

# Chapitre 4. Inférence phylogénétique: retracer l'évolution à partir des séquences

Introduction à la bioinformatique (UE SSV3U15)  
2024-2025

**Jacques van Helden**

Aix-Marseille Université

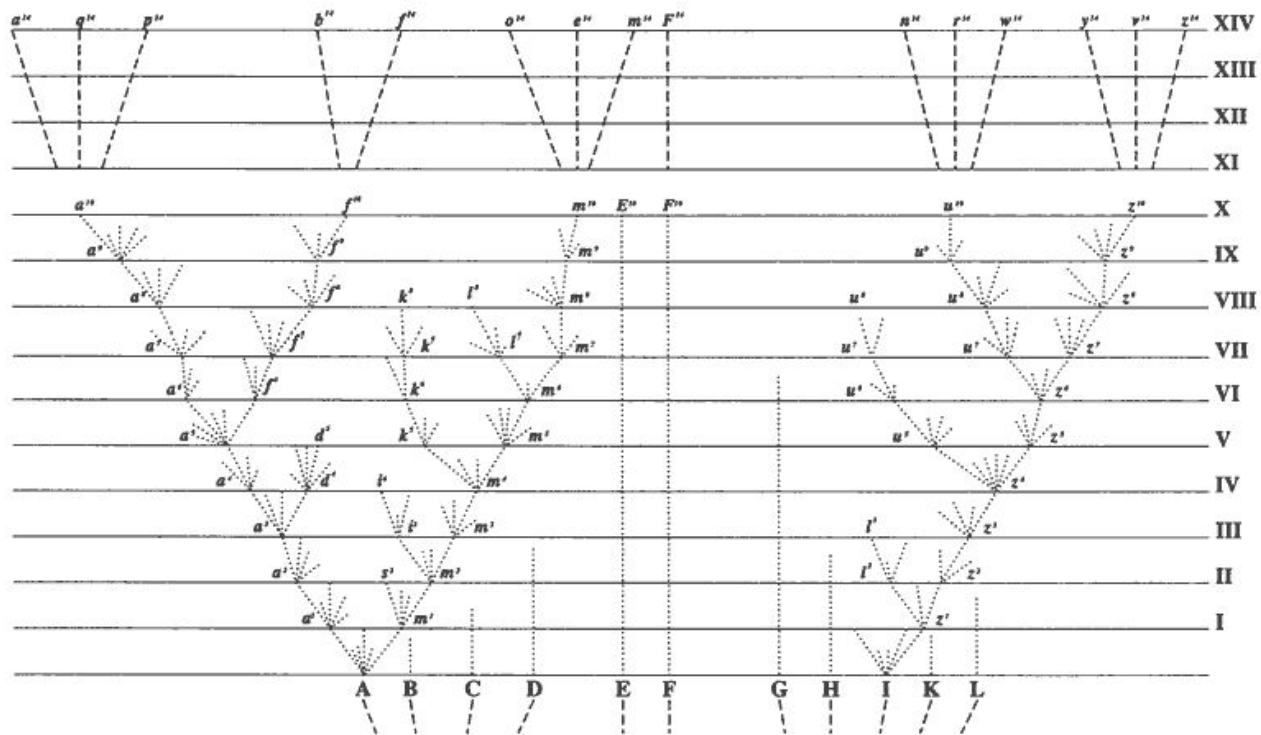
[orcid.org/0000-0002-8799-8584](https://orcid.org/0000-0002-8799-8584)

1. Représentations arborescentes de l'évolution
2. Concepts: homologie, analogie, paralogie, orthologie
3. Les duplications à l'origine de l'innovation
4. Phylogénomique : retracer l'évolution des espèces à partir des séquences génomiques
5. Retracer l'origine de SARS-CoV-2 dans les génomes des coronavirus
6. Pseudogènes ("gènes fossiles")
7. Quand les branches de l'arbre du vivant s'entrecroisent

# Représentations arborescentes de l'évolution

# La divergence des caractères

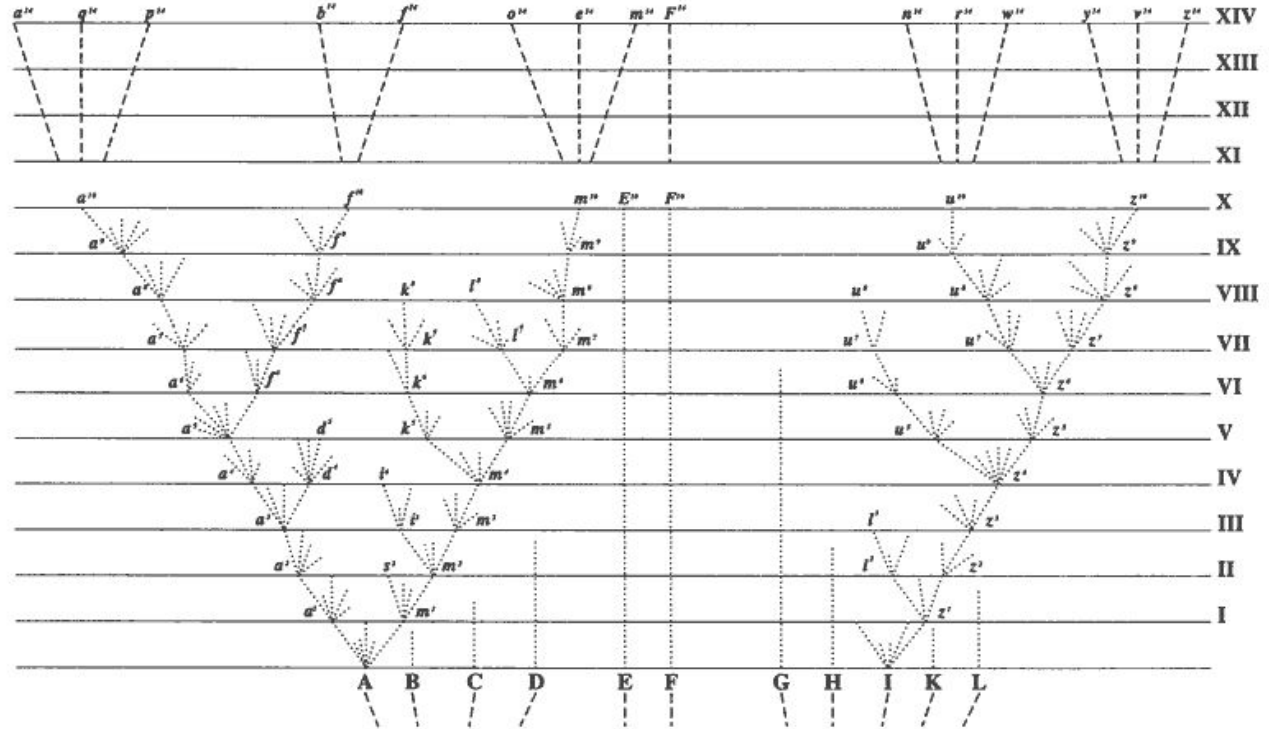
La seule figure de l'Origine des Espèces (C. Darwin, 1859) est une représentation conceptuelle de l'arbre de la vie.



# La divergence des caractères

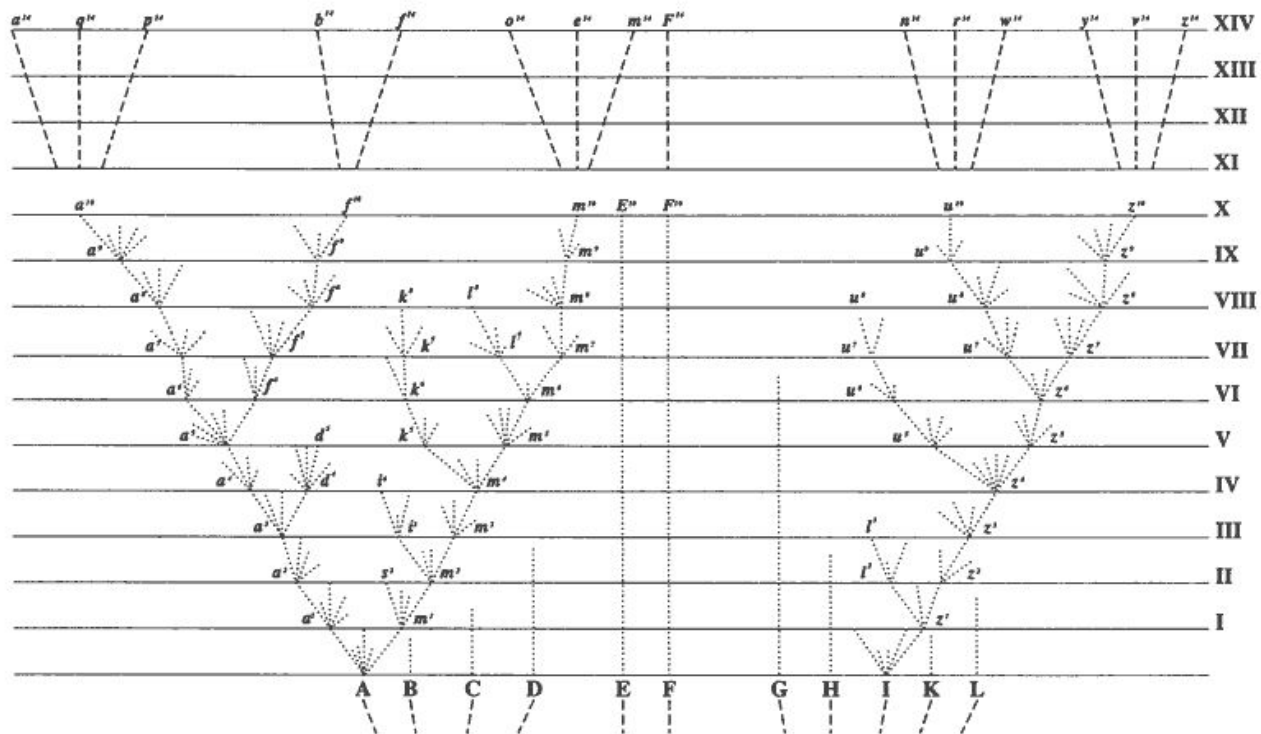
Il s'agit d'un arbre synchrone :  
chaque niveau horizontal  
représente un moment donné.

- La racine correspond aux époques les plus anciennes.
- Le niveau le plus élevé correspond au présent.
- A chaque époque on trouve des organismes de différents niveaux de complexité. La hauteur ne représente donc pas une complexité ou un "niveau d'évolution"



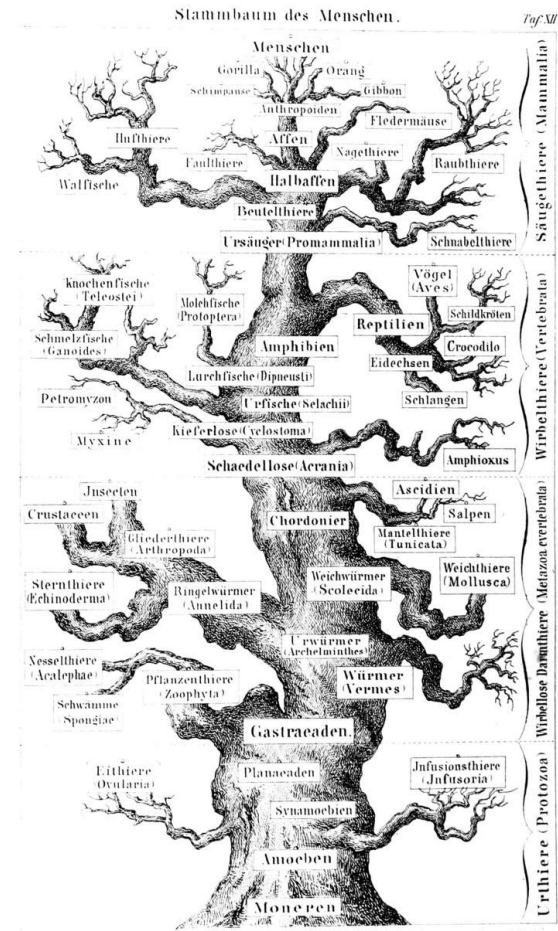
# La divergence des caractères

- La plupart des branches sont abortives
- **Évolution graduelle** par accumulation de variations (mutations) le long des branches.
- Juste après un branchement, on a de très petites différences entre les variétés.
- Les observations dont on dispose sont généralement fragmentaires.
- Elles ne sont pas forcément placées sur une trajectoire linéaire depuis un ancêtre donné jusqu'aux espèces actuelles.



# Anthropogenie

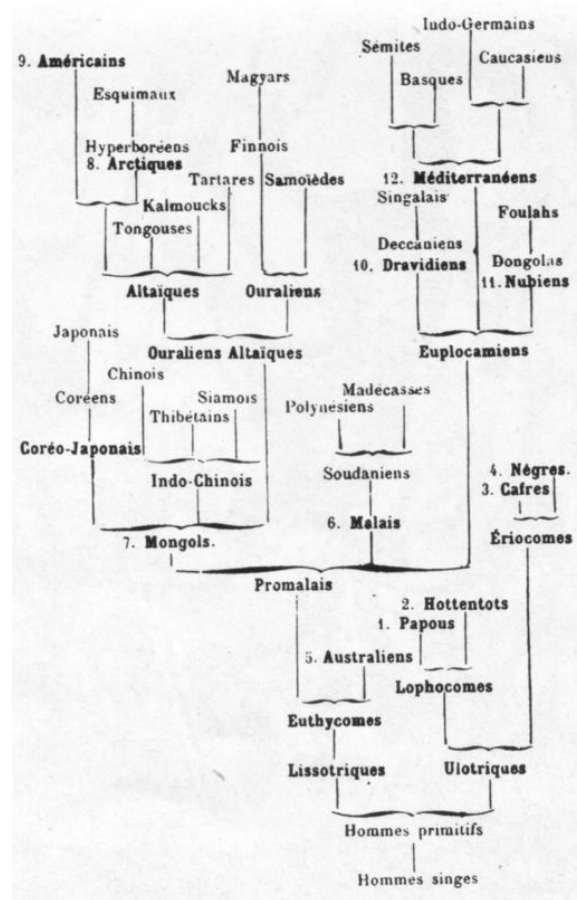
- Dans son livre « Anthropogenie » (1874), Ernst Haeckel représente les groupes taxonomiques sur un arbre, mais celui-ci présente une différence fondamentale avec celui de Darwin.
- Les différentes hauteurs de l'arbre ne représentent plus des strates temporelles, mais des degrés d'évolution.
- Haeckel place l'homme au sommet de cet arbre, entouré des primates anthropoïdes (Chimpanzé, Gorille, Orang-Outang, Gibbon).



# Arbre généalogique des douze « espèces » humaines

- Dans son « Histoire de la création », Haeckel déclare qu'il y a 12 espèces humaines et 36 races principales (dia suivante).
- Pourquoi parle-t-on de 12 espèces humaines ?
- D'après la définition biologique (critère d'interfécondité), tous les humains appartiennent à une seule espèce.
- Que signifie la hauteur des branches ?
- Les époques d'apparition des groupes dans leurs territoires respectifs ? Si oui, pourquoi les Hauts-Allemands et les saxons apparaissent-ils au sommet ? Leur apparition est-elle plus tardive que celle des néerlandais ?
- Un « degré d'évolution » de ces groupes ? Si oui, sur quels critères est-il mesuré ?

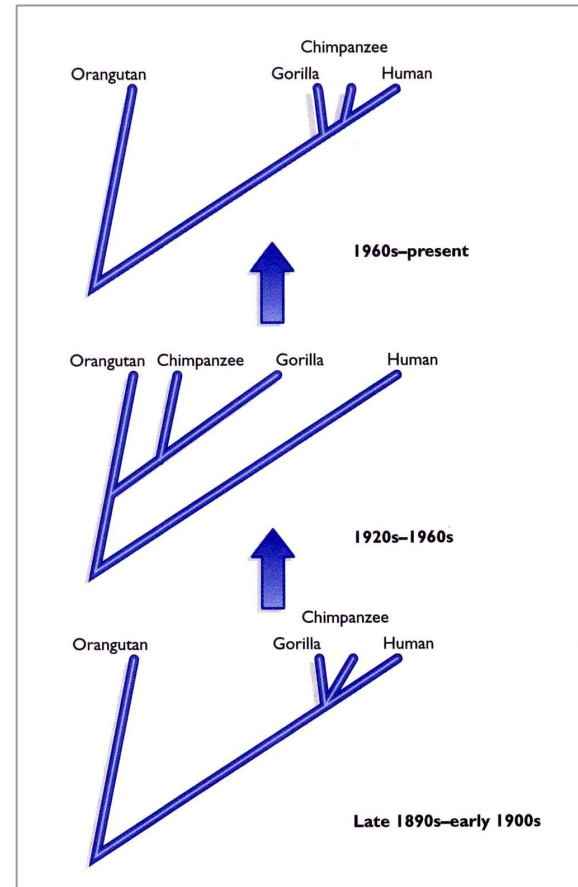
ARBRE GÉNÉALOGIQUE DES DOUZE ESPECES HUMAINES.





# Perception des relations entre hominidés

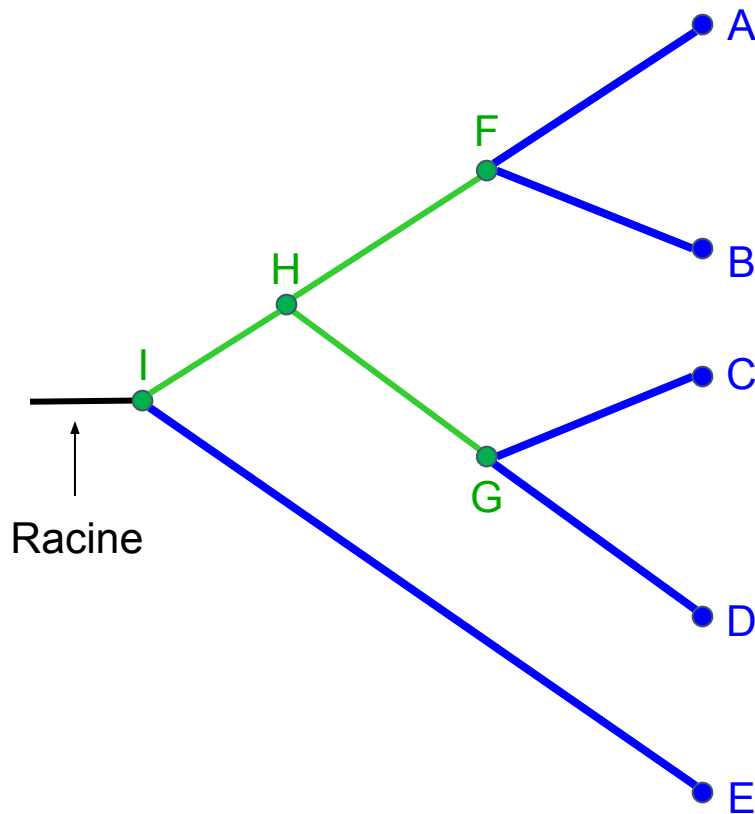
- Le positionnement de l'espèce humaine sur un arbre évolutif a fait l'objet de fluctuations depuis 1900.
- Les représentations arborées étaient fortement influencées par la perception subjective de la place de l'humain par rapport aux autres primates.
- Durant les années 1920, la branche humaine était considérée comme complètement séparée des autres hominiens.
- Depuis les années 1960, on retrouve un rapprochement de la branche humaine avec le chimpanzé et le gorille.
- Depuis les années 1970, la disponibilité de séquences d'ADN a confirmé la pertinence de ce rapprochement.



**FIGURE 3.1 Shifting patterns:** Between the beginning of the twentieth century and today, ideas about the relationships among apes and humans have moved full circle.

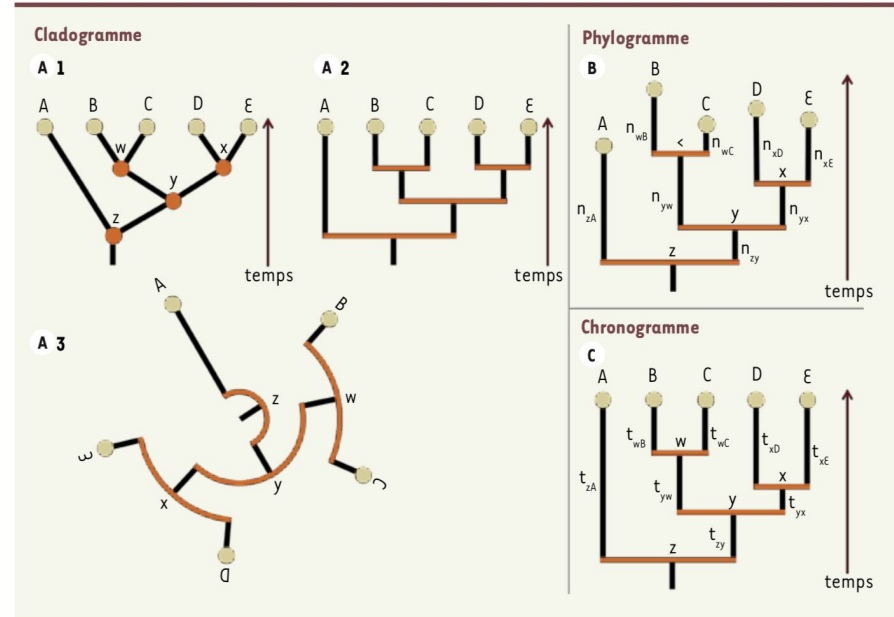
# Unités taxonomiques **opérationnelles** (OTU) et **hypothétiques** (HTU)

- Les relations évolutives entre les objets étudiés (espèces, organes, séquences) sont représentées par des arbres phylogénétiques
- Les arbres sont des graphes composés de noeuds et de branches
  - **Noeuds = unités taxonomiques**
    - Feuilles ou **OTU = Unités Taxonomiques Opérationnelles** (A, B, C, D, E), pour lesquelles on dispose de données. Note : les OTU peuvent correspondre à des organismes existants ou éteints (données paléontologiques ou paléogénomiques).
    - Noeuds internes ou **HTU = Unités taxonomiques Hypothétiques** (F, G, H, I), pour lesquelles on ne dispose pas de données, et qui correspondent aux espèces ancestrales communes à plusieurs OTU.
  - Branches = relations de parenté(ancêtre/descendants) entre unités taxinomiques
    - Branches internes
    - Branches externes
- On appelle **topologie** l'ensemble des branchements de l'arbre.



# Représentations arborescentes des histoires évolutives

- On représente les histoires évolutives sous forme d'arbres
- Différents types de représentation peuvent être utilisés selon les cas.
  - Bifurcations triangulaires ou rectangulaires
  - Disposition radiale
- Dans un **phylogramme**, les longueurs des branches représentent le **nombre de différences génétiques ou morphologiques** entre deux espèces. Les feuilles de l'arbre (OTU) ne sont donc pas forcément alignées, car certaines branches peuvent évoluer plus rapidement que d'autres.
- Dans un **chronogramme**, la hauteur des branches représente le **temps de divergence**. Les unités taxonomiques opérationnelles (OTU) peuvent être contemporaines (par exemple des séquences d'organismes actuels) auquel cas les feuilles sont alignées. Cependant, dans certains cas on dispose d'échantillons fossiles, et les feuilles peuvent alors occuper des hauteurs différentes.
- Le **cladogramme** indique les relations entre unités taxonomiques, sous forme de branchements successifs. La longueur des branches n'est indicative ni du temps écoulé ni du degré de divergence évolutive. On aligne généralement les OTU sur une même ligne, mais c'est une convention esthétique, qui n'associe aucune valeur numérique à la longueur des branches.



Casane, D. & Laurenti, P. Penser la biologie dans un cadre phylogénétique: L'exemple de l'évolution des vertébrés. *Med Sci (Paris)* 28, 1121–1127 (2012).

[doi.org/10.1051/medsci/20122812024](https://doi.org/10.1051/medsci/20122812024)

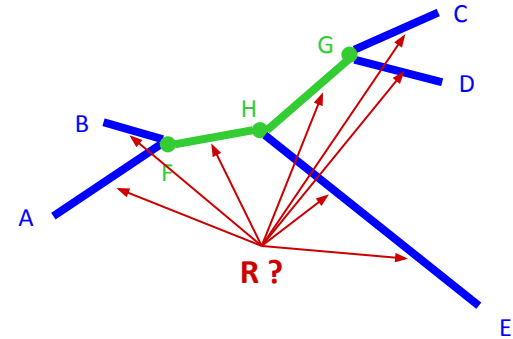
# Arbres enracinés ou non enracinés

- Selon les méthodes utilisées, l'inférence phylogénétique produit soit un **arbre enraciné**, soit un **arbre non-enraciné**.
- Les arbres non-enracinés ne sont pas réellement des arbres phylogénétiques car ils n'ont pas de direction temporelle → indiquent les distances, mais pas les relations de parenté entre les noeuds.
- La **racine** définit une orientation de l'arbre, et donc un chemin évolutif unique vers chaque feuille. Elle symbolise le **dernier ancêtre commun** (*i.e.* le plus récent) de toutes les OTU.
- A priori, elle peut se situer sur à n'importe quelle position sur n'importe quelle branche de l'arbre.

