

Phylogénies bactériennes

Guy Perrière

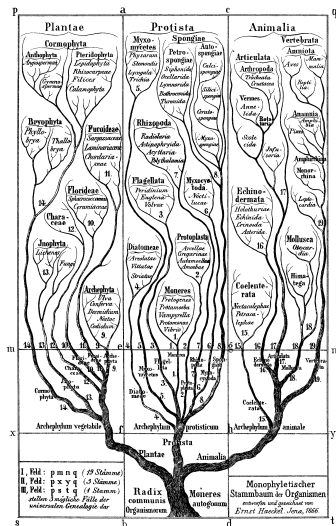
Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive
UMR CNRS n° 5558
Université Claude Bernard – Lyon 1

27 octobre 2019

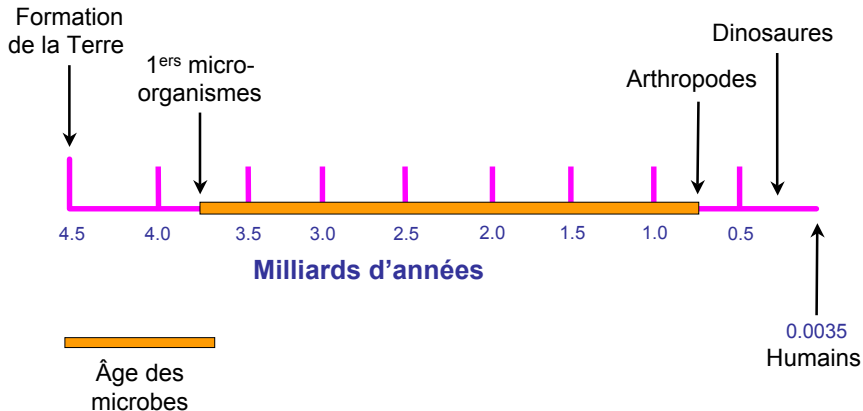
<http://pbil.univ-lyon1.fr/members/perriere/cours/EcoMi/>

Classification phylogénétique

- Premier arbre « universel » publié en 1866 par Haeckel :
 - Subdivision du vivant en trois règnes :
 - Plantes.
 - Animaux.
 - Protistes.
 - Position des organismes microscopiques unicellulaires ?
 - Question qui se pose encore aujourd'hui.

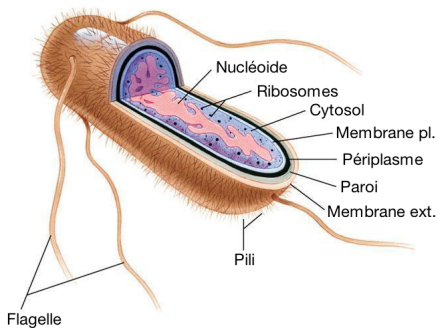


Histoire de la vie sur Terre



Les procaryotes

- Comprennent les bactéries et les archées :
 - Organisation générale comparable :
 - Organismes unicellulaires dépourvus de noyau.
 - Différences au niveau :
 - Des mécanismes de réplication et de traduction.
 - Des phospholipides de la membrane plasmique.



Comment les classer

- Critères morphologiques inopérants.
- Pendant longtemps, utilisation de critères biochimiques :
 - Coloration (Gram positives et Gram négatives).
 - Fonctions biochimiques (principe des galeries Api) :

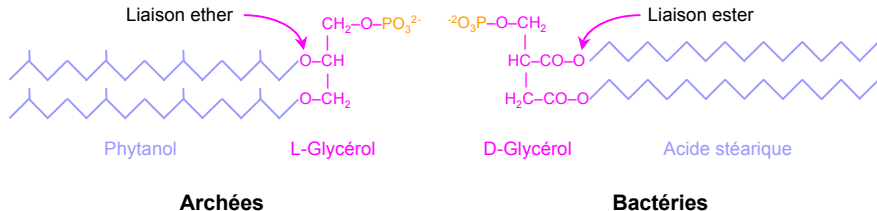


- Depuis 1977, utilisation des données de séquences :
 - Construction de phylogénies moléculaires.

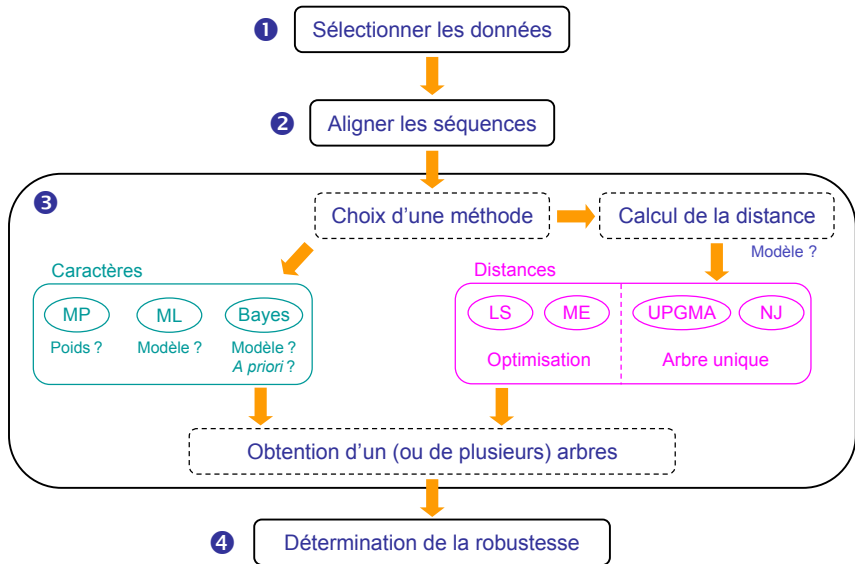
Paroi des archées

■ Structure particulière :

- Pas de peptidoglycane.
- Diglycérides-phosphates membranaires spécifiques :
 - L-Glycérol au lieu de D-Glycérol.
 - Isoprènes au lieu d'acides gras.
 - Liaisons avec le Glycérol de type ether au lieu d'ester.



Étapes d'une phylogénie



Typologie des méthodes

- Méthodes fondées sur l'utilisation de caractères :
 - Maximum de parcimonie (*Maximum of Parsimony* – MP).
 - Maximum de vraisemblance (*Maximum Likelihood* – ML).
 - Approche bayésienne.
- Méthodes fondées sur des matrices de distances :
 - Classification ascendante hiérarchique au lien moyen (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic means*, UPGMA).
 - Moindres carrés (*Least Squares* – LS).
 - Minimum d'évolution (*Minimum of Evolution* – ME).
 - *Neighbor-Joining* (NJ).

Données utilisées

■ Point de départ :

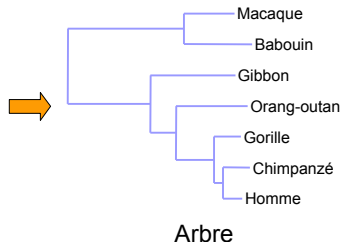
- Un ensemble de séquences *homologues* alignées.
- Chaque position dans l'alignement constitue un *site*.

■ Résultat obtenu :

- Un arbre décrivant les relations évolutives entre les séquences (*i.e.*, un arbre phylogénétique).

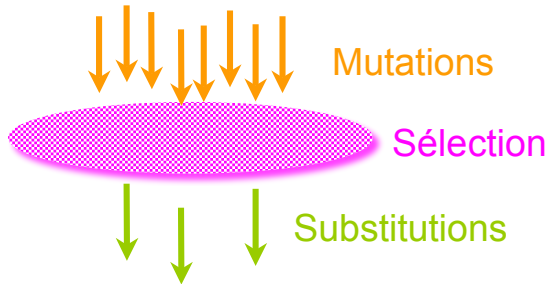
Gibbon	AAGCTTTACAGGTGCAACCGTCCTCATAATCGCCACGGACTAACCTCTT
Orang	AAGCTTCAACGGCGCAACCCTCATGATTGCCCATGGACTCACATCCT
Gorille	AAGCTTCAACGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCACGGACTTACATCAT
Homme	AAGCTTCAACGGCGCAGTCATCTCTATAATCGCCACGGACTTACATCCT
Chimpanzé	AAGCTTCAACGGCGCAATTATCCTCATAATCGCCACGGACTTACATCCT
Macaque	AAGCTTTTCGGGCGCAACCATCCTTATGATCGCTCAGGACTCACCTCTT
Babouin	AAGCTTCTCCGGTGCACCATCCTTATGATTGCCACGGACTCACCTCTT

Alignement



Mutations et substitutions

- La grande majorité des *mutations* sont soit neutres (*i.e.*, n'ont aucun effet sur le phénotype), soit délétères :
 - Les mutations avantageuses sont très rares.
- Les *substitutions* correspondent aux mutations qui ont passé le crible de la sélection naturelle.



