

ENSEIGNEMENT DE SCIENCES DE LA VIE ET DE LA TERRE (SVT)
°° SCIENCES DE LA VIE °°
>> Cours <<

Chapitre 18 : plans

Classer la biodiversité

Plan complet

Objectifs : extraits du programme

Introduction

- I. **La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant**
 - A. **Nature et objectifs de la systématique**
 - B. **Les taxons, objets d'étude de la systématique**
 1. Notions de taxon et de rang taxonomique
 2. Le *ranking*, une histoire de conventions ?
 3. L'espèce, une réalité biologique objective ?
 - a. Une discussion ancienne... et insoluble
 - b. La définition biologique, définition fréquemment avancée
 - c. Le concept morphologique, concept le plus utilisé au quotidien
 - d. D'autres conceptions
 - C. **Les activités du systématicien**
 1. La description et la nomenclature
 - a. Le caractère international de la nomenclature des taxons
 - b. Décrire et nommer les taxons, des activités très encadrées : les codes de nomenclature
 - c. Le *barcoding*, la description de demain ?
 - d. Combien d'espèces connues et à découvrir ?
 2. L'identification des taxons et leur inventaire
 - a. Une tâche majeure du systématicien
 - b. La détermination, activité pratique et « pragmatique »
 - c. La conception et l'utilisation d'outils de déterminations (clefs et autres)
 3. La production de classifications et la recherche de parentés entre organismes
 - D. **Les modalités de classement et de classification des êtres vivants**
 1. L'appréciation d'une « ressemblance » entre organismes dans tout classement (systématique ou non), fondée sur des caractères partagés qui peuvent être de nature variée
 - a. Les caractères et leur diversité
 - b. « Ressemblance » et partage de caractères : la subordination des caractères comme origine des regroupements
 - c. La possibilité de classements sans valeur systématique
 2. L'existence de trois écoles systématiques dans la deuxième moitié du XXe siècle
 - a. La systématique « évolutionniste » (= gradiste = éclectique) : un fréquent recyclage des classifications traditionnelles
 - α. Une classification fondée sur une vision de l'évolution par « paliers »
 - β. Le recours à la conception traditionnelle de l'homologie
 - b. La systématique phénétique : des classifications basées sur une quantification de la similitude morpho-anatomique des organismes
 - c. La systématique phylogénétique : des classifications basées sur l'appariement des organismes et la notion d'apomorphie
 - E. **Les arbres de parenté, supports de la systématique phylogénétique**
 1. Nature et lecture des arbres phylogénétiques
 2. Monophylie, paraphylie et polyphylie
- II. **Les caractères utilisés dans l'établissement des liens de parenté**
 - A. **L'emploi de caractères homologues**
 1. L'homologie dans le cadre phylogénétique
 2. Les moyens de détecter l'homologie
 - a. L'utilisation du principe des connexions morpho-anatomiques (anatomie comparée)
 - b. L'emploi des données embryologiques (embryologie comparée)
 - c. Le recours aux données du registre fossile
 3. Cas de l'homologie moléculaire
 - B. **La distinction des états primitifs et dérivés de caractères**
 1. Notions d'état primitif et dérivé de caractère
 2. Relativité des plésiomorphies et apomorphies
 3. Existence possible de multiples états dérivés
 - C. **La nécessité d'évacuer les fausses homologies**
 1. Les analogies, ressemblances fonctionnelles rarement prises pour des homologies
 2. Les homoplasies, similitudes structurales ou embryologiques trompeuses
 3. Cas des données moléculaires : la difficulté de reconnaître les gènes orthologues
 - D. **En guise de conclusion : une réflexion sur le statut de la ressemblance dans les classements d'organismes**
- III. **Méthodes de construction et de validation des arbres phylogénétiques**
 - A. **Construction d'arbres à partir de caractères polarisés : l'analyse cladistique**
 1. Principes de l'analyse cladistique
 2. Une méthode largement informatisée
 3. Les différentes étapes de la méthode
 - a. Le choix des caractères
 - b. La polarisation des caractères et la construction d'une matrice de caractère
 - α. 1^o méthode de polarisation : la comparaison à un extragroupe
 - β. 2^e méthode : le critère ontogénétique (peu usité)
 - γ. 3^e méthode : le critère paléontologique (= critère de la précédence géologique)
 - c. La construction des arbres possibles
 - d. Le choix de l'arbre le plus parcimonieux
 - B. **Construction d'arbres à partir de séquences nucléotidiques ou peptidiques : les phylogénies moléculaires**
 1. Intérêt des phylogénies moléculaires
 2. Grands principes communs aux phylogénies moléculaires
 3. Diversité des phylogénies moléculaires
 4. Difficultés transversales des approches moléculaires
 5. La phylogénie moléculaire à l'heure de la génomique
 - C. **Des arbres hypothétiques et compilables**
 1. Des résultats toujours hypothétiques
 2. Une plausibilité des résultats vérifiable par des tests statistiques

