

# Construction d'un arbre phylogénétique avec Seaview

Février 2022

Email: mathieu\_mortz@uqar.ca

Lien téléchargement Seaview 5.0.4 : <http://doua.prabi.fr/software/seaview>

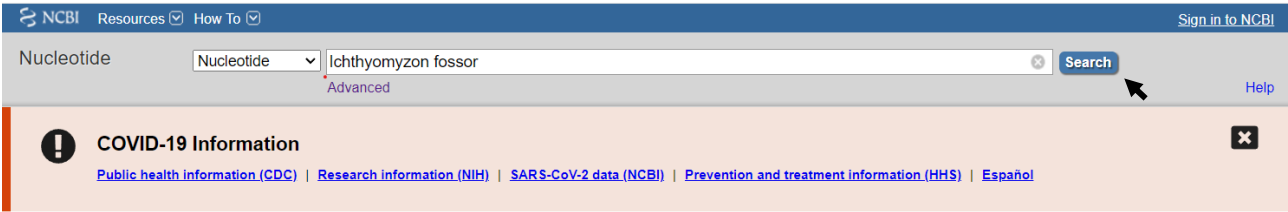
1- Rechercher dans la littérature des valeurs de « nombre d'œufs par portée » et/ou « taille des œufs » pour environ 25 espèces parmi les 115 poissons du jeu de données

Une fois les données récoltées :

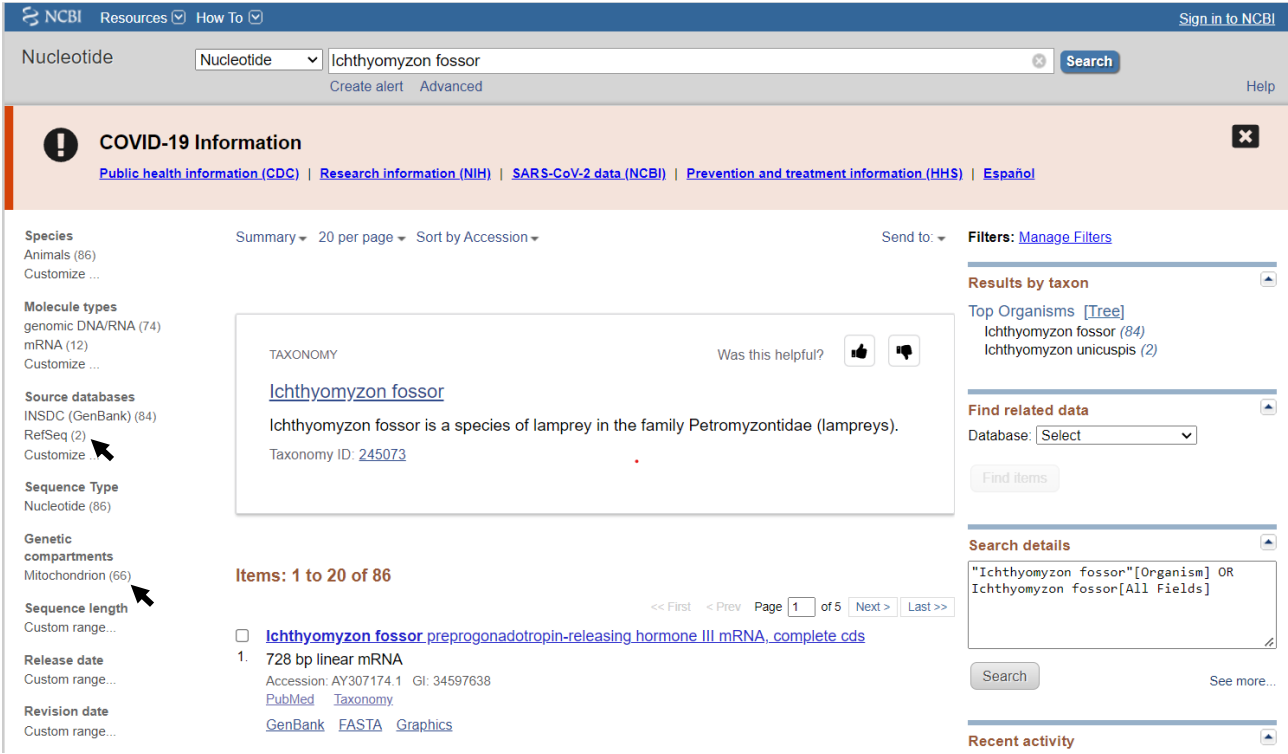
2- Récupérer les séquences d'ADN mitochondrial des 25 espèces de poissons

## Exemple pour 1 espèce :

- Recherche de séquences pour l'espèce *Ichthyomyzon fossor* <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/>



- Sélectionner les filtres « RefSeq » et « Mitochondrion »



- Sélectionner une des séquences proposées, puis « Send to », « Coding Sequences » et « Create File » au format « FASTA Nucleotide »

Species  
Animals (2)  
Customize ...

Molecule types  
genomic DNA/RNA (2)  
Customize ...

Source databases  
RefSeq (2)  
Customize ...

Sequence Type  
Nucleotide (2)

Genetic compartments  
Mitochondrion (2)

Sequence length  
Custom range...

Release date  
Custom range...

Revision date  
Custom range...

