

TD B11 - UNE APPROCHE
PHYLOGÉNÉTIQUE DE LA
BIODIVERSITÉ

ESPÈCES	Séquences alignées →					
Carpe commune	SLSDKDKAAV	KIAWAKISPK	ADDIGAEALG	RMLTVYPQTK	TYFAHWADLS	PGSGPVKHGK
Homme	V--PA--TN-	-A--G-VGAH	-GEY-----E	--FLSF-T--	---P-F*---	H--AQ--GHG
Roussette	V--SA--TNI	-A--D-VGGN	-GEY-----E	--FLSF-T--	---P-F*---	H--AQ--GHG
Coq domestique	V--AA--NN-	-GIFT--AGH	-EEY---T-E	--F-T--P--	---P-F*---	H--AQI-GHG

	Séquences alignées →					
KVIMGAVGDA	VSKIDDLVGG	LASLSELHAS	KLRVDPANFK	ILANHIVVGI	MFYLPGDFPP	
-KVAD-LTN-	-AHV--MPNA	-SA--D---H	-----V---	L-SHCLL-TL	AAH--AE-T-	
-KVGD-LTN-	-GHL---P-A	-SA--D---Y	-----V---	L-SHCLL-TL	ANH--S--T-	
-KVVA-LIE-	ANH---IA-T	-SK--D---H	-----V---	L-GQCFL-VV	AIHH-AALT-	

— Séquences alignées —

EVHMSVDKFF	QNLALALSEK	YR
A--A-L---L	ASVSTV-TS-	--
A--A-L---L	ASVSTV-TS-	--
---A-L---L	CAVGTV-TA-	--

Figure 1. Séquences alignées d'une portion de la chaîne α de l'hémoglobine pour quatre Vertébrés

On adopte les abréviations: Carpe : C ; Coq : O ; Homme : H ; Roussette : R
(la Roussette est une espèce de chauve souris)

À partir de la figure 1, il est possible de calculer un pourcentage de différences pour chaque couple de séquences.

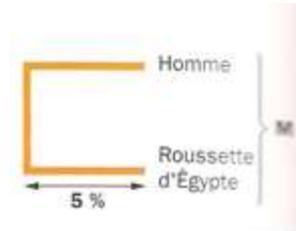
140 acides aminés alignés

	Carpe	Homme	Roussette	Coq
Carpe	0			
Homme	73	0		
Roussette	71	13	0	
Coq	74	41	44	0

D'où la matrice en pourcentage:

	Carpe	Homme	Roussette	Coq
Carpe	0			
Homme	52,1	0		
Roussette	50,7	9,2	0	
Coq	52,8	29,2	31,4	0

La plus petite distance est celle reliant l'homme et la chauve-souris : 9,2 %. La racine entre homme et chauve-souris sera mise à $9,2/2$, soit environ 4,6 %.



Considérons comme M le nouvel ensemble (homme +chauve-souris).

Recalculons une nouvelle matrice avec

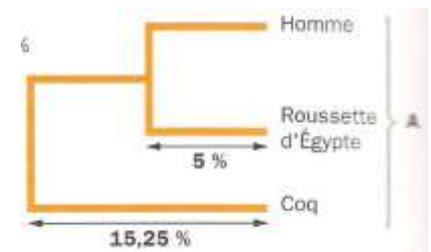
$$dMO = (dHO + dRO)/2 = (29,2 + 31,4)/2 \% = 30,3 \% ;$$

$$dMC = (dHC + dRC)/2 = (52,1 + 50,7)/2 \% = 51,4 \% .$$

	Carpe	ensemble M	Coq
Carpe	0		
ensemble M	51,4	0	
Coq	52,8	30,3	0

Dans la nouvelle matrice, dMO est la plus petite distance.

L'oiseau est aggloméré à l'ensemble M, constituant un nouvel ensemble A. La racine est positionnée à une distance de 0 égale à $dMO/2 = 15,15\%$



Il ne reste plus que la carpe à agglomérer
 $dCa = (dCo + dCM) / 2 = (51,4 + 52,8) / 2 = 52,1\%$

