



Année académique 2022-2023, DS 2^{ème} Semestre

Phylogénie Moléculaire - partie pratique

DIC 2-G2B

Exercice 1 : Acquisition de données et préparation et manipulation de fichier Fasta.

1- Soit la liste des accessions ci-après, télécharger les séquences fasta correspondants:

AY010453
FM164921
KC350360
HF947625
AJ287004

2- Pour chaque séquence, récupérer un lot des 5 premières séquences les mieux classées selon les scores résultant d'une épreuve de BLAST.

3- Compiler toutes les séquences dans un seul fichier en respectant le format fasta.

4- A partir de ce fichier fasta, renommer les séquences suivantes comme suit :

AY010453 → Pat 1
FM164921 → Pat 2
KC350360 → Pat 3
HF947625 → Pat 4
AJ287004 → Pat 5

5- Enregistrer le fichier résultant sous le nom de « *Requêtes* »

Exercice 2 : Alignement et arbre phylogénique

1- Réaliser un alignement par profil de votre fichier « *Requêtes* » et de celui dénommé « *Ref* », puis sauvegarder l'alignement résultant sous le nom « *Ref_Req* »

2- A partir de cet alignement et sous Seaview (ou un logiciel de votre choix), réaliser un arbre phylogénétique par la méthode de distance (NJ ou BioNJ), puis sauvegarder le sous le nom « *PhyloArbre* ».

Remarque : La valeur de Bootstrap doit être fixée à 100 ; et appliquer le modèle d'évolution HKY à votre jeu de données.

Exercice 3 : Analyses de similarité - bootscanning

- 1- Sous le logiciel Simplot, procéder à l'analyse de similarité puis de bootscan pour chacune des séquences requêtes suivantes : Pat 1, Pat 2, Pat 3, Pat 4, Pat 5. Dans chaque cas, procéder à une capture d'écran des profils de « similarité » et de « bootscan ».

Nb : Mettez les captures d'écran dans un seul fichier Power Point puis enregistrer le sous le nom « *SimplotBoots* ». Précisez sur chaque cliché le nom de la séquence et tout autre annotation jugée utile.

- 2- Sur la base des résultats obtenus notamment (les fichiers) : « *PhyloArbre* » (au format lisible par Seaview), « *SimplotBoots* » (.ppt), donnez les génotypes des séquences requêtes : Pat 1, Pat 2, Pat 3, Pat 4, Pat 5.

NB : Envoyez les fichiers listés ci-après à l'adresse suivant : malick.diouara@ucad.edu.sn au plus tard le lundi 24 Juillet à 12h 00

« *Requêtes* »

« *Ref_Req* »

« *PhyloArbre* »

« *SimplotBoots* »

L'enseignant : Dr Malick DIOUARA