

FICHE METHODE – Réaliser un arbre phylogénétique

Certains **arbres phylogénétiques** sont réalisés avec des caractères morphologiques ou anatomiques : ce sont des cladogrammes. Mais il arrive également que l'on étudie uniquement des **séquences d'ADN ou de protéines** : on réalise alors un **phénogramme**.

① Construction d'un arbre phylogénétique de type phénogramme

Méthode

① Compléter la matrice de distances. Cette matrice comprend les pourcentages de différences (ou distances) des séquences étudiées.

• On obtient ces valeurs en utilisant un logiciel de comparaison de séquences comme Anagène2, GenieGen2 et également Phylogène.

② Construire le phénogramme en respectant les étapes suivantes :

③ Tracer des branches horizontales reliant les 2 séquences les plus proches.

④ Tracer une nouvelle branche horizontale pour la séquence qui est la plus proche de ce groupe (pourcentage restant le plus faible).

⑤ Ajouter progressivement les autres séquences en traçant d'autres branches.

⑥ Enraciner l'arbre par un trait vertical à sa base

⑦ Tracer des ronds ou des carrés à chaque nœud et légender « ancêtre commun ».

Facultatif : Placer des valeurs sur les branches représentant la moitié des différences (**demi-distances***) entre chaque séquence. Normalement, la longueur des branches est proportionnelle à la distance génétique (valeur placée sur la branche).

⑧ Titrer l'arbre phylogénétique en se basant sur la question initiale et légender les éléments de l'arbre (carré = ancêtre commun).

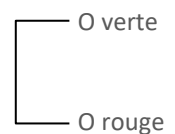
Exemple

① Matrice de distances des gènes d'opsines

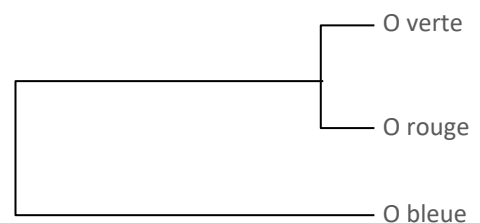
	opsine-rouge	opsine-verte	opsine-bleue	rhodopsine
opsine-rouge	0	1.71	39.7	41.6
opsine-verte		0	39.8	41.5
opsine-bleue			0	41.9
rhodopsine				0

②

③



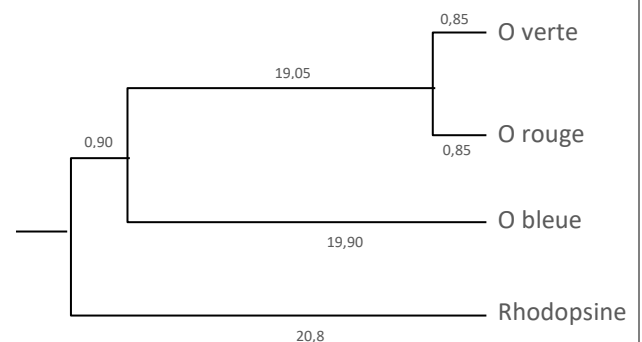
④



⑤

⑥

⑦



⑧ Arbre phylogénétique des gènes d'opsines (pigments rétiniens)

* Les valeurs des demi-distances sont arrondies et on tient généralement compte de la moyenne des distances.

② Un exemple pour bien comprendre

Document : Quel est le plus proche être vivant de l'être humain ?

	BONOBO	CHIMPAN	HOMME	GORILLE	ORANOUT	MACAQUE
BONOBO	0	2	6	7	12	27
CHIMPAN		0	6	7	12	27
HOMME			0	7	14	27
GORILLE				0	9	28
ORANOUT					0	28
MACAQUE						0

Matrice de distances basée sur les différences de séquences d'ADN mitochondrial de différents Primates

QUESTIONS :

- Réaliser un arbre phylogénétique basé sur la matrice de distances ci-dessus.
- Identifier quel est l'espèce la plus proche de l'humain.