

TD2.CALCUL D'ARBRE. PHYLOGENIE

MATIERE : INTRODUCTION A LA MODELISATION EN BIOLOGIEPART 02 : ETUDE

Responsable de formation : Mme. Anne-Francoise Batto & Mr. Jean-Michel Batto

Etudiante : AICHA LAMMAMRA

2020/2021

TD2.go : contient les fonctions que nous avons implémentées et qui nous ont permis de générer une matrice. Afin, de résoudre du problème tels que sa fonction zip et distance.

Main.go : contient les 15 séquences que nous avons téléchargées et puis nous créons la matrice de distance et l'arbre.

matrice_distance.txt : contient les résultats (matrice symétrique positive).

TreePhylog.nb.html : contient le code R pour afficher l'arbre à partir de matrice calculée, à l'aide de la bibliothèque « **cluster** ».

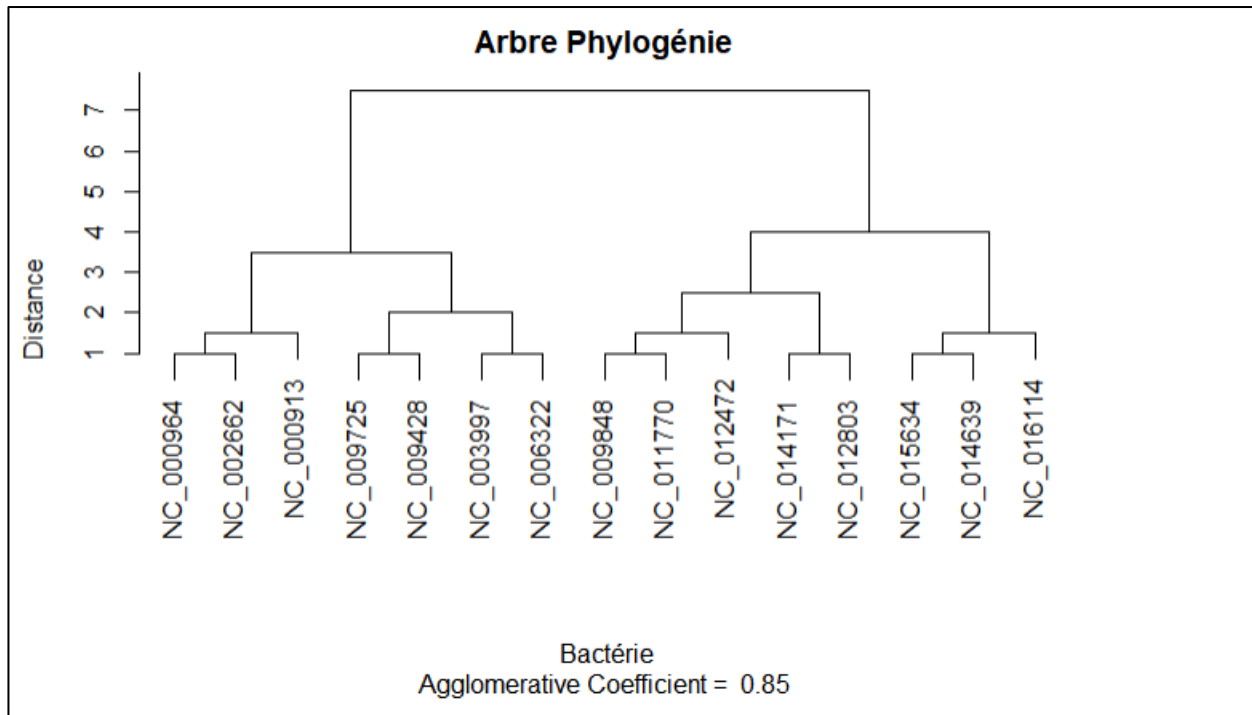


Figure1.2. Arbres phylogénétique des bactéries