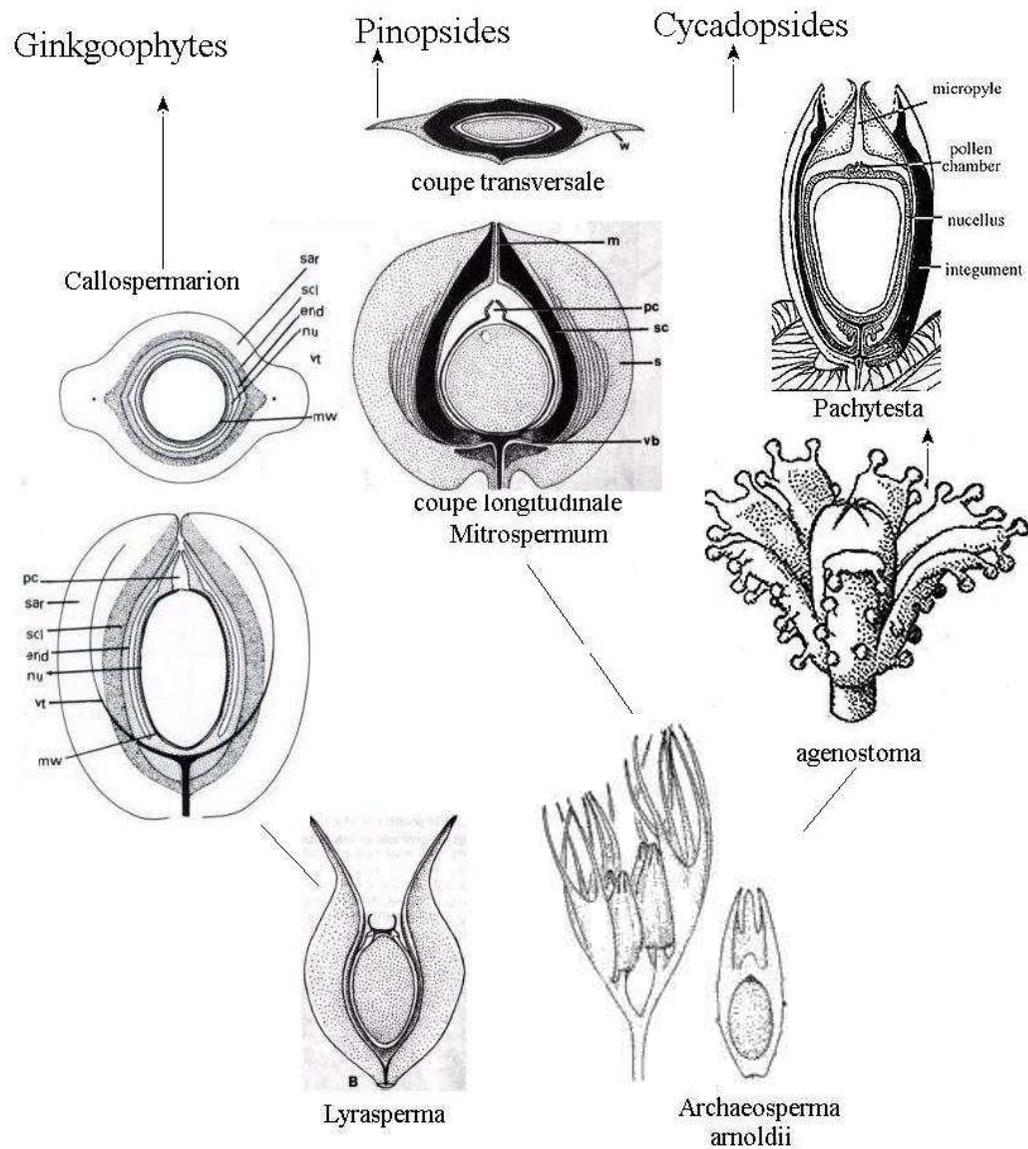
- Typologistes
- Changements dûs aux mutations
- Pas ou peu de sélection
- Pas de variations individuelles

**Naturalistes**

- Diversité des populations naturelles
- Variations géographiques produisent des gradients
- Minimisation du poids de l'hérédité mendélienne

Environs de 1970: **Génétiens agronomes**

- Plus d'un type de variabilité (très petites et grands)
- Changements qui peuvent être nuisibles ou bénéfiques
- Matériel génétique invariant



