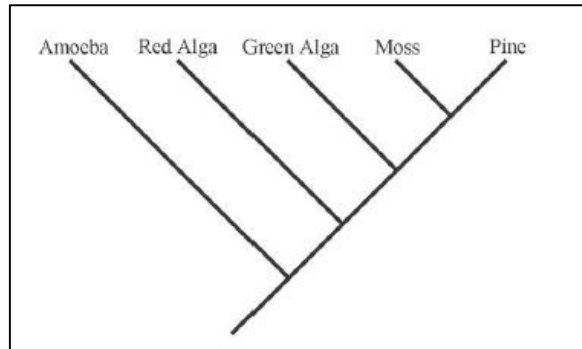


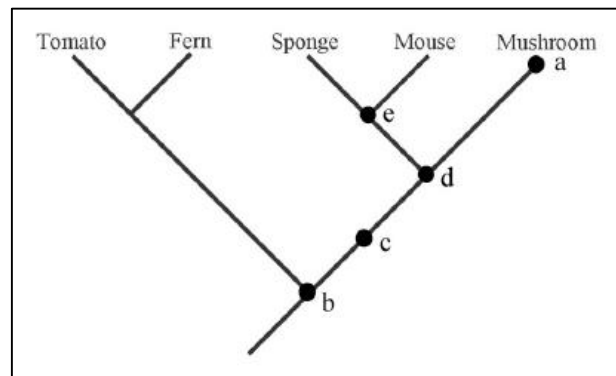
TD 1 Evolution Moléculaire

I. Analyse de cladogramme

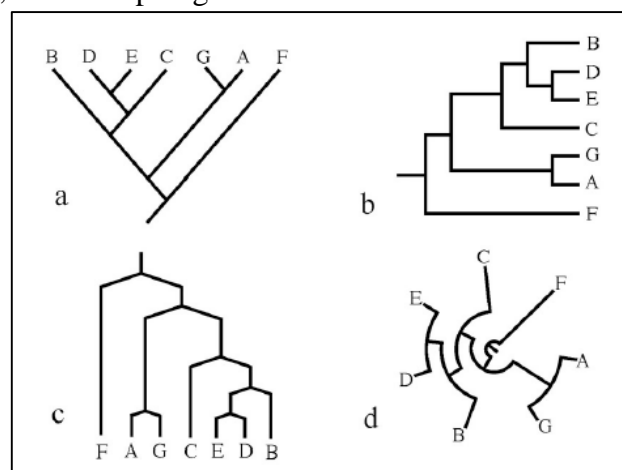
- En se référant à l'arbre ci-dessous, quelle est parmi les 4 propositions, celle qui est correcte ?
 - Une algue verte est plus étroitement apparentée à une algue rouge qu'à une mousse
 - Une algue verte est plus étroitement apparentée à une mousse qu'à une algue rouge
 - Une algue verte est autant apparentée à une algue rouge qu'à une mousse
 - Une algue verte est apparentée à une algue rouge mais pas à une mousse



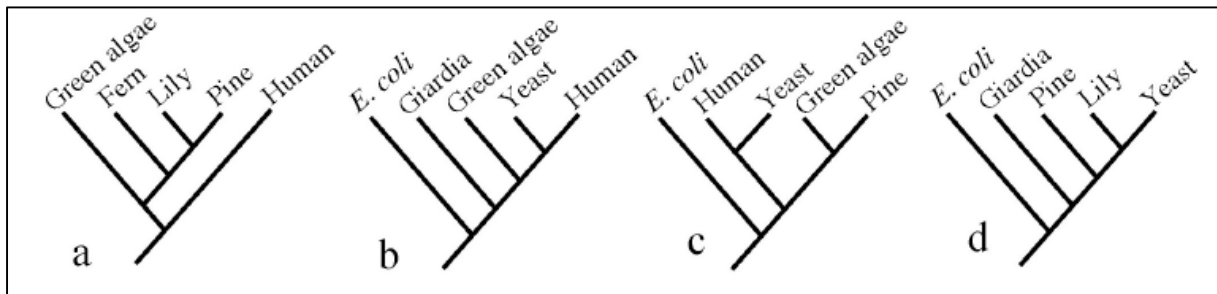
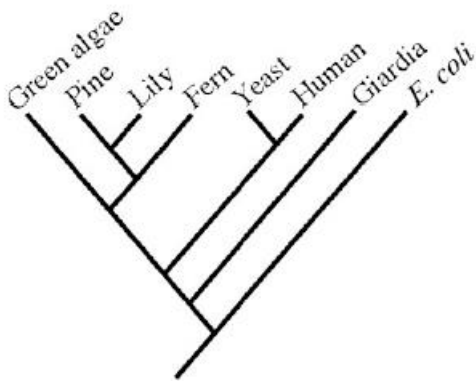
- Parmi les cinq nœuds annotés sur l'arbre ci-dessous, quel est celui qui correspond à l'ancêtre commun le plus récent entre l'éponge et le champignon ?



