## Tutoriel pour la délimitation des MOTUs d'Aselloidea

- 1) Récupérer dernier Alignement COI
- 2) Retirer les séquences qui doivent être enlevée (NUMT, SHORT, POLYM, CONTAM, SALE, primers, ...) nom du fichier : COI Asellidae clean.fas
- 3) Remplacer les X dans l'alignement par des N ambiguity2N.pl COI Asellidae clean.fas COI Asellidae.fas
- 4) Renommer les séquences (sinon noms trop long, non acceptés dans certains logiciels ensuite)

Récupérer les noms de l'alignement :

seq2id.pl COI Asellidae.fas fasta sequence name.txt

Créer des nouveaux noms :

recode e3s seq.pl sequence name.txt recod sequence name.tab

Renommer l'alignement :

rename aln.pl COI Asellidae.fas recod sequence name.tab -format fasta

Retirer annotations après noms alignement :

sed 's/ .\*//g' COI Asellidae.fas.recod > COI Asellidae.fas.recod2

5) Aligner les séquences

## muscle

→ Attention remettre dans le cadre de lecture

- 6) Gblocks
- -b2 → mettre la moitier des séquences

Gblocks COI Asellidae.fas.recod2 -t=c -b5=h -p=t -b2=866

- 7) Collapser les séquences indentiques (https://github.com/TristanLefebure/collapse\_to\_uniq\_seq) collapse\_to\_uniq\_seq.pl COl\_Asellidae.fas.recod2-gb COl\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo COl\_seq\_haplo.tab
- 8) Convertir au format Phylip aln2aln.pl COI\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo
- 9) Construire l'arbre d'haplotype

phyml -i COI\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo.phylip -b -4 -m GTR -f m -v e -a e -s BEST

10) Enraciner l'arbre

 $sed \ s/'/g \ COI\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo.phylip\_phyml\_tree.txt > COI\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo.phylip\_phyml\_tree\_r.txt$ 

RootedTree.R COI Asellidae.fas.recod2-gb haplo.phylip phyml tree r.txt outgroup.txt

- 11) Définir les MOTUs
- En threshold

MotuTh.R COI\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo.phylip\_phyml\_tree\_r.txt\_rooted

- En ptp

mptp --mcmc 400000 --single --mcmc\_sample 400 --mcmc\_burnin 40000 --tree\_file COI\_Asellidae.fas.recod2-gb\_haplo.phylip\_phyml\_tree\_r.txt\_rooted --seed 123 --output\_file MOTU\_COI\_Asellidae.fas.ptp\_single.txt

12) Transforme sortie en tableau utilisable dans R

ptp2tab.py MOTU\_COI\_Asellidae.fas.ptp\_single.txt.123.txt MOTU\_COI\_Asellidae.fas.ptp\_single.txt.123.tab