

Compte-rendu de TP : Phylogénie par Neighbor-Joining

Objectif : Construire un arbre phylogénétique pour 5 souches bactériennes à partir de leurs séquences d'ARNr 16S.

1. Analyse des séquences

J'ai utilisé les numéros d'accession NCBI pour identifier nos espèces :

Proches (Enterobacteriaceae) : *E. coli*, *Shigella dysenteriae* et *Salmonella enterica*.

Intermédiaire : *Vibrio cholerae*.

Éloignée (Outgroup) : *Bacillus subtilis* (Gram+).

2. Matrice de distance

Le Neighbor-Joining (NJ) commence par calculer une matrice de distance. Chaque chiffre représente la différence génétique entre deux espèces.

3. Construction de l'arbre

L'algorithme NJ regroupe les espèces "voisines" qui ont la distance la plus faible.

E. coli et *Shigella* sont groupées en premier (elles sont presque identiques).

Ensuite, *Salmonella* rejoint ce groupe.

Vibrio est ajouté comme parent plus lointain.

Bacillus sert de racine à l'arbre pour stabiliser la structure.

4. Résultat visuel (Arbre final)

Voici à quoi ressemble l'arbre généré après l'alignement multiple :

Interprétation : L'arbre confirme la classification biologique. Les trois premières bactéries (*E. coli*, *Shigella*, *Salmonella*) sont très proches car elles appartiennent toutes à la famille des Enterobacteriaceae. *Bacillus subtilis* est bien à l'écart, ce qui est logique car c'est la seule bactérie de la liste qui n'est pas une Protéobactérie.