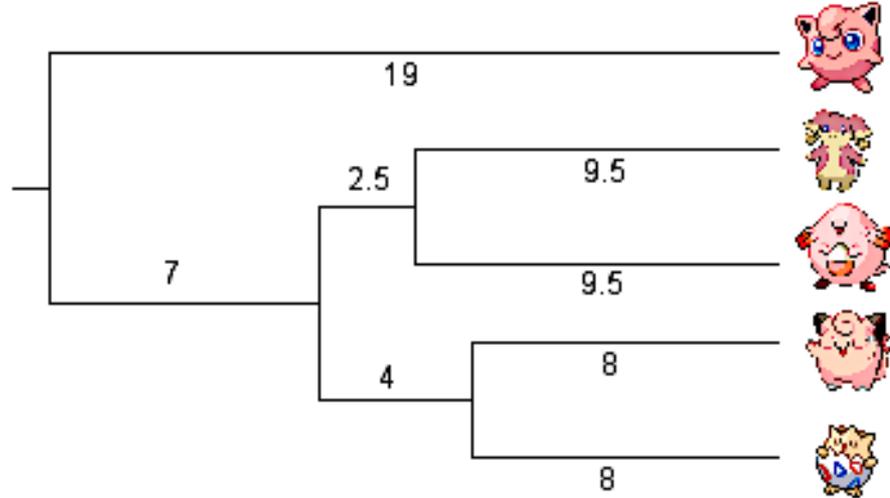


Travaux dirigés : classification

$$\begin{matrix}
 & R & NLMT \\
 R & & \\
 NLMT & \begin{bmatrix} 0 & 37.75 \\ 37.75 & 0 \end{bmatrix}
 \end{matrix}$$

$$\begin{matrix}
 & RNLMT \\
 RNLMT & [0]
 \end{matrix}$$



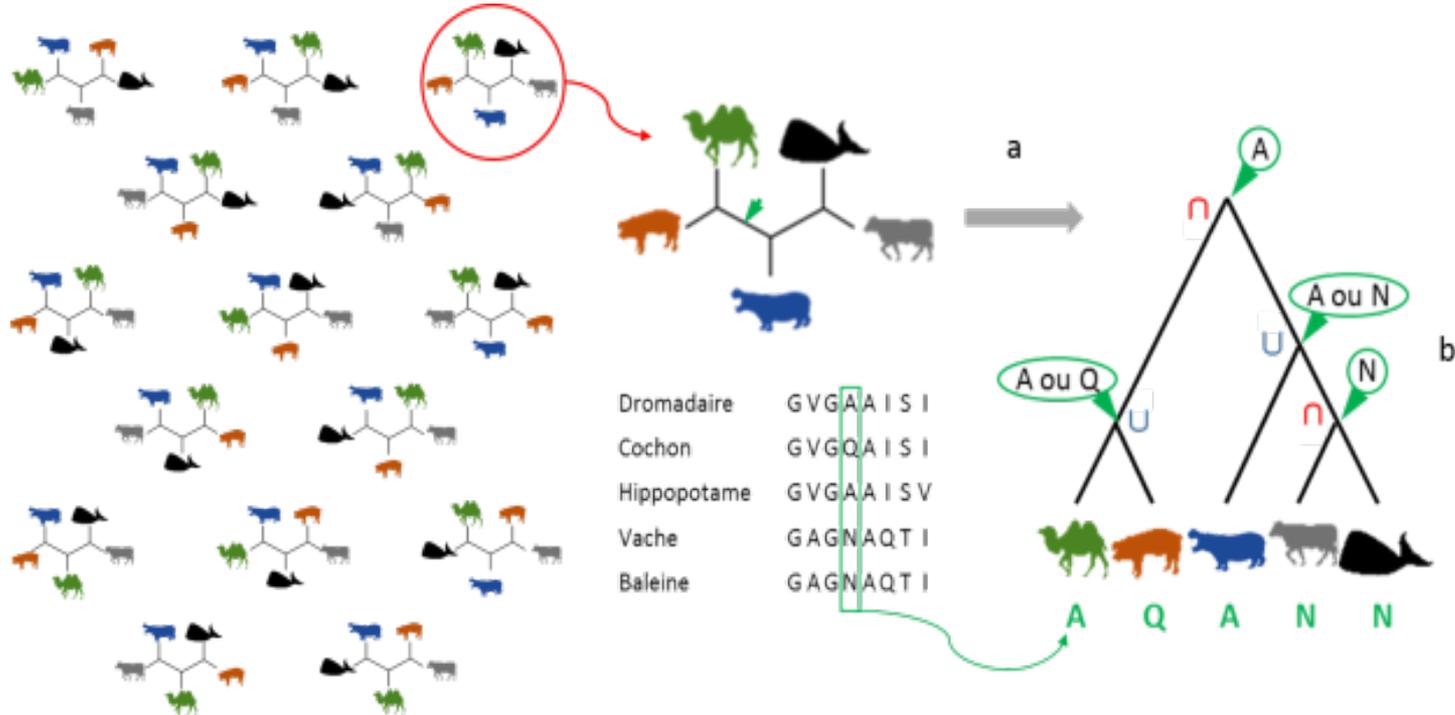
La classification phylogénétique a été appliquée aux Pokémon

1. Construction des cladogrammes : application du principe de parcimonie

1.1. Le principe de parcimonie

Le principe de parcimonie

Algorithme de Fitch permettant de trouver l'arbre le plus économe en transformations



