

# Utilisation de PhyloGraphe

(21/01/2024)

L'apparence des émojis peut varier selon le système d'exploitation ou le navigateur que vous utilisez

## ORGANISATION GÉNÉRALE

**Verrouiller la matrice** Suivez les étapes dans l'ordre et **verrouillez** une étape avant de passer à la suivante

**Voici votre objectif actuel**

**Aucun problème n'a été détecté, vous pouvez passer à la suite**

**Détection d'un problème mineur potentiel, si vous savez ce que vous faites vous pouvez continuer**

**Détection d'un problème majeur, vous ne pouvez pas continuer**

100 %

**Zoomer/dézoomer**

### RÉALISER UNE ÉTUDE MORPHOANATOMIQUE

← OU BIEN →

### RÉALISER UNE ÉTUDE MOLÉCULAIRE

- Si on vous fournit un fichier : à l'écran titre choisir **Accès direct** puis dans le menu **Collection** cliquez sur **Collection locale** pour sélectionner votre fichier.  
- Si on ne vous fournit pas de fichier : à l'écran titre choisir **Choix d'activité** puis sélectionnez dans le menu déroulant le nom de la collection souhaitée et cliquez sur **Commencer**.

#### 1. Construire la matrice de caractères

- Survolez les cases pour afficher les descriptions des caractères et cliquez sur les cases pour leur attribuer le bon état (**Inconnu**, **Absent**, **Présent**, **Inapplicable**). L'application peut vérifier que vous avez choisi les bons états seulement s'il s'agit d'une collection partagée et pas d'un fichier personnalisé.  
- Repérez l'espèce extragroupe par une ancre et les espèces fossiles par des crânes .  
- Ne cochez que les colonnes ayant au moins deux états **Absent** et deux états **Présent**.

#### 2. Évaluer la compatibilité de toutes les paires de caractères

Cliquez sur **Oui** ou **Non** pour chaque paire de caractères pour évaluer leur compatibilité. L'application vous prévient si vous faites des erreurs sur certaines paires.

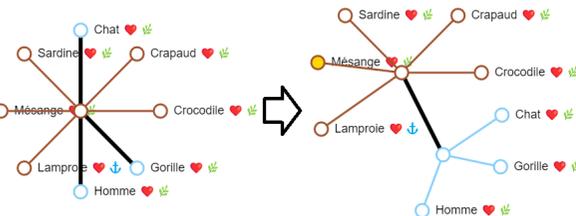
#### 3. Choisir le plus grand ensemble de caractères sans incompatibilités

En maintenant la **touche MAJ** enfoncée cliquez sur les numéros des caractères pour créer le plus grand ensemble possible où tous les caractères sont compatibles deux à deux. L'animation peut être utile pour mieux voir mais n'est pas nécessaire. L'application vérifie que votre ensemble est correct.



#### 4. Construire un arbre phylogénétique

- Maintenez la **touche Ctrl** en cliquant pour créer ou supprimer un nœud d'ancêtre.  
- Sélectionnez un nœud final ou un nœud d'ancêtre puis maintenez la **touche MAJ** en cliquant sur un autre nœud pour créer ou supprimer une branche entre eux.  
- Cliquez sur le 1<sup>er</sup> caractère « supposé informatif et homologue » (en vert) et créez un nouveau nœud et une nouvelle branche de telle manière que tous les états **Absent** soient d'un côté de cette branche et que tous les états **Présent** soient de l'autre côté de cette branche.  
- Faites de même avec les caractères verts suivants (utilisez les rouges en dernier si nécessaire).  
- Vérifiez qu'il n'y a bien qu'une seule **branche noire** pour chaque caractère supposé homologue.  
- Placez un nœud entre l'extragroupe et les autres espèces, et désignez ce nœud comme racine à l'aide du bouton **Choisir comme racine**, puis **Réaménager l'arbre** pour une présentation propre.  
- Le menu **Options > Représentation des arbres** permet de personnaliser l'affichage de l'arbre.



- Si on vous fournit un fichier : à l'écran titre choisir **Accès direct** puis dans le menu **Fichier** allez dans **Importer** puis cliquez sur **Séquences moléculaires** pour sélectionner votre fichier.  
- Si on ne vous fournit pas de fichier : à l'écran titre choisir **Choix d'activité** puis allez dans l'onglet **Banque de séquences**, sélectionnez le nom de l'assortiment souhaité et cliquez sur **Charger**.

#### 1. Choisir les séquences

Après le chargement décochez les séquences que vous ne voulez pas utiliser dans votre étude.

#### 2. Calculer les distances entre les séquences

- Sélectionnez la méthode adéquate pour calculer les distances en suivant l'arbre de décision :  
• La distance *Scoredist* pour les séquences **polypeptidiques**.  
• La distance de Hamming normalisée si **toutes** les séquences d'**ADN** sont peu divergentes (< 2 %).  
• Les distances JC69 ou F84 si certaines séquences d'**ADN** sont assez divergentes (< 10 %).  
• La distance LogDet si certaines séquences d'**ADN** sont très divergentes (> 10 %) ou la distance de Tamura-Nei (TN93) si les résultats des calculs de la LogDet sont inexploitable.

- Notez si l'application affiche un message d'avertissement concernant l'inégalité triangulaire et la condition des quatre points. L'irrespect de ces propriétés mathématiques est peut-être le signe que vous n'avez pas sélectionné la bonne méthode de calculs (vérifiez) ou bien que l'alignement des séquences n'est pas parfait (cela ne vous empêche pas de continuer).

#### 3. Construire un arbre avec un algorithme d'agglomération

- Choisissez l'algorithme approprié. *NJ* garantit mathématiquement la reconstruction de l'arbre correct même si les vitesses d'évolution ont été variables d'une branche à l'autre. *UPGMA* et *WPGMA* reposent sur l'hypothèse que vos séquences ont toutes évolué à la même vitesse depuis la racine (respect strict de l'horloge moléculaire). Il est toutefois possible que *NJ* ne donne pas l'arbre correct si vous avez reçu un avertissement à l'étape précédente.

- Lancez l'algorithme et choisissez à chaque étape la case de la matrice dont le score de **divergence** est le plus faible (pour *NJ*) ou bien dont la **distance** est la plus faible (pour *UPGMA* et *WPGMA*).

- Si vous avez choisi *NJ* enraccinez l'arbre en utilisant le bouton **Enracinement MAD**. C'est un enraccinement de meilleure qualité que le point central.

- Le **critère WLS** indique si votre arbre respecte bien la matrice de distances d'origine, il doit être le plus petit possible. Vous pouvez construire plusieurs arbres et choisir celui qui respecte le mieux ce critère.

#### EXPORTER VOS RÉSULTATS

À la fin de votre étude morphoanatomique ou de votre étude moléculaire, vous pouvez exporter les images de vos arbres grâce au menu **Fichier > Exporter...**