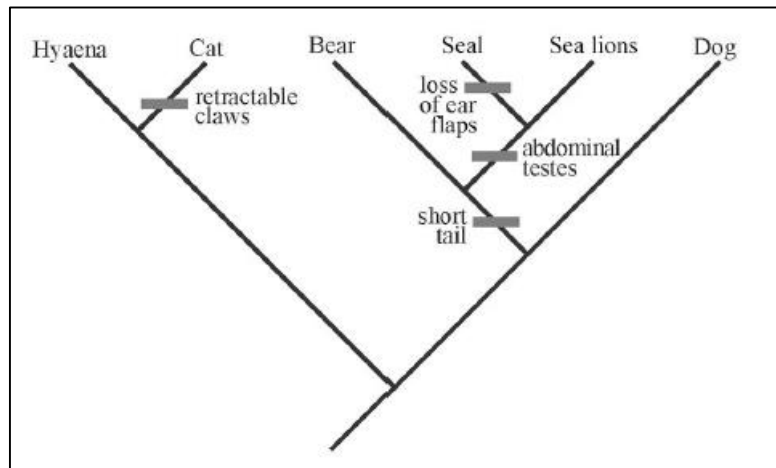
- Parmi les quatre arbres suivants, quel est celui qui décrit des relations de parenté différentes des trois autres, *i. e.*, dont la topologie est différente des trois autres.



4. Etant donné la phylogénie donnée par le premier arbre, quel est parmi les quatre arbres obtenus avec un nombre plus restreint d'espèces, celui dont la topologie n'est pas en accord avec le premier ?

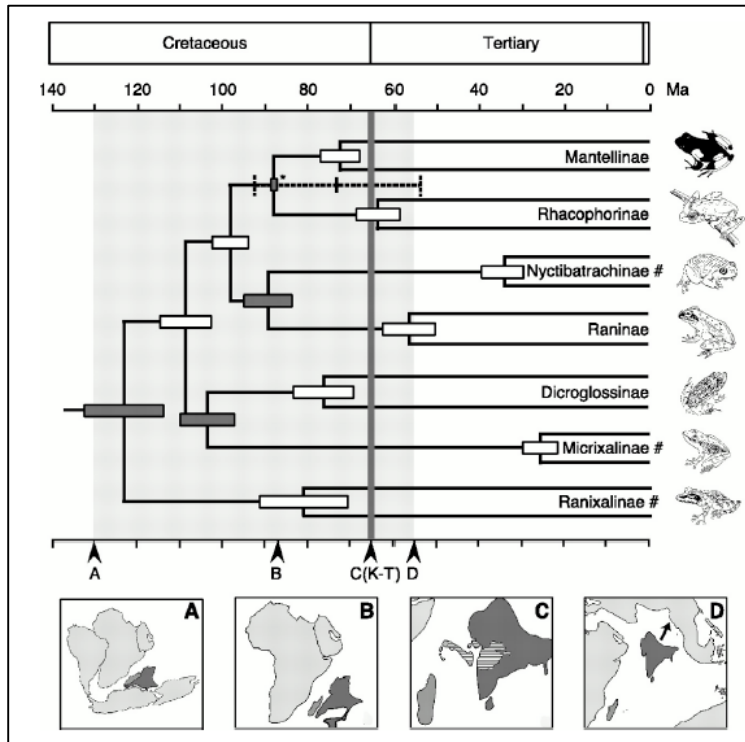


5. Dans l'arbre ci-dessous, nous allons supposer que l'ancêtre avait une longue queue, des oreilles tombantes, des testicules externes et des griffes fixes. En considérant que tous les changements évolutifs des états de ces caractères sont indiqués sur l'arbre, quels sont les états de caractère que va posséder le lion de mer ?



