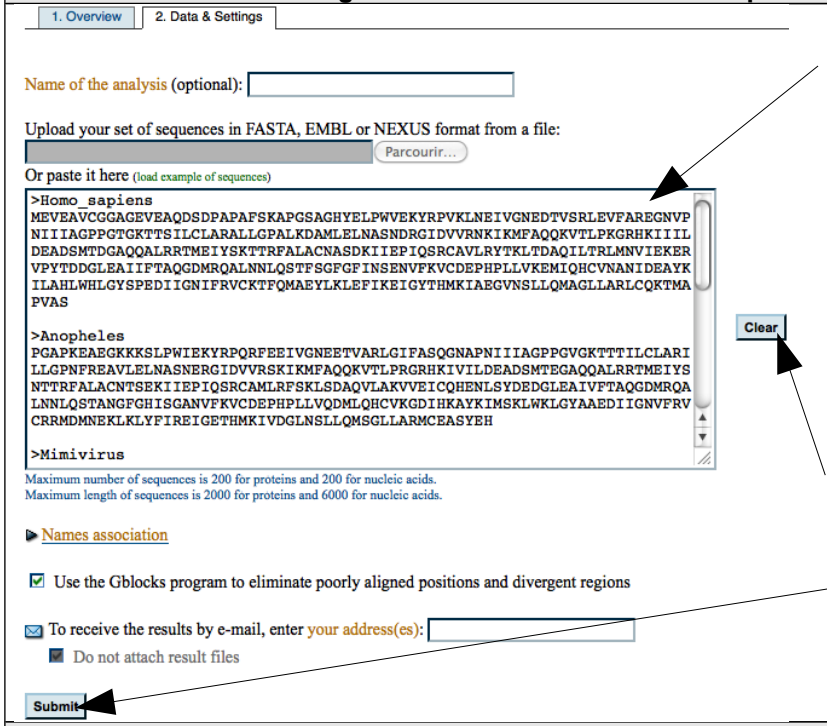
Utilisation de TreeDyn

Charger et lancer le traitement de séquences



Coller les séquences à comparer :
- En première ligne, après un signe > le titre de la séquence
- Aux lignes suivantes, la séquence (une lettre symbolise un acide aminé)
- En fin de séquence, un saut à la ligne pour faire une séparation avec la suivante

Effacer les séquences

Lancer le traitement

Visualiser les étapes intermédiaires du traitement

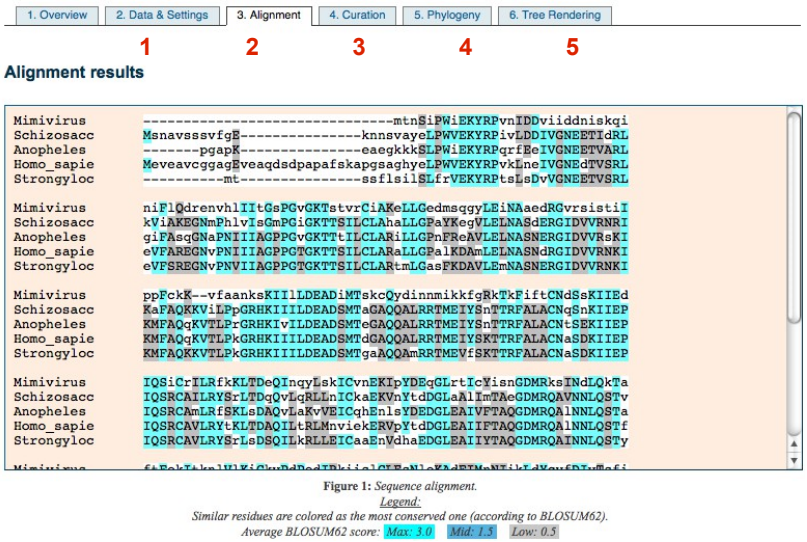


Figure 1: *Sequence alignment.*
Legend:
Similar residues are colored as the most conserved one (according to BLOSUM62).
Average BLOSUM62 score: Max: 3.0 Mid: 1.5 Low: 0.5

