

Partie 3 : Une histoire du vivant



Rappels



Qu'est ce que c'est ?

Un chromosome

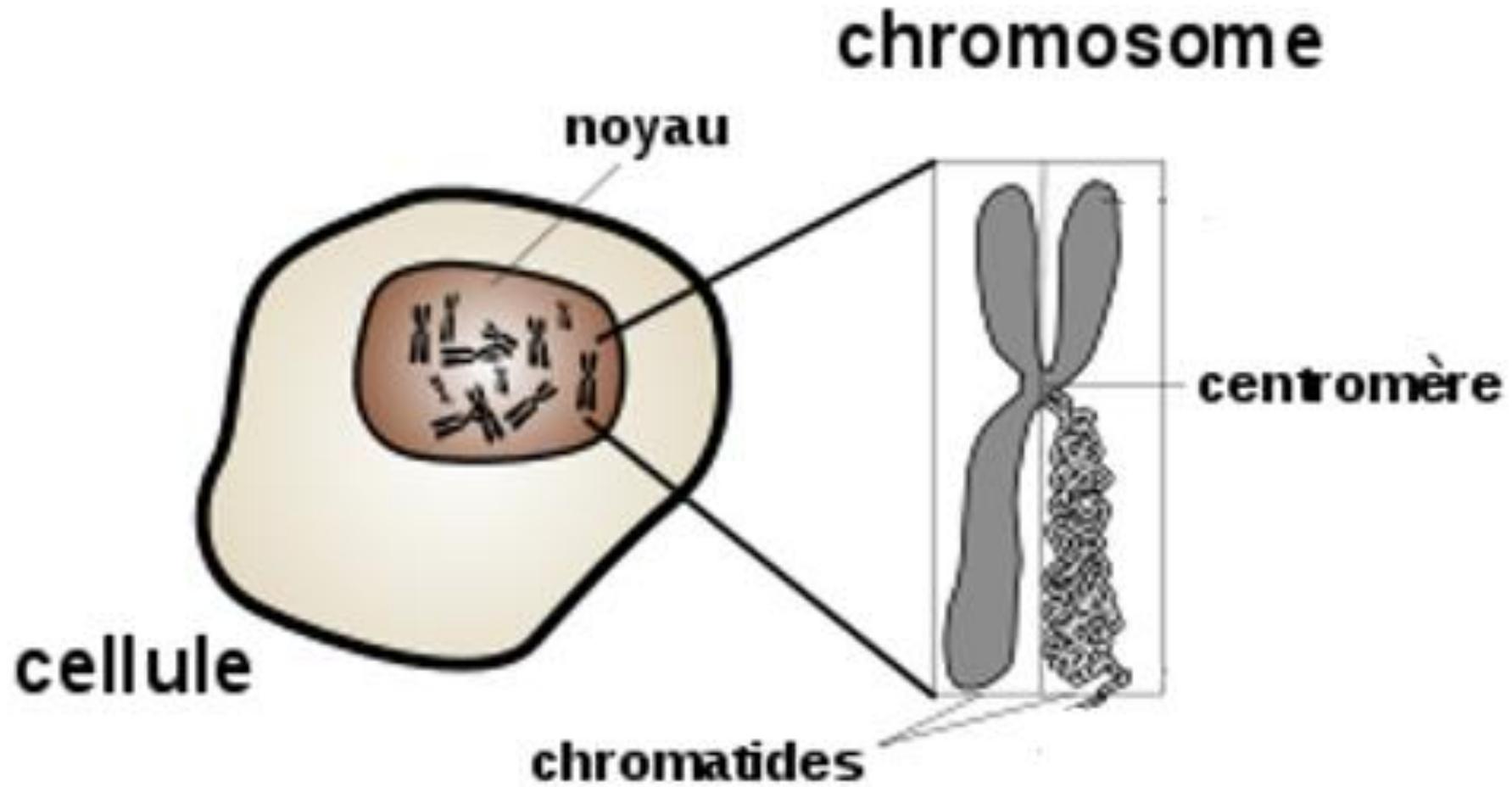
Un gène

Un allèle

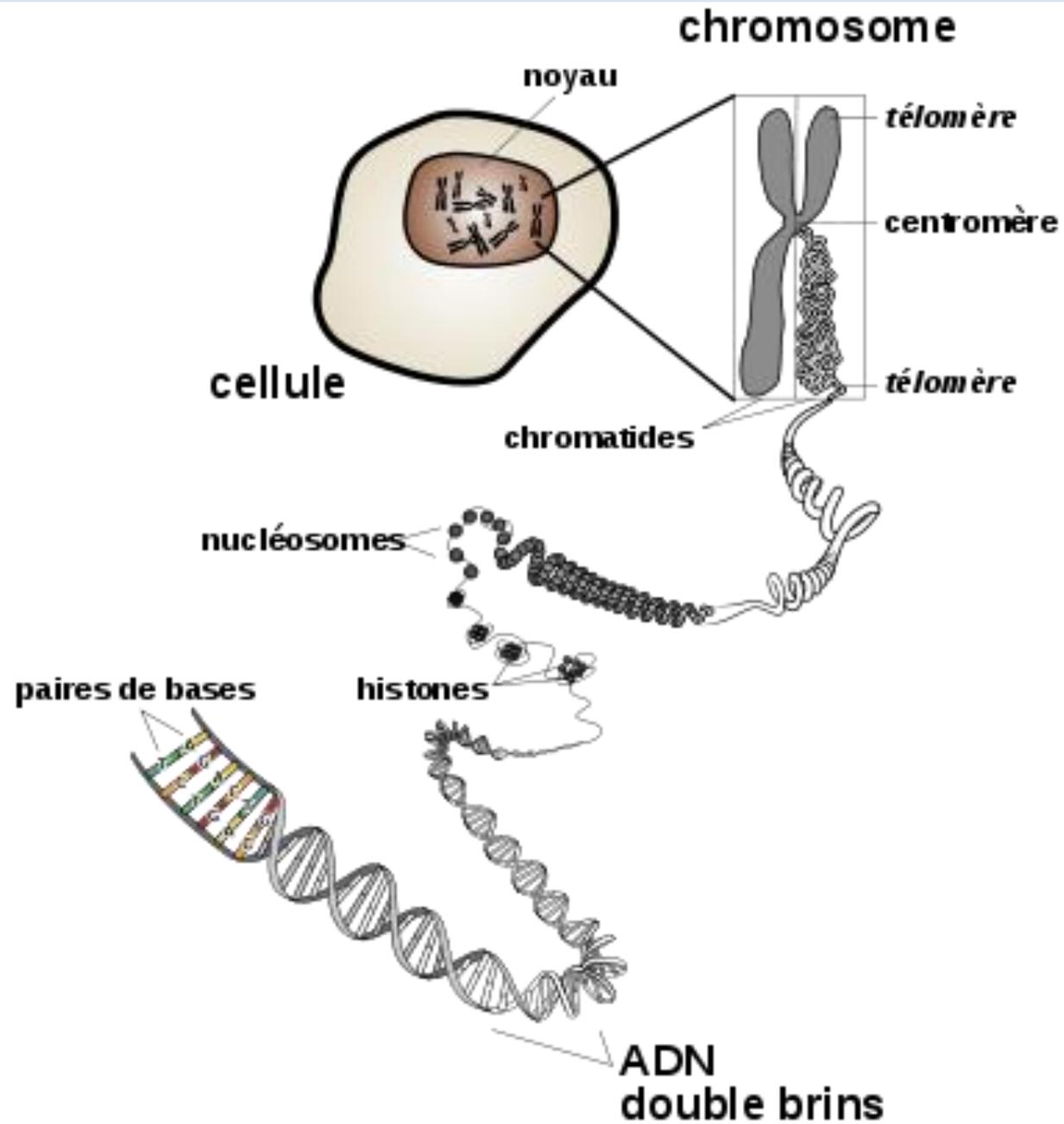
Une mutation

Relation entre ces termes ?

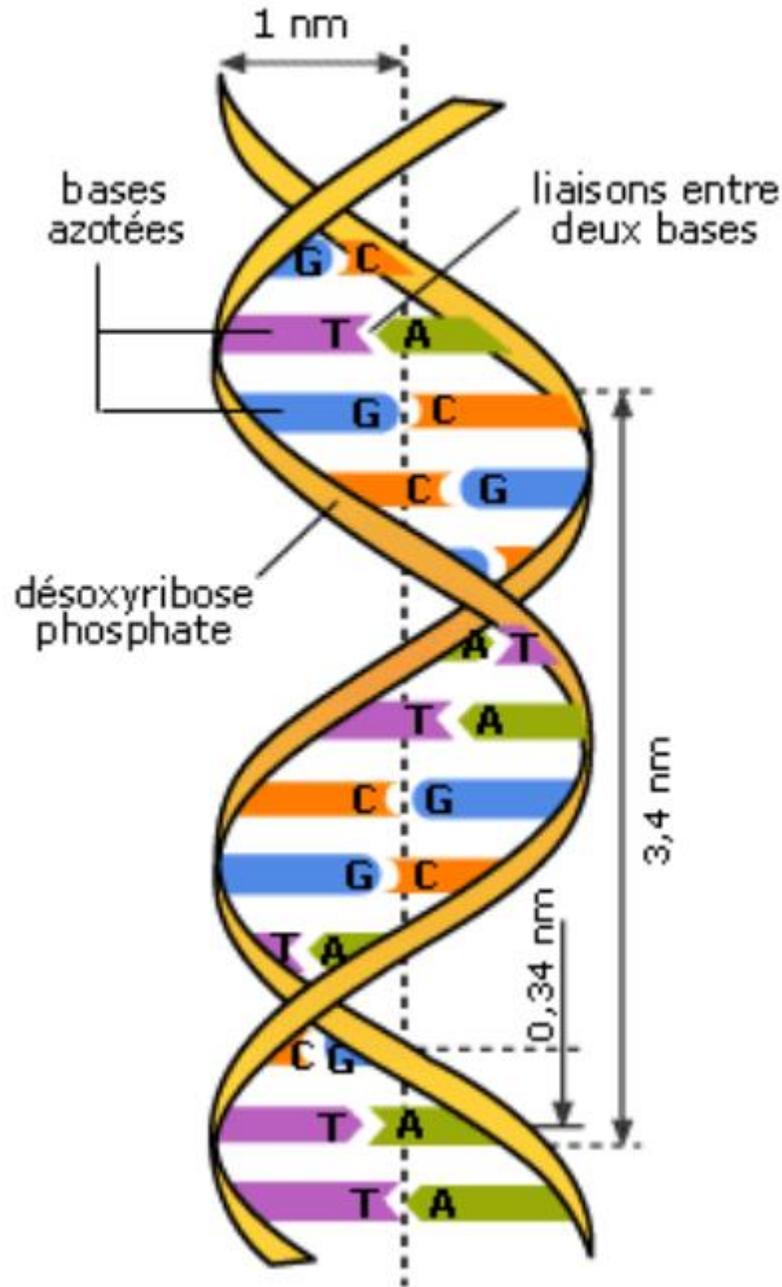
Les chromosomes dans la cellule



L'ADN dans les chromosomes

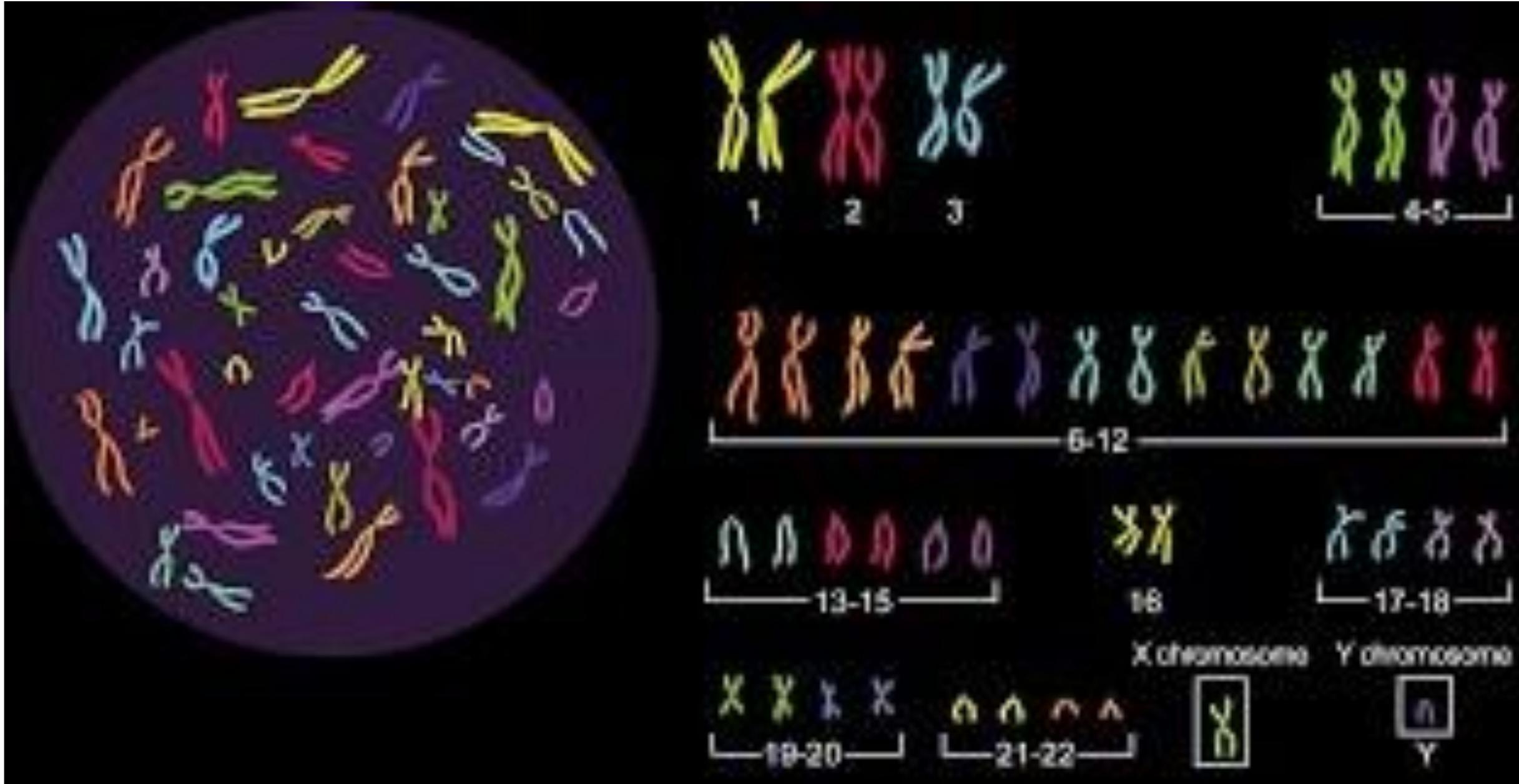


Structure de la molécule d'ADN humaine

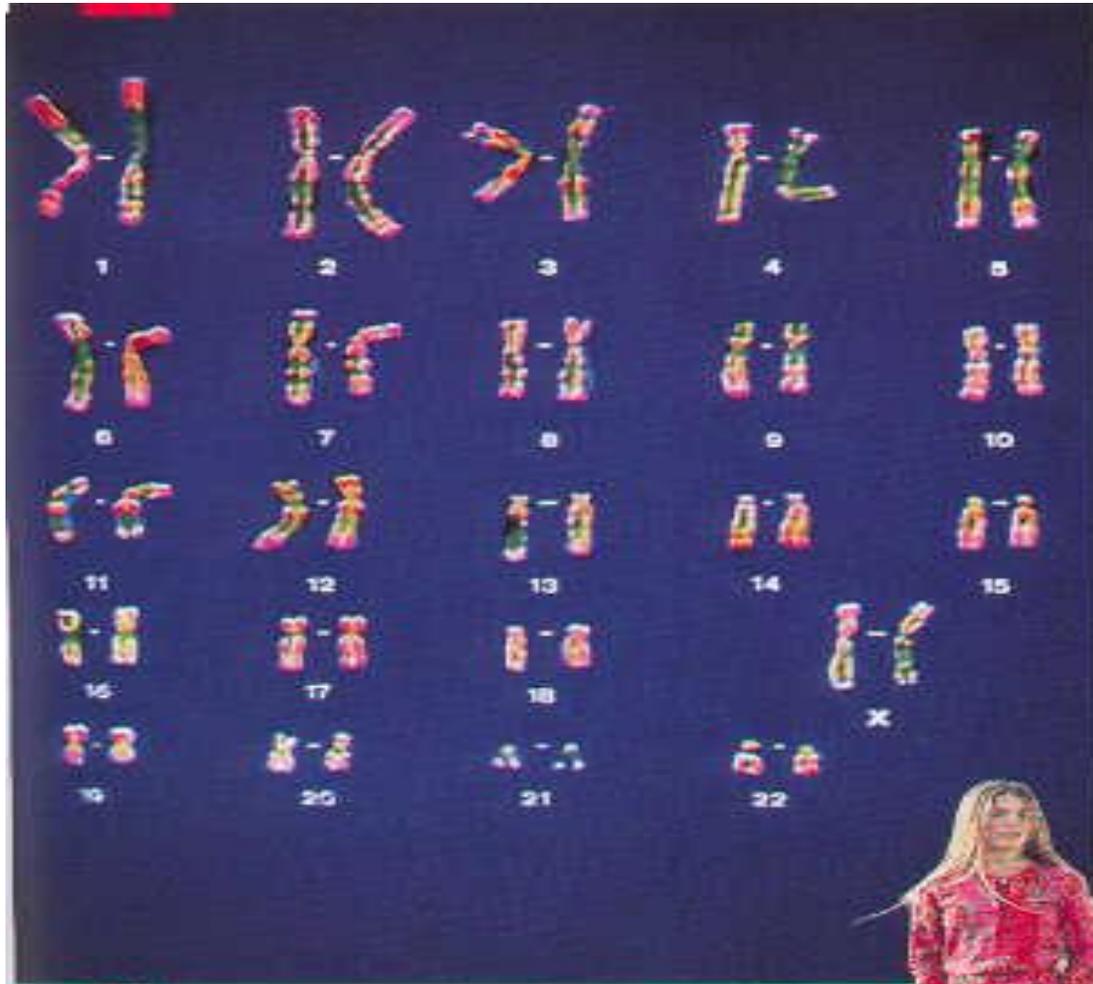


- **deux brins** enroulés en **double hélice**
- chaque brin est composé d'une succession de **nucléotides : A, T, C, G.**
- Les deux brins sont **complémentaires** : (**A** d'un brin et en face de **T** de l'autre brin et **C** est en face de **G**)
- **liaisons hydrogènes** entre les nucléotides complémentaires

Le caryotype d'une cellule



Le caryotype humain



A Le caryotype ordonné d'une femme.