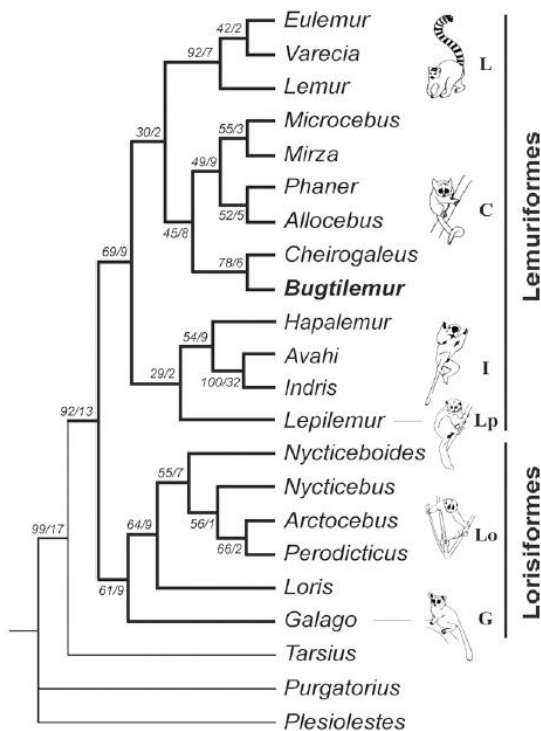
6. L'arbre suivant décrit les relations inférées parmi quelques groupes majeurs de grenouilles avec les branches dessinées proportionnelles au temps absolu. Les barres d'erreurs au niveau des nœuds internes indiquent les intervalles de confiance sur la datation des nœuds estimés. En supposant que l'arbre et les âges associés sont corrects, parmi les affirmations suivantes laquelle est vraie ?

- a) Aucun individu vivant avant 70 millions d'années n'était un ancêtre des Raninae
- b) Raninae et Dicroglossinae possédaient un ancêtre commun il y a environ 75 millions d'années
- c) La divergence entre les Raninae et des Nyctibatrachinae est plus récente que la séparation de l'Inde de Madagascar qui s'est produite il y a environ 85 million d'année (B)
- d) Le dernier ancêtre commun aux Micrixalinae et aux Dicroglossinae vivait avant la séparation de l'Inde de Madagascar (B, environ 85 millions d'années)



Extrait de Bossuyt and Milinkovitch (2001) Amphibians as indicators of early tertiary « out-of-India » dispersal of vertebrates. *Sciences* **292**, 93.

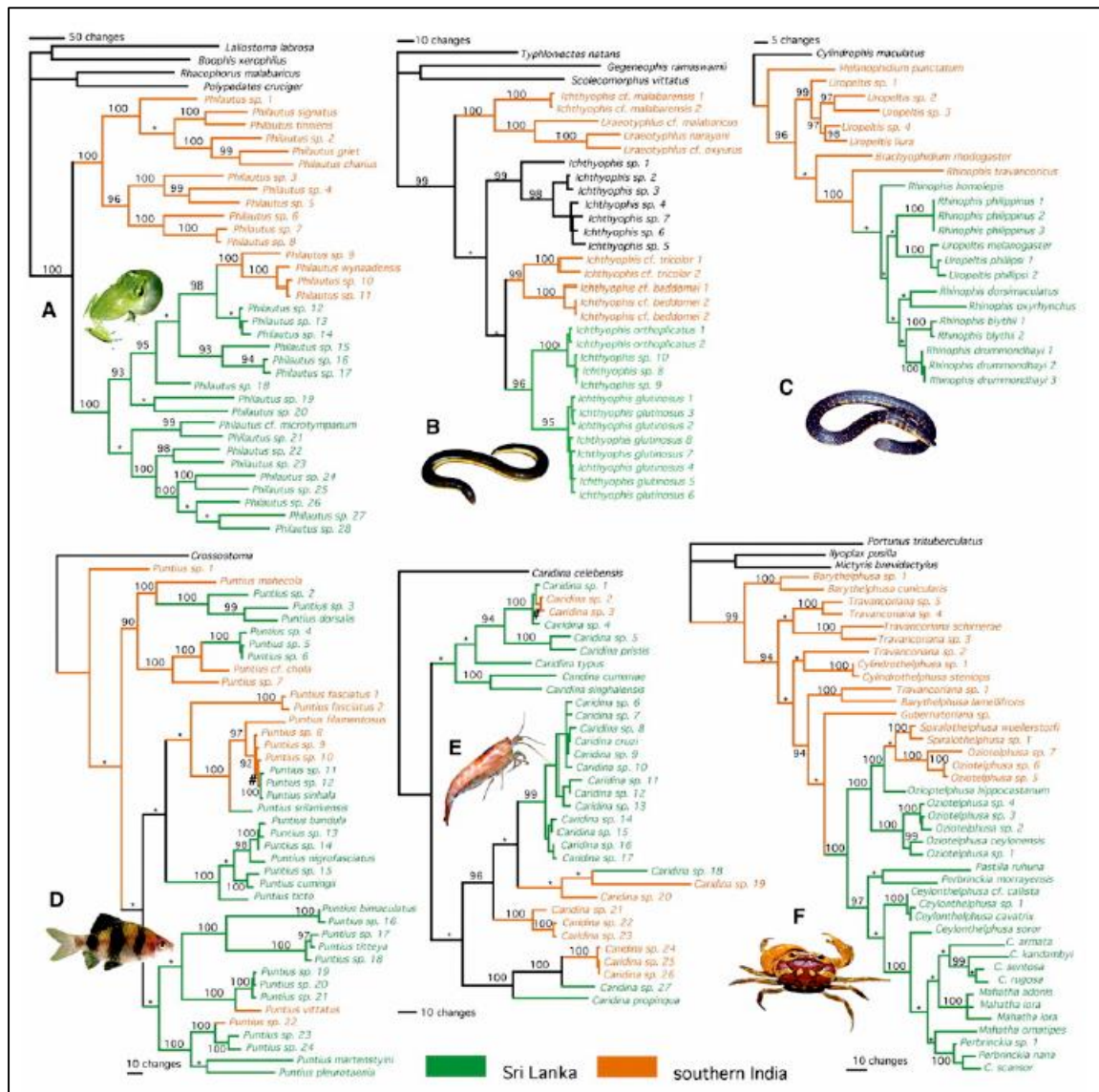
7. Les Lémuriformes sont actuellement restreints à Madagascar alors que les Lorisiformes sont



