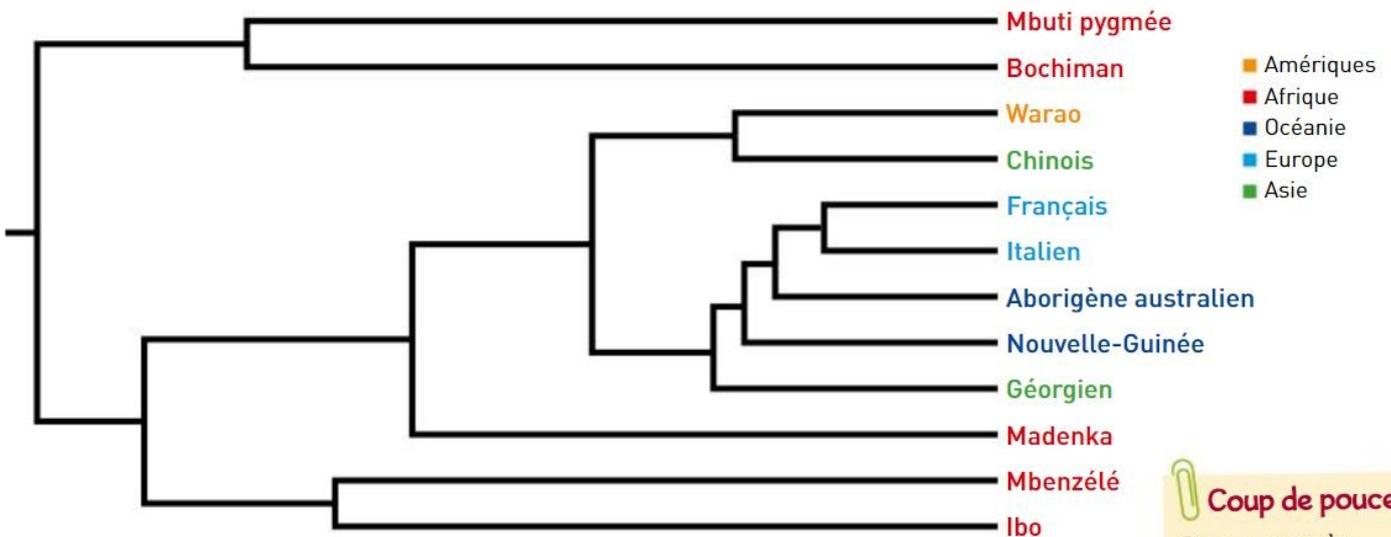


### Séance 3 :

#### 03-01 Fiche séance 3 :

#### INFO :

Doc 1 : Chez les humains, le patrimoine génétique est légué de générations en générations selon des modalités de la reproduction sexuée que vous connaissez (méiose et fécondation), on arrive ainsi à retracer les liens de parenté entre les humains actuellement présents sur Terre :



■ Arbre phylogénétique issu de l'analyse de l'ADN mitochondrial d'*Homo sapiens* originaires des cinq continents.

**Coup de pouce**  
Dans ce type de représentation, on peut considérer que l'axe horizontal visualise l'échelle des temps.

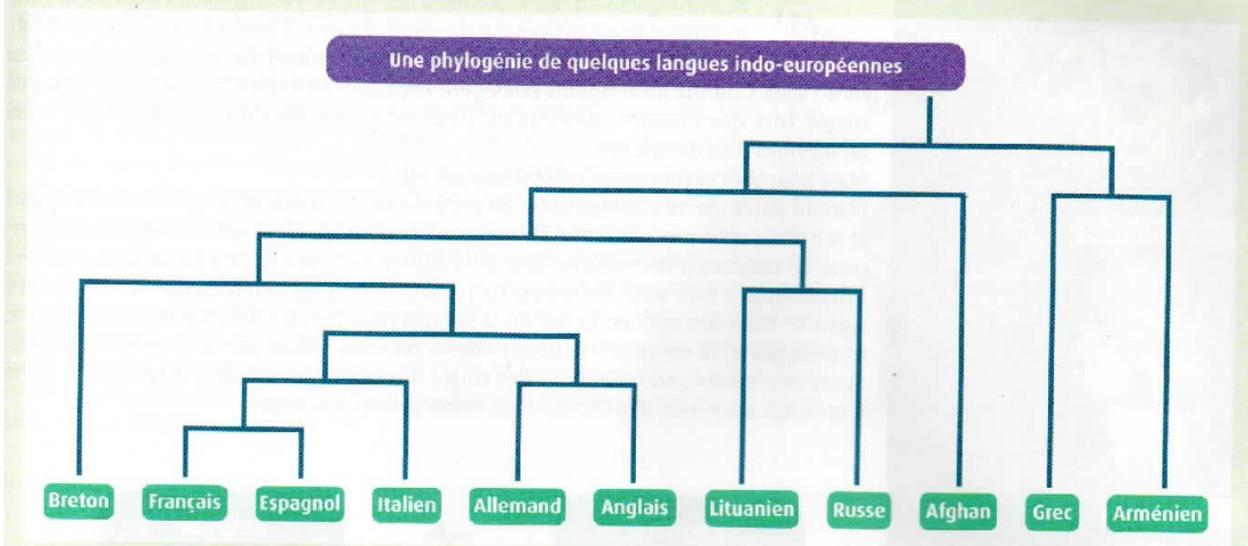
### Certaines habitudes culturelles permettent, sans s'intéresser aux génomes, de retracer le même type d'arbre phylogénétique.

