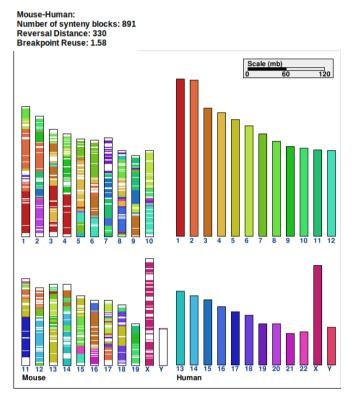
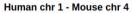
RECONSTRUCTION EN UTILISANT LES DISTANCES D'INVERSION

Question 1:

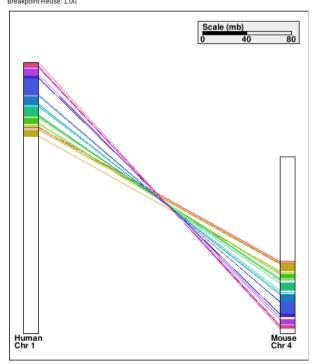


Représentation et mesure de la synténie entre le génome entier humain (référence) et le génome entier de la souris

Question 2



Number of synteny blocks: 14 Reversal Distance: 1 Breakpoint Reuse: 1.00



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

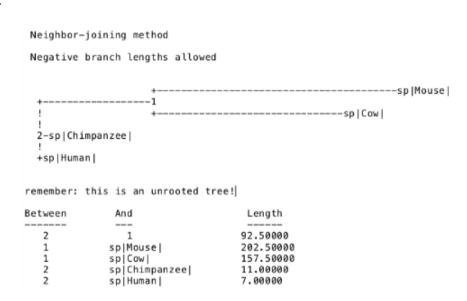
La distance d'inversion(Reversal distance) est le nombre minimum d'inversion requis pour passer d'un état à un autre. Plus précisement, c'est le ratio de distance entre différents paires de genomes. Dans la figure ci-dessus, on passe du chromosome de souris à celui humain. On peut remarquer qu'une grande partie de chaque chromosome a été laissé en blanc, qui signifie que ces parties n'ont pas d'homologues dans l'autre chromosome.

Question 3

	Human	Mouse	Cow	Chimpanzee
Human	0.0	302	257	18
Mouse	302	0.0	360	306
Cow	257	360	0.0	261
Chimpanzee	18	306	261	0.0

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

Question 4



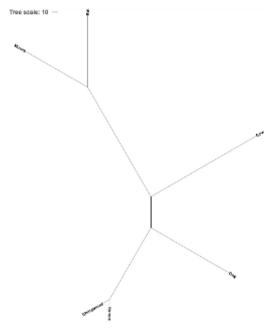
Arbre NJ obtenu à l'aide des distances d'inversion



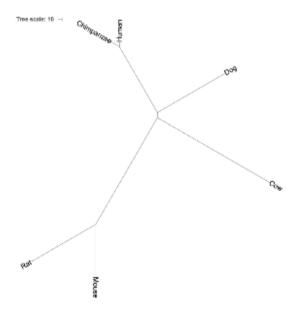
Arbre UPGMA obtenu à l'aide des distances d'inversion

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