

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 Joigning

1. Quelle est l'amélioration de NJ par rapport à UPGMA ?
2. Expliquer le principe général de cet algorithme.
3. Donner l'algorithme de NJ (initialisation, itération et fin). Quelle est sa complexité ?
4. 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	