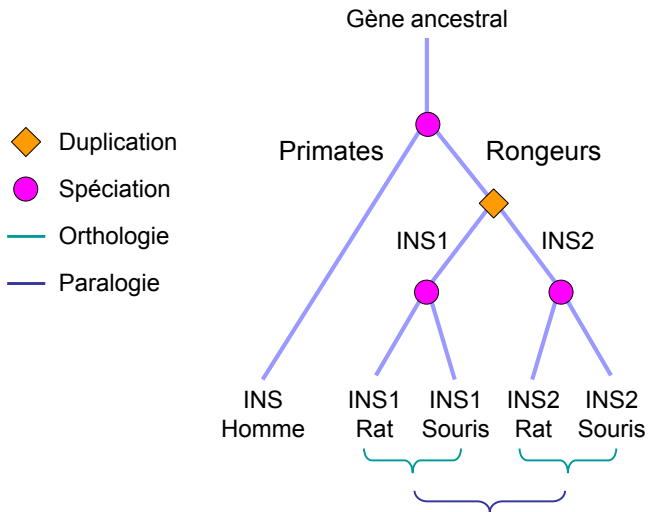
Homologie ou similarité ?

- La phylogénie moléculaire est fondée sur l'utilisation de séquences homologues :
 - Deux séquences sont dites homologues si et seulement si elles possèdent un ancêtre commun.
 - L'existence d'un ancêtre commun est inférée à partir de la similarité.
 - Seuil variable suivant les circonstances :
 - Similarité sans homologie (convergence, répétitions).
 - Homologie avec faible similarité (limitation à quelques positions clés dans les séquences).

Famille des insulines

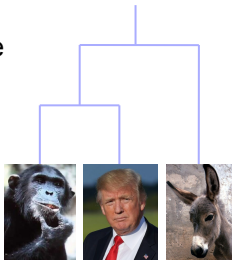
	Chaîne B		Chaîne A
Q14641	ELRGCGRPRFGKHLLSYCPMPEKTFITTPGG... [x] 58.....		SGRHRFDPPFCEVICDDGTSVKLCT
P51460	REKLCGHHFVRALVRCGGPRWSTEA..... [x] 51.....		AAATNPARYCCLSGCTQQDLLTLCPY
P04808	VIKLCGRELVRQAIAICGMSTWS..... [x] 109.....		PYVALFEKCCLIGCTKRSLAKYC
P26732	VHTYCGRHLARTLADLCWEAGVD..... [x] 25.....		GIVDECCLRPCSDVLLSYC
P26733	ARTYCGRHLADTLADLCF--GVE..... [x] 23.....		GVVDECCFRPCTLDVLLSYCG
P26735	SQFYCGDFLARTMSILCWPDMP..... [x] 25.....		GIVDECCYRPTTDVLKLYCDKQI
P26736	GHIYCGRYLAYKMADLCWRAGFE..... [x] 25.....		GIADCCCLQPCTNDVLLSYC
P15131	VARYCGEKLSNALKLVCRGNNTMF..... [x] 58.....		GVFDECCRKSCSISELQTYCGRR
P07223	RRGVCGSALADLVDFACSSSNQPAMV..... [x] 29.....		QGTNIVCECCMKPCTLSELRQYCP
P25289	PRGICGSNLAFRAFICSNQNSPSMV..... [x] 44.....		QRTTNLVCCECFNYCTPDVVRKYCY
P80090	PRGLCGSTLANMVQWLCTSTYTTSSKV..... [x] 30.....		ESRPSIVCECCFNQCTVQELLAYC
P31241	PRGICGSDLADLRAFICSRRNQPAMV..... [x] 44.....		QRTTNLVCCECCYNVCTVDVFYEYCY
P91797	PRGLCGNRLARAHANLCFLLRNTYPDIFPR... [x] 86...E		VMAEPSLVCDCCYNECSVRKLATYC
P22334	AEYLCGSTLADVLSFVCGNRGYNSQP..... [x] 31.....		GLVECCYNVCDYSQLESYCNPYS
P01308	NQHLCGSHLVEALYLVCGERGFFYTPKT..... [x] 35.....		GIVEQCCTSICSLYQLENYCN
P01343	PETLCGAELVDALQFVCGDRGFYF..... [x] 12.....		GIVDECCFRSCDLRRLEMYCAPLK
P01344	SETLCGGELVDTLQFVCGDRGFYF..... [x] 12.....		GIVEECCFRSCDLALLETYCATPA
	** . *		** * . *

Orthologues et paralogues

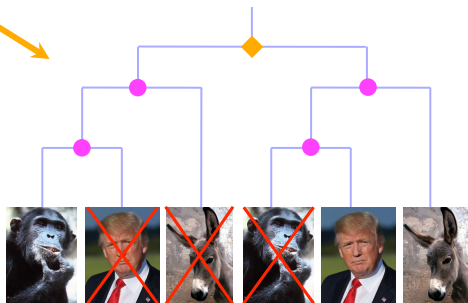
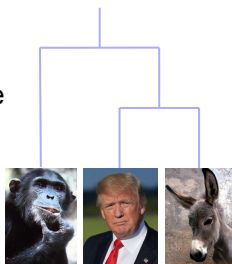


Duplications et phylogénie

Phylogénie vraie



Phylogénie déduite



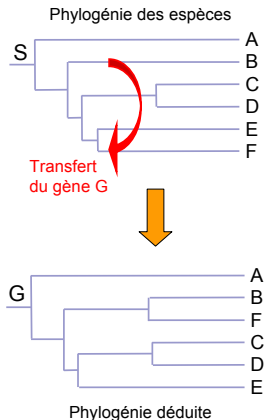
- ◆ Duplication
- Spéciation

Les paralogues sont fréquents

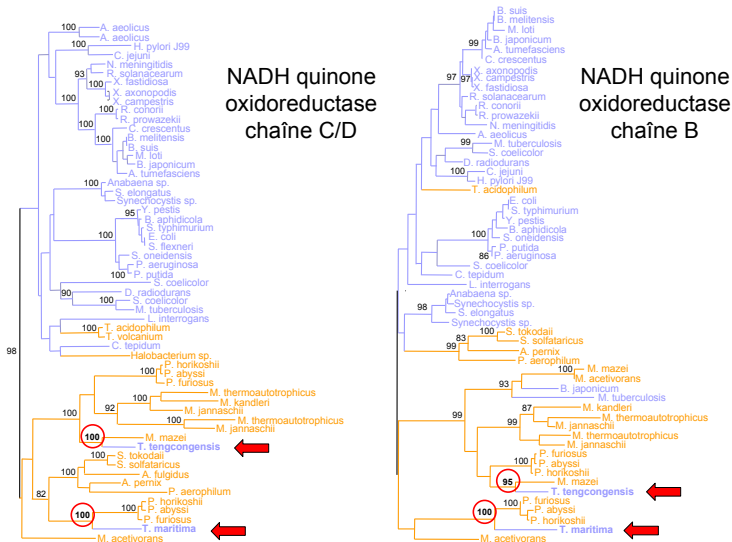
- Nombre très important même chez les organismes unicellulaires :
 - 30% des gènes d'*E. coli* K12.
 - 40% en moyenne chez les mammifères.
- Existence de duplications multiples :
 - Les relations d'orthologie sont souvent non bijectives.
- Divergences pouvant être importantes après duplication :
 - Difficulté à identifier de nombreux paralogues.