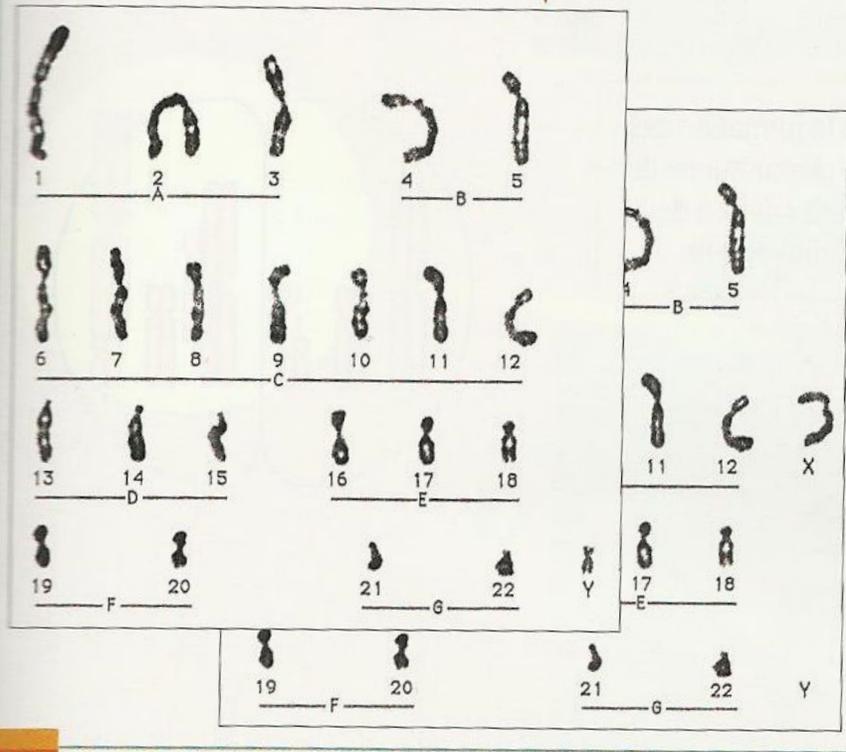


B Le caryotype ordonné d'un homme.



Le caryotype des cellules reproductrices

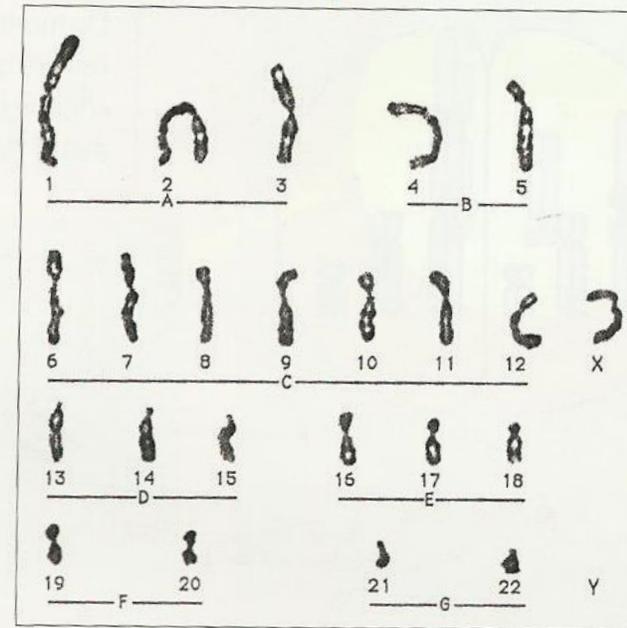
Deux caryotypes possibles
pour les spermatozoïdes



DOC
2

Le caryotype des spermatozoïdes.

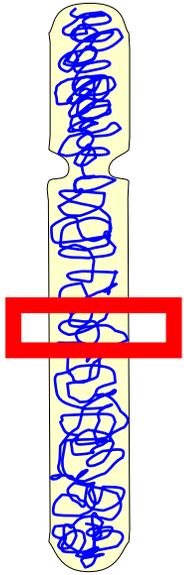
Un seul caryotype pour
les ovules



DOC
3

Le caryotype d'un ovule.

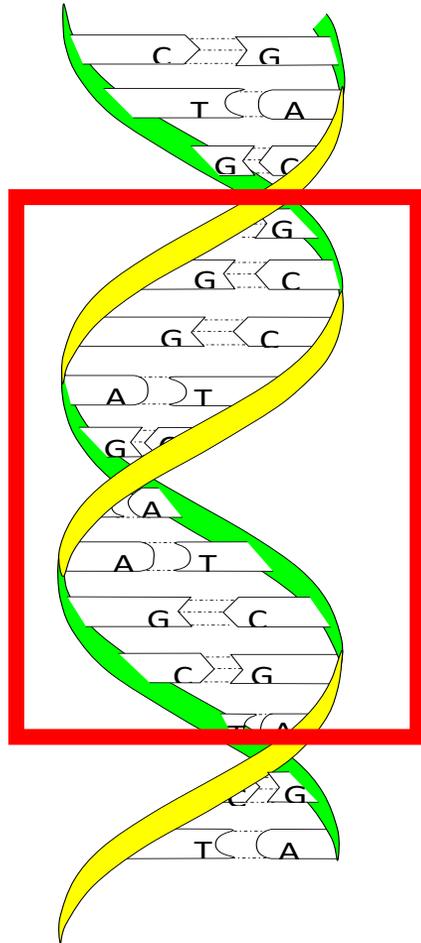
La notion de gène



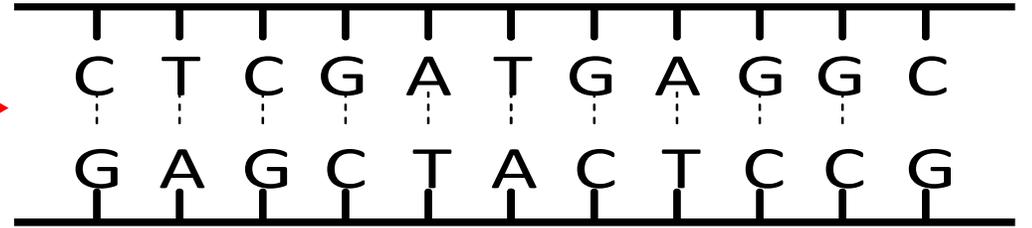
1 chromosome

= 1 molécule d'ADN

1 gène
1 portion de
chromosome...



1 gène
1 segment d'ADN...



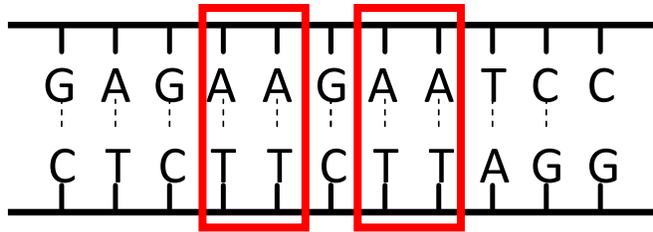
1 gène
1 séquence de
nucléotides...

...qui détermine **un caractère héréditaire**

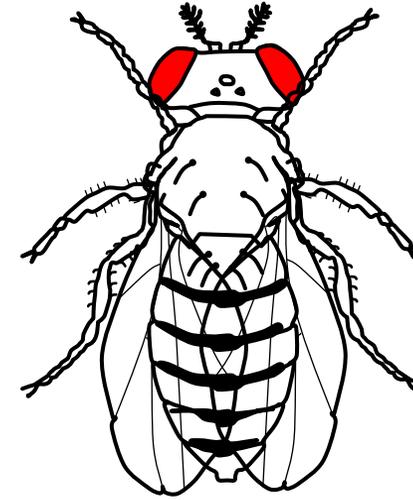


Qu'est ce que c'est **un allèle** ?

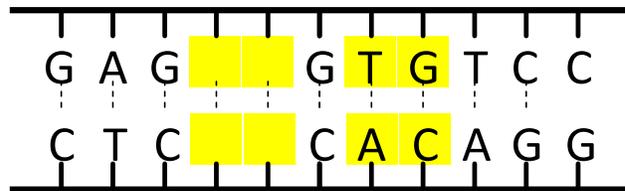
Une mutation crée une nouvelle version d'un gène



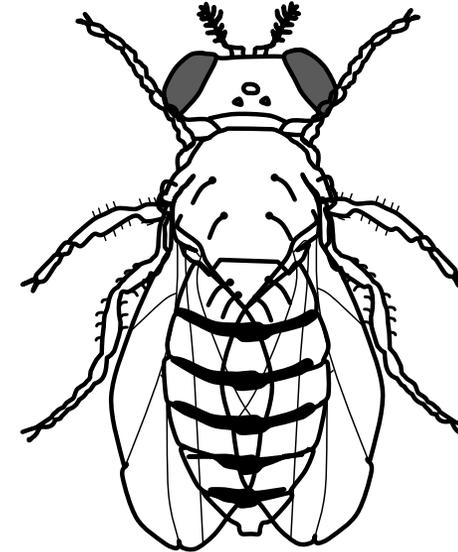
Protéine rouge



MUTATION



Protéine sombre



Nouvel allèle

Les allèles sont les différentes versions d'un gène

Différents **allèles** d'un même gène

Comparaison avec alignement

740 750 760 770 780 790 800 810 820 830 840 850 860

Traitement 0

Identités 0

acod.adn 0

bcod.adn 0

ocod.adn 0

Sélection : 0/5 lignes

GAGCGCCCGCCAGTCCAGGCCTACATCCCAAGGACGAGGGCGATTCTACTACCTGGGGGTTCTTCGGGGGTCGGTGCAGAGGTCAGCGGCTCACCAGGGCCTGCCACCAGGCCATGATGGTC

A C

Comparaison avec alignement

220 230 240 250 260 270 280 290

Traitement 0

Identités 0

acod.adn 0

bcod.adn 0

ocod.adn 0

Sélection : 0/5 lignes

ACCCCAAGCCAAAGGTGCTGACACCGTGGAGGATGTCTCTGGTGGTACCCCTTGGCTGGCTCCCATTGTCTGGGAGGGCACA

Comparaison de trois allèles du gène
groupe sanguin avec le logiciel anagène

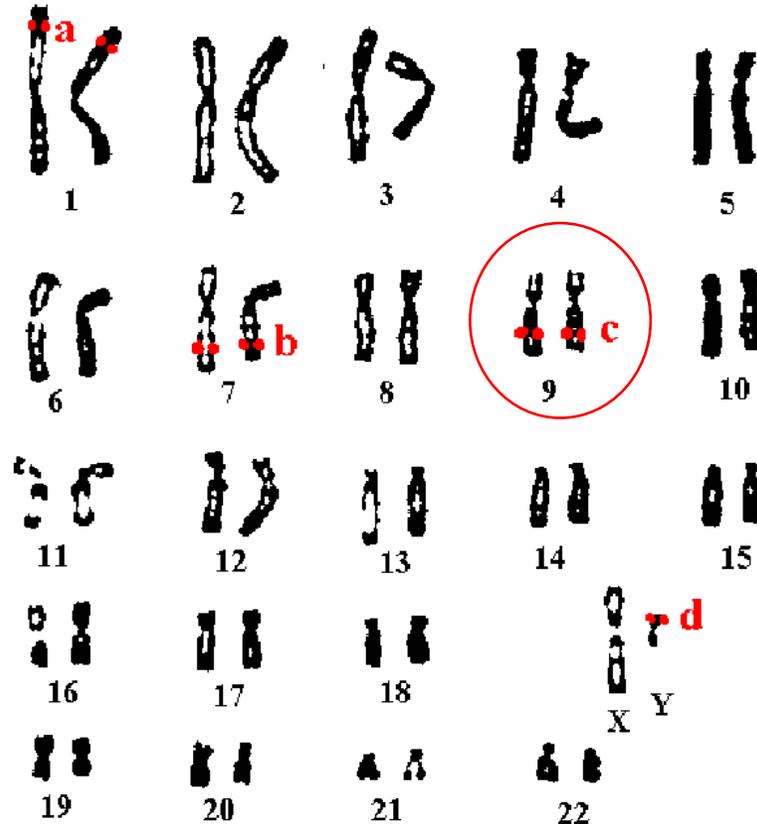
Caryotype, gènes et allèles ...

a : Gène qui détermine le rhésus du groupe sanguin

b : Gène qui, défectueux est à l'origine de la mucoviscidose

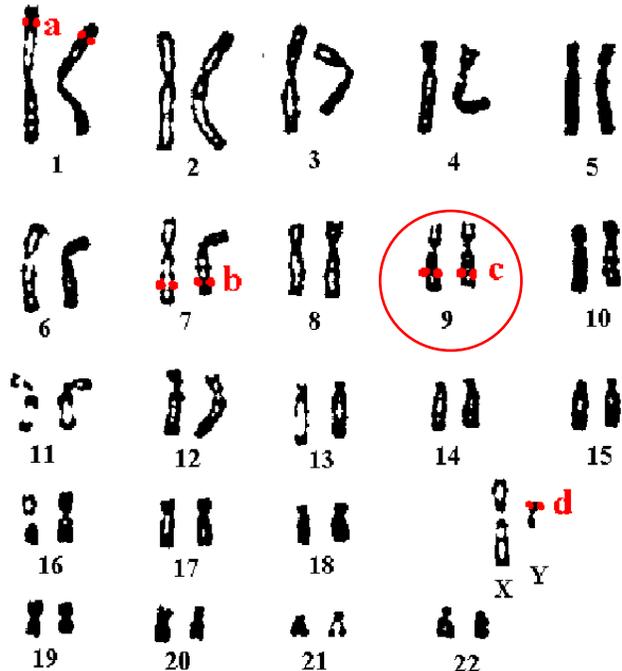
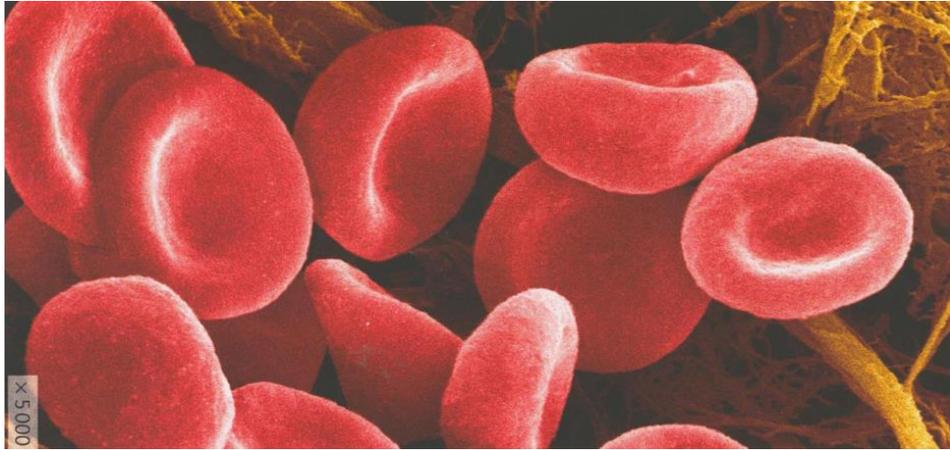
c : Gène qui détermine le groupe sanguin ABO

c : Gène qui détermine le sexe masculin



Caryotype humain classé
(Homme)

Gènes, allèles et caryotype...

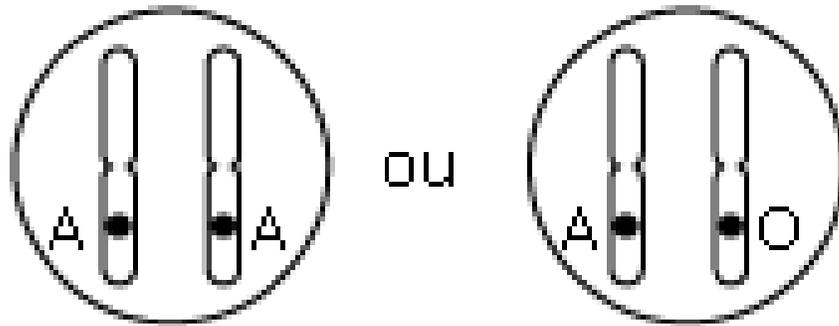


Caryotype humain classé
(Homme)

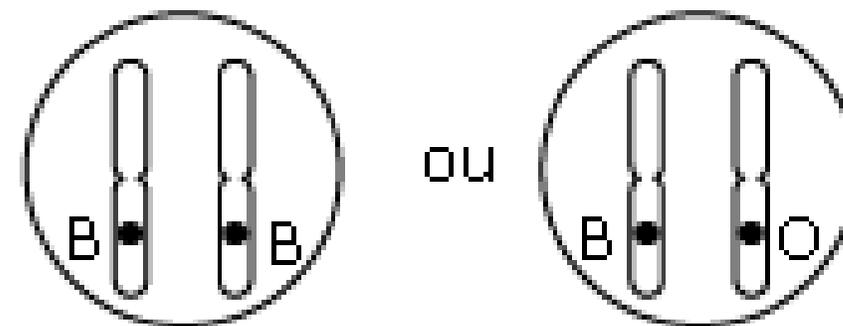
	Groupe A	Groupe B	Groupe AB	Groupe O
	marqueur A	marqueur B		
Hématies				

Les gènes existent sous différentes versions, les allèles

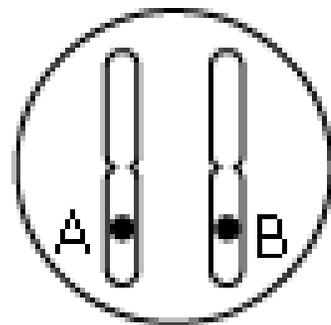
Groupe A



Groupe B

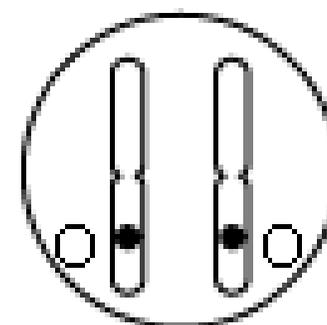


Groupe AB



Hétérozygote

Groupe O



Homozygote

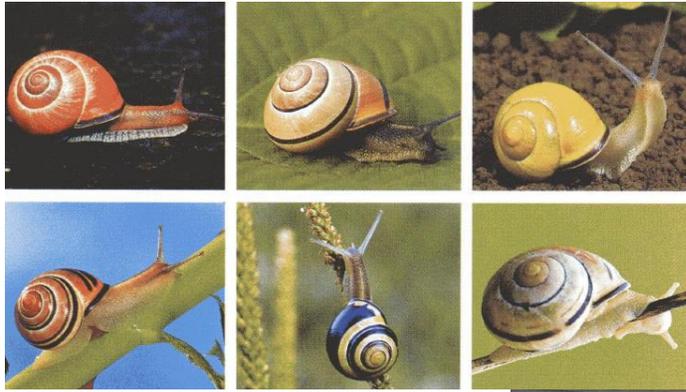


Qu'est ce que c'est ?

La biodiversité

Quelles sont les échelles de définition de la biodiversité?

