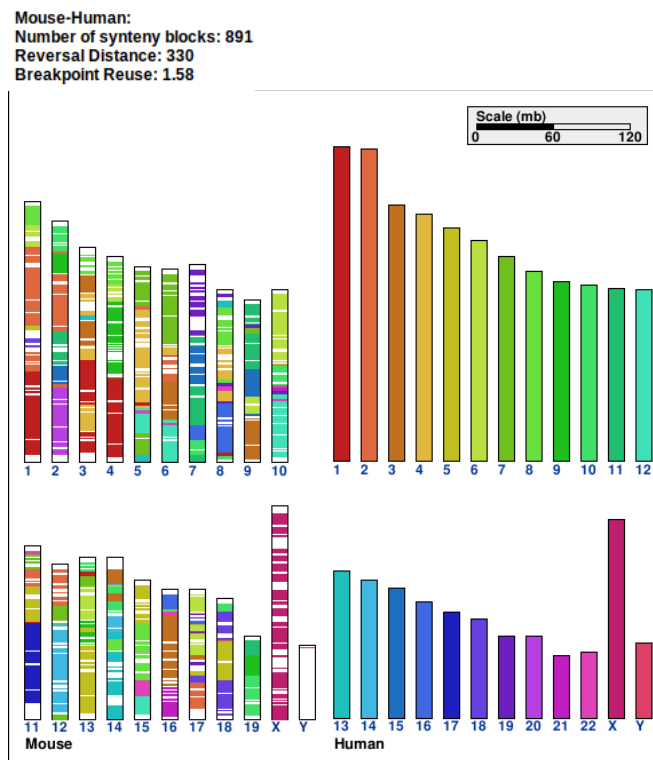


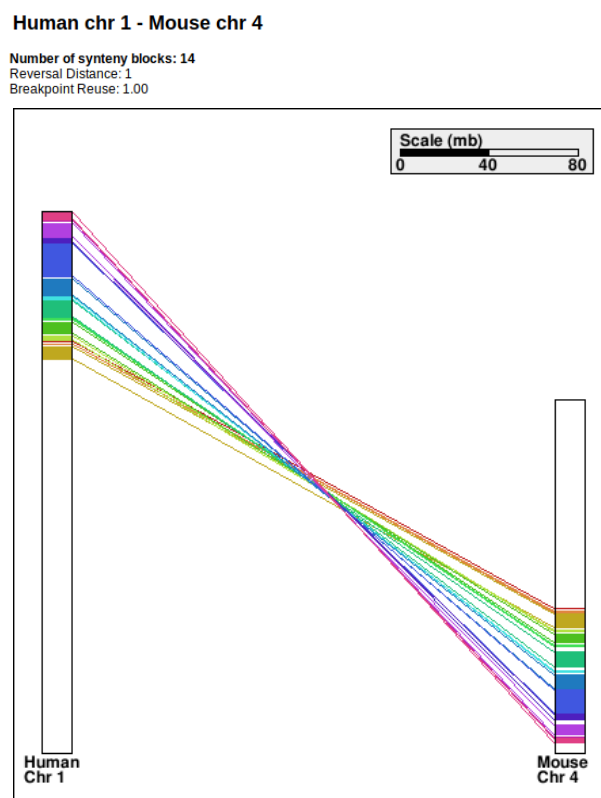
# RECONSTRUCTION EN UTILISANT LES DISTANCES D'INVERSION

## Question 1 :



Représentation et mesure de la synténie entre le génome entier humain (référence) et le génome entier de la souris

## Question 2



Représentation et mesure de la synténie entre le chromosome 1 humain (référence) et le chromosome 4 de la souris

### Question 3

*Matrice de distances d'inversion entre quatre espèces : L'Homme, le Chimpanzé, la Souris et la Vache*

Neighbor-joining method  
Negative branch lengths allowed



remember: this is an unrooted tree!

Between	And	Length
2	1	92.50000
1	sp Mouse	202.50000
1	sp Cow	157.50000
2	sp Chimpanzee	11.00000
2	sp Human	7.00000

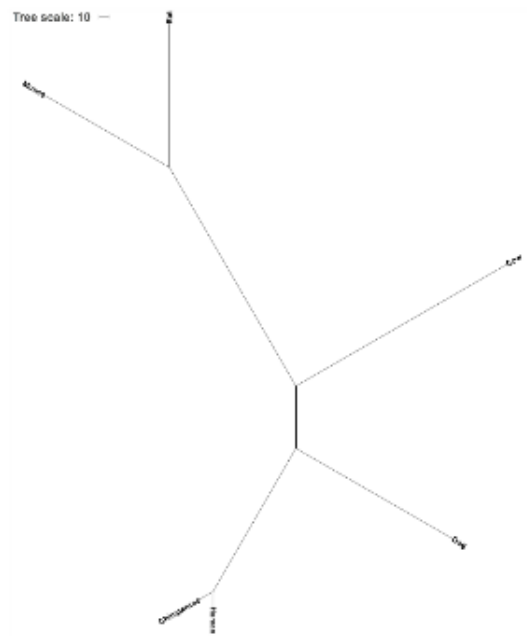
Arbre NJ obtenu à l'aide des distances d'inversion



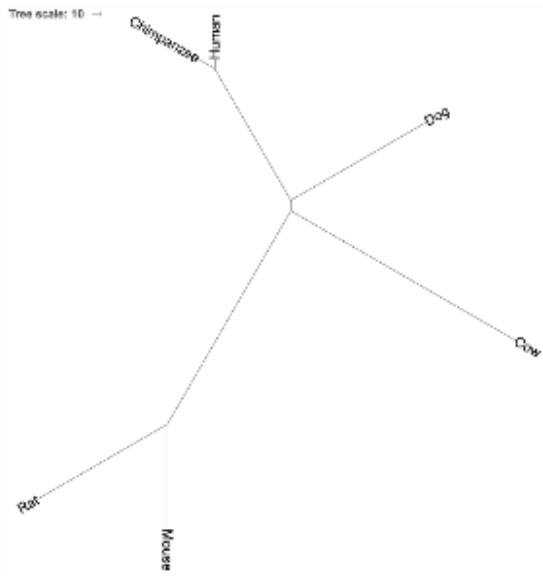
Arbre UPGMA obtenu à l'aide des distances d'inversion

Nous observons que l'arbre obtenu NJ et l'arbre obtenu par UPGMA présentent une même organisation : Le Chimpanzé et l'Homme sont regroupés. Ces deux espèces sont ensuite plus proches de la Vache que de la Souris. Or si nous regardons l'arbre phylogénétique correct des mammifères placentaires donné en annexe, l'Homme et le Chimpanzé sont bien regroupés, mais ces deux espèces sont plus proches de la Souris que de la Vache. Les deux arbres obtenus à l'aide de la matrice des distances d'inversion entre les quatre espèces étudiées ne sont donc pas corrects.

Question 5



Arbre UPGMA non-raciné obtenu à l'aide des distances d'inversion



Arbre NJ non-raciné obtenu à l'aide des distances d'inversion