1. Construction des cladogrammes : application du principe de parcimonie

1.2. La construction d'un arbre

Construction d'une matrice de caractères

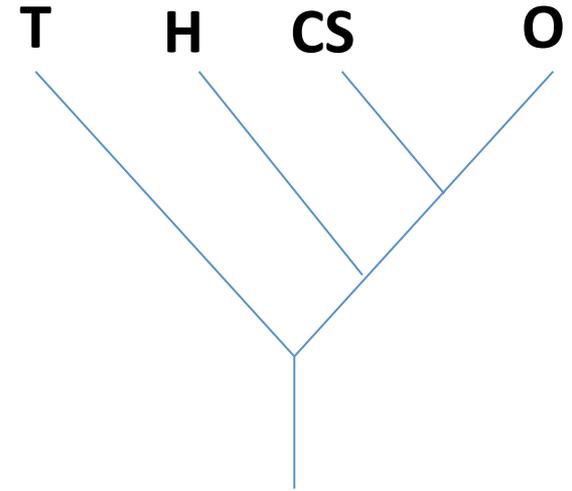
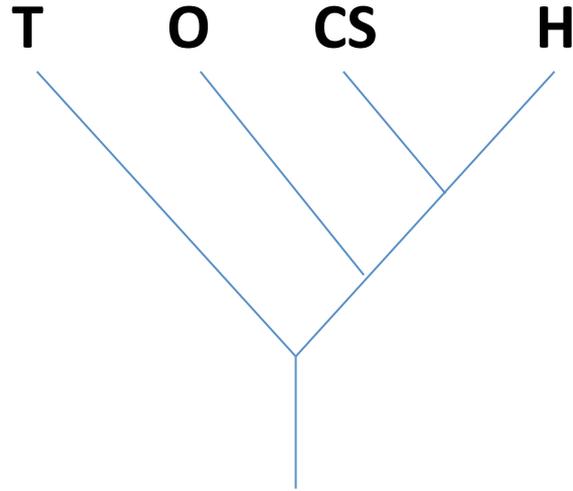
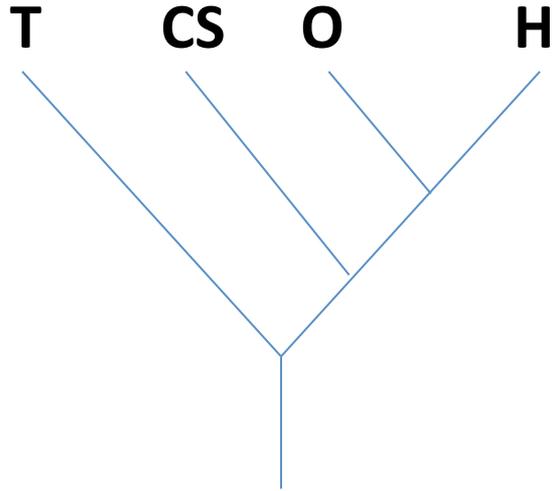
	Homme	Chauve-souris	Oie	Truite
mâchoires				
membres				
dents				
mandibule (1 seul os)				
réserves de l'œuf				
ailes				

Construction d'une matrice de caractères

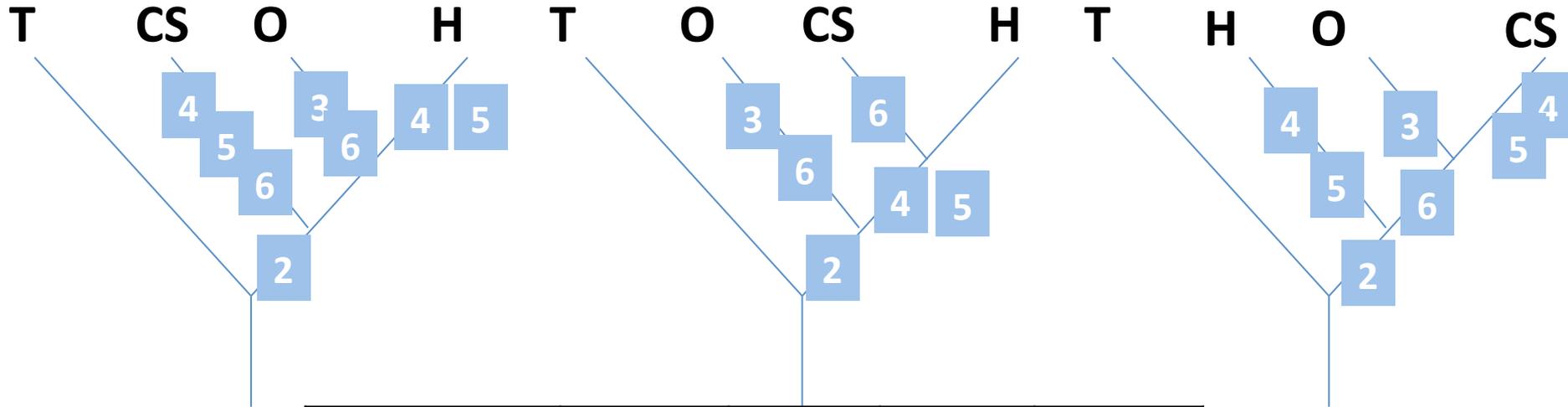
	Homme	Chauve-souris	Oie	Truite
Non informatif mâchoires	0	0	0	0
membres	1	1	1	0
dents	0	0	1	0
mandibule (1 seul os)	1	1	0	0
réserves de l'œuf	1	1	0	0
ailles	0	1	1	0

Extra-
groupe

Construction des arbres possibles

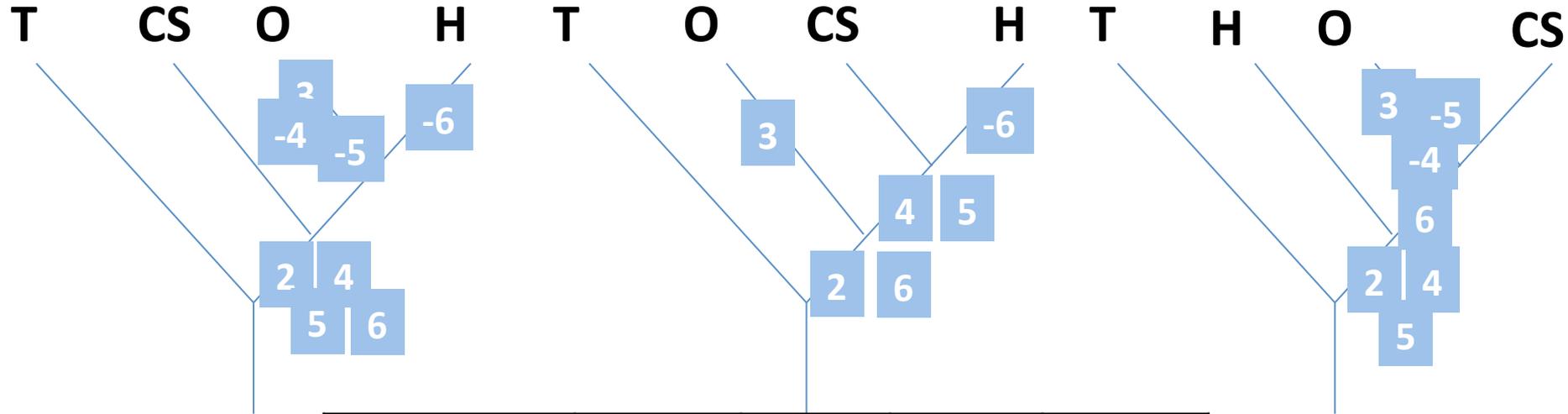


Construction des arbres sans réversions



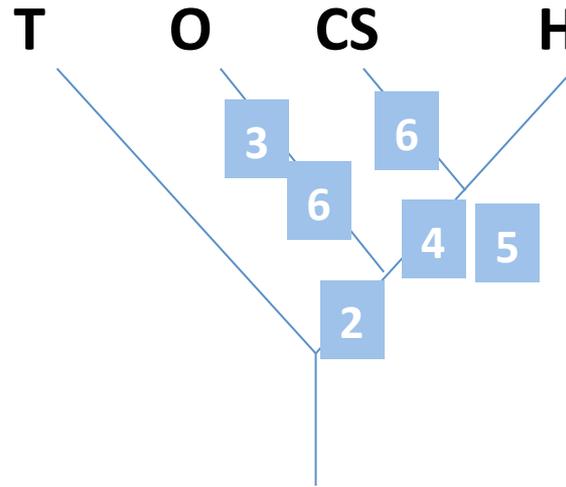
	Homme	Chauve-souris	Oie	Truite
1.mâchoires	0	0	0	0
2.membres	1	1	1	0
3.dents	0	0	1	0
4.mandibule	1	1	0	0
5.réserves	1	1	0	0
6.ails	0	1	1	0

Construction des arbres avec réversions



	Homme	Chauve-souris	Oie	Truite
1.mâchoires	0	0	0	0
2.membres	1	1	1	0
3.dents	0	0	1	0
4.mandibule	1	1	0	0
5.réserves	1	1	0	0
6.ails	0	1	1	0

Choix de l'arbre le plus probable



L'absence de réserve est une **synapomorphie** pour l'homme et la chauve-souris.