Les transferts horizontaux

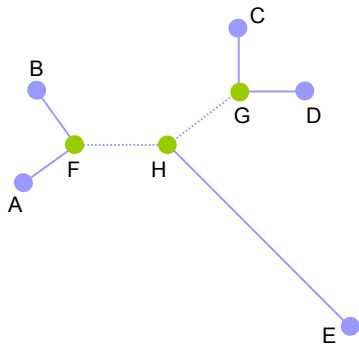
- Transmission de gènes entre taxons différents.
- Phénomènes supposés très fréquents chez les procaryotes :
 - Implication de différents mécanismes :
 - Transformation.
 - Conjugaison.
 - Transduction.
 - 17.6% des gènes d'*E. coli* auraient été obtenus par transfert.



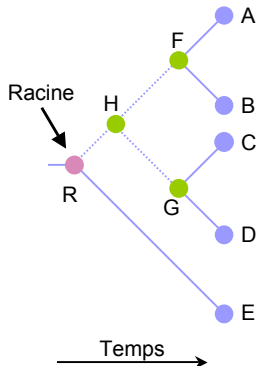
Exemple de transfert



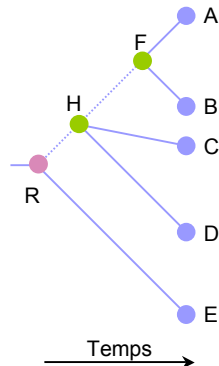
Typologie des arbres



Arbre non raciné



Arbre raciné

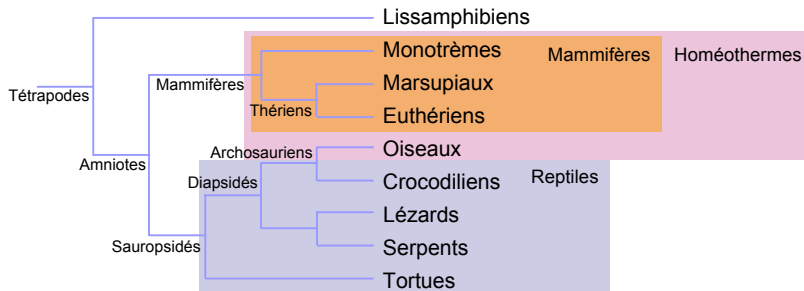


Arbre polytomique

● Unité Taxonomique Opérationnelle (UTO)

● Unité Taxonomique Hypothétique (UTH)

Mono-, poly- et paraphylie

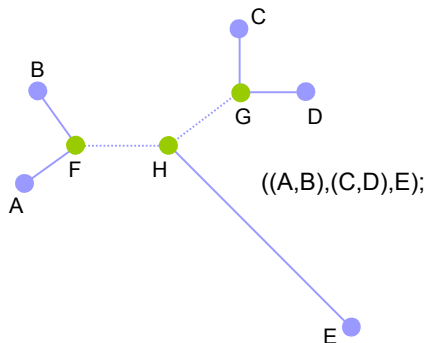


■ Dans cette phylogénie des Tétrapodes :

- Les Mammifères sont *monophylétiques*.
- Les Homéothermes sont *polyphylétiques*.
- Les Reptiles (au sens ancien du terme) sont *paraphylétiques*.

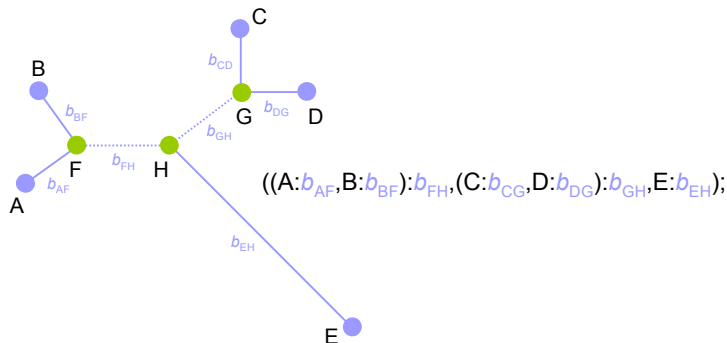
Format Newick standard

- Les UTO (ou groupes d'UTO) descendants d'un même nœud sont placés entre parenthèses.
- Les UTO et groupes d'UTO sont séparés par des virgules.
- La fin de l'arbre est indiquée par un point virgule.



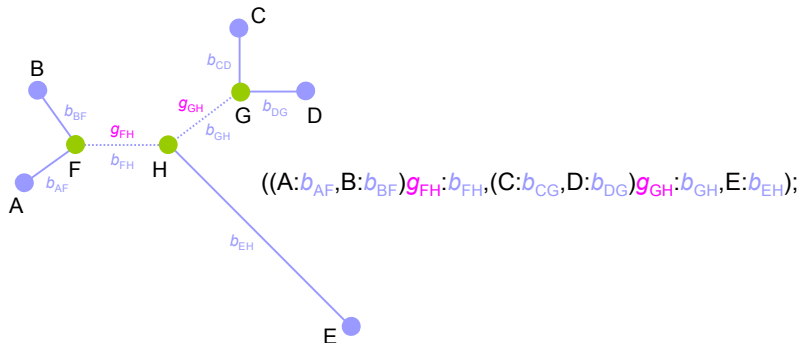
Extensions courantes

- Longueurs des branches indiquées par leur valeur précédée de deux points.



Extensions courantes

- Longueurs des branches indiquées par leur valeur précédée de deux points.
- Robustesse des branches internes indiquées par un nombre localisé après les parenthèses fermantes délimitant les groupes.



Nombre d'arbres racinés

- Soit $B_r^{(n)}$ le nombre d'arbres racinés à n UTO :
- Pour construire un arbre raciné à n UTO, il suffit d'ajouter une UTO à un arbre raciné à $n - 1$ UTO.
- Un arbre raciné à $n - 1$ UTO possède $n - 1$ branches terminales et $n - 2$ branches internes, soit $2n - 3$ branches au total.
- On en déduit la formule de récurrence :

$$\begin{aligned} B_r^{(n)} &= (2n - 3)B_r^{(n-1)} \\ &= (2n - 3) \times (2n - 5) \times \cdots \times 9 \times 7 \times 5 \times 3 \times 1 \end{aligned}$$

Il est ensuite facile de démontrer que :

$$B_r^{(n)} = \frac{(2n - 3)!}{2^{n-2}(n - 2)!}$$

Nombre d'arbres non racinés

- Soit $B_u^{(n)}$ le nombre d'arbres non racinés à n UTO.
- Pour construire un arbre non raciné à n UTO, il suffit d'ajouter une UTO à un arbre non raciné à $n - 1$ UTO.
- Un arbre non raciné à $n - 1$ UTO possède $n - 1$ branches terminales et $n - 4$ branches internes, soit $2n - 5$ branches au total.
- On en déduit la formule de récurrence :

$$\begin{aligned} B_u^{(n)} &= (2n - 5)B_u^{(n-1)} \\ &= (2n - 5) \times (2n - 7) \times \cdots \times 9 \times 7 \times 5 \times 3 \times 1 \end{aligned}$$

De la même façon que précédemment, on en déduit que :

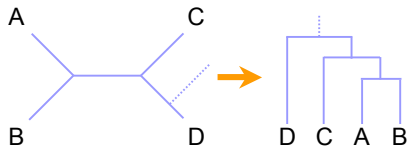
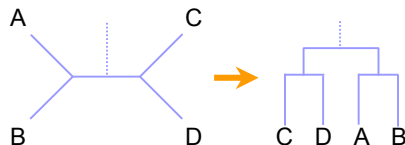
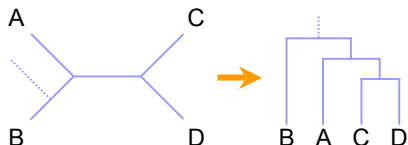
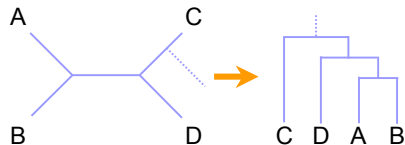
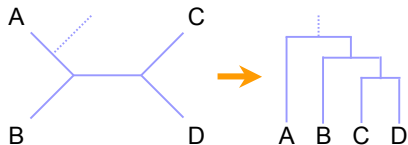
$$B_u^{(n)} = \frac{(2n - 5)!}{2^{n-3}(n - 3)!} = B_r^{(n-1)}$$

