

UTILISATION DE PHYLOGENE 2009

La barre d'outils		
<div style="border: 1px solid black; padding: 2px; font-size: small;"> Fichier Observer Comparer Construire Polariser Classer Établir des parentés Rechercher Aide Configuration </div> <div style="border: 1px solid black; padding: 2px; font-size: x-small; margin-top: 2px;"> Vertébrés-Lycée OK </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between; margin-top: 5px;"> 12345678910111213141516 </div>		
<p>1 – Choisir une collection.</p> <p>2 – Observer.</p> <p>3 – Comparer.</p> <p>4 – Construire une matrice de caractères.</p> <p>5 – Afficher le tableau de référence de la collection choisie.</p> <p>6 – Polariser et coder les états de caractères de la matrice.</p> <p>7 – Classer dans des groupes emboîtés.</p>	<p>8 – Établir des parentés.</p> <p>9 – Ouvrir un fichier de séquences.</p> <p>10 – Ouvrir un fichier de groupes emboîtés.</p> <p>11 – Imprimer.</p> <p>12 – Copier.</p> <p>13 – Enregistrer.</p> <p>14 – Ouvrir un fichier</p> <p>15 – Choix possibles</p> <p>16 – Choisir une sous collection</p>	<h3 style="text-align: center; background-color: #e0e0e0; margin: 0;">Construire un arbre phylogénétique</h3> <p>Cliquer sur le menu «établir des parentés».</p> <p>Les colonnes et les lignes peuvent être déplacées pour regrouper les caractères de mêmes états : cliquer sur «Organiser le tableau» puis sur le nom de l'espèce ou sur le caractère et déplacer.</p> <p>«Choisir les taxons» puis cliquer sur le nom de l'espèce.</p> <p>En cliquant sur un caractère dans la matrice, un code couleur apparaît.</p> <p> L'hypothèse de départ est que toutes les espèces choisies ont une origine commune (un même ancêtre commun). Toutes les branches sont réunies au même nœud.</p> <p> Cliquer sur la branche à déplacer avec le bouton gauche de la souris. Sans lâcher ce bouton, déplacer la souris de façon à venir faire le branchement là où on le souhaite. Si le branchement est possible, une croix apparaît.</p> <div style="float: right; border: 1px solid black; padding: 2px; font-size: x-small; margin-top: 10px;"> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> Organiser le tableau → </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> Choisir les taxons → </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> Afficher les documents → </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> RAZ Remettre à zéro </div> </div>
Construire une matrice de caractères	Les outils pour construire un arbre	Vérification de l'arbre
<p>Sélectionner une collection : fichier/Sélectionner collection OK.</p> <p>Cliquer sur «construire».</p> <p>Sélectionner les espèces en cliquant sur chacune d'elles. Un nouveau clic sur la figure enlève l'espèce de la sélection.</p> <p>Choisir les caractères dans le menu déroulant.</p> <p>Remplir le tableau en cliquant dans chacune des cases et en utilisant les informations qui apparaissent en bas, à droite de l'écran.</p> <p>Vérifier le tableau et corriger si nécessaire.</p>	<p> Annuler la dernière opération</p> <p> Déplacer les branches</p> <p> Relier toutes les branches au même nœud</p> <p> Permuter des branches autour d'un nœud.</p> <p>Cliquer sur cette icône puis se placer sur un nœud et cliquer .</p>	<p>En mode <u>exploration</u>. («choix»)</p> <p>Lorsque l'on clique sur un nœud représentant un ancêtre, la liste de ses états de caractères apparaît (telle qu'elle peut être déduite de l'arbre dessiné). Si le groupe des descendants partage un état dérivé commun exclusif, les branches sont mises en vert. Enjaune : états dérivés communs non exclusifs.</p> <p>Sinon, une mise en garde est affichée et l'arbre est à modifier</p> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; font-size: x-small; margin-top: 10px; color: red;"> Attention : le nœud n'est pas justifié par un état dérivé commun exclusif </div> <p><i>Les dates sont celles du premier fossile ayant cet état.</i></p>
Polariser et coder les états des caractères		
<p>Après avoir construit et validé une matrice de caractères, cliquer sur l'icône «Polariser».</p> <p>Choisir un taxon extragroupe pour afficher les états primitifs (menu déroulant). <i>Les fossiles apparaissent en rouge et l'extragroupe choisi en bleu.</i></p> <p>Colorer les états primitifs comme ceux de l'extragroupe, puis changer de couleur pour colorer les états dérivés.</p> <p>Cliquer sur «vérifier» à la fin.</p>		