

« *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^{ère} 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.