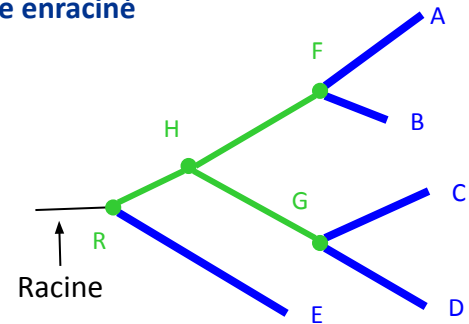
## Comment enraciner un arbre ?

- Dans certains cas, on peut s'appuyer sur une connaissance *a priori* de la feuille la plus externe parmi les OTU étudiées, qualifiée de **groupe extérieur** (*outgroup* en anglais)
  - Exemple : si un arbre contient chien, loup, souris, rat et poulet → sur base des connaissances biologiques, on décide que le **groupe extérieur** est le poulet
- En absence de connaissance *a priori* du OTU les plus externes parmi les OTU étudiées, on peut envisager un **enracinement au poids moyen** : on enracine l'arbre sur la branche qui minimise la moyenne des distances aux feuilles.
  - **Note:** ceci implique une hypothèse d'**horloge moléculaire**: on considère que le taux de mutation est constant au cours de l'évolution, et égal entre les branches. Cette hypothèse n'est généralement pas très réaliste, il s'agit d'une approximation.

## Arbre non-enraciné

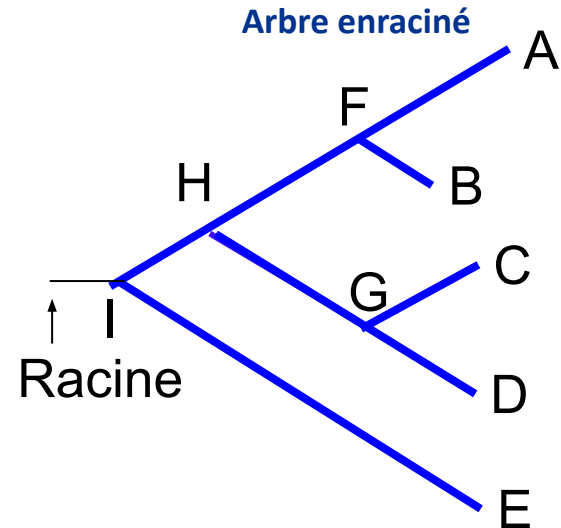
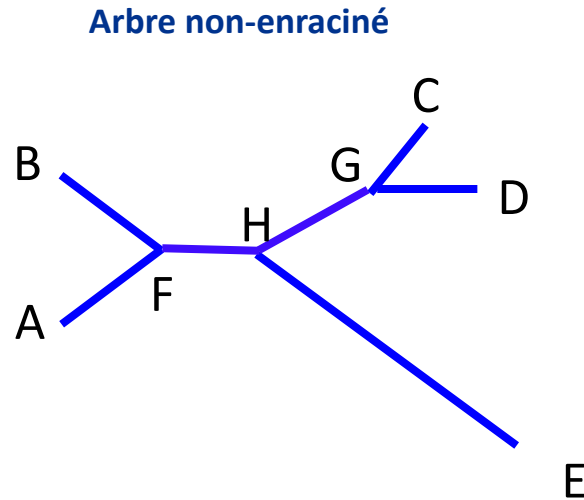


## Arbre enraciné



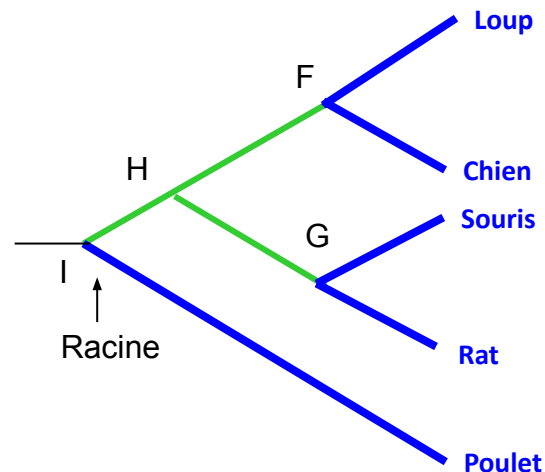
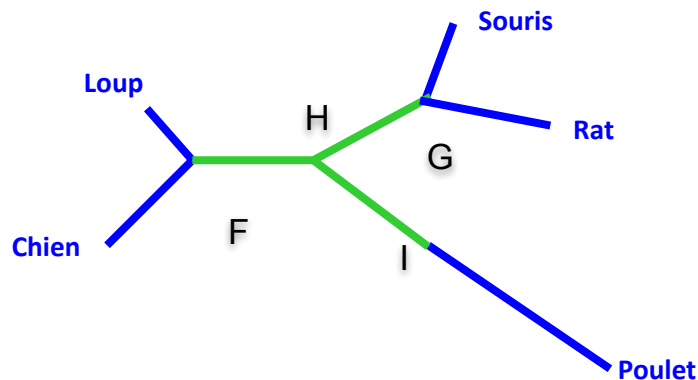
## Arbres enracinés ou non enracinés

- Les arbres non-enracinés ne sont pas réellement des arbres phylogénétiques car ils n'ont pas de direction temporelle → indiquent les distances, mais pas les relations de parenté entre les noeuds.
- La **racine** définit une orientation de l'arbre, et donc un chemin évolutif unique vers chaque feuille.
- Elle symbolise le **dernier ancêtre commun** (l'ancêtre commun plus récent) de toutes les OTU.

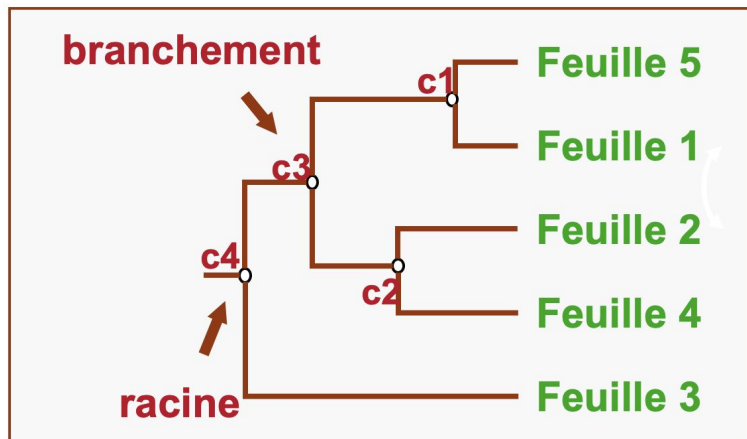
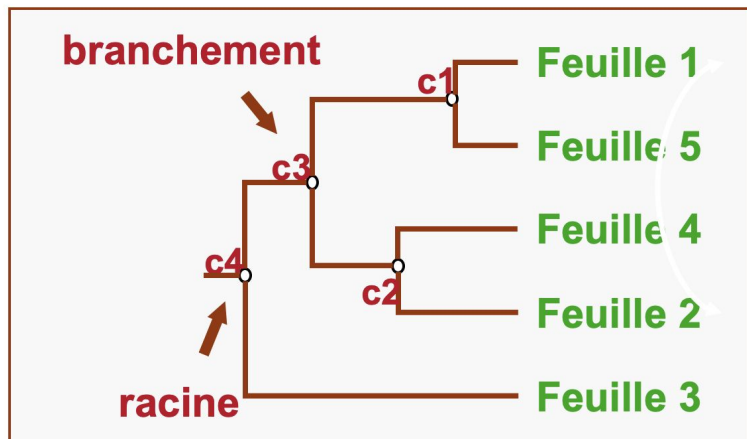


# Comment enraciner un arbre phylogénétique ?

- Dans certains cas, on peut s'appuyer sur une connaissance *a priori* de la feuille la plus externe parmi les OTU étudiées, qualifiée de **groupe extérieur** (*outgroup* en anglais)
  - Exemple : si un arbre contient chien, loup, souris, rat et poulet → sur base des connaissances biologiques, on décide que le **groupe extérieur** est le poulet
- En absence de connaissance *a priori* du OTU les plus externes parmi les OTU étudiées, on peut envisager un **enracinement au poids moyen** : on enracine l'arbre sur la branche qui minimise la moyenne des distances aux feuilles.
  - **Note:** ceci implique une hypothèse d'**horloge moléculaire**: on considère que le taux de mutation est constant au cours de l'évolution, et égal entre les branches. Cette hypothèse n'est généralement pas très réaliste, il s'agit d'une approximation.



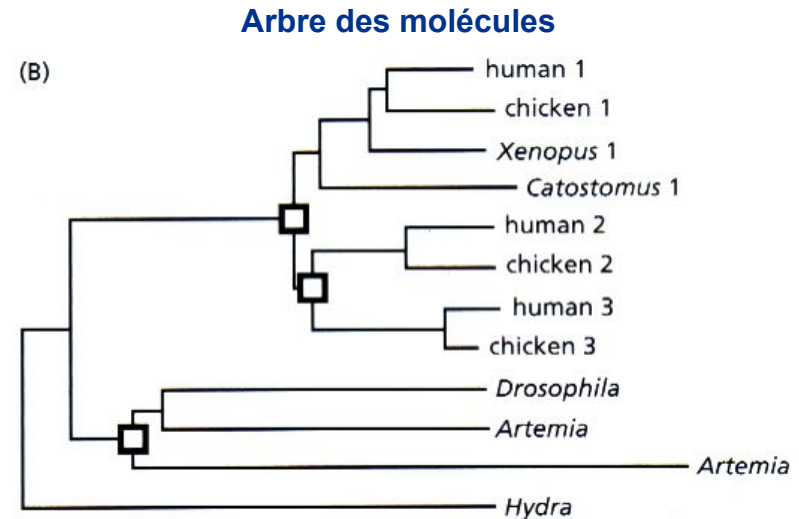
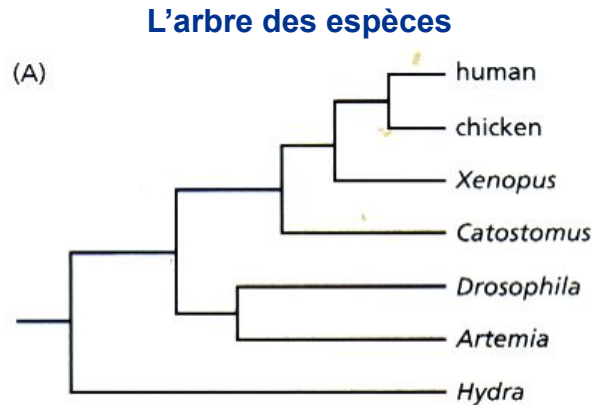
# Isomorphisme des arbres phylogénétiques



- Dans un arbre, les deux enfants de chaque branche peuvent être interchangés.
- Le résultat est un arbre *isomorphe*, considéré équivalent à l'arbre initial.
- Les deux arbres de gauche sont équivalents.
- Cependant
  - Arbre du dessus: les feuilles 1 et 2 sont très éloignées.
  - Arbre du dessous: les feuilles 1 et 2 sont voisines.
- Les distances verticales entre deux nœuds ne reflètent pas leur distance réelle !
- La distance entre deux nœuds est la somme des longueurs des branches qui les séparent.

# Arbre des espèces et arbre des molécules

- En partant d'une famille de séquences macromoléculaires (ADN, ARN, protéines), on peut construire des arbres phylogénétiques.
- En comparant l'arbre des molécules et l'arbre des espèces, on peut inférer l'histoire évolutive de cette famille de séquences.
- Nous reviendrons plus tard sur cet exemple, en expliquant les méthodes bioinformatiques permettant d'inférer des arbres moléculaires à partir de séquences, et les façons d'interpréter ces arbres en tenant compte de la filiation des espèces.





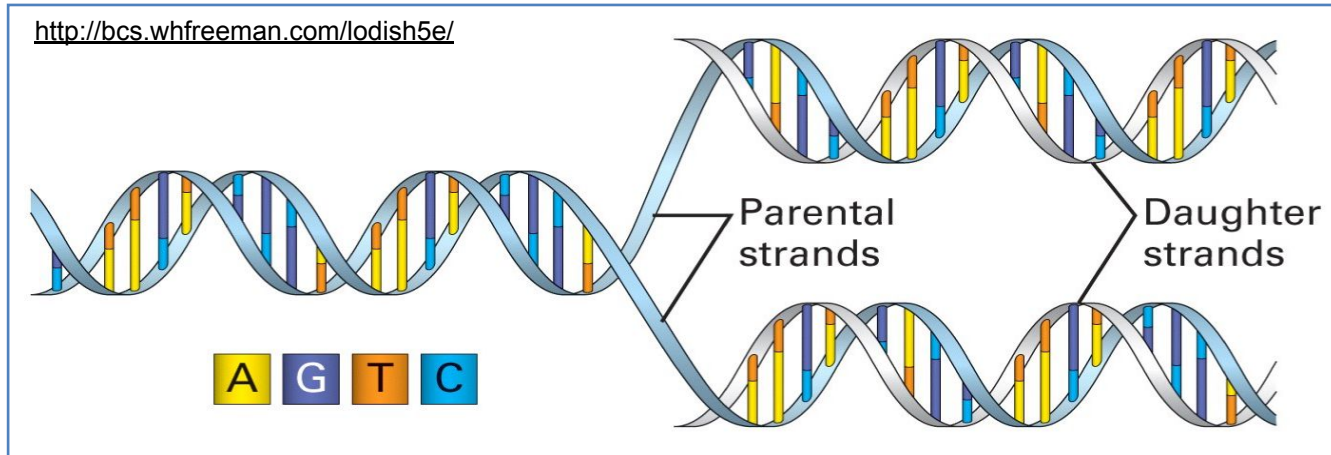
# Evolution des séquences

Au même titre que pour les caractères physiques, les ressemblances entre deux séquences macromoléculaires peuvent résulter de différentes causes.

- **Homologie** : les ressemblances entre les séquences s'expliquent par une **origine ancestrale commune**, leurs différences proviennent de l'accumulation de mutations. Il s'agit d'une évolution **divergente** (les séquences deviennent de plus en plus différentes avec le temps).
- **Analogie** : les ressemblances résultent de trajectoires **indépendantes**. Il s'agit d'une évolution convergente (les séquences se ressemblent de plus en plus avec le temps), qui peut éventuellement manifester l'effet d'une même pression évolutive.

# Réplication de l'ADN

- Une implication directe de l'appariement est que chaque brin contient l'information complète
- Durant la réplication, les brins se séparent et chaque brin sert de modèle pour la synthèse d'un brin complémentaire.
- La réplication assure donc le transfert de l'information génétique d'une cellule à ses descendantes.



# Effets phénotypiques des mutations

Drosophile de « type sauvage »



[https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Standing\\_female\\_Drosophila\\_melanogaster.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Standing_female_Drosophila_melanogaster.jpg)



[http://www.scq.ubc.ca/quarterly012/white\\_drosophila.gif](http://www.scq.ubc.ca/quarterly012/white_drosophila.gif)

Mutant curly



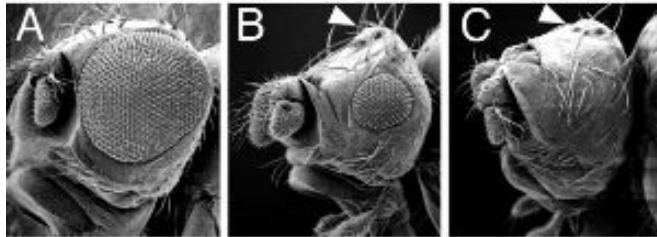
<http://flybase.org/reports/FBaI0002196.html>

Double mutant curly + white



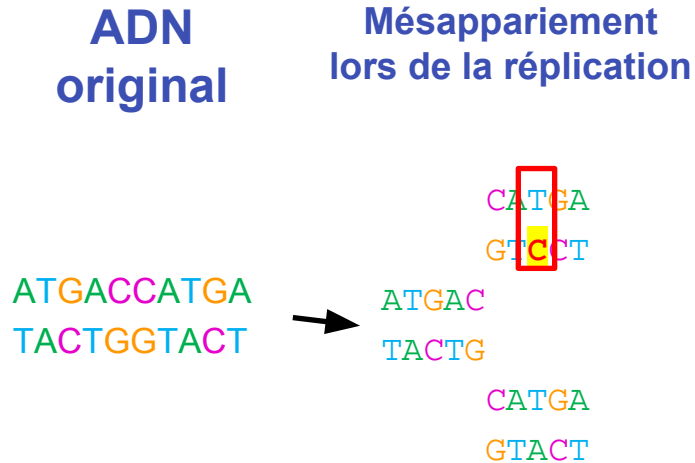
<https://arrogantscientist.wordpress.com/2009/01/12/balancer-chromosomes/>

Têtes de mouches sauvage (A) et mutantes eyeless (B, C)



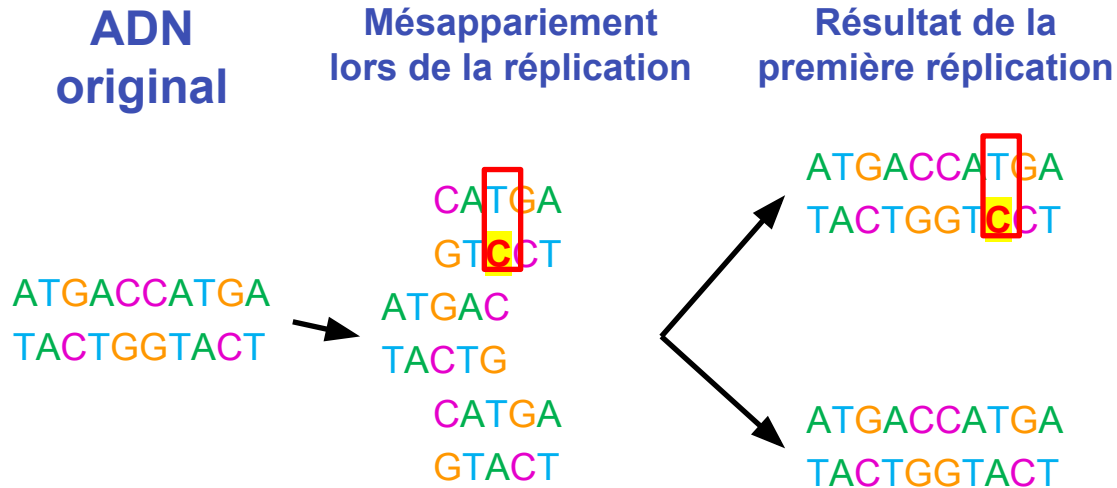
# Substitution

- Substitution
  - Remplacement d'un résidu (une lettre) par un autre
- Origine:
  - Lors d'une réplication, la polymérase de l'ADN incorpore un nucléotide incorrect sur un des brins (mésappariement).



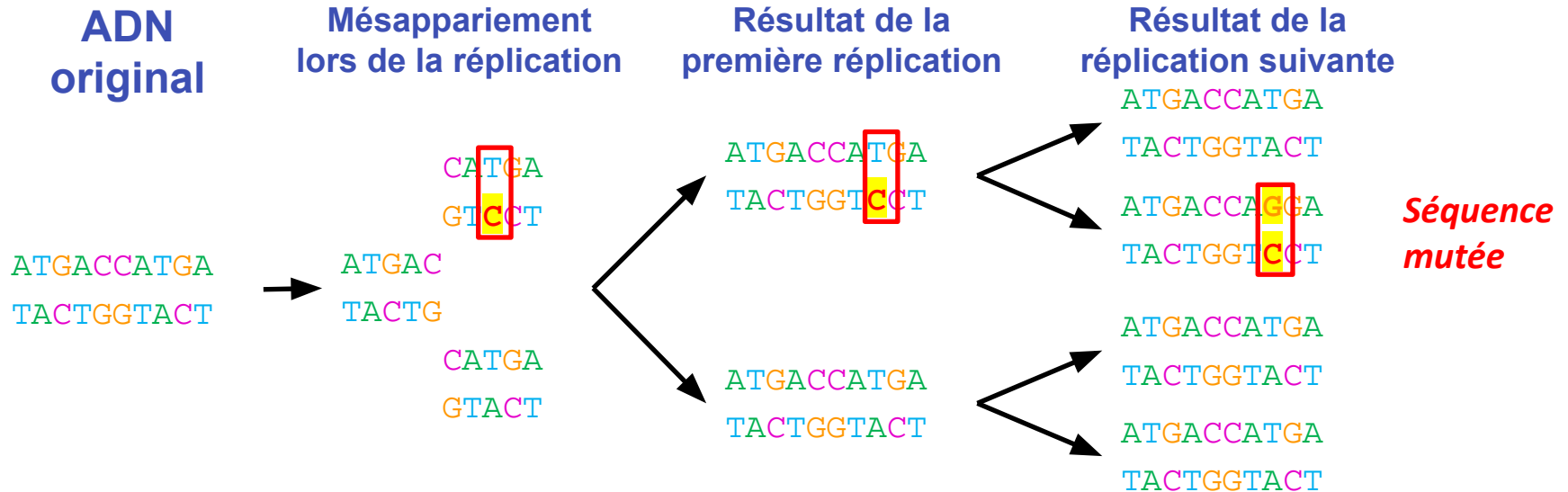
# Substitution

- Substitution
  - Remplacement d'un résidu (une lettre) par un autre
- Origine:
  - Lors d'une réplication, la polymérase de l'ADN incorpore un nucléotide incorrect sur un des brins (mésappariement).



# Substitution

- Substitution
  - Remplacement d'un résidu (une lettre) par un autre
- Origine:
  - Lors d'une réplication, la polymérase de l'ADN incorpore un nucléotide incorrect sur un des brins (mésappariement).



# Typologie des mutations

**Substitution** : remplacement d'un résidu (une lettre) par un autre

Avant répliation

ATGACCATGA  
TACTGGTACT



Après répliation

ATGACCA**G**GA  
TACTGGT**C**CT

**Délétion** : suppression d'un fragment d'ADN

ATG**ACCAT**GA  
TACTGGTACT



ATGGA  
TACCT



**Insertion** : ajout d'un fragment d'ADN

ATGACCATGA  
TACTGGTACT



ATGAC**AAA**CATGA  
TACTG**TTT**GACT



# Concepts: homologie, analogie, paralogie, orthologie

# Homologie et analogie

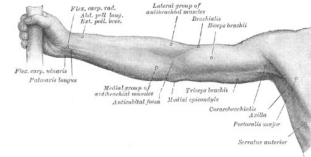
- La similarité entre deux traits (organes, séquences) peut s'interpréter par deux hypothèses alternatives: homologie et analogie.
- **Homologie**
  - La similarité s'explique par le fait que les deux caractères résultent d'une origine ancestrale commune.
  - Les différences entre les deux caractères homologues résultent de l'accumulation de mutations à partir de l'ancêtre commun. Il s'agit donc d'une évolution par **divergence évolutive**.
- **Analogie**
  - Ressemblance entre deux traits (organes, séquence) qui ne résulte pas d'une origine ancestrale commune.
  - Les traits similaires sont apparus de façon **indépendante**. Leur ressemblance peut éventuellement manifester l'effet d'une pression évolutive qui a sélectionné les mêmes propriétés.
  - Dans ce cas, on parle de **convergence évolutive**.

**Exercice** : identifiez les relations d'homologie et d'analogie entre membres antérieurs des animaux représentés ci-dessous

Taupe (mammifère)



Humain (mammifère)



Poule (oiseau)



Pigeon (oiseau)



Taupe-grillon (insecte)



Chimpanzé (mammifère)



Mouche (insecte)



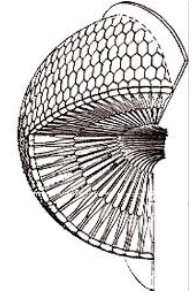
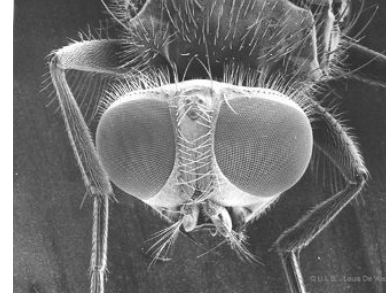
Chauve-souris (mammifère)



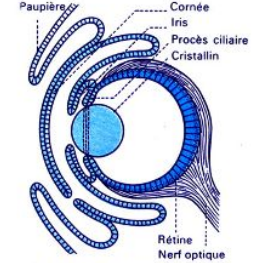
# Structures analogues

- La vision des différents groupes d'animaux repose sur des yeux de structures très diverses.
- L'oeil à facettes des insectes est très différent de l'oeil des vertébrés
- L'oeil de pieuvre présente de fortes similarités de structures avec l'oeil humain, mais quelques différences notoires
  - **Similarités:** oeil sphérique, cornée, iris, cristallin, ...
  - **Différences:** orientation des cellules rétiniennes: les axones partent vers l'intérieur chez les vertébrés, vers l'extérieur chez les céphalopodes
- En dépit de leur ressemblance anatomique, l'oeil de pieuvre et l'oeil humain résultent de **voies évolutives indépendantes**. Leur ressemblance est due à une **convergence évolutive** plutôt qu'à une origine commune. Il s'agit d'un cas spectaculaire de ressemblance par **analogie**.