Les ailes de l'oie et de la chauve-souris témoignent d'une **homoplasie** fonctionnelle = **analogie**

1. Construction des cladogrammes : application du principe de parcimonie

1.3. Exercices d'application

Exercice 1

	Symétrie bilatérale	Axe rigide	Cavité digestive	Vertèbres
Éponge à crevette	0	0	0	0
Méduse <i>Pelagia</i>	0	0	1	0
Homme	1	1	1	1
Amphioxus	1	1	1	0

Exercice 1

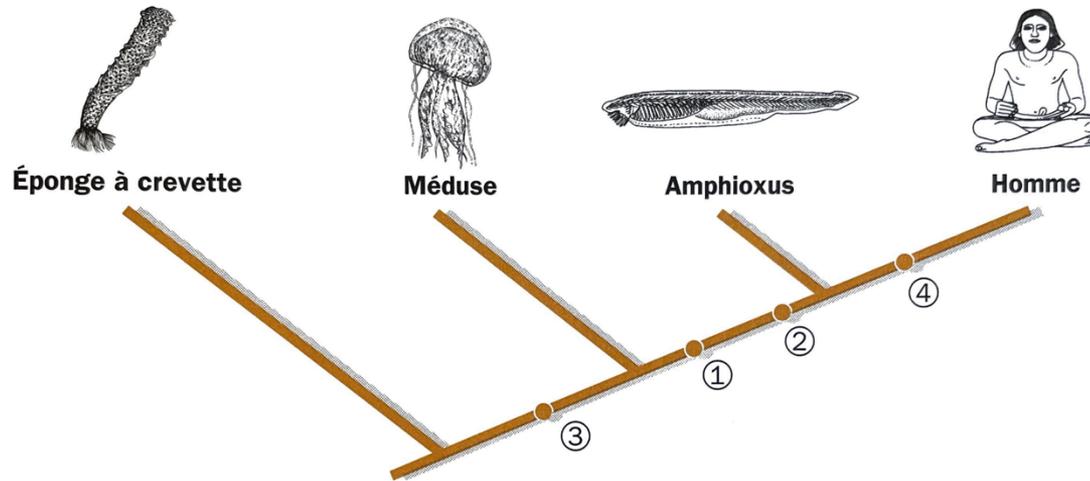


Fig. 9.1. La paraphylie des invertébrés (1). Arbre exprimant les relations de parenté entre une méduse (*Pelagia noctiluca*), l'homme et l'amphioxus (extra-groupe: éponge à crevettes). Il implique 4 hypothèses de transformation. Les deux arbres non retenus en vertu du principe de parcimonie en impliquent chacun 6. Hypothèses de transformation: symétrie bilatérale (1); présence d'une corde (2); présence d'une cavité digestive différenciée (3); présence de vertèbres (4).

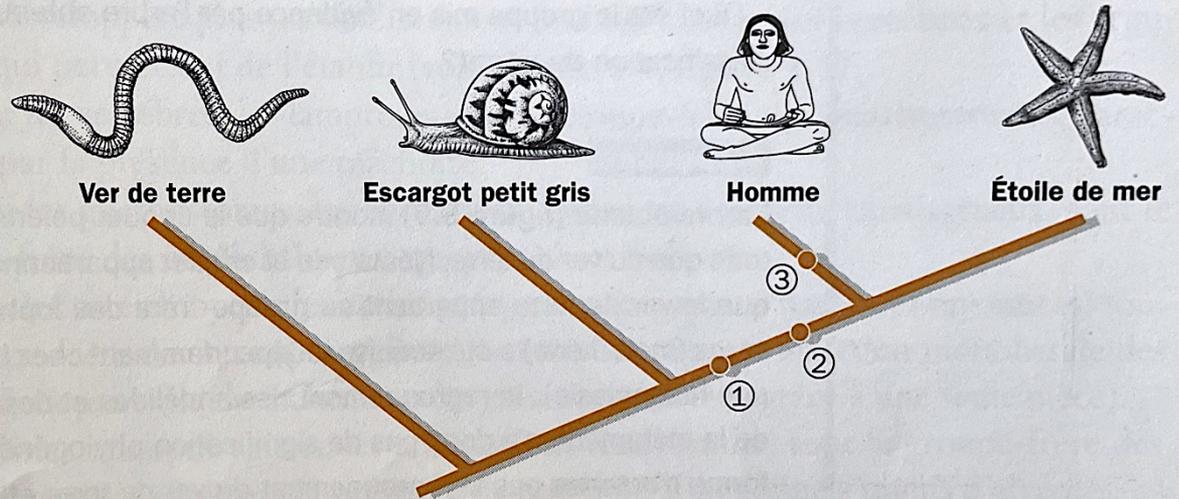
Exercice 2

	Devenir du premier pore embryonnaire	Mode de formation du coelome	Vertèbres
Escargot petit gris	0	0	0
Lombric = extra-groupe	0	0	0
Homme	1	1	1
Étoile de mer	1	1	0

Exercice 2

L'arbre obtenu (**figure 9.8**) montre que l'étoile de mer («invertébré») est plus proche parente de l'homme que d'un autre «invertébré», l'escargot: homme et étoile de mer sont des deutérostomiens, alors que l'escargot appartient au groupe-frère des protostomiens.

Fig. 9.8. La paraphylie des invertébrés (2). Arbre exprimant les relations de parenté entre l'escargot petit gris, l'homme et l'étoile de mer (extra-groupe: le ver de terre). Il implique 3 hypothèses de transformation. Les deux arbres non retenus en vertu du principe de parcimonie en impliquent chacun 5. Hypothèses de transformation: le premier pore de l'embryon est à l'origine de l'anus (1); formation du coelome par entérocoelie (2); présence de vertèbres (3).