Clear all

Show additional filters

Summary Sort by Accession

TAXONOMY  
Was th  
[Ichthyomyzon fossor](#)  
Ichthyomyzon fossor is a species of lamprey in the family Petromyzonidae  
Taxonomy ID: [245073](#)

Items: 2  
Selected: 1  
Filters activated: RefSeq, Mitochondrion. [Clear all](#)  

1. [Ichthyomyzon fossor mitochondrion, complete genome](#)  
16,150 bp circular DNA  
Accession: NC\_025552.1 GI: 722489842  
[BioProject](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)  
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

2. [Ichthyomyzon unicuspis mitochondrion, complete genome](#)  
16,163 bp circular DNA  
Accession: NC\_025553.1 GI: 722489862  
[BioProject](#) [PubMed](#) [Taxonomy](#)  
[GenBank](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

Send to: Filters: [Manage Filters](#)

☐ Complete Record

☒ Coding Sequences

☐ Gene Features

Download features.  
Format  
FASTA Nucleotide  
[Create File](#)

Find related data  
Database: Select  
[Find items](#)

Search details  
(["Ichthyomyzon fossor"](#)[Organism] OR [Ichthyomyzon fossor](#)[All Fields]) AND ([refseq](#)[filter] AND [mitochondrion](#)[filter])  
[Search](#) [See more...](#)

Recent activity  
[Turn Off](#) [Clear](#)  
[Q](#) [Ichthyomyzon fossor AND \(refseq\[filter\] AND mitochondrion\[filter\]... \(2\)](#) Nucleotide

- Le fichier crée contient alors les 13 séquences des gènes codant de l'ADN mitochondrial. Pour récupérer la séquence du gène codant pour l'ARN ribosomique 16S, cliquer sur le lien de la séquence d'ADN mitochondrial sélectionné précédemment. Retrouver dans la liste de gènes celui qui code pour l'ARNr 16S :

tRNA  
tRNA  
rRNA  
tRNA  
rRNA  
tRNA  
gene  
CDS

```
/translation="MSHQPSIIRKNNPLLSLGNMLVDLPSPANISAWNFGSLLSLC
LIVQIITGLILAMHYTANTELAFSSVMHICROVNNGLMRNLHANGASMFICIIYAH
GRGIYGSYLYKETWNIQVILFTLTAATAFVGVLPGQMSFWGATVITNLISATPYV
GDDIVVLWLGGSFVSNTLRTFFTFHFILPFILAAHTMIHMFILHQTGSSNPMGINS
LDKIQFHPYFSFKDILGFVMLLSILFMISLMAPNNLGEPDFIFANPLSTPPHIKPEW
YFLFAYAILRSIPNKLGGVLALVMAILILLIPLTHTSKQGRMQFRPLAQTMFWILIA
NLTLTLWLGGEPAEYPTTMTQIASTVYFLIFILILPTLGVLEDKILSMPNKLKYSLI
Q"
complement(10734..10804)
/product="tRNA-Pro"
10818..10885
/product="tRNA-Phe"
10886..11777
/product="12S ribosomal RNA"
11778..11848
/product="tRNA-Val"
11849..13467
/product="16S ribosomal RNA"
13468..13544
/product="tRNA-Leu"
/codon_recognized="UUR"
13546..14511
/gene="ND1"
/db_xref="GeneID:22161478"
13546..14511
/gene="ND1"
/codon_start=1
/transl_table=2
/product="NADH dehydrogenase subunit 1"
/protein_id="YP_009106940.1"
/db_xref="GeneID:22161478"
/translation="MLIMLTSTLILIMVLAVAFITMVERKTLGYMQFRKGPINVVGF
MGLLQPIADGVKFLKEPVNPLTASPTLFIPTIMALTLALALWMFIPMQSITINI
TLLVIMAMSSLSVYTVLSGWSNSKYALIGALRAVAQTISYEVSGLILLCLVTLTG
NFSLQAFIYQTEHTWLLSNMPLAAMFVSTLAEITRTPFDLTEGESELSVGFIVEYA
GGPFALFFLAESNLIIFMNTLTITMFLGPLGSNNLILPIINIMMKTPTLIILFLWIR
ASYPRFRYDQLHLMKKNFLPLNLALFTLQLSLTISFGGTGVPKM"
```

Cliquer sur le lien, puis..

