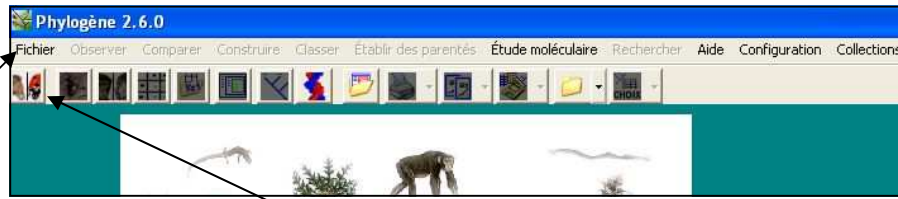


Utilisation du logiciel Phylogène

Données moléculaires (Version TS)

1 - CHARGEMENT DES DONNÉES MOLÉCULAIRES



2 - Fichier > Ouvrir > Fichier de molécules, puis en choisir un

1 - Sélectionner une collection

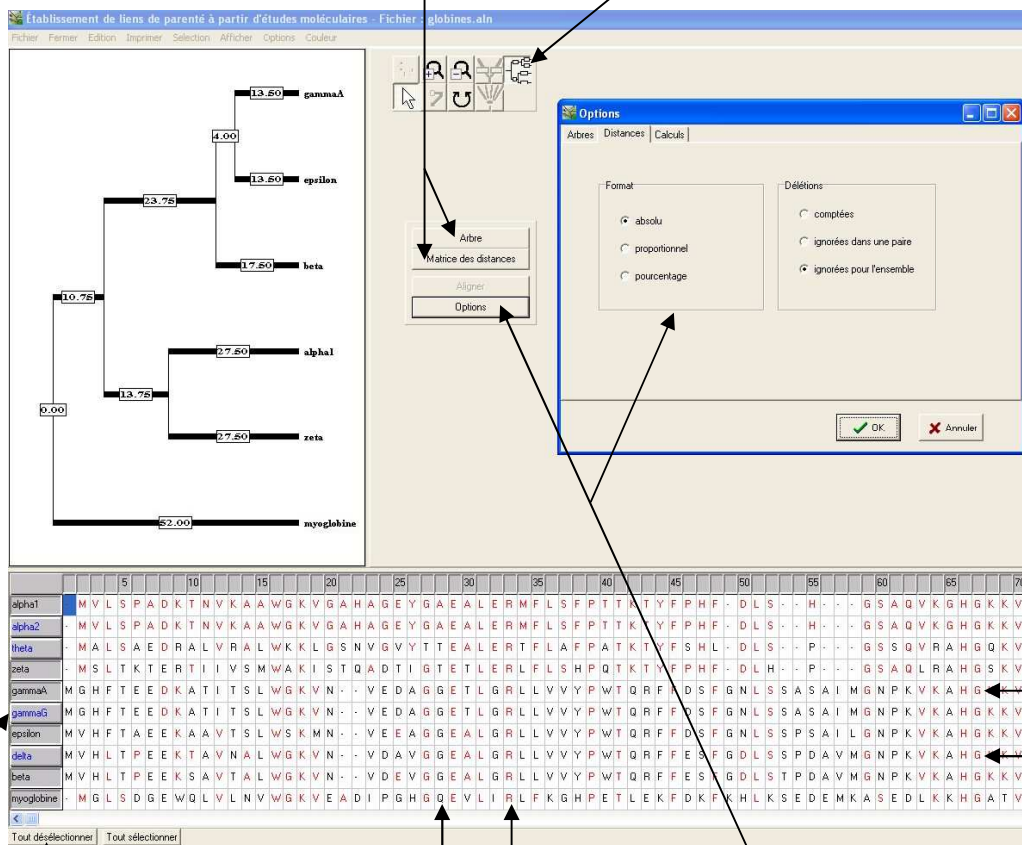


2 - TRAITEMENT DES DONNÉES MOLÉCULAIRES

2 - Construction d'une matrice des distances
OU d'un arbre

Cette construction repose sur le comptage du nombre de différences (ou distances) entre molécules prises 2 à 2.

4 - Affichage des distances sur l'arbre



1 - Sélectionner les espèces

Noir : espèces sélectionnées
Bleu : espèces non sélectionnées

Chaque lettre désigne un nucléotide ou un acide aminé

Lettre noire : différence entre espèces
Lettre rouge : similitude entre espèces

3 - Réglage des Options, onglet Distances

Chaque ligne désigne la séquence d'une molécule d'ADN ou d'une chaîne polypeptidique

Dans le menu *Couleur*

Colorer les séquences : permet de faire ressortir les différences entre les séquences comparées OU de colorer les résidus (acides aminés, nucléotides) de même type.

Colorer les noms de séquences (Uniquement avec des fichiers .alp, fonction valable sur les matrices et les arbres) : permet d'attribuer une couleur de son choix à chaque groupe prédéfini d'êtres vivants.