#### Doc 2 : Un exemple....



Il existe différentes méthodes pour établir des parentés entre les langues. L'une d'elles consiste à identifier les mots que les langues ont hérités d'un ancêtre commun. Cette approche, qui retrace l'évolution d'un mot, est une approche linguistique évolutionniste. C'est comme cela que l'on conclut que le français fait partie des langues romanes, c'est-à-dire héritées du latin. Les langues apparentées possèdent un nombre significatif de points communs : sur l'étymologie des mots, la grammaire ou encore la phonétique par exemple. Les langues peuvent alors, comme les êtres vivants, être positionnées sur des arbres phylogénétiques.

Cette approche possède cependant des limites. L'arbre phylogénétique ne permet pas de prendre en compte les mélanges entre les différentes langues. L'anglais est par exemple une langue très mélangée, issue approximativement à 50% d'une langue germanique et à 50% du latin (parfois par le biais du français). Il faut aussi compter avec certains changements brutaux comme la disparition d'une langue. L'abandon du gaulois vers le 5<sup>e</sup> siècle ne peut ainsi s'expliquer qu'en prenant en compte le contexte historique de la conquête de la Gaule par l'empire romain.



Clin d'oeil : La langue basque, parlée par 700 000 locuteurs, est le seul isolat d'Europe : elle n'a pu être reliée avec aucune langue connue et ne présente pas de similitudes avec d'autres langues. C'est également le cas sur d'autres continents avec le coréen et le japonais.

Le français, par exemple, fait partie de la famille des langues romanes. On ne peut donc pas dire avec certitude d'où vient la langue basque et quelle est son origine, même si certains évoquent des ressemblances avec le géorgien par exemple.

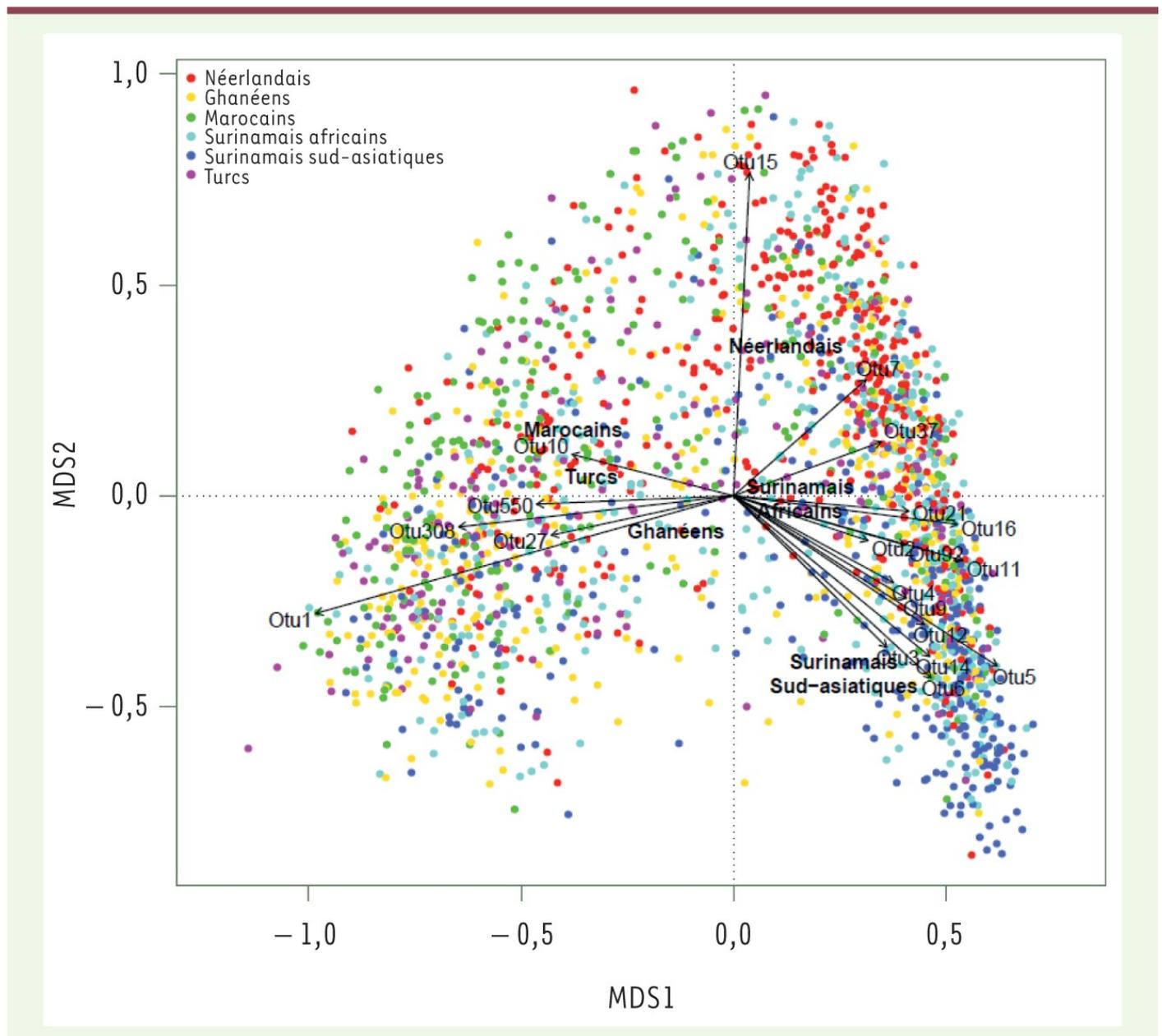
### Exercice 1 : Les liens culturels.