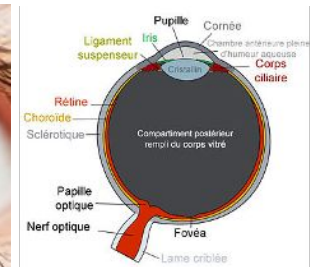
Oeil de drosophile (insecte)



Oeil de pieuvre (mollusque céphalopode)

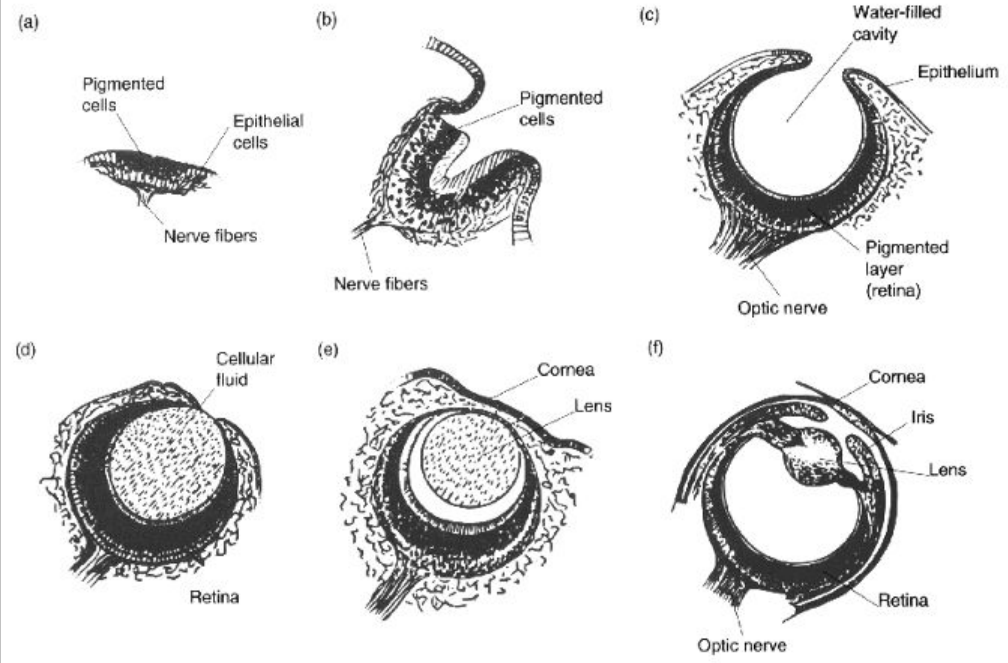


Oeil humain (mammifère)



Chez différentes espèces de mollusques, on observe une grande diversité dans la structure de l'oeil, allant de formes très rudimentaires (quelques cellules photosensibles sur l'épiderme) à un oeil aussi complexe que celui des vertébrés, dans le cas de la pieuvre.

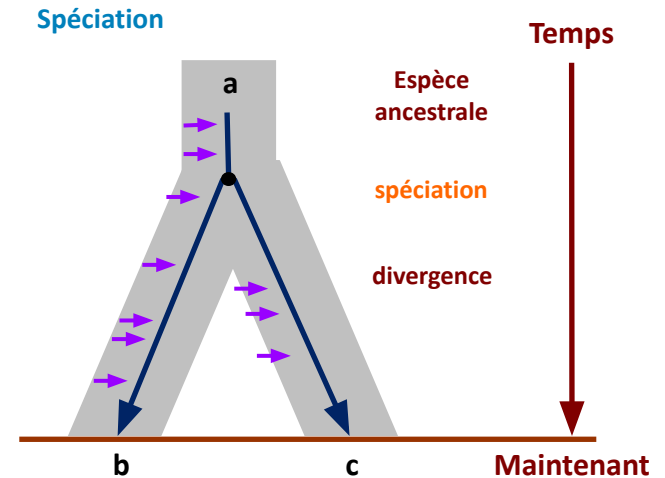
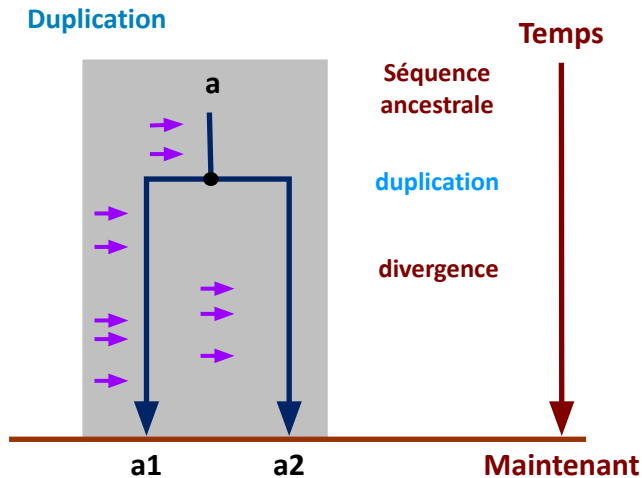
**Figure 13.2** Stages in the evolution of the eye, illustrated by species of molluscs. (a) A simple spot of pigmented cells. (b) Folded region of pigmented cells, which increases the number of sensitive cells per unit area. (c) Pin-hole camera eye, as is found in *Nautilus*. (d) Eye cavity filled with cellular fluid rather than water. (e) The eye is protected by adding a transparent cover of skin, and part of the cellular fluid has differentiated into a lens. (f) Full, complex eye, as found in octopus and squid. Reprinted, by permission of the publisher, from Strickberger (1990).



- Pour l'analyse de la phylogénie moléculaire, nous porterons un intérêt tout particulier à deux événements évolutifs susceptibles de générer des séquences homologues: duplication et spéciation.
- **Duplication**
  - ❑ Une duplication est une mutation qui génère un dédoublement d'une partie de l'ADN génomique. La duplication peut recouvrir l'ensemble du génome (formation d'organismes polyploïdes), un chromosome entier, ou un fragment de chromosome de taille plus ou moins grande.
  - ❑ Les duplications peuvent éventuellement entraîner l'apparition de copies multiples d'un ou plusieurs gènes, provoquant ainsi une certaine redondance de l'information génétique.
  - ❑ Dans certains cas, l'une des copies dupliquées du gène acquiert, par accumulation de mutations, de nouvelles caractéristiques qui lui permettent d'assumer une nouvelle fonction. Ce mécanisme, appelé duplication-divergence, est en grande partie à l'origine de la diversification des fonctions biologiques.
- **Spéciation**
  - ❑ Processus évolutif qui résulte en la formation d'espèces distinctes à partir d'une espèce unique.
- Les événements de duplication et spéciation suscitent l'apparition de copies multiples à partir d'une seule séquence, soit au sein d'une même espèce (duplication), soit au sein des espèces distinctes dérivées de la spéciation. Ces séquences, dont la similarité résulte d'une séquence ancestrale commune, sont dites **homologues**

# Scénarios évolutifs

- Nous disposons de deux séquences, et nous supposons qu'elles divergent d'un ancêtre commun.
- La divergence peut résulter
  - d'une **duplication** (création de deux copies du gène dans le même génome)
  - ou d'une **spéciation** (formation d'espèces séparées à partir d'une espèce unique).
- Les **flèches violettes** indiquent les mutations (substitutions, délétions, insertions) qui s'accumulent au sein d'une séquence particulière au cours de son histoire évolutive. Ces mutations sont à l'origine de la diversification des séquences, des structures et des fonctions.



- Avant d'affirmer que deux séquences sont homologues, nous devrions pouvoir retracer leur histoire jusqu'à leur ancêtre commun.
- Nous ne pouvons malheureusement pas disposer des séquences de toutes les espèces disparues. Il est donc impossible de démontrer formellement l'homologie.
- Cependant, nous pouvons appuyer l'hypothèse d'homologie sur une analyse de la vraisemblance d'un scénario évolutif (taux de mutations, niveaux de similarités).
  - Si des séquences très longues ont des taux très forts de similarité, on considérera qu'elles descendent *vraisemblablement* d'un ancêtre commun.
  - Pour des séquences courtes, une forte ressemblance, voire une identité parfaite, peuvent éventuellement provenir
- L'inférence d'homologie est toujours attachée à un certain ***risque de faux positifs***. Les modèles évolutifs nous permettent d'estimer ce risque.



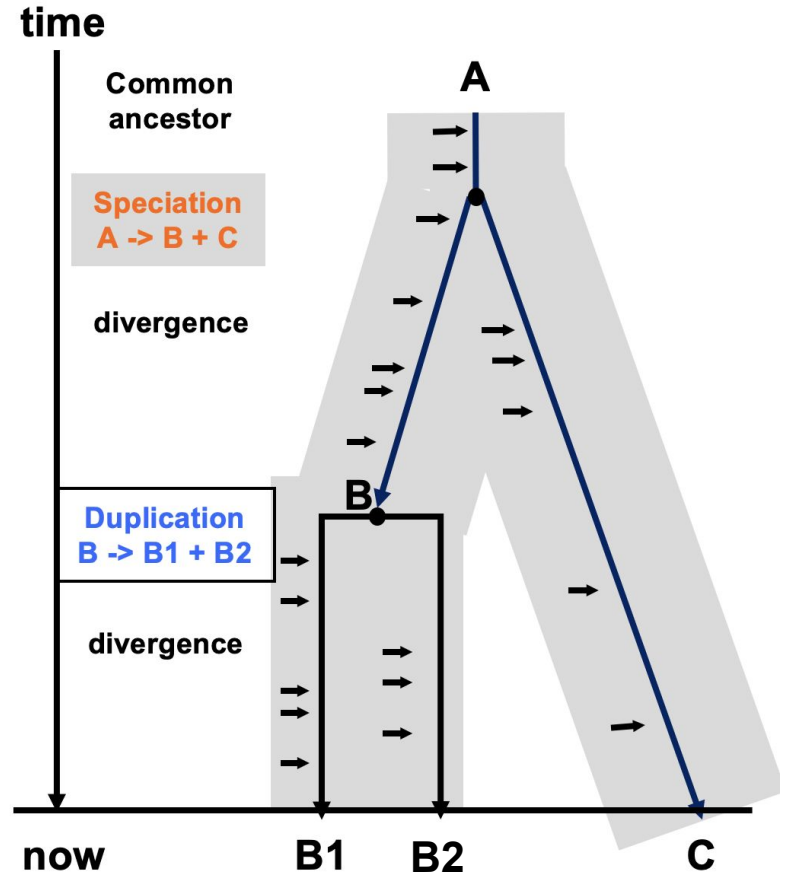
L'homologie est une relation logique (soit vraie, soit fausse).

- Deux séquences sont homologues (possèdent des caractères communs parce qu'elles dérivent d'un ancêtre commun) ou elles ne le sont pas.
- Il est donc complètement inapproprié de parler de « niveau d'homologie » ou « pourcentage d'homologie ».
- La formulation correcte
  - On observe un certain niveau de similarité entre deux séquences (pourcentages de résidus identiques, pourcentages de résidus « similaires »).
  - Sur cette base, on évalue deux scénarios évolutifs: cette similarité peut provenir d'une évolution convergente (analogie) ou divergente à partir d'un ancêtre commun (homologie).
  - Si la deuxième hypothèse est la plus vraisemblable, on *infère* que les séquences sont homologues.



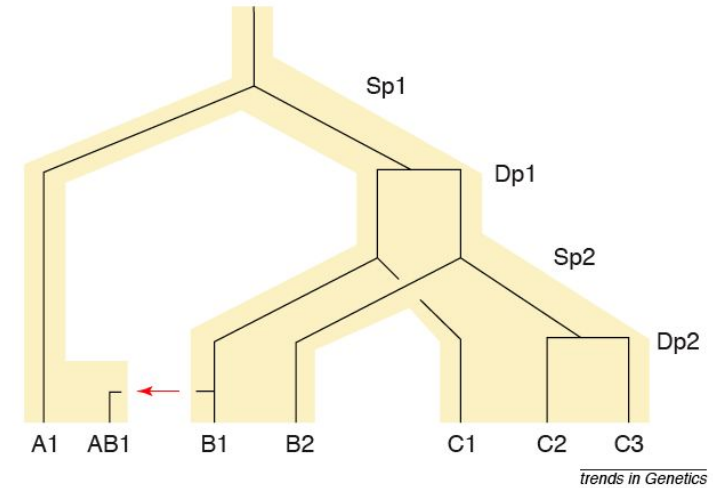
# Orthologie versus paralogie

- Zvelebil & Baum (2000) fournissent une définition claire et opérationnelle des concepts d'orthologie et paralogie.
  - **Orthologues**: séquences dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de spéciation.
  - **Paralogues** séquences dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de duplication
- Exemples:
  - B et C sont **orthologues**, car leur dernier ancêtre commun (A) précède un événement de **spéciation** ( $A \rightarrow B + C$ ).
  - B1 et B2 sont **paralogues** car le premier événement évolutif qui succède à leur dernier ancêtre commun (B) est une **duplication** ( $B \rightarrow B1 + B2$ ).



# Représentation détaillée des événements de spéciation / duplication

- La figure de droite combine deux niveaux de représentation
  - Les lignes noires fines représentent les relations évolutives entre molécules (arbre des molécules).
  - Les ombrages épais représentent l'arbre des espèces.
- Les **spéciations (Sp)** sont représentées par des branchements triangulaires sur l'arbre des espèces
  - En cas de spéciation, la molécule ancestrale se retrouve dans chacune des espèces dérivées.
- Les **duplications (Dp)** sont représentées par des branchements rectangulaires.
  - En cas de duplication, on retrouve au sein de la même espèce deux copies de la séquence ancestrale.



The idealized evolution of a gene (lines) is shown from a common ancestor in an ancestral population (the gray background), descending to three populations labelled A, B and C. There are two speciation events (Sp1 and Sp2), each occurring at the junctions shown as an upside down Y. There are also two gene-duplication events (Dp1 and Dp2), depicted by a horizontal bar. Two genes whose common ancestor resides at a Y junction (speciation) are orthologous. Two genes whose common ancestor resides at a horizontal bar junction (gene duplications) are paralogous. Thus, C2 and C3 are paralogous to each other but are orthologous to B2. Both are paralogous to B1 but orthologous to A1. The red arrow denotes the transfer of the B1 gene from species B to species A. As a result, the AB1 gene is xenologous to all six other genes. All three subtype relationships are reflexive, that is,  $A1 \Rightarrow B1$  implies  $B1 \Rightarrow A1$  where  $\Rightarrow$  should be read, for example, as 'is orthologous to.' However, the relationships are not transitive. Thus,  $C2 \Rightarrow A1 \Rightarrow C3$  might be true, but it is not necessarily therefore true that  $C2 \Rightarrow C3$ , as indeed it is not in the figure if  $\Rightarrow$  is read as 'is orthologous to.' A different non-transitivity occurs for 'is paralogous to' with  $B2 \Rightarrow C1 \Rightarrow C2$ .

# Définitions des concepts d'après Fitch (2000)

L'article de Fitch (2000) définit les concepts suivants.

## • Homologie

- Owen (1843). « le même organe sous toutes ses variétés de forme et de fonction ».
- Fitch (2000). L'homologie est la relation entre toute paire de caractères qui descendent, généralement avec divergence, d'un caractère ancestral commun.
- *Note: "caractère" peut se référer à un trait phénotypique, un un site d'une séquence, à un gène entier, ...*
- Application moléculaire: deux gènes sont homologues s'ils divergent d'un gène ancestral commun.

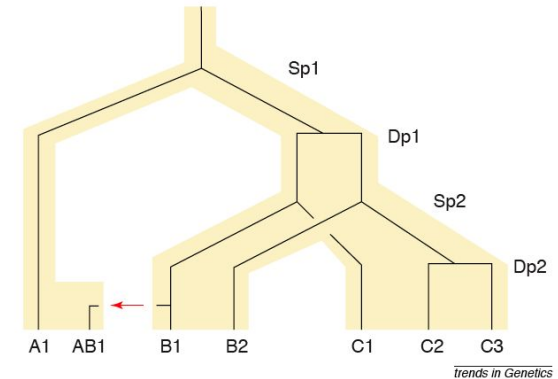
• **Analogie:** relation entre deux caractères qui se sont développés de façon convergente à partir d'ancêtres non-apparentés.

• **Cénancêtre:** l'ancêtre commun le plus récent pour les groupes taxonomiques considérés.

• **Orthologie:** relation entre deux caractères homologues dont l'ancêtre commun se trouve chez le cénancêtre des taxa à partir desquels les séquences ont été obtenues.

• **Paralogie:** relation entre deux caractères émanant d'une duplication de gène pour ce caractère.

• **Xénologie:** relation entre deux caractères dont l'histoire, depuis leur dernier ancêtre commun, inclut un transfert entre espèces (horizontal) du matériel génétique pour au moins l'un de ces caractères.



The idealized evolution of a gene (lines) is shown from a common ancestor in an ancestral population (the gray background), descending to three populations labelled A, B and C. There are two speciation events (Sp1 and Sp2), each occurring at the junctions shown as an upside down Y. There are also two gene-duplication events (Dp1 and Dp2), depicted by a horizontal bar. Two genes whose common ancestor resides at a Y junction (speciation) are orthologous. Two genes whose common ancestor resides at a horizontal bar junction (gene duplications) are paralogous. Thus, C2 and C3 are paralogous to each other but are orthologous to B2. Both are paralogous to B1 but orthologous to A1. The red arrow denotes the transfer of the B1 gene from species B to species A. As a result, the AB1 gene is xenologous to all six other genes. All three subtype relationships are reflexive, that is, A1=>B1 implies B1=>A1 where => should be read, for example, as 'is orthologous to.' However, the relationships are not transitive. Thus, C2=>A1=>C3 might be true, but it is not necessarily therefore true that C2=>C3, as indeed it is not in the figure if => is read as 'is orthologous to.' A different non-transitivity occurs for 'is paralogous to' with B2=>C1=>C2.

Analogie

Homologie

Paralogie

Xénologie ou non

(xénologues issus de paralogues)

Orthologie

Xénologie ou non

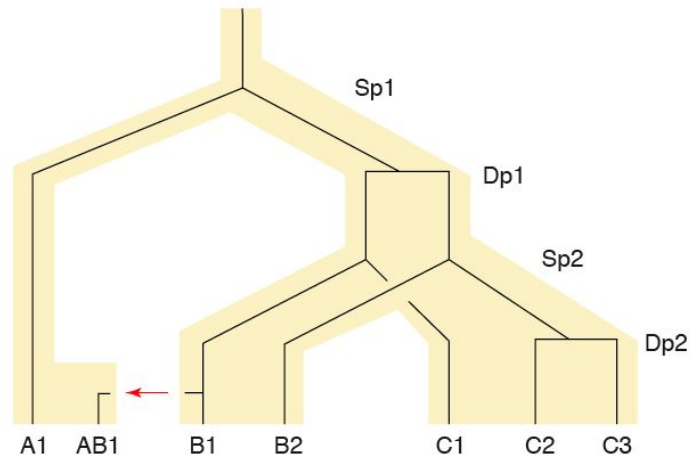
(xénologues issus d'orthologues)

## Exercice: types d'homologie

Sur base des définitions de **Zvelebil & Baum** (paralogie et orthologie), et de **Fitch** (xénologie), qualifiez la relation entre chaque paire de gènes dans le schéma de Fitch (ci-contre).

P paralogie  
 O orthologie  
 X xenologie  
 A analogie

	A1	AB1	B1	B2	C1	C2	C3
A1							
AB1							
B1							
B2							
C1							
C2							
C3							



*trends in Genetics*

- Paire d'**orthologues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de spéciation (ex:  $a_1$  and  $a_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- Paire de **paralogues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement une duplication génique (ex:  $b_1$  and  $b_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- **Xénologie**: relation entre deux caractères dont l'histoire, depuis leur dernier ancêtre commun, inclut un transfert entre espèces (horizontal) du matériel génétique pour au moins l'un de ces caractères. *Source: Fitch, 2000.*

Figure: Fitch, W. M. Homology a personal view on some of the problems. *Trends Genet* 16, 227–231 (2000). [doi.org/10.1016/s0168-9525\(00\)02005-9](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(00)02005-9)

Définitions : Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. *Understanding bioinformatics*. (Garland Science, 2008).

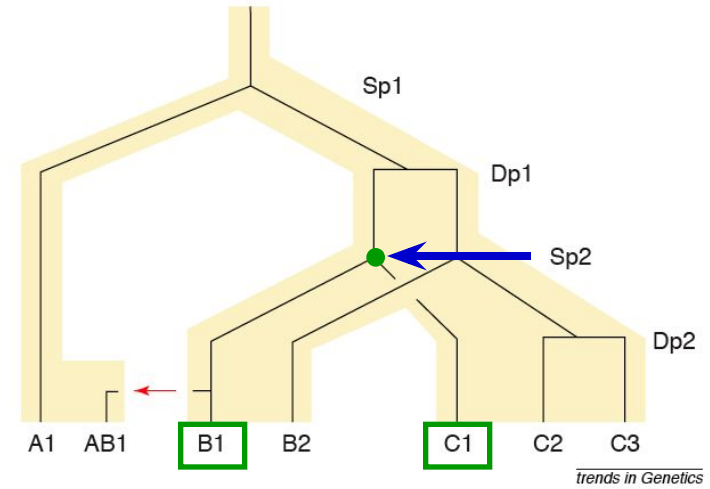
# Exercice: types d'homologie

## Exemple: B1 versus C1

- Les deux séquences (B1 and C1) proviennent respectivement des taxa B and C.
- Le cénancêtre (**flèche bleue**) est le taxon qui précède le second événement de spéciation (Sp2).
- Le gène ancestral commun (**point vert**) coïncide avec le cénancêtre.

→ **B1 et C1 sont orthologues**

	A1	AB1	B1	B2	C1	C2	C3
A1							
AB1							
B1							
B2							
C1			O				
C2							
C3							



- Paire d'**orthologues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de spéciation (ex:  $a_1$  and  $a_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- Paire de **paralogues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement une duplication génique (ex:  $b_1$  and  $b_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- **Xénologie**: relation entre deux caractères dont l'histoire, depuis leur dernier ancêtre commun, inclut un transfert entre espèces (horizontal) du matériel génétique pour au moins l'un de ces caractères. *Source: Fitch, 2000.*

Figure: Fitch, W. M. Homology a personal view on some of the problems. Trends Genet 16, 227–231 (2000). [doi.org/10.1016/s0168-9525\(00\)02005-9](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(00)02005-9)

Définitions : Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. Understanding bioinformatics. (Garland Science, 2008).

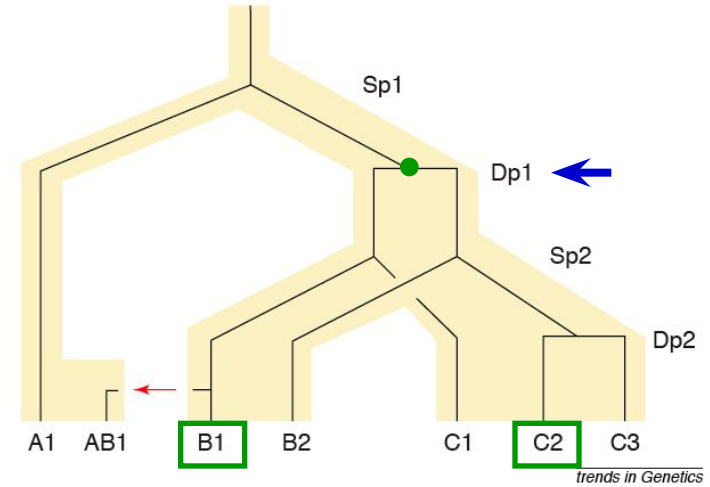
# Exercice: types d'homologie

## Exemple: B1 versus C2

- Les deux séquences (B1 and C2) proviennent respectivement des taxa B and C.
- Le dernier gène ancestral commun (**point vert**) est celui qui précède immédiatement la duplication Dp1.
- Cet ancêtre commun est bien antérieur à la spéciation qui a séparé les espèces B et C (**flèche bleue**).

