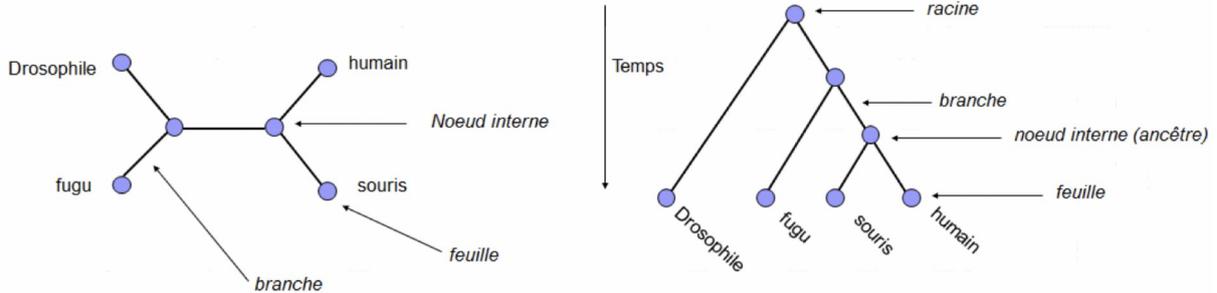


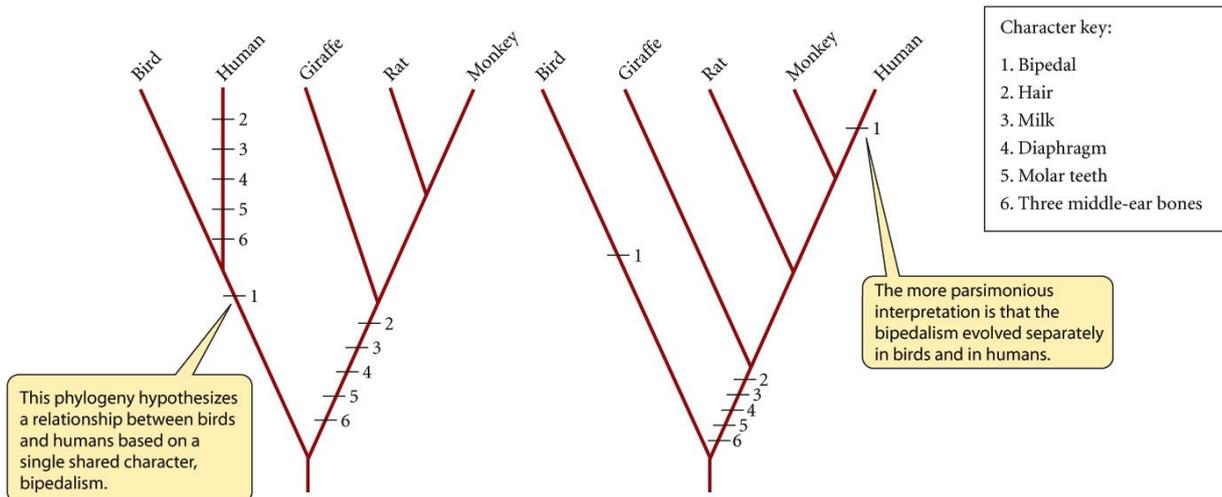
Exercices – Evolution et phylogénies

Arbre phylogénétique non enraciné / enraciné



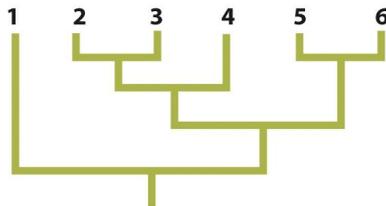
(A) Hypothetical phylogeny

