

5. Arbres phylogénétiques

- L'arbre des espèces
- L'arbre, objet abstrait
- Remplir un tableau de distances
- L'algorithme UPGMA
- Quand les différences sont trompeuses
- **La diversité des algorithmes informatiques**
- Les applications en microbiologie

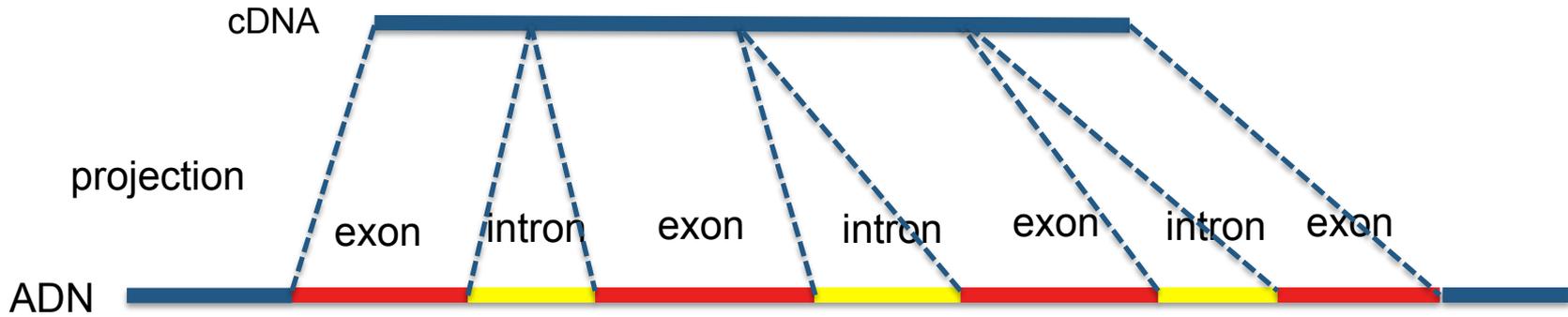
De nombreuses classes de problèmes

- **Assemblage des *reads***
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...

CGCTGGAACGG
AACGGCTAGTTA
TAGTTAGAA
CGCTGGAACGGCTAGTTAGAA

De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- **Comparaison et projection de séquences**
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...



De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- **Détection des séquences répétées**
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...

De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- **Prédiction des gènes**
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...

De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- **Alignements simples et multiples**
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...

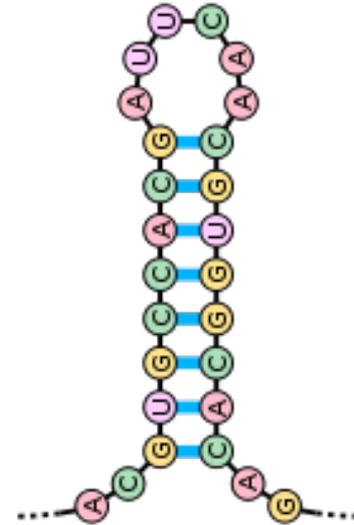
HglK	78	117	CDLRFANLEGADLTDANLIAASLHKSNLRRANLCRATLNR
HglK	118	157	CNLSEADLTESDANEALFCQAVFTEVEAHGLRLYRAKVSQ
HglK	158	197	AQLMGAHLHQAYAPEADFSAVAAIAVDLRWANLRKTNFRG
HglK	203	242	GNFRGANLTQADFTGANLKGANLRGANLVGTNLQRADLSD
spkB	454	493	QNLVGIVLAKAFVPGINCYQANLTNANFEQAELTRADFGK
spkB	504	543	ANLSDAYFGYADLRGADLRGANLNGVNFKYANLQGANFSG
slr1819	20	59	LKLPGINLEAADLIGIVLNEADLRGANLLFCYLNRRANLGG
slr1819	60	99	ANLVAANLSGASLNQADLAGADLRSANFHHGAMLQGAILRD
slr1819	100	139	SDMTLATLQDTNLIQADLRGADLSGATLTGACLRGANMRQ
slr1819	151	190	AILGRADLQGANMKGVDSLADLSYANLKEANLRDVDLRK
slr1819	191	230	ADLSYANLKGALLTDANLSGAKLNGADLQANLMRAKISE
slr1819	231	270	AEMTAVNCQGAIMTHVNLNRTNLTGSNLSFTRMNSADLSR
slr1819	271	310	ANLTKANLQEAELIEAFFARANLTEANFINANLVRADLMS
consensus			A L A L A L A L A L A L A L A L

De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- **Reconstruction d'arbres phylogénétiques**
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...

