



([https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img\\_1280x768\\_image\\_scale\\_crop\\_main/public/media/images/arton2811.jpg?itok=dNo1UJHn](https://lbbe.univ-lyon1.fr/sites/default/files/styles/img_1280x768_image_scale_crop_main/public/media/images/arton2811.jpg?itok=dNo1UJHn))

## Concepts et méthodes en phylogénie moléculaire

Publié le 13 décembre 2010

Ce [livre] paru chez Springer -> <http://www.springer.com/life+sci/bioinformatics/book/978-2-287-99047-2> a pour ambition de brosser un panorama complet de l'une des disciplines les plus actives de la bioinformatique : la phylogénie moléculaire. Celle-ci a pour objet l'analyse des séquences biologiques (ADN et protéines) en vue de la reconstruction d'arbres phylogénétiques.

Après un bref rappel des notions fondamentales de la biologie moléculaire, les auteurs de cet ouvrage s'attachent à présenter l'ensemble des méthodes algorithmiques utilisées dans ce domaine : parcimonie, méthodes de distances, maximum de vraisemblance et d'autres, parmi les plus récentes et encore inédites dans les ouvrages en français sur le même thème, comme les approches bayésiennes.

Écrit avec un véritable souci pédagogique, ce livre s'adresse principalement aux étudiants en biologie (niveau Licence et Master), aux chercheurs de différentes spécialités (microbiologistes, écologues, ingénieurs agronomes), ainsi qu'aux bioinformaticiens amenés à utiliser les méthodes de la phylogénie dans le cadre d'analyses courantes comme l'annotation de génomes.