



TD A9

Construction d'arbres phylogénétiques

Objectifs : extraits du programme

| | |
|---|---|
| TD A9 : La construction d'arbres phylogénétiques (2h) | Utiliser les banques de données et le logiciel <i>Phylogène</i> afin d'étudier des arbres phylogénétiques hypothétiques ; construire celui des Vertébrés et présenter celui des Embryophytes. |
|---|---|

Introduction

La **reconstruction phylogénétiques** (= **reconstitution phylogénétique**) peut passer par de **multiples méthodes**, notamment les **approches moléculaires** ou l'**analyse cladistique**.

L'**analyse cladistique** repose sur **l'étude de caractères polarisés et le choix de l'arbre le plus parcimonieux** (voir **cours**). Si les cas avec de nombreux taxons nécessitent l'usage de l'outil informatique, il est possible de construire **à la main** des arbres sur des échantillons comprenant **peu de taxons (4 maximum)** dont l'intragroupe).

Une planche annexe d'arbres vierges sera utilisée pour ces travaux.

Des **exercices utilisant le logiciel Phylogène** sont par ailleurs proposés. Ce logiciel peut être **téléchargé gratuitement** et vous êtes vivement invités à travailler dessus de votre côté.

Une fiche technique du logiciel Phylogène est proposée.

Les **méthodes moléculaires** ne sont **pas au programme** mais une **étude simple** est proposée de manière à vous y initier et illustrer ce genre de possibilités.

L'**arbre complet des Vertébrés** et celui des **Embryophytes** sont traités dans le **chapitre de cours** auquel nous renvoyons.

Comment construit-on des arbres phylogénétiques ?

L'ensemble des **aspects théoriques** et **conceptuels** nécessaires pour ce TD sont traités dans le **chapitre de cours** (**chapitre A.3-3**).

I. Analyse cladistique

A. Travail à la main

Comment peut-on construire à la main un arbre phylogénétique à partir d'une collection de taxons et de caractères choisis ?

Activité 1. Construction d'arbres à la main (intragroupes de 3 ou 4 taxons)

| Savoirs à construire | Construction d'arbres phylogénétiques à la main | |
|-------------------------|--|-------------------|
| Savoir-faire sollicités | Capacité ou attitude visée | Évaluation |
| | Maîtriser un outil, un geste technique, un logiciel <ul style="list-style-type: none"> ➢ Polarisation de caractères ➢ Construction d'une matrice de caractères ➢ Construction d'arbres phylogénétiques possibles ➢ Application du principe de parcimonie | |
| | Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... <ul style="list-style-type: none"> ➢ Arbres phylogénétiques | |

En utilisant la feuille annexe (ou sur papier libre), **construisez** les arbres à partir des collections d'organismes proposées lors de la séance et en utilisant les caractères retenus.

B. Travail sur Phylogène

Comment peut-on construire à la main avec Phylogène à partir d'une collection de taxons et de caractères choisis ?

Activité 2. Construction d'arbres sous Phylogène

| Savoirs à construire | Construction d'arbres phylogénétiques avec Phylogène | |
|-------------------------|--|-------------------|
| Savoir-faire sollicités | Capacité ou attitude visée | Évaluation |
| | Maîtriser un outil, un geste technique, un logiciel <ul style="list-style-type: none"> ➢ Logiciel <i>Phylogène</i> | |
| | Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... <ul style="list-style-type: none"> ➢ Arbres phylogénétiques | |

Exercice 2.1. Travail sur une collection de Vertébrés

D'après <http://svt.ac-rouen.fr/productions/phylogene/phylogene.html> (octobre 2015)

Utilisez le logiciel *Phylogène* (Lycée) en employant la **fiche technique**.

- Sélectionnez** la collection : « Vertébrés actuels et fossiles ».
- Dans la collection, **choisissez** les **êtres vivants** suivants : Lézard, Homme, Pigeon, *Archaeopteryx*. **Sélectionnez** les **caractères** anatomiques suivants : crâne et vertèbres, doigts, mâchoire, squelette osseux, ailes, plumes.
- Complétez** la **matrice de caractères**.
- Construisez** les arbres possibles avec le logiciel (Homme : extragroupe) et **choisissez** le plus parcimonieux.