L'arbre obtenu est le suivant

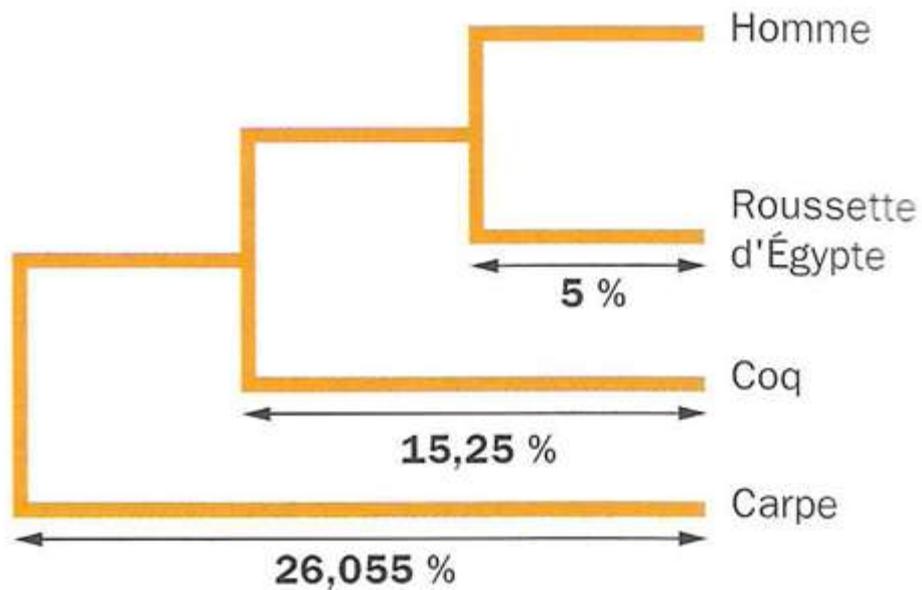


Tableau 2.1. Matrice taxons –caractères établie à partir d’une étude morphologique des oursins

Caractères	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
asteroïdes	a	?	b?	a	b	a	?	?	b?	b?	b?	b
cidaroïdes	a	a	b	a	b	a	a	a	b	b	b	a
camarodontes	a	a	b	a	b	b	b	a	b	b	b	a
clypeasteroïdes	b	b	b	b	a	b	c	b	a	a	b	a
spatangoïdes	b	a	a	b	a	b	c	b	a?	a	a	b

Matrice taxons -caractères débarrassée des caractères non informatifs

Caractères	1	4	5	6	12
asteroïdes	0	0	0	0	0
cidaroïdes	0	0	0	0	1
camarodontes	0	0	0	1	1
clypeasteroïdes	1	1	1	1	1
spatangoïdes	1	1	1	1	0

1. Symétrie : a = pentaradiée, b = bilatérale
4. Position de l'anūs : a = au centre de la face aborale, b = ailleurs
5. Nombre de gonopores : a = 4, b = 5

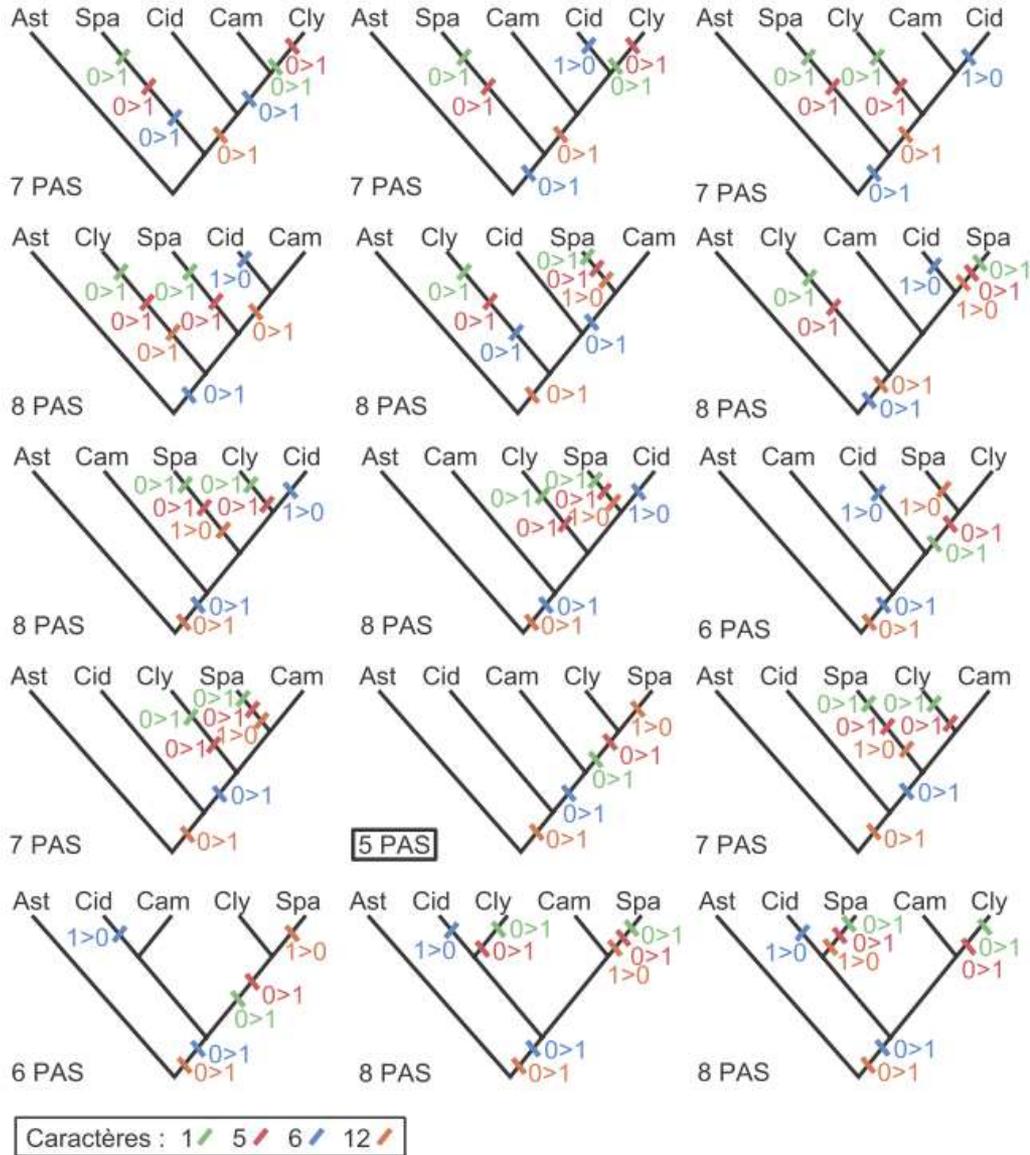
On peut observer qu'il y a redondance entre les caractères 1 et 4: en effet , ce qui définit la symétrie bilatérale c'est justement le fait que l'anūs soit excentré.