# Formation des 3 lignées de Gymno spermes

# Historique (6)

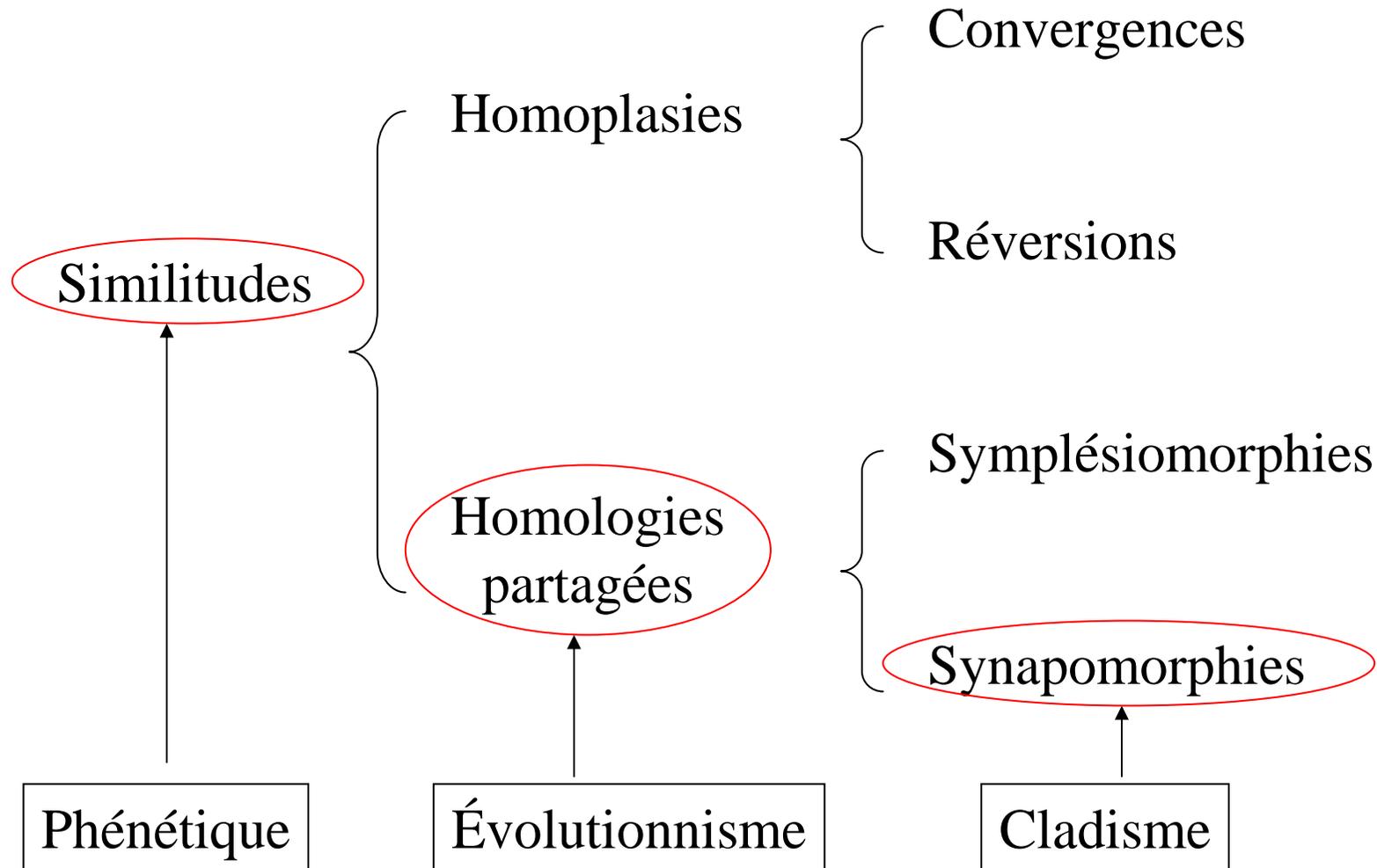
1880 déclin de taxonomie et phylogénie

1901 Fleischmann : "*The Darwinian theory of descent has not a single fact to confirm it in the realm of nature. It is not the result of scientific research, but purely the product of imagination.*"

1950 Le réveil: deux écoles.

Phénétiqne	Cladisme
1963 <b>Principles of numerical taxonomy</b> Sneath, Sokal	1966 <b>Phylogenetics and systematics</b> Hennig