Biodiversité = diversité du vivant



Diversité des écosystèmes



Diversité des espèces dans un écosystème = diversité **spécifique**



Diversité des individus au sein d'une espèce = biodiversité **intra spécifique**



Diversité des individus au sein d'une espèce = biodiversité intra spécifique

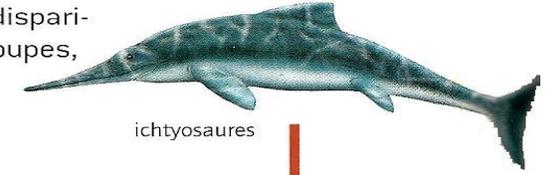


La biodiversité intra spécifique est due à la diversité des allèles



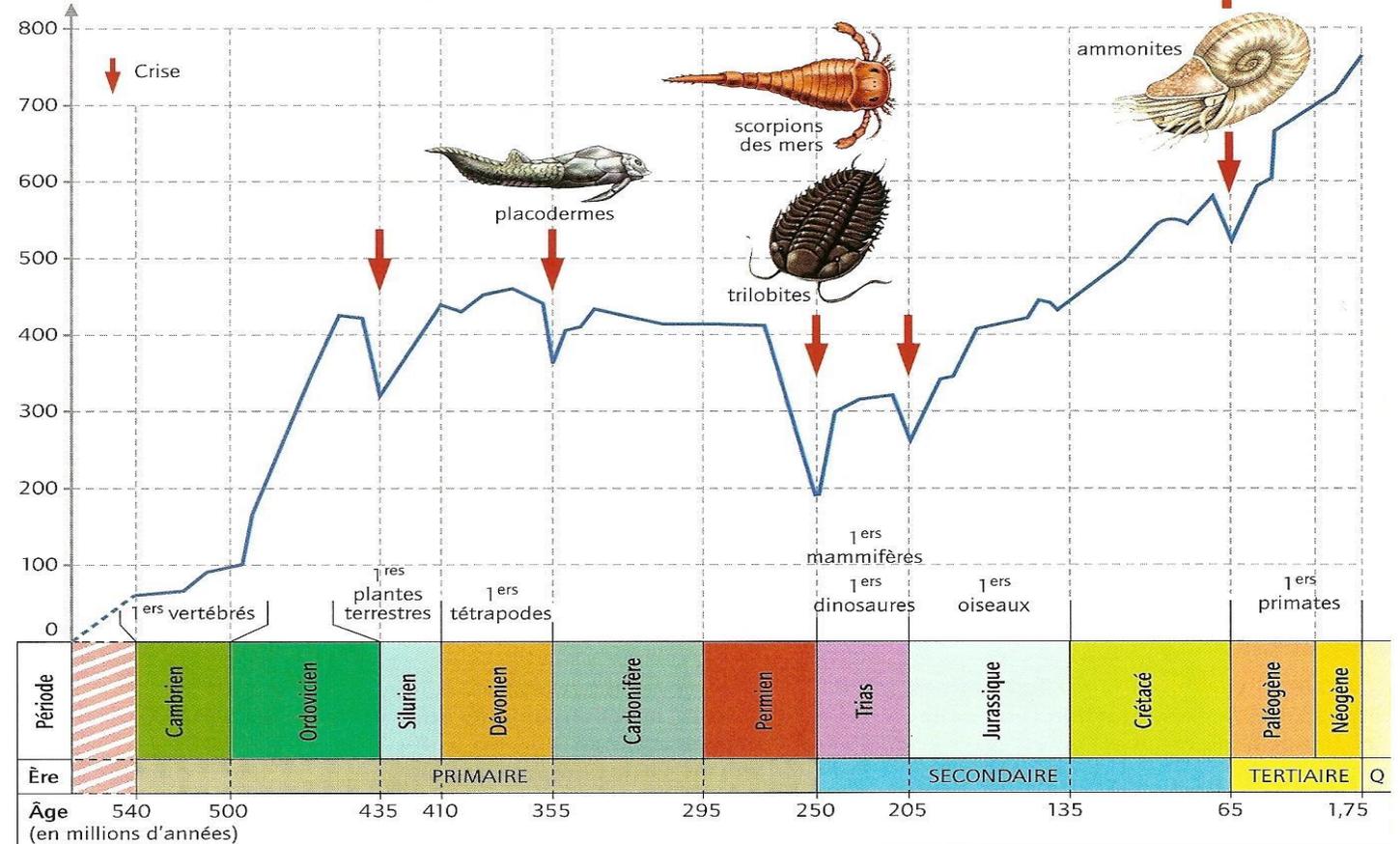
Evolution de la biodiversité

Certaines crises de la biodiversité (ou crises biologiques) entraînent la disparition brutale et simultanée de nombreuses espèces dans de nombreux groupes, et parfois de groupes entiers : ce sont des crises majeures responsables d'une extinction en masse.



ichthyosaures

Diversité (en nombres de familles marines)



CRISES suivies de périodes de diversifications

Variation de la diversité animale du milieu marin au cours des 600 derniers millions d'années. Au-dessus de l'échelle des temps sont indiquées les périodes d'apparition de quelques groupes (marins ou terrestres) encore présents aujourd'hui. Les groupes dessinés sont **éteints** : ils sont placés sur la courbe au moment de leur **extinction**.



Comment a évolué la biodiversité au cours du temps ?

Grâce aux mécanismes de l'évolution :

- Des **mutations** font fait apparaitre de nouveaux allèles => nouvelles versions d'un caractère
- Les nouveaux allèles sont soumis à la **sélection naturelle** et à la **dérive génétique** => variation de la **fréquence des allèles** dans une population

Comment fonctionne la sélection naturelle et la dérive génétique ?

Sélection naturelle

Si l'allèle apparu confère un **avantage** à l'individu qui le porte



Cet individu a **plus de chance** de survivre et de se reproduire



Plus de descendants auxquels il transmet cet allèle avantageux



L'allèle avantageux **se répand** dans la population (sa fréquence augmente)

Si l'allèle apparu confère un **désavantage** à l'individu qui le porte



Cet individu a **moins de chance** de survivre et de se reproduire



Moins de descendants donc il transmettra moins cet allèle désavantageux

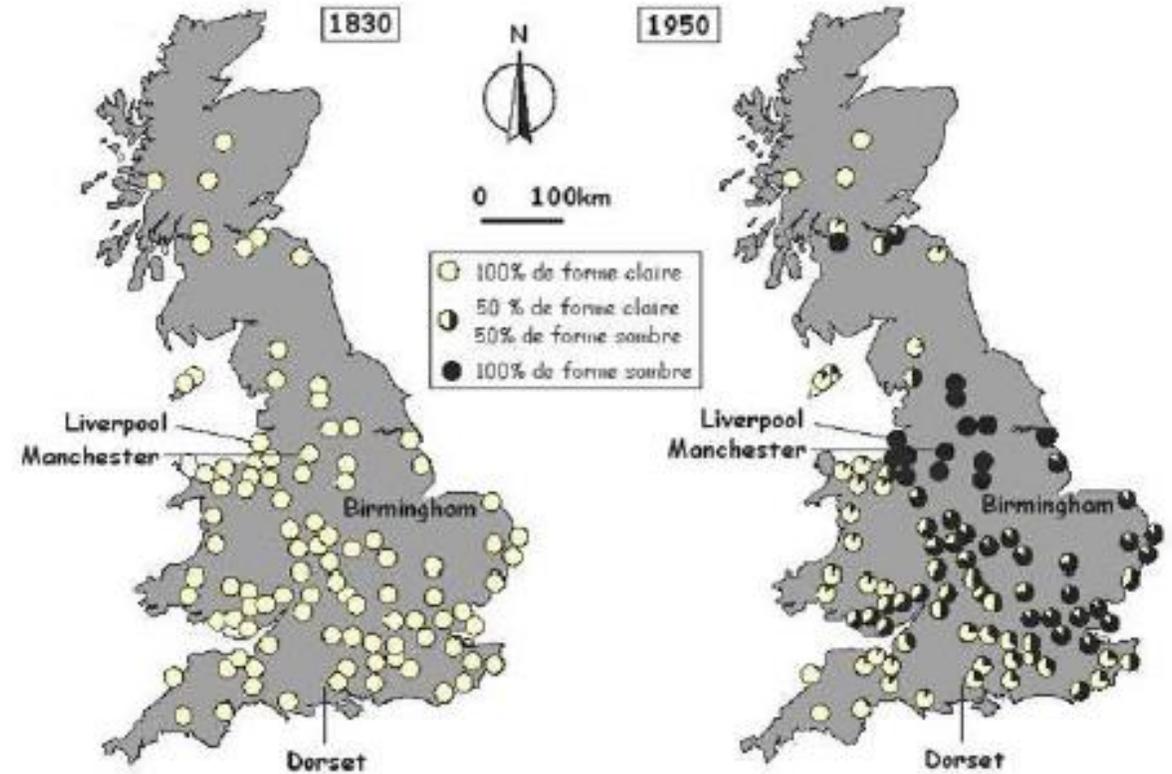
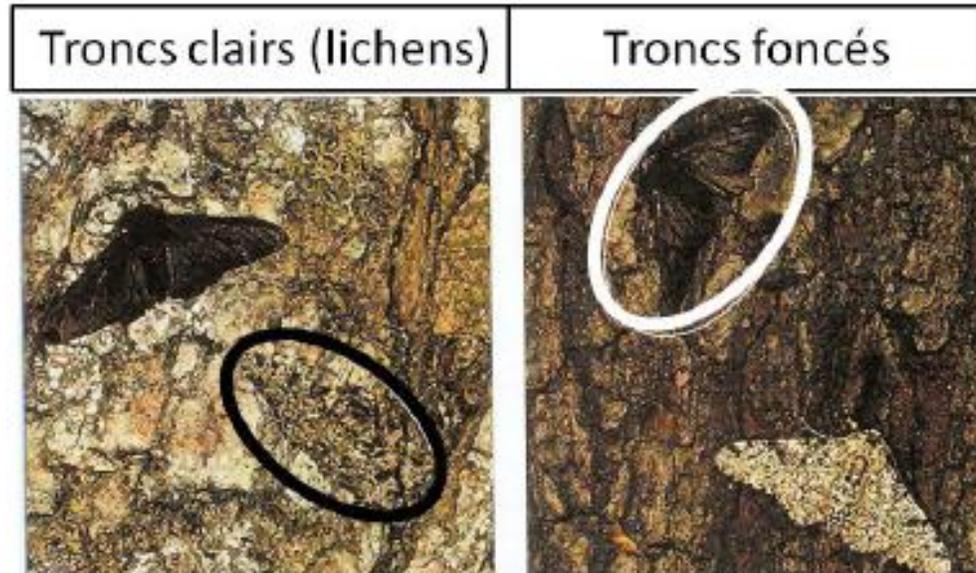


L'allèle avantageux **régresse et peut même disparaître** dans la population (sa fréquence diminue)

Sélection naturelle

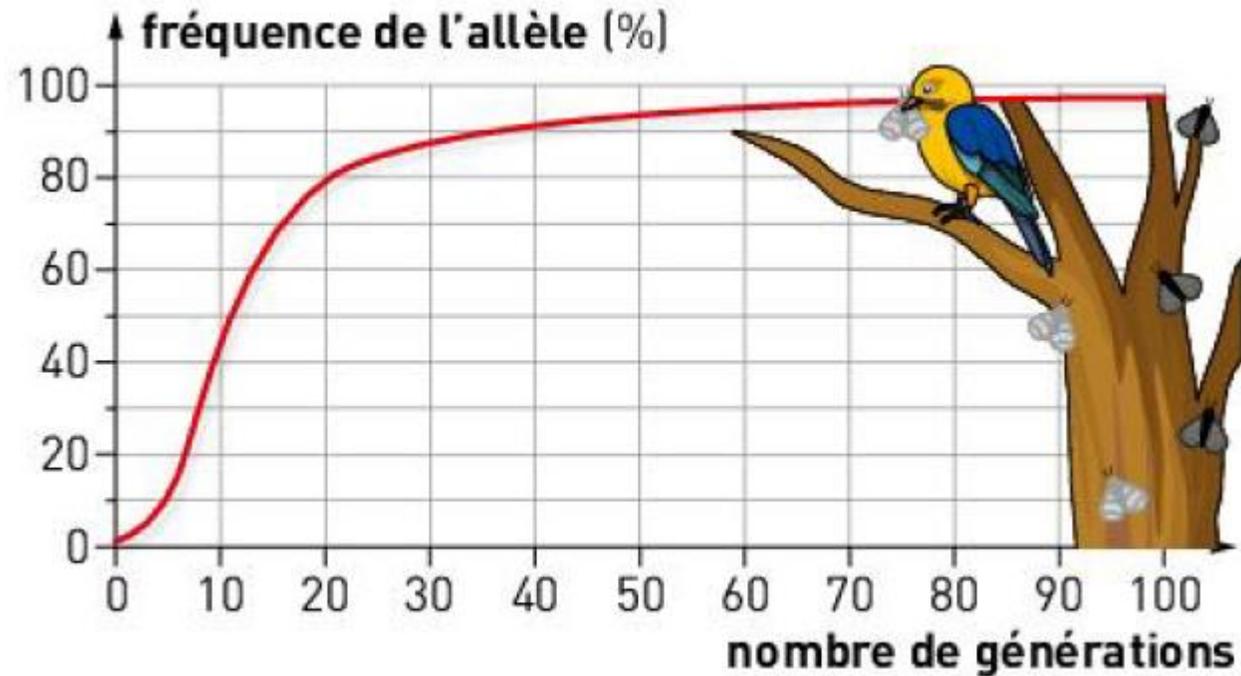
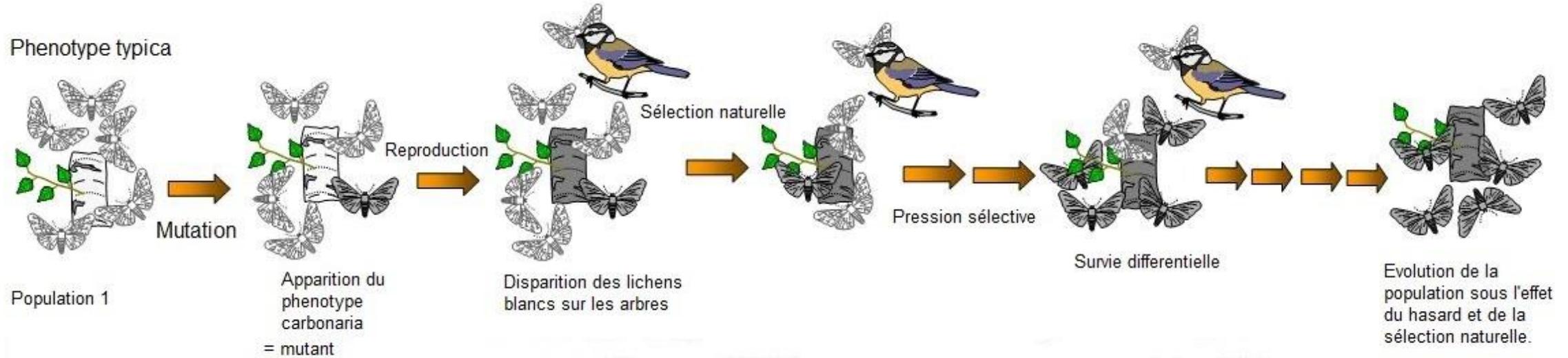
Document 2 : Evolution des différentes formes de la Phalène du Bouleau

Avant 1950, la phalène claire était fortement majoritaire (fréquence supérieure à 99%). A partir de 1950, la **région de Manchester** devient une région industrielle en plein essor avec des industries très polluantes (mines de charbon). La pollution a pour effet de faire disparaître les lichens et de noircir les troncs des bouleaux.



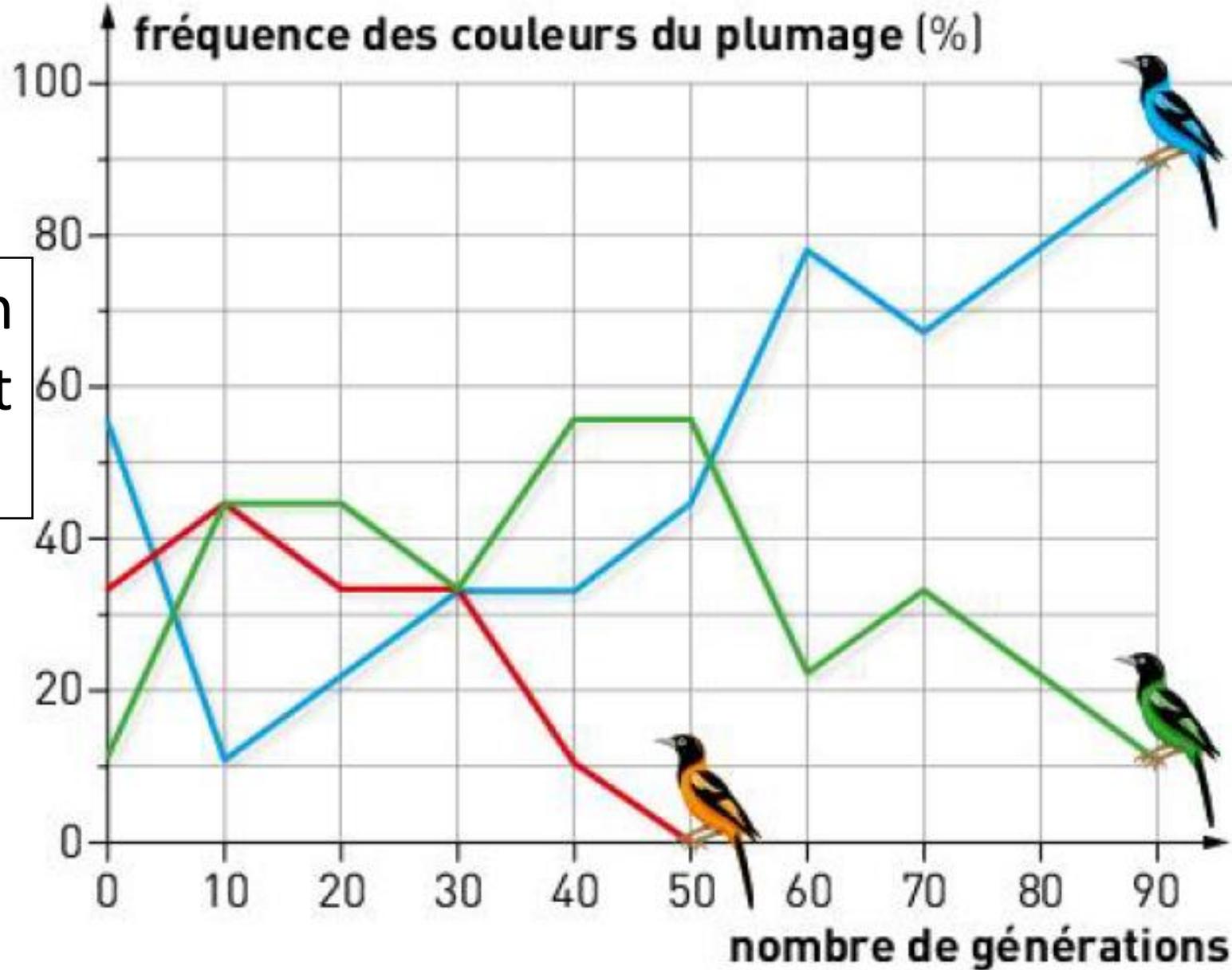
FREQUENCE DES FORMES SOMBRE ET CLAIRE DE PHALENES EN GRANDE-BRETAGNE EN 1830 ET 1950