11281 tacccttgata tcacgaagc aaaccacaa accgggatta gataccgcc tatgctgcc  
11341 ataaataaac aaccgtgcc agggcactac gaacaatgt ttaaaacca aagaacttga  
11401 cggatcccta aaccaccta gaggagcctg tctataacc cgataccca cgtttaccc  
11461 aaccgctctt cgcccagct ctatatacgg cgtcgccag ccaactttat aaaagaacaa  
11521 cgttaggcaa aaaaacttat ctacaaatac gtcaggtga ggtcaacta atgaggggc  
11581 agagatgagc tacactctct accagaaca tacaataat ctaatgaana aattttgaag  
11641 gtgatttagc cagtaacaaa gaatagtttg tctattgaa gttggcact aggatcgta  
11701 caacaccccc gtaactctcc ctctcccggt agaaaatgc taacatgga agcgtacgg  
11761 aaggtgcgct tggataacag aagatagctt aagagtttag catttccctt acaccgaaa  
11821 tattctcgtg caattcaga tctctggtt actgacttaa tatatatctc taacaattta  
11881 actatgatt actaaataa taaagttac tcaacaata ttaccccat tttagatatg  
11941 gtatagaaa aaattaaaca caatagtac gcaagggaat attgaanaag aaatgaata  
12001 aatcgatcaa gtaaaacaaa gcaagataa aatcttgta cttttgcatc atgcttagc  
12061 aagtaacccc gaatgattg cgcaccccc gaaactagac gactaccct aggtattact  
12121 atauggatta atccgtatct gtggcaaaag attggaagaa gctttggata gggtaaaaa  
12181 gctaccgag cctagtata gctgttact taanaaaca atttaagctt aattcttaact  
12241 tglagcaag caacaattta ttactaaaaa atttaaacac ctactctc tacattttaa  
12301 gttttatgc ctagggtatc agctctagc aacagagata cagctctatt aattagata  
12361 tatataata aactataac taaagtggc ctaaaagag ccaccaagaa aaaggttaa  
12421 agcttaagt ttattaatta taatactat gatataaaa gattctataa cccactatta  
12481 agtaactcta taaaatgga aatataatg taapattgt aatttgagc cgcaccccc  
12541 ctaaatgtaa gttacacaa gatcgagca accactgga attaaagcc cttaaaaca  
12601 caggaaatca ataacataa caaaacaga aaaaacaga ccaataacg ttaacctta  
12661 accggaact aataataga atataaaga tgaagagaa ctggcaaac acatgctcg  
12721 cgtgttacc aaaaacata cctcagata ataacaaat attgagga agactgccc  
12781 aatgataat attgaatgc cgggtattt taccgtgta aagatagct aatcattgt  
12841 ctgttaatt aagactaga tgaaggta cagaagga taactgttc cttaaccca  
12901 tcaatgaat tgactaccc gtgcaaggc ggtataaac ccaatagac agaaagccct  
12961 gtgagcttc caaacattta catcgataa tcaatttta cgtgcacag ttttaggtg  
13021 ggcacaccac ggaacaaaag taatatcac gacgaagaa aataaattt tcttagcta  
13081 ggtcacacac tctagcatt agtaaaacta acgttaatg accagcatt acttgctt  
13141 taagcaaaa agttaccca ggtataacag cgaactctt tctcagacc gaaatcaag  
13201 aaaggatta cgactcgat gtggatcag ggcacccaa tggcgaana gctataaag  
13261 attcattgt tcaagatta aagcctacg tgaatgag tcaagcaga gtaaccagg  
13321 tcaattcta tctatgtc cgtctctt agtcaaga gaccgtgaa gcaaggtat  
13381 gtacatttat gcaacccca catcaactt alpaancon ctenompa atnapanp  
13441 gctaaataa gttanagaa taaattlett tggatggag agctcagta ttgcacagg  
13501 ttaagcctt tatacagag gtgcaaatc tctccaat aaatatgct aatatatta  
13561 accccaact taattttaa tttaatagc ttaactcag tagactctt aacaatagc  
13621 gaacgaanaa cctagctta catacaatc cgtaaaggc caatgtcgt tggctttatg

11849..13467  
/product="16S ribosomal RNA"

2 of 2 NC\_025552 : 1 segment

Details Display: FASTA GenBank Help

...accéder à la séquence au format FASTA

- Copier la séquence avec l'en-tête, et coller dans un fichier .txt nommé « 16S\_poissons »

COVID-19 Information

Public health information (CDC) | Research information (NIH) | SARS-CoV-2 data (NCBI) | Prevention and treatment information (HHS) | Español