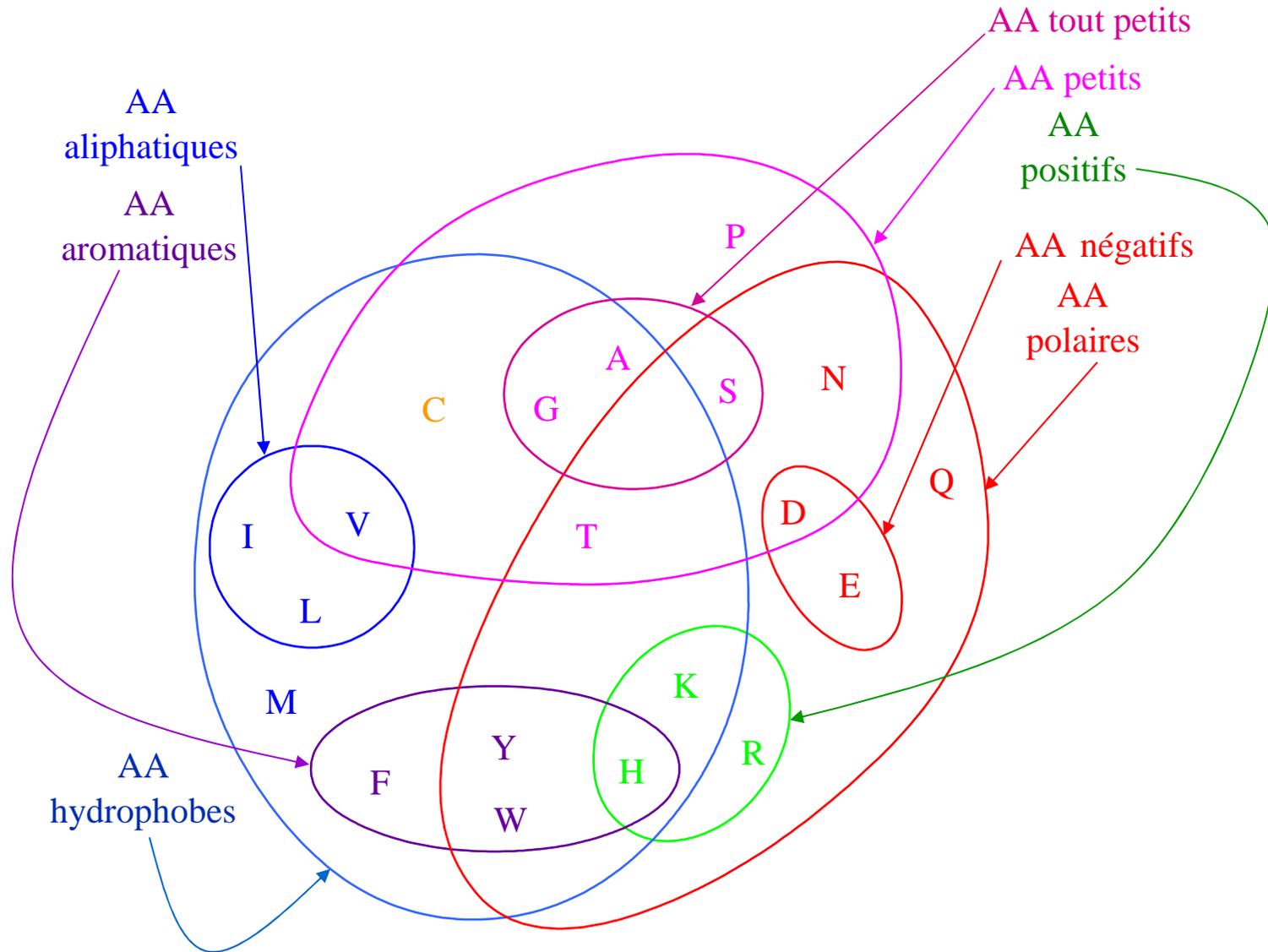
# Phénétique, évolutionnisme, cladisme



## ZUCKERKANDL 1965

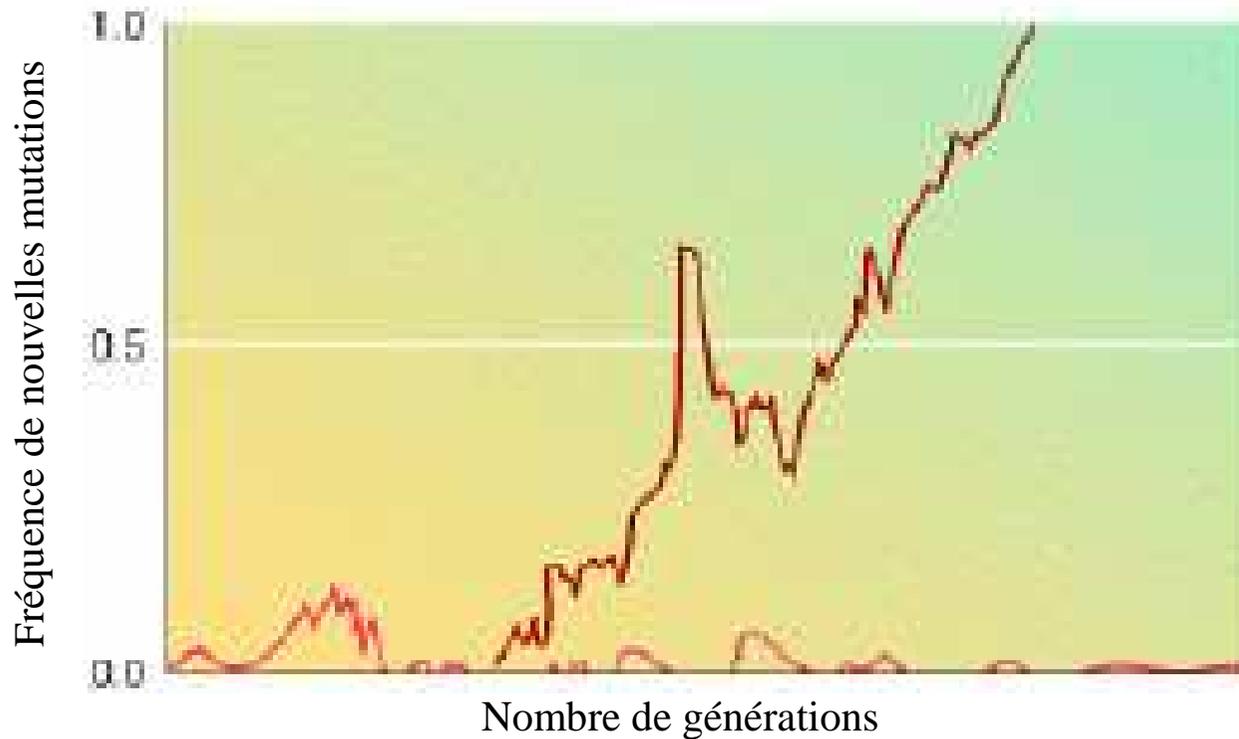
- Les différents aminoacides ont des propriétés physico-chimiques chevauchantes
- Le rôle d'un AA particulier dans une protéine peut être rempli par d'autres AA
- La plupart des changements d'AA observables sont sélectivement neutres
- L'évolution adaptative des protéines peut ne pas requérir beaucoup de changements
- Pour une classe donnée de protéines, la vitesse de remplacement des AA est à peu près constante