Sélection naturelle

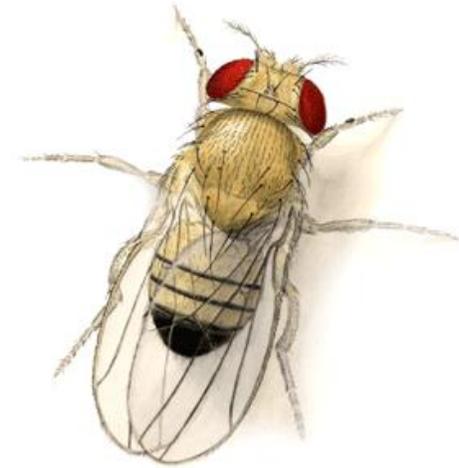
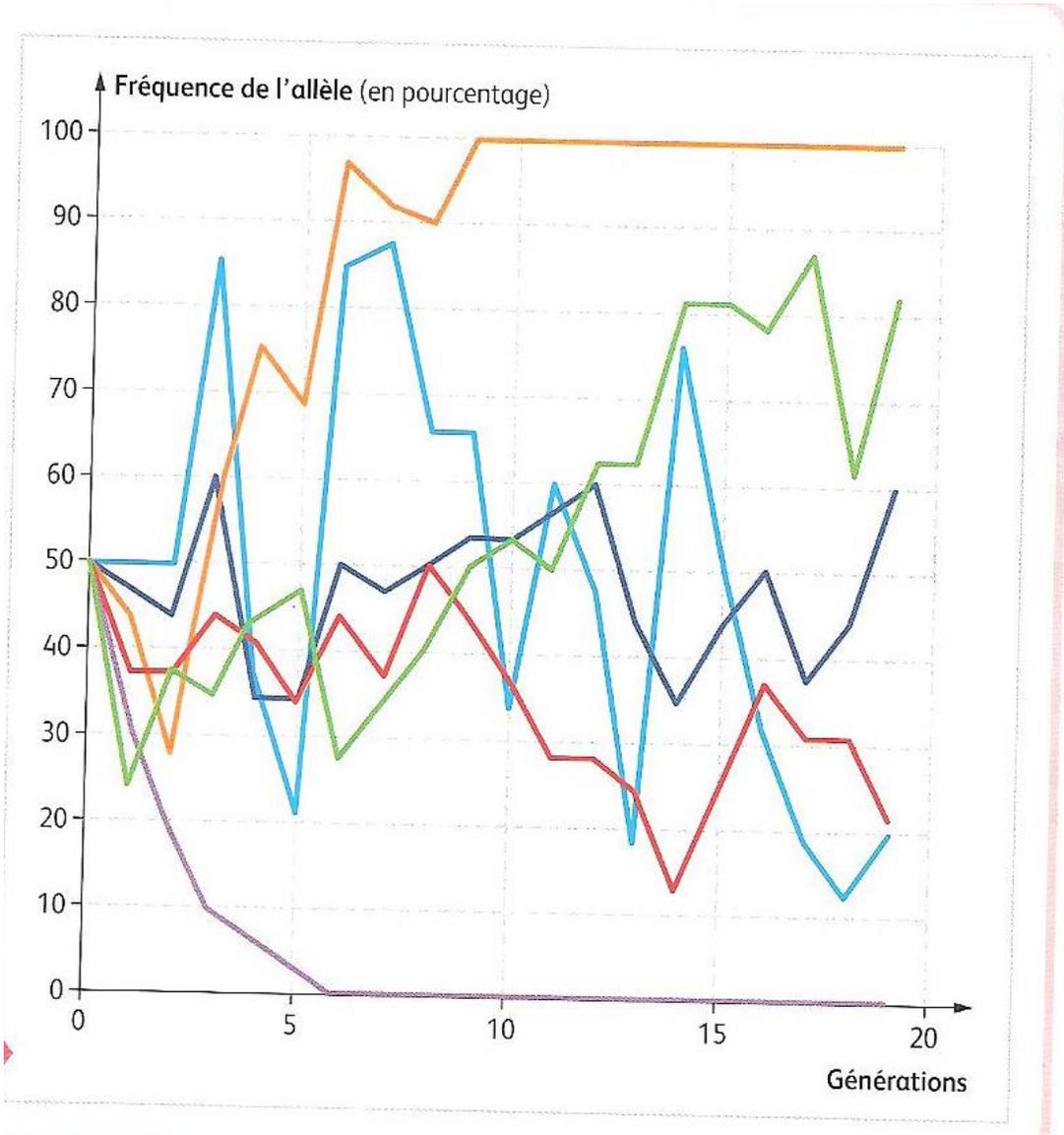


Dérive génétique

Variation de la transmission des allèles due uniquement au **hasard**

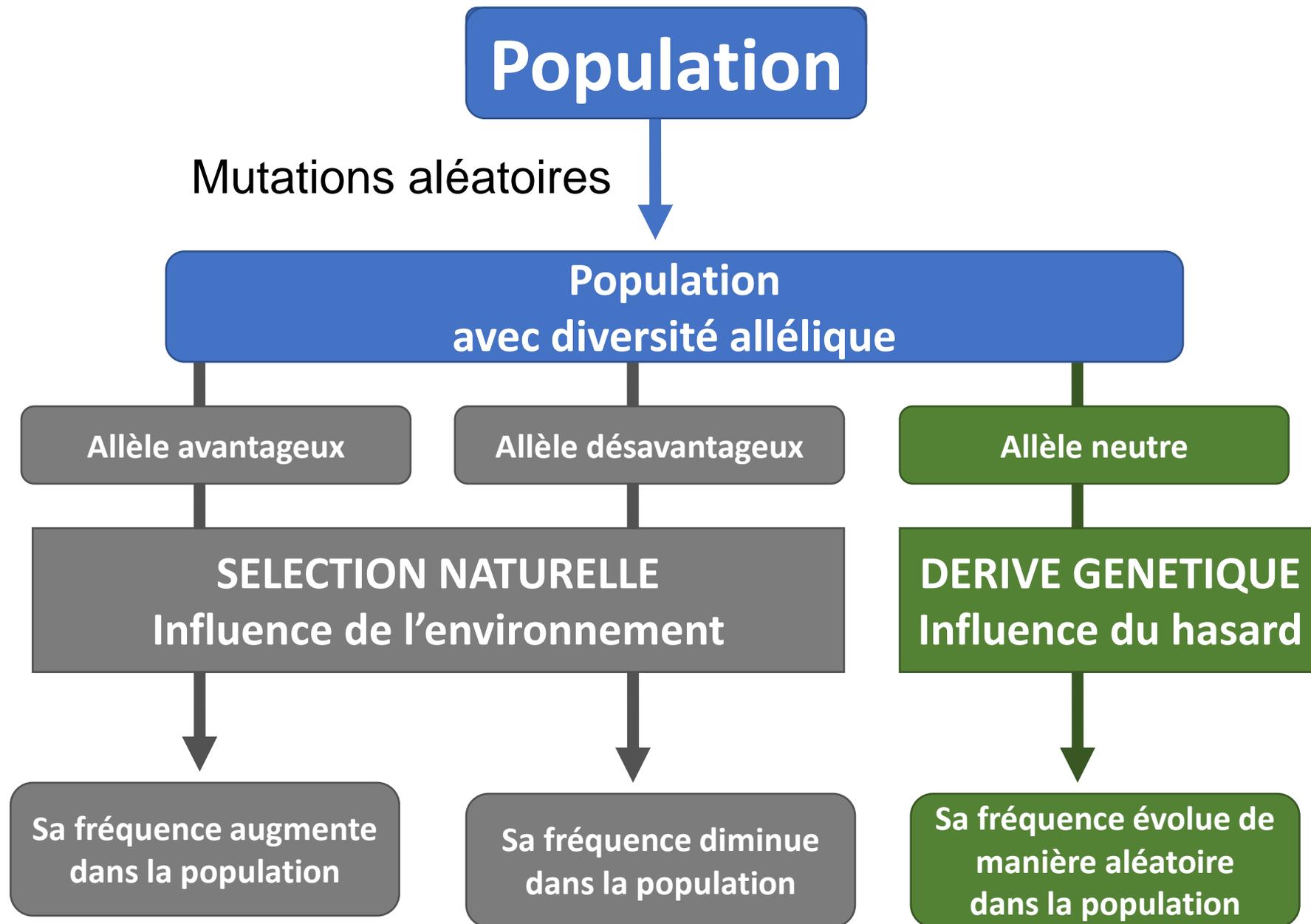


Si l'allèle apparu ne confère ni avantage ni inconvénient : la dérive génétique

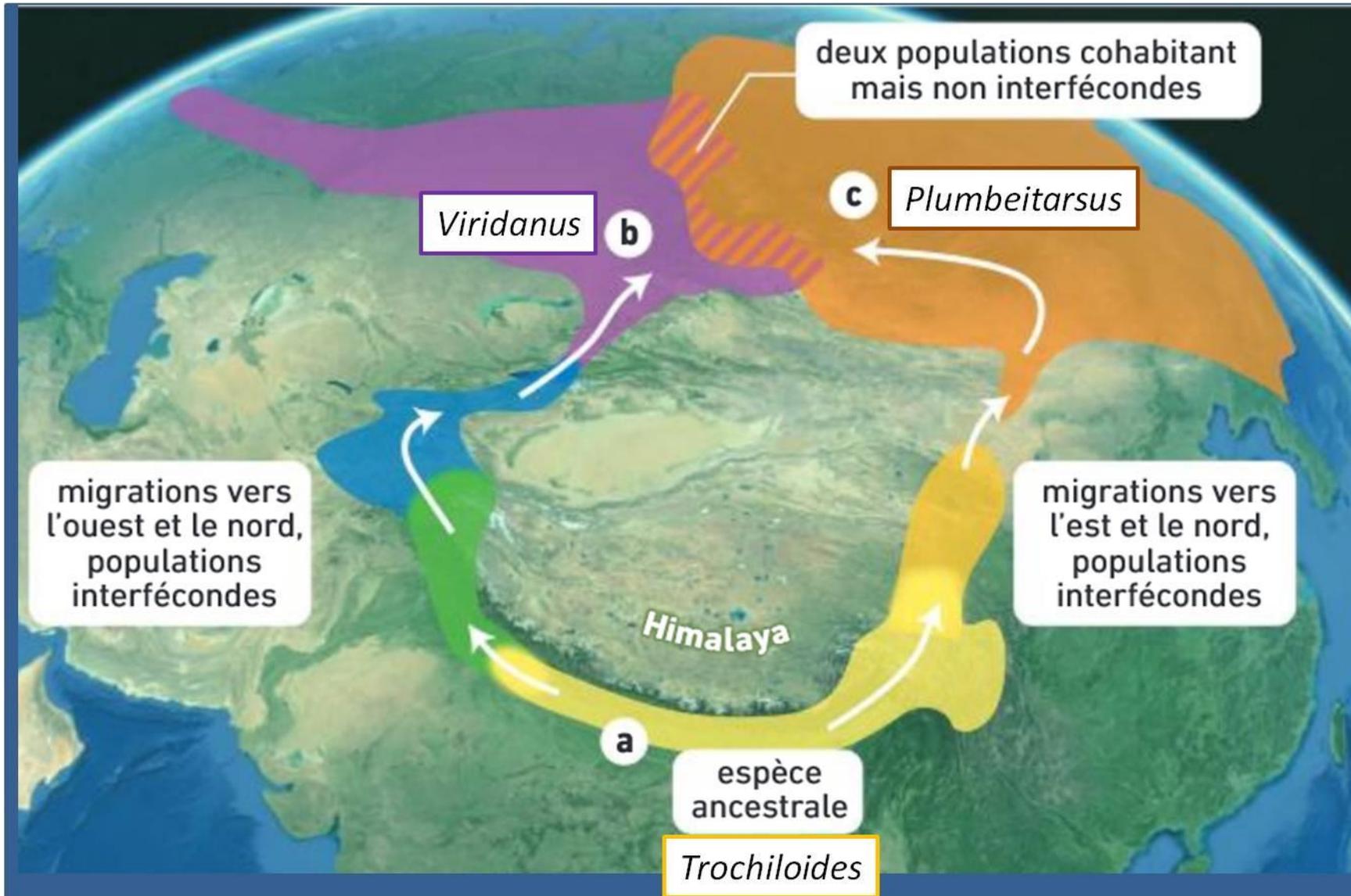


L'évolution de la fréquence de l'allèle dans la population se fait de manière aléatoire (au hasard) : sa fréquence peut augmenter, diminuer ou rester constante => dérive génétique

Plus une population est de petite taille, plus l'effet de la dérive génétique est important



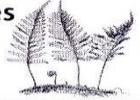
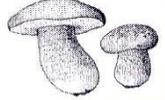
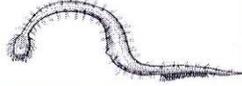
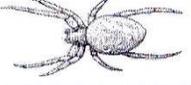
La spéciation chez le pouillot verdâtre.



Migrations progressives de populations de pouillots verdâtres.

Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

La biodiversité actuelle et passée

Nom du groupe (espèce représentée)	Nombre d'espèces connues
Bactéries (<i>Nitrosomonas</i>) 	10 600
Végétaux vasculaires (Polypode) 	245 500
Champignons (Cèpe de Bordeaux) 	100 000
Vertébrés (Mormyre) 	50 900
Nématodes (<i>Draconema</i>) 	20 000
Mollusques (Moule) 	117 500
Arthropodes	956 400
Arachnides (Épeire) 	74 500
Insectes (Machaon) 	827 000
Malacostracés (crustacés) (Gammare) 	22 700
Autres arthropodes	32 200
Autres groupes	259 700
Total	1 760 600

On estime à environ 30 millions le nombre d'espèces différentes vivant actuellement à la surface de la Terre.

Les êtres vivants actuels ne représentent que 1% des espèces ayant peuplé la planète depuis l'apparition de la vie.

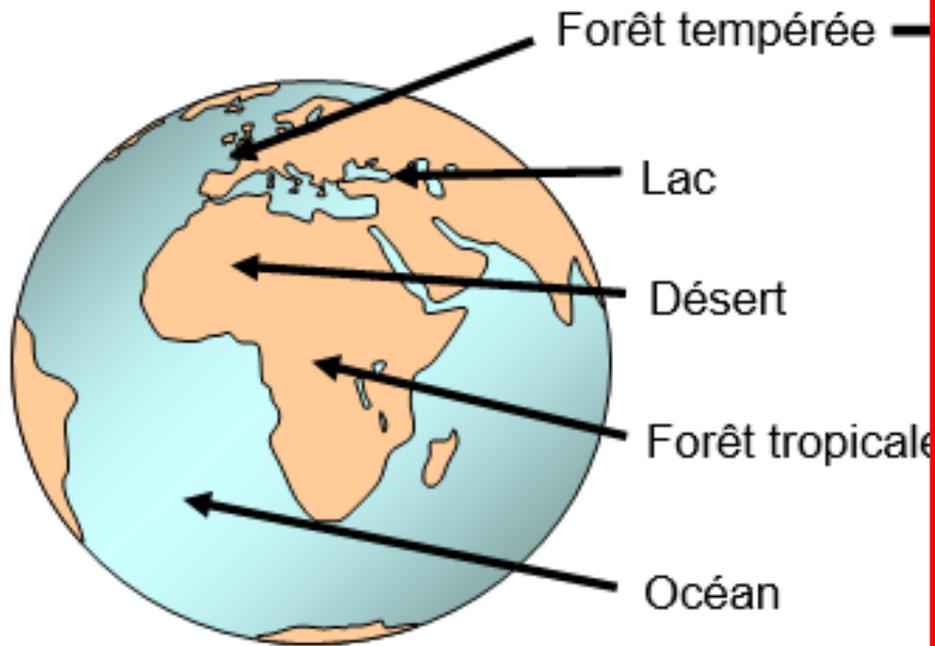
Comment peut-on estimer la biodiversité ?

