

BIM (M1) – AAGB (TD2)

Construction d'un arbre phylogénétique à partir d'une matrice de distances (UPGMA¹ & NJ²)

1 UPGMA

1. Que signifie l'acronyme UPGMA ?
2. Résumer cet algorithme en quelques phrases.
3. Donner les avantages et inconvénients de la méthode.
4. Donner la formule permettant de calculer la distance D_{ij} entre deux clusters pendant la reconstruction.
5. A partir de quel type de données pourriez-vous créer une matrice de distances ?
6. Donner l'algorithme de UPGMA (initialisation, itération et fin). Quelle est sa complexité ?
7. Construire l'arbre phylogénétique avec UPGMA à partir de la matrice suivante :

	A	B	C	D	E	F	G
A							
B	19						
C	27	31					
D	8	18	26				
E	33	36	41	31			
F	18	1	32	17	35		
G	13	13	29	14	28	12	

2 Neighbo(u)r Joinging

1. Quelle est l'amélioration de NJ par rapport à UPGMA ?
2. Expliquer le principe général de cet algorithme.
3. Donner une explication schématique de la progression de la reconstruction.
4. Donner l'algorithme de NJ (initialisation, itération et fin). Quelle est sa complexité ?
5. Construire l'arbre phylogénétique avec NJ à partir de la matrice suivante :

	A	B	C	D	E	F
A		2	4	6	6	8
B	2		4	6	6	8
C	4	4		6	6	8
D	6	6	6		4	8
E	6	6	6	4		8
F	8	8	8	8	8	

1. Sokal R and Michener C (1958). "A statistical method for evaluating systematic relationships". University of Kansas Science Bulletin 38 : 1409–1438

2. N. Saitou and M. Nei. The neighbor-joining method : a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution, 4 :406–425, 1987

3 Additive Phylogeny

1. Qu'est ce qu'un triplet dégénéré ?
2. Qu'est ce qu'une matrice additive ? Comment vérifier qu'une matrice est additive ?
3. Reconstruire l'arbre phylogénétique par l'algorithme "Additive phylogeny" à partir de la matrice de distance suivante :

	A	B	C	D	E
A		11	10	9	15
B	11		3	12	18
C	10	3		11	17
D	9	12	11		8
E	15	18	17	8	