1 : retour aux séquences à traiter
2 : Alignements entre séquences, tenant compte des éventuels décalages liés à des délétions/insertions
3 : Sélection des alignements les plus pertinents
4 : Relations de parentés reconstituées entre les séquences
5 : Arbre phylogénétique résultant des traitements

Visualiser et modifier l'aspect de l'arbre phylogénétique

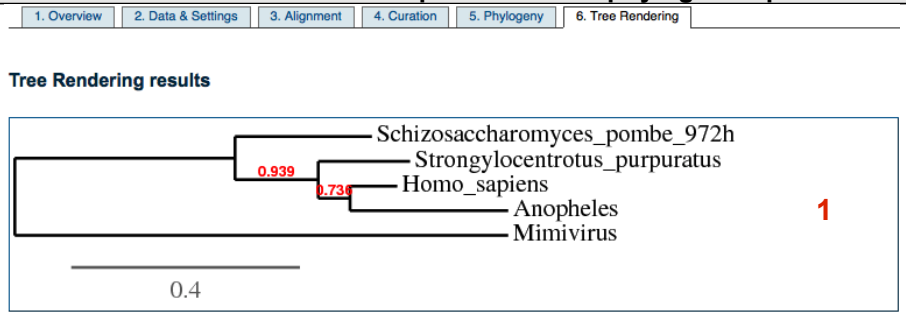
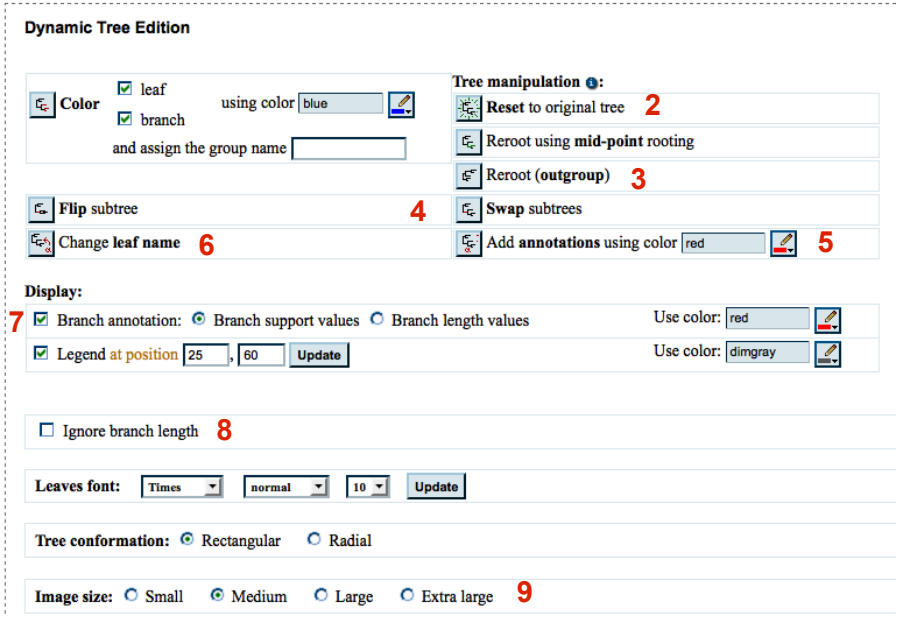


Figure 1: *Phylogenetic tree (the branch length is proportional to the number of substitutions per site).*



1 : Zone d'affichage de l'arbre phylogénétique issu des traitements
2 : Retourner à l'arbre initialement proposé
3 : Enraciner l'arbre sur une séquence (cliquer sur la séquence choisie)
4 : Réaliser une interversion entre deux séquences autour d'un noeud (cliquer sur l'une des deux séquences)
5 : Ajouter du texte (cliquer dans l'image)
6 : Changer le titre référent à une séquence (cliquer sur le titre choisi)
7 : Afficher la légende des distances relatives entre séquences : référente à la position des noeuds (« support ») ou aux longueurs des segments (« length »)
8 : Tenir compte ou non des longueurs de segments (proportionnelles aux nombre d'acides aminés différant entre séquences)
9 : Modifier la dimension de l'arbre affiché