Pistes de réflexion et d'exploitation

Quels caractères possédait l'ancêtre commun au Lézard, au Pigeon et à l'*Archaeopteryx* ? Quels sont les caractères non informatifs dans cette étude ?

Quelques raccourcis

par Jean François Madre — Dernière modification 30/05/2010 19:11



Ces raccourcis fonctionnent même en mode élève.

- Activité **Construire**
Remplissage automatique du tableau (avec les seul taxons et caractères activés : cliquer sur la tableau puis <Ctrl>-T
- Activité **Classer**
Rangement des lignes et des colonnes (pas toujours optimal) et fusions des colonnes et des boîtes et emboîtement complet : <Ctrl>-T
- Activités **Classer** et **Établir** des parentés (collège ou lycée)
Rangement des lignes et des colonnes (pas toujours optimal) : <Ctrl>-R
- Activités Dater et Organiser des données paléontologiques
Positionnement automatique des taxons sur l'axe du temps : <Ctrl>-T

<http://acces.ens-lyon.fr/evolution/logiciels/phylogene/documentation-2011-2012/fonctions-avancees/quelques-raccourcis> (octobre 2015)

Exercice 2.2. Travail sur le sujet d'écrit du Concours C 2015

D'après Épreuve écrite de Biologie, Concours Agro-véto, voie C, 2015

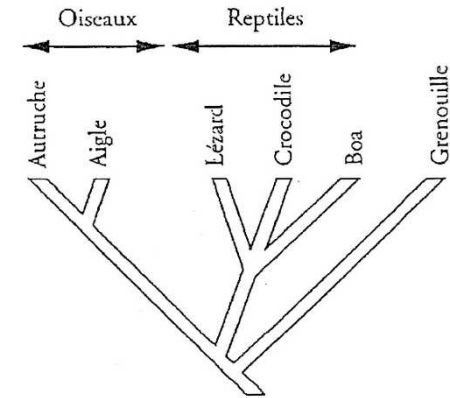
1. Dans les classifications traditionnelles, on définissait les Oiseaux comme des vertébrés ailés, recouverts de plumes et les Reptiles comme un groupe de vertébrés dont le corps est recouvert d'écaillés épidermiques (document 1a). Des scientifiques, dans une approche phylogénétique, ont proposé une nouvelle classification regroupant les Crocodiliens avec les Oiseaux sous le nom d'Archosauriens.

À partir de l'étude des documents 1a et 1b,

- 1.1. Reconstruire l'arbre selon les nouvelles données phylogénétiques en positionnant les innovations évolutives pour les six taxons concernés. Expliciter votre raisonnement pour cette construction.
- 1.2. Sur l'arbre figurant sur le document 1a (**Exemplaire à rendre avec la copie**), positionner les innovations évolutives.
- 1.3. Comparer ces deux arbres et justifier la disparition de la classification phylogénétique du groupe des Reptiles et la création du groupe des Archosauriens. Préciser ce que représentent les Oiseaux dans cette nouvelle construction cladistique.

DOCUMENT 1

Document 1a : Ancienne classification des vertébrés



Document 1b : Comparaison de quelques caractères anatomiques de ces vertébrés

| | Écaillés | Membrane nictitante | Fosse temporale | Fenêtre mandibulaire | Gésier | Plumes |
|------------|--------------------------|---------------------|-----------------|----------------------|----------------|------------------|
| Aigle | sur les pattes | présente | présente | présente | présent | présentes |
| Autruche | sur les pattes | présente | présente | présente | présent | présentes |
| Crocodile | sur tout le corps | présente | présente | présente | présent | absentes |
| Boa | sur tout le corps | absente | présente | absente | absent | absentes |
| Lézard | sur tout le corps | absente | présente | absente | absent | absentes |
| Grenouille | absentes | absente | absente | absente | absent | absentes |

Les états dérivés des caractères étudiés sont indiqués en gras.