→ **B1 et C2 sont paralogues**

	A1	AB1	B1	B2	C1	C2	C3
A1							
AB1							
B1							
B2							
C1			O				
C2			P				
C3							



- Paire d'**orthologues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de spéciation (ex:  $a_1$  and  $a_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- Paire de **paralogues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement une duplication génique (ex:  $b_1$  and  $b_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- **Xénologie**: relation entre deux caractères dont l'histoire, depuis leur dernier ancêtre commun, inclut un transfert entre espèces (horizontal) du matériel génétique pour au moins l'un de ces caractères. *Source: Fitch, 2000.*

Figure: Fitch, W. M. Homology a personal view on some of the problems. Trends Genet 16, 227–231 (2000). [doi.org/10.1016/s0168-9525\(00\)02005-9](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(00)02005-9)

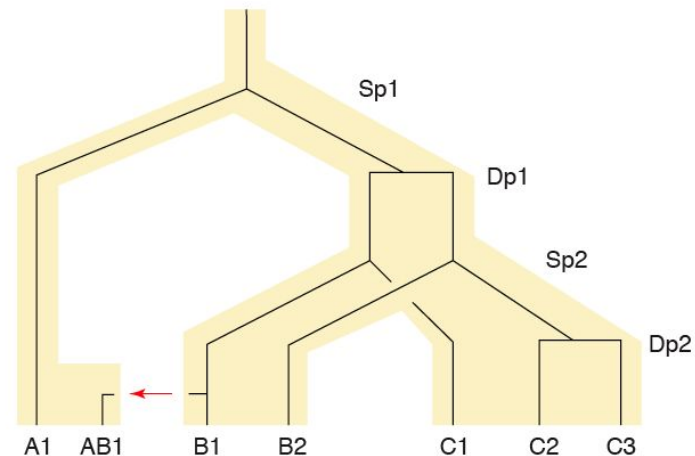
Définitions : Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. Understanding bioinformatics. (Garland Science, 2008).

## A votre tour de compléter le tableau (la solution est sur la diapo suivante)

Sur base des définitions de **Zvelebil & Baum** (paralogie et orthologie), et de **Fitch** (xénologie), qualifiez la relation entre chaque paire de gènes dans le schéma de Fitch (ci-contre).

P paralogie  
 O orthologie  
 X xénologie  
 A analogie

	A1	AB1	B1	B2	C1	C2	C3
A1							
AB1							
B1							
B2							
C1			O				
C2			P				
C3							

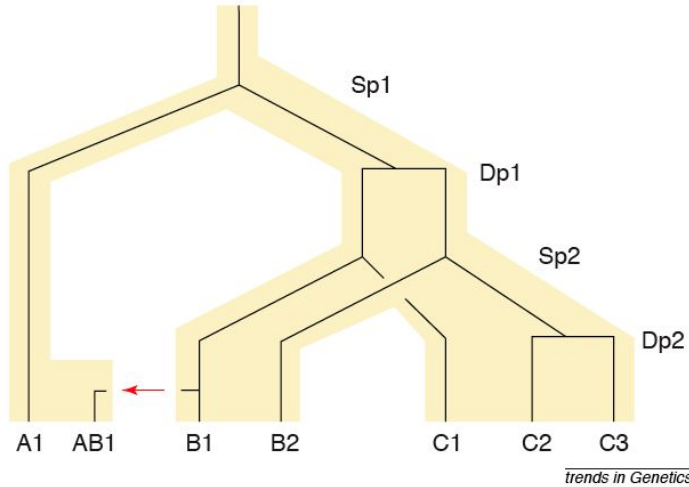


*trends in Genetics*

- Paire d'**orthologues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de spéciation (ex:  $a_1$  and  $a_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- Paire de **paralogues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement une duplication génique (ex:  $b_1$  and  $b_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- **Xénologie**: relation entre deux caractères dont l'histoire, depuis leur dernier ancêtre commun, inclut un transfert entre espèces (horizontal) du matériel génétique pour au moins l'un de ces caractères. *Source: Fitch, 2000.*

Figure: Fitch, W. M. Homology a personal view on some of the problems. *Trends Genet* 16, 227–231 (2000). [doi.org/10.1016/s0168-9525\(00\)02005-9](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(00)02005-9)

Définitions : Zvelebil, M. J. & Baum, J. O. *Understanding bioinformatics.* (Garland Science, 2008).



	A1	AB1	B1	B2	C1	C2	C3
A1		O+X	O	O	O	O	O
AB1	O+X		X	P+X	O+X	P+X	P+X
B1	O	X		P	O	P	P
B2	O	P+X	P		P	O	O
C1	O	O+X	O	P		P	P
C2	O	P+X	P	O	P		P
C3	O	P+X	P	O	P	P	

Notes concernant la xénologie et les autres relations d'homologie.

- La relation de xénologie, telles que définies par Fitch, s'applique dès qu'un transfert horizontal s'est produit depuis le dernier ancêtre commun entre deux molécules. Ceci s'applique donc à toutes les relations entre AB1 et une des autres molécules.
- Cette qualification de xénologie se place à un autre niveau que le statut d'orthologie ou de paralogie, qui dépendent du type d'événement évolutif (spéciation ou duplication) qui a immédiatement succédé au dernier ancêtre commun.
- Nous pouvons donc considérer que les relations impliquant AB1 sont à la fois de xénologie et d'orthologie ou de paralogie.

- Paire d'**orthologues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement un événement de spéciation (ex:  $a_1$  and  $a_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- Paire de **paralogues**: paire de gènes dont le dernier ancêtre commun précède immédiatement une duplication génique (ex:  $b_2$  and  $b_2$ ). *Source: Zvelebil & Baum, 2000.*
- **Xénologie**: relation entre deux caractères dont l'histoire, depuis leur dernier ancêtre commun, inclut un transfert entre espèces (horizontal) du matériel génétique pour au moins l'un de ces caractères. *Source: Fitch, 2000.*



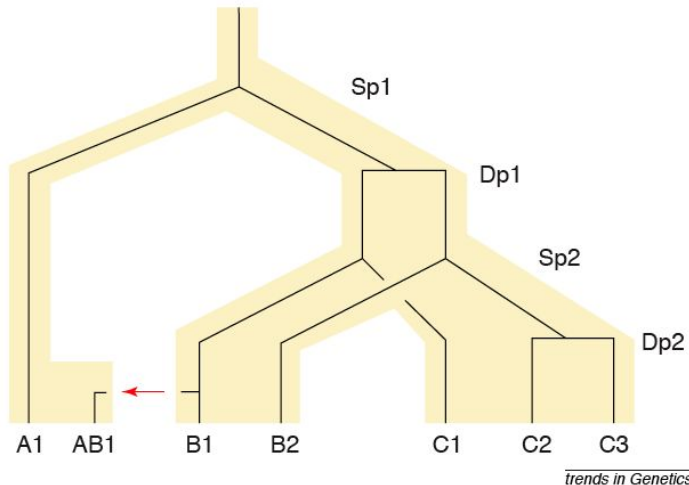
# Représentation classique des spéciations / duplications

La représentation de gauche et de droite sont équivalentes.

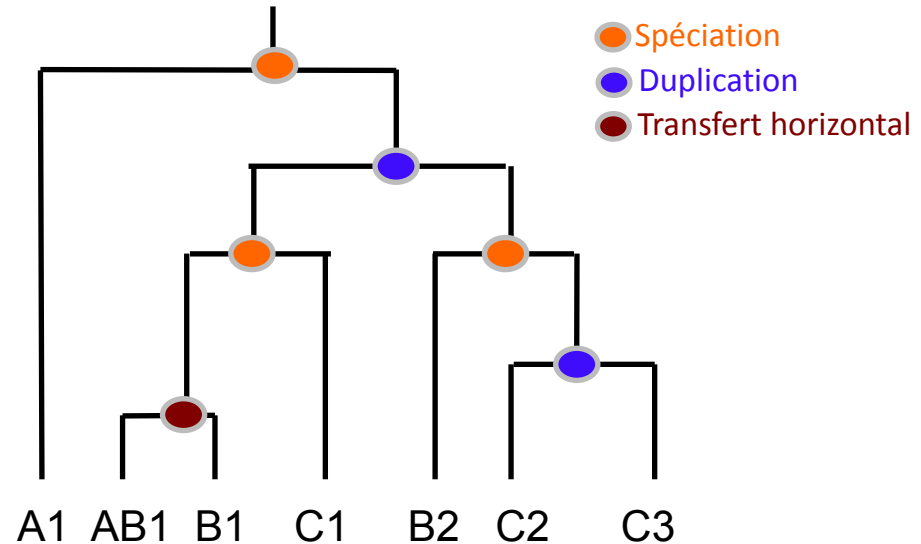
Celle de gauche (Fitch, 2000) montre bien la transmission parallèle des unités moléculaires (gènes, protéines) qui résultent d'une duplication (bifurcation rectangulaire) au fil des spéciations (bifurcations triangulaires).

La représentation de droite est celle utilisée par les bases de données telles [Ensembl genomes](#). Sur l'arbre des molécules, chaque nœud interne est marqué par un symbole différent selon qu'il correspond à une spéciation ou à une duplication.

A, B, C représentent les espèces  
2, 3, 3 les copies des gènes



*trends in Genetics*



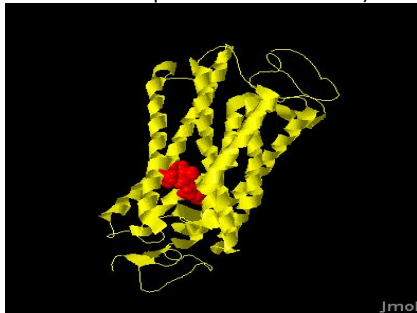
# Alignement multiple

## Modèle tridimensionnel du pigment des cônes bleus.

(Structure PDB 1kpn affichée avec MacPyMol)



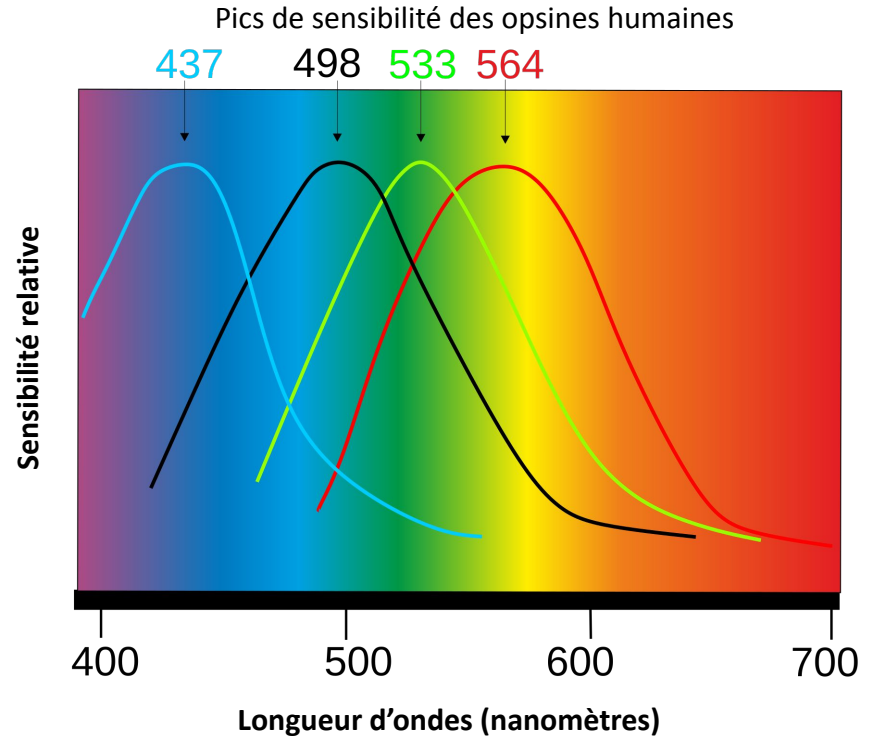
(Structure PDB 1kpn affichée avec JMol)



- La perception de la lumière repose sur l'action de protéines appelées opsines.
- Les opsines se lient à une petite molécule, le rétinol, et forment ainsi la rhodopsine.
- La rhodopsine est un pigment qui a la capacité de capter certaines longueurs d'ondes de lumière.
- La séquence de l'opsine détermine le spectre de sensibilité de la rhodopsine.
- Des mutations peuvent donc modifier la longueur d'onde optimale d'une opsine.

# Le spectre visible

- Chaque cellule photoréceptrice perçoit une gamme spécifique de longueur d'ondes, avec un pic précis.
  - 420 nanomètres (nm) pour les **cônes sensibles au bleu** (*short-wave sensitive: SWS*)
  - 489 nm pour les bâtonnets
  - 534 nm pour les **cônes sensibles au vert** (*medium-wave sensitive: MWS*)
  - 564 nm pour les **cônes sensibles au rouge** (*long-wave sensitive: LWS*)
- Les cônes (cellules rétiniennes sensibles aux couleurs) expriment chacun une opsine différente. Le nombre d'opsines sensibles aux couleurs varie selon les espèces
  - 3 opsines -> vision **trichromatique** (primates de l'ancien monde)
  - 2 opsines -> vision **dichromatique** (la plupart des autres mammifères)
- Noter le fort recouvrement entre les spectres de sensibilité des opsines verte et rouge, et la faible différence entre leurs pics (31 nm) par rapport à la différence entre opsines bleue et verte (96 nm).

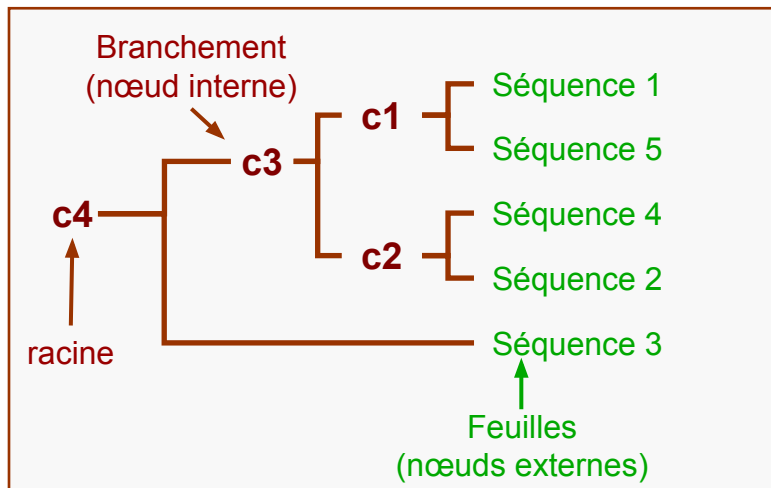




## Matrice de distance

	séquence 1	séquence 2	séquence 3	séquence 4	séquence 5
séquence 1	0.00	4.00	6.00	3.50	1.00
séquence 2	4.00	0.00	6.00	2.00	4.50
séquence 3	6.00	6.00	0.00	5.50	6.50
séquence 4	3.50	2.00	5.50	0.00	4.00
séquence 5	1.00	4.50	6.50	4.00	0.00

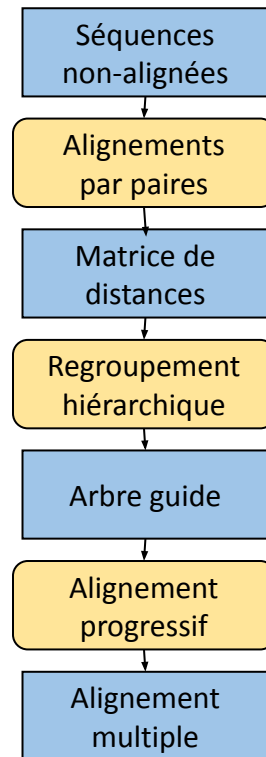
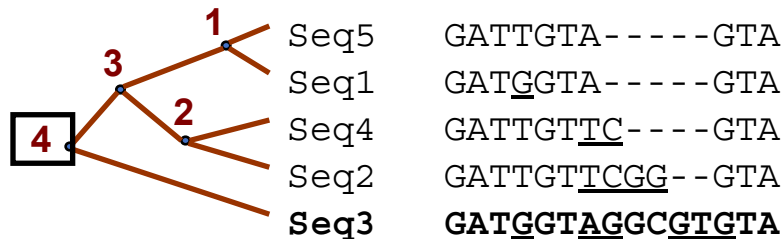
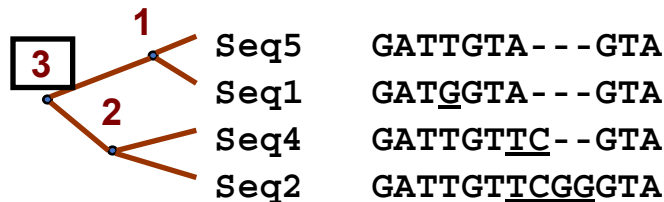
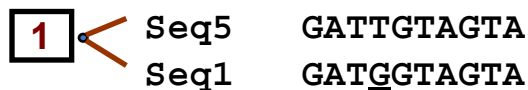
## Arbre



- Le **clustering hiérarchique** est une **méthode agrégative**, qui prend une matrice de distance en entrée et regroupe progressivement les objets en allant des plus proches aux plus distants.
- **Algorithme UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean)**
  - Assigner chaque objet à un cluster séparé.
  - Identifier la paire de clusters les plus proches, et les regrouper en un seul.
  - Répéter la seconde étape jusqu'à ce qu'il ne reste qu'un seul cluster.
- **Résultat:** un arbre, dont les N nœuds intermédiaires correspondent à N clusters.
  - Longueurs des branches  $\sim$  distances entre clusters.
- **Règles d'agglomération**
  - Liaison simple (**single linkage**): distance entre groupes A et B = distance entre éléments les plus proches.
  - Liaison moyenne (**average linkage**): distance moyenne entre tous les objets des deux groupes (=UPGMA).
  - Liaison complète (**complete linkage**): distance entre les éléments les plus éloignés.

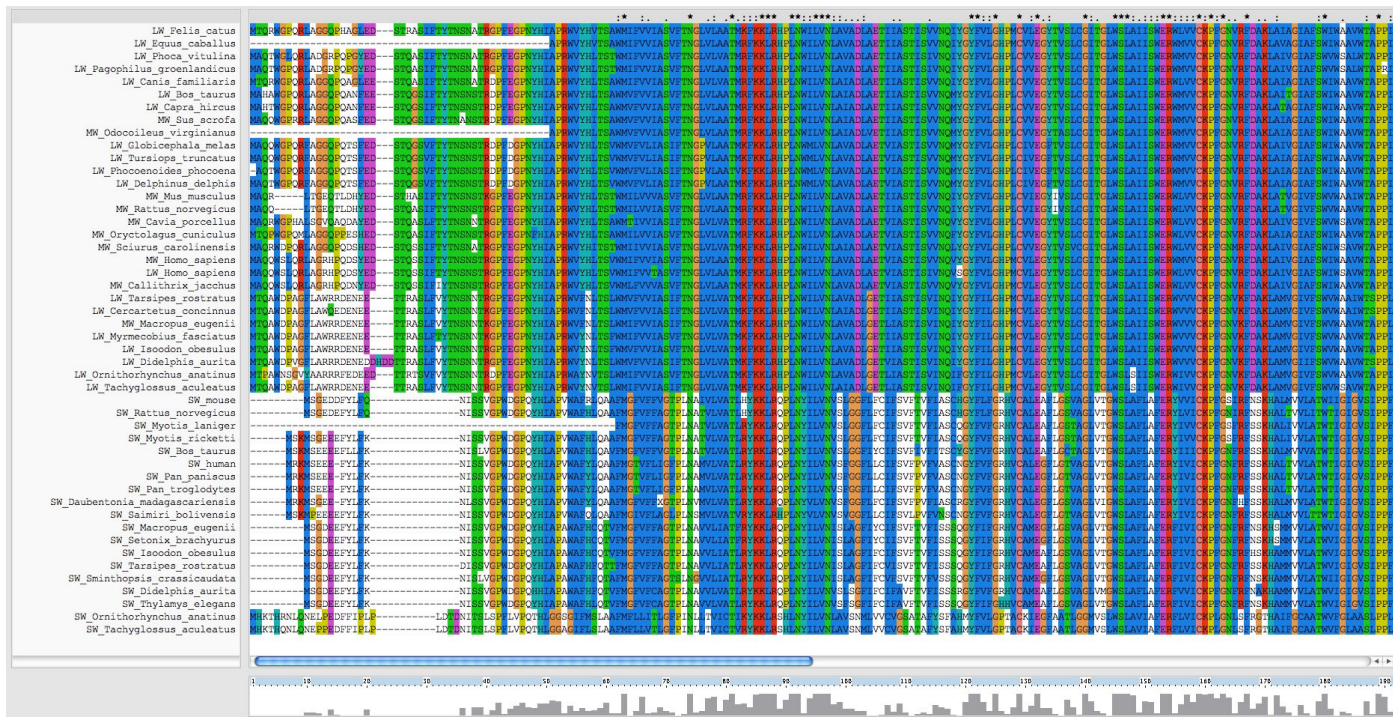
# Alignement progressif – 3ème étape: **alignement progressif des séquences**

- On construit un alignement multiple en incorporant progressivement les séquences selon leur ordre de branchement dans l'arbre guide, en remontant des plus proches aux plus éloignées.



# Alignement multiple des opsines de mammifère

- Pour inférer un arbre phylogénétique à partir d'une famille de séquences, on part toujours d'un alignement multiple.
- Figure : première partie d'un alignement multiple entre 50 opsines de mammifère.
- A l'œil nu, on distingue déjà 2 groupes évidents.
- Dessus: opsines sensibles aux ondes moyennes (vert) ou longues (rouge)
- Dessous: opsines sensibles aux ondes courtes (bleu)

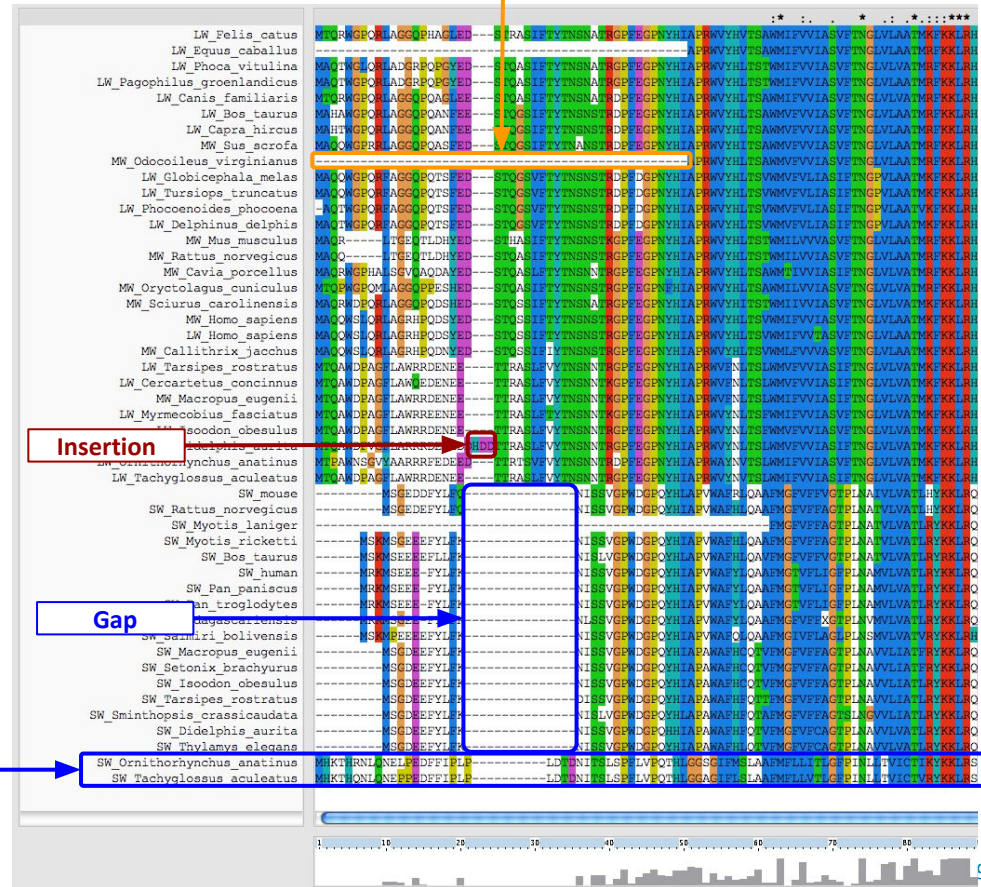




# Lecture d'un alignement multiple

- Un alignement multiple consiste à aligner entre elles un ensemble de séquences similaires, de façon à maximiser les correspondances entre résidus.
- Le résultat peut être affiché de façon graphique, avec
  - Une ligne par séquence
  - Une colonne par position de l'alignement multiple
- L'alignement multiple permet de distinguer des **blocs conservés**, soit sur l'ensemble de l'alignement, soit sur un sous-ensemble des séquences.
- Les **gaps** (espacements, représentés par des "-") permettent d'ajuster les régions correspondantes à gauche et à droite.
- Contrairement aux alignements par paire, on peut dans certains cas distinguer les délétions des insertions
  - Délétion: fragment de séquence absent d'une ou de quelques séquences mais présent ailleurs
  - Insertion : fragment de séquence présent dans une ou quelques séquences mais absent ailleurs
- La présence d'un **groupe extérieur** (ici Ornithorhynchus et Tachyglossus) permet dans certains cas de lever des ambiguïtés.
- Cependant, l'inférence de l'événement évolutif, délétion ou insertion, qui est à l'origine d'un gap, nécessite généralement d'interpréter les alignements en les comparant à l'arbre phylogénétique inféré.