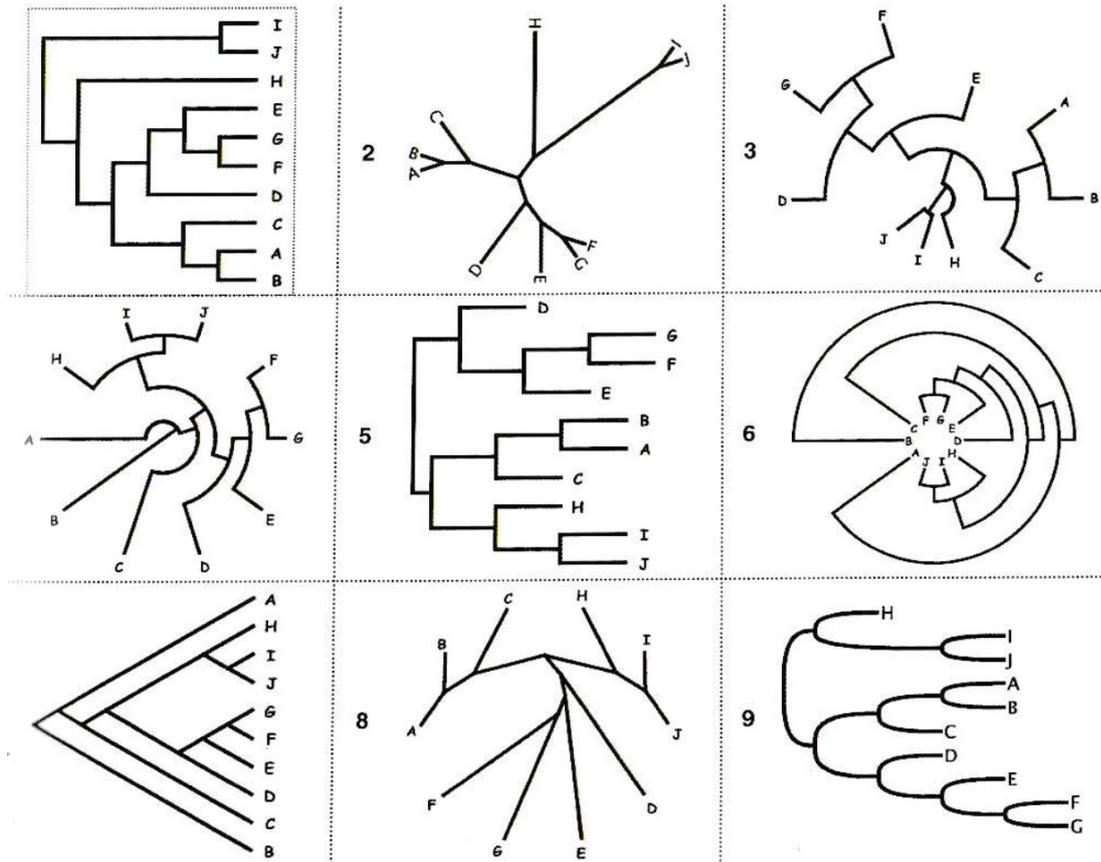
(B) Accepted phylogeny



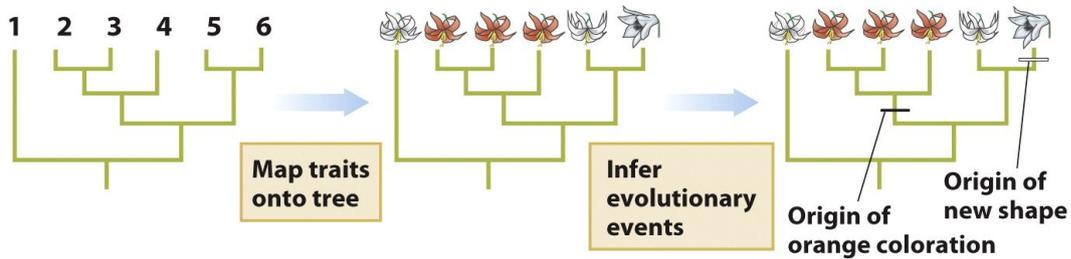
1. A T C ... C G A C
2. A T C ... C G A T
3. T T C ... C G A C
4. T A C ... C G A T
5. T A C ... C G A C
6. A T T ... C G A T

