

# TP

## Exercice 1 -Méthodes de reconstruction

1. sous Linux, utiliser l'éditeur **gedit** et créer un fichier nommé `data.fasta` contenant les séquences suivantes :

```
S1  AAAAA  
S2  AAAAG  
S3  AACGC  
S4  ATGGT
```

2. convertir le fichier `data.fasta` au format PHYLIP et le nommer `data.phy`
3. **Arbre avec méthodes de distances :**
  - (a) utiliser `dnadist` pour obtenir une matrice de distances, on commencera par utiliser le modèle d'évolution de Jukes-Cantor, puis le modèle de Kimura à 2 paramètres
  - (b) copier le fichier de sortie dans le fichier nommé `infile`
  - (c) utiliser le programme **neighbor** et la méthode UPGMA pour obtenir un premier arbre
  - (d) copier le fichier de sortie `outtree` dans le fichier `upgmatree`
  - (e) convertir le fichier `upgmatree` en une image au format Postscript
  - (f) utiliser le programme **neighbor** et la méthode Neighbor-Joining pour obtenir un second arbre
  - (g) copier le fichier de sortie `outtree` dans le fichier `njtree`
  - (h) convertir le fichier `njtree` en une image au format Postscript
4. **Arbre avec méthode de maximum de parcimonie :**
  - (a) utiliser le programme **dnapars** du package PHYLIP pour obtenir un troisième arbre
  - (b) copier le fichier de sortie `outtree` dans le fichier `mptree`
  - (c) convertir le fichier `mptree` en une image au format Postscript
5. **Arbre avec méthode maximum de vraisemblance :**
  - (a) ajouter la séquence `S0=TTTTT` au début du fichier `data.phy`

- (b) utiliser le programme **dnaml** du package PHYLIP pour obtenir un quatrième arbre
  - (c) copier le fichier de sortie `outtree` dans le fichier `mltree`
  - (d) convertir le fichier `mltree` en une image au format Postscript
6. comparer les 4 arbres obtenus