# Propriétés des acides aminés

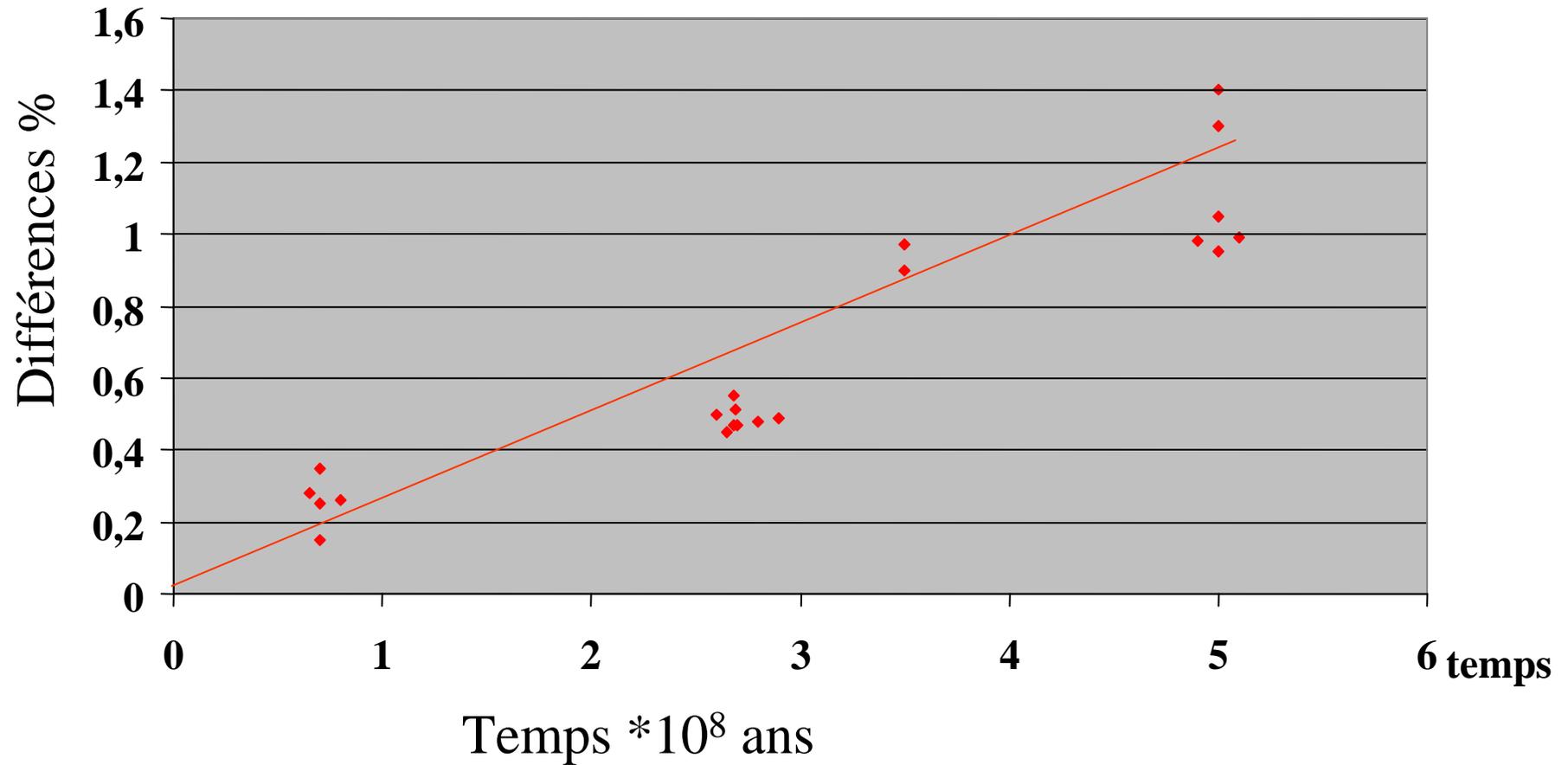


# Horloge moléculaire

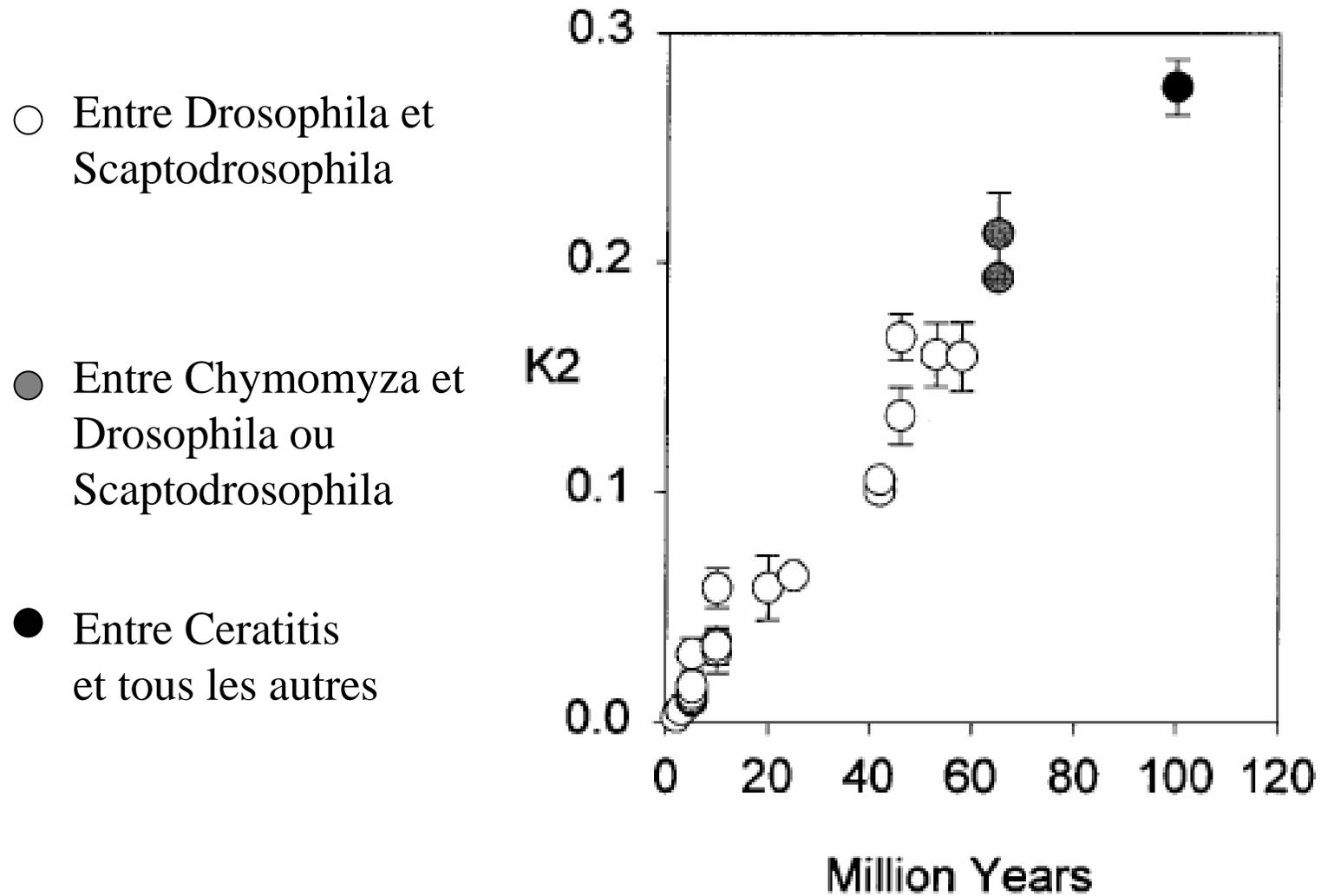
L'horloge moléculaire prévoit que la probabilité qu'une substitution dans l'ADN soit fixée par unité de temps est constante, mais pas que cette vitesse de fixation soit constante. On doit attendre des variations statistiques dans les changements de l'ADN parmi différentes lignées pour une période donnée.



