

## « *Phylogène* » Utilisation des fichiers de molécules

**Chargement du fichier.** Ouvrir le logiciel, puis "Fichier" / "Ouvrir" / "Fichier de molécules" et sélectionner le fichier de molécules souhaité dans le dossier « Document » après téléchargement du fichier de cette molécule à partir du site. Remarque : les fichiers de molécules sous « *Phylogène* » ont l'extension « .aln ».

**Affichage des molécules :** les molécules sont présentées telles qu'elles sont directement comparables ; utiliser l'ascenseur horizontal pour découvrir l'ensemble de la séquence.

- Les délétions (suppression de nucléotides) lors des mutations subies par les gènes sont représentées par des tirés " -"
- Les substitutions (remplacement d'un nucléotide par un autre) sont représentées par des lettres noires.

**Sélection des molécules :** avant toute chose sélectionner les molécules choisies en cliquant à l'extrême gauche du tableau de molécules sur la molécule à afficher :

- Les molécules sélectionnées apparaissent dans un « bouton pressé » et sont inscrites en caractères noirs.
- Les molécules non sélectionnées apparaissent dans un « bouton relâché » et sont inscrites en caractères bleus...

**Choix des options** de la matrice des distances et de l'arbre (de filiation des molécules dans le cas des familles multigéniques ou arbre phylogénétiques dans le cas des parentés moléculaires). Cliquer sur le menu "Options" :

- **Matrice :** Cliquer sur l'onglet "Distances" => cocher dans le cadre "Format" soit "absolu" (*Phylogène* compte alors le nombre de nucléotides différents dans la comparaison des molécules envisagées 2 à 2), soit "proportionnel" (*Phylogène* donne les rapports comptage des différences en absolu sur longueur totale de la séquence), ou soit "pourcentage" (*Phylogène* convertit en % les valeurs calculées en proportionnel). => cocher dans le cadre "Délétions", l'option souhaitée : "comptées", "ignorées pour une paire" ou "ignorées pour l'ensemble". Dans la plupart des cas c'est la 1<sup>ère</sup> option "comptées" qui sera choisie.
- **Arbre :** Cliquer sur l'onglet "Arbres" => cocher dans le cadre « Type d'arbre construit » soit l'option "Arbre UPGMA" dans le cas d'étude de molécules, soit "Arbre clade" dans le cas de l'étude de caractères morphologiques et anatomiques.

**Affichage de la demi-matrice des distances et de l'arbre.** Pour afficher l'un ou l'autre de ces affichages, il suffit après sélection des molécules choisies de cliquer sur le bouton "Matrice des distances" ou "Arbre" ; les options choisies au préalable seront alors prises en compte.