Exercice 3

	Poumons alvéolés	Insertion des appendices pairs	Nageoires impaires	Os vrai
Requin- taupe (EG)	0	0	0	0
Thon	0	0	0	1
Vache	1	1	1	1
Dipneuste	1	1	0	1

Exercice 3

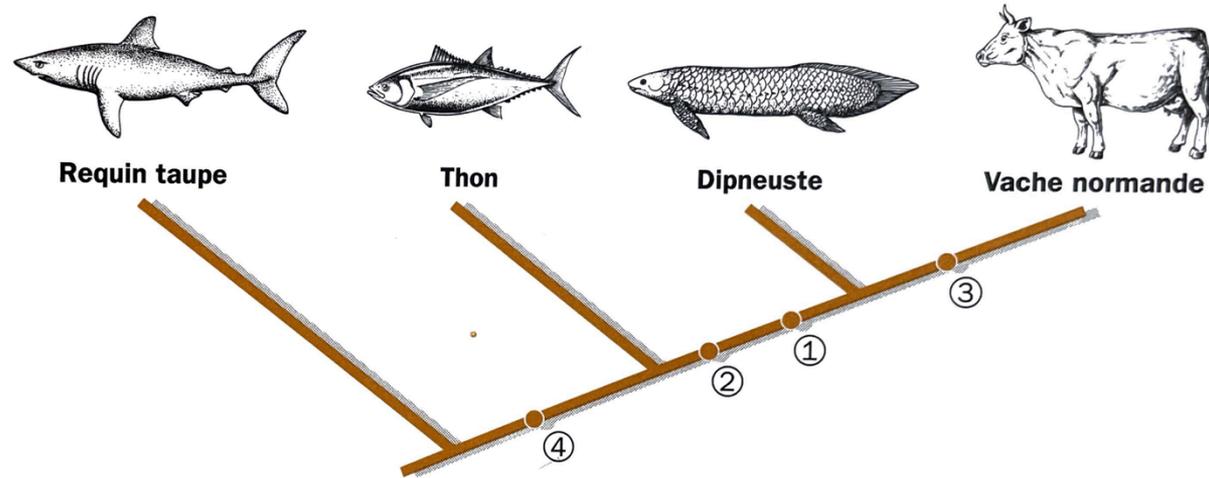


Fig. 9.10. La paraphylie des poissons. Arbre exprimant les relations de parenté entre le thon, le dipneuste et la vache normande (extra-groupe: le requin taupe). Il implique 4 hypothèses de transformation. Les arbres non retenus en vertu du principe de parcimonie en impliquent 6 chacun. Hypothèses de transformation: poumons alvéolés fonctionnels (1); appendices pairs à insertion monobasale (2); perte des nageoires impaires (3); présence d'os vrai (4).

Exercice 4

	Feuilles	Forme de dissémination	Fleur	Adaptation au milieu aquatique
Lycopode (EG)	0	0	0	0
<i>Marsilia quadrifolia</i> Fougère aquatique	1	0	0	1
Pommier	1	1	1	0
Plantain d'eau	1	1	1	1

Exercice 4

Réponses

L'arbre obtenu (**figure 9.14**) montre que le groupe des angiospermes (plantes à fleur) et celui des spermatophytes sont monophylétiques. En revanche, l'adaptation au milieu aquatique du plantain d'eau (angiosperme) et de *Marsilea quadrifolia* (filicophyte) est une homplasie.

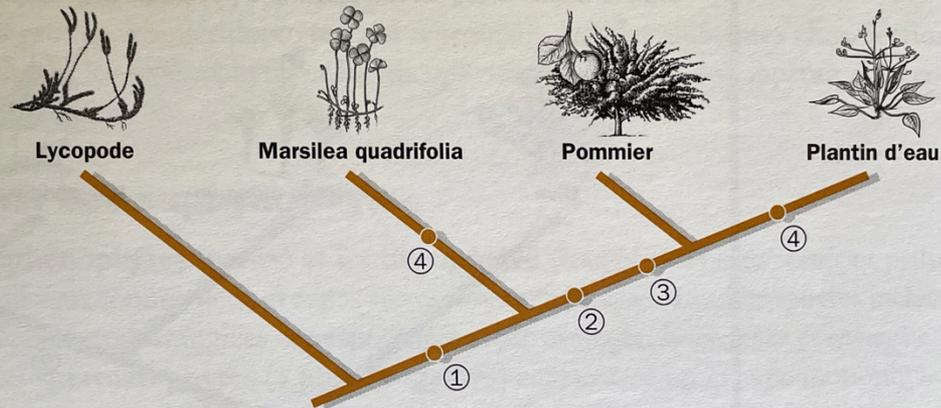


Fig. 9.14. La monophylie des angiospermes et des spermatophytes. Arbre exprimant les relations de parenté entre *Marsilea quadrifolia*, le plantain d'eau et le pommier (extra-groupe : le lycopode). Il implique 5 hypothèses de transformation. Les deux arbres non retenus en vertu du principe de parcimonie en impliquent respectivement 6 et 7. Hypothèses de transformation : vascularisation des feuilles importante et ramifiée (1); la forme de dissémination est la graine (2); présence de fleurs (3); plante aquatique (4).