Infer phylogenetic relationship from DNA sequences

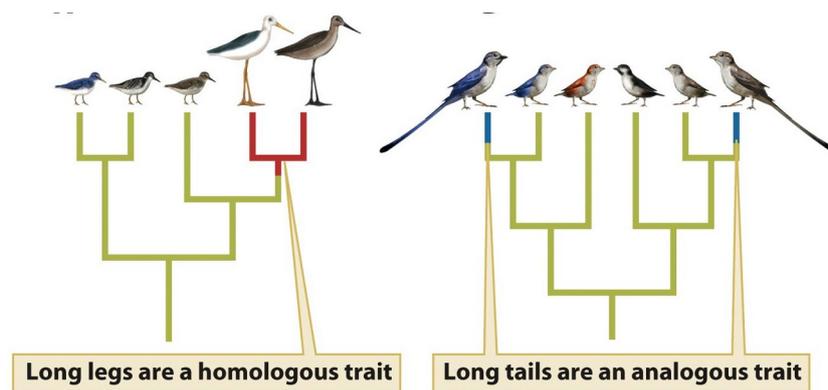




0.1. Parmi ces 9 arbres non enracinés, lequel a une topologie différente des autres ?



0.2. Si l'arbre n'est pas enraciné, peut-on inférer l'ordre des événements d'apparition de la couleur rouge et de la forme de la fleur ?



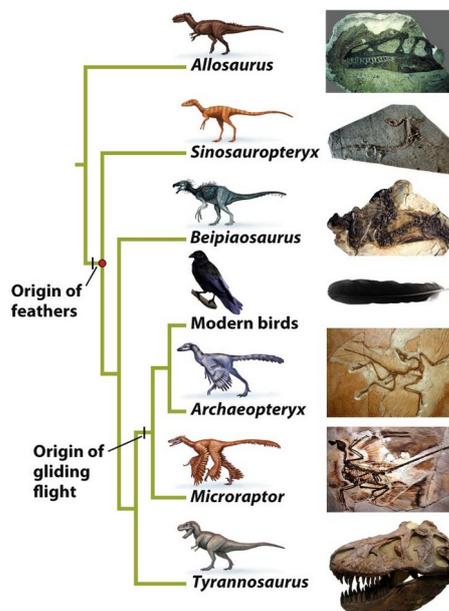
Traits de caractère homologues et analogues.

Les longues pattes sont un trait de caractère **homologue** ; les deux espèces à longues pattes partagent un ancêtre commun à longues pattes.

Les longues queues sont un trait de caractère **analogue** ; les longues queues ont évolué séparément dans deux lignées, et leur ancêtre commun avait probablement une queue courte.

L'origine évolutive des plumes.

Le raisonnement phylogénétique révèle que les plumes n'ont pas évolué pour le vol. Les plumes sont apparues dans une lignée de dinosaures théropodes. L'ancêtre commun de ces dinosaures à plumes (y compris les oiseaux) est marqué d'un cercle rouge fermé. Cette espèce n'avait ni ailes ni capacité de voler. Par conséquent, les plumes ont dû initialement évoluer dans un autre but. Le glissement et le vol ont ensuite évolué dans la lignée menant au Microraptor, à Archéoptéryx et aux oiseaux modernes. A partir de ce moment-là, les plumes ont pu évoluer pour faciliter le vol.



1. Evolution des poux

Les humains peuvent être infectés par trois types de poux : *Pediculus humanus capitis* (pou de tête), *Pediculus humanus corporis* (pou de corps) et *Pthirus pubis* (morpion). Les espèces de primates proches de l'homme ne sont infectés que par une seule espèce de pou chacune, qui est propre à chaque espèce hôte.

Pediculus humanus capitis et *Pediculus humanus corporis* sont très similaires morphologiquement et peuvent encore s'hybrider en laboratoire bien qu'ils vivent à des endroits différents du corps humain et possèdent des séquences d'ADN légèrement différentes. Les poux de corps ont probablement évolué à partir des ancêtres des poux de tête lorsque l'homme a commencé à porter des vêtements, lesquels sont nécessaires à la ponte des œufs par les poux de corps.