L'arbre caché dans la forêt

- Le nombre d'arbres (racinés ou non) croît donc extrêmement rapidement :
 - Retrouver le bon arbre est pratiquement impossible dès que $n \geq 12$.

n	$B_r^{(n)}$	$B_u^{(n)}$
2	1	1
3	3	1
4	15	3
5	105	15
6	945	105
7	10395	945
8	135135	10395
9	2027025	135135
10	34459425	2027025
15	$\approx 2.13 \times 10^{14}$	$\approx 7.91 \times 10^{12}$
20	$\approx 8.20 \times 10^{21}$	$\approx 2.22 \times 10^{20}$
30	$\approx 4.95 \times 10^{38}$	$\approx 8.69 \times 10^{36}$
50	$\approx 2.75 \times 10^{76}$	$\approx 2.84 \times 10^{74}$

Position de la racine



Arbre non raciné à n UTO :

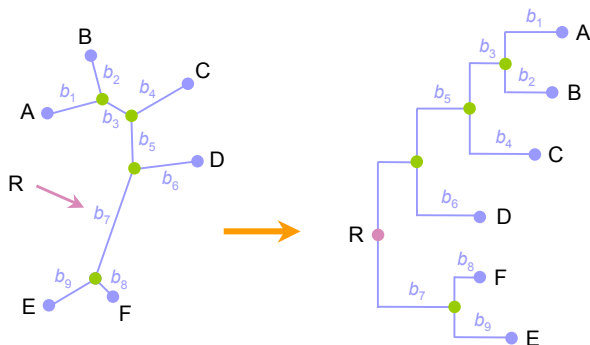
- n branches externes.
- $n - 3$ branches internes.
- $2n - 3$ positions pour la racine.

Racinement d'un arbre

- La plupart des méthodes produisent des arbres sans racine :
 - Pas d'estimation de la direction des changements au cours du temps.
- Plusieurs méthodes de racinement existent :
 - Au point moyen :
 - Hypothèse que toutes les séquences ont évolué à la même vitesse depuis leur divergence avec l'ancêtre commun.
 - À l'aide d'un groupe externe (*outgroup*) fixé *a priori* et connu comme étant extérieur aux taxons étudiés.
 - En utilisant un paralogue.

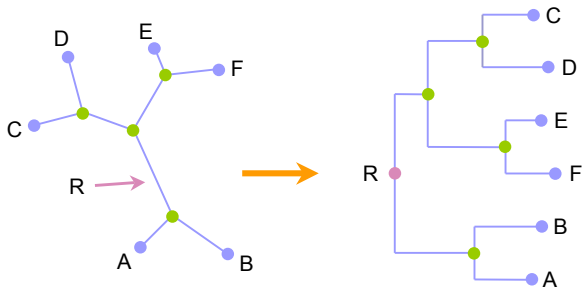
Racinement au point moyen

- Détermination des deux UTO les plus distantes dans l'arbre :
 - Placement de la racine au milieu du chemin.
- Dans l'arbre ci-dessous, A et E sont les deux UTO les plus éloignées et le racinement au point moyen donne :



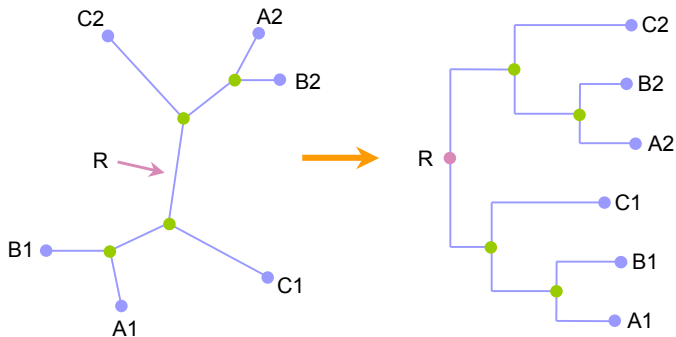
Racinement par un groupe externe

- Choix du groupe externe :
 - Une espèce ou un groupe d'espèces monophylétique qui ne soit ni trop proche ni trop éloigné des organismes d'intérêt.
- Racinement par le groupe $\{A, B\}$, supposé extérieur aux organismes d'intérêt que sont C, D, E et F :



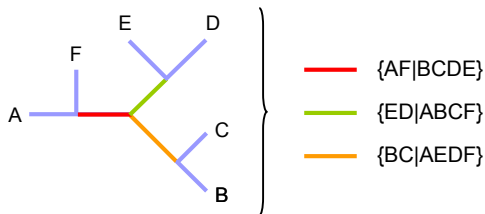
Racinement par un paralogue

- Duplication chez l'ancêtre commun à l'ensemble des organismes étudiés :
 - Racinement en utilisant une des deux copies paralogues.
 - Utilisé pour la construction de phylogénies « universelles » (*i.e.*, regroupant les trois domaines du vivant).



Mesure de la fiabilité

- L'information véhiculée par un arbre réside entièrement dans ses branches internes :
 - La topologie τ se déduit de l'ensemble des *bipartitions* définies par les branches internes :



- La fiabilité d'un arbre se ramène donc à la fiabilité de ses branches internes.

Principe du *bootstrap*

1 ℓ

ACGTACATAGTATAGCG...TCTAGTGGTACCGTATG
 AGGTACATAGTATGG-G...TATACTGGTACCGTATG
 ACGTAAAT-GTATAGAG...TCTAATGGTAC-GTATG
 ACGTACATGGTATAGCG...ACTACTGGTACCGTATG

Alignement de départ

2

Echantillonnage aléatoire
avec remise de ℓ sites

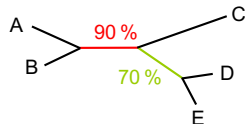
} B fois
($B \geq 500$)

1 ℓ

GATCAGTCATGTATAGG...TCTAGTGGTACGTATAT
 TGAGAGTCATGTATGGT...GTATACTGGTACGTAAT
 TGAC-GTAAATGTATAGG...TCTAATGGTACTGTAAT
 TGACGGTCATGTATAGG...ACTACTGGTACGTATAT

 B alignements rééchantillonnés

1

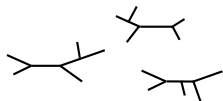
Construction
de l'arbre

Arbre obtenu

4

Pour chaque branche interne
% des arbres « artificiels »
contenant cette même branche

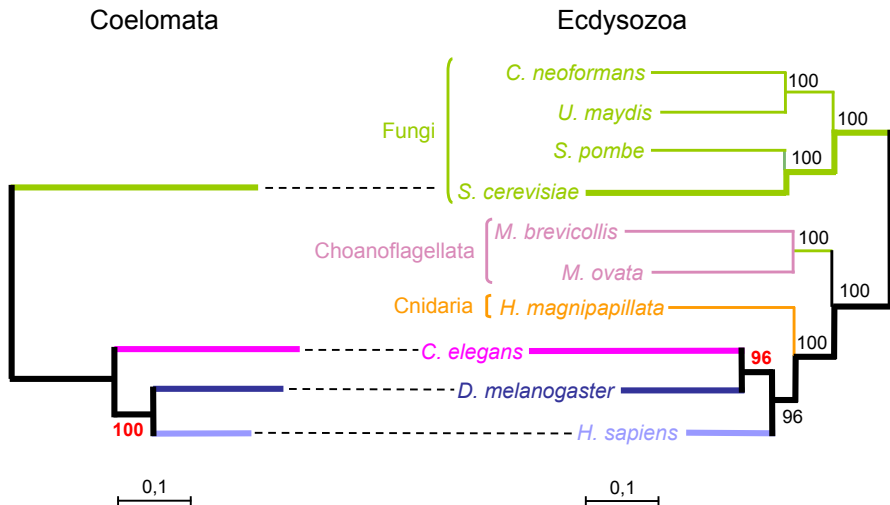
3

Construction
de B arbres B arbres « artificiels »

Limitations et usage

- Ne permet pas de déterminer si un arbre est vrai ou faux :
 - Un arbre faux peut avoir des branches soutenues par de fortes valeurs de *bootstrap*.
- Non-indépendance des observations (sites) :
 - Surestimation des scores faibles et sous-estimation des scores forts.
- En théorie, seuil en fonction d'un risque d'erreur fixé *a priori* :
 - En pratique, valeurs fluctuantes suivant les utilisateurs.
 - Seuils communément admis :
 - 100% : robustesse maximale.
 - 95-99% : très fort soutien par les données.
 - 90-94% : fort soutien par les données.
 - 80-89% : soutien modéré par les données.
 - < 80% : pas de soutien.