Réalisez cet exercice mais en construisant la *matrice* et les deux *arbres* sous *Phylogène*. Puis reproduisez les *arbres* à la main.

Pistes de réflexion et d'exploitation

Répondez aux questions posées dans le sujet du concours.

II. Initiation à une méthode moléculaire (WPGMA)

Comment peut-on construire à la main un arbre phylogénétique à partir de séquences comparées ?

Activité 3. Construction à la main d'une phylogénie moléculaire (WPGMA)

D'après Épreuve écrite de Biologie B, Concours Agro-véto, voie A BCPST, 2009

| | |
|----------------------|---|
| Savoirs à construire | Initiation aux phylogénies moléculaires |
|----------------------|---|

| Savoir-faire sollicités | Capacité ou attitude visée | Évaluation |
|-------------------------|---|------------|
| | Maîtriser un outil, un geste technique, un logiciel > Phylogénie moléculaire (pour information) Produire un dessin, un schéma, un tableau, un graphe... > Phylogrammes | |

On se propose d'essayer de construire, par le biais de la méthode WPGMA*, une phylogénie simple de plastes d'organismes en comparant des gènes d'ARN 16S du stroma de plastes de 3 organismes la lignée verte et du cytoplasme de cyanobactéries. Les séquences sont proposées dans le document 1 où elles ont été alignées, la séquence d'*Arabidopsis thaliana* servant de référence.

* WPGMA = *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean* (appelée à tort UPGMA dans LECOINTRE & LE GUYADER, 2009).

1. On appelle **distance** ou **divergence** le pourcentage de nucléotides qui diffèrent entre les gènes de deux espèces étudiées (notons qu'un nucléotide absent est compté comme une différence dans la séquence). **Recopiez et complétez la matrice de distance** (document 11.1b) en utilisant les séquences proposées.

| Taxons / Taxons | <i>Arabidopsis</i> | <i>Anabaena</i> | <i>Cyanophora</i> | <i>Porphyra</i> |
|--------------------|--------------------|-----------------|-------------------|-----------------|
| <i>Arabidopsis</i> | 0,00 | - | - | - |
| <i>Anabaena</i> | | 0,00 | - | - |
| <i>Cyanophora</i> | | | 0,00 | - |
| <i>Porphyra</i> | | | | 0,00 |

Document 2. Matrice de distance à compléter

2. On admettra que **toutes les séquences évoluent à la même vitesse dans toutes les branches de l'arbre** (ce qui constitue un postulat de la méthode WPGMA) et que les pourcentages calculés reflètent les différences pour la séquence totale de l'ARN 16S. En utilisant la matrice produite à la question précédente, **construisez un phylogramme** WPGMA des taxons proposés en employant la méthode expliquée :

- Dans la matrice des distances, trouver les taxons i et j pour lesquels la distance d_{ij} est la plus petite.
- Mettre la racine à égale distance de i et de j , soit à $d_{ij}/2$.
- Créer un nouvel ensemble U incluant i et j . Si i et j sont les deux derniers ensembles, l'arbre est complet.

| | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----|--|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | C | T | G | A | C | G | G | A | G | G | A | A | T | G | C |
| 16 | C | G | C | G | T | G | G | A | G | G | T | A | * | G | A |
| 31 | A | G | G | C | C | C | A | C | G | G | G | T | C | C | T |
| 46 | G | A | A | C | T | T | C | T | T | T | T | C | C | C | A |
| 61 | G | A | G | A | A | G | A | A | G | * | * | * | C | A | A |
| 76 | T | G | A | C | G | G | T | A | T | C | T | G | G | G | G |
| 91 | A | A | T | A | A | G | C | A | T | C | | | | | |
| 100 | <i>Arabidopsis thaliana</i> (Chlorobionte) <i>Anabaena</i> sp. (Cyanobactérie) <i>Cyanophora paradoxa</i> (Glaucophyte) <i>Porphyra purpurea</i> (Rhodophyte) | | | | | | | | | | | | | | |

Document 1. Séquences comparées des quatre organismes étudiés

- Recalculer une matrice de distance en prenant comme distance de U à chaque taxon k , la moyenne des distance d_{ki} et d_{kj} : $d_{Uk} = (d_{ki} + d_{kj}) / 2$
- À partir de cette nouvelle matrice (dans laquelle il y a une entrée de moins car i et j ont été agglomérés en un ensemble U), retourner à la première étape.