a- Donner des exemples de caractéristiques culturelles que l'on retrouve dans une filiation et qui permettent d'établir une phylogénie...

b- Quelles sont les limites (évidentes) de la prise en compte de ces caractéristiques dans un but phylogénétique ?

**INFO :**

**Doc 3 :** Jeu « bon courage pour le comprendre !!! »



**Dissimilarités de composition du microbiote intestinal au sein de 2084 individus issus de la cohorte multi-ethnique HELIUS(ils vivent tous à Amsterdam et appartiennent à l'un des six groupes ethniques les plus représentés dans la ville: des Néerlandais (n = 439) et des immigrants de 1re ou 2e génération originaires du Suriname (ascendance africaine, n = 443 ou sud-asiatique, n = 358), de Turquie (n = 197), du Maroc (n = 280) et du Ghana (n = 367).)**

Représentation par analyse en coordonnées principales (*multidimensional scaling* [MDS]) utilisant l'indice de dissimilarité de Bray-Curtis calculé sur les abondances relatives d'OTU (*operational taxonomic unit*). Une **OTU est une espèce moléculaire caractéristique d'un élément du microbiote**(si on a cette molécule dans l'intestin, on héberge une bactérie en particulier car elle est la seule à pouvoir produire cette molécule...). **Chaque point sur la figure correspond à la composition globale du microbiote intestinal pour une personne.** L'indice de dissimilarité de Bray-Curtis est compris entre 0 (les deux échantillons ont la même composition) à 1 (les échantillons sont totalement dissemblables). On fait ça par individu, pour chaque OTU présent dans son intestin. On utilise ici 20 OTU pour différencier les individus. Chaque vecteur OTU a deux composantes : MSD1 et MSD2.

Facultatif !

Voici l'équation permettant le calcul de la distance de Bray-Curtis : ici, deux échantillons  $j$  et  $k$  sont comparés

$$BC_{jk} = 1 - \frac{2 \sum_{i=1}^p \min(N_{ij}, N_{ik})}{\sum_{i=1}^p (N_{ij} + N_{ik})}$$

Où  $N_{ij}$  est l'abondance d'une espèce  $i$  dans l'échantillon  $j$  et  $N_{ik}$  l'abondance de la même espèce  $i$  dans l'échantillon  $k$ . Le terme  $\min(.,.)$  correspond au minimum obtenu pour deux comptes sur les mêmes échantillons. Les sommes situées au numérateur et dénominateur sont réalisées sur l'ensemble des espèces présentes dans les échantillons. On fait ça pour chaque espèce bactérienne parmi les 20 OTU choisies...

**L'ethnicité explique 5,7 % des dissimilarités de composition du microbiote intestinal.** Le **centroïde** correspondant à chaque groupe ethnique est représenté par le nom de ce groupe sur la figure. Les 20 OTU(espèces bactériennes) contribuant le plus aux dissimilarités de composition entre individus sont représentés sur la figure[« il y en a beaucoup plus... »]. De bas en haut et de gauche à droite : Otu1 *Prevotella copri*, Otu27 *Prevotella*, Otu308 *Prevotella copri*, Otu550 *Prevotella copri*, Otu10 *Dialister*, Otu15 *Oscillospira*, Otu7 *Ruminococcus bromii*, Otu37 *Coprococcus*, Otu21 *Coprococcus*, Otu16 *Bacteroides uniformis*, Otu92 *Clostridium* [Clostridiaceæ], Otu11 Lachnospiraceæ, Otu2 *Fæcalibacterium prausnitzii*, Otu4 *Bifidobacterium*, Otu9 *Blautia*, Otu5 *Bacteroides*, Otu12 *Bacteroides*, Otu14 *Coprococcus*, Otu6 *Blautia*, Otu3 *Roseburia Fæcis*.

