

Phylogénie moléculaire

Énoncé

W	B	A	A	D	D	D	C	B	D	B	A	C	A	A	D	B	B	A	C	D	B	D	C	C	D	A	B	B	A	D	C	B	D	B	C	D	C	A	D	A	C	C	D	A	C	D	A	A	C	D
X	C	A	A	D	C	A	C	B	D	A	A	C	A	D	D	B	B	C	C	D	B	D	C	C	D	A	B	B	A	D	B	B	D	B	C	D	C	A	D	A	C	C	D	A	C	D	A	A	C	D
Y	C	B	A	D	D	D	C	B	D	A	A	C	A	A	D	B	B	C	C	C	B	D	C	C	C	A	B	A	C	D	B	B	D	A	C	D	C	A	D	B	D	C	D	A	C	D	A	A	C	D
Z	C	A	A	C	D	D	C	A	D	A	C	C	A	A	D	B	B	C	C	D	B	D	C	C	C	A	B	B	C	D	B	B	D	A	C	D	C	A	D	B	C	C	D	A	C	D	A	A	C	D
T	C	A	A	D	D	D	C	B	D	A	A	C	A	A	D	B	B	C	A	D	B	D	C	A	D	B	C	B	C	D	B	A	D	B	C	D	A	D	A	C	C	B	D	C	D	A	A	C	A	

2 îles très proches géographiquement ont des populations proches de Zorg W, X, Y et Z. On trouve les 2 premières populations W et X sur l'île 1, et les 2 autres Y et Z sur l'autre.

Déterminer les liens entre W, X et Y

Quelles sont les différentes configurations avec enracinement possibles (donner les grandes lignes)

Déterminer les liens entre W, X, Y et Z.

Peut-on déduire comment s'est installée les différentes populations des îles. Donner 2 scénarii possibles.

On croise avec une souche T qui très éloigné géographiquement de ces deux îles. Pourquoi établissons-nous ce choix?

Quelles sont les conclusions apportées une fois prise en compte l'étude de T?

Solution

W	B	A	A	D	D	D	C	B	D	B	A	C	A	A	D	B	B	A	C	D	B	D	C	C	D	A	B	B	A	D	C	B	D	B	C	D	C	A	D	A	C	C	D	A	C	D	A	A	C	D
X	C	A	A	D	C	A	C	B	D	A	A	C	A	D	D	B	B	C	C	D	B	D	C	C	D	A	B	B	A	D	B	B	D	B	C	D	C	A	D	A	C	C	D	A	C	D	A	A	C	D
Y	C	B	A	D	D	D	C	B	D	A	A	C	A	A	D	B	B	C	C	C	B	D	C	C	C	A	B	A	C	D	B	B	D	A	C	D	C	A	D	B	D	C	D	A	C	D	A	A	C	D
Z	C	A	A	C	D	D	C	A	D	A	C	C	A	A	D	B	B	C	C	D	B	D	C	C	C	A	B	B	C	D	B	B	D	A	C	D	C	A	D	B	C	C	D	A	C	D	A	A	C	D
T	C	A	A	D	D	D	C	B	D	A	A	C	A	A	D	B	B	C	A	D	B	D	C	A	D	B	C	B	C	D	B	A	D	B	C	D	A	D	A	C	C	B	D	C	D	A	A	C	A	

Description du tableau:

Les lettres A, B, C et D représentent une caractéristique (portion d'ADN, ARN, acide aminé...) de les espèces étudiées. Les espèces ont évoluées et des différenciations moléculaires sont apparues, tout en préservant des caractéristiques communes à l'ensemble des espèces (colonnes rouges). Ces séquences rouges sont exploitées pour recalcr les séquences des espèces entre elles.

Quant aux colonnes blanches, elles sont l'objet de modifications (ou pas) entre espèces.

Quant on regarde par exemple la première colonne, la caractéristique est différente entre W et X, mais commune entre X, Y, Z et T.

On compte les différences existantes entre les espèces, ce qui est récapitulé dans le tableau suivant.

	W	X	Y	Z	T
W		7	12	11	14
X	7		11	10	13
Y	12	11		7	16
Z	11	10	7		15
T	14	13	16	15	

Comparaison de W, X et Y

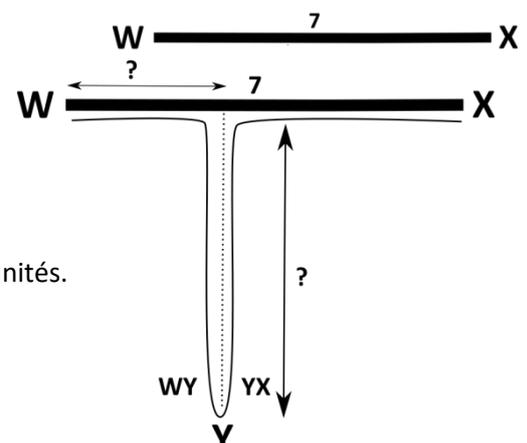
Les distances (différences) entre W et X, W et Y, et X et Y sont respectivement 7, 12 et 11.

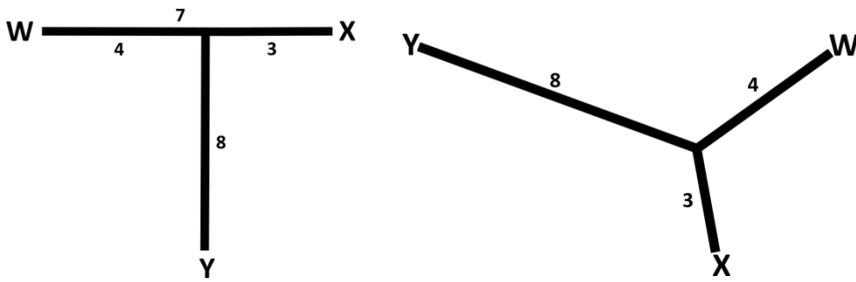
On trace d'abord WX séparé d'une distance de 7 unités.

Il faut déterminer la position de Y par rapport à W et X. Dans un premier temps, on calcule la hauteur qui sépare le segment WX de Y en additionnant $(WY+YX-WX)/2$

Ce calcul nous donne une valeur de 8 unités séparant Y de [WX].

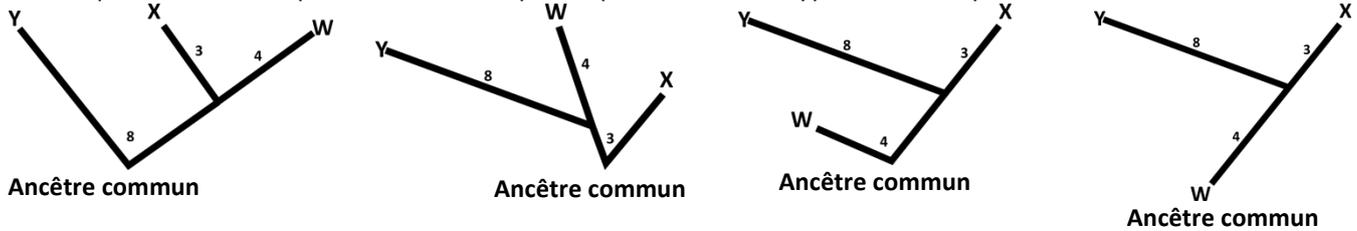
La position du pied de Y par rapport à [WX] se calcule ainsi $WY-8$ unités= 4 unités.





Ainsi nous traçons les liens entre ces trois espèces, mais qu'en est-il de l'arborescence avec un hypothétique ancêtre commun?

On voit qu'à ce stade, on peut dessiner n'importe quelle forme de type d'arbre depuis cet ancêtre commun.



Même en ne considérant qu'un seul type de représentation, l'ancêtre commun peut être plus ou moins proche d'une espèce (ici W)

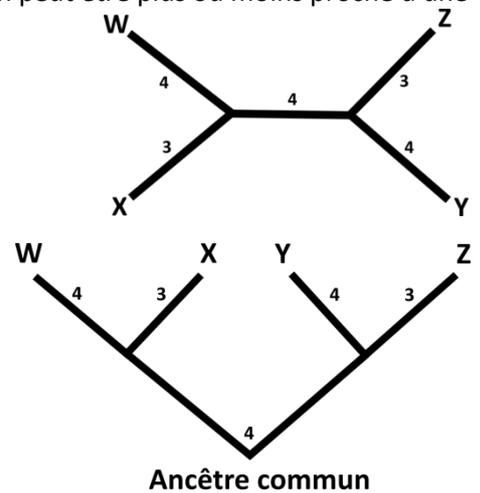
Comparaison de W, X, Y et Z:

On trace les liens entre W, X, Y et Z et on trouve les distances suivantes:

Scénario 1

L'ancêtre commun était présent sur les 2 îles,

Cet ancêtre a généré 2 sous espèces distinctes sur chacune des deux îles et a fini par s'éteindre sur chacune d'elle



Scénario 2

Intégration de T dans l'expérience.

Pour décider quel scénario est le plus plausible, il faut enracer l'arbre car trop de scénarii sont possibles. Pour cela, il faut avoir une espèce suffisamment éloignée biologiquement afin d'être certain qu'elle ne soit pas une sous branche d'une des espèces étudiée sur les 2 îles en questions. En prenant cette espèce très éloignée géographiquement, on peut espérer que ce soit le cas.

On intègre T dans l'arbre qu'on n'enracine pas pour le moment. On obtient ceci

Parce qu'on sait que l'ancêtre commun est situé entre T et les espèces W, X, Y et Z, on peut alors enracer l'arbre de cette manière:

Ainsi, le scénario le plus probable semble être celui que nous avons imaginé en (voir l'un des 2 scénarios précédents).

