



Méthodes

Reconstruction des dN/dS 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

Modélisation de 3 couches

Nucléotidique : influence du déséquilibre des fréquences nucléotidiques

Codon : préférence de chaque codon calculée à partir des forces de sélection de biais d'usage des codons

Acide aminé : influence des pressions de sélection et des mutations sur les changements de fréquences des