Groupe extérieur (outgroup)



# Inférence d'un arbre des molécules à partir de l'alignement multiple

# Inférence d'un arbre des molécules à partir de l'alignement multiple

---

Il existe plusieurs approches pour inférer un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple.

- Maximum de vraisemblance (Maximum likelihood)
  - Coûteuse en temps
  - Considérée comme la plus fiable des méthodes
  - Permet d'estimer la longueur des branches
- Neighbour Joining
  - Rapide
  - Permet de traiter un grand nombre de séquences
  - Résultats moins fiables que par la méthode du maximum de vraisemblance
- Parcimonie
  - Très coûteux en temps
  - Limité à un petit nombre de séquences

Les algorithmes sous-jacents ne sont pas présentés au cours, mais il est utile de savoir que ces méthodes s'appliquent dans des situations différentes. Le choix de l'algorithme dépend essentiellement du type de données.

Attention: ces méthodes peuvent donner des arbres différents, tant par la topologie (succession des branchements) que par la longueur des branches (estimation des distances évolutives). Il est donc important de **pouvoir estimer la fiabilité d'un arbre phylogénétique** inféré à partir d'un jeu de séquences.

# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

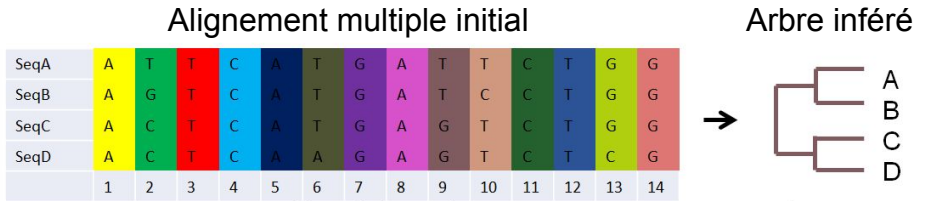
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

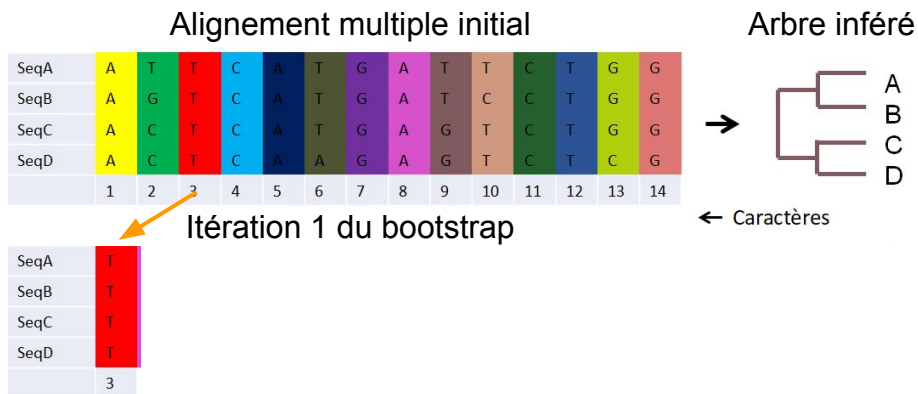
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

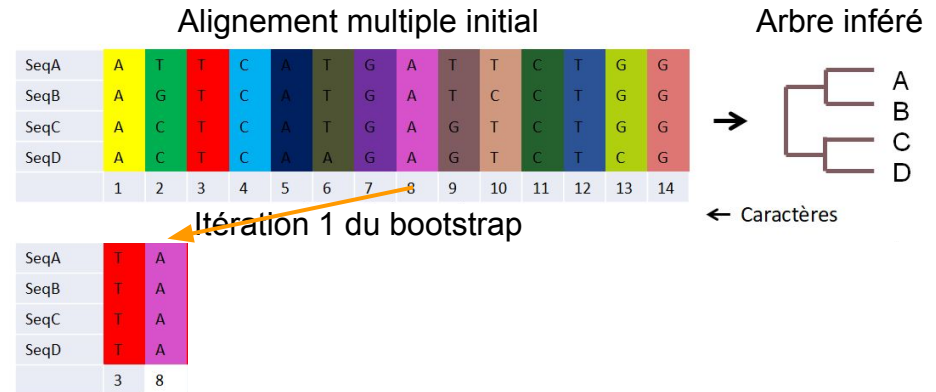
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

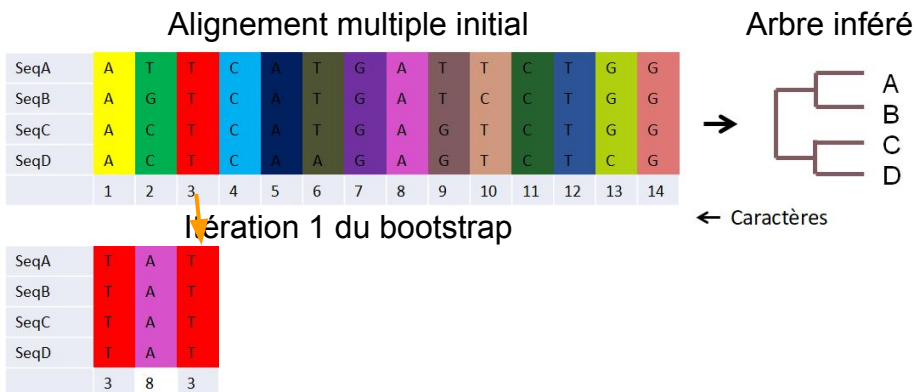
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

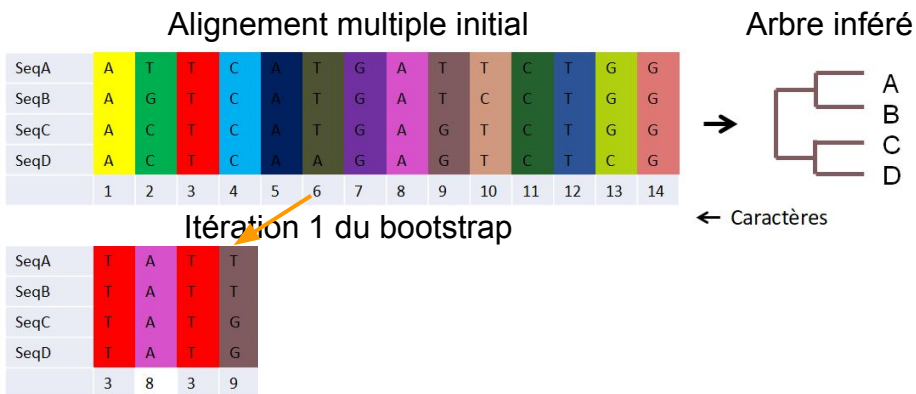
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.





# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

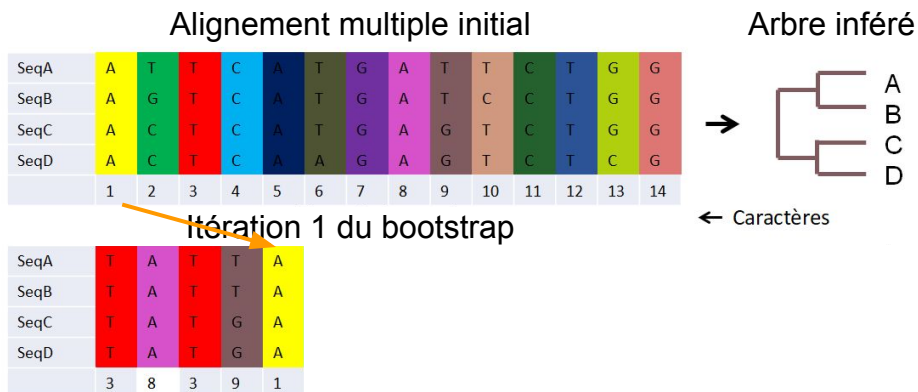
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

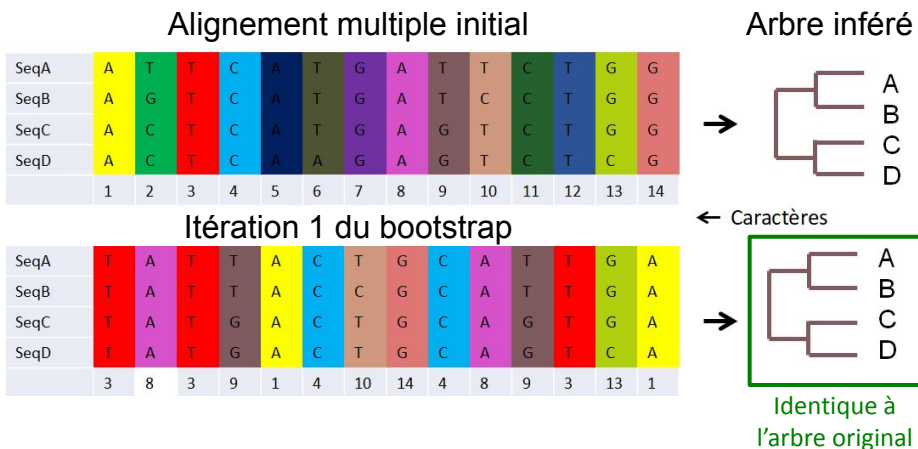
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

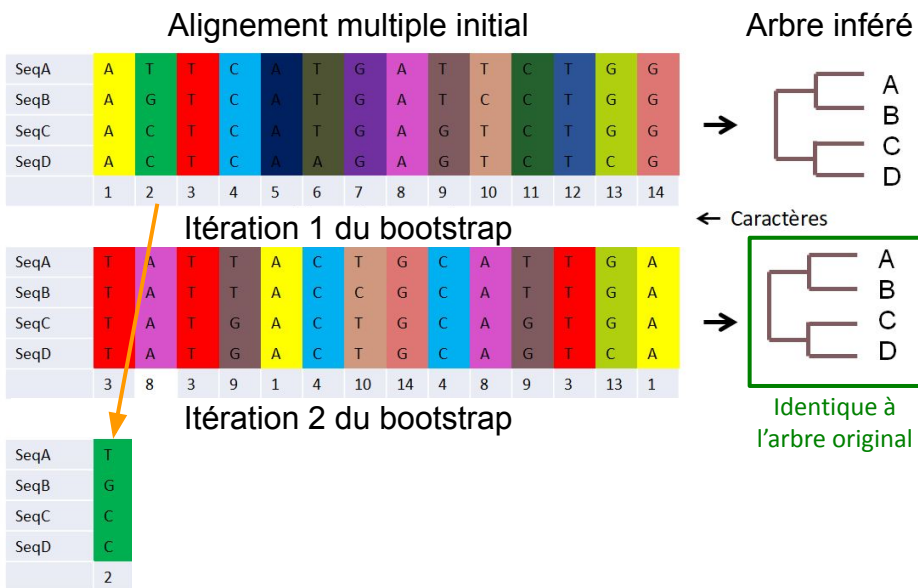
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

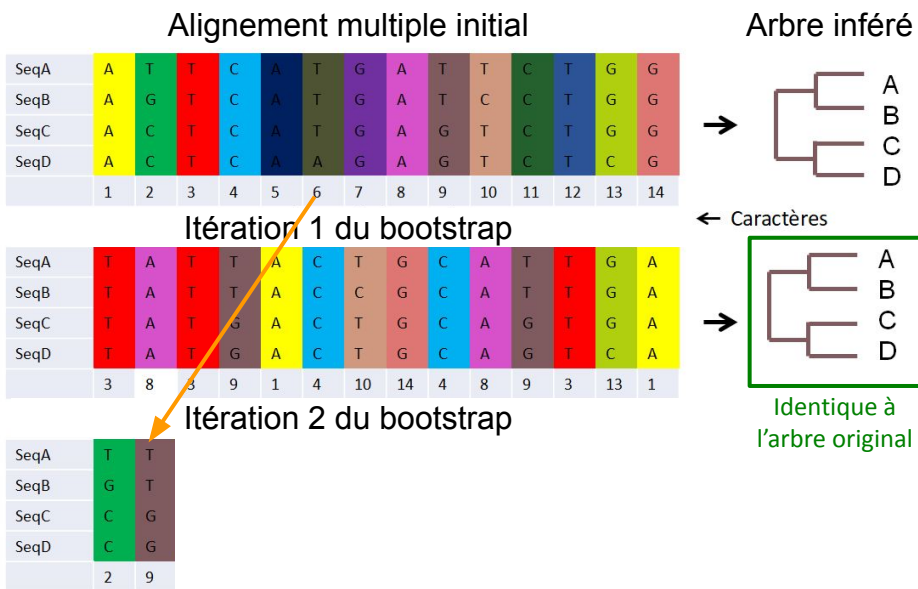
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

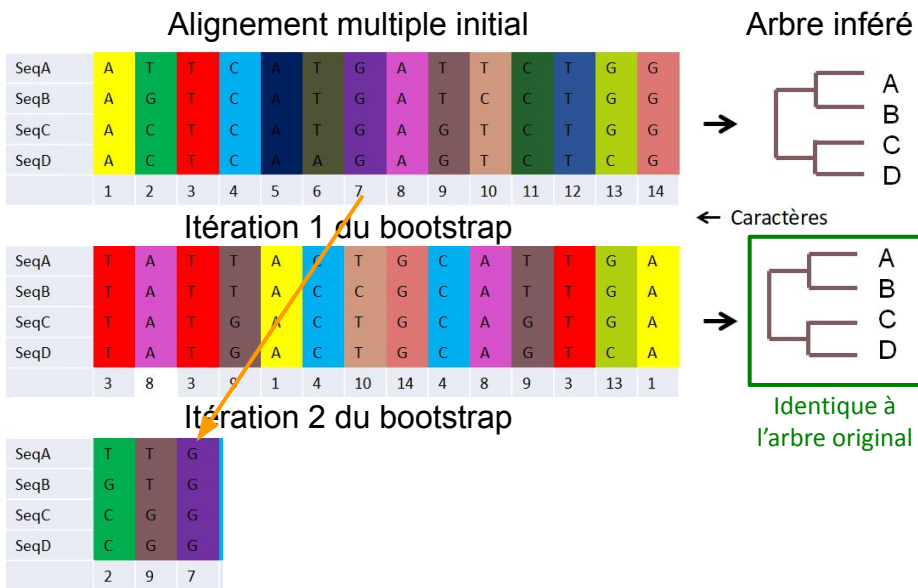
En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.



# Méthode de bootstrap pour estimer la robustesse des arbres

En phylogénie moléculaire, on infère un arbre phylogénétique à partir d'un alignement multiple (après avoir supprimé les colonnes qui comportent des gaps).

On peut s'interroger sur la fiabilité de cette inférence, qui dépend des séquences particulières dont on dispose dans l'échantillon analysé.

Pour évaluer la fiabilité de l'inférence, on peut appliquer la méthode du **bootstrapping**.

1. Etant donné un alignement de N séquences et M colonnes, on effectue une sélection aléatoire de M colonnes **avec remise**. Chaque colonne peut donc être tirée 0, 1 ou plusieurs fois.
2. On **calcule un arbre** avec ces colonnes ré-échantillonnées.
3. On **répète l'opération** un bon nombre de fois (ex: 1000)
4. On assigne à chaque branchement de l'arbre initial une **valeur de bootstrap** = le nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres produits.

La valeur de bootstrap est un **indice de la robustesse** de l'arbre phylogénétique par rapport aux fluctuations d'échantillonnage.

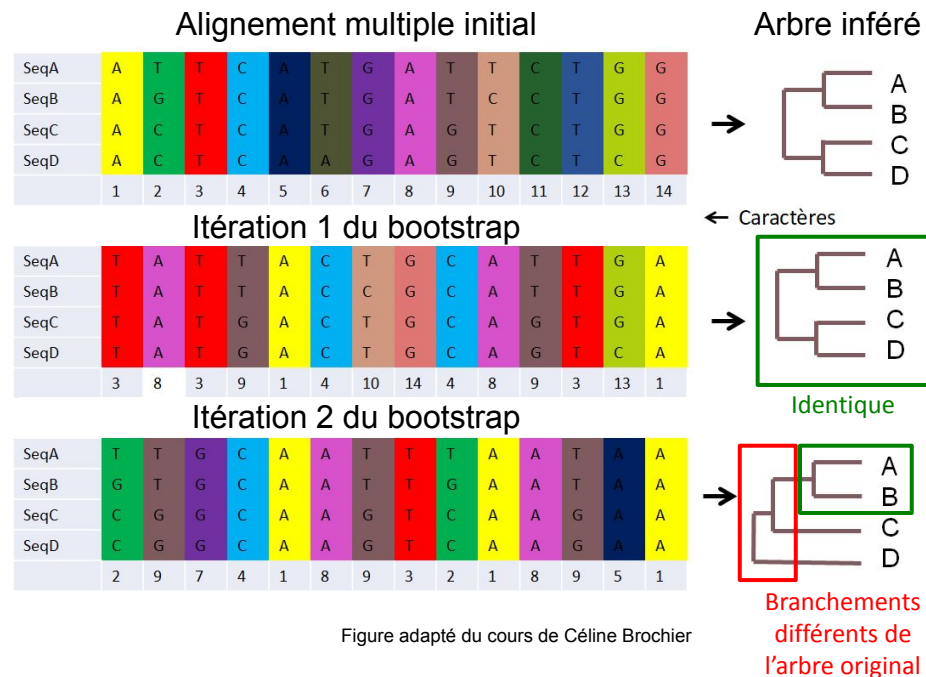
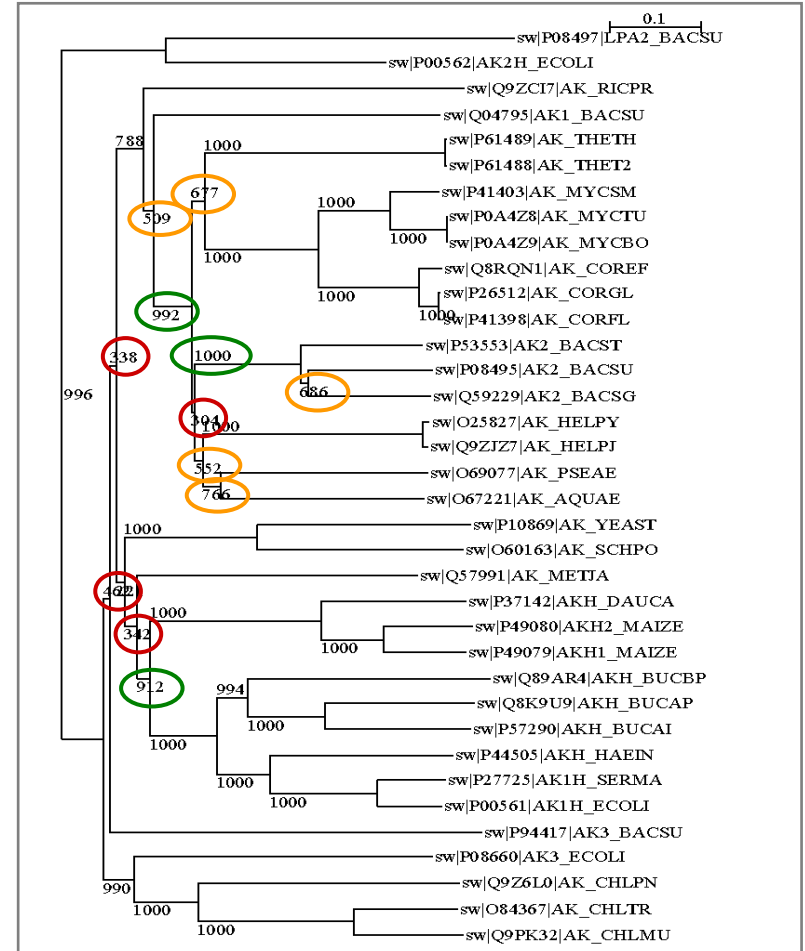


Figure adapté du cours de Céline Brochier

# Bootstrapping

- Sur un arbre phylogénétique, une **valeur de bootstrap** est assignée à chaque branchement pour indiquer nombre de fois où ce branchement se retrouve à l'identique dans les N arbres de bootstrap.
- **Valeur élevée** → branchement **robuste aux fluctuations d'échantillonnage**, et donc vraisemblablement **fiable**.
- **Valeur faible** → branchement peu fiable.
  - Exemple : 338/1000 signifie que ce branchement n'est présent que dans ~1/3 des bootstraps ; il dépend donc fortement d'un sous-ensemble des colonnes plutôt que de représenter l'alignement complet.

**Attention ! La valeur de bootstrap nous informe sur la robustesse de l'arbre inféré par rapport aux données, mais ceci n'est en aucun cas une garantie de pertinence de ces données par rapport à l'histoire évolutive réelle ("arbre vrai").**

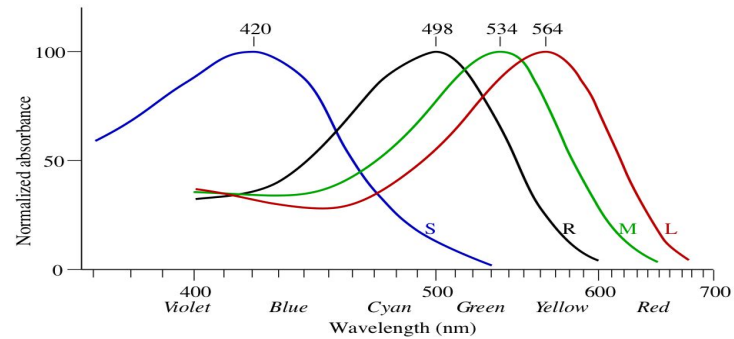


# Les duplications à l'origine de l'innovation

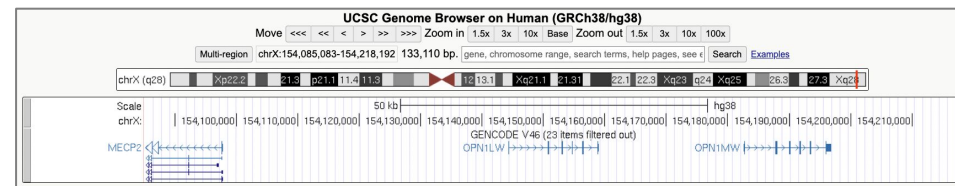
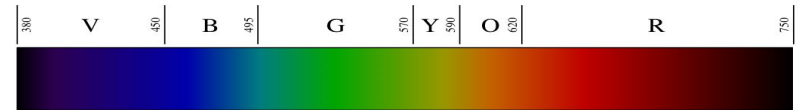


# La vision trichromatique chez les primates de l'ancien monde

- Les primates de l'ancien monde (Afrique + Asie + Europe), y compris l'humain, ont une **vision trichromatique**, basée sur 3 pigments
  - Bleu (short-waves opsin, SW)
  - Vert (medium-waves opsin, MW)
  - Rouge (long-waves opsin, LW)
- Les autres mammifères, y compris les primates du nouveau monde (Amériques) ont une **vision dichromatique**.
  - Ils disposent d'une opsine sensible au bleu, et d'une autre sensible aux ondes vert-rouge,
  - Ils peuvent distinguer le bleu du vert ou du rouge, mais ne font pas la différence entre vert et rouge (équivalent au daltonisme humain).
- Chez les primates de l'ancien monde, la présence d'opsines distinctes avec une sensibilité "plutôt rouge" et "plutôt verte" résulte d'une **duplication du gène codant pour l'opsine rouge-verte**. En effet, on trouve sur le chromosome X 2 gènes en tandem
  - OPN1LW : gène codant pour l'opsine rouge
  - OPN1MW : gène codant pour l'opsine verte
- Le gène de l'opsine bleue (OPN1SW) est situé sur le chromosome 7

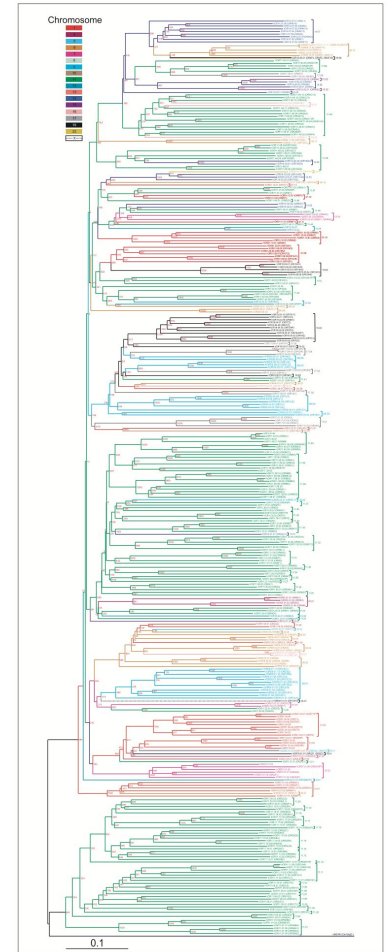


[http://fr.wikipedia.org/wiki/Cône\\_\(biologie\)](http://fr.wikipedia.org/wiki/Cône_(biologie))



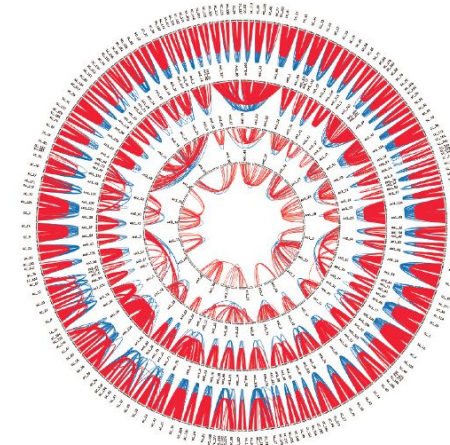
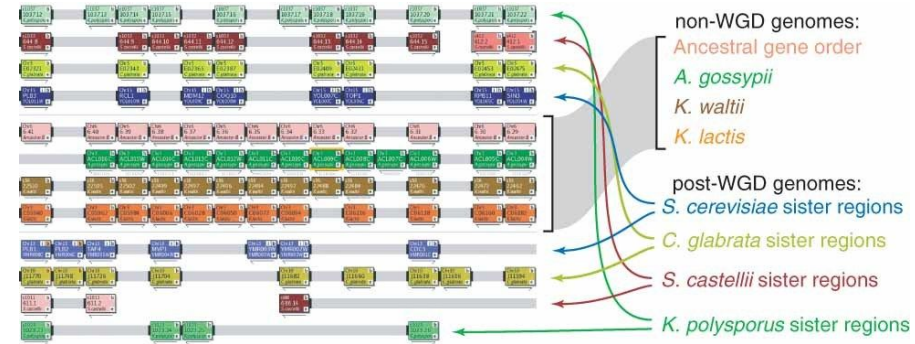
# Une grande famille ... de gènes

- La plus grande famille de gènes chez les métazoaires est celle des **récepteurs olfactifs**.
- génome de la souris: ~800 gènes codant pour des récepteurs olfactifs
- génome humain: ~ 400 gènes codant pour des récepteurs olfactifs
- Cette énorme famille de gènes résulte de fréquentes duplications.
- Les duplications se produisent fréquemment au sein d'un chromosome: les groupes de paralogues proches se retrouvent sur le même chromosome.
- Les mutations subséquentes provoquent des **divergences entre séquences** des paralogues, qui induisent des **différences fonctionnelles** (spécificité olfactive de chaque récepteur).



