

---

**TOBY KENNEY**, Dalhousie University

*Modèle généralisé à base de codons pour la substitution de nucléotide dans des séquences d'ADN codant pour des protéines*

Nous proposons pour l'analyse phylogénétique un modèle généralisé à base de codons pour les séquences d'ADN codant pour des protéines. Ce modèle fournit un cadre unifié pour les modèles de codons (ou d'ADN ou d'acides aminés) existants. Il offre également une grande flexibilité pour le choix de la matrice de transition, permettant de facilement étendre les modèles existants pour incorporer un plus grand nombre de forces motrices de l'évolution moléculaire, les informations sur la structure et les propriétés des acides aminés. Nous offrons un progiciel appelé Codon Optimal Likelihood Discoverer (COLD) pour mettre en oeuvre les modèles généralisés à base de codons proposés. Nous démontrons avec la théorie habituelle de la vraisemblance le fonctionnement du cadre de notre modèle permettant la sélection de modèle.