Un exemple classique



Modèles de substitution

- Utilisés par toutes les méthodes de reconstruction sauf la parcimonie.
- Estiment la distance évolutive entre deux séquences depuis la divergence de l'ancêtre commun :
 - Sont rapportées à la longueur des séquences.
 - Sont exprimées en nombre de substitutions/site.

Divergence observée

- Appelée p (ou p -distance), c'est l'estimation la plus simple de la distance évolutive entre deux séquences :

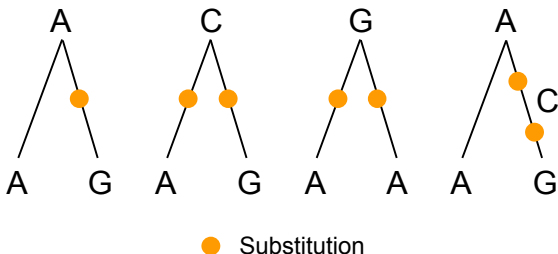
$$p = n/\ell$$

avec n le nombre total de substitutions et ℓ le nombre de sites homologues comparés.

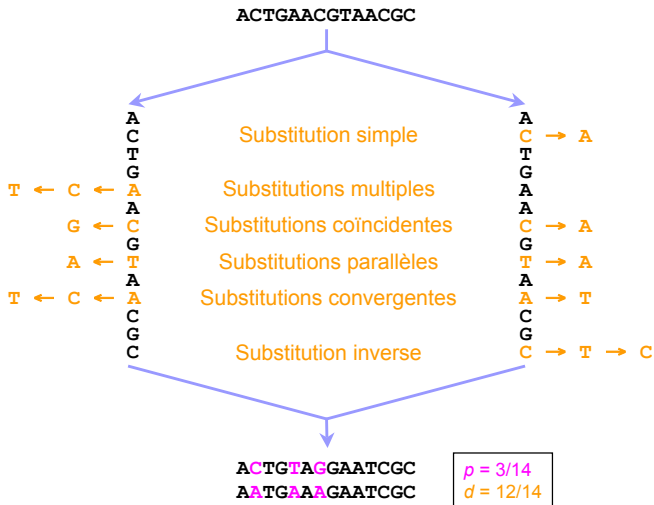
- Variation pour deux séquences de composition homogène :
 - Pour l'ADN : $0 \leq p \leq 0.75$.
 - Pour les protéines : $0 \leq p \leq 0.95$.

Substitutions multiples

- La distance évolutive réelle (d) est généralement supérieure à la divergence observée (p).
- En faisant des hypothèses sur la nature du processus évolutif, il est possible d'estimer d à partir de p .



Types de substitutions



Modélisation markovienne de l'évolution

- Utilisée pour les séquences nucléotidiques et protéiques.
- Hypothèse que les phénomènes de substitution suivent un processus *markovien* :
 - Détermination d'un ensemble de *probabilités de substitution* :

$$\mathbf{P}(t) = \begin{pmatrix} p_{AA}(t) & p_{AC}(t) & p_{AT}(t) & p_{AG}(t) \\ p_{CA}(t) & p_{CC}(t) & p_{CT}(t) & p_{CG}(t) \\ p_{TA}(t) & p_{TC}(t) & p_{TT}(t) & p_{TG}(t) \\ p_{GA}(t) & p_{GC}(t) & p_{GT}(t) & p_{GG}(t) \end{pmatrix}$$

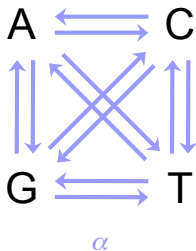
- Calcul de la distance évolutive d à partir de ces probabilités.

Propriétés des modèles standards

- Stationnarité :
 - La fréquences des nucléotides/acides aminés dans les séquences est la même de la racine aux feuilles de l'arbre.
- Réversibilité :
 - La quantité de changement d'un nucléotide/acide aminé $i \rightarrow j$ est égale à la quantité de changement $j \rightarrow i$.
- Homogénéité par branche :
 - Un seul taux global de substitution tout au long de l'arbre.
- Homogénéité par sites (ou uniformité) :
 - Tous les sites évoluent suivant le même processus.

Modèle de Jukes et Cantor

- Premier modèle d'évolution moléculaire pour les séquences nucléotidiques (1969).
- Toutes les substitutions sont équiprobables :
 - Taux de substitution instantané α pour chaque nucléotide.
 - Calcul d'une seule probabilité de substitution.



$$\pi_A, \pi_C, \pi_T, \pi_G = 1/4$$

Propriétés

- Distance évolutive inférée :

$$d = -\frac{3}{4} \ln \left(1 - \frac{4}{3}p \right)$$

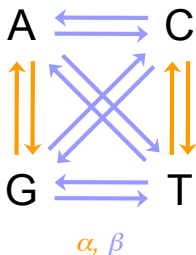
avec p la divergence observée.

- Approprié uniquement pour des séquences peu divergentes ($p \leq 0.1$).
- Calcul impossible si les séquences sont trop divergentes :

$$p \rightarrow 0.75 \Rightarrow d \rightarrow \infty$$

Modèle de Kimura à deux paramètres

- Deuxième modèle « historique », proposé par Kimura (1980).
- Distingue les transitions des transversions :
 - Définition de deux taux instantanés (α et β).
 - Calcul de deux probabilités de substitution.



$$\pi_A, \pi_C, \pi_T, \pi_G = 1/4$$

Propriétés

- Distance évolutive inférée :

$$d = -\frac{1}{2} \ln(1 - 2r - v) - \frac{1}{4} \ln(1 - 2v)$$

avec r et v resp. les fréquences observées des transitions et des transversions.

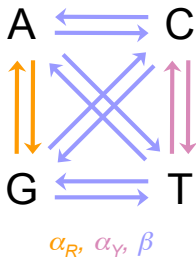
- Calcul impossible si les séquences sont trop divergentes :

$$v \rightarrow 0.5 \Rightarrow d \rightarrow \infty$$

$$r \rightarrow (1 - v)/2 \Rightarrow d \rightarrow \infty$$

Modèle de Tamura et Nei

- Introduction des fréquences des bases du jeu de données (π_A , π_C , π_T , π_G) comme paramètres du modèle.
- Distingue les transitions entre purines de celles entre pyrimidines et les transversions :
 - Définition de trois taux instantanés (α_R , α_Y et β).
 - Calcul de trois probabilités de substitution.



$\pi_A, \pi_C, \pi_T, \pi_G$ quelconques

Distance évolutive inférée

- Formule de Tamura et Nei pour le calcul du nombre de substitutions :

$$d = \frac{2\pi_T\pi_C}{\pi_Y}(a_1 - \pi_R b) + \frac{2\pi_A\pi_G}{\pi_R}(a_2 - \pi_Y b) + 2\pi_Y\pi_R b$$

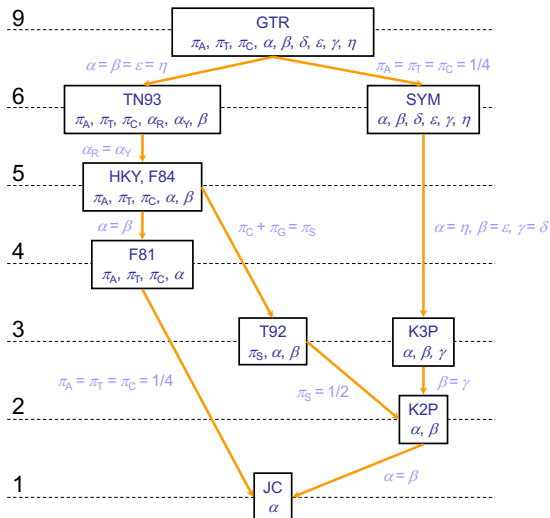
$$\text{avec : } \begin{cases} a_1 = -\ln\left(1 - \frac{\pi_Y}{2\pi_T\pi_C}r_Y - \frac{1}{2\pi_Y}v\right) \\ a_2 = -\ln\left(1 - \frac{\pi_R}{2\pi_A\pi_G}r_R - \frac{1}{2\pi_R}v\right) \\ b = -\ln\left(1 - \frac{1}{2\pi_R\pi_Y}v\right) \end{cases}$$

et r_R , r_Y et v , les fréquences observées des deux types de transitions et des transversions entre deux séquences.