# Duplications de génomes complets

- On trouve dans les génomes des indices de duplication massives (chromosomes complets, génomes complets) qui se sont produites au cours de leur évolution.
- Génome de la levure
  - L'organisation chromosomique des gènes de la levure du boulanger (*Saccharomyces cerevisiae*) suggère une duplication ancestrale du génome.
  - Le séquençage de génomes de levures multiples confirme cette hypothèse.
  - La duplication de chaque gène induit une redondance fonctionnelle.
  - On observe une disparition de l'une ou l'autre des copies, selon le gène.
- Génome de la paramécie (unicellulaire eucaryote)
  - 188 chromosomes !
  - L'analyse du génome révèle au moins 3 cycles de duplication suivis de divergences.
  - Après chaque duplication, une certaine proportion des gènes redondants disparaissent.
  - La dernière duplication est récente, de sorte que la plupart des gènes sont actuellement redondants.



Scannell, D. R., Butler, G. & Wolfe, K. H. Yeast genome evolution—the origin of the species.

Yeast 24, 929–942 (2007). <https://doi.org/10.1002/yea.1515>

Aury, J.-M. et al. Global trends of whole-genome duplications revealed by the ciliate

*Paramecium tetraurelia*. Nature 444, 171–178 (2006). [doi.org/10.1038/nature05230](https://doi.org/10.1038/nature05230)

# Phylogénomique : retracer l'évolution des espèces à partir des séquences génomiques

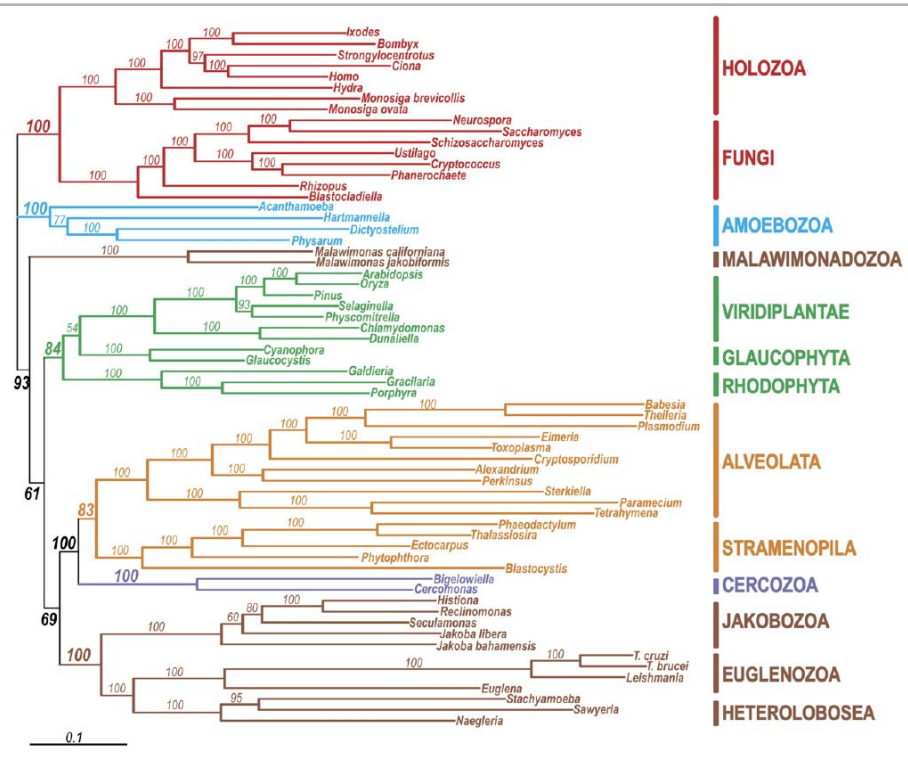


Figure 1. Maximum-Likelihood Tree of Eukaryotes

The tree includes 64 species and is based on 143 concatenated nucleus-encoded proteins (31,604 amino acid positions). Numbers indicate support values of RaxML analysis (100 replicates) with the WAG + F +  $\Gamma$  model. Posterior probabilities obtained in the Bayesian Inference with MrBayes are 1.0 for all branches. The scale bar denotes the estimated number of amino acid substitutions per site. The tree was rooted according to a gene fusion [13, 16].

- En phylogénie moléculaire, une approche classique consiste à se concentrer sur un gène considéré comme représentatif de l'évolution de la famille de gènes homologues, et à construire un arbre sur base de la divergence de séquence de ce gène.
- Ces approches peuvent maintenant être généralisées en comparant les séquences de **plusieurs centaines de gènes** (ci-contre, arbre basé sur 143 familles de protéines).
- Elles permettent d'inférer des phylogénies entre organismes très éloignés (règnes différents), et d'établir ainsi des scénarios concernant les premières étapes de la diversification des êtres vivants.

# Suffit-il de manger des insectes pour être un Insectivore ?

Au 20<sup>e</sup> siècle, les **tenrecs** étaient considérés comme une famille d'insectivores, présentant une ressemblance morphologique mais des différences anatomiques importantes par rapport aux hérissons.

## Hérisson

classe	Mammifères
ordre	Insectivores
famille	Erinacéidés
genre et espèce	<i>Erinaceus europaeus</i> <i>et autres</i>

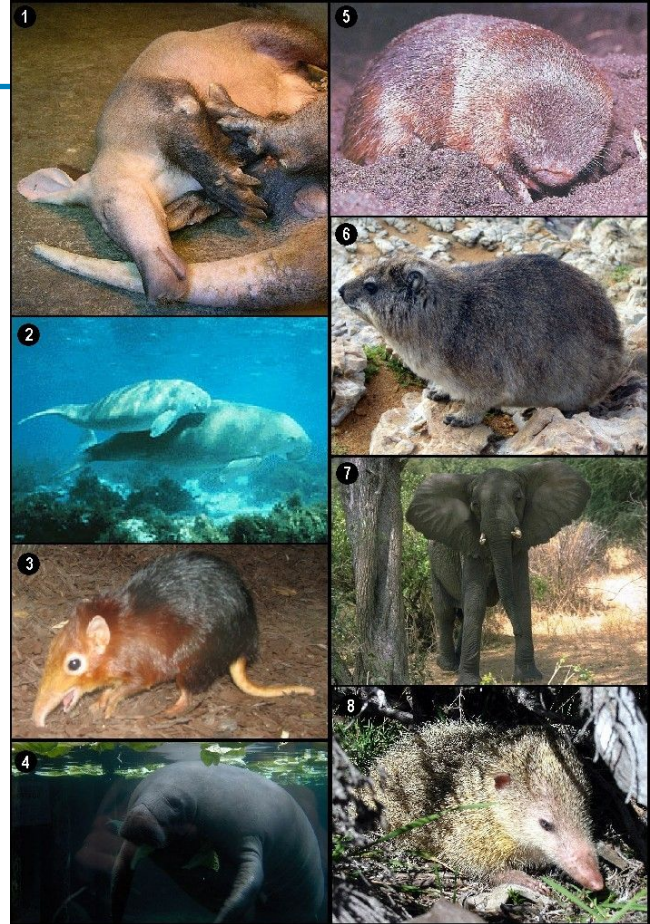
## Tenrec

classe	Mammifères
ordre	Insectivores
famille	Tenrecidés
genres et espèces	<b>Centetes ecaudatus</b> <i>(tenrec commun)</i> <b>Hemicentetes semispinosus</b> <i>(tenrec à bandes ou tenrec strié)</i> <b>Limnogale mergulus</b> <i>(tenrec à pieds palmés)</i> <b>Microgale longicaudata</b> <i>(tenrec à longue queue)</i> <b>Oryzorictes hova</b> <i>(tenrec des rizières)</i> <b>Setifer setosus</b> <i>(tenrec-hérisson)</i> <i>et autres</i>



# Les Afrotheria

- Quels sont les plus proches cousins des éléphants ?
- A la fin des années 1990, l'inférence phylogénétique est mise à contribution pour identifier les premiers moments de la radiation des mammifères.
- Cette analyse révèle qu'une série d'espèces qu'il était extrêmement difficile de classer proviennent d'un branchement précoce au sein des mammifères.
- C'est notamment le cas du tenrec (8, 8b) dont l'apparence rappelle celle du hérisson, mais l'anatomie en diffère fortement.
- C'est sur cette base qu'a été constitué le groupe des Afrotheria, qui rassemble une série de mammifères aux morphologies les plus diverses.

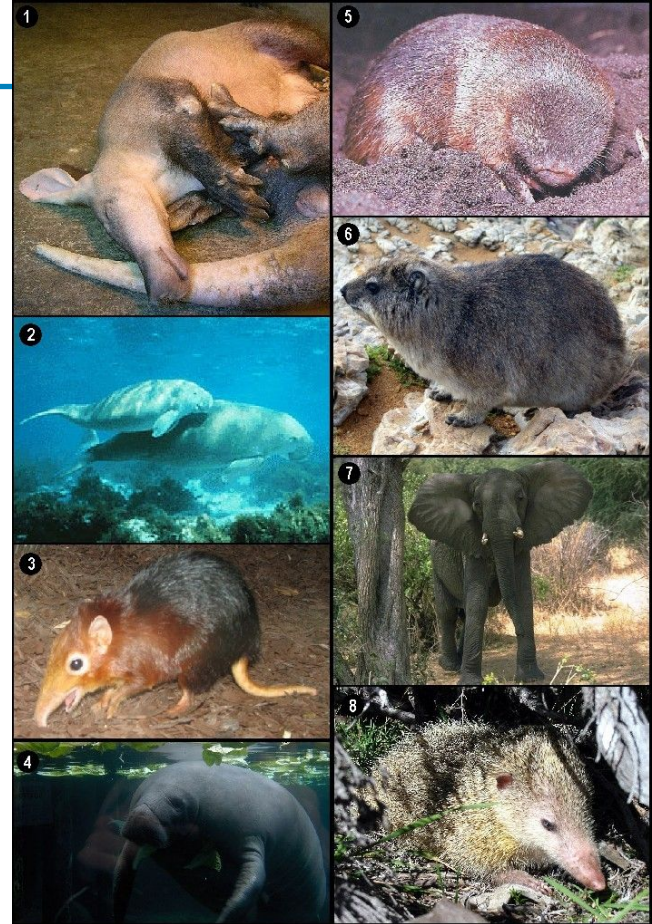
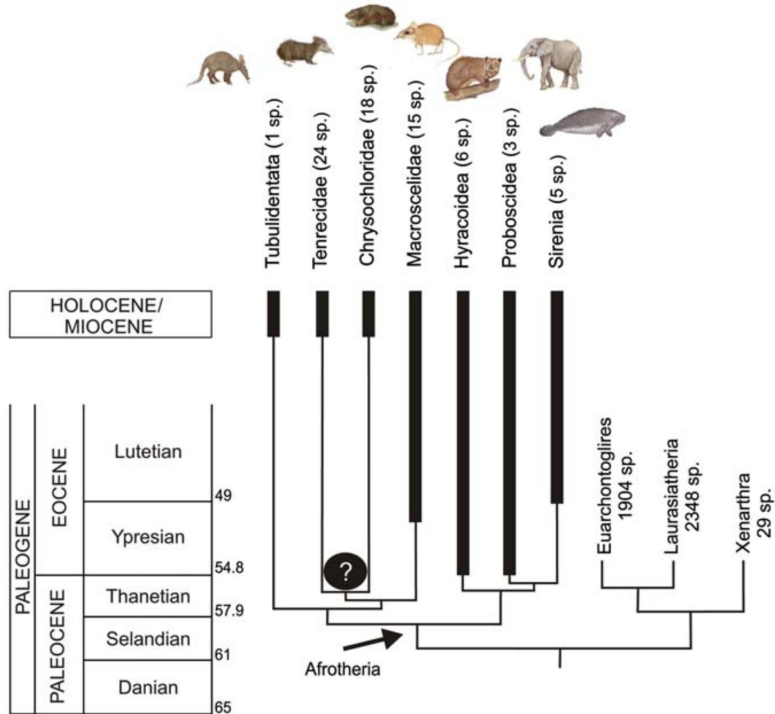


1. Oryctérope du Cap; 2. Dugongs; 3. Macroscélide de Peters ; 4. Lamantin; 5. Taupes dorées; 6. Daman du Cap; 7. Éléphant de savane d'Afrique ; 8. Tangué ("tailless tenrec"); 8, 8b: Tenrec

<http://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/0/01/Kleiner-igeltanrek-a.jpg>

# Les Afrotheria

- Sur base d'analyse de l'ADN, on estime que la divergence entre Afrotheria remonte à 60-55 millions d'années.



1. Oryctérope du Cap ; 2. Dugongs ; 3. Macroscélide de Peters ; 4. Lamantin ; 5. Taup dorée ; 6. Daman du Cap ; 7. Éléphant de savane d'Afrique ; 8. Tangué ("tailless tenrec") ; 8b: Tenrec

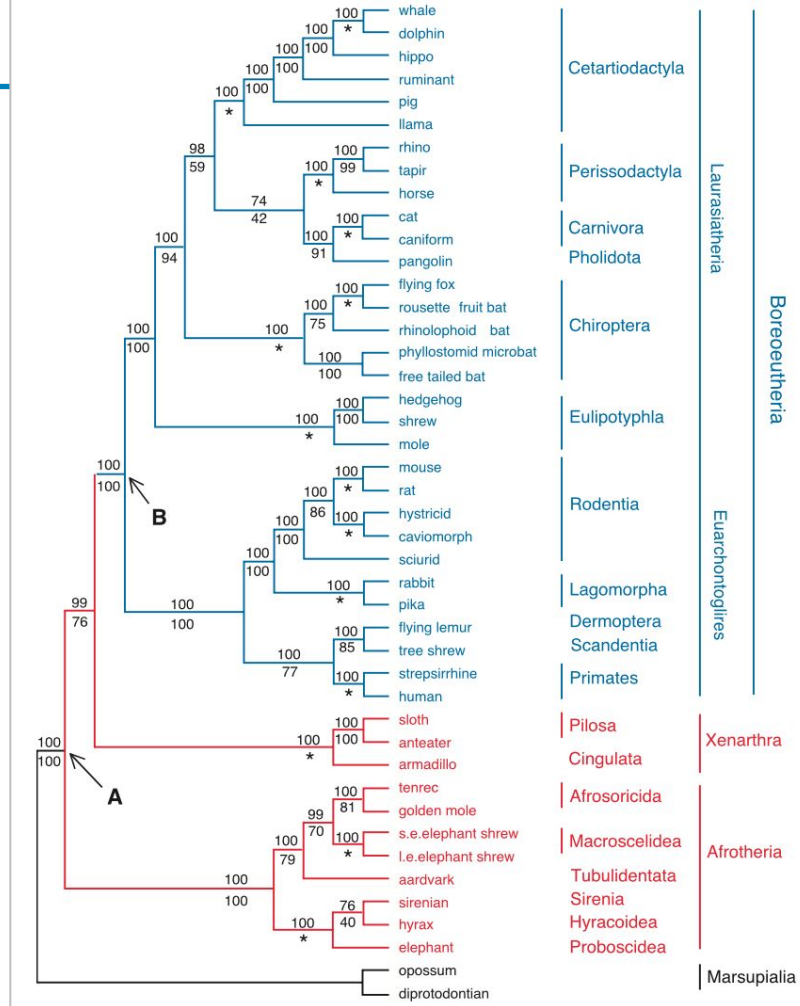


## Resolution of the Early Placental Mammal Radiation Using Bayesian Phylogenetics

William J. Murphy,<sup>1\*</sup> Eduardo Eizirik,<sup>1,2\*</sup> Stephen J. O'Brien,<sup>1†</sup> Ole Madsen,<sup>3</sup> Mark Scally,<sup>4,5</sup> Christophe J. Douady,<sup>4,5</sup> Emma Teeling,<sup>4,5</sup> Oliver A. Ryder,<sup>6</sup> Michael J. Stanhope,<sup>5,7</sup> Wilfried W. de Jong,<sup>3,8</sup> Mark S. Springer<sup>4†</sup>

Molecular phylogenetic studies have resolved placental mammals into four major groups, but have not established the full hierarchy of interordinal relationships, including the position of the root. The latter is critical for understanding the early biogeographic history of placentals. We investigated placental phylogeny using Bayesian and maximum-likelihood methods and a 16.4-kilobase molecular data set. Interordinal relationships are almost entirely resolved. The basal split is between Afrotheria and other placentals, at about 103 million years, and may be accounted for by the separation of South America and Africa in the Cretaceous. Crown-group Eutheria may have their most recent common ancestry in the Southern Hemisphere (Gondwana).

**Fig. 1.** Phylogeny of living placental mammals reconstructed using a Bayesian phylogenetic approach. An identical topology was obtained with maximum likelihood [ $-\ln L = 211110.54$ ; see (75) for methodological details]. The number above each branch refers to the Bayesian posterior probability (shown as percentages; i.e., 95 represents a posterior probability of 0.95) of the node derived from 26,250 MCMC sampled trees on the basis of the complete 16.4-kb data. Additional analyses with the full data set and with data sets that varied taxon sampling (i.e., jackknifing single outgroup taxa) and character sampling (nuclear loci only and nuclear coding loci only) produced similarly high posterior probabilities (75). Values below branches represent percent support in maximum likelihood (GTR+I+ $\Gamma$ ) nonparametric bootstrap. An asterisk indicates nodes constrained in the ML nonparametric bootstrap analysis. (A) Bifurcation between Afrotheria and Xenarthra + Boreoeutheria at approximately 103 million years, which corresponds to the vicariant event that separated Africa and South America (Fig. 2B). (B) Branch where dispersal from South America to Laurasia is hypothesized to have occurred (75). Blue, monophyletic Northern Hemisphere group (i.e., Boreoeutheria); red, paraphyletic Southern Hemisphere group (i.e., Xenarthra + Afrotheria); black, outgroups.



# Retracer l'origine de SARS-CoV-2 dans les génomes des coronavirus

# La publication du génome de SARS-CoV-2

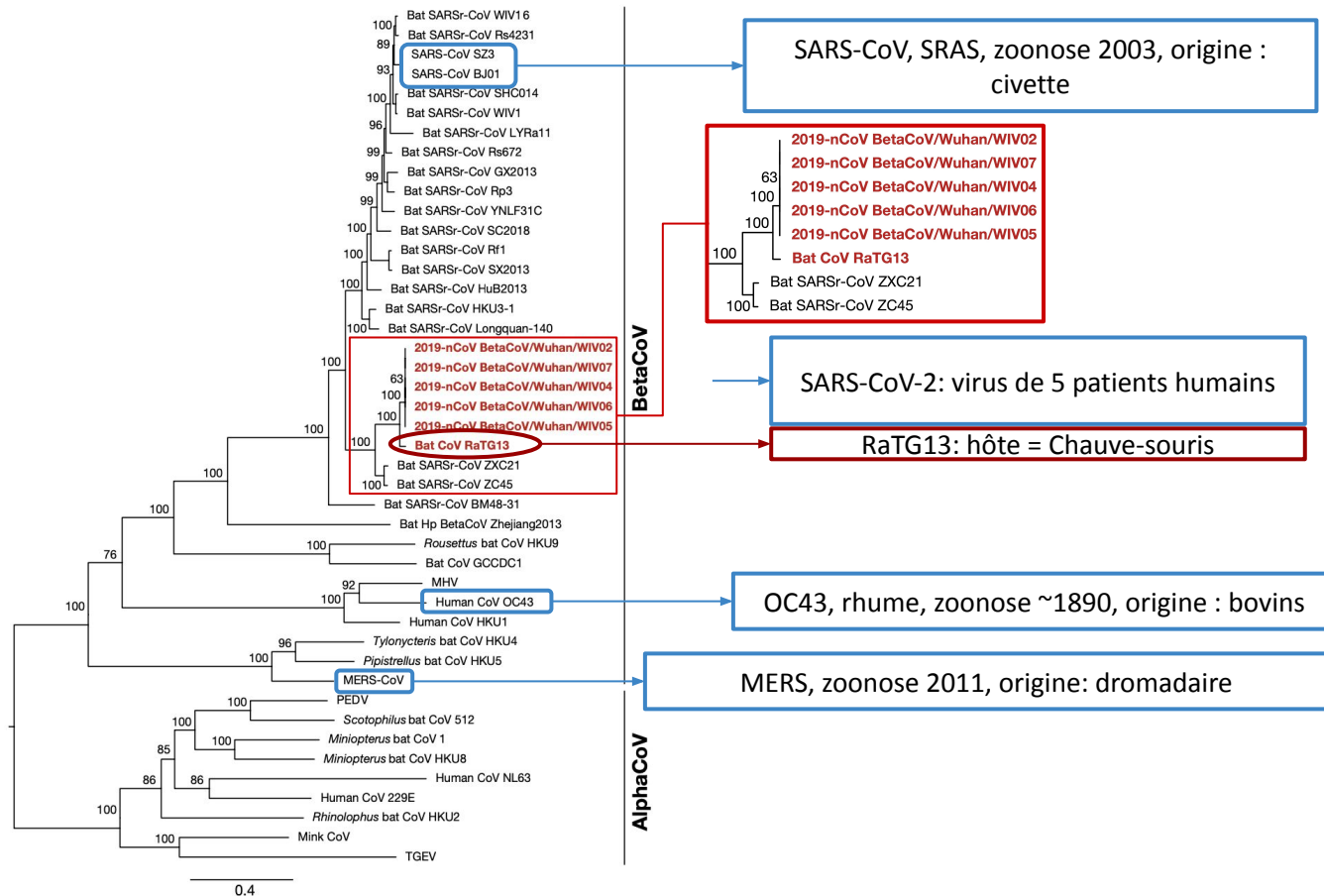
3 février 2020: publication du **génom complet de SARS-CoV-2**  
Recherche de virus similaires dans les bases de données de séquence. Les virus les plus proches sont des virus de chauves-souris (Bat CoV ZC45)

Dans le même article, les auteurs décrivent un **nouveau génome de virus de chauve-souris : RaTG13**

- virus connu le plus proche de SARS-CoV-2
- 96.2% d'identité sur l'ensemble du génome

Notes:

- Ce taux d'identité correspond à une divergence évolutive de 4 à 7 décennies. Il ne s'agit donc pas d'un parent direct de SARS-CoV-2 mais d'un cousin très éloigné.



