

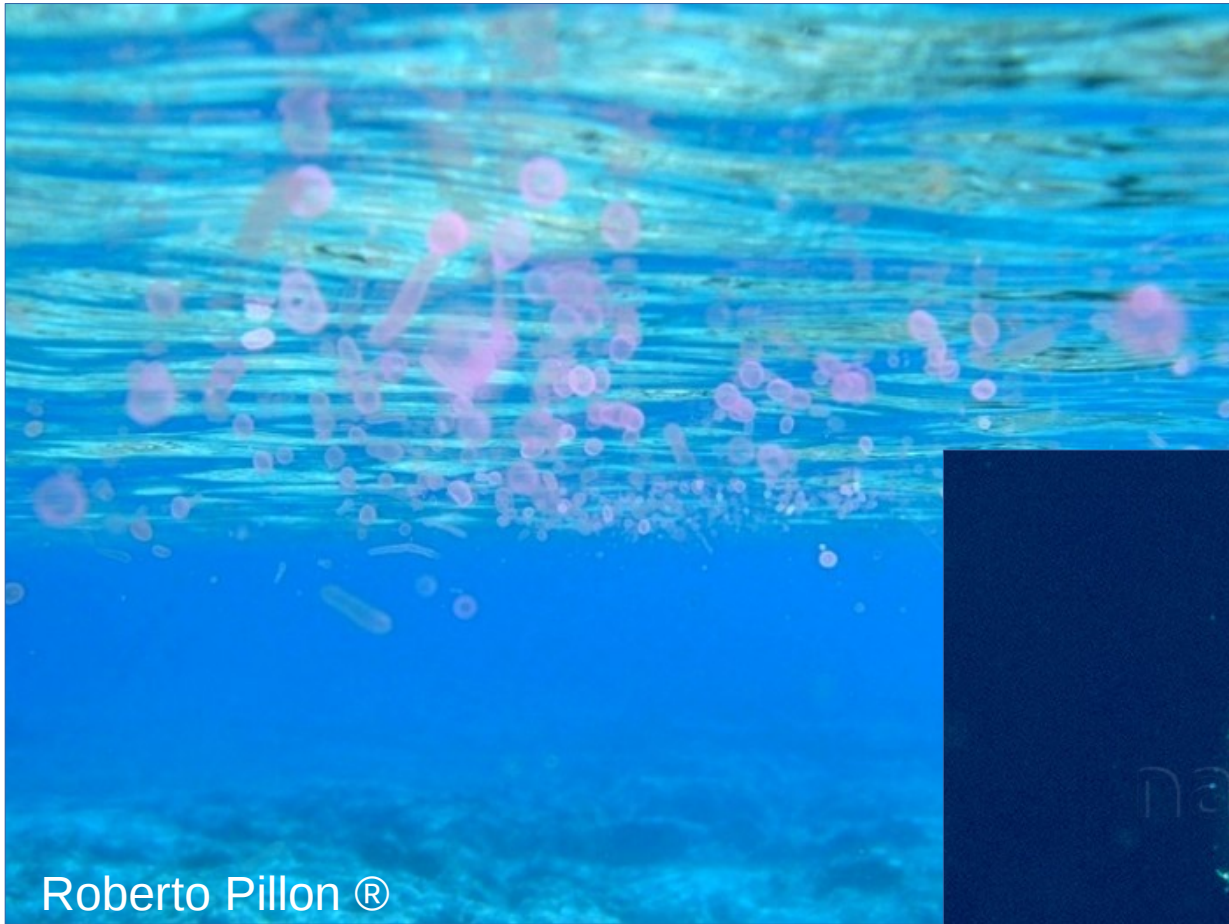
Phylogénie

Guide de survie

Résumé des étapes

- Fichier fasta (nucléotides ou acides aminés)
- Alignment multiple (mafft)
- Curation (gblocks)
- Modèle d'évolution (jmodeltest)
- Reconstruction phylogénétique (phyML)
- Support statistique (phyML)
- Visualisation (FigTree)

Démonstration



Roberto Pillon ®

Collozoum inerme (Radiolaria)



Aller plus loin

- Alignement avec structure en codons, structure secondaire et structure tertiaire
- évaluer la qualité de l'alignement (Head or Tail, Jackknife, Guidance, Qscore)
- Curation de l'alignement (gBlocks, BGME, trimAl)
- Méthodes sans alignement (métriques alternatives)
- Alignement et reconstruction phylogénétique simultanés (PAGAN)
- Placement phylogénétique (pplacer, EPA)

Placement phylogénétique