# Divergence entre globines (AA) en fonction du temps supposé qui sépare 2 taxa



# GPDH en nt

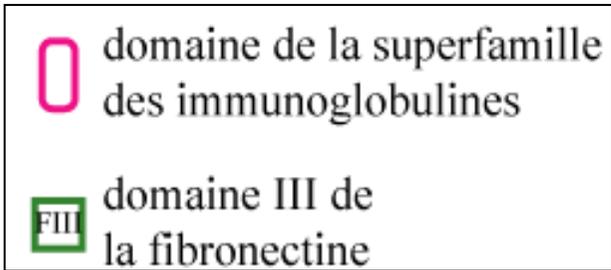


## Théorie neutraliste (Kimura, 1970 ...)

- Le polymorphisme est sélectivement neutre
- Les mutations sont sélectivement neutres
- Il y a fixation aléatoire de ces mutations

Distribution des mutations (de fréquence  $m$ )  
dans une population sur  $t$  générations =  $tm$

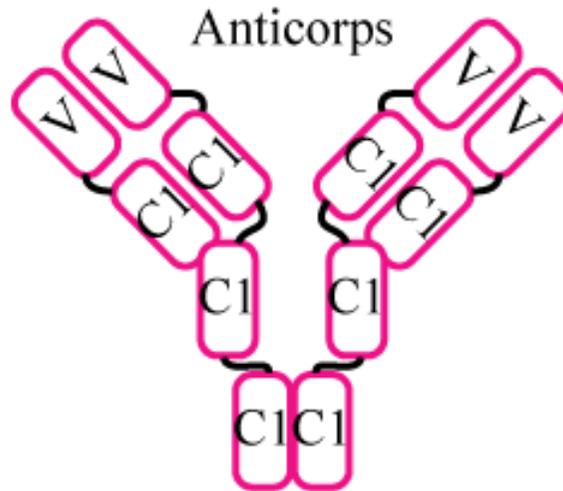
# Familles protéiques



Bacterial Cellulase



CD2 adhesion molecule

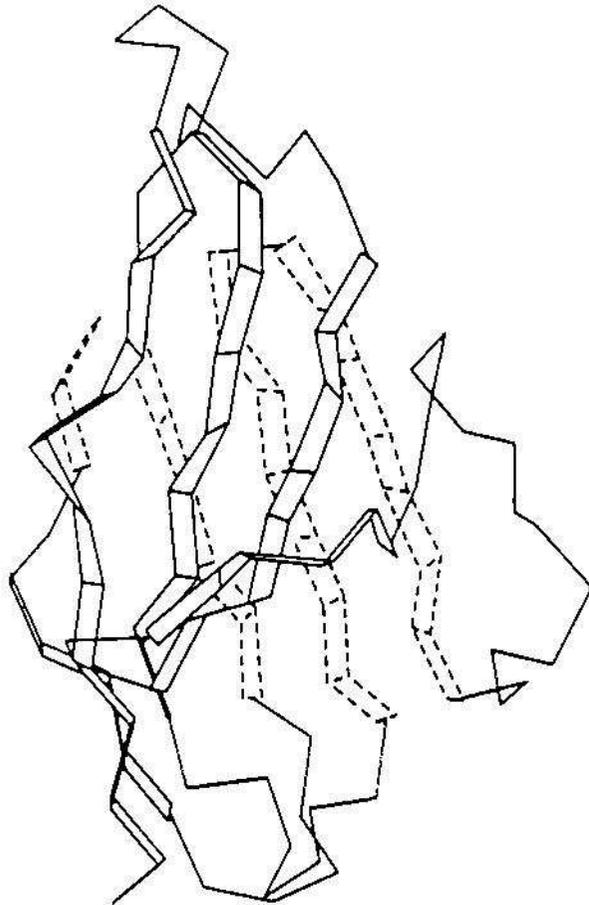


Neural Cell Adhesion Molecule



Titine (protéine du muscle)

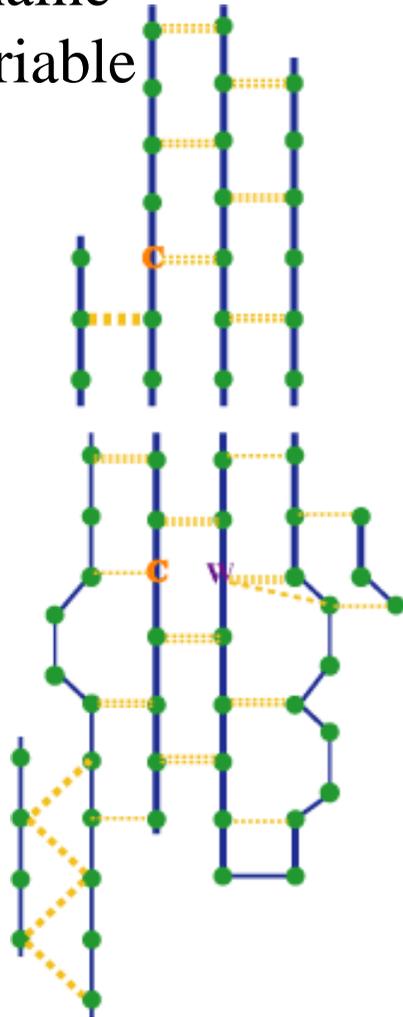
# Structure des feuilletts $\beta$ dans les domaines V et C des immunoglobulines



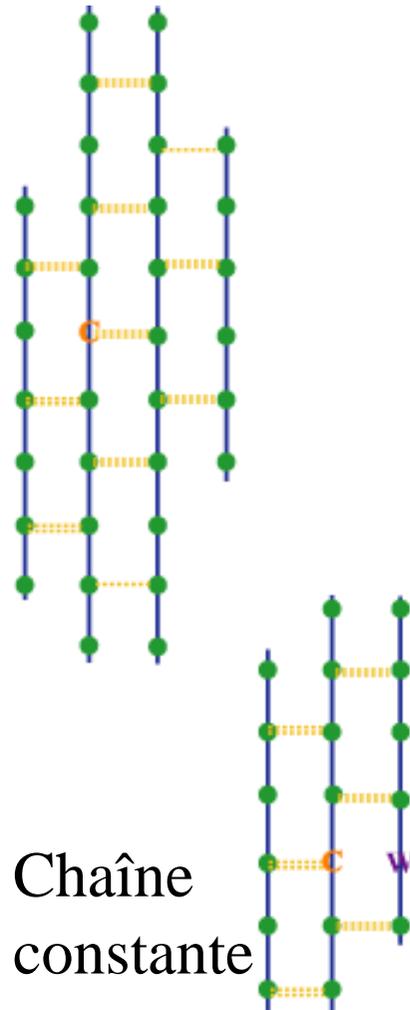
Repliement de la chaîne polypeptidique dans le domaine variable d'une immunoglobuline. Les régions en forme de ruban sont liées l'une à l'autre par des liaisons H pour former deux feuilletts  $\beta$ . Celui qui est en pointillé est en arrière.

