

5. Arbres phylogénétiques

- L'arbre des espèces
- L'arbre, objet abstrait
- Remplir un tableau de distances
- L'algorithme UPGMA
- **Quand les différences sont trompeuses**
- La diversité des algorithmes informatiques
- Les applications en microbiologie

	Séquence1	Séquence2	Nombre de substitutions observées	Nombre de substitutions réelles
Substitution unique	C	C → A	1	1
Substitutions multiples	A	A → C → T	1	2
Substitutions coïncidentes à la même position	C → A	G → C	1	2
Substitutions parallèles	T → A	T → A	0	2
Substitutions convergentes	C → T → A	C → A	0	3
Substitutions <i>reverse</i>	C → T → C	C	0	2

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACATCGTAATAGGTATATACGGTCA

	Séquence1	Séquence2	Nombre de substitutions observées	Nombre de substitutions réelles
Substitution unique	C	C → A	1	1
Substitutions multiples	A	A → C → T	1	2
Substitutions coïncidentes à la même position	C → A	G → C	1	2
Substitutions parallèles	T → A	T → A	0	2
Substitutions convergentes	C → T → A	C → A	0	3
Substitutions <i>reverse</i>	C → T → C	C	0	2

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACATCGTACTCGGTATATACGGTCA

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACATCGTA**T**TCGGTATATACGGTCA

	Séquence1	Séquence2	Nombre de substitutions observées	Nombre de substitutions réelles
Substitution unique	C	C → A	1	1
Substitutions multiples	A	A → C → T	1	2
Substitutions coïncidentes à la même position	C → A	G → C	1	2
Substitutions parallèles	T → A	T → A	0	2
Substitutions convergentes	C → T → A	C → A	0	3
Substitutions <i>reverse</i>	C → T → C	C	0	2

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACGGGGTTCGCGGTACGTACGGTCA

AACATAGTAATCGGTATATACGGTCA
AACGGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

	Séquence1	Séquence2	Nombre de substitutions observées	Nombre de substitutions réelles
Substitution unique	C	C → A	1	1
Substitutions multiples	A	A → C → T	1	2
Substitutions coïncidentes à la même position	C → A	G → C	1	2
Substitutions parallèles	T → A	T → A	0	2
Substitutions convergentes	C → T → A	C → A	0	3
Substitutions <i>reverse</i>	C → T → C	C	0	2

AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA
AACATCGTAATCGGTATATACGGTCA

AACAACGTAATCGGTATATACGGTCA
AACAACGTAATCGGTATATACGGTCA

	Séquence1	Séquence2	Nombre de substitutions observées	Nombre de substitutions réelles
Substitution unique	C	C → A	1	1
Substitutions multiples	A	A → C → T	1	2
Substitutions coïncidentes à la même position	C → A	G → C	1	2
Substitutions parallèles	T → A	T → A	0	2
Substitutions convergentes	C → T → A	C → A	0	3
Substitutions <i>reverse</i>	C → T → C	C	0	2

AACATAGTAATCGGTATATACGGTCA
AACGGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

AA**T**ATAGTAATCGGTATATACGGTCA
AACGGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

AA**A**ATAGTAATCGGTATATACGGTCA
AA**A**GGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

	Séquence1	Séquence2	Nombre de substitutions observées	Nombre de substitutions réelles
Substitution unique	C	C → A	1	1
Substitutions multiples	A	A → C → T	1	2
Substitutions coïncidentes à la même position	C → A	G → C	1	2
Substitutions parallèles	T → A	T → A	0	2
Substitutions convergentes	C → T → A	C → A	0	3
Substitutions <i>reverse</i>	C → T → C	C	0	2

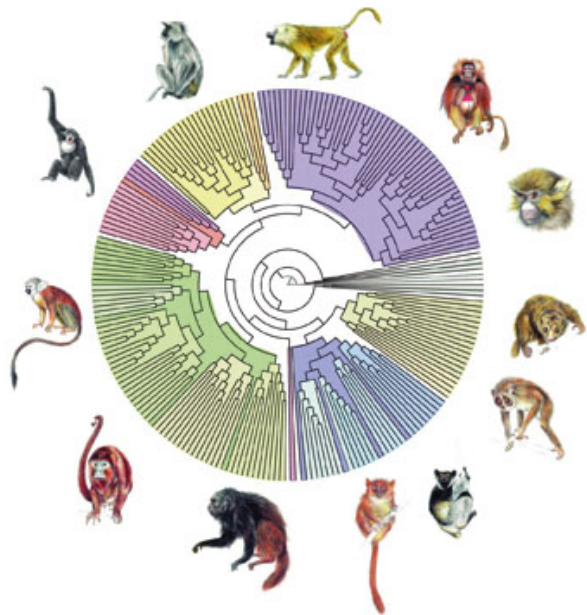
AACATAGTAATCGGTATATACGGTCA
AACGGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

AACATAGTAATCGGTATATA**T**GGTCA
AACGGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

AACATAGTAATCGGTATATACGGTCA
AACGGCGTTCGCGGTACGTACGGTCA

Des méthodes plus pertinentes sont nécessaires

- D'autres méthodes utilisant les distances
 - NJ (Neighbor-Joining)
 - Corrections
- Parcimonie
- Maximum de vraisemblance



Illustrations & photos : crédits

p.24 : Droits réservés