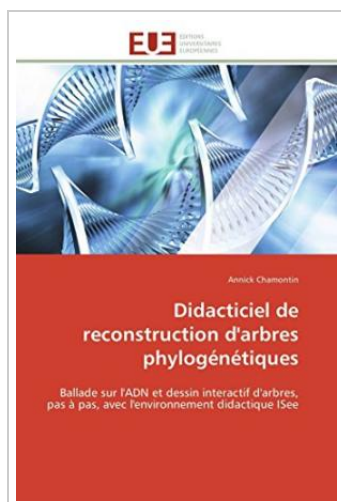




Didacticiel de reconstruction d'arbres phylogénétiques

By Chamontin, Annick

Condition: New. Publisher/Verlag: Éditions universitaires européennes | Ballade sur l'ADN et dessin interactif d'arbres, pas à pas, avec l'environnement didactique ISee | L'environnement didactique ISee permet une initiation aux techniques et algorithmes de la bioinformatique, comme la recherche de régions codantes dans les génomes. Dans ce contexte, un nouveau module destiné à expliquer les principes de la reconstruction algorithmique d'arbres phylogénétiques a été conçu et développé en Java. Un arbre phylogénétique rend compte de l'émergence des espèces au cours du temps et fait ainsi apparaître leur relation de parenté : deux espèces sont d'autant plus proches qu'elles sont apparues à partir d'une espèce ancestrale commune récente. Le nouveau module présente UPGMA, l'une des méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques à partir de séquences génomiques d'espèces actuelles. Pour expliquer la méthode de reconstruction, le module affiche la matrice des distances entre les espèces, puis la construction de l'arbre, pas à pas, et ce de manière interactive. Le module présente aussi les hypothèses de base sur lesquelles repose la méthode de construction et en démontre les limites, à savoir l'hypothèse de l'horloge moléculaire et l'hypothèse que les séquences sont proches....



READ ONLINE
[2.2 MB]

Reviews

This publication is indeed gripping and interesting. It is rally exciting throgh reading period of time. I am just happy to inform you that this is the very best publication i actually have go through during my individual existence and could be he finest pdf for ever.

-- **Miss Lela VonRueden**

A fresh eBook with a brand new standpoint. It can be rally exciting throgh looking at period of time. I am delighted to inform you that this is the greatest book i have read through during my individual existence and may be he very best publication for ever.

-- **Era Thompson**