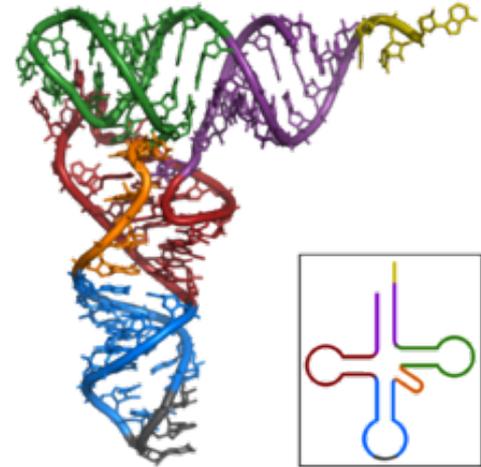
De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- **Prédiction de la structure des**
 - **ARN**
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...



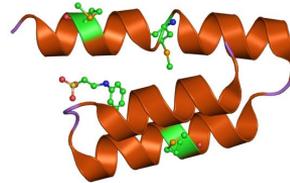
De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- **Prédiction de la structure des**
 - **ARN**
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...



De nombreuses classes de problèmes

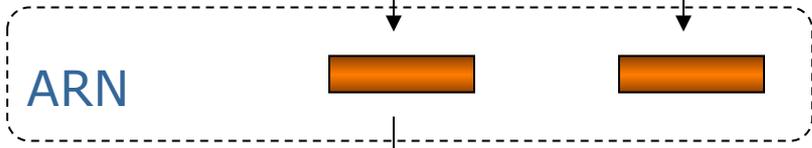
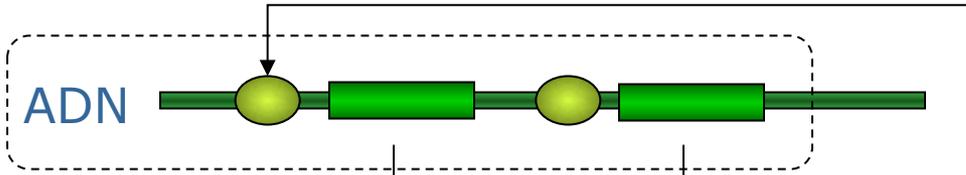
- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- **Prédiction de la structure des**
 - ARN
 - **Protéines**
- Analyse et simulation de réseaux
- ...



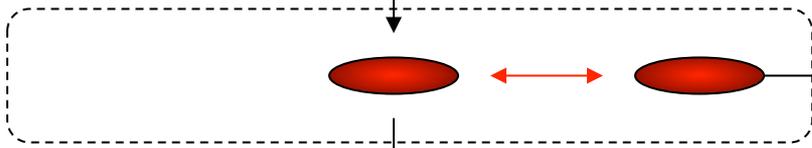
De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- **Analyse et simulation de réseaux**
- ...

Gènes

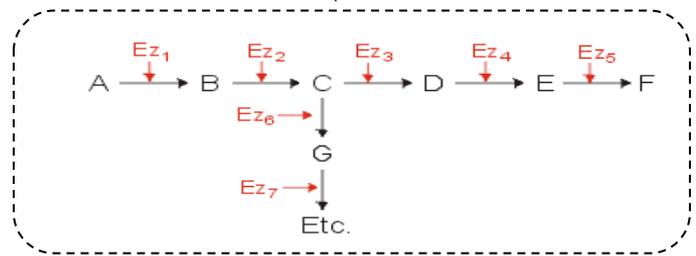


Protéines



Régulation

Enzymes



Réactions et voies
métaboliques

De nombreuses classes de problèmes

- Assemblage des *reads*
- Comparaison et projection de séquences
- Détection des séquences répétées
- Prédiction des gènes
- Alignements simples et multiples
- Reconstruction d'arbres phylogénétiques
- Prédiction de la structure des
 - ARN
 - Protéines
- Analyse et simulation de réseaux
- ...

Illustrations & photos : crédits

p.10 : By Sakurambo, CC-BY-SA-3.0, via Wikimedia Commons

p.11 : By Yikrazuul, CC BY-SA 3.0, via Wikimedia Commons

p. 12 : By Jawahar Swaminathan and MSD staff at the European Bioinformatics Institute
Deutsch, [Domaine public], via Wikimedia Commons