

Répondre aux questions suivantes.

Il sera fait le plus grand cas de la présentation, de l'orthographe et de la structure de la réponse (introduction, développement, conclusion).

Les réponses au sujet correspondant à chaque enseignant sont à rédiger sur des copies séparées. Le sujet a un recto et un verso.

1- La phylogénie des Archosaures reste un domaine sujet à débat. Rappelez ce qu'est un Archosaure et quelles sont les controverses au sujet de ce groupe.

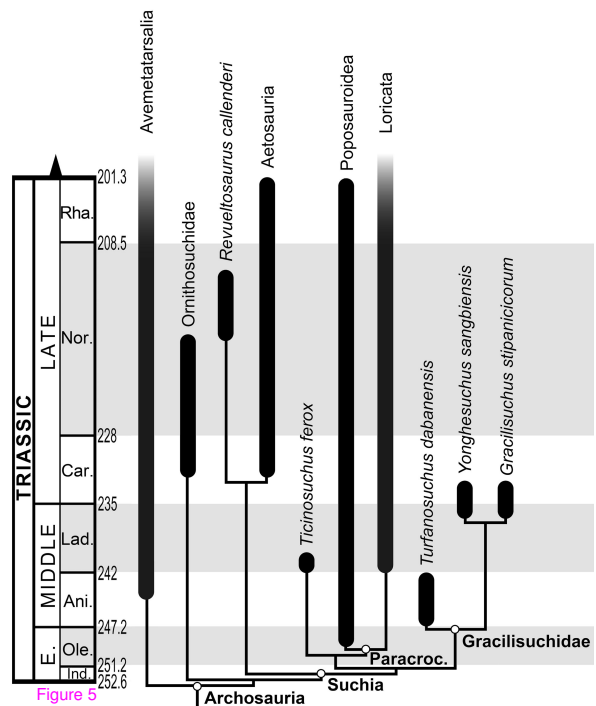
Une publication récente tente d'apporter de nouvelles données à ce débat :

Butler, R., Sullivan, C., Ezcurra, M., Liu, J., Lecuona, A., Sookias, R., 2014. New clade of enigmatic early archosaurs yields insights into early pseudosuchian phylogeny and the biogeography of the archosaur radiation. *BMC Evolutionary Biology* 14, 128.

Dans cette publication, la phylogénie suivante est publiée :

2- Seulement deux groupes passent la barrière du trias, les Avemetatarsalia et les Loricata. A quoi ces deux groupes doivent-ils correspondre dans la faune actuelle ?

3- Pensez-vous que ce travail résout les controverses qui peuvent exister sur ce groupe ? Qu'aurait-il fallu rajouter comme groupe taxonomique pour résoudre toutes les controverses sur ce groupe ?

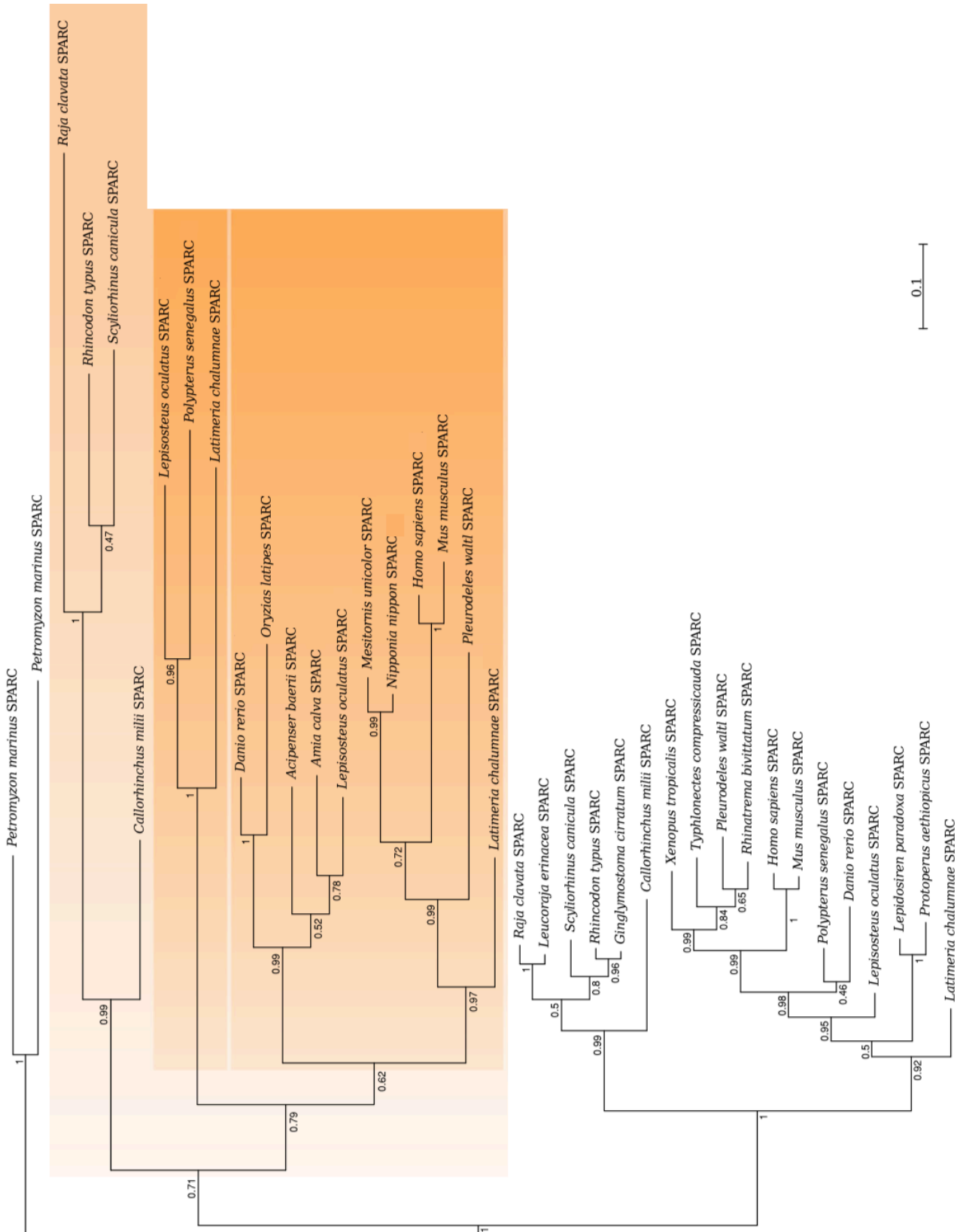


4- Un travail récent vient de résoudre un problème particulièrement complexe :

Enault, S., Munoz, D., Simion, P., Venteo, S., Sire, J.Y., Marcellini, S., Debiais-Thibaud, M., 2018. Evolution of dental tissue mineralization: an analysis of the jawed vertebrate SPARC and SPARC-L families. *BMC Evol Biol* 18, 127.

Sur la base de la phylogénie publiée, discutez de l'évolution des gènes SPARC chez les vertébrés. Pensez à discuter de l'enracinement de la phylogénie et de potentiels artéfacts de reconstruction.

Vous pouvez annoter la phylogénie de la page suivante et l'insérer dans votre copie en y reportant votre numéro d'anonymat.



Les valeurs aux nœuds indiquent quel est le support statistique du nœud. Plus la valeur est proche de 1, plus le nœud a une forte probabilité d'être réellement à cette position avec les séquences correspondantes formant un clade.