3. L'existence de conflits phylogénétiques
- D. Utilisations et conséquences des résultats phylogénétiques**
 1. Aperçu de la diversité des applications des phylogénies de taxons
 - a. La production de classifications phylogénétiques
 - b. La compréhension de l'évolution des taxons et de certains caractères : l'élaboration de scénarios évolutifs
 - c. La mise en évidence de l'impact des relations interspécifiques dans l'évolution : les phylogénies en miroir et la cospéciation
 2. D'autres emplois possibles des méthodes de reconstruction phylogénétique (*pour information*)

Bilans
Références
Plan du chapitre

Plan simplifié (trois niveaux de plan)

Objectifs : extraits du programme

Introduction

- I. La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant**
 - A. Nature et objectifs de la systématique**
 - B. Les taxons, objets d'étude de la systématique**
 1. Notions de taxon et de rang taxonomique
 2. Le *ranking*, une histoire de conventions ?
 3. L'espèce, une réalité biologique objective ?
 - C. Les activités du systématicien**
 1. La description et la nomenclature
 2. L'identification des taxons et leur inventaire
 3. La production de classifications et la recherche de parentés entre organismes
 - D. Les modalités de classement et de classification des êtres vivants**
 1. L'appréciation d'une « ressemblance » entre organismes dans tout classement (systématique ou non), fondée sur des caractères partagés qui peuvent être de nature variée
 2. L'existence de trois écoles systématiques dans la deuxième moitié du XXe siècle
 - E. Les arbres de parenté, supports de la systématique phylogénétique**
 1. Nature et lecture des arbres phylogénétiques
 2. Monophylie, paraphylie et polyphylie
- II. Les caractères utilisés dans l'établissement des liens de parenté**
 - A. L'emploi de caractères homologues**
 1. L'homologie dans le cadre phylogénétique
 2. Les moyens de détecter l'homologie
 3. Cas de l'homologie moléculaire
 - B. La distinction des états primitifs et dérivés de caractères**
 1. Notions d'état primitif et dérivé de caractère
 2. Relativité des plésiomorphies et apomorphies
 3. Existence possible de multiples états dérivés
 - C. La nécessité d'évacuer les fausses homologies**
 1. Les analogies, ressemblances fonctionnelles rarement prises pour des homologies
 2. Les homoplasies, similitudes structurales ou embryologiques trompeuses
 3. Cas des données moléculaires : la difficulté de reconnaître les gènes orthologues
 - D. En guise de conclusion : une réflexion sur le statut de la ressemblance dans les classements d'organismes**
- III. Méthodes de construction et de validation des arbres phylogénétiques**
 - A. Construction d'arbres à partir de caractères polarisés : l'analyse cladistique**
 1. Principes de l'analyse cladistique
 2. Une méthode largement informatisée
 3. Les différentes étapes de la méthode
 - B. Construction d'arbres à partir de séquences nucléotidiques ou peptidiques : les phylogénies moléculaires**
 1. Intérêt des phylogénies moléculaires
 2. Grands principes communs aux phylogénies moléculaires
 3. Diversité des phylogénies moléculaires
 4. Difficultés transversales des approches moléculaires
 5. La phylogénie moléculaire à l'heure de la génomique
 - C. Des arbres hypothétiques et compilables**
 1. Des résultats toujours hypothétiques
 2. Une plausibilité des résultats vérifiable par des tests statistiques
 3. L'existence de conflits phylogénétiques
 - D. Utilisations et conséquences des résultats phylogénétiques**
 1. Aperçu de la diversité des applications des phylogénies de taxons
 2. D'autres emplois possibles des méthodes de reconstruction phylogénétique (*pour information*)

Bilans
Références
Plan du chapitre

Plan très simplifié (deux niveaux de plan)

Objectifs : extraits du programme

Introduction

- I. La systématique, discipline étudiant la diversité du vivant**
 - A. Nature et objectifs de la systématique**
 - B. Les taxons, objets d'étude de la systématique**
 - C. Les activités du systématicien**
 - D. Les modalités de classement et de classification des êtres vivants**
 - E. Les arbres de parenté, supports de la systématique phylogénétique**
- II. Les caractères utilisés dans l'établissement des liens de parenté**
 - A. L'emploi de caractères homologues**
 - B. La distinction des états primitifs et dérivés de caractères**
 - C. La nécessité d'évacuer les fausses homologies**
 - D. En guise de conclusion : une réflexion sur le statut de la ressemblance dans les classements d'organismes**
- III. Méthodes de construction et de validation des arbres phylogénétiques**
 - A. Construction d'arbres à partir de caractères polarisés : l'analyse cladistique**
 - B. Construction d'arbres à partir de séquences nucléotidiques ou peptidiques : les phylogénies moléculaires**
 - C. Des arbres hypothétiques et compilables**
 - D. Utilisations et conséquences des résultats phylogénétiques**

Bilans
Références
Plan du chapitre



T. JEAN (2024)