



Méthodes

dN/dS estimés avec un modèle par branche (2 branches) de *paml* sur un concaténat de 99 familles de gènes
 Reconstruction des contenus ancestraux avec bpp-ancestor de Bio++ et le modèle de [Pouyet et al, JOBIM, 2013]
 avec deux modèles sur un concaténat de 99 familles de gènes