# Un virus synthétique avec des bouts de HIV ?

Le 17 avril 2020, le Professeur Luc Montagnier, Prix Nobel de médecine pour sa contribution à la découverte du HIV (le virus responsable du SIDA), défraie la chronique en annonçant sur plusieurs médias (Pourquoi Docteur, CNEWS) que le génome du coronavirus SARS-CoV-2, agent de la pandémie COVID-19, comporte quatre fragments de séquences provenant du HIV. De plus, il affirme que la présence de ces séquences ne résulte pas d'une recombinaison naturelle (fréquente chez les virus) ou d'un accident, mais d'un vrai travail d'ingénieur, effectué intentionnellement, vraisemblablement dans le cadre de recherches visant à développer des vaccins contre le HIV.

Pour appuyer sa théorie, Luc Montagnier cite deux études :

- le travail d'un collègue mathématicien, Jean-Claude Perez, qui "a fouillé les moindres détails de la séquence",
- une analyse des séquences génomiques et protéiques des coronavirus préalablement publiée par une équipe indienne, qui a, selon lui, "été forcée de rétracter" sa publication.

Selon Luc Montagnier, le virus covid19 est une manipulation humaine (17 avril 2020)

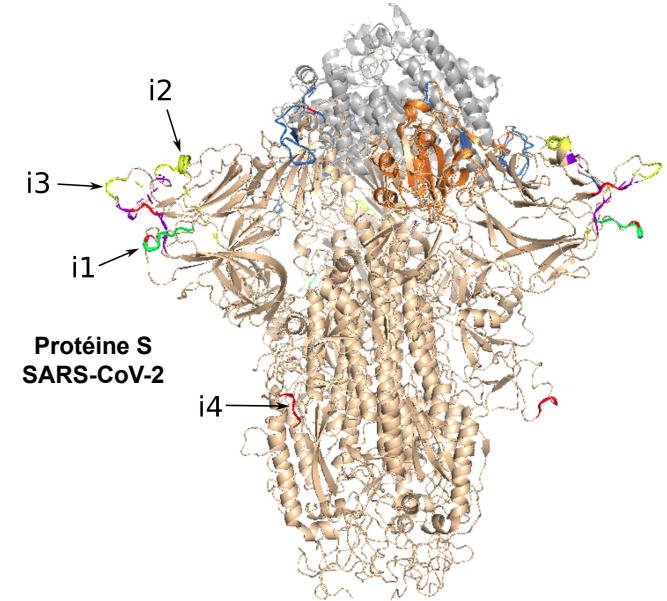
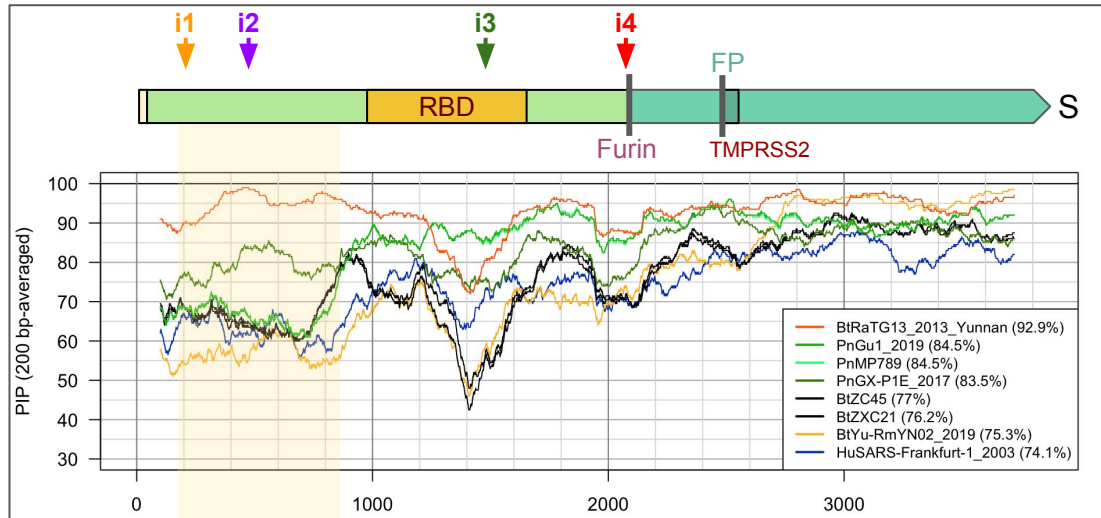
<https://www.youtube.com/watch?v=qSWCLHIOiMo>

(devenue inaccessible depuis lors)

*"Je suis arrivé à la conclusion qu'il y avait eu une manipulation de ce virus. [...] Il y a un modèle qui est évidemment le virus classique, et là c'était un modèle venant de la chauve-souris, et là, à ce modèle on a par-dessus ajouté les séquences du VIH, du SIDA. ... Non, ce n'est pas naturel, c'était un travail de professionnel, de biologiste moléculaire, très minutieux, on peut dire d'horloger, au niveau des séquences. Dans quel but ce n'est pas clair. Mon travail c'est d'exposer les faits, c'est tout. Je n'accuse personne, je ne sais pas qui a fait ça et pourquoi. La possibilité c'est qu'on a voulu faire un vaccin contre le SIDA. Donc on a pris des petites séquences du virus [HIV] et on les a installées dans la séquence plus grande du coronavirus. [...] Il y a quand même une volonté d'étouffement, nous ne sommes pas les premiers. Un groupe de chercheurs indiens très renommés avaient publié la même chose, on les a forcés à rétracter. Si vous regardez leur publication vous voyez une grande bande "annulé"."*

# Quatre insertions dans le gène S de SARS-CoV-2

- Les flèches indiquent la position des 4 insertions sur le gène S (gauche) et sur la protéine spicule (droite).
- Les 3 premières sont situées à l'extérieur de la protéine, dans des régions "exposées".



# Alignement de séquences de SARS-CoV-2 sur le génome du HIV

Haut: fragment le plus significatif de l'alignement de la séquence du gène S sur le génome du VIH. Noter le score Expect = 7.5. Ce score n'est significatif que s'il est nettement inférieur à 1.

Bas: fragment le plus significatif de l'alignement d'une séquence aléatoire sur le génome du VIH. Noter le score Expect = 2.1, supérieur à 1 et donc non-significatif (comme on s'y attend, puisque la séquence est aléatoire).

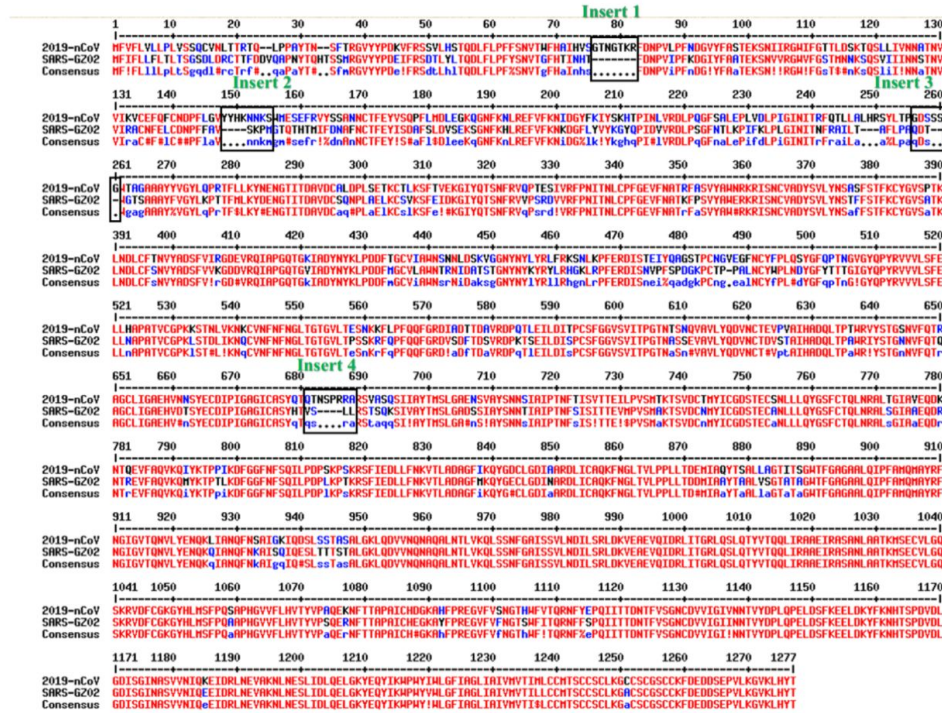
Conclusion: l'alignement sur lequel s'appuient Perez et Luc Montagnier correspond à ce qu'on s'attend à trouver par hasard en alignant des séquences de cette taille.

HIV-1 isolate 19828.PPH11 from Netherlands envelope glycoprotein (env) gene, partial cds				
Sequence ID: <a href="#">HQ644953.1</a>		Length: <b>1143</b>	Number of Matches: <b>1</b>	Range 1: 967 to 994
Score	<b>Expect</b>	Identities	Gaps	Strand
38.3 bits(41)	<b>7.5</b>	25/28(89%)	0/28(0%)	Plus/Plus
Query	86	AATGGTACTAAGAGGTTTGATAACCCTG	113	
Sbjct	967	AATGGTACTAAAAGGTTAGATAACACTG	994	

HIV-1 isolate patient B clone 16.3 from Netherlands envelope glycoprotein (env) gene, complete cds				
Sequence ID: <a href="#">HQ386166.1</a>		Length: <b>2580</b>	Number of Matches: <b>1</b>	Range 1: 2493 to 2523
Score	<b>Expect</b>	Identities	Gaps	Strand
39.2 bits(42)	<b>2.1</b>	27/31(87%)	0/31(0%)	Plus/Minus
Query	351	CCTAAAAGTTCTTTGTAATAACTGTATTATT	381	
Sbjct	2523	CCTAAAAGTTCTTTGTAATATTTCTATAAATT	2493	

# Des insertions bizarres?

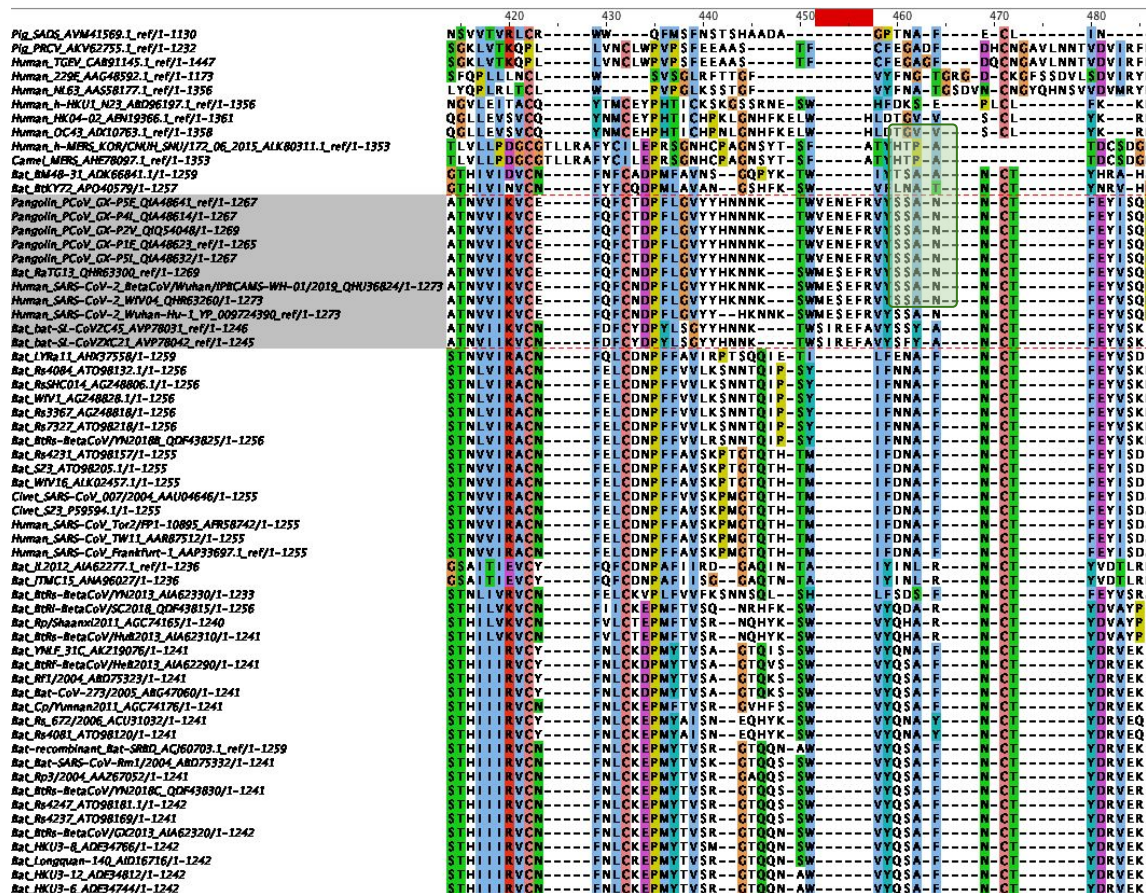
- Figure from Pradhan et al (2020), initially published on bioRxiv and retracted.
- The “multiple alignment” is actually a pairwise alignment + a consensus.
- The gaps obtained from a multiple alignment overlap with these ones, but they start and end at different positions.
- It is precisely because they did not do a multiple alignment that they did not realize that 3 of these insertions were not unique to SARS-CoV-2.



**Figure 2: Multiple sequence alignment between spike proteins of 2019-nCoV and SARS.** The sequences of spike proteins of 2019-nCoV (Wuhan-HU-1, Accession NC\_045512) and of SARS CoV (GZ02, Accession AY390556) were aligned using MultiAlin software. The sites of difference are highlighted in boxes.

# Insertion partagée entre tous les virus du groupe CoV-2

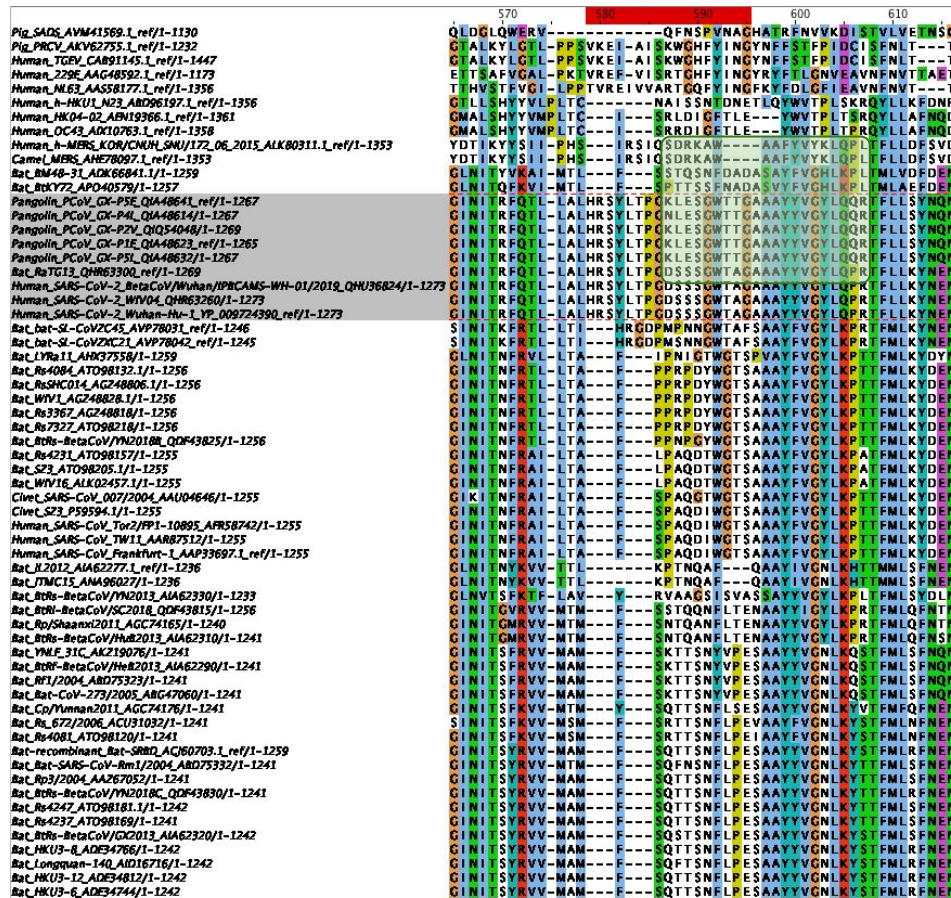
- Position: 153-158 de SARS-CoV-2
- Cette insertion se trouve chez les virus de pangolin + plusieurs chauve-souris
- Les résidus sont identiques entre SARS-CoV-2 et la souche RaTG13 de chauve-souris (la plus proche de SARS-CoV-2)
- Par contre elle présente 3 substitutions entre les souches de pangolin et SARS-CoV-2.





# Insertion partagée par la majorité des virus du groupe CoV-2

- Position: 245-251 de SARS-CoV-2
- Cette insertion se trouve chez les virus de pangolin + la souche RaTG13 de chauve-souris
- Elle est cependant absente de 2 souches de chauves-souris appartenant au groupe CoV-2 : CoVZC21 et CoVZXC21
- Au-delà de l'insertion on trouve un bloc conservé (jusqu'à la position 595 de l'alignement).
- Au sein de ce bloc, une paire de résidus distingue les pangolins du groupe SARS2 + Bat RaTG13 .



- Position
  - 470-486 de SARS-CoV-2
  - 855-872 sur l'alignement
- Commune au groupe pangolin + Bat\_RaTG13 + SARS-CoV-2
- 2 substitutions uniques à Bat\_RaTG13



# Insertion d'un site Furine (i4)

- Positions : 1181-1184 de l'alignement
- On trouve chez SARS-CoV-2 un site unique SPRRAR, qui résulte d'une insertion SPRR et d'une substitution L -> A
- La séquence PRRA correspond au motif reconnu par la furine (protéase).
- Cette insertion est à l'origine du site de clivage responsable du caractère particulièrement virulent de SARS-CoV-2

Cm_MERS_AHE78097.1_ref	SLCALP-DTPST----LTPRSVRSV	20
Hu_MERS_172-06_2015_ALK80311.1_ref	SLCALP-DTPST----LTPRSVRSV	20
Bt_BM48-31_ADK66841.1	GICAKYTNVSS-----LVRSGGHSI	21
Bt_BtKY72_APO40579	GICAKF-GSDKI-----RMGOESI	18
BtYu-RmYN02_2019_S-gene_21544-25227_1	GVCASY-NSPAA-----RVGTNSI	18
Bt_LYRa11_AHX37558	GICASY-HTASL----LRNTDQKSI	20
Bt_YN2018B_QDF43825	GICASY-HTVSS----LRSTSQKSI	20
Bt_Rs4874_ATO98205.1	GICASY-HTVSS----LRSTSQKSI	20
Cv_007-2004_AAU04646	GICASY-HTVSS----LRSTSQKSI	20
Hu_SARS-Frankfurt-1_2003_AAP33697.1_ref	GICASY-HTVSL----LRSTSQKSI	20
Bt_rec-SARS_2008_ACJ60694.1_ref	GICASY-HTVSL----LRSTSQKSI	20
Bt_ZC45_AVP78031_ref	GICASY-HTASI----LRSTSQKAI	20
Bt_ZXC21_AVP78042_ref	GICASY-HTASI----LRSTGOKAI	20
PnGul_2019_S-gene_21541-25338_1	GICASY-QTQTN----SRSVSSQAI	20
Pn_GX-P1E_2017_QIA48623_ref	GICASY-HSMSS----LRSVNORSI	20
Pn_GX-P2V_2018_QIQ54048	GICASY-HSMSS----FRSVNORSI	20
Bt_RaTG13_2013_Yunnan_QHR63300_ref	GICASY-QTQTN----SRSVASOSI	20
Hu_CoV2_WH01_2019_QHU36824_ref	GICASY-QTQTN <b>SPRR</b> RSVASOSI	24
Bt_JL2012_AIA62277.1_ref	GICASY-HTASL----LRSTGOKSI	20
Bt_YN2013_AIA62330	GICASY-HTAST----LRSTGOKSI	20
Bt_Rp-Shaanxi2011_AGC74165	GICASY-HTASV----LRSTGOKSI	20
Bt_SC2018_QDF43815	GICASY-HTAST----LRSTGOKSI	20
Bt_YNLF_31C_AKZ19076	GICASY-HTASV----LRSTGOKSI	20
Bt_Cp-Yun_2011_AGC74176	GICASY-HTASL----LRNTGOKSI	20
Bt_Rs_672-2006_ACU31032	GICASY-HTAST----LRSVGOKSI	20
Bt_Rm1/2004_ABD75332	GICASY-HTASV----LRSTGOKSI	20
Bt_YN2018C_QDF43830	GICASY-HTAST----LRSVGOKSI	20
Bt_Rp3-2004_AAZ67052	GICASY-HTAST----LRSVGOKSI	20
Bt_GX2013_AIA62320	GICASY-HTASV----LRSTGOKSI	20
Bt_HKU3-12_ADE34812_ref	GICASY-HTASV----LRSTGOKSI	20

0.....790.....800....



# Conclusion concernant l'hypothèse de Luc Montagnier

---

Selon Luc Montagnier, le virus covid19 est une manipulation humaine (17 avril 2020)

<https://www.youtube.com/watch?v=qSWCLHIOiMo>

(devenue inaccessible depuis lors)

*“Je suis arrivé à la conclusion qu’il y avait eu une manipulation de ce virus. [...] Il y a un modèle qui est évidemment le virus classique, et là c’était un modèle venant de la chauve-souris, et là, à ce modèle on a par-dessus ajouté les séquences du VIH, du SIDA. ... Non, ce n’est pas naturel, c’était un travail de professionnel, de biologiste moléculaire, très minutieux, on peut dire d’horloger, au niveau des séquences. Dans quel but ce n’est pas clair. Mon travail c’est d’exposer les faits, c’est tout. Je n’accuse personne, je ne sais pas qui a fait ça et pourquoi. La possibilité c’est qu’on a voulu faire un vaccin contre le SIDA. Donc on a pris des petites séquences du virus [HIV] et on les a installées dans la séquence plus grande du coronavirus. [...] Il y a quand même une volonté d’étouffement, nous ne sommes pas les premiers. Un groupe de chercheurs indiens très renommés avaient publié la même chose, on les a forcés à rétracter. Si vous regardez leur publication vous voyez une grande bande “annulé”.”*

Nos analyses démontrent que l’hypothèse d’une insertion de fragments de VIH dans un châssis de coronavirus ne tient pas la route.

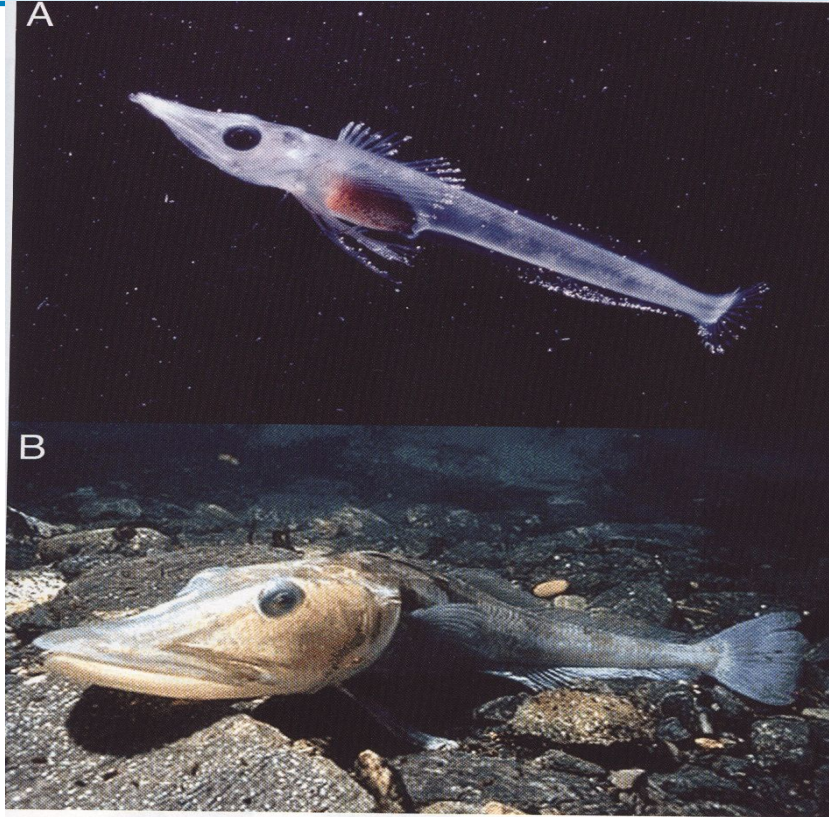
Elle reposait sur une méconnaissance des méthodes bioinformatiques et des indicateurs statistiques d’analyse de séquences.

