

# 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

# Tableau ou matrice ?

- Une matrice est un objet mathématique
  - Algèbre linéaire
- Un tableau est une structure de données
  - Une matrice peut être implémentée par un tableau
  - Mais tout tableau n'est pas une matrice

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1			
2			
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1			
2			
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>		
2			
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	
2			
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
2			
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
2			
3			



# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
2	<b>15</b>		
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
2	<b>15</b>	<b>0</b>	
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
2	<b>15</b>	<b>0</b>	<b>24</b>
3			

# Remplir un tableau de distances

- En entrée, plusieurs séquences génomiques dans un fichier
  1. Lire une séquence dans le fichier
  2. Calculer les distances entre cette séquence et toutes les séquences du fichier
  3. Ranger les valeurs de ces distances dans un tableau

Répéter le processus précédent avec la séquence suivante du fichier

- 1) ...AACGTATAGCATTAGCTAGT...
- 2) ...AACCTATTGCCATTAGTTAGT...
- 3) ...AACGTATAGCATTAGCTACT...

	1	2	3
1	<b>0</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
2	<b>15</b>	<b>0</b>	<b>24</b>
3	<b>8</b>	<b>24</b>	<b>0</b>