Environ 0,36 mutations synonymes par kilobase sont détectées entre les séquences d'ADN de *Pediculus humanus capitis* et de *Pediculus humanus corporis*, alors que 30 mutations synonymes par kilobase sont détectées entre les séquences d'ADN de *Pediculus humanus capitis* et de *Pediculus schaeffi*, le pou du chimpanzé.

1.1. Sachant que les chimpanzés ont divergé des humains il y a environ 5,5 millions d'années, estimez la date de l'apparition des vêtements chez l'humain.

La diversité nucléotidique (π) est le nombre moyen de différences nucléotidiques par site entre deux séquences d'ADN pour toutes les paires possibles dans la population de

l'échantillon. C'est une mesure de la diversité génétique. On trouve une plus grande diversité nucléotidique chez les poux de tête d'Afrique que chez les poux de tête non-africains.

1.2. Comment expliquer ce résultat ?

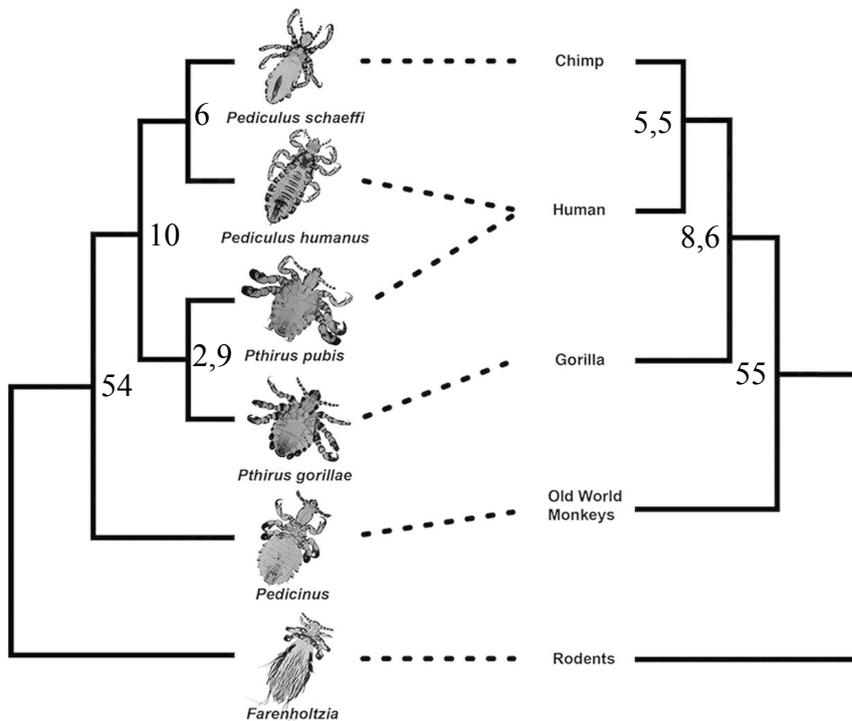


Figure 1.3. Phylogénie basée sur les gènes nucléaires pour les mammifères (à droite) et pour les poux (à gauche). Les nombres indiquent les temps de divergence estimés en millions d'années à partir des séquences d'ADN.

1.3. Que pouvez-vous déduire de la Figure 1.3 sur l'origine des morpions ?

2. Reconstitution des chaînes de transmission infectieuses

Le coronavirus SARS-CoV-2, responsable de la maladie COVID-19, possède un génome ARN de 30 000 nucléotides. Ce virus accumule environ 2 mutations par mois, avec parfois des accélérations, comme avec l'apparition des variants delta ou omicron.

Le 11-12 janvier 2022 à Hong-Kong, une vendeuse (patient 1) et une cliente (patient 2) d'un magasin d'animaux ont commencé à avoir des symptômes COVID-19. Les analyses ont montré qu'elles étaient toutes les 2 infectées par le variant delta, alors que celui-ci ne circulait pas dans la région (stratégie zéro-covid). La comparaison des séquences virales des 2 patientes a révélé 5 différences concernant un seul nucléotide, à des positions espacées le long du génome.