2. Construction des phénogrammes : quantification de la ressemblance

2.1. Analyse de séquences de gènes

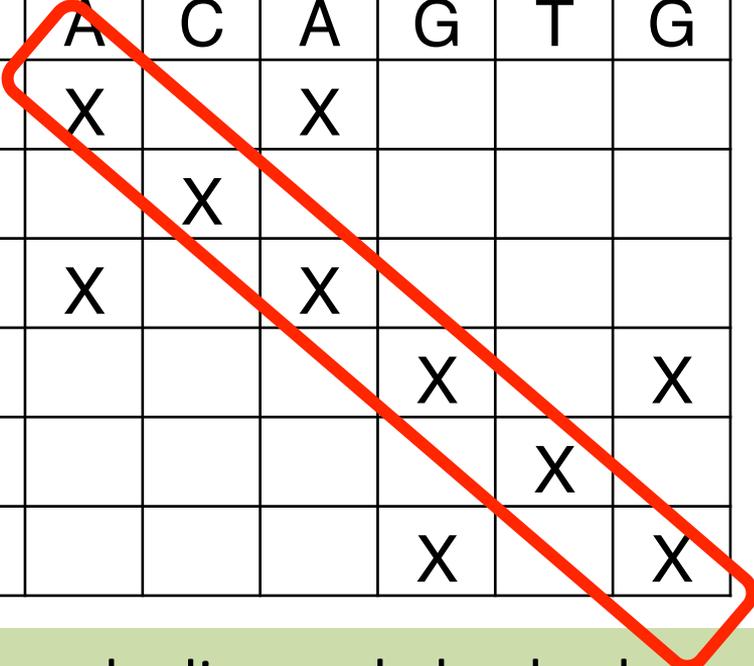
L'alignement de séquences

Méthode du dot plot

	A	C	A	G	T	G
A	X		X			
C		X				
A	X		X			
G				X		X
T					X	
G				X		X

1) Pointer les identités

	A	C	A	G	T	G
A	X		X			
C		X				
A	X		X			
G				X		X
T					X	
G				X		X



2) Trouver la diagonale la plus longue

Cas des substitutions ou insertions-délétions

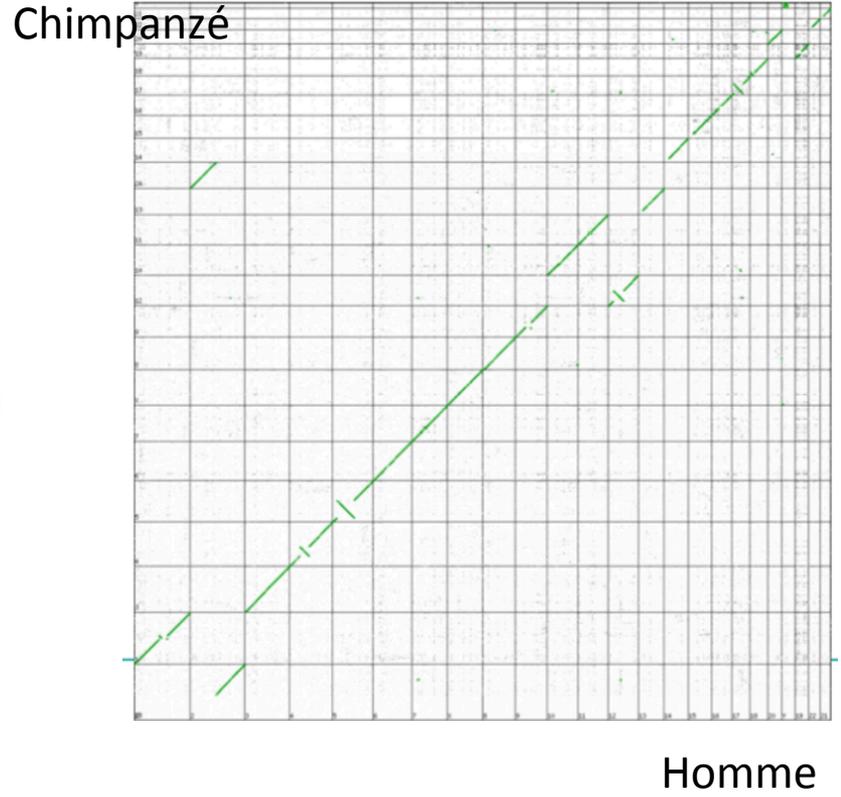
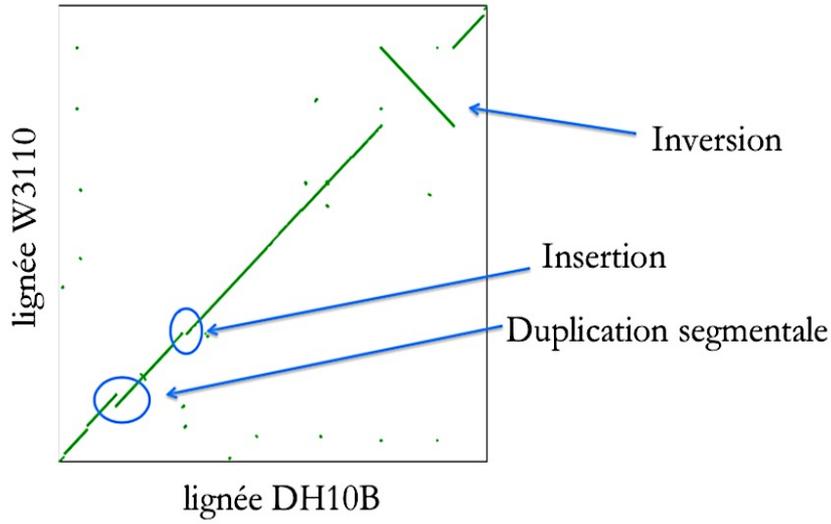
	A	C	A	G	T	G
A	X		X			
C		X				
A	X		X			
G				X		X
C		X				
G				X		X

un « trou » = une substitution

	A	C	A	T	G
A	X		X		
C		X			
A	X		X		
G					X
T				X	
G					X

un décalage = une insertion
ou une délétion

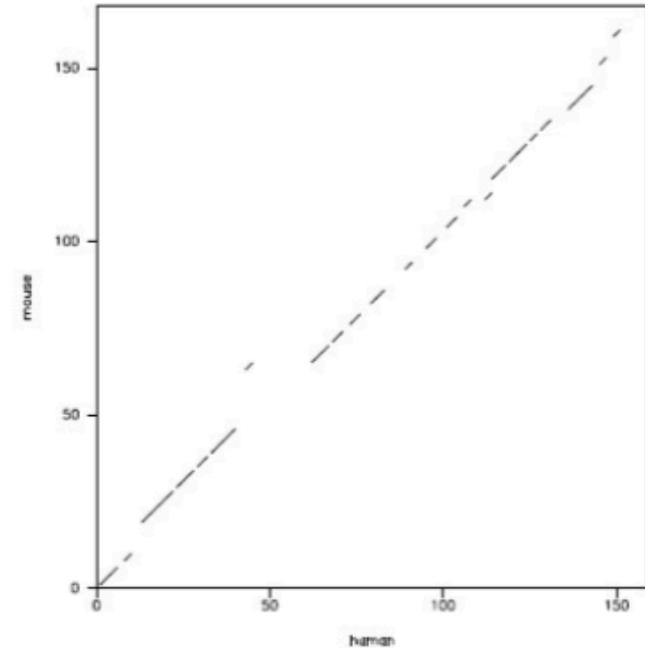
Exemples réels



Moins de bruits de fond avec des acides aminés

Protéine Hsp bêta 9

human	1	MQRVGN	TFS-----	NESRVASRCPSVGLAERNRVATMPVRLLRDSPA	AAQ	
			: :	. :	:	: . . .
mouse	1	MQRVGS	SFSTGQRE	PGENRVASRCPSVALAERNQVATLPVRLLRDE	---V	
human	45	EDNDHARD	GFQMKLDA	HGFAPPEELVVQVDGQWLMVTGQQQLDVRDPER	V	
		:	: :	:	:	:
mouse	48	QGNGCE	QPSFQIKV	DAQGFAPEDLVVRIDGQNLTVTGQRQHE	SNDPSRGR	
human	95	YRMSQKV	VHRKM-L	PSNLSPTAMTCCLTPSGQLWVRGQCVALALPEA	QTG	
		.	:	:	:	:
mouse	98	YRMEQSV	HRRMQMLP	PPTLPAAMTCSLTPSGHLWLRGQNKCLPPPEA	QTGQ	
human	144	S--PRL	GSLGSKAS	NLTR-----	159	
			: : 			
mouse	148	SQKPRR	G--GPKSSL	QNESVKNP	168	



Exercice

	G	A	T	C	T	A	C
G							
T							
T							
C							
C							
T							
A							
C							

Exercice

	G	A	T	C	T	A	C
G	X						
T			X		X		
T			X		X		
C				X			X
C				X			X
T			X		X		
A		X				X	
C				X			X

GATC-TAC
G**T**TCCTAC

ou

GAT-CTAC
G**T**TCCTAC

Le calcul de score

En comparant les séquences, on rencontre 3 événements :

- identités des nucléotides = correspondance = match : score = +2
- nucléotides différents = substitution = mismatch : score = 0 (ou - 1)
- insertion ou délétion = indel : score = - 2

L'alignement le plus probable possède le score total le plus élevé.