Propriétés

- Modèle le plus complexe pour lequel il existe une solution analytique au calcul des probabilités de substitution.
- Limites d'utilisation :
 - Logarithmes indéfinis pour les valeurs de a_1 , a_2 ou b si séquences trop divergentes (valeurs négatives).
 - Le modèle n'est pas utilisable pour des séquences présentant plus de 50% de transversions.

Imbrication des modèles



Utilité des modèles complexes

- Modélisent mieux l'évolution des séquences :
 - Plus proches de la réalité biologique.
- Séquences trop courtes :
 - Erreurs d'échantillonnage (valeurs de $d < 0$).
 - Variance importante.
- Séquences trop divergentes :
 - Méthodes à plus de quatre paramètres fréquemment inapplicables.
- Séquences peu divergentes :
 - Toutes les méthodes donnent des résultats comparables.

Modèles protéiques simples

- Adaptation du modèle de Jukes et Cantor aux acides aminés :

$$d = -\frac{19}{20} \ln \left(1 - \frac{20}{19}p \right)$$

- Modèle de Poisson (hypothèse de l'absence de réversions) :

$$d = -\ln(1 - p)$$

- Approximation de Kimura pour le modèle PAM :

$$d = -\ln(1 - p - 0.2p^2)$$

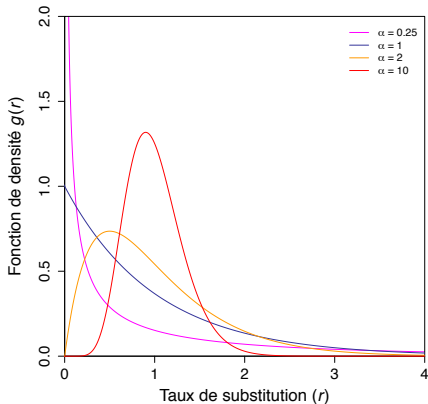
- Hypothèses sous-jacentes très simplificatrices!

Modèles protéiques empiriques

- Pas d'expression analytique pour le calcul des probabilités de substitution.
- Estimation des valeurs à partir des fréquences observées sur des grands ensembles de séquences alignées :
 - Inférence par maximum de parcimonie :
 - PAM (*Point Accepted Mutation*, Dayhoff *et al.*, 1978).
 - JTT (Jones, Taylor et Thornton, 1992).
 - Inférence par maximum de vraisemblance :
 - WAG (Whelan et Goldman, 2001).
 - LG (Le et Gascuel, 2008).
- Calcul de la distance évolutive par approximation numérique.

Correction par la loi Gamma

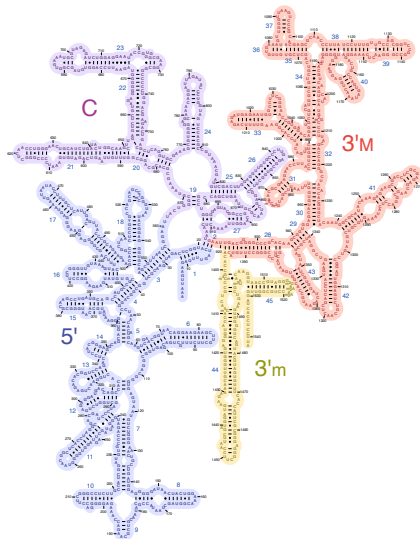
- Hypothèse des modèles standards :
 - Tous les sites évoluent à la même vitesse :
 - Existence de nombreux contre-exemples (*e.g.*, ARNr).
- Introduction d'un facteur correctif r :
 - Modélisation par une distribution Γ :
 - Détermination du paramètre de forme (α) de cette loi.



Contraintes structurales

■ La structure secondaire d'un ARNr est indispensable à sa fonction :

- Conservation au cours de l'évolution.
- Conséquences au niveau des séquences :
 - Vitesse peu élevée au niveau des régions appariées.
 - Vitesse plus importante au niveau des boucles.

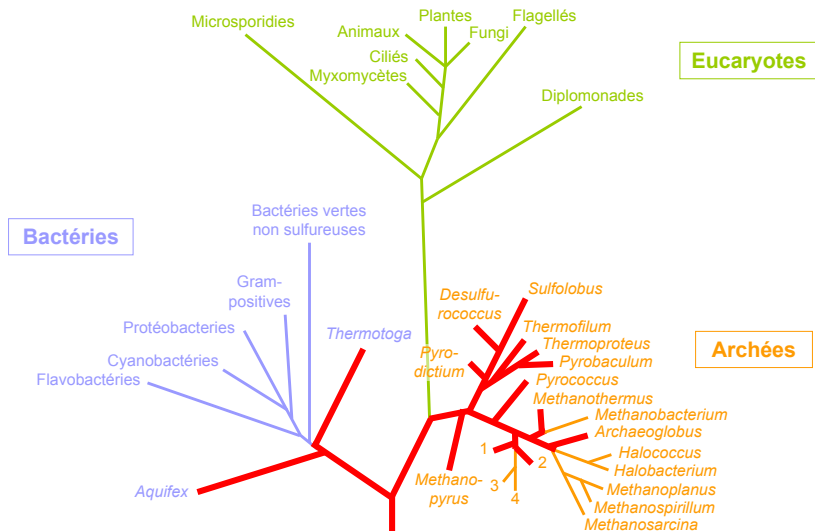


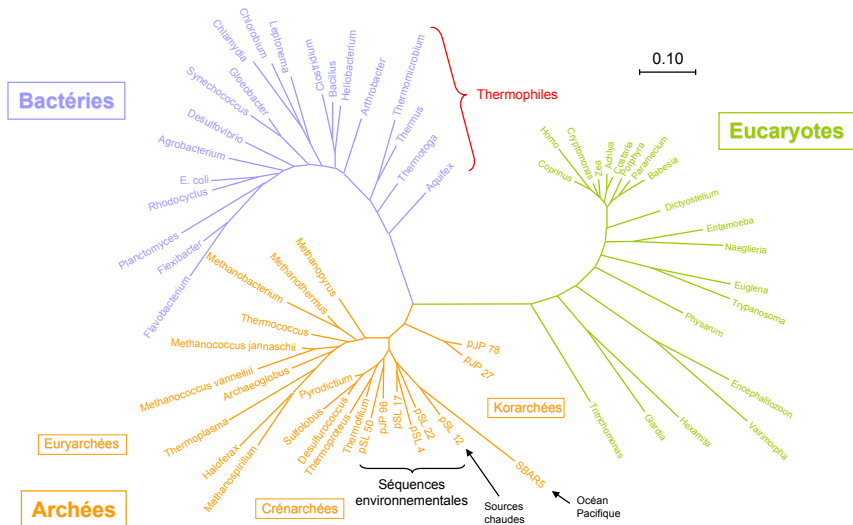
Choix d'un marqueur

- Gènes évoluant très lentement (temps de divergence entre 10^7 et 10^9 ans).
- Présents dans l'ensemble des organismes étudiés.
- Pas de transferts !
- Seul un très petit nombre de gènes répondent aux critères précédents :
 - ARNr de la petite (16S/18S) sous-unité du ribosome.
 - Protéines *heat-shock* (e.g., Hsp70).
 - Facteurs d'élongation de la traduction.
 - Protéines ribosomiques.

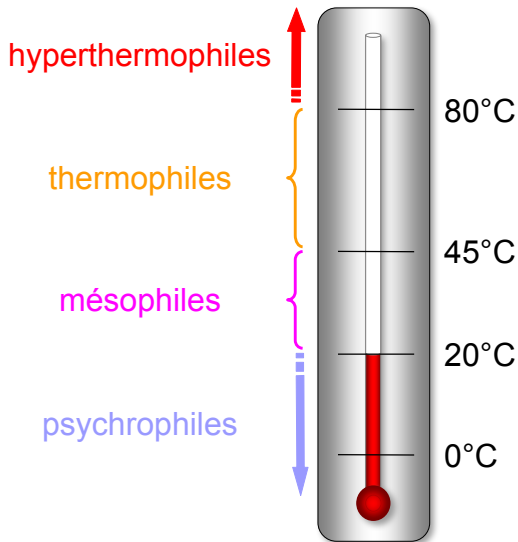
Séquences disponibles

- 8 738 430 séquences d'ARNr 16S/18S dans GenBank (16 octobre 2018).
- Banques de données contenant des séquences directement utilisables pour la reconstruction phylogénétique :
 - *Ribosomal Database Project* :
<http://rdp.cme.msu.edu/>
 - *SILVA rRNA Database Project* :
<http://www.arb-silva.de/>
 - *Greengenes 16S rRNA gene database* :
<http://greengenes.lbl.gov/>

Arbre de Stetter *et al.* (1996)

Arbre de Barns *et al.* (1996)

Température optimale de croissance



Principaux taxons bactériens I

Division	Subdivision	Genres représentatifs
Actinobactéries		<i>Actinomyces</i> , <i>Streptomyces</i>
Armatimonadètes	Armatimonadales	<i>Armatimonas</i>
	Chthonomonadètes	<i>Chthonomonas</i>
	Fimbriimonales	<i>Fimbriimonas</i>
Aquificales		<i>Aquifex</i> , <i>Hydrogenobacter</i>
Bactéries vertes non sulfureuses	Chloroflexales	<i>Chloroflexus</i> , <i>Herpetosiphon</i>
	Déhalococcoidètes	<i>Dehalogenimonas</i>
	Thermomicrobiales	<i>Thermomicrobium</i>
Bactéroïdètes/Chlorobi	Bactéroïdètes	<i>Aquimarine</i> , <i>Flavobacterium</i>
	Chlorobiales	<i>Chlorobium</i> , <i>Chloroherpeton</i>
	Ignavibactériales	<i>Ignavibacterium</i> , <i>Melioribacter</i>
Chlamydiales/Verrucomicrobiales	Chlamydiales	<i>Chlamydia</i> , <i>Chlamydophila</i>
	Lentisphaérales	<i>Lentisphaera</i>
	Verrucomicrobiales	<i>Roseibacillus</i> , <i>Verrucomicrobium</i>
Cyanobactéries	Chroococcales	<i>Cyanobacterium</i> , <i>Synechocystis</i>
	Nostocales	<i>Brasilonema</i> , <i>Nostoc</i>
	Oscillatoriales	<i>Microcoleus</i> , <i>Oscillatoria</i>
	Pleurocapsales	<i>Dermocarpa</i> , <i>Xenococcus</i>
	Stigonématales	<i>Fischerella</i> , <i>Stigonema</i>
Déinococcus/Thermus	Déinococcales	<i>Deinococcus</i>
	Thermophiles	<i>Thermus</i>

Principaux taxons bactériens II

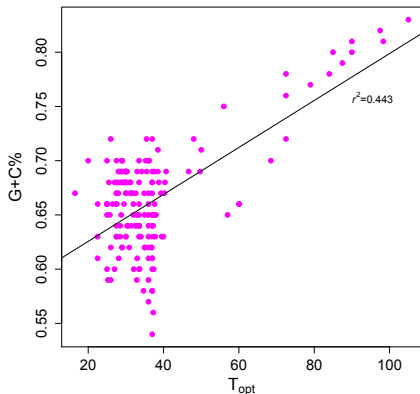
Fibrobactères/Acidobactéries	Acidobactériales Fibrobactériales	<i>Acidobacterium, Bryocella</i> <i>Fibrobacter</i>
Firmicutes	Bacilli Clostridiales Sélénomonadales Thermolithobactériales	<i>Bacillus, Staphylococcus</i> <i>Clostridium, Thermoanaerobacter</i> <i>Anaerovibrio, Dialister, Megasphaera</i> <i>Thermolithobacter</i>
Fusobactéries	Fusobactériales	<i>Fusobacterium, Leptotrichia</i>
Planctomycètes	Planctomycétales Phycisphaérales	<i>Isosphaera, Pirellula</i> <i>Phycisphaera</i>
Protéobactéries	α -Protéobactéries β -Protéobactéries δ -Protéobactéries ϵ -Protéobactéries γ -Protéobactéries	<i>Agrobacterium, Rickettsia</i> <i>Neisseria, Ralstonia</i> <i>Myxobacterium</i> <i>Helicobacter, Campylobacter</i> <i>Escherichia, Buchnera, Pseudomonas</i>
Spirochètes	Spirochètales Leptospirales	<i>Treponema, Borrelia</i> <i>Leptonema, Leptospira</i>
Ténéricutes	Acholéplasmatales Anaéroplasmatales Entomoplasmatales Mycoplasmatales	<i>Acholeplasma</i> <i>Anaeroplasmatales</i> <i>Mesoplasma, Spiroplasma</i> <i>Mycoplasma, Ureaplasma</i>
Thermodésulfobactéries	Thermodésulfobactériales	<i>Thermodesulfobacterium</i>
Thermotogales		<i>Thermotoga, Geotoga, Thermopallium</i>

Principaux taxons archéens

Division	Subdivision	Genres représentatifs
Crénarchées	Thermoprotéales	<i>Thermoproteus</i> , <i>Pyrobaculum</i> , <i>Thermofilum</i>
	Sulfolobales	<i>Sulfolobus</i> , <i>Acidianus</i>
	Désulfurococcales	<i>Aeropyrum</i> , <i>Desulfurococcus</i>
	Cénarchéales Caldisphérales	<i>Cenarchaeum</i> <i>Caldisphaera</i>
Euryarchées	Méthanobactériales	<i>Methanobacterium</i> , <i>Methanothermobacter</i>
	Méthanococcales	<i>Methanococcus</i> , <i>Methanothermococcus</i>
	Halobactériales	<i>Halobacterium</i> , <i>Halococcus</i>
	Thermoplasmatales	<i>Thermoplasma</i> , <i>Ferroplasma</i>
	Thermococcales	<i>Pyrococcus</i> , <i>Thermococcus</i>
	Archaeoglobales	<i>Archaeoglobus</i>
	Méthanopyrales	<i>Methanopyrus</i>
	Méthanomicrobiales Méthanosarcinales	<i>Methanogenium</i> <i>Methanosarcina</i> , <i>Methanococcoides</i>
Thaumarchées	<i>Cenarchaeum</i> , <i>Nitrosoarchaeum</i> , <i>Nitrososphaera</i>	
Nanoarchées [?]	<i>Nanoarchaeum</i>	
Korarchées [?]	<i>Korarchaeum</i>	
Lokiarchées [?]	<i>Lokiarchaeum</i>	

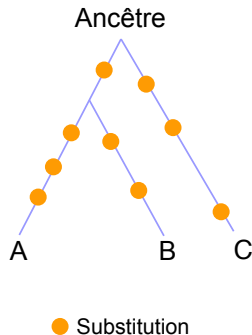
Le biais hyperthermophile

- La structure secondaire des ARNr est indispensable à leur fonction.
- Les régions appariées sont d'autant plus stables qu'elles sont riches en G+C :
 - Trois liaisons H au lieu de deux.
 - Enrichissement en G+C chez tous les hyperthermophiles :
 - Regroupement des hyperthermophiles entre eux.

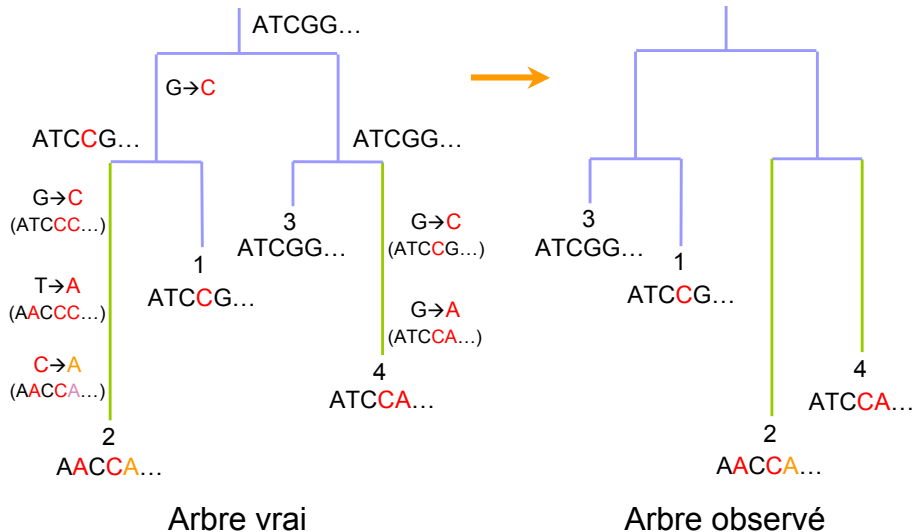


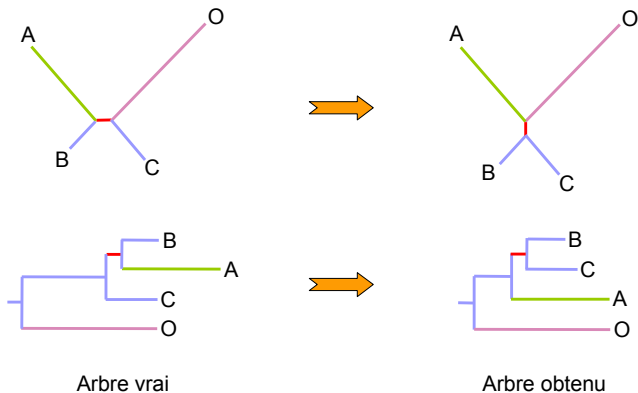
Phénomène de saturation

- Trop de substitutions depuis la divergence avec l'ancêtre commun :
 - Perte du signal phylogénétique.
 - Impossibilité de reconstruire l'arbre vrai quels que soient :
 - Le modèle.
 - La méthode.



Attraction des longues branches



Effet de l'*outgroup*

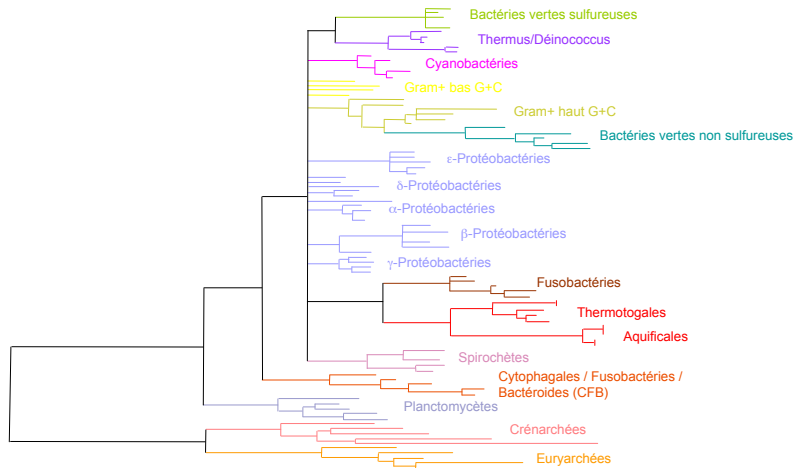
Attraction de la longue branche de la séquence A par la longue branche de l'*outgroup* (O)

Sélection des sites

- Consiste à n'utiliser que les sites évoluant lentement (*i.e.*, non saturés) pour construire une phylogénie :
 - Sélection manuelle avec un éditeur (*e.g.*, SeaView).
 - Utilisation de programmes de filtrage des alignements (*e.g.*, Gblocks, trimAl) :
 - Paramètres à utiliser ?

Escherichia	CAGTAGCGGGCGAGCGAACGGGGAGCAGCCAGAGCC	TGAATCAGTGTGTGTGTTAGT
Pseudomonas	TAGTAGTGGCGAGCGAACGGGGATTAGCCCTTAAGCTTCATTGATTTTAGCG	----
Rhodobacter	TAGTAGTGGCGAGCGAACCGGGA	CCAGCCGAGCCGTGAGAACGAGTG
Bacillus	GAGTAGCGGGCA	-CGAACACGGGATCAGCCCAAACCAAGAGGCTTGCCCTCTGTGGTT
Micrococcus	TAGTAGTGGCGAGCGAACCGGGA	TGGGGCT-AAACCTATGTGTGTGATACCCGGCA
Streptomyces	GAGTAGTGGCGAGCGAAA	CCGGAATGAGGCC-AAACCTATACGTGTGAGACCCGGCA
Pirellula	CAGTAGCGGGCGAGCGAAAGCGAAATAGCCC	-AAACCTGGGGATTTTCTCACGGGG
Anacystis	CAGTAGCGGGCGAGCGAACGGGGA	CCAGCCT-AAACCAAACTCCACGGAGTTTGGGGT
Ruminobacter	AAGTAGTGGCGAACGAA	CGGGAAACAGCCC-AAAAGTTGTATAAGTCATAGTT
Leptospira	CAGTAGCGGTGAGCGAACCGGGA	AAGAGCCT-AAACCTGCCTACGTTACAGATCTA
Thermus	CAGTAGCGGGCGAGCGAAAGGGGA	CCAGCCT-AAACCTCCGGCTTGTCCGGGCGGGG

Arbre de Brochier et Philippe (2002)



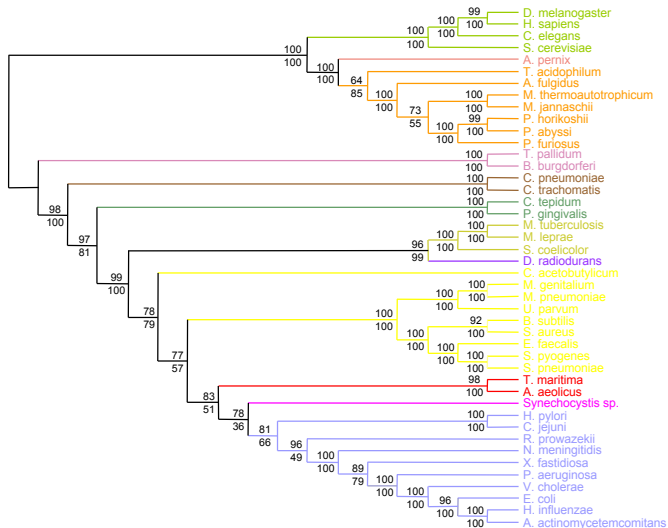
Utilisation des sites de l'ARNr évoluant lentement

La phylogénomique

- Difficultés de résoudre les phylogénies au moyen d'un seul gène si les espèces sont très divergentes.
- Utilisation de l'information portée par un grand nombre de gènes, provenant de génomes complets :
 - Codage en présence/absence.
 - Concaténation d'orthologues présents dans de nombreuses espèces.
 - Construction de super-arbres intégrant l'information de nombreuses familles.

Concaténation d'orthologues

- Méthode la plus couramment utilisée en phylogénomique.
- Première utilisation pour la phylogénie des procaryotes par Brown *et al.* (2001) :
 - Utilisation de 23 gènes retrouvés dans 45 espèces (Bactéries, Archées et Eucaryotes) :
 - Incertitude quant à l'absence de transferts pour neuf d'entre eux.
 - Pas de prise en compte des différences de vitesses d'évolution entre/à l'intérieur des gènes :
 - Probables biais d'attraction des longues branches.

Arbre de Brown *et al.* (2001)

- Eucaryotes
- Crénarchées
- Euryarchées
- Spirochètes
- Chlamydiales
- Bactéries vertes
- sulfureuses
- Gram+ haut G+C
- Déinococcales
- Gram+ bas G+C
- Hyperthermophiles
- Cyanobactéries
- Protéobactéries