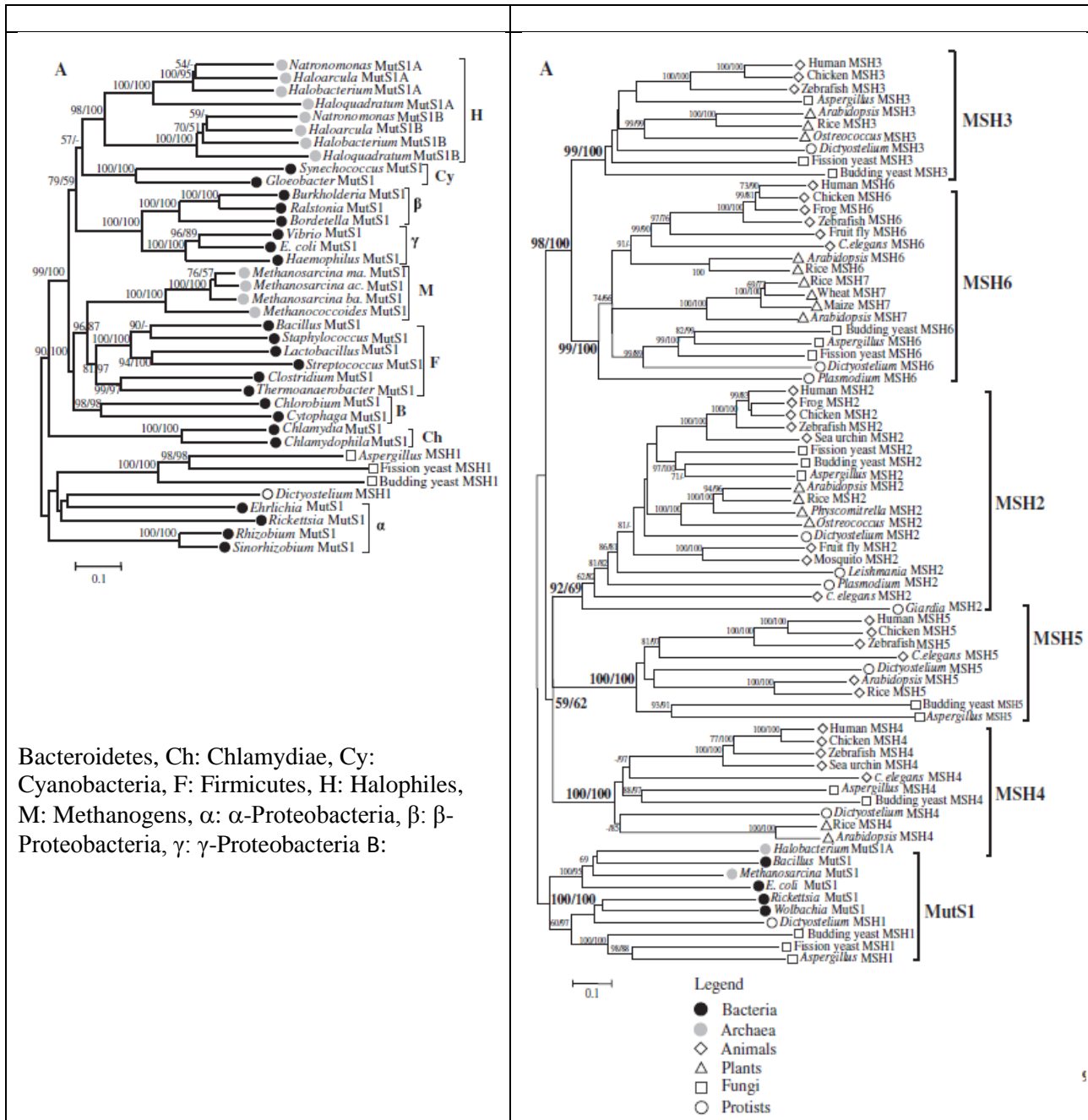
trouvés en Afrique et Asie mais pas à Madagascar et *Tarsius* en Asie. L'arbre ci-contre a été établi pour évaluer la relation de parenté d'un fossile, *Bugtilemur*, trouvé au Pakistan dans des dépôts vieux de 30 millions d'années. Le premier nombre sur les branches correspond au bootstrap, une mesure du support de la branche. Pour soutenir que *Bugtilemur* est plus étroitement apparenté aux Loriformes qu'aux Lémuriformes quelles sont les branches, identifiées par leur valeur de bootstrap, qui devraient être considérées comme incorrectes dans l'arbre ci-contre (nombre minimum de branches) ?