FASTA

Ichthyomyzon fossor mitochondrion, complete genome

NCBI Reference Sequence: NC\_025552.1

GenBank Graphics

>NC\_025552.1:11849-13467 Ichthyomyzon fossor mitochondrion, complete genome  
CTACTGATCTAATATATATCTCTAACAATTTAACTTATGATTACTAAATAATTAAAAAGTACCTCACAAAT  
CATTACCCCAATTTAGTATAGGTAGATAGAAAAAATTAACACAAATAGTACCGCAAGGGAATTTGAAAA  
AGAAATGAAATAAATCGATCAAGTAAAAACAAAGCAAGATAAAATCTTGACCTTTTGATCATCATGGCTTA  
GCAAGTAAACCCGAATGCATGCGCCACCCCGAACTAGACGAGTACCTAGGATTACCTATAAAGT  
TAATCCGTATCTGTGGCAAAAGATTGGAAGAAGCCTTGGTAGAGGTAAAAAGCCTACCGAGCCTAGTGA  
TAGCTGGTTACTTAAAAACAAGTTTAAGCTTAATCTTAACCTTGTAGACAAGCAACAATTTACTATAA  
AAATTTAAACACCTTACTCTCTACATTTTAAGTTTATTCGCTAGGGGTACAGCTCTAGCGAACAGAGA  
TACAGCTCTATTAAATAGATAATATATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA  
AAAAAGCGTTACAGCTTAAGTTTATAAATATAAATACTATGATATATAAAGATTCTATAACCCCAAT  
TAAGTAATCCTATAAAATAGGAAATATAATGCTAAGATTAGTAATTTGAGACCGCACCCCTCTAAATGT  
AAGTGACACCAAGTGGACCAACCACTGGAAATTAACGGCCCTTAAACAAACAGGAAATCAATAACATA  
AGCAAAACAAGAAAAACAAGAACCAATAACCGTTAACCTACACCGGAACATAATATAGAAGATATAAG  
GATGAGAAGGAACCTGGCAACACATGCTCGCTGTTTACCAAAACATCACCTCCAGATAAATACCAAG  
CTATTGGAGGCAAGACCTGCCAATGATAAATATTGAATGCCCGCGGTATTGTGACCGTGTAAAAAGTACC  
GTAATCACTTTGTCTTTGTAATTAAGACTAGAATGAAAGTTACACGAAGGCATAACTGTCTCTTATCC  
CATCAATGAAATGACCTACCCGTGCAAGGCGGGTATAAACCCATAAGACGAGAAGACCCGTGTGGAGCT  
TCCAAACATTTACATCGCATATCATTTATTACGATGCACAGTTTATAGTTGGGGCAACACGAGAACAAA  
AGTAATATCCAGACGACGAAGAAATAATTTTCTAGGCTAGAGTCAACAATCTAAGCATTAAGTAATAC  
TAACGTTAATAGACCCAGCATTACTTGCTGCTTAAACGAACAAGTTACCCAGGAGTAACAGCGCAATCC  
TTTCTACGAGCCCAATCAACGAAAGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGGCACCCCAATGGCGCAA  
AAGCTATTAAGAGTTGCTTTGTTCAACGATTAAAGCCCTACGTGATCTGAGTTACAGACGGAGTAATCCA  
GGTCAGTTCTATCTATGTCTGCTGCTTCTTAGTACGAAGGACCAAGTGAAGCAAGGCTATATACATT  
ATGCAAAACCCACATCAATCTTATGAAACCACTCAATAAGAATAAGAAGCAACATAAAATAATTAAACGA  
GATAAGTTT

Send to:

Change region shown

Whole sequence

Selected region

from: 11849 to: 13467

Update View

Customize view

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Highlight Sequence Features

Find in this Sequence

Related information

BioProject

PubMed

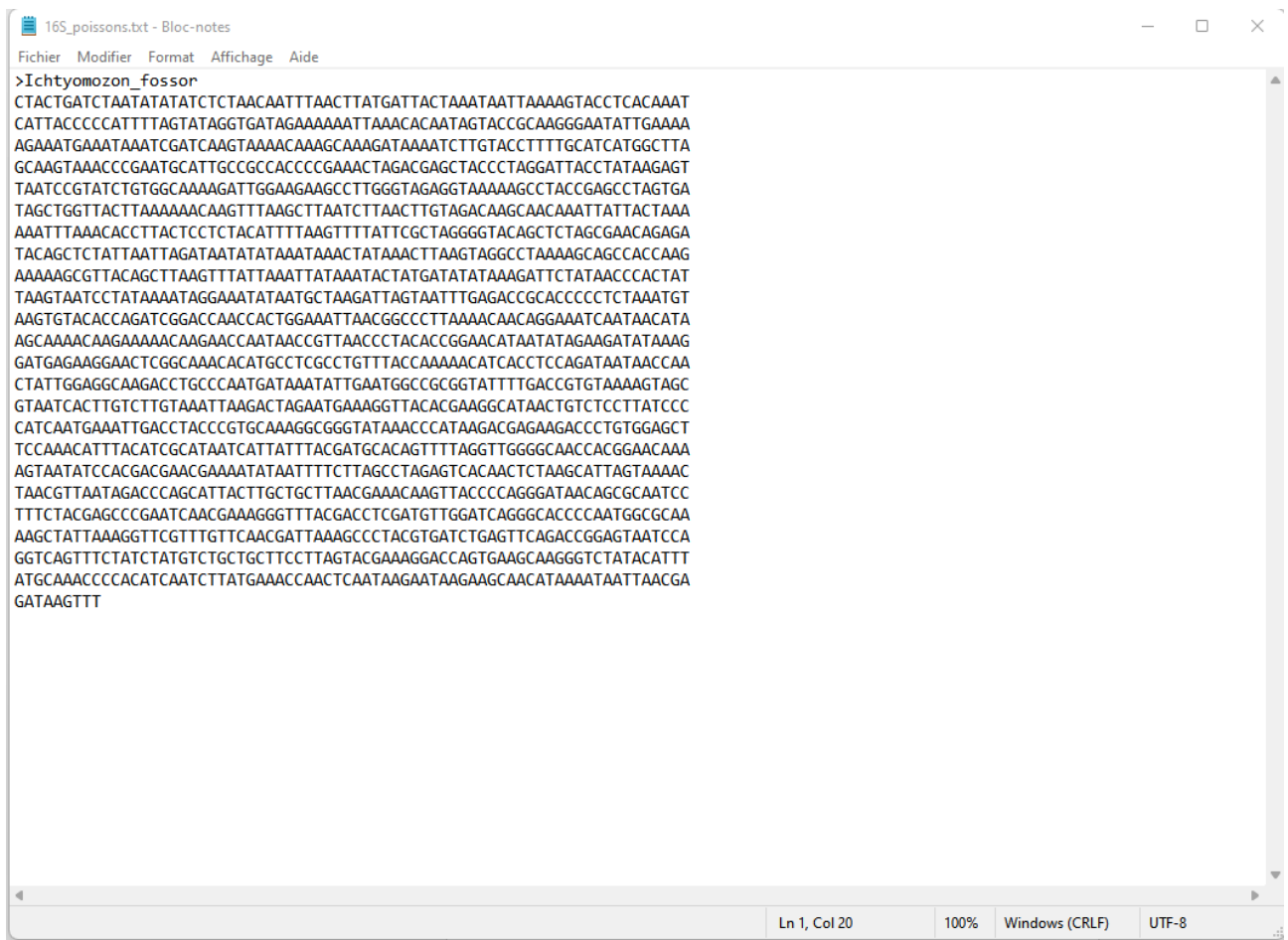
Taxonomy

Full text in PMC

Gene

PubMed (Weighted)