# Structure des feuillets b dans les domaines V et C des immunoglobulines

Chaîne variable

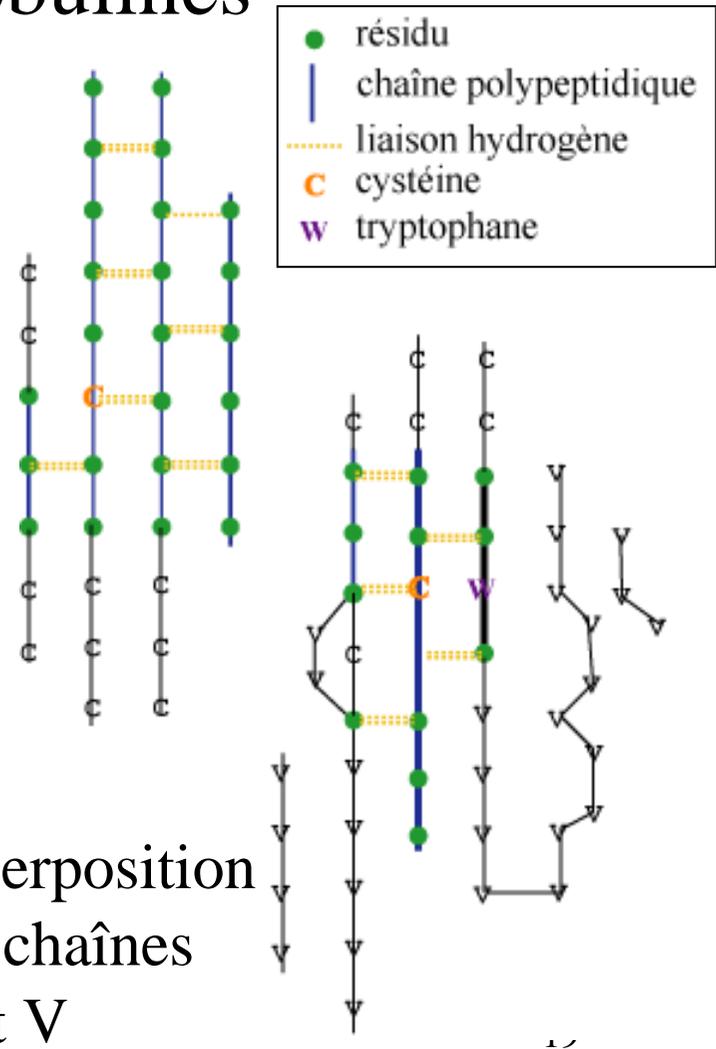


et C des immunoglobulines



Chaîne constante

Superposition des chaînes C et V



# Estimation de la taille du génome de LUCA (1)

## Situation en 1994

Nombre de familles protéiques 120

Les banques contiennent 1/3 de ce qui est connu

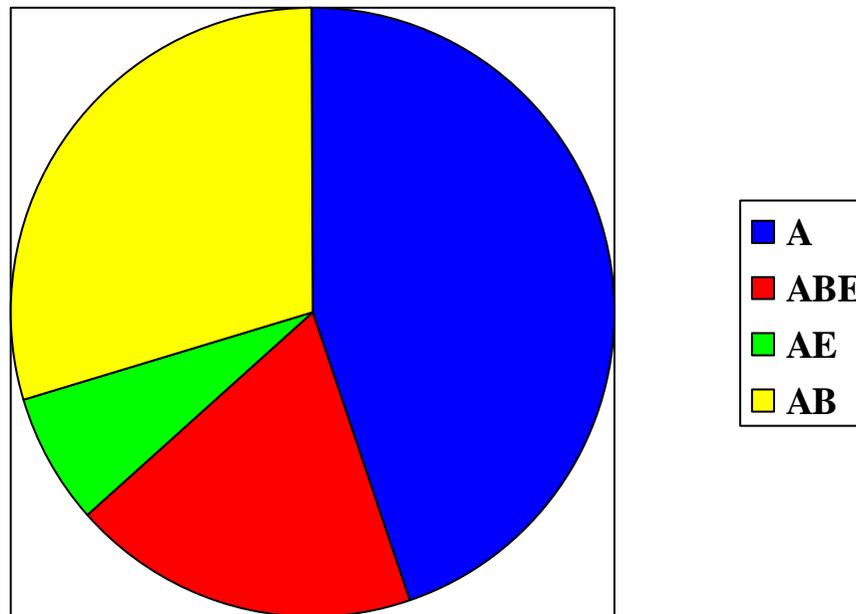
1/4 des protéines des banques appartiennent à des familles connues

Si 100% des gènes et familles ont été détectés	Si 80% des gènes et familles ont été détectés
	120
120	* 3
* 3	* 0.8
* 4	* 4
Total 1440	* 0.8
	Total 1000

# Estimation de la taille du génome de LUCA

(2)

Domaine	Classes				
	Energie	Information	Communication	Hypothétique	Total
Universel ABE	178	103	20	23	324
Non eucaryote AB	264	94	32	132	522
Non bactérien AE	10	79	7	27	123
Archéen A	80	34	11	662	787
Total	532	310	70	844	1756



# Arbre du vivant

