

## UTILISATION DE PHYLOGENE COLLEGE version 2.7.2.0

La barre d'outils		
<div style="display: flex; justify-content: space-between; font-weight: bold; font-size: small;"> <span>Fichier</span> <span>Activités</span> <span>Rechercher</span> <span>Aide</span> <span>Configuration</span> <span>Thèmes</span> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center; margin-top: 5px;"> </div> <div style="display: flex; justify-content: space-around; font-weight: bold; font-size: small; margin-top: 5px;"> <span>1</span> <span>2</span> <span>3</span> <span>4</span> <span>5</span> <span>6</span> <span>7</span> <span>8</span> <span>9</span> <span>10</span> <span>11</span> <span>12</span> <span>13</span> </div>		
<p><b>1 – Sélectionner</b> une collection.</p> <p><b>2 – Observer.</b></p> <p><b>3 – Comparer.</b></p> <p><b>4 – Construire</b> une matrice de caractères.</p> <p><b>5 – Afficher</b> le tableau de référence de la collection choisie.</p> <p><b>6 – Classer</b> dans des groupes emboîtés.</p>	<p><b>7 – Établir</b> des parentés.</p> <p><b>8 – Ouvrir</b> un fichier de séquences (étude moléculaire).</p> <p><b>9 – Imprimer.</b></p> <p><b>10 – Copier.</b></p> <p><b>11 – Enregistrer.</b></p> <p><b>12 – Ouvrir</b> un fichier</p> <p><b>13 – Choix</b> possibles</p>	<div style="text-align: center; background-color: #e0e0e0; padding: 5px; font-weight: bold;">Construire un arbre phylogénétique</div> <p><b>Cliquer</b> sur le menu «<b>établir des parentés</b>».</p> <p><b>Conserver</b> l'ordre des colonnes et des lignes.</p> <div style="display: flex; align-items: center; margin-top: 10px;"> <div style="font-size: x-small;"> <p>Afficher les boîtes</p> </div> <div style="margin-left: 10px;"> <p>Pour <b>afficher les boîtes</b>, cliquer sur les caractères définissant chacun des groupes emboîtés. L'arbre se construit en parallèle de la classification en groupes emboîtés.</p> </div> </div>
Lecture de l'arbre		
<p><b>Cliquer</b> sur un nœud représentant un ancêtre, la liste de ses caractères apparaît (telle qu'elle peut être déduite de l'arbre dessiné). En vert, les caractères nouveaux de cet ancêtre commun, en jaune les caractères communs provenant de l'ancêtre commun précédent. Les branches colorées en vert indiquent les espèces appartenant au même groupe que l'ancêtre commun sélectionné.</p>		
Construire une matrice (= tableau) de caractères		
<p><b>Sélectionner</b> une collection : fichier/Sélectionner collection OK.</p> <p><b>Cliquer</b> sur «<b>construire</b>».</p> <p><b>Sélectionner</b> les espèces en cliquant sur chacune d'elles. Un nouveau clic sur la figure enlève l'espèce de la sélection.</p> <p><b>Choisir</b> les caractères dans le menu déroulant.</p> <p><b>Remplir</b> le tableau en cliquant dans chacune des cases et en utilisant les informations qui apparaissent en bas, à droite de l'écran.</p> <p><b>Vérifier</b> le tableau et <b>corriger</b> si nécessaire.</p>		
Nommer les groupes de l'arbre		
<p>Cliquer sur « <b>choix</b> » sous l'arbre et choisir « <b>afficher les groupes de l'arbre</b> ».</p> <p>Cliquer sur l'ancêtre commun d'un groupe. Choisir « nommer le groupe ». Choisir dans la liste proposée, en fonction des caractères possédés par ce groupe et de ceux possédés par les espèces de ce groupe.</p>		
Construire une classification en groupes emboîtés		
<p><b>Cliquer</b> sur «<b>classer</b>».</p> <div style="display: flex; align-items: center; margin-top: 10px;"> <div style="font-size: x-small;"> <p>Organiser le tableau</p> </div> </div> <p><b>Déplacer</b> les lignes et les colonnes de façon à ranger du maximum au minimum de caractères partagés.</p> <p><b>Sélectionner</b> les boîtes à afficher. Les glisser et les déposer l'une dans l'autre pour les organiser en groupes emboîtés.</p> <p><b>Vérifier</b> les groupes emboîtés et <b>corriger</b> si nécessaire.</p>		
Copier l'arbre		
<p>Cliquer sur « <b>Copier</b> ».</p> <p><b>Choisir</b> ce que l'on veut copier : tableau d'attributs, groupes emboîtés, arbre.</p> <p><b>Coller</b> dans un fichier de traitement de texte.</p>		