- Remplacer l'en-tête par le nom de l'espèce, en remplacement l'espace par « \_ » et en gardant le chevron « > » initial



```
>Ichtyomozon_fossor
CTACTGATCTAATATATATCTCTAACAATTTAACTTATGATTACTAAATAATTAAGTACCTCACAAAT
CATTACCCCATTTTAGTATAGGTGATAGAAAAATTAACACAATAGTACCGCAAGGGAATATTGAAAA
AGAAATGAAATAAATCGATCAAGTAAACAAAGCAAAGATAAAATCTTGATCCTTTTGCATCATGGCTTA
GCAAGTAAACCGAATGCATTGCCGCCACCCGAAACTAGACGAGCTACCTAGGATTACCTATAAGAGT
TAATCCGTATCTGTGGCAAAAGATTGGAAGAAGCCTTGGGTAGAGGTAAAAAGCCTACCGAGCCTAGTGA
TAGCTGGTTACTTAAAAACAAGTTTAAGCTTAATCTTAACCTTGAGACAAGCAACAATTATTACTAAA
AAATTTAAACACCTTACTCTCTACATTTTAAGTTTTATTTCGCTAGGGGTACAGCTCTAGCGAACAGAGA
TACAGCTCTTATAATAGATAATATATAAATAAATATAAATTAAGTAGGCTTAAAGCAGCCACCAAG
AAAAAGCGTTACAGCTTAAGTTTATTAAATTATAAATACTATGATATATAAAGATTCTATAACCACTAT
TAAGTAATCCTATAAAATAGGAAATATAATGCTAAGATTAGTAATTTGAGACCGCACCCCTCTAAATGT
AAGGTACACACGAGTCGGACCAACCACTGGAAATTAACGGCCCTTAAACAAACAGGAAATCAATAACATA
AGCAAAACAAGAAAAACAAGAACCAATAACCGTTAACCTTACACCGGAACATAATATAGAAGATATAAAG
GATGAGAAGGAACCTCGGCAACACATGCCTCGCCTGTTTACCAAAAACATCACCTCCAGATAATAACCAA
CTATTGGAGGCAAGACCTGCCCCAATGATAAATATTGAATGGCCGCGGTATTTGACCGTGTAAAAGTAGC
GTAATCACTTGTCTTGTAATTAAGACTAGAATGAAAGGTTACACGAAGGCATAACTGTCTCTTATCCC
CATCAATGAAATTGACCTACCGGTGCAAGGCGGGTATAAACCCATAAGACGAGAAGACCTGTGGAGCT
TCCAAACATTTACATCGCATAATCATTATTACGATGCACAGTTTTAGGTTGGGGCAACCACGGAACAAA
AGTAATATCCACGACGAACGAAAAATATAATTTCTTAGCCTAGAGTCACAACCTCTAAGCATTAGTAAAC
TAACGTTAATAGACCAGCATTTACTTGCTGCTTAACGAAACAAGTTACCCAGGGATAACAGCGCAATCC
TTTCTACGAGCCGAATCAACGAAAGGGTTTACGACCTCGATGTTGGATCAGGGCACCCCAATGGCGCAA
AAGCTATTAAAGGTTTCGTTTGTTCACGATTAAAGCCCTACGTGATCTGAGTTTCAGACCGGAGTAAATCCA
GGTCAGTTTCTATCTATGTCTGCTCTTCTTAGTACGAAAGGACCAGTGAAGCAAGGGTCTATACATTT
ATGCAAAACCCACATCAATCTTATGAAACCAACTCAATAAGAATAAGAAGCAACATAAAATAATTAACGA
GATAAGTTT
```

Pour les 25 espèces sélectionnées préalablement, vous aurez donc à la fin 25 fichiers différents contenant les séquence des 13 gènes mitochondriaux pour chacune des 25 espèces. Les 25 séquences des gènes 16S seront pour leur part récoltées séparément dans le fichier « 16S\_poissons.txt » dans lequel vous les collerez les unes à la suite des autres.

