

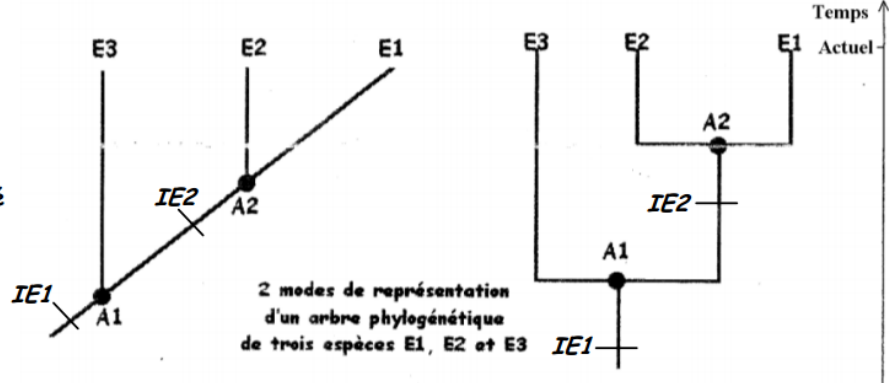
Rappel

Un **arbre phylogénétique** est une des figures qui traduit les relations de parenté entre un ensemble d'êtres vivants ou fossiles :

- Chaque nouvelle branche doit être justifiée par une **innovation évolutive** (apparition ou transformation d'un organe, d'une molécule...), apparue chez un organisme qui l'a transmis à tous ses descendants.
- Un nœud de l'arbre correspond à la population des derniers **ancêtres communs (hypothétiques)** à partir de laquelle ont émergé deux groupes différents par leurs caractéristiques.

Exemple théorique d'un arbre phylogénétique :

IE : Innovation évolutive = caractère dérivé



A1: Ancêtre commun à E1, E2, et E3
A2: Ancêtre commun à E1 et E2

*E1 et E2 ont un degré de parenté plus élevé entre eux qu'avec E3.
Ils partagent un ancêtre commun qui n'est pas partagé avec E3*