Notez qu'on vous demande un **phylogramme**, c'est-à-dire un arbre phylogénétique dont la longueur est proportionnelle à la divergence des molécules : vous devrez donc faire des branches dont la taille sera égale à chaque fois à $d_{ij}/2$.

Références

- ALBERTS, B., A. JOHNSON, J. LEWIS, M. RAFF, K. ROBERTS & P. WALTER (2004). *Biologie moléculaire de la cellule. Quatrième édition*. Traduction de la quatrième édition américaine (2002) par F. LE SUEUR-ALMOSNI. Flammarion, Paris. Première édition américaine 1983 (1986 1^{re} édition française).
- ALLANO, L. & A. CLAMENS (2010). *Faits et mécanismes de l'évolution biologique*. Ellipses, Paris.
- BABIN, C. (1991). *Principes de paléontologie*. Armand Colin, Paris.
- BAUTZ, A.-M. & A. BAUTZ (coll. D. CHARDARD) (2010). *Mini-manuel de Biologie animale*. Dunod, Paris, 2e édition (1e édition 2007).
- BERTHET, J. (2006). *Dictionnaire de Biologie*. De Boeck Université, Bruxelles (Belgique).
- BREUIL, M. (2007). *Biologie 1^{re} année BCPST-véto*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- BREUIL, M. (2009). *Biologie 2^e année BCPST-véto*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- CAMPBELL, N. A. & J. B. REECE (2004). *Biologie*. De Boeck Université, Bruxelles, 2^e édition (1^{re} édition 1995).
- [CAMPBELL, N. A.], J. B. REECE, L. A. URY, M. L. CAIN, S. A. WASSERMAN, P. V. MINORSKY, R. B. JACKSON (2012). *Campbell Biologie*. Adaptation française J. FAUCHER & R. LACHAÎNE. Pearson, Paris (4e édition).
- CHASSANY, V., M. POTAGE & M. RICOU (2012). *Mini manuel de Biologie végétale*. Dunod, Paris.
- DE WEVER, P., B. DAVID & D. NÉRAUDEAU (Coll. J. BROUTIN) (2010). *Paléobiosphère. Regards croisés des Sciences de la Vie et de la Terre*. Vuibert, Paris.
- DELÉAGE, G. & M. GOUY (2013). *Bioinformatique. Cours et cas pratiques*. Dunod, Paris.
- DENŒUD, J., T. FERROIR, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON, M.-L. PONS & F. TEJEDOR (2011). *Biologie-Géologie BCPST-véto 2^e année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- DENŒUD, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2013). *Biologie-Géologie BCPST-véto 1^{re} année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- DENŒUD, J., C. GODINOT, O. GUIPPONI, H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON, M.-L. PONS & F. TEJEDOR (2014). *Biologie-Géologie BCPST-véto 2^e année*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- GODINOT, C., H. MOREAU, M. PAULHIAC-PISON & F. TEJEDOR (2010). *Biologie-Géologie 1^{re} année BCPST-véto*. Tec & Doc, Lavoisier, Paris.
- HALL, B. K. & B. HALLGRIMSSON (2008). *Strickberger's evolution*. Jones and Bartlett, Sudbury, MA (USA), 4e édition (1e édition par M. W. Strickberger 1990).