Exemple : calcul de l'alignement de ces deux séquences :

A	A	C	G	T	A	C	G	A	T	A	
A	-	C	G	T	A	-	A	A	G	A	
2	-2	2	2	2	2	-2	0	2	0	2	= 10

Exercice

	A	C	G	G	C	T	A	T
A	X						X	
C		X			X			
T						X		X
G			X	X				
T						X		X
A	X						X	
T						X		X

A C G G C T A T

I I I I I I I I I

A C T G - T A T

A C - G G C T A T

I I I I I I I I I

A C T G - - T A T

Exercice

A C G G C T A T
 | | | |
 A C T G - T A T

Score = + 2 + 2 + 0 + 2 - 2 + 2 + 2 + 2 = 10
 => Le plus probable

A C - G G C T A T
 | | | |
 A C T G - - T A T

Score = + 2 + 2 - 2 + 2 - 2 - 2 + 2 + 2 + 2 = 6

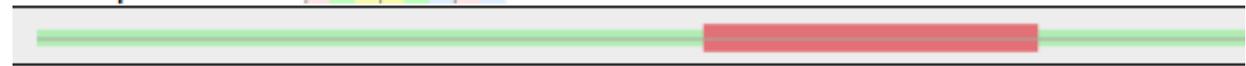
Exercice

Séquences alignées *un _ représente un gap (absence d'un nucléotide)*

* * . * . * * *

5
|

Séquence 2 A C T G _ T A T
séquence 1 A C G G C T A T



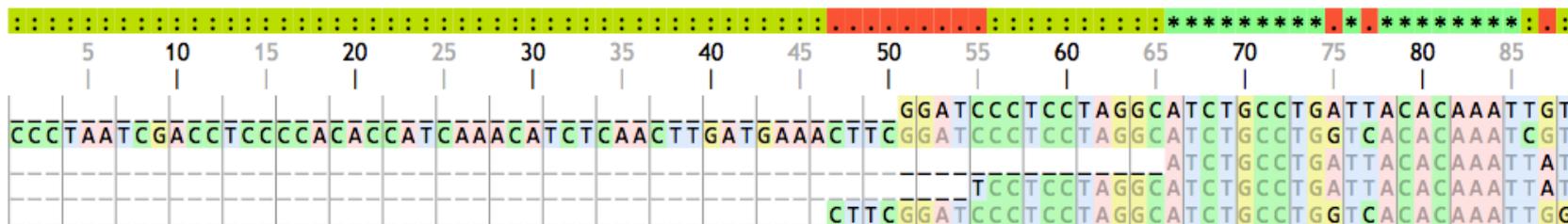
Les matrices de distance sous Genieen2

Comparaison des séquences du gène du cytochrome B de 5 espèces de Pouillots



Séquences alignées

un _ représente un gap (absence d'un nucléotide)



Les matrices de distance sous Genieen2

Tableau de comparaison

en % identités noms complets

Matrice de distance :

(pourcentage de différences)

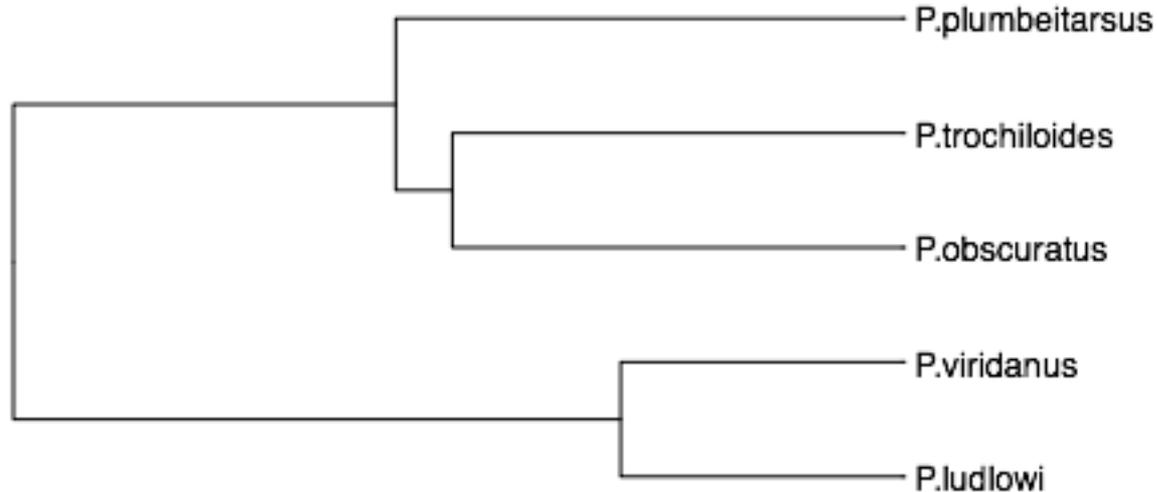
	<i>P.plumbeitarsus</i>	<i>P.viridanus</i>	<i>P.trochiloides</i>	<i>P.obscuratus</i>	<i>P.ludlowi</i>
<i>P.plumbeitarsus</i>	0	5,61	3,21	2,7	6,17
<i>P.viridanus</i>	5,61	0	5,07	4,81	1,64
<i>P.trochiloides</i>	3,21	5,07	0	2,63	5,38
<i>P.obscuratus</i>	2,7	4,81	2,63	0	5,09
<i>P.ludlowi</i>	6,17	1,64	5,38	5,09	0

Identité globale : 90,77 %

Le pourcentage de différences est calculé en divisant le nombre de différences (mismatches et gap non partagés entre les 2 séquences) par la longueur de l'alignement.

Les gaps communs aux 2 séquences sont décomptés de cette longueur, ainsi que les gaps consécutifs qui ne sont comptabilisés qu'une seule fois.

Le phénogramme construit par Genieen2



Le phénogramme n'indique pas la proximité des OTU.