2.1. Peut-on imaginer une transmission interhumaine du patient 1 au patient 2 ?

Des prélèvements ont alors été effectués sur les animaux vendus dans le magasin : lapins, cochons d'inde et hamsters. Sur tous les échantillons, une dizaine de hamsters ont été testés positifs pour le coronavirus SARS-CoV-2. Les animaux présents dans l'entrepôt fournissant cette animalerie (lapins, cochons d'inde, hamsters, chinchillas, souris) ont alors été testés également. Seul un hamster de l'entrepôt a été testé positif. Tous les animaux positifs

provenaient des Pays Bas. La séquence complète du génome de SARS-CoV-2 a alors été obtenue pour chacun des échantillons positifs et un arbre phylogénétique a été réalisé avec toutes les séquences.



Figure 2.2. Arbre phylogénétique des séquences de SARS-CoV-2 obtenues lors de cette étude (en couleur, en haut) et des séquences de SARS-CoV-2 les plus proches disponibles dans les bases de données. Pet shop : magasin, warehouse : entrepôt.

2.2. Que pouvez-vous déduire de la Figure 2.2 concernant les patientes 1 et 2 ?

2.3. Que pouvez-vous déduire de la Figure 2.2 concernant les hamsters ?

Le patient 3 est le mari de la patiente 2. Il n'est jamais allé au magasin animalier et il a commencé à développer des symptômes COVID-19 le 17 janvier 2022.

2.4. Que pouvez-vous déduire de la Figure 2.2 concernant le patient 3 ?

3. Evolution des rats taupes

Au cours de ces 100 derniers millions d'années, de nombreux mammifères, comme les taupes ou les rats taupes, ont évolué pour vivre presque entièrement sous terre. Au cours de leur transition pour s'adapter à la vie sous terre, de nombreuses espèces ont réduit ou complètement perdu la vision, et n'ont souvent qu'un petit reste d'œil qui peut parfois être complètement recouvert de peau et de poils.