Vocabulaire :

le **centroïde** correspond à l'intersection des diagonales du polygone entourant les entités choisies.

**Consignes parallèles : Une série de questions pour vous aidez à comprendre ce document assez complexe :**

A quel type de graphique avons nous affaire ?

Combien de points se trouvent sur ce graphique ?

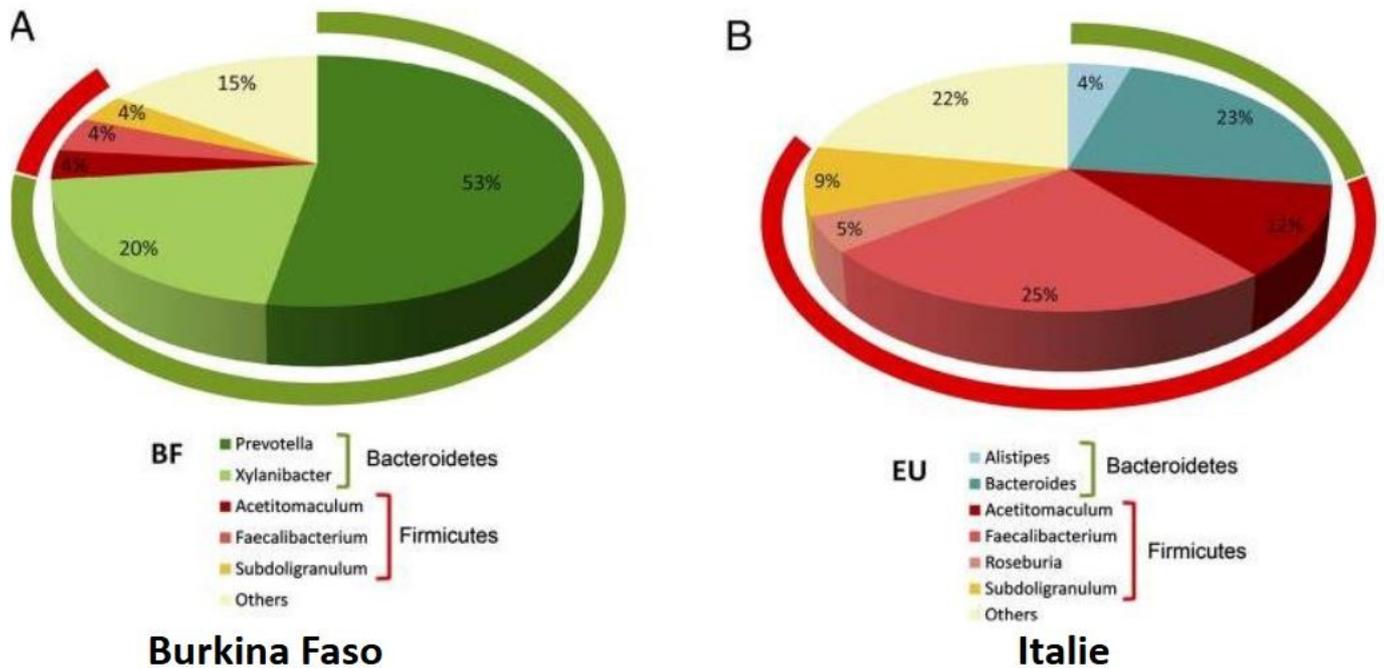
Que représentent chacun de ces points ?

A quoi correspond l'origine des différentes axes OTU ?

Enfin ,dîtes ce que l'on peut interpréter de cette étude.

**Doc 4 : Microbiote et milieu de vie. Proportions des familles bactériennes dans les microbiotes de deux humains issus et vivants dans des régions géographiques différentes.**

De Filippo *et al.* PNAS. 2010



**Doc 5 : Mode d'acquisition du microbiote digestif.**

Le microbiote digestif est acquis dès la naissance si elle se fait par voie basse, par la suite, tous les contacts avec l'environnement au niveau buccal sont susceptibles de modifier ce microbiote. Tétées (contacts cutanés avec la mère), mises à la bouche d'objets ou d'aliments, prises de substances favorables ou défavorables à certains développements bactériens....

**Exercice 2 : Les liens « profonds ».**

**Argumenter le fait que l'on peut s'intéresser au microbiote des individus pour tracer des liens phylogéniques entre eux.**