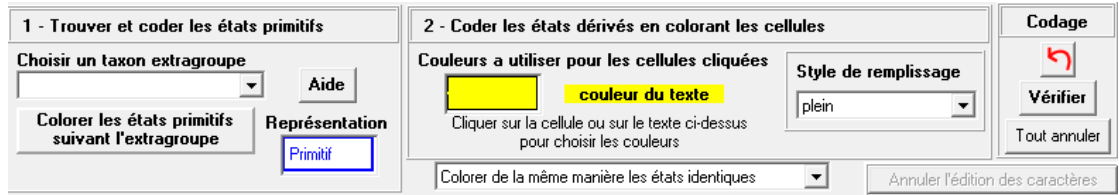
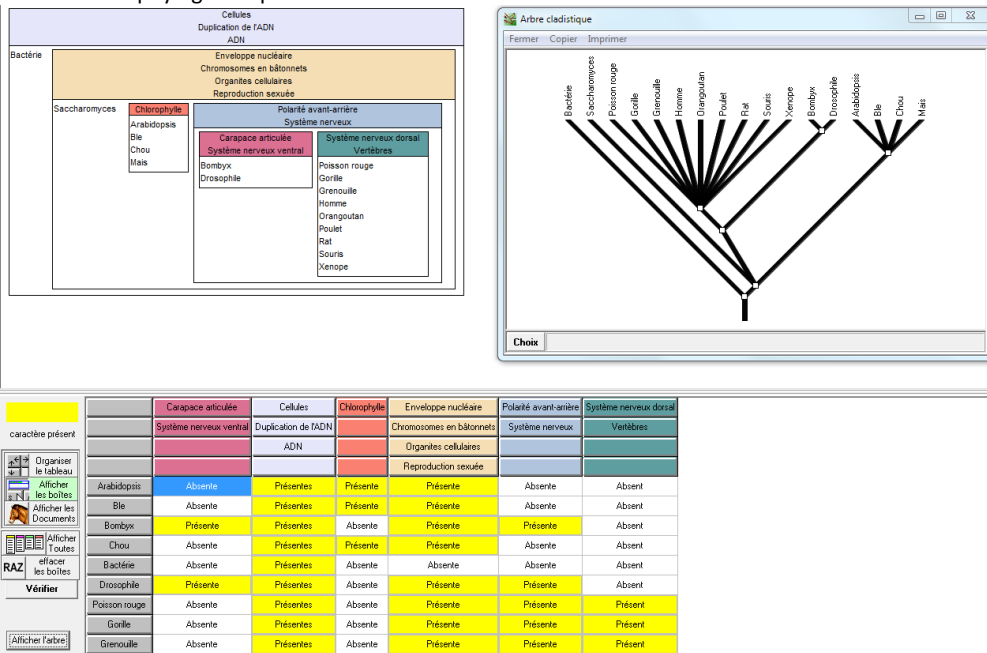


- Utilisez les fonctionnalités du logiciel pour polariser les états de caractères ou faire des groupes :

Si la commande « polariser » est disponible (selon les activités), elle permet de déterminer les états primitifs et dérivés : il faut d'abord choisir l'animal de référence (« extragroupe ») ne présentant aucun état dérivé parmi les caractères choisis (étape 1) puis cliquer sur « colorer les états primitifs suivant l'extragroupe ». Enfin, il faut sélectionner et colorer tous les états dérivés (utiliser la commande « colorer de la même manière les états identiques ») ; il peut y avoir plusieurs états dérivés pour un même caractère (choisir différentes couleurs). Terminez en vérifiant le codage.



Si la commande « classer » est disponible (selon les activités), elle permet de constituer des groupes emboîtés en fonction des caractères choisis et d'obtenir automatiquement un arbre phylogénétique.



- Vous pouvez maintenant construire un arbre phylogénétique.

• **Exemple de démarche simple : l'étude de données moléculaires et le calcul de distance génétique**

- Ouvrez la collection « Vertébrés-Lycée » comme indiqué ci-dessous :



- Ouvrez le fichier de molécules « myoglobine.aln » et complétez la matrice de distance génétique :

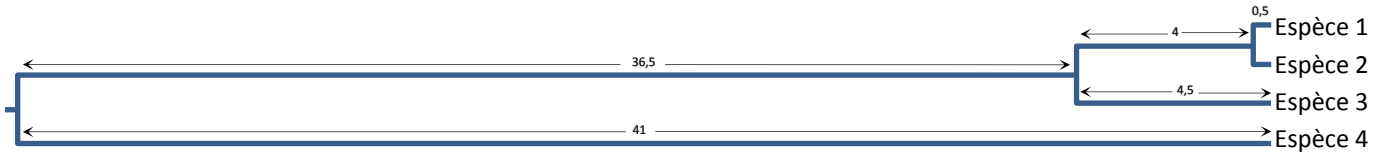
	Carpe	Dauphin	Chimpanze	Homme	Chien	Ornithorynque	Manchot	Requin
Carpe								
Dauphin								
Chimpanze								
Homme								
Chien								
Ornithorynque								
Manchot								
Requin								

La distance correspond au nombre d'acides aminés différents entre les protéines comparées.

Lorsqu'on étudie une matrice de distance génétique, il faut comprendre que des rapprochements doivent être faits de manière logique et avec suffisamment de recul par rapport aux valeurs : 78 et 71 acides aminés de différents pourront être considérés comme des valeurs similaires (différence de 9 % entre ces valeurs) alors que 8 acides aminés différents par rapport à un seul acide aminé différent devront être considérés comme des valeurs éloignées (87,5 % de différence entre ces valeurs).

Exemple :

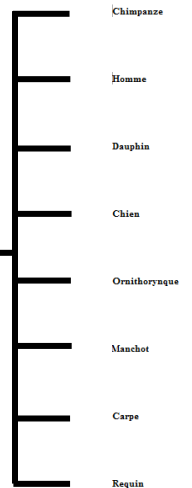
	Espèce 1	Espèce 2	Espèce 3	Espèce 4
Espèce 1	0	1	8	87
Espèce 2		0	9	79
Espèce 3			0	81
Espèce 4				0



Ce type d'arbre est appelé arbre UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)

- Utilisez les fonctionnalités du logiciel pour obtenir l'arbre UPGMA avec les distances génétiques affichées :

Comment compléter cet arbre UPGMA ?



- **Selon les activités, on peut dater les fossiles et la position des ancêtres communs lors de la réalisation d'arbres**

