

Grâce aux mutations de nouvelles fonctions peuvent apparaître et être conservées par l'évolution si elles sont avantageuses : *innovations*.

- Phylogénie (principe, arbre)

La phylogénie permet de reconstituer les liens de parenté entre les êtres vivants. Elle est basée sur le principe selon lequel tous les êtres vivants partagent une origine **commune et que plus des espèces partagent de caractères en commun, plus leur lien de parenté est étroit et plus leur ancêtre commun est récent.**

Les caractères étudiés peuvent être morphologiques (forme), anatomiques (organes), embryologiques (développement).

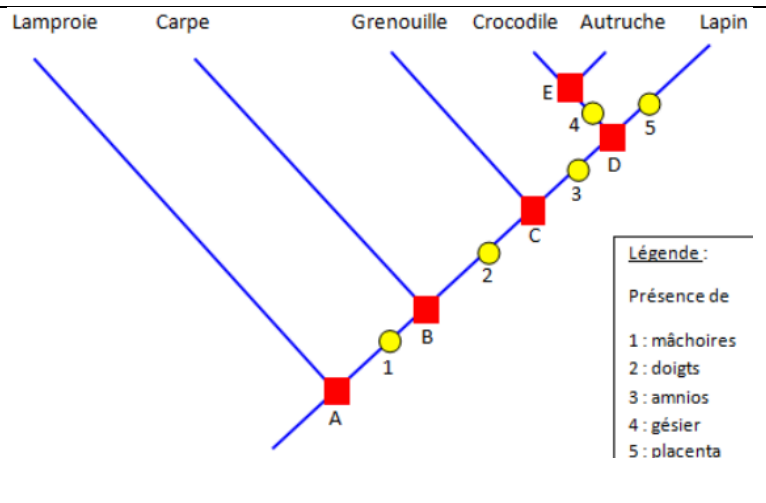
On peut aussi comparer des molécules (ADN ou protéines) dans ce cas, **plus le nombre de similitudes dans les séquences est élevé plus le lien de parenté est étroit plus la molécule ancestrale commune est récente.** On considère qu'au delà de 20% de similitudes pour les séquences d'AA des protéines (*et ≈ 40% pour les séquences de nucléotides des gènes*) ces molécules ont un lien de parenté, elles proviennent d'une molécule ancestrale commune

Les liens de parenté peuvent être représenté par des arbres :

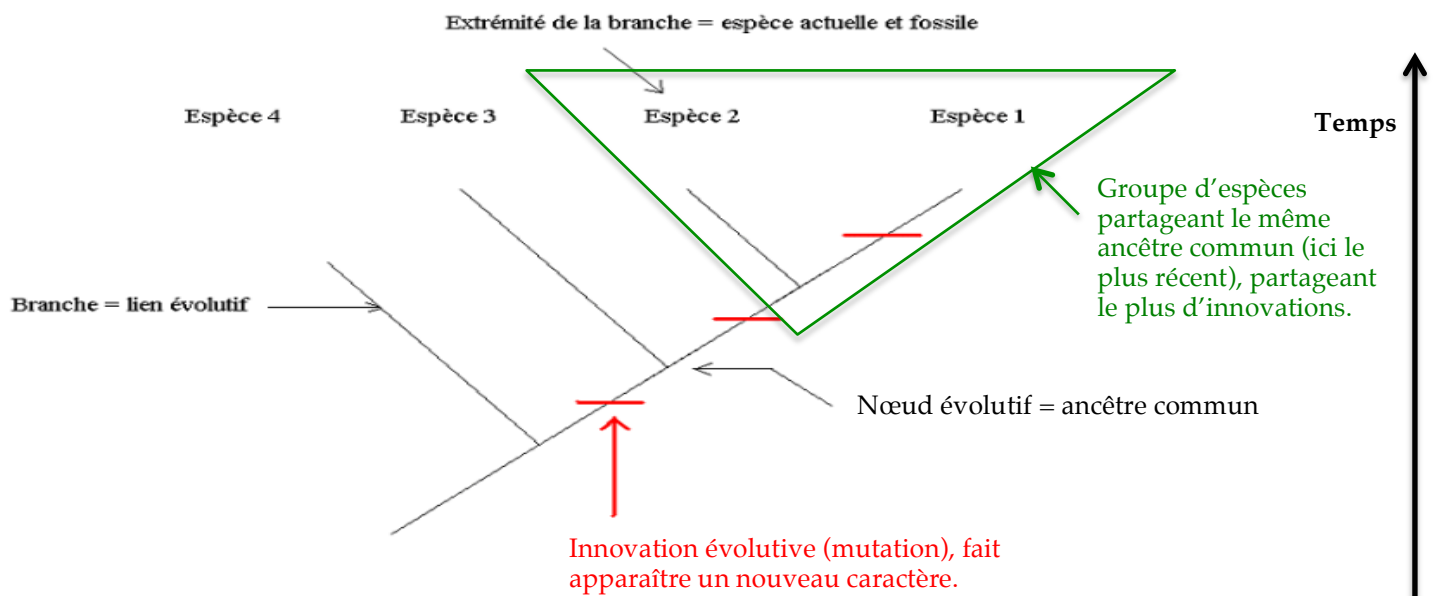
- : ancêtres communs
- : innovations

- Identifiez :

- L'ancêtre commun le plus récent :
- Les 2 espèces ayant le lien de parenté le plus étroit :
- L'ancêtre commun des tétrapodes (4 membres munis de doigts) :
- Le groupe des tétrapodes, leurs caractères communs :
- Cherchez la définition des « **PRIMATES** »



AIDE :



Lorsque plusieurs gènes présentent un fort taux de similitudes, on considère qu'il proviennent d'un gène ancestral commun et constituent **une famille multigénique.**

Le gène ancestral a subi une **duplication** (copie intégrale du gène), le duplicata s'est transposé sur un autre locus (voire sur un chromosome différent) et les 2 exemplaires ont alors subi des évolutions (mutations) indépendantes. Plus le nombre de mutations est important plus la duplication est ancienne.

Pour rendre compte de l'existence, chez un même organisme, de plusieurs gènes différents codant pour des polypeptides homologues, les scientifiques proposent l'explication suivante :

- tous ces gènes sont apparentés, c'est-à-dire proviennent d'un **gène ancestral** unique (ce dont témoignent les nombreuses ressemblances constatées);
- le gène ancestral s'est dupliqué et la copie obtenue s'est intégrée en un autre endroit du génome, soit sur le même chromosome mais à un nouveau locus, soit sur un autre chromosome;
- chaque gène a ensuite subi différentes mutations ponctuelles, évoluant indépendamment des autres gènes.

Ce mécanisme de duplication-transposition/mutation peut se reproduire plusieurs fois, produisant finalement les différents gènes d'une famille multigénique.