2. Construction des phénogrammes : quantification de la ressemblance

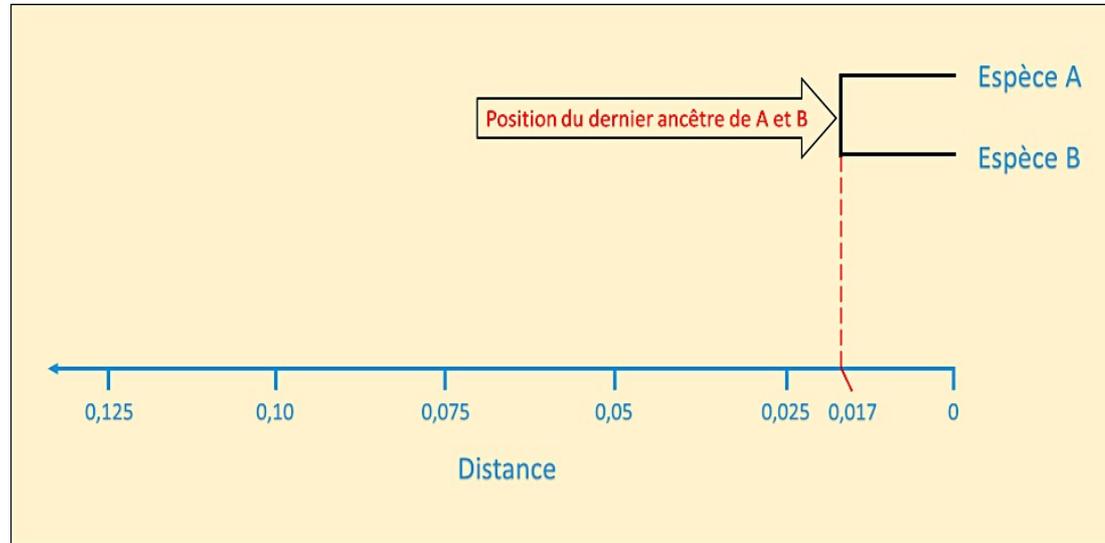
2.2. Les phénogrammes : méthode

Méthode

https://ressources.unisciel.fr/intro_biology_evolution/co/grain5_3_2_1.html

	A	B	C	D
A	0	0,034	0,218	0,236
B		0	0,202	0,222
C			0	0,102
D				0

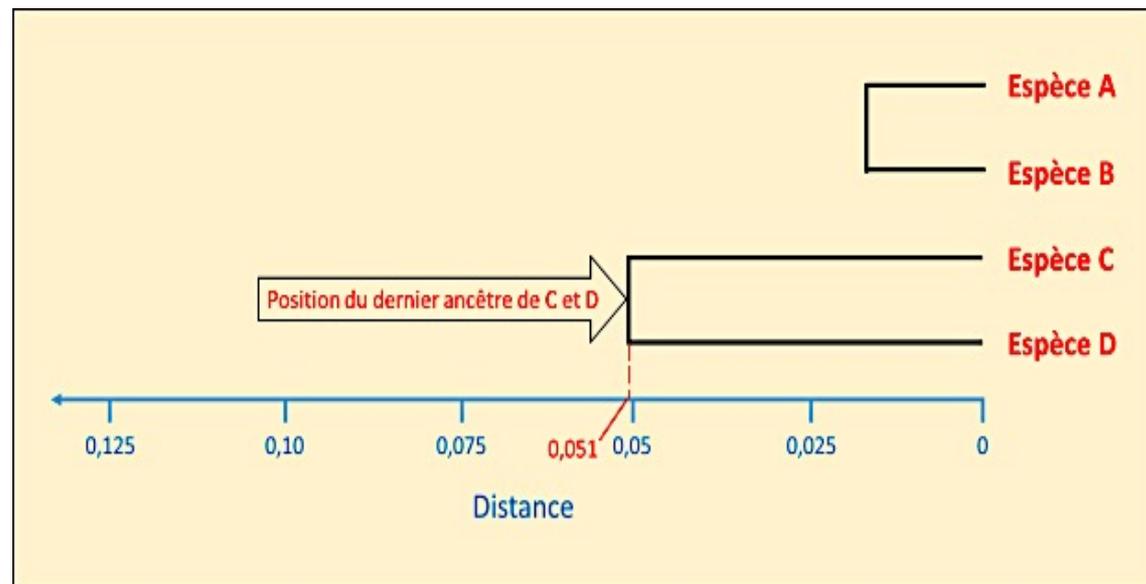
	A	B	C	D
A	0	0,034	0,218	0,236
B		0	0,202	0,222
C			0	0,102
D				0



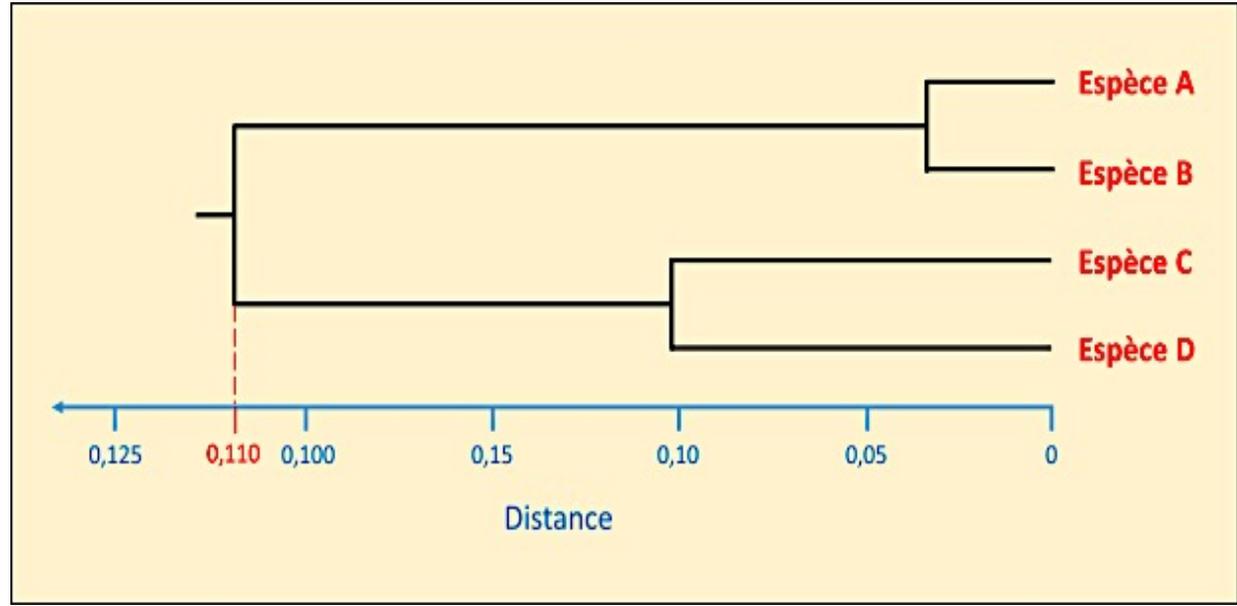
Méthode

	A-B	C	D
A-B	0	0,210	0,229
C		0	0,102
D			0

	A-B	C	D
A-B	0	0,210	0,229
C		0	0,102
D			0



Méthode



Exercice : La phylogénie des Ours

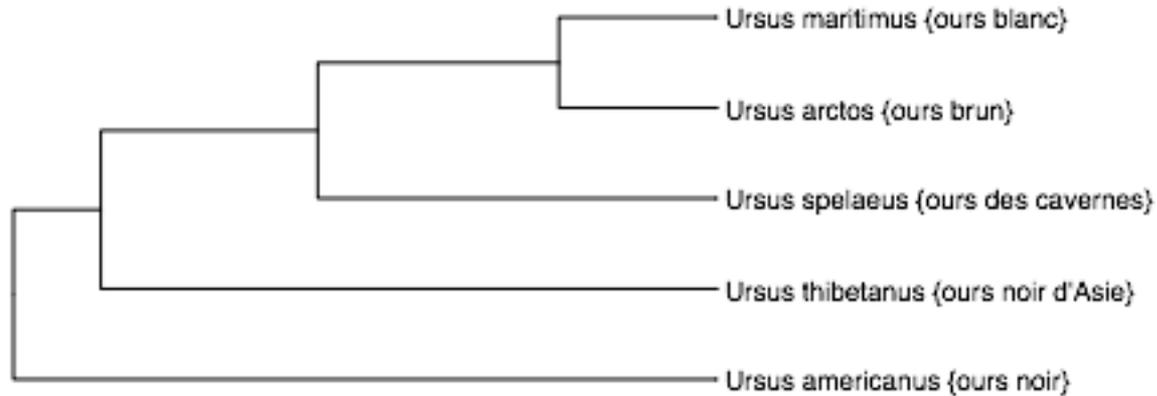
en % identités noms complets

Matrice de distance :

