

M2 Mycologie

Approches phylogénétiques

- arbre phylogénétique : représentation graphique des relations (de proximité) entre différents organismes, dans un contexte d'évolution temporelle à partir d'un ancêtre commun à tous les descendants
- relations de similarité et phénomène de divergence extraites à partir de l'alignement des séquences
- phylogény moléculaire : analyse des données génétiques (ADN) et des différences moléculaires héréditaires
- objectif : caractériser le processus évolutif ayant permis de générer la diversité observée

Références : [1, 2]

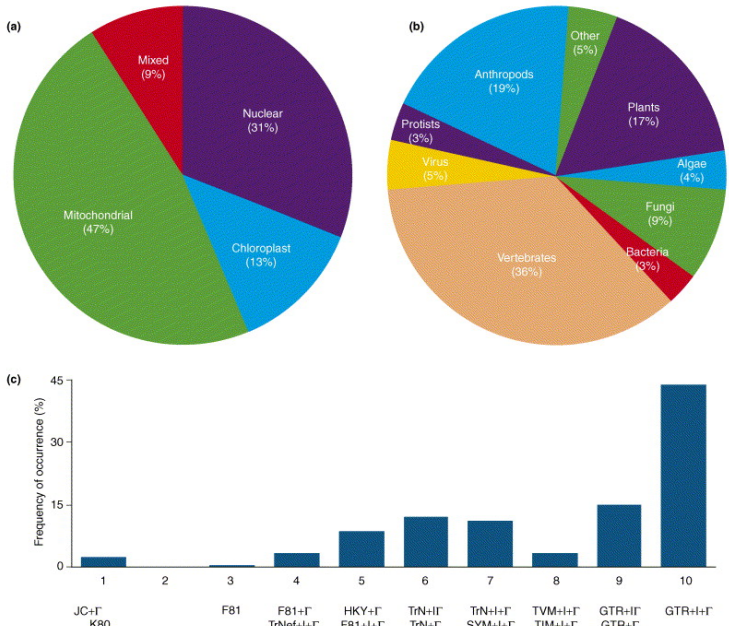
Etapes de construction d'un arbre

- sélection des organismes ou famille de gènes
- choix des marqueurs moléculaires
- amplification, séquençage et assemblage
- [*] alignement (ClustalW, MSA, MAFFT, T-Coffee)
- choix d'un modèle évolutif
- analyse phylogénétique (Paup, PAML, PHYLIP, MEGA, Raxml, MrBayes)
- construction de l'arbre phylogénétique
- évaluation de l'arbre phylogénétique (bootstrap, parsimonie/distance, vraisemblance)

- utilisable directement depuis Seaview (sur séquences déjà alignées)
- plusieurs modèles évolutifs :
- disponible en ligne sur NGPhylogeny

- interface graphique

Modèles d'évolution[1]



- [1] Scot A. Kelchner and Michael A. Thomas. “Model Use in Phylogenetics: Nine Key Questions”. In: *TRENDS in Ecology and Evolution* 22.2 (2006), pp. 87–94.
- [2] Ziheng Yang and Bruce Rannala. “Molecular phylogenetics: principles and practice”. In: *Nature Reviews Genetics* 13 (2012), pp. 303–314.