- HARRY, M. (2008). *Génétique moléculaire et évolutive*. Maloine, Paris, 2e édition (1e édition 2001).
- HENNIG, W. (1966). *Phylogenetic Systematics*. University of Illinois Press, Urbana, Illinois (USA).
- LAFON, C. (2003). *La biologie autrement. 100 questions de synthèse*. Ellipses, Paris.
- LE GUYADER, H. (dir.) (1998). *L'Évolution*. Belin-Pour la Science, Paris.
- LECOINTRE, G. (dir.) (2004). *Comprendre et enseigner la classification du vivant*. Belin, Paris.
- LECOINTRE, G. (dir.), C. FORTIN, G. GUILLOT & M.-L. LE LOUARN-BONNET (2009). *Guide critique de l'évolution*. Belin, Paris.
- LECOINTRE, G. & H. LE GUYADER (2009). *Classification phylogénétique du vivant*. Illustrations D. VISETT. Belin, Paris, 3e édition (1e édition 2001).
- LECOINTRE, G. & H. LE GUYADER (2013). *Classification phylogénétique du vivant Plantes à fleurs. Cnidaires. Insectes. Squamates. Oiseaux. Téléostéens*. Belin, Paris.
- MEYER, S., C. REEB & R. BOSDEVEIX (2008). *Botanique. Biologie et physiologie végétales*. Maloine, Paris, 2e édition (1e édition 2004).
- MORÈRE, J.-L., R. PUJOL (coord.), J.-C. CALLEN, L. CHESNOY, J.-P. DUPONT, A.-M. GIBERT-TANGAPREGASSOM, G. RICOU, N. TOUZET (dir.) et collaborateurs (2003). *Dictionnaire raisonné de Biologie*. Frison-Roche, Paris.
- PERRIÈRE, G. & C. BROCHIER-ARMANET (2010). *Concepts et méthodes en phylogénie moléculaire*. Springer, Berlin (D).
- PEYCRU, P. (dir.), J.-F. FOGELGESANG, D. GRANDPERRIN, B. AUGÈRE, J.-C. BAEHR, C. PERRIER, J.-M. DUPIN & C. VAN DER REST (2010a). *Biologie tout-en-un BCPST 1^{re} année*. Dunod, Paris, 2^e édition (2009), réimpression corrigée (2010) (1^{re} édition 2006).
- PEYCRU, P. (dir.), J.-C. BAEHR, F. CARIOU, D. GRANDPERRIN, C. PERRIER, J.-F. FOGELGESANG & J.-M. DUPIN (2010b). *Biologie tout-en-un BCPST 2^e année*. Dunod, Paris, 2^e édition (1^{re} édition 2007).
- PEYCRU, P., D. GRANDPERRIN, C. PERRIER (dir.), B. AUGÈRE, T. DARRIBÈRE, J.-M. DUPIN, C. ESCUYER J.-F. FOGELGESANG, & C. VAN DER REST (2013). *Biologie tout-en-un BCPST 1^{re} année*. Dunod, Paris, 3^e édition (1^{re} édition 2006).
- PEYCRU, P., D. GRANDPERRIN, C. PERRIER (dir.), B. AUGÈRE, J.-F. BEAUX, F. CARIOU, P. CARRÈRE, T. DARRIBÈRE, J.-M. DUPIN, C. ESCUYER, J.-F. FOGELGESANG, S. MAURY, É. QUÉINNEC, E. SALGUEIRO & C. VAN DER REST (2014). *Biologie tout-en-un BCPST 2^e année*. Dunod, Paris, 3^e édition (1^{re} édition 2007).
- PRAT, D., A. RAYNAL-ROQUES & A. ROQUENANT (dir.) (2008). *Peut-on classer le vivant ? Linné et la systématique aujourd'hui*. Belin, Paris.
- RAVEN, P. H., G. B. JOHNSON, J. B. LOSOS, S. S. SINGER (2007). *Biologie*. De Boeck, Bruxelles.
- REVIERS, B. DE (2002, 2003). *Biologie et phylogénie des algues. Tome 1. Tome 2*. Belin, Paris.