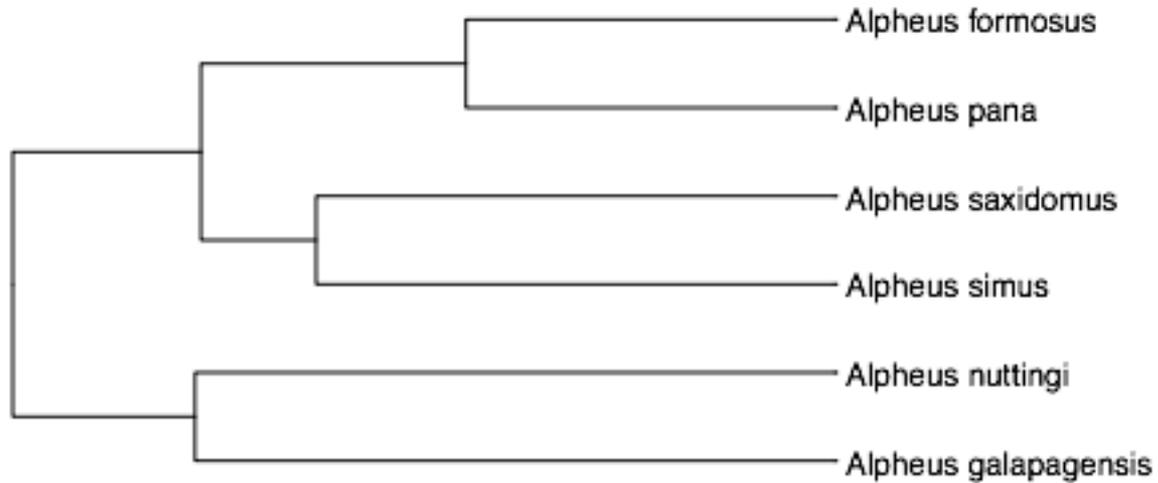
(pourcentage de différences)

	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)
<i>Ursus maritimus</i> (ours blanc) (1)	0	2,28	5,53	9,12	10,53
<i>Ursus arctos</i> (ours brun) (2)	2,28	0	6,05	9,3	11,14
<i>Ursus spelaeus</i> (ours des cavernes) (3)	5,53	6,05	0	8,42	10,18
<i>Ursus thibetanus</i> (ours noir d'Asie) (4)	9,12	9,3	8,42	0	9,04
<i>Ursus americanus</i> (ours noir) (5)	10,53	11,14	10,18	9,04	0

Exercice : La phylogénie des Ours



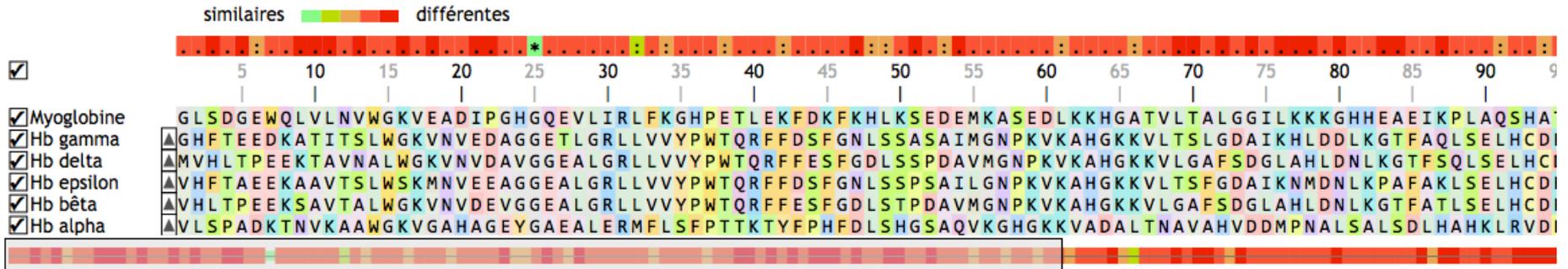
Exercice : La phylogénie des Crevettes



Exercice : Les globines

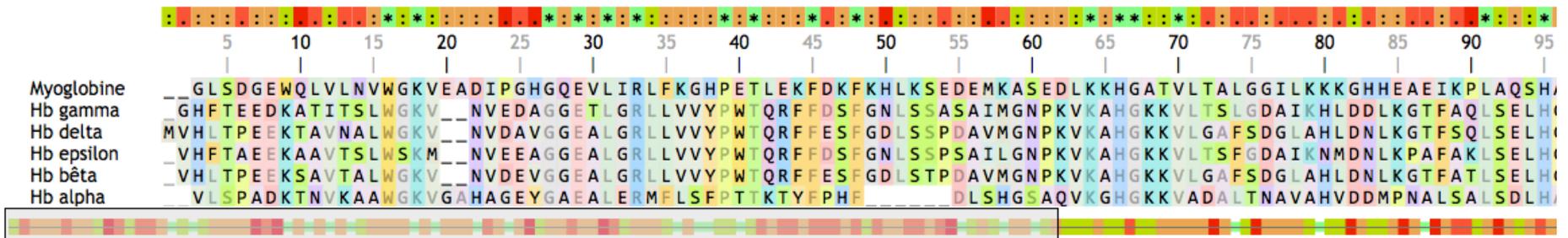
Alignements de séquences protéiques possibles

Séquences chargées



Séquences alignées

un _ représente un gap (absence d'un acide aminé)



Exercice : Les globines

	<i>Myoglobine</i>	<i>Hb gamma</i>	<i>Hb delta</i>	<i>Hb epsilon</i>	<i>Hb bêta</i>	<i>Hb alpha</i>
<i>Myoglobine</i>	0	76,35	75	77,03	75,68	73,43
<i>Hb gamma</i>	76,35	0	28,57	20,55	26,71	59,86
<i>Hb delta</i>	75	28,57	0	27,89	7,48	57,75
<i>Hb epsilon</i>	77,03	20,55	27,89	0	24,66	62,68
<i>Hb bêta</i>	75,68	26,71	7,48	24,66	0	57,04
<i>Hb alpha</i>	73,43	59,86	57,75	62,68	57,04	0

Exercice : Les globines