(Figure extraite de Marivaux *et al.* (2001) A fossil lemur from Oligocene of Pakistan. *Sciences* **294**, 587).

8. Les arbres pour six groupes différents d'organismes sont coloriés suivant que les espèces viennent d'Inde continentale (orange) ou de Sri Lanka (vert). En supposant que ces arbres et que les distributions géographiques ancestrales sont exactes, lesquels de ces arbres décrivent une seule migration du Sri Lanka vers le sud de l'Inde supportée par une valeur de bootstrap élevée ?



A) Grenouilles ; B) Céciliens (amphibien sans membre) ; C) Uropeltidae (famille de serpents trouvée dans le sud de l'Inde et le Sri Lanka) ; D) Poissons d'eau douce ; E) Crevettes d'eau douce et F) Crabes d'eau douce
 (Figure extraite de Bossuyt *et al.*, (2004) Local endemism within the Western Ghats-Sri Lanka biodiversity hotspot. *Science* **306**, 479)



(Figures extradites de Lin *et al.*, (2007) *Nucleic Acids Res.*, 1-13

Le gène MutS est impliqué dans la reconnaissance et la réparation des mésappariements au niveau de l'ADN introduit par la DNA polymérase lors de la division cellulaire. Le gène MutS possède de nombreux homologues au sein des génomes des différents organismes des trois domaines du vivant. Les deux arbres présentés ci-dessus s'intéressent aux relations de parenté entre les séquences protéiques de la sous-famille MutS1.

Les arbres ont été réalisés en utilisant deux méthodes de reconstruction, une méthode basée sur les distances (NJ) et une méthode basée sur le maximum de vraisemblance (PhyML). Seul l'arbre NJ est représenté. Les valeurs de bootstrap sont données pour la méthode NJ et la méthode PhyML. Un '- ' indique que soit la valeur du bootstrap est <50, soit une inconsistance de topologie entre les deux méthodes de reconstruction.

L'arbre de gauche représente l'évolution des gènes MutS1 de type procaryote et celui de droite l'évolution des gènes MutS1 chez les eucaryotes.

Par l'analyse de ces arbres, proposez un scénario évolutif de ce gène. On s'attachera à identifier de possible évènements de duplication et/ou de transferts horizontaux.