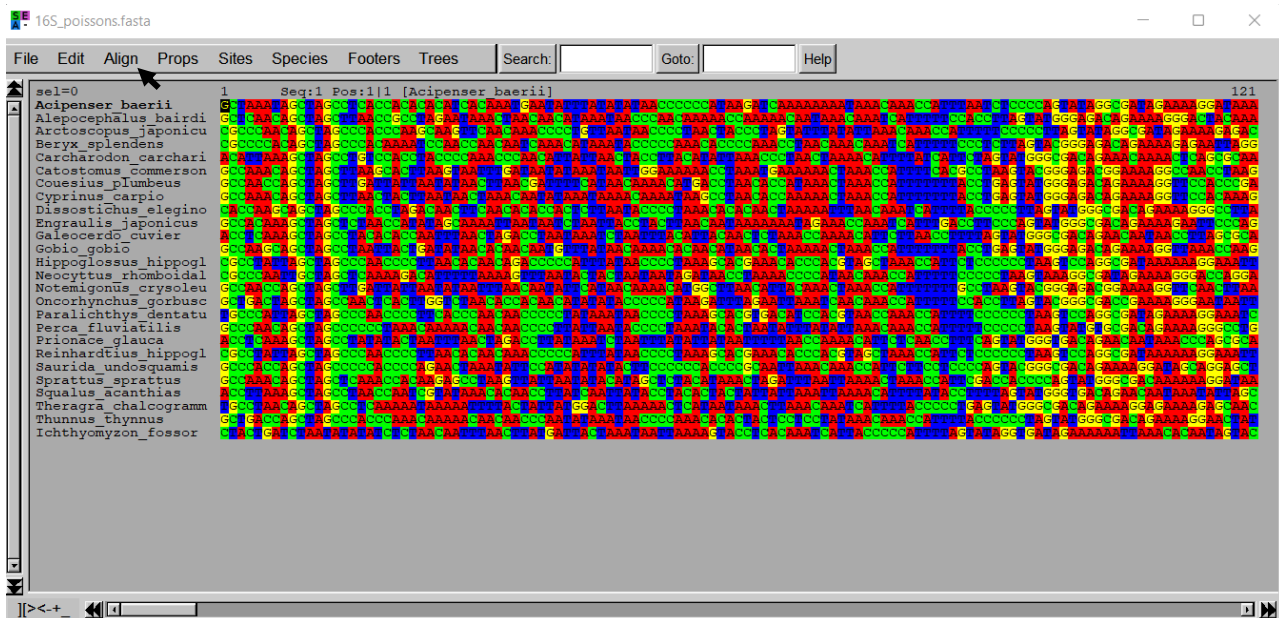
C’est sur ce fichier que nous travaillerons ensuite pour réaliser l’alignement puis l’arbre phylogénétique.

**3- Réaliser l’alignement des séquences 16S des 25 espèces étudiées**

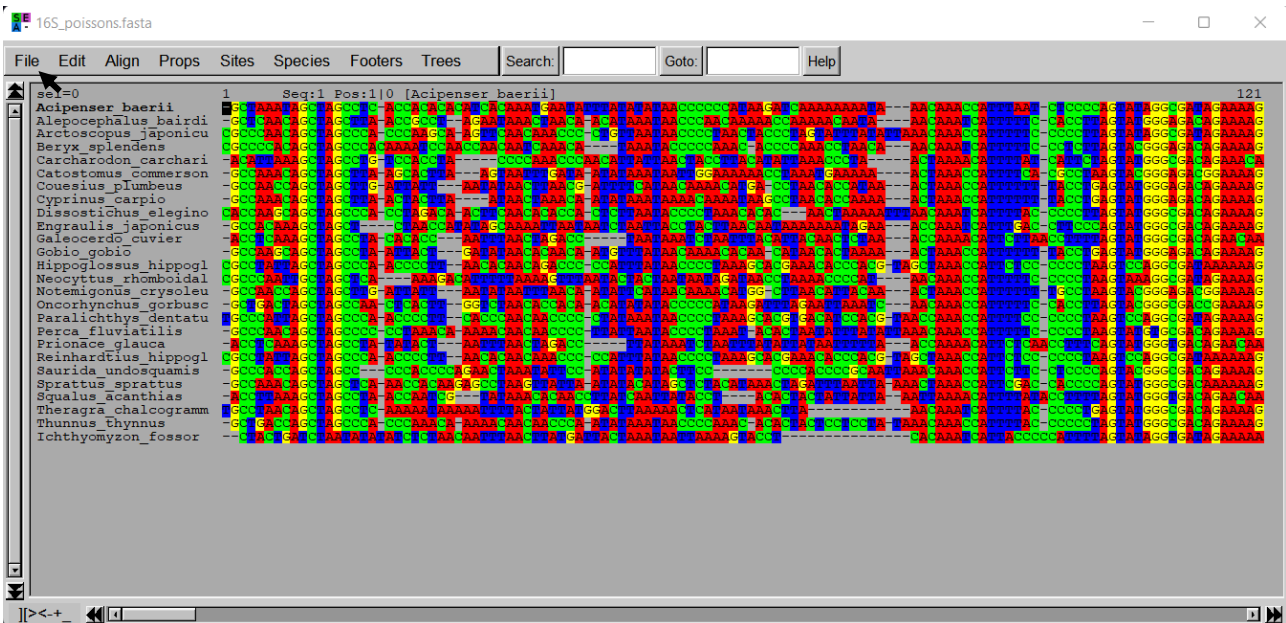
Dans un premier temps, ajouter aux 25 séquences 16S récoltées la séquence 16S de l’espèce *Ichtyomozon fossor* fourni avec le tutoriel. Puis enregistrer en modifiant l’extension du fichier « 16S\_poissons.txt » par « 16S\_poissons.fasta »

- Télécharger le programme Seaview 5.0.4 et ouvrir le fichier « 16S\_poissons.fasta » dans le programme