Nombre d'espèces actuellement connues sur Terre

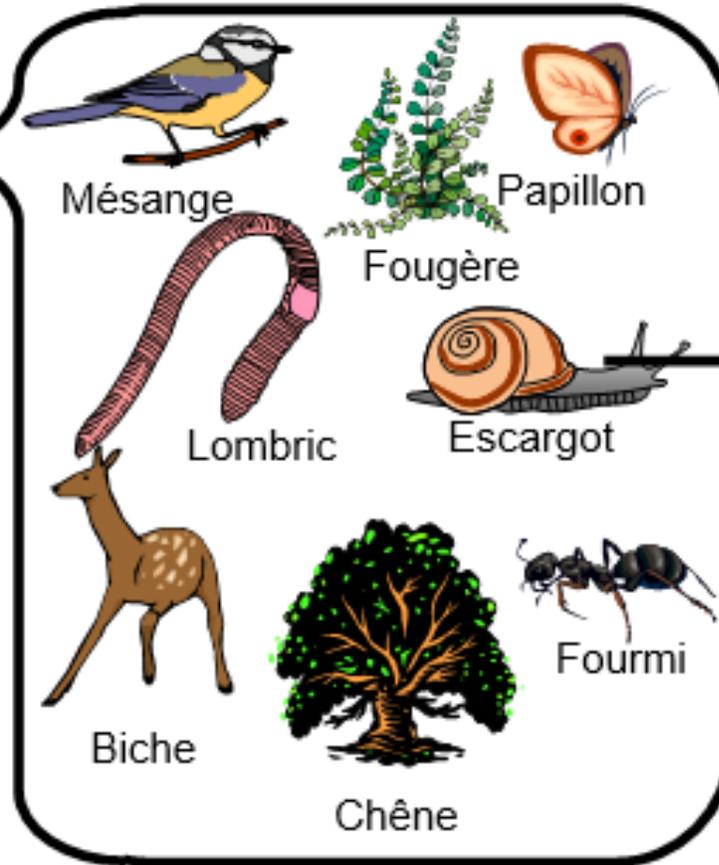
Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

I. Estimer la biodiversité

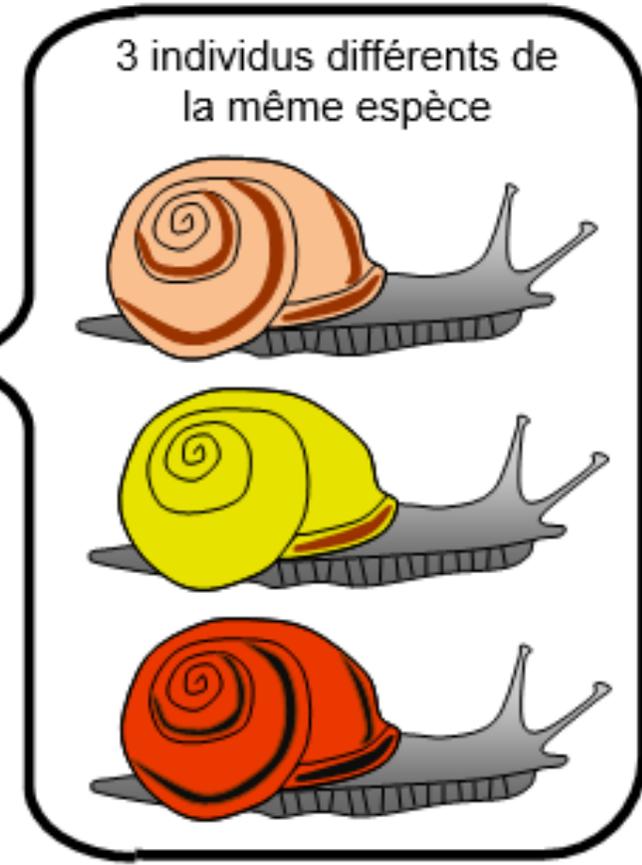
La biodiversité : 3 niveaux d'étude



1 - Biodiversité des **écosystèmes**



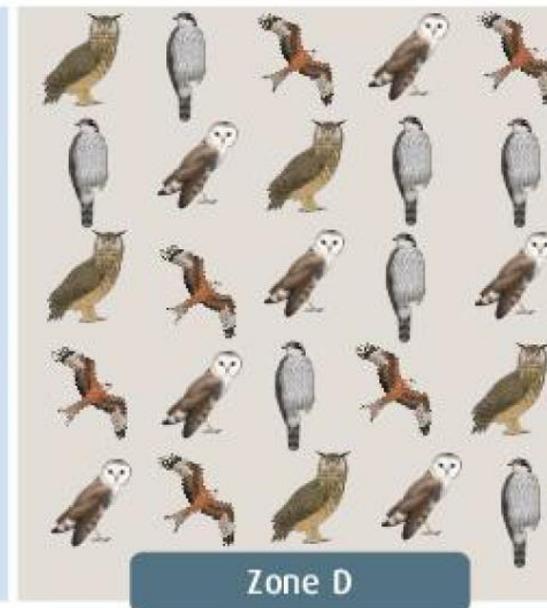
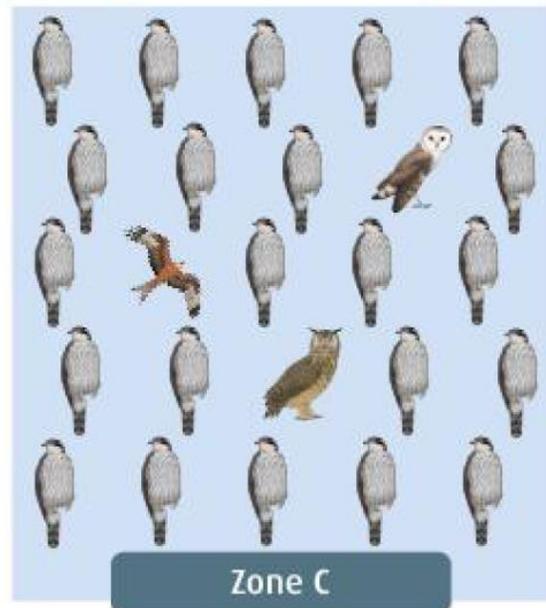
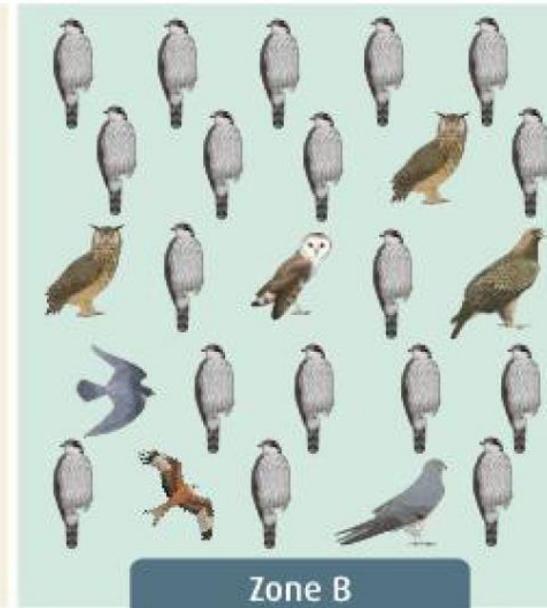
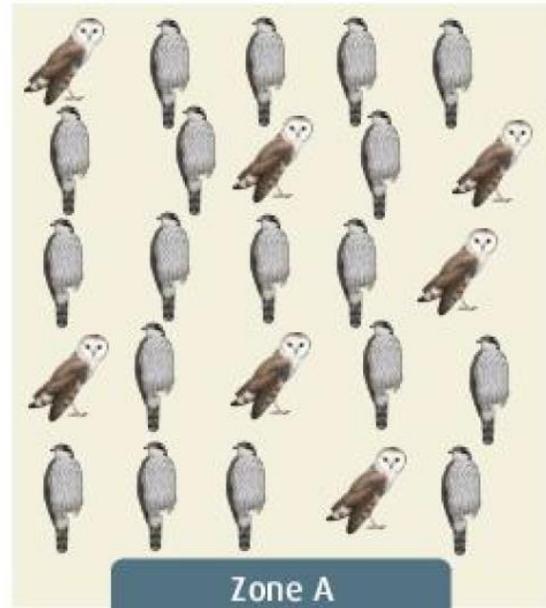
2 - Biodiversité des **espèces** = **biodiversité spécifique**



3 - Biodiversité **intraspécifique**
= **génétique**

Estimer la biodiversité

Dans quelle zone la biodiversité est-elle la plus importante ? Pourquoi ?



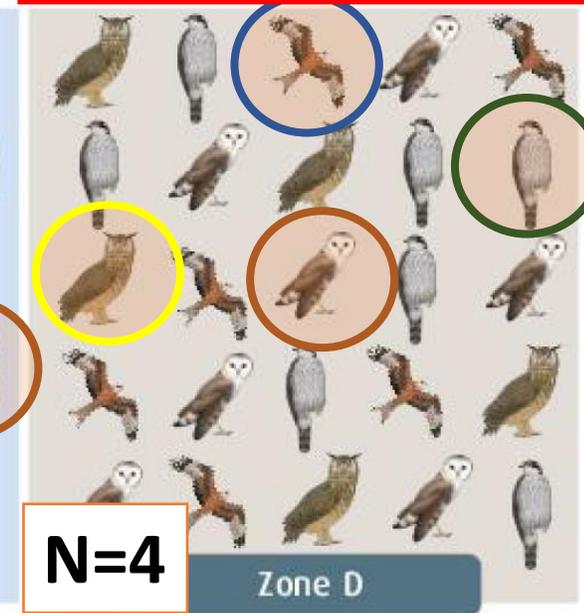
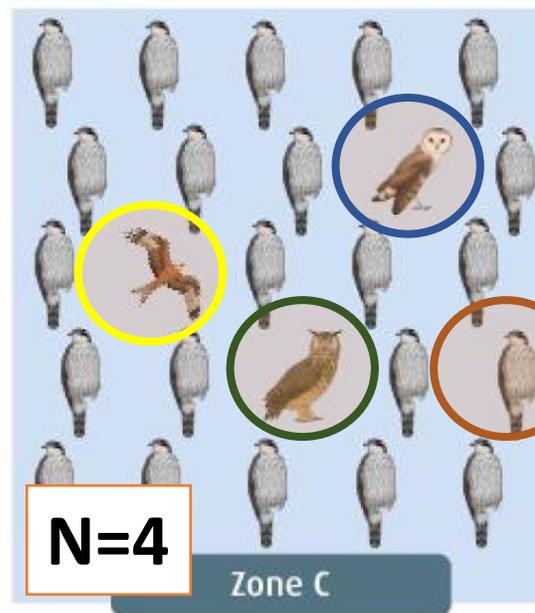
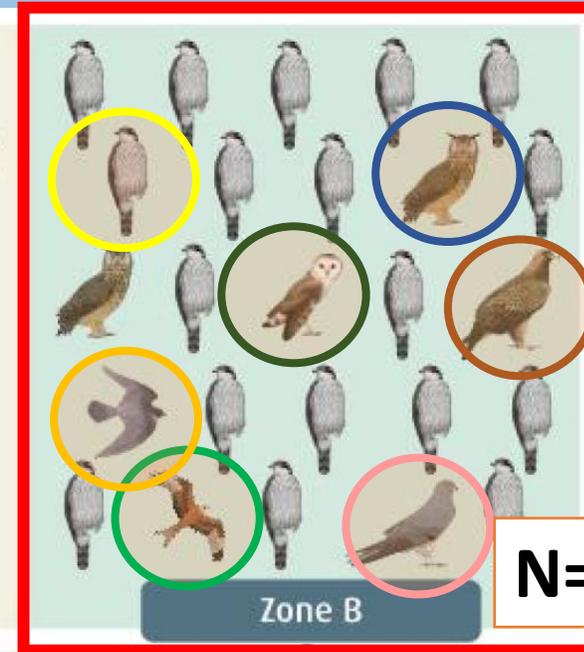
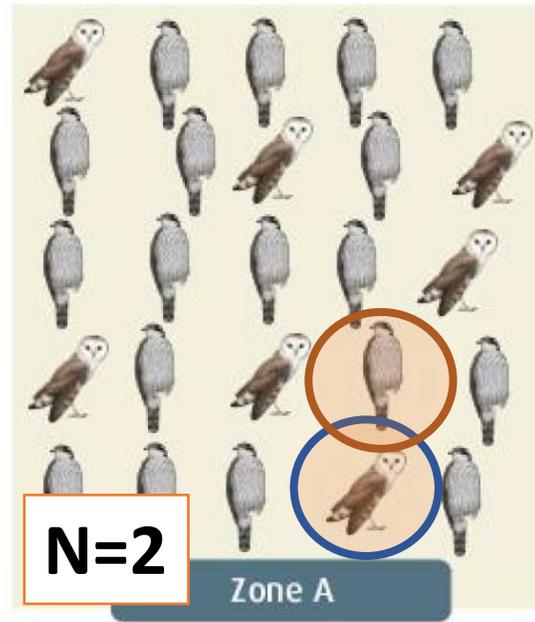
-  Autour des palombes
-  Effraie des clochers
-  Grand-duc d'Europe
-  Aigle royal
-  Busard cendré
-  Milan royal
-  Faucon pèlerin

(belin)

Estimer la biodiversité

Dans quel zone la biodiversité est la plus importante ?

Richesse spécifique =
Nb d'espèces \neq



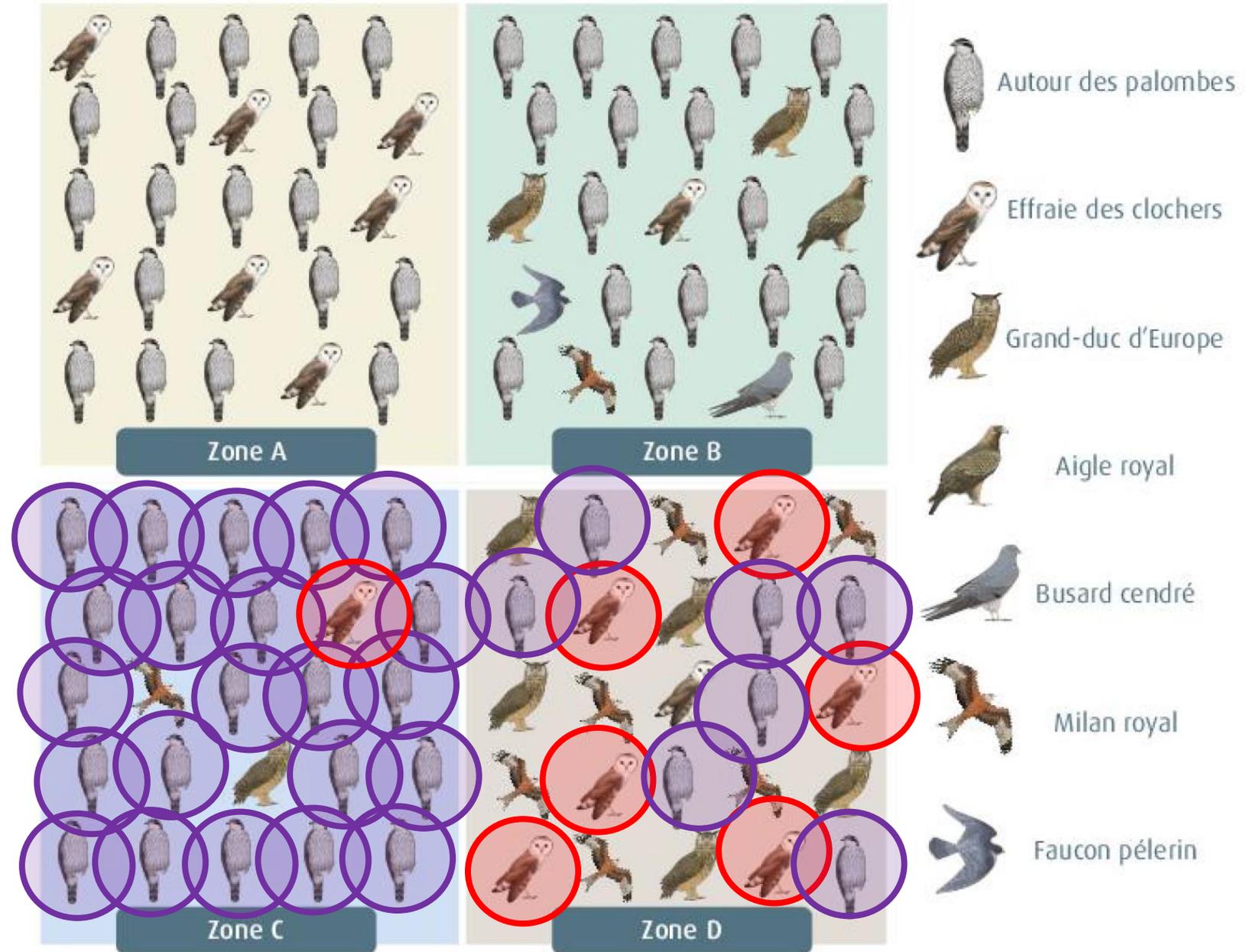
- Autour des palombes
- Effraie des clochers
- Grand-duc d'Europe
- Aigle royal
- Busard cendré
- Milan royal
- Faucon pèlerin

Estimer la biodiversité

Dans quel zone la biodiversité est la plus importante ?

Richesse spécifique =
Nb d'espèces ≠

Abondance = Nb
d'individus par espèce



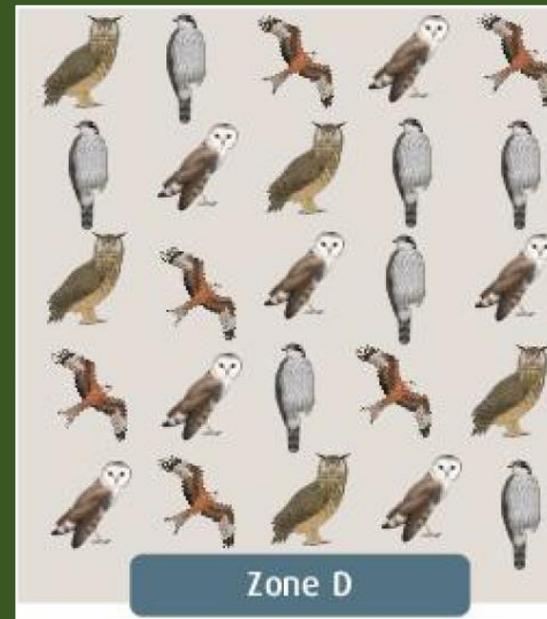
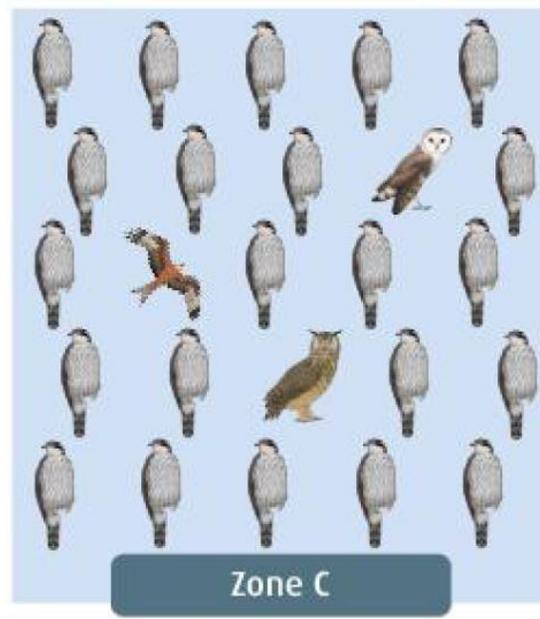
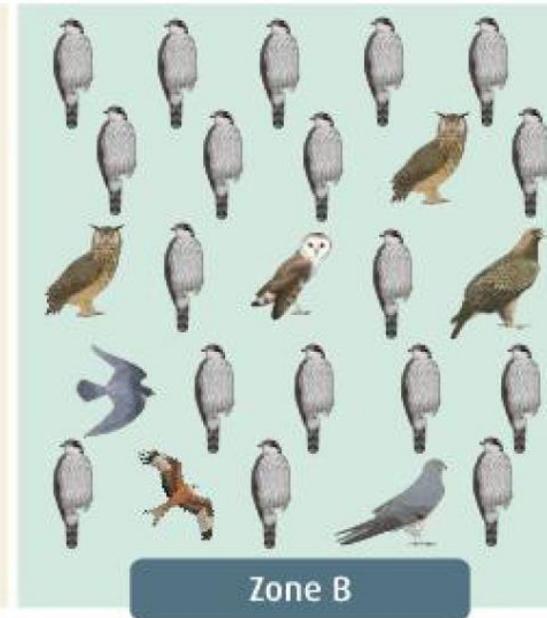
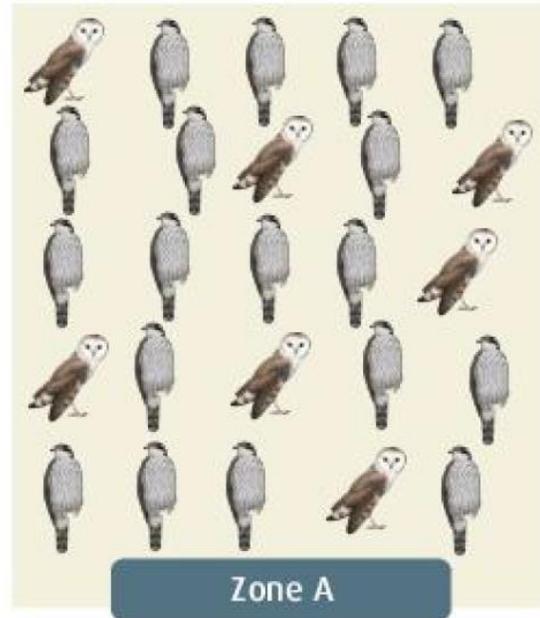
Estimer la biodiversité

Dans quel zone la biodiversité est la plus importante ?

