# **M2 Mycologie**

Approches phylogénétiques



### Phylogénie moléculaire

- 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 [1, 3]

### Classification de séquences

- séquences non redondantes, séquences consensus
- aggrégation/classification (EST, OTU, famille de protéines)
- · mesure de distance, blast, autre
- logiciels : cd-hit, vsearch, OrthoFinder

### Etapes de construction d'un arbre

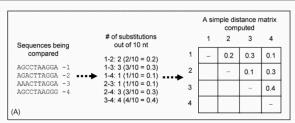
- sélection des organismes ou famille de gènes
- choix des marqueurs moléculaires
- amplification, séquençage et assemblage
- [\*] alignement (ClustalW, MSA, MAFFT, T-Coffee)
- choix d'un modèle évolutionnaire
- analyse phylogénétique (Paup, PAML, PHYLIP, MEGA, Raxml, MrBayes)
- construction de l'arbre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

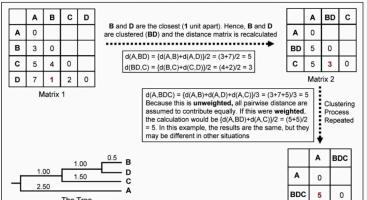
### Alignement multiple

- clustal, mafft, muscle1
- algorithme progressif, temps de calcul, taille et nombre de séquences
- Mafft fournit une sortie Fasta par défault, Mega dispose de son propre format d'exportation
- Matrices de subsitution (PAM, BLOSSUM)

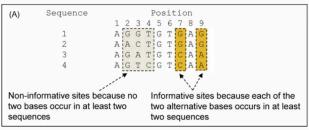
<sup>1</sup>https://bioinformaticsreview.com/20151018/multiple-sequence-alignment/

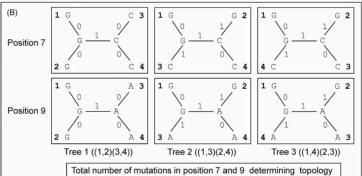
### Modèles basés sur les distances ou la parsimonie





### Modèles basés sur les distances ou la parsimonie (2)





#### Modèle de substitution

- plusieurs modèles de substitution : GTR +I/+G<sup>2</sup>
- GTR+I+Γ = 10 paramètres
- compromis bias-variance, sur-ajustement, cadre de raisonnement hypothétique

<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/findmodel/findmodel.html;[2]

#### **Modèle GTR**

AIC-SELECTED MODEL: GTR: General Time Reversible plus Gamma (model 55)

LnL = -1315.630093 AIC = 2649.260186

Parameter details

The matrix on the right illustrates the different models considered by Findmodel.

Rate Parameters with the same color are assumed to have the same value.

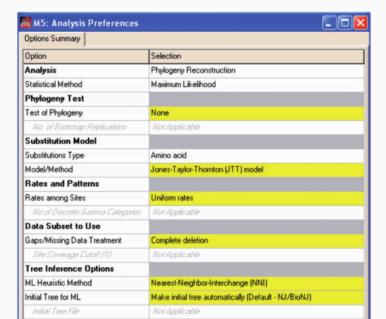
Base Frequencies are the same when they are shown as  $f_N$ , and different otherwise.

#### General Time Reversible

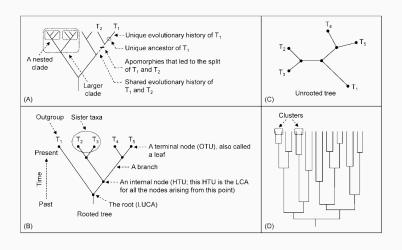


### **Phyml**

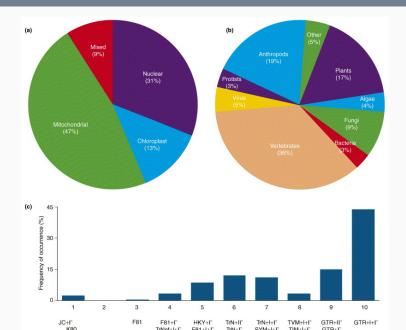
- utilisable directement depuis Seaview (sur séquences déjà alignées), ou en ligne
- utilisable également sous R (plot et summary)
- disponible en ligne sur NGPhylogeny



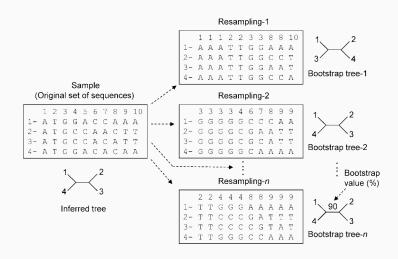
#### **Nomenclature**



## Modèles d'évolution [1]



### Stabilité de l'arbre (bootstrap)



### **Applications**

- Evaluer la qualité du modèle
- Comparaison d'arbres
- Extraction de clades
- · Combinaison d'arbres

#### Références i

- [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] Posada, D. and K. A. Crandall. "Modeltest: testing the model of DNA substitution". In: *Bioinformatics* 14.9 (1998), pp. 817–818.
- [3] Ziheng Yang and Bruce Rannala. "Molecular phylogenetics: principles and practice". In: *Nature Reviews Genetics* 13 (2012), pp. 303–314.