Matrice taxons –caractères débarrassée des caractères non informatifs ou redondants

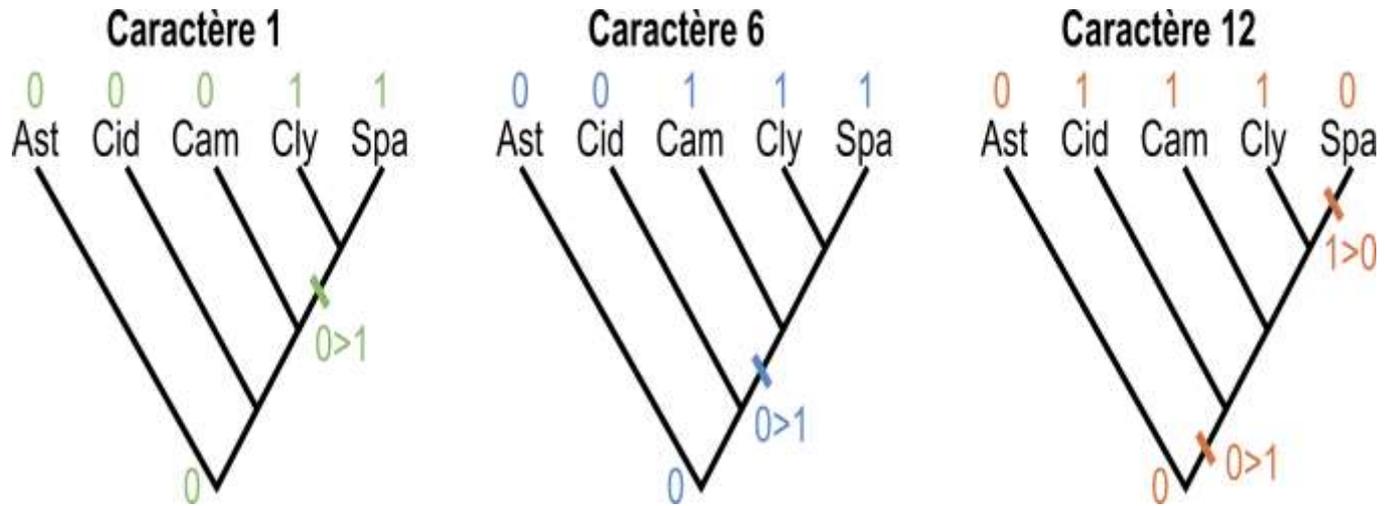
Caractères	1	5	6	12
asteroïdes	0	0	0	0
cidaroïdes	0	0	0	1
camarodontes	0	0	1	1
clypeasteroïdes	1	1	1	1
spatangoïdes	1	1	1	0

Recensement de toutes les topologies possibles des relations entre les taxons:
Il y a 12 topologies possibles de type 1 (voir annexe) et 3 de type 2, soit 15 arbres possibles

Analyse cladistique



Interprétation évolutive pour chacun des caractères



Conclusion: La symétrie bilatérale (caractère 1 et 5 est une synapomorphie du clade Cly et Spa

Figure 2.5. Cladogramme de 33 taxons d'oursins établi par une analyse selon la méthode de parcimonie de 160 caractères morphologiques.