- Cliquer sur l'onglet « Align », puis dans « Alignment option », sélectionner « muscle », l'algorithme qui sera utilisé par le programme pour réaliser l'alignement de séquences

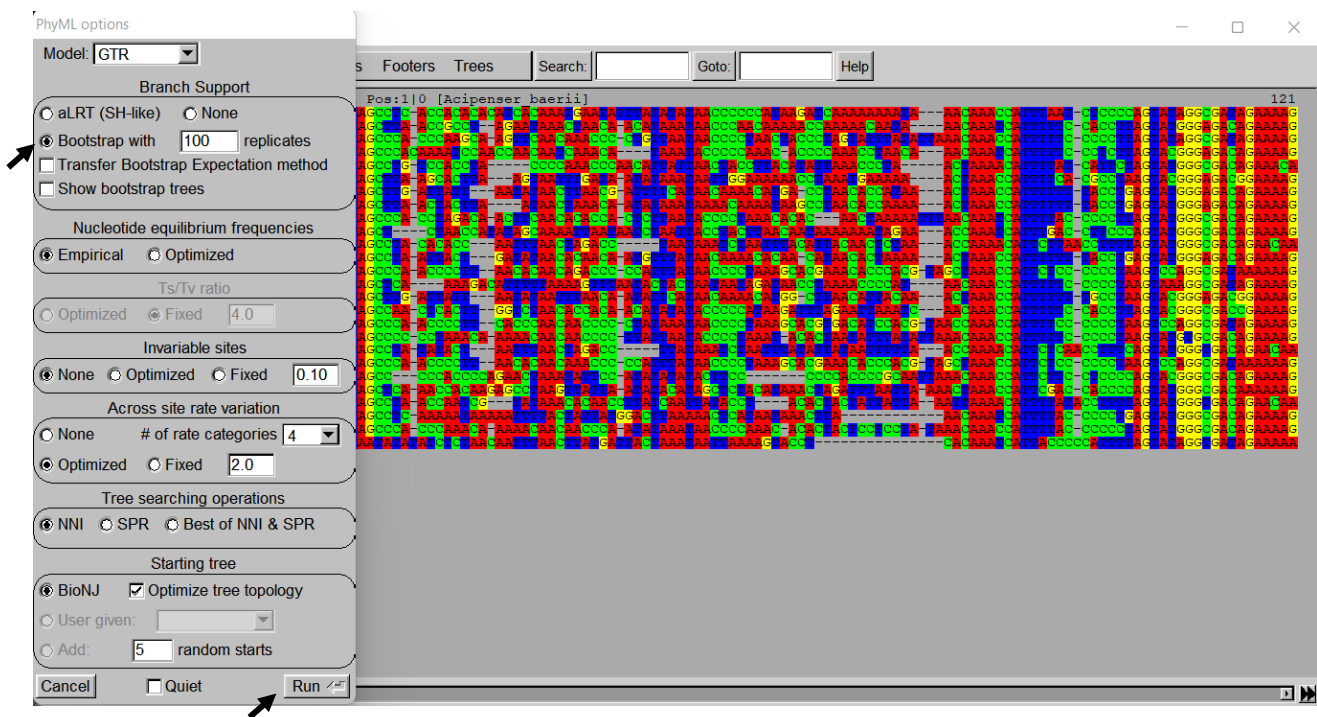


- Cliquer ensuite, toujours dans l'onglet « Align », sur « Align all ». L'opération ne devrait prendre que quelques secondes, à la suite desquelles vous aurez toutes vos séquences alignées. Sélectionner ensuite « File », puis « Save as », et enregistrer votre alignement en format FASTA en modifiant le titre par « aligned\_16S\_poissons.fasta »