- RICHARD, D. (dir.), P. CHEVALET, S. FOURNEL, N. GRAUD, F. GROS, P. LAURENTI, F. PRADÈRE & T. SOUBAYA (2012). *Biologie. Tout le cours en fiches. Licence. CAPES. Prépas*. Dunod, Paris, 2^e édition (1^{re} édition 2010).
- RIDLEY, M. (1997). *Évolution*. De Boeck, Bruxelles, traduction de la 2e édition américaine (1996).
- RIDLEY, M. (2004). *Evolution*. Blackwell, Malden, MA, USA, 3e édition (1e édition 1993).
- SCHUH, R. T. & A. W. BROWNER (2009). *Biological systematics. Principles and applications. Second edition*. Cornell University Press, New York, USA (1e édition 2000).
- SEGARRA, J. (dir.), É. CHAUVET, C. COLSON-PROCH, M. HUILLE, M. LABROUSSE, F. LOUET, F. METZ & E. PIÈTRE (2014). *Biologie BCPST 1^{re} année*. Ellipses, Paris.
- SEGARRA, J. (dir.), G. BAILLY, O. CHASSAING, D. FAVRE, T. JEAN, F. METZ, C. MEUNIER & E. PIÈTRE (à paraître). *Biologie BCPST 2^e année*. Ellipses, Paris.
- SERRE, J.-L. (2006a). *Génétique*. Dunod, Paris, 3e édition (1e édition 2001).
- SOLIGNAC, M., G. PERIQUET, D. ANXOLABÈRE & C. PETIT (1995a). *Génétique et évolution. Tome I. La variation, les gènes dans les populations*. Hermann, Paris.
- SOLIGNAC, M., G. PERIQUET, D. ANXOLABÈRE & C. PETIT (1995b). *Génétique et évolution. Tome II. L'espèce, l'évolution moléculaire*. Hermann, Paris.
- STEARNS, S. C. & R. F. HOEKSTRA (2005). *Evolution : an introduction*. Oxford University Press, Oxford (UK), 2e édition (1e édition 2000).
- THOMAS, F., T. LEFÈVRE & M. RAYMOND (dir.) (2010). *Biologie évolutive*. De Boeck, Bruxelles.

Plan du TD

| | |
|---|----------|
| Objectifs : extraits du programme | 1 |
| Introduction | 1 |
| I. Analyse cladistique | 1 |
| A. Travail à la main | 1 |
| B. Travail sur Phylogène | 1 |
| II. Initiation à une méthode moléculaire (WPGMA) | 3 |
| Références | 4 |
| Plan du chapitre | 4 |

© Tanguy JEAN. Les textes et les figures originales sont la propriété de l'auteur. Les figures extraites d'autres sources restent évidemment la propriété des auteurs ou éditeurs originaux.
Document produit en octobre 2015 • Dernière actualisation : août 2017. Contact : Tanguy.Jean4@gmail.com
Adresse de téléchargement : <http://tanguyjean.businesscatalyst.com/>



Ces données sont placées sous licence *Creative Commons Attribution – Pas d'Utilisation commerciale 4.0 CC BY NC* qui autorise la reproduction et la diffusion du document, à condition d'en citer explicitement la source et de ne pas en faire d'utilisation commerciale.

Annexe : éléments de correction de l'activité 3

Question 1 : remplissage de la matrice de distance

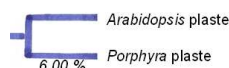
Pour compléter la **matrice de distance**, on comptabilise les **différences** entre les **séquences comparées deux à deux** que l'on exprime ensuite en pourcentages. Par exemple, il y a 38 sites nucléotidiques différents entre *Arabidopsis* et *Anabaena* sur 100 sites séquencés, soit une **divergence** de **38,00 %**. On procède ainsi pour obtenir toutes les valeurs, ce qui permet de proposer la matrice suivante :

| Taxons / Taxons | <i>Arabidopsis</i> | <i>Anabaena</i> | <i>Cyanophora</i> | <i>Porphyra</i> |
|--------------------|--------------------|-----------------|-------------------|-----------------|
| <i>Arabidopsis</i> | 0,00 | - | - | - |
| <i>Anabaena</i> | 38,00 | 0,00 | - | - |
| <i>Cyanophora</i> | 20,00 | 29,00 | 0,00 | - |
| <i>Porphyra</i> | 12,00 | 31,00 | 17,00 | 0,00 |