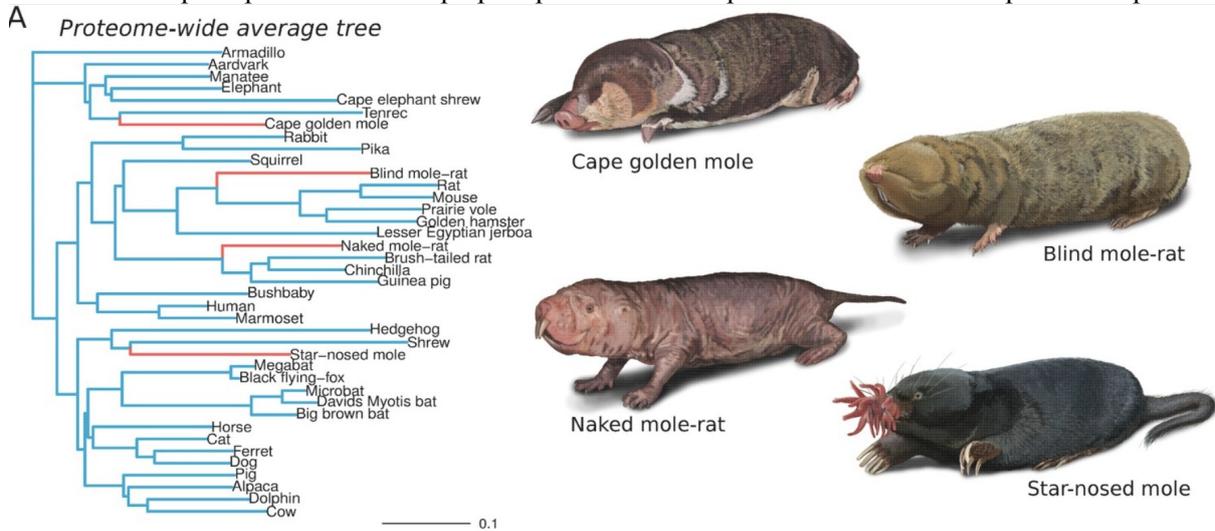


Figure 3.1. Arbre phylogénétique de nombreuses espèces de Mammifères, établi à partir de l'alignement de 18.980 gènes codant des protéines. Les quatre espèces étudiées ici qui ont évolué une vie fousseuse sous la terre sont indiquées en rouge. Cape golden mole : taupe dorée du Cap, blind mole-rat : rat taupe, naked mole-rat : rat taupe nu, star-nosed mole : condylure étoilé.

3.1. Que pouvez-vous déduire de la Figure 3.1 concernant l'évolution de la vie fousseuse sous la terre chez les Mammifères ?

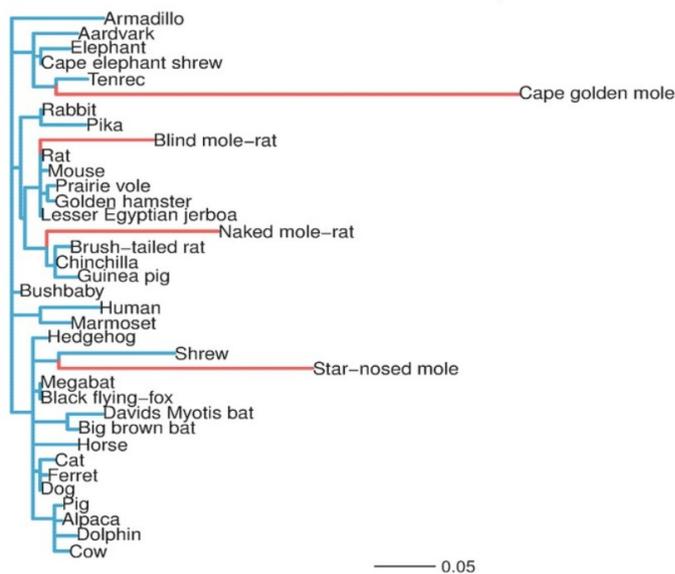


Figure 3.2. Arbre phylogénétique obtenu pour la séquence codante LIM2. L'échelle indique le nombre moyen de changement d'acides aminés par site.

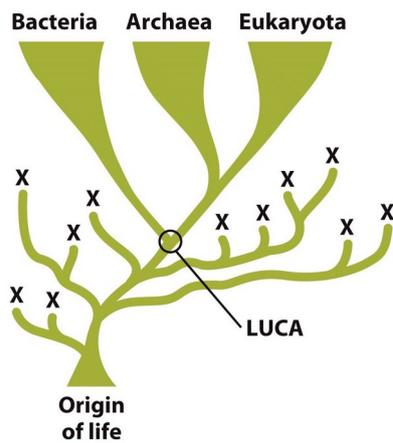
Le gène LIM2 est présent chez tous les Mammifères. Il code une protéine présente uniquement dans le cristallin de l'oeil, qui est impliquée dans la vision.

3.2. Sachant que la protéine LIM2 comprend 170 acides aminés, combien de mutations modifiant la séquence codante de LIM2 se sont accumulées :

- entre le tenrec et l'ancêtre commun le plus récent de la taupe dorée du Cap (Cape golden mole) et du tenrec ?
- entre la taupe dorée du Cap et l'ancêtre commun le plus récent de la taupe dorée du Cap (Cape golden mole) et du tenrec ?

3.3. Que pouvez-vous déduire de la longueur des différentes branches de la phylogénie de la Figure 3.2 ? Comment l'expliquer ?

4. Arbre du vivant



LUCA = Last Universal Common Ancestor

- 4.1. Que représentent les croix ?
- 4.2. En combien de groupes se sépare le monde vivant actuel sur cette figure ?
- 4.3. Est-ce que tous les êtres vivants sont inclus dans cette figure ?
- 4.4. Quelles étaient les caractéristiques de LUCA ?