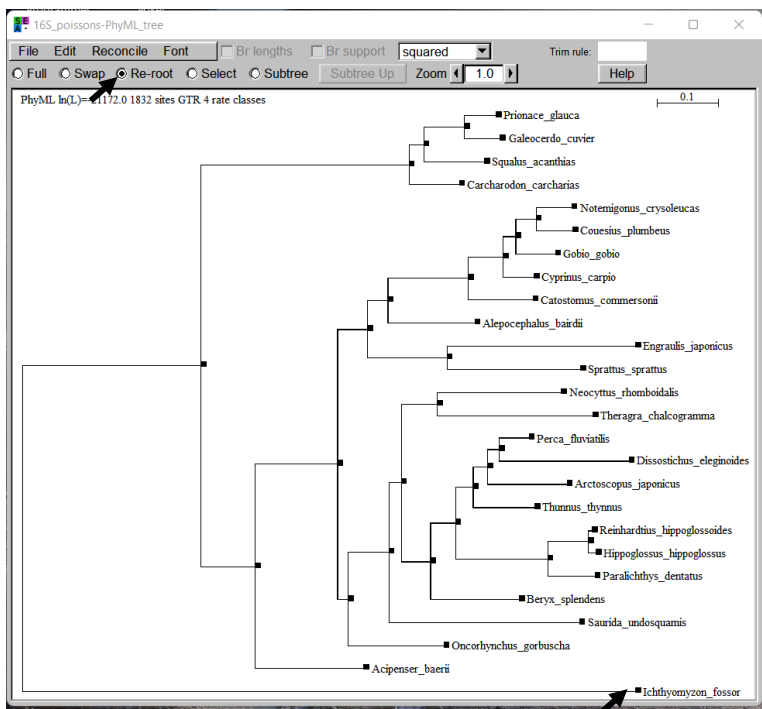


### 3- Construction de l'arbre phylogénétique pour les 25 espèces étudiées

- Sélectionner l'onglet « Trees » puis « PhyML », un des programmes incorporés à Seaview et permettant la réalisation d'arbres phylogénétiques. Sélectionner ensuite le nombre de répétitions (bootstrap) que vous souhaitez réaliser (100 paraît convenable pour cet exercice), et cliquer sur « Run ». L'arbre final obtenu sera un arbre consensus représentant les relations majoritairement observées au cours des répétitions. Ceci permettra également d'analyser par la suite la robustesse de l'arbre phylogénétique réalisé.



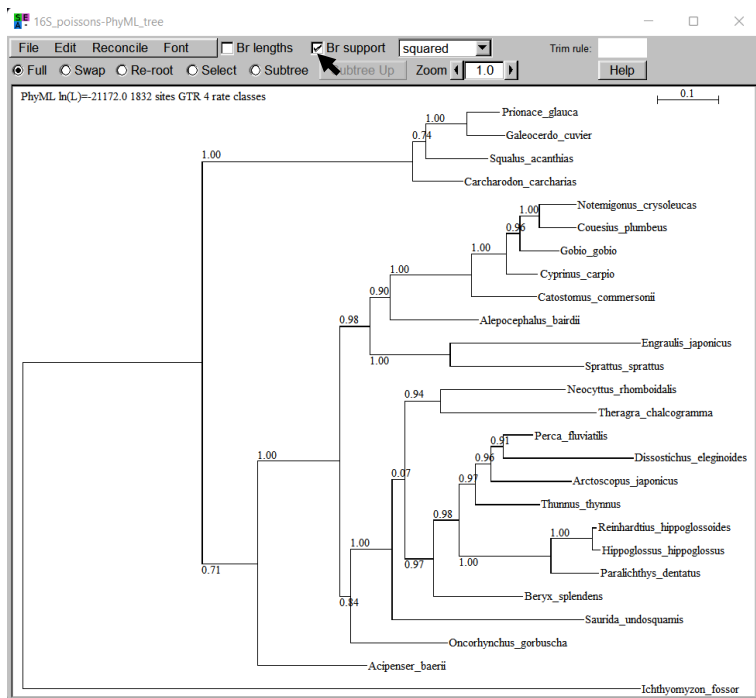
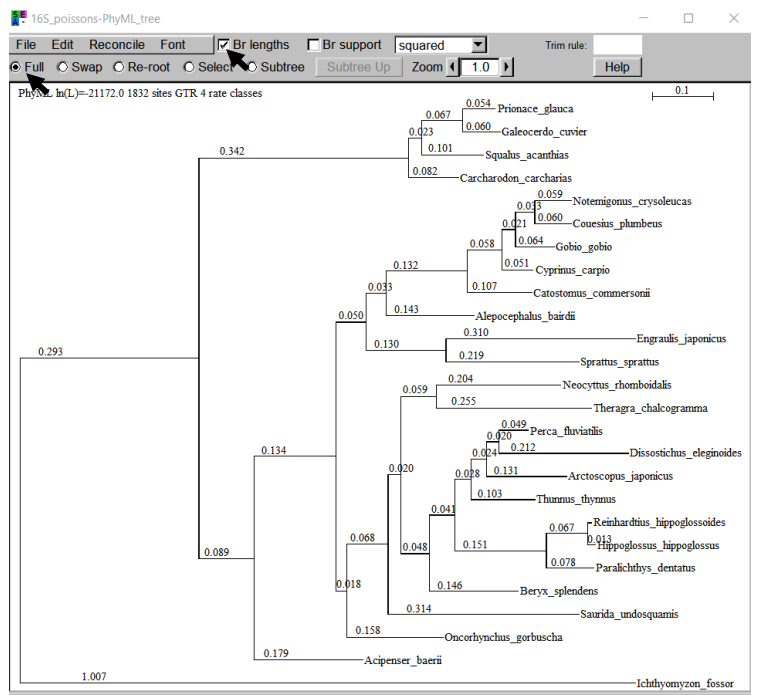
-Une fois l'arbre réalisé, il faut ensuite l'enraciner avec un « outgroup », ici une espèce génétiquement plus éloignée des autres (*Ichthyomyzon fossor*) :



Sélectionner l'onglet « Re-root » puis cliquer sur le carré noir de l'espèce avec laquelle vous voulez enracer votre arbre



Puis sélectionner l'onglet « Full »  
puis cliquer sur « Br lengths » pour  
ajouter à l'arbre la longueur des  
branches



Vous pouvez également vérifier la  
robustesse de l'arbre réalisé en cliquant  
sur l'onglet « Br support ». Le nombre  
obtenu pour chaque branche (entre 0 et  
1) indiquera le nombre de fois où la  
branche a été retrouvée durant les  
répétitions (bootstraps) (entre 0 et  
100% des cas)

- Pour finir, sauvegarder l'arbre réalisé en sélectionnant « Save rooted tree » dans l'onglet « File », en  
renommant le fichier « arbre\_16S\_poissons »