Elle est totalement incompatible avec la présence de ces mêmes insertions dans plusieurs génomes, obtenus à partir d’échantillons collectés à des dates et endroits indépendants, et dont la séquence avait été publiée bien avant la pandémie.

# Pseudo-gènes (“gènes fossiles”)

- Sean Carroll (2006) présente une série de cas de gènes « fossiles »: gènes qui ont perdu leur activité, mais dont on retrouve des traces dans les génomes.
- La “fossilisation” se manifeste généralement par l’insertion de nombreux codons stops dans les séquences codantes.
- Selon Carroll, cette fossilisation succède à une relaxation de la pression sélective:
  - Tous les gènes sont en permanence soumis au bombardement des mutations.
  - Les mutations qui affectent la fonction d’un gène sont éliminées par la sélection naturelle (sélection « purificatrice »).
  - Si, pour une raison ou une autre, un gène devient dispensable pour un organisme donné dans un environnement donné, cette sélection est relâchée, et les mutations s’accumulent.
- Exemple: plusieurs espèces de levure ont perdu, de façon indépendante, la capacité de digérer le galactose. Dans chaque cas, chacun des 7 gènes GAL est fossilisé.
- Note: **on dénomme actuellement ces régions génomiques “pseudogènes”**, d’une part parce qu’il ne s’agit pas à proprement parler de gènes (ils sont non fonctionnels) et d’autre part pour éviter la confusion avec les gènes (fonctionnels) identifiés dans les génomes d’organismes fossiles (par exemple les gènes d’*Homo neandertalis*).

# La fossilisation des gènes de l'hémoglobine chez le poisson des glaces.



A Juvenile icefish. The transparent appearance is due to evolutionary loss of scales and red blood cells. (Photograph by Flip Micklin.)

B Adult mackerel icefish, *Champsocephalus gunnari*.

- Les poissons des glaces (famille des Channichthyidae) vivent dans l'arctique, dans des eaux dont la température varie de 4°C à -2°C (du fait de la salinité, elle est liquide).
- Leur sang contient des protéines « antigels », composées de motifs répétitifs.
- Le poisson des glaces n'a pas de globules rouges !
- Les échanges d'oxygène sont assurés à travers la peau, et l'O<sub>2</sub> dissous dans le sang est transféré aux organes.
- Leur corps ne contient pas non plus d'hémoglobine ni de myoglobine fonctionnelle.
- Cependant, on trouve dans leur génome des gènes fossilisés pour les deux chaînes de l'hémoglobine.

# La perte de la perception des couleurs

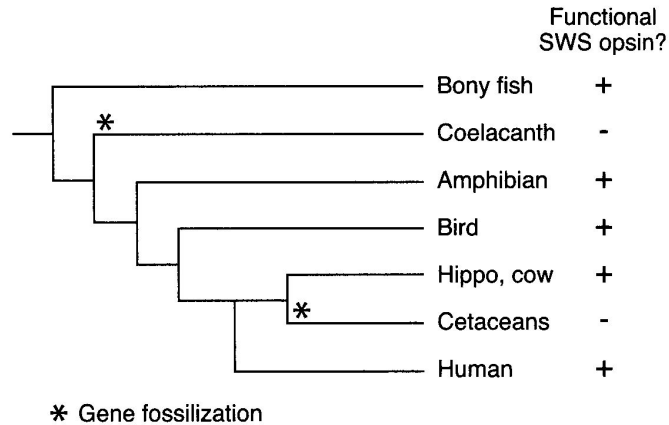


FIG. 5.2. **The same opsin gene has been fossilized twice.** The distribution of different mutations found in the coelacanth and cetacean SWS opsins and the evolutionary relationship of these species indicates that the SWS opsin was fossilized at least twice (asterisk). *Figure by Jamie Carroll.*

- Chez les coelacanthes et les cétacés, la perception des couleurs a été perdue.
- Les gènes des "c-opsines" (opsines responsables de la perception des couleurs) sont toujours présents, mais ils ne sont plus fonctionnels, du fait d'un grand nombre de mutations (y compris des codons stops).



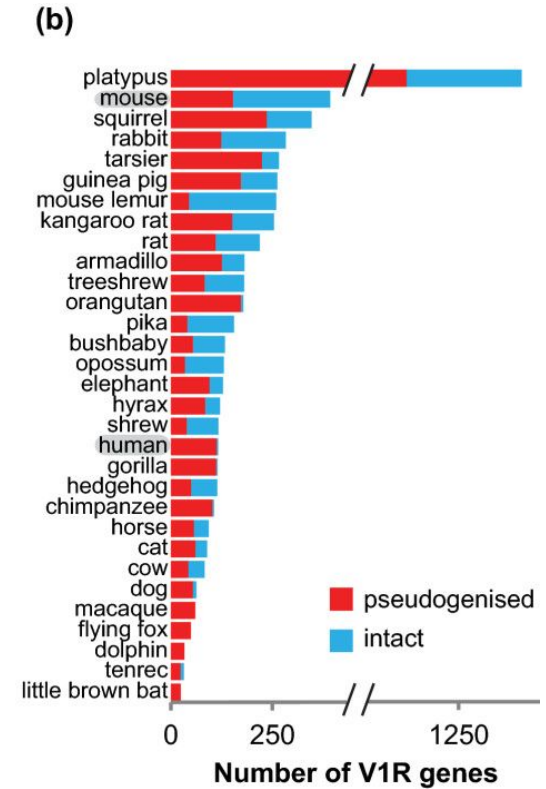
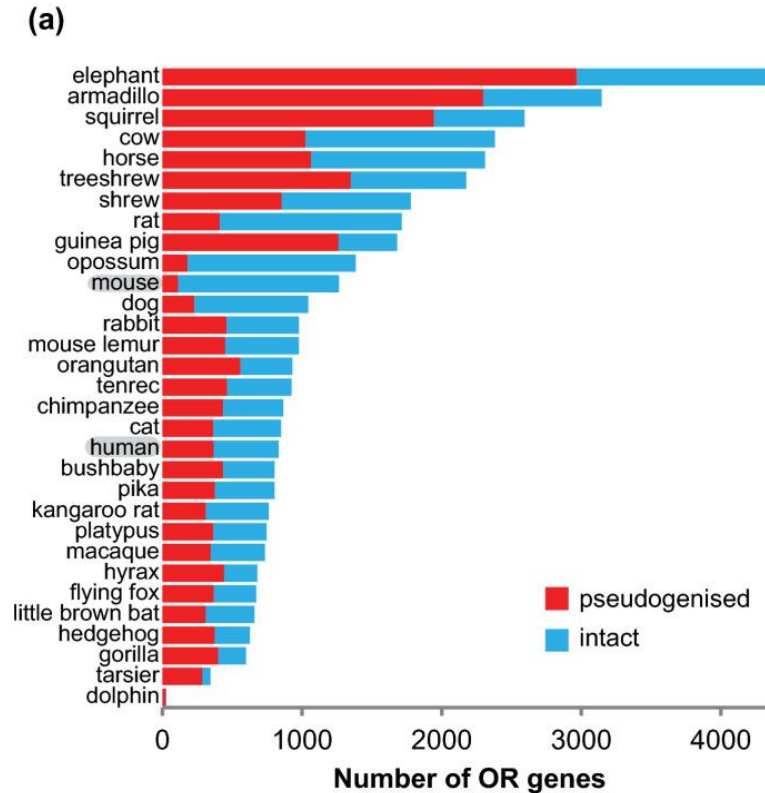
# La pseudogénération des récepteurs olfactifs (OR) et des vomérorécepteurs (VR)

## Gauche: récepteurs olfactifs (OR)

- Sur les 25.000 gènes de la souris, 1.400 codent pour des récepteurs olfactifs.
- Chez l'humain, la moitié de ces gènes sont fossilisés, et ne peuvent plus produire de récepteurs fonctionnels.
- L'analyse des génomes d'autres mammifères montre que la perte massive de récepteurs olfactifs se retrouve chez les primates de l'ancien monde, autrement dit ceux qui ont acquis la vision trichromatique.

## Droite: vomérorécepteurs (V1R)

- Homologues des récepteurs olfactifs impliqués dans la perception des phéromones.
- Humain et gorille : (quasiment) pas de communication par phéromones, mais le génome comporte une centaine de vomérorécepteurs pseudogénéralisés.



- *Mycobacterium tuberculosis*
  - Extracellulaire
  - 4.189 gènes codant pour des protéines
- *Mycobacterium leprae*
  - Intra-cellulaire
  - 1.605 gènes codant pour des protéines
  - A perdu (par délétions) ~1000 gènes présents chez *M.tuberculosis*
  - On trouve également plus de 1.000 gènes fossiles.

## La fossilisation est une voie de non-retour

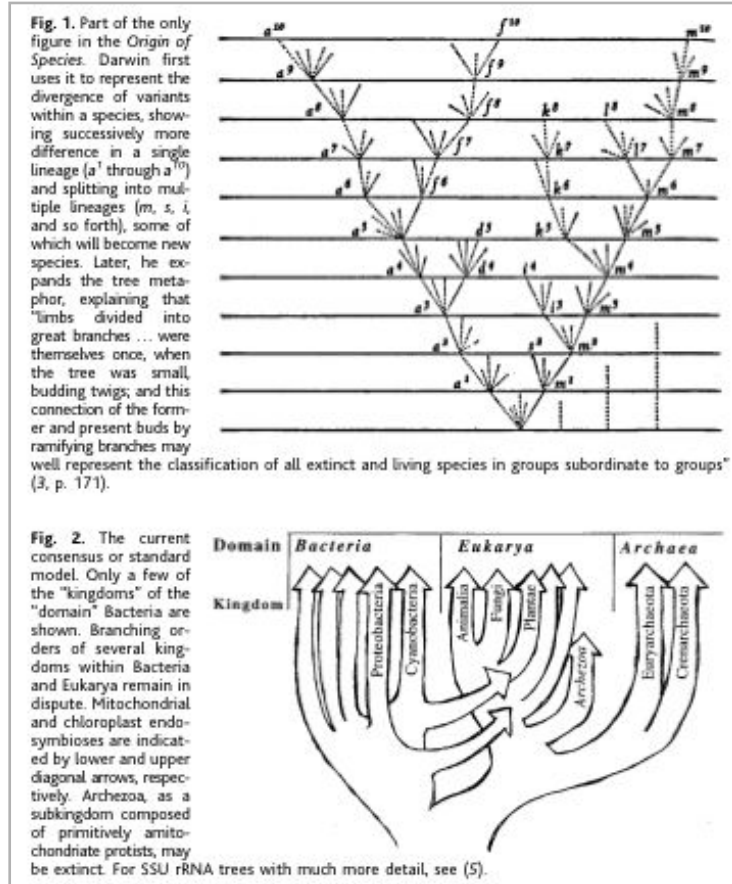
---

Dès que la pression sélective est relâchée, la probabilité de fossilisation d'un gène est très élevée. Par contre, la probabilité que de revenir à une copie fonctionnelle à partir d'un gène fossilisé est quasiment nulle.

Ces probabilités sont discutées par S. Carroll.

# Quand les branches de l'arbre du vivant s'entrecroisent

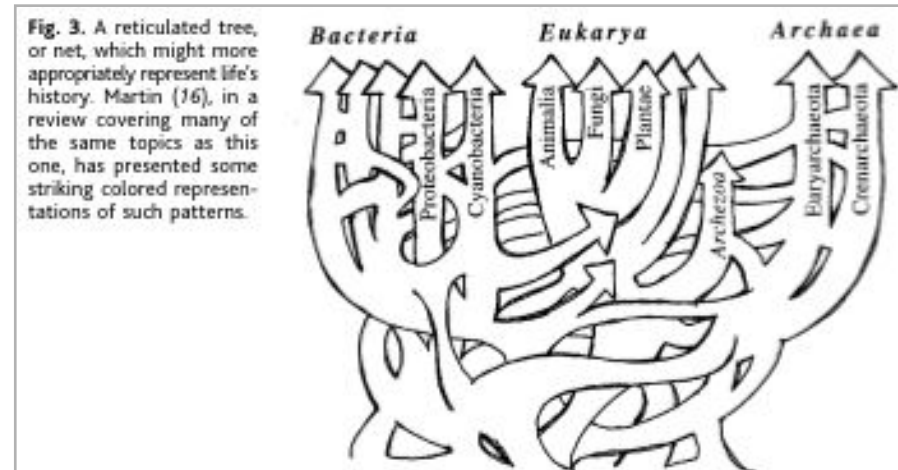
# Quand les branches de l'arbre du vivant s'entrecroisent



L'arbre de la vie de Darwin (Fig 1) est revisité par Doolittle (1999) pour tenir compte

Fig 2: des événements d'**endosymbiose** liés à l'apparition des organelles des eucaryotes (mitochondrie et chloroplaste).

Fig 3: des **transferts horizontaux** entre génomes de procaryotes.

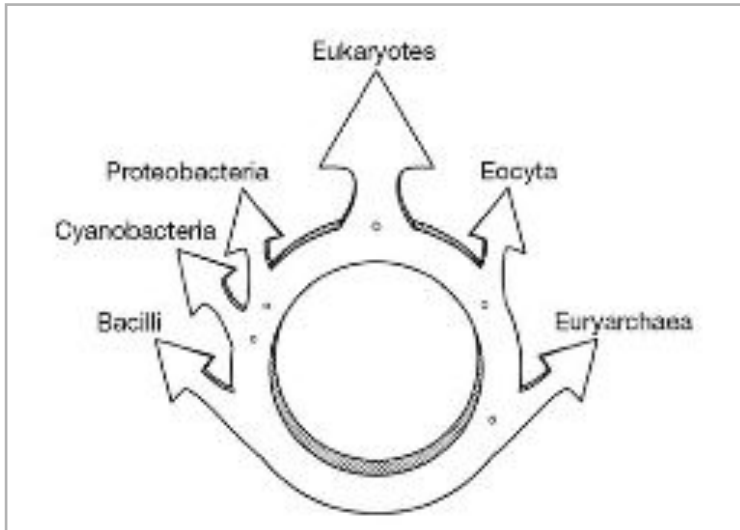


## The ring of life provides evidence for a genome fusion origin of eukaryotes

Maria C. Rivera<sup>1,3,4</sup> & James A. Lake<sup>1,2,4</sup>

<sup>1</sup>Molecular Biology Institute, MCD Biology, <sup>2</sup>Human Genetics, <sup>3</sup>IGPP and <sup>4</sup>Astrobiology Institute, University of California, Los Angeles 90095, USA

Genomes hold within them the record of the evolution of life on Earth. But genome fusions and horizontal gene transfer seem to have obscured sufficiently the gene sequence record such that it is difficult to reconstruct the phylogenetic tree of life. Here we determine the general outline of the tree using complete genome data from representative prokaryotes and eukaryotes and a new genome analysis method that makes it possible to reconstruct ancient genome fusions and phylogenetic trees. Our analyses indicate that the eukaryotic genome resulted from a fusion of two diverse prokaryotic genomes, and therefore at the deepest levels linking prokaryotes and eukaryotes, the tree of life is actually a ring of life. One fusion partner branches from deep within an ancient photosynthetic clade, and the other is related to the archaeal prokaryotes. The eubacterial organism is either a proteobacterium, or a member of a larger photosynthetic clade that includes the Cyanobacteria and the Proteobacteria.



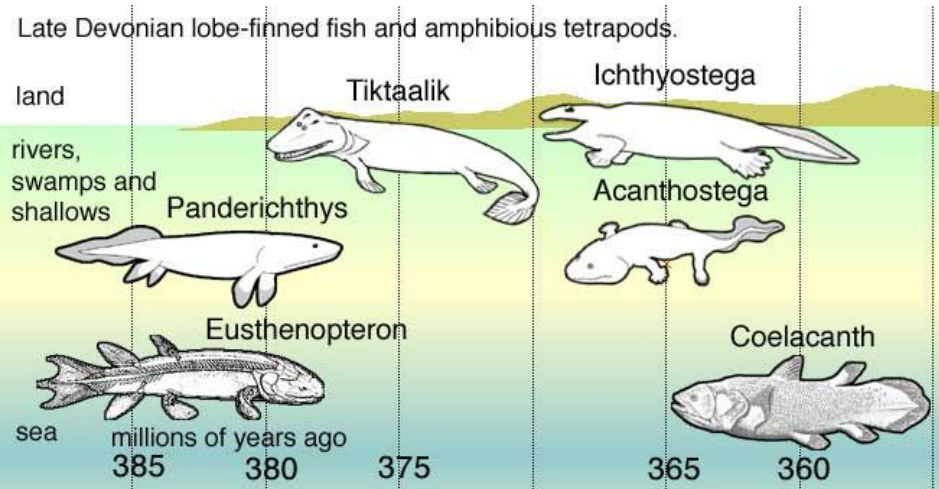
- Rivera & Lake (2004) analysent les relations entre tous les gènes d'eucaryotes, d'eubactéries, et d'archées.
- Leur analyse suggère que les génomes eucaryotes résulteraient d'une fusion entre un génome de bactérie et un génome d'archée.
- Les gènes provenant des archées sont majoritairement impliqués dans des fonctions de maintien de la cellule (réplication, transcription et sa régulation).
- Les gènes provenant des bactéries sont majoritairement impliqués dans le métabolisme.

# Matériel supplémentaire

# Le coelacanthe, un « fossile vivant » ?

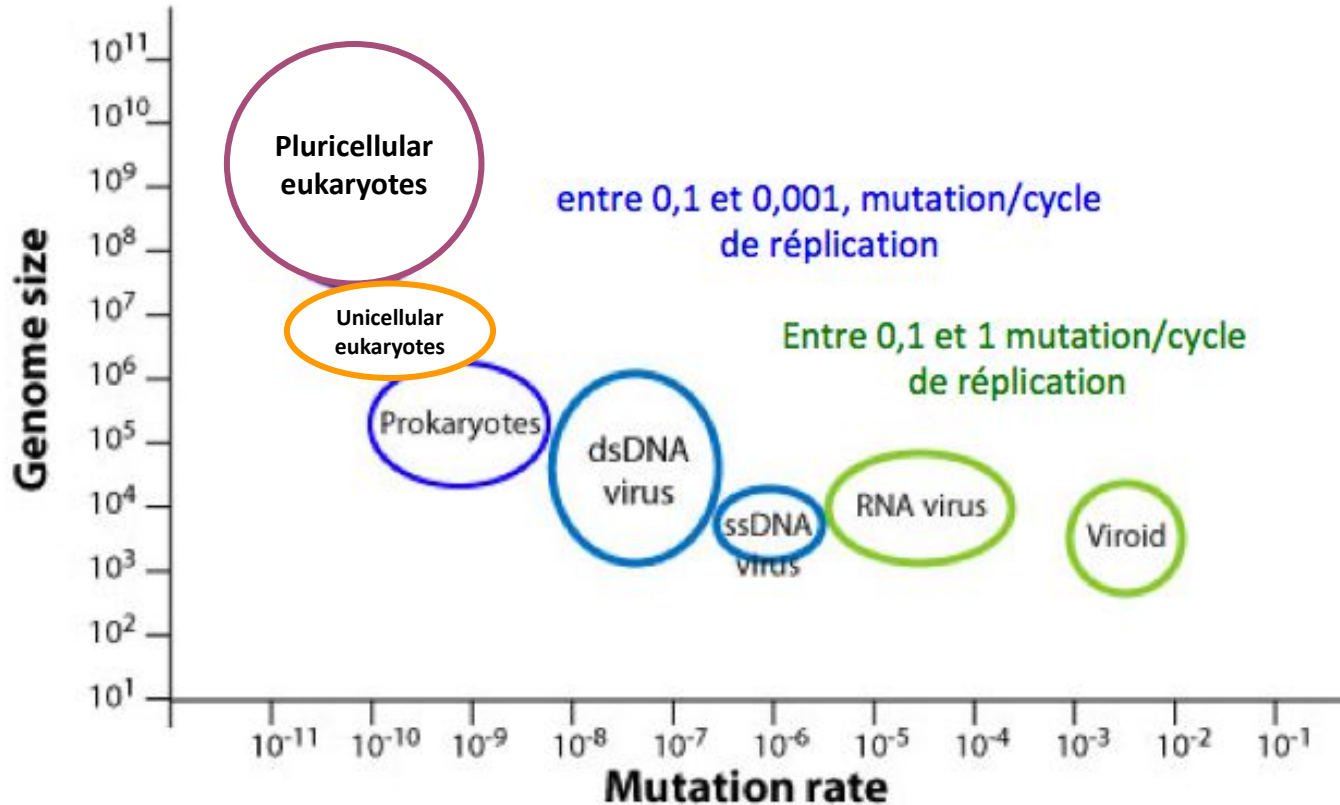


- En 1938, Marjorie Courtenay-Latimer découvre dans les filets de pêcheurs un poisson ne ressemblant à aucune espèce connue.
- Elle envoie une description du fossile au professeur James Leonard Brierley Smith, qui y reconnaît une espèce qu'on pensait disparue depuis 300Ma: le coelacanthe.
- A première vue, la morphologie du coelacanthe a peu évolué depuis plus de 300Ma. Pour cette raison, on l'a qualifié de « fossile vivant ».
- Cependant, cette appellation est inappropriée : les archéologues identifient de nombreuses différences entre coelacanthes actuels et les espèces fossiles.



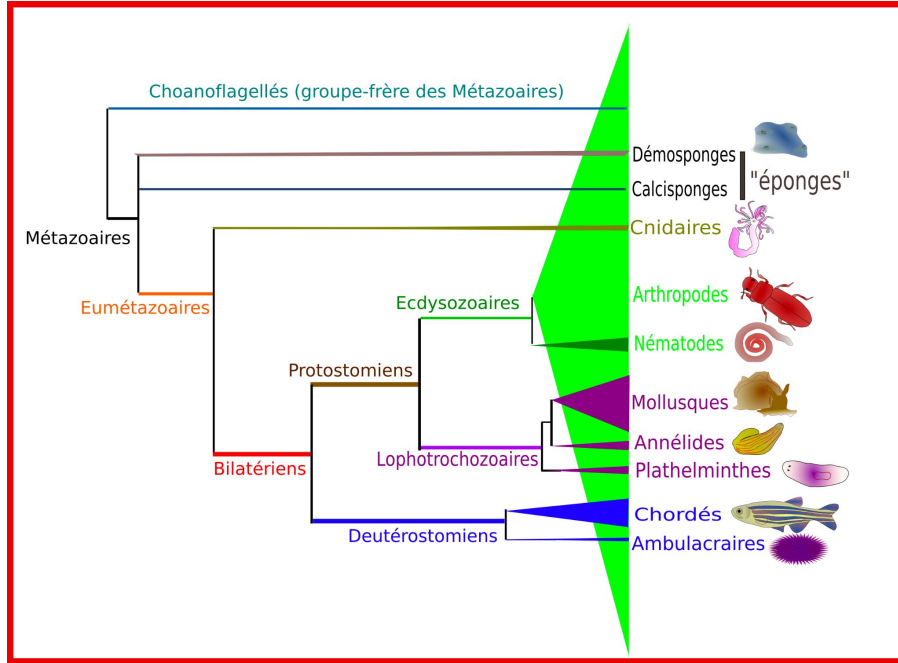


# Taux de substitutions représentatifs chez différents groupes taxonomiques



# Structure et complexité de l'oeil

**Exercice :** identifiez les relations d'homologie et d'analogie entre les structures d'yeux représentées sur cette diapo.



Figures :

<http://acces.ens-lyon.fr/acces/thematiques/evolution/archives-2/corbeille/rerelations-de-parente/comprendre/es-grandes-lignes-de-la-classification-phylogenetique-des-metazoaires>

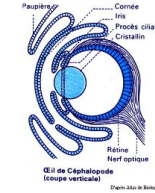
<https://www.futura-sciences.com/sante/dossiers/medecine-oeil-vision-de-la-vision-667/page/2/>

Carroll, S. B. The making of the fittest: DNA and the ultimate forensic record of evolution. (Quercus, 2009).

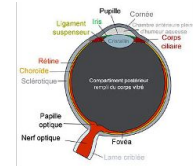
Drosophile  
(insecte)



Pieuvre  
(mollusque)



Humain  
(mammifère)



**Figure 13.2** Stages in the evolution of the eye, illustrated by species of molluscs. (a) A simple spot of pigmented cells, which increases the number of sensitive cells per unit area. (c) Pin-hole camera eye, as is found in *Nautilus*. (d) Eye cavity filled with cellular fluid rather than water. (e) The eye is protected by adding a transparent cover of skin, and part of the cellular fluid has differentiated into a lens. (f) Full, complex eye, as found in octopus and squid. Reprinted, by permission of the publisher, from Strickberger (1990).