Matrice de distance en pourcentages
(on gardera bien la même précision que l'énoncé, à savoir deux décimales après la virgule)

Question 2 : construction du phylogramme UPGMA

- Dans la matrice, on constate que la **plus petite distance** entre deux taxons est entre *Arabidopsis* et *Porphyra*. On peut donc proposer un début d'arbre phylogénétique où la **taille des branches** est la **distance au nœud**, soit $12,00/2 = 6,00 \%$:



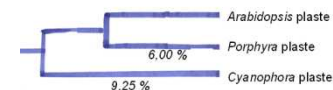
Arbre phylogénétique en construction (1^{er} étape)

- On construit ensuite une **nouvelle matrice** en calculant la **distance** entre les taxons non placés sur l'arbre (*Anabaena*, *Cyanophora*) et le groupe déjà formé (*Arabidopsis* + *Porphyra*). On calcule alors, pour le groupe *Arabidopsis* + *Porphyra*, des **distances moyennes**. Par exemple, la distance entre *Anabaena* et le groupe *Arabidopsis* + *Porphyra* est égale à la moyenne de la distance entre *Anabaena* et *Arabidopsis* et de la distance entre *Anabaena* et *Porphyra*, soit : $(38,00 + 31,00)/2 = 34,50 \%$. Suivant cette méthode, on peut donc proposer la matrice suivante :

| Taxons / Taxons | <i>Arabidopsis</i> + <i>Porphyra</i> | <i>Anabaena</i> | <i>Cyanophora</i> |
|--------------------------------------|--------------------------------------|-----------------|-------------------|
| <i>Arabidopsis</i> + <i>Porphyra</i> | - | - | - |
| <i>Anabaena</i> | 34,50 | - | - |
| <i>Cyanophora</i> | 18,50 | 29,00 | - |

Nouvelle matrice de distance en pourcentages

- La **distance la plus courte** est maintenant la distance entre *Cyanophora* et le groupe *Arabidopsis* + *Porphyra*. On peut donc placer *Cyanophora* sur l'arbre (**distance au nœud** : $18,50/2 = 9,25 \%$) :



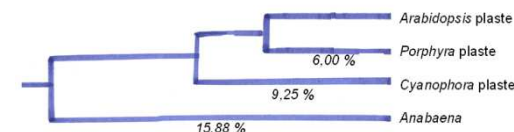
Arbre phylogénétique en construction (2^e étape)

- On peut enfin réaliser une dernière **matrice** où on calcule la distance entre le dernier **taxon restant** (*Anabaena*) et le groupe *Arabidopsis* + *Porphyra* + *Cyanophora* en appliquant la même règle en **moyennant** à nouveau les **distances** : $(34,50 + 29,00)/2 = 31,75 \%$. Cela permet de proposer cette dernière matrice :

| Taxons / Taxons | <i>Arabidopsis</i> + <i>Porphyra</i> + <i>Cyanoph.</i> | <i>Anabaena</i> |
|--|--|-----------------|
| <i>Arabidopsis</i> + <i>Porphyra</i> + <i>Cyanophora</i> | - | - |
| <i>Anabaena</i> | 31,75 | - |

Dernière matrice de distance en pourcentages

- On peut donc placer *Anabaena* sur l'arbre (la **racine** sera placée à $31,75/2 = 15,88 \%$) et proposer l'**arbre final** suivant :



Arbre phylogénétique (phylogramme) obtenu.

Remarque : notons qu'avec le WPGMA, on produit des arbres racinés. Notez aussi que les tracés devraient être jolis et à la règle, pas comme dans ce corrigé !