Richesse spécifique =
Nb d'espèces \neq

Abondance = Nb
d'individus par espèce

Equitabilité = Abondance
bien répartie entre les
espèces

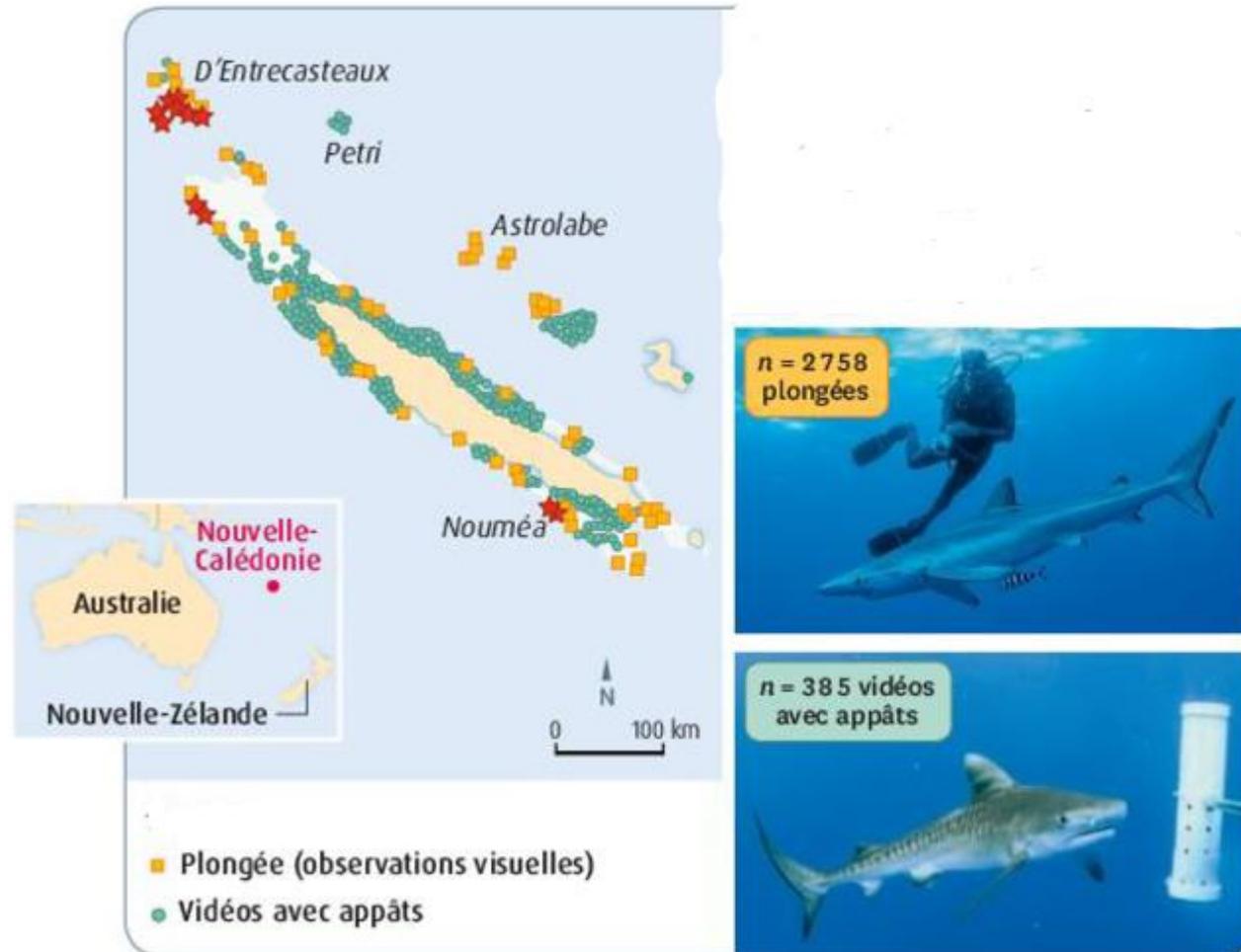


-  Autour des palombes
-  Effraie des clochers
-  Grand-duc d'Europe
-  Aigle royal
-  Busard cendré
-  Milan royal
-  Faucon pèlerin

1. Estimer la richesse spécifique

Estimer la richesse spécifique
par **échantillonnage direct**

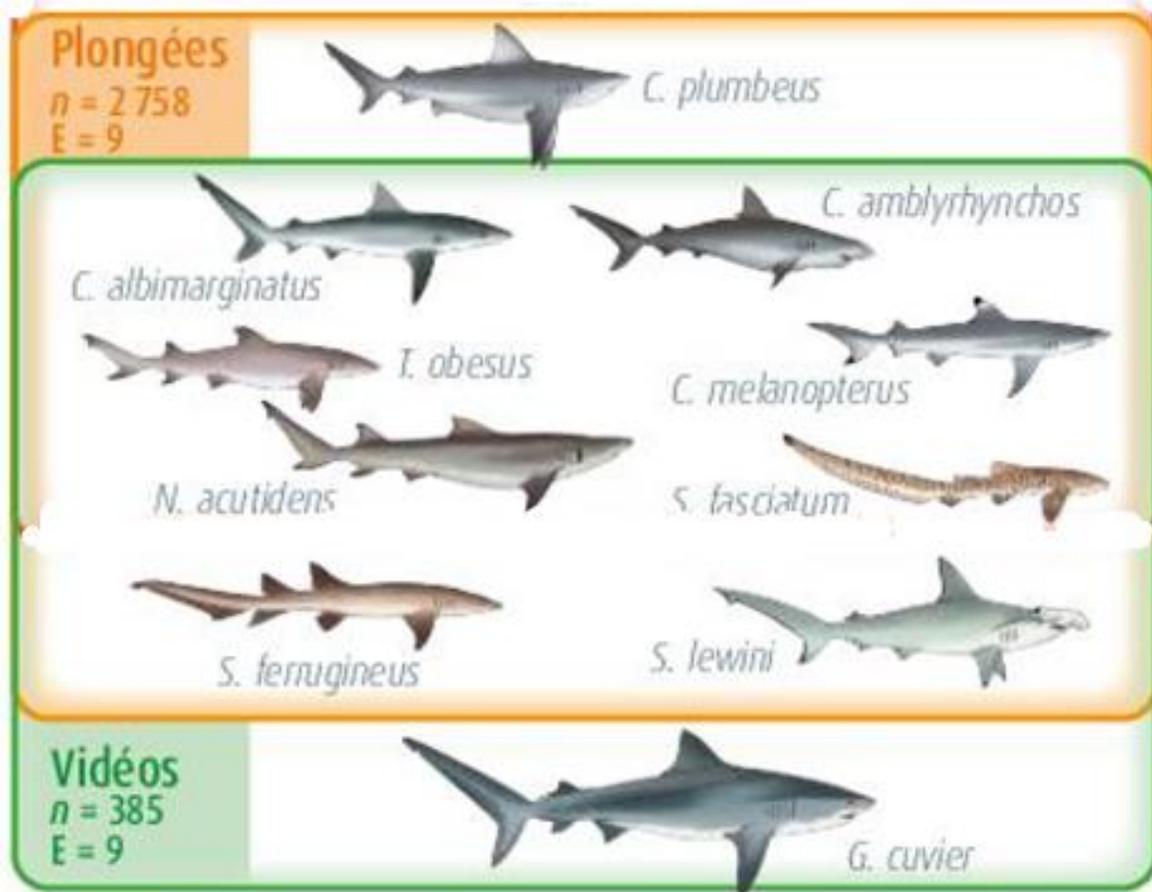
Méthodes non invasives pour estimer la biodiversité



DOC 4 Techniques d'échantillonnage utilisées pour estimer la biodiversité des requins en Nouvelle-Calédonie.

(belin)

Méthodes non invasives pour quantifier la biodiversité



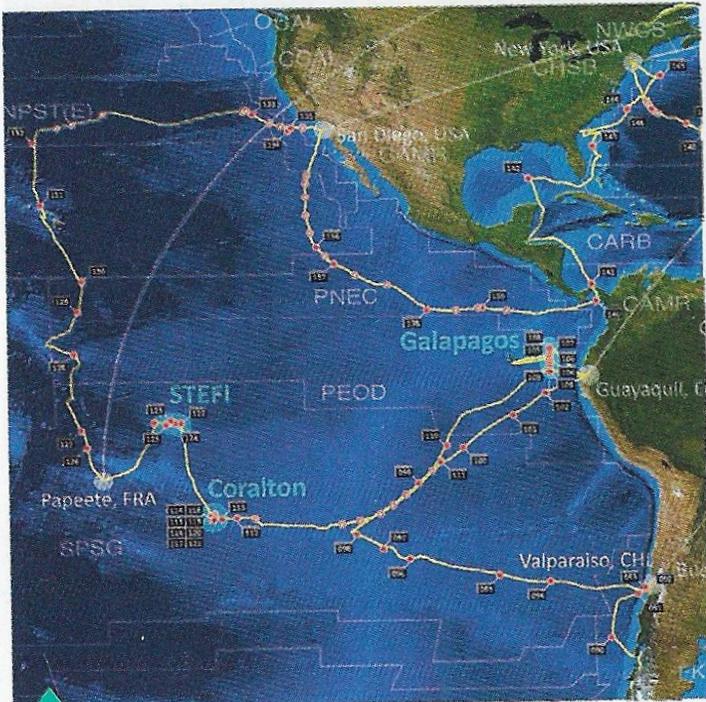
=> 10 espèces de requin

DOC 5 Détection d'espèces de requins selon les méthodes d'échantillonnage. E : nombre d'espèces. n : nombre d'échantillons.

(belin)

Méthodes non invasives pour quantifier la **biodiversité**

Expliquer une méthode d'échantillonnage et d'identification des espèces



1 Le trajet de la goélette *Tara* dans le Pacifique

L'expédition « Tara Océans » (2009-2012) a eu en partie pour objectif de caractériser la biodiversité planctonique.

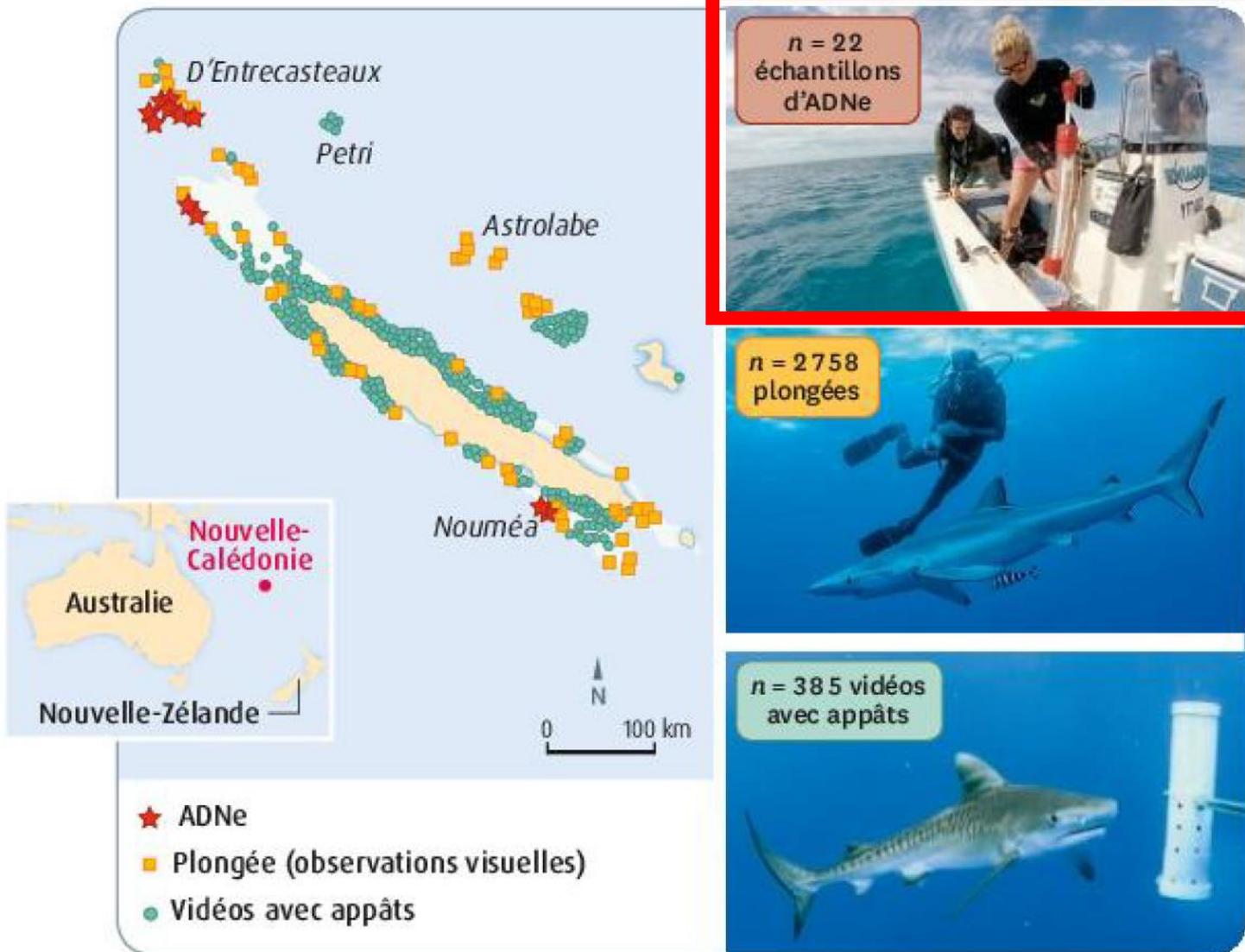


Méthodes non invasives pour estimer la **biodiversité**



Estimer la richesse spécifique
par **échantillonnage indirect**

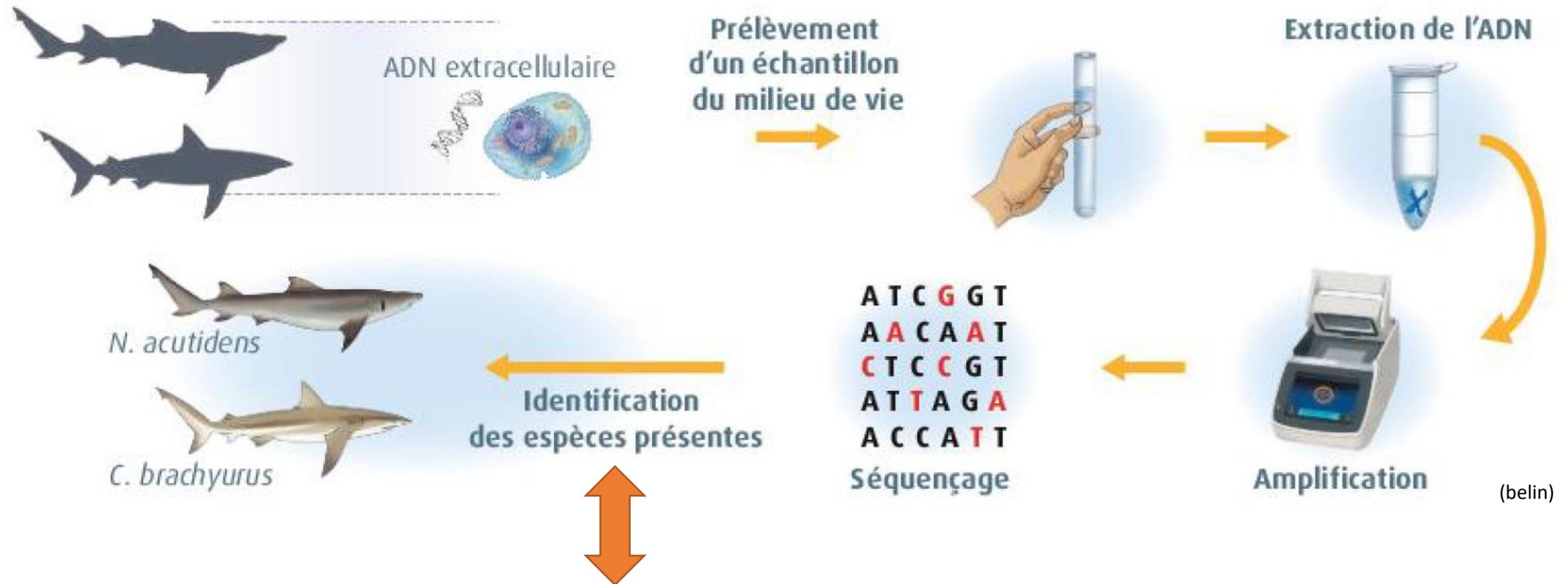
Méthodes **indirectes** pour estimer la **biodiversité**



DOC 4 Techniques d'échantillonnage utilisées pour estimer la biodiversité des requins en Nouvelle-Calédonie.

(belin)

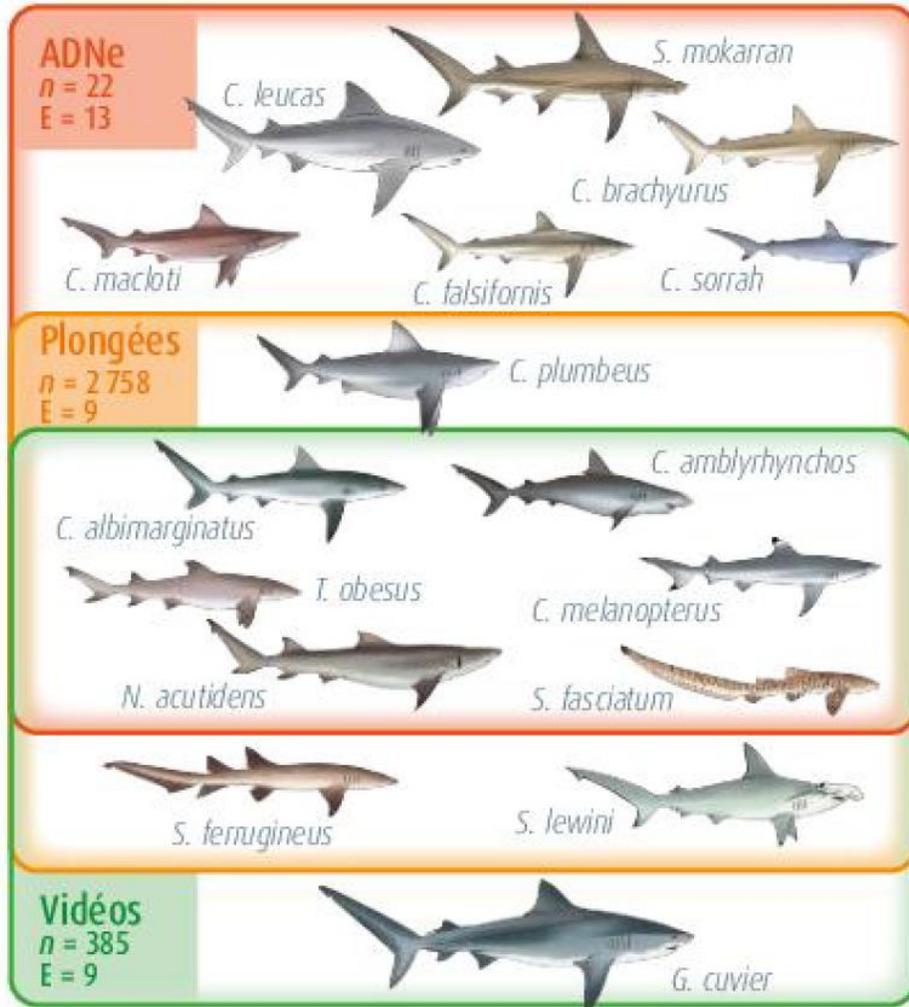
Méthodes non invasives pour quantifier la **biodiversité**



Recherche dans des **bases de données** publiques contenant toutes les séquences ADN connues

Application : voir exercice à la maison

Méthodes non invasives pour quantifier la biodiversité



=> 16 espèces de requin

Comment estimer de façon fiable l'abondance d'une population animale (= mobile !)?

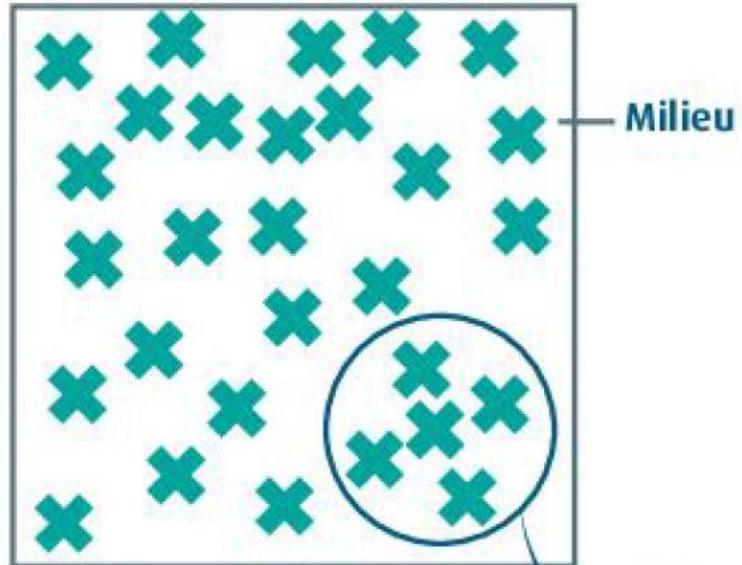
DOC 5 Détection d'espèces de requins selon les méthodes d'échantillonnage. E : nombre d'espèces. n : nombre d'échantillons.

(belin)

2. Estimer **l'abondance d'une population**
dans un milieu à partir d'un échantillon

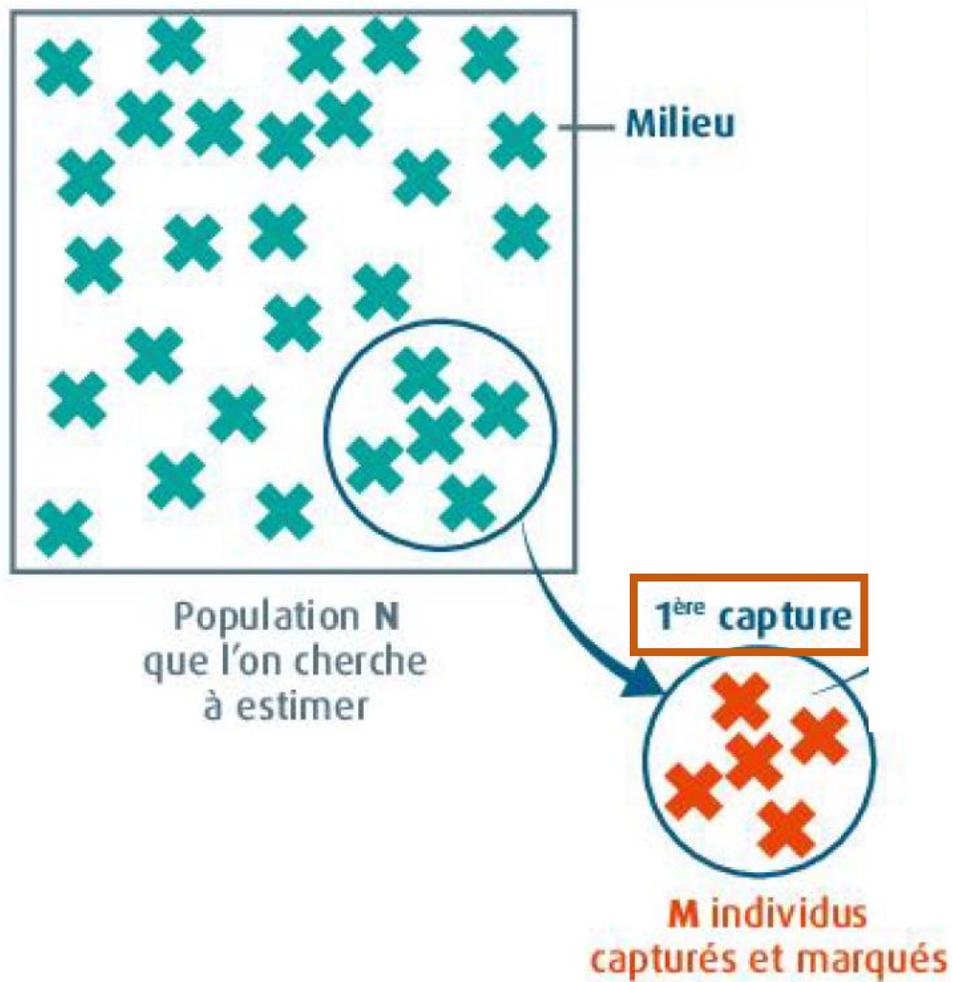
La méthode **capture - marquage - recapture**

La méthode **capture - marquage - recapture** : principe



Effectif total inconnu

La méthode capture - marquage - recapture : principe

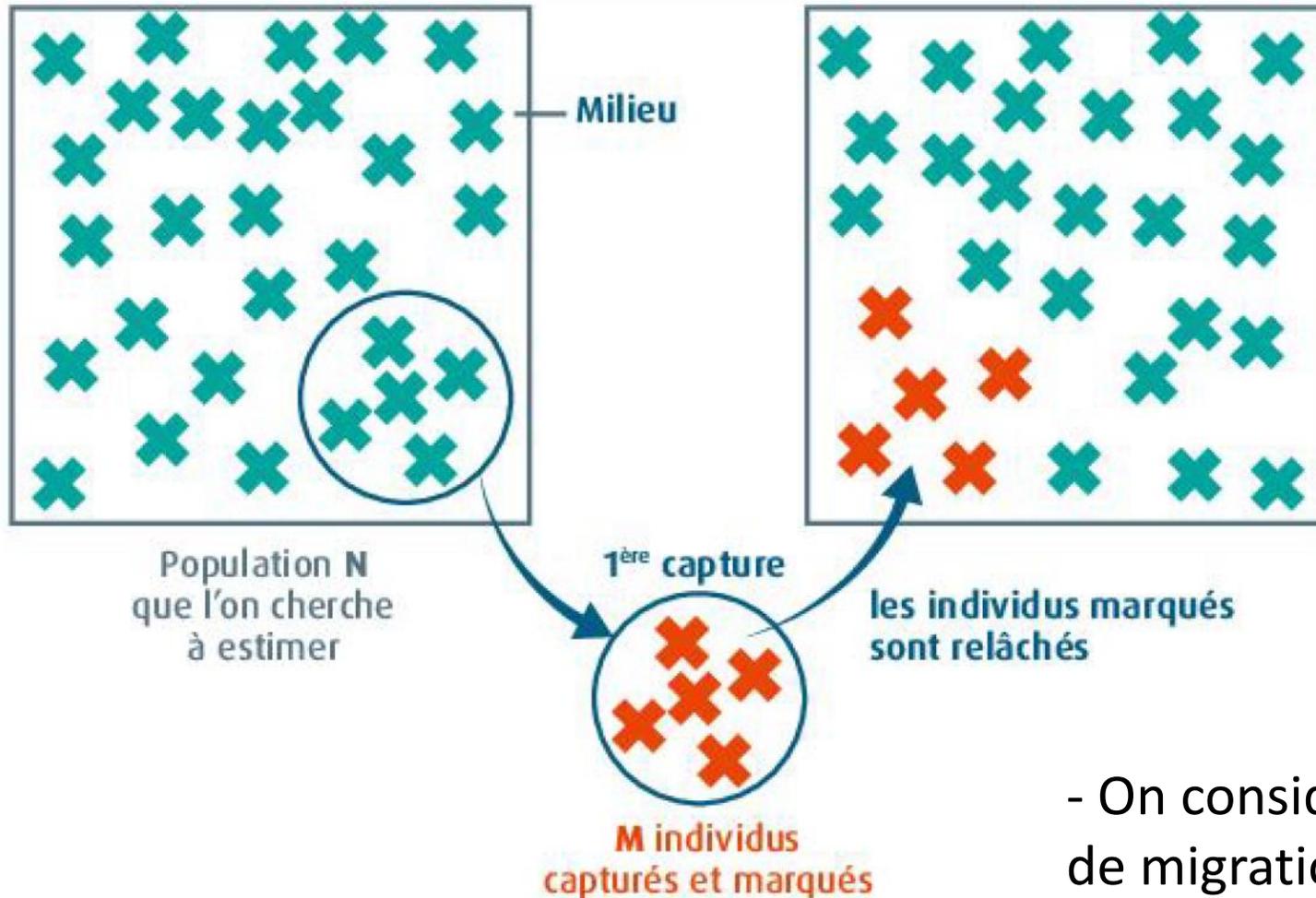


La méthode **capture - marquage - recapture** : principe

Les différents types de marquage :



La méthode **capture - marquage - recapture** : principe

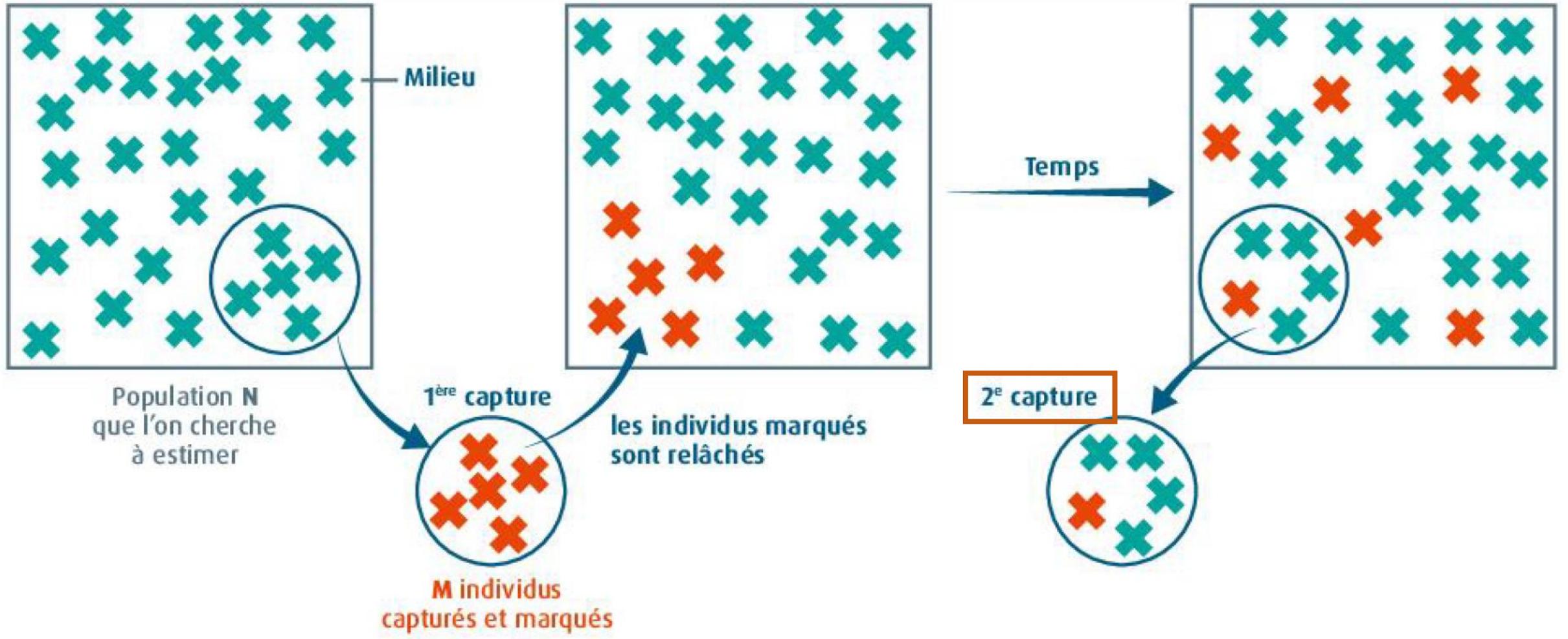


Hypothèses fortes pour faire l'estimation :

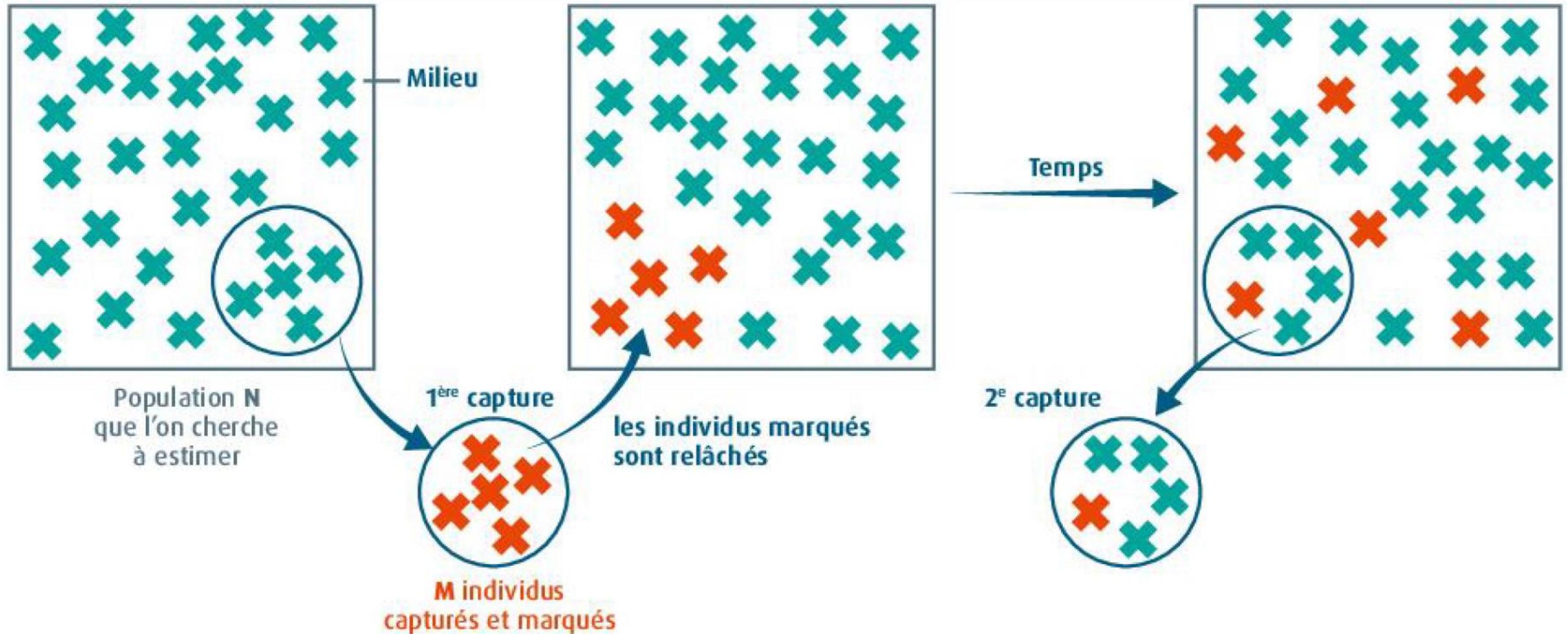
- Les animaux marqués, mobiles, se répartissent **aléatoirement** dans population.

- On considère que la population est **fermée** (pas de migration), et d'**effectif stable** (pas de mort ni naissance !)

La méthode capture - marquage - recapture : principe

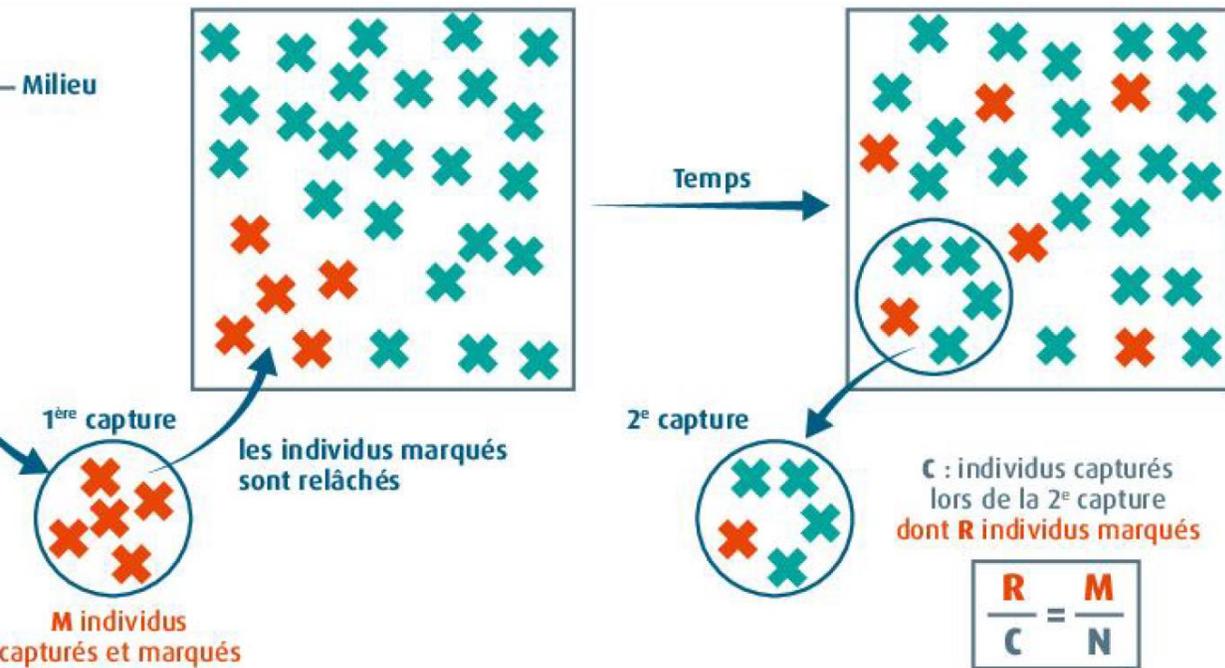


La méthode **capture - marquage - recapture** : principe



On considère que la proportion d'individus marqués est la même dans l'échantillon de la 2^{ème} capture et dans la population complète

La méthode **capture - marquage - recapture** : principe



La fréquence d'individus marqués est la même dans l'échantillon de la 2^{ème} capture et dans la population complète

$$\frac{1}{5}$$

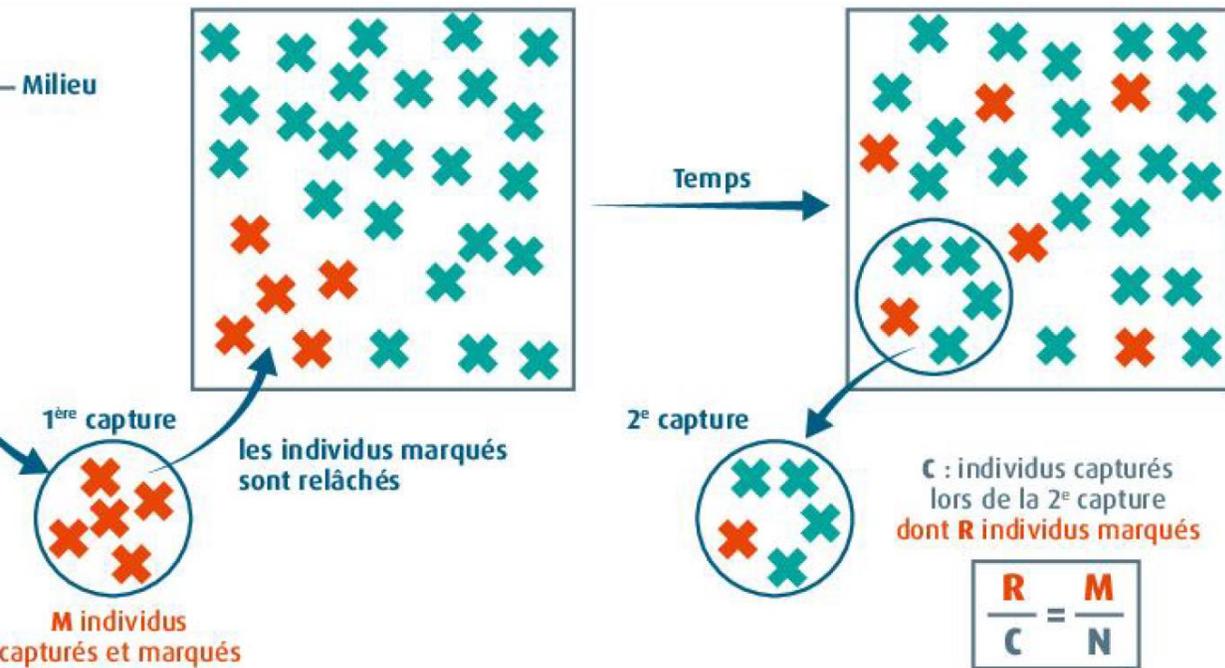
Fréquence de marquage

dans l'échantillon

dans la population totale

On en déduit : $N = \frac{5 \times 5}{1} = 25$

La méthode capture - marquage - recapture : principe

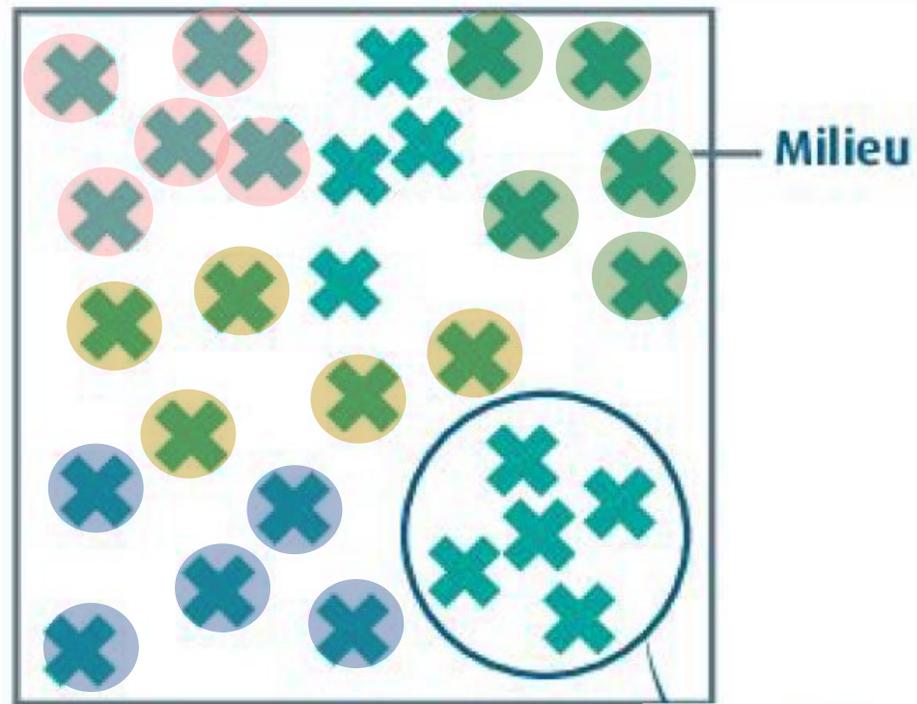


Autre possibilité de présentation :

	Effectifs	Individus marqués
Population totale	N	5
Échantillon (recapture)	5	1

$$N = \frac{5 \times 5}{1} = 25$$

La méthode capture - marquage - recapture : principe



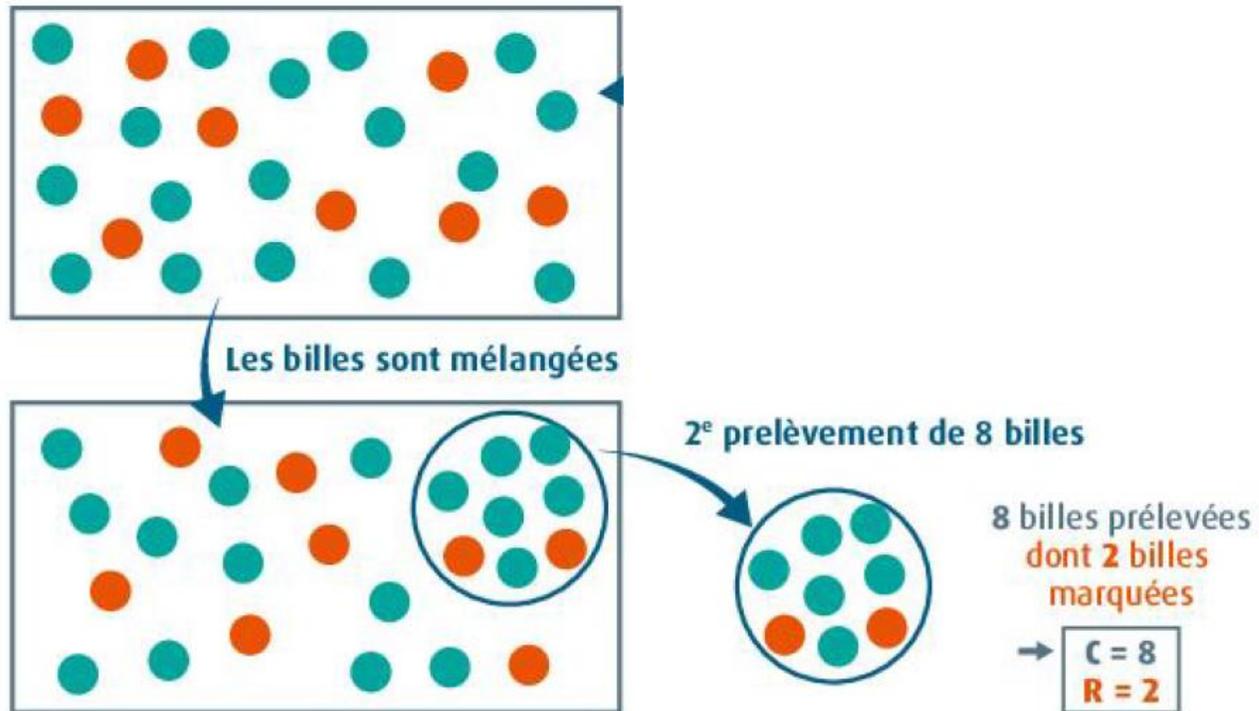
Population N
que l'on cherche
à estimer

Cette technique reste une estimation.
Ici, en réalité :

$$N_{\text{réel}} = 29 \neq 25$$

3. Estimer la **fréquence d'un caractère** dans une population (biodiversité intraspécifique)

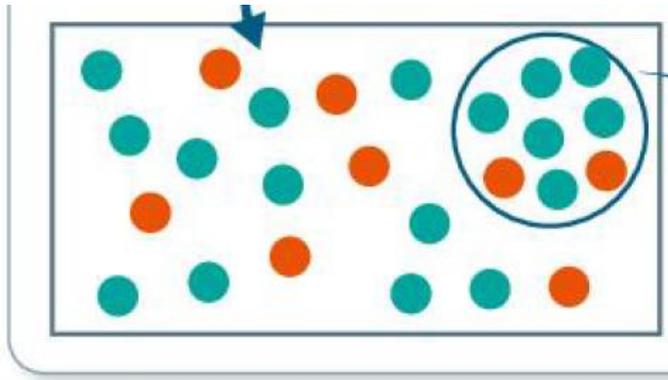
Estimer la fréquence d'un caractère dans une population



$$\frac{2}{8}$$

Fréquence
de la couleur rouge

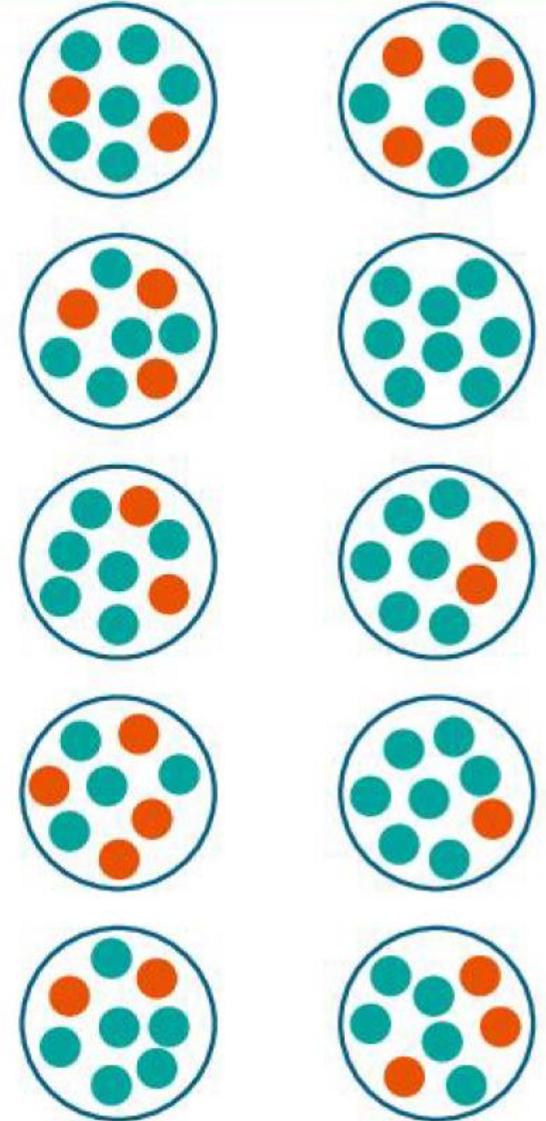
Estimer la fréquence d'un caractère dans une population



On répète les tirages :
10 échantillonnages
indépendants



Résultats pour 10 tirages du même effectif



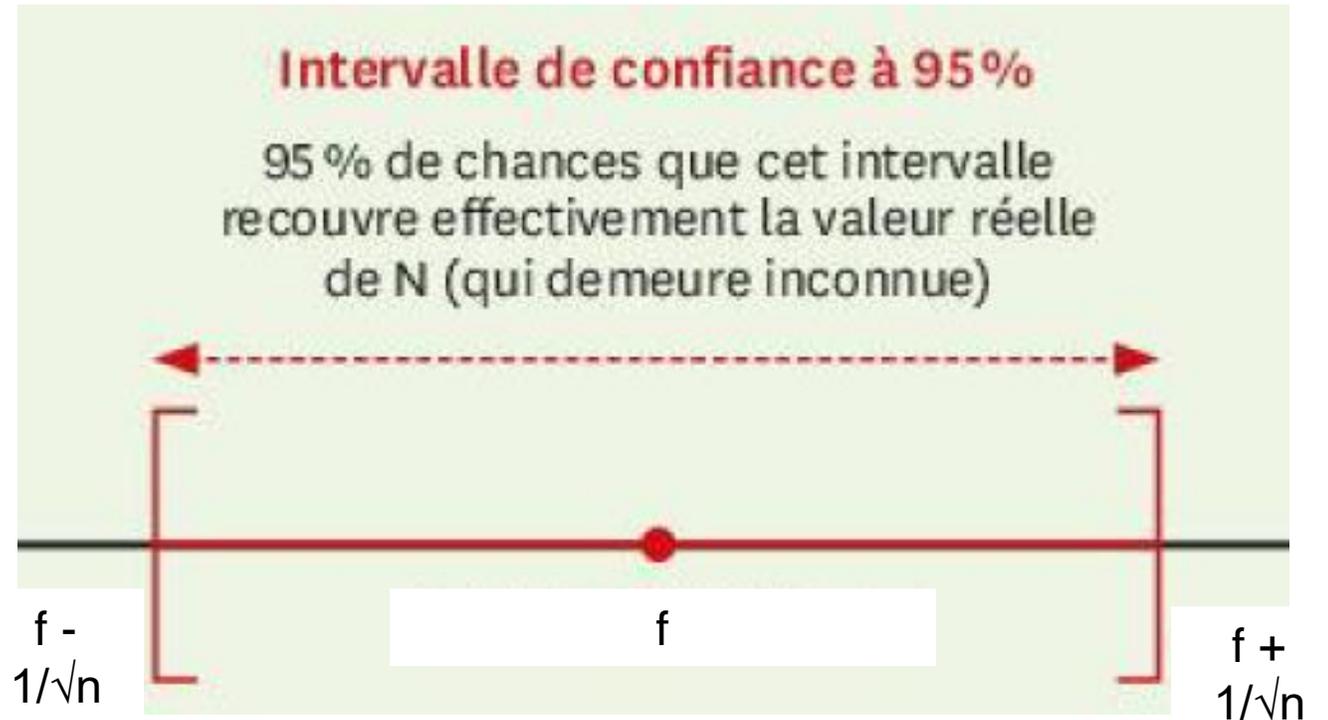
Il y a une incertitude!

Calcul d'un **intervalle de confiance**

Pour un niveau de confiance de 95 %, l'intervalle de confiance se calcule ainsi :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

f étant la fréquence du caractère étudié dans l'échantillon, et n l'effectif de cet échantillon.



- Plus n est grand (échantillonnage conséquent), plus l'intervalle de confiance sera resserré

Estimer la fréquence d'un caractère dans une population

Exemple:

sur 100 cistudes d'Europe prélevées sur l'étang de l'Or dans l'Hérault, on dénombre 27 femelles et 73 mâles. **Calculer la fréquence de femelles et associer à cette fréquence un intervalle de confiance à 95%.**

Pour un niveau de confiance de 95 %, l'intervalle de confiance se calcule ainsi :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

f étant la fréquence du caractère étudié dans l'échantillon, et n l'effectif de cet échantillon.



Exercices à faire :

- Exercice sur l'ADNe : http://incertae-sedis.fr/gl/LF_20_termES_chap1_exoblast.htm
- Exercice 8 p 209

8 Recensement d'un élevage de truites

Un pisciculteur souhaite estimer l'effectif de son élevage de truites dans l'un de ses bassins. Il utilise la technique de capture-marquage-recapture. L'éleveur capture 70 truites, les marque puis les relâche. Quotidiennement, il recapture 30 truites, note le nombre d'individus marqués et les relâche. Ses relevés sont notés dans le tableau ci-dessous.

Jours	1	2	3	4	5	6	7
Nombres d'individus marqués	5	2	2	7	8	4	4

1. À partir de ces relevés, estimer par le calcul l'effectif de l'élevage.
2. Proposer un protocole de capture-marquage-recapture qui permettrait à l'éleveur d'estimer cet effectif avec une meilleure précision.

L'éleveur dispose d'un autre bassin, dans lequel un comptage exhaustif a été réalisé : 1 327 individus y ont été recensés. Une partie des truites de ce bassin souffre d'une maladie parasitaire. L'éleveur souhaite connaître le pourcentage d'individus affectés. Pour cela, il réalise un échantillonnage dans ce bassin et prélève 125 truites, dont 37 portent le parasite.

3. Estimer le pourcentage de truites affectées par le parasite, en précisant l'intervalle de confiance pour un niveau de confiance de 95 %.



- Pour marquer les truites, on réalise couramment l'ablation de la nageoire adipeuse (indiquée ici par une flèche).

Coup de pouce

La formule à utiliser pour estimer l'effectif N est la suivante :

$$N = n \cdot \frac{m_0}{m}$$

n : effectif de l'échantillon
 m_0 : nombre d'individus marqués initialement
 m : nombre d'individus marqués et recapturés

Correction de l'exercice sur l'ADNe

SEQUENCES A ETUDIER :

>ADNe-1

GGAAC TTTAT ATTTAATAGC GGGGGCTTGA GCGGGTTTAG TTGGA ACTGG GTTAAGAATA ATTATTCGTG TTGAATTAGG
GCAGCCTGGG AGTTTAATTG GGGATGGTCA AATTTATAAT GTAGTCGTAA CAGCACATGC TTTTATCATG ATTTTTTTCA
TAGTTATAACC TATTTTAATT GCGGGGTTG GAAATGGCT CGTACCCTTA ATATTAGGAG CAGCCGATAT AGCTTTTCCT
CGTATGAATA ATATAAGATT TTGATTTTTA CTTCTGCTT TAATTATACT AATTATTAGT TCTATAGTAG AGAGAGGGGC
AGGAACTGGA TGAACGGTTT ATCCTCCATT ATCTGGAAAT TCAGCTCATG GGGGTAGGTC AGTAGATTTT GCAATTTTCT
CATTGCATTT AