

Question 1

Voici 4 séquences ADN provenant de 4 espèces différentes :

Seq 1 : 5' **G T A T A G G G G A T A T A C T G A G A G C T A T T T A C A** 3'

Seq 2 : 5' **G T A T T G G C G A T A T T C C G A G A C C T A T T T A C T** 3'

Seq 3 : 5' **C T A T T G G C C A T A T T C C G A G A C C T A T T T A C T** 3'

Seq 4 : 5' **G T A T A G G C G A T A T A C C G A G A C C T A A T T A C T** 3'

En utilisant la méthode UPGMA, construisez l'arbre représentant les relations phylogénétiques de ces 4 espèces (échelle de temps verticale):

passé

présent :



Question 2.

On peut représenter les relations entre plusieurs espèces dérivant d'un ancêtre commun par un arbre phylogénétique. Avant les années soixante, les arbres étaient basés uniquement sur des caractères morphologiques. Actuellement la phylogénie moléculaire se base sur des différences biochimiques. Après avoir aligné les séquences d'une protéine provenant de 6 espèces on a établi la matrice de distances suivante :

	1	2	3	4	5	6
1	0	6	14	15	12	13
2		0	14	17	12	15
3			0	14	10	12
4				0	11	8
5					0	11
6						0

Générez l'arbre phylogénétique correspondant à cette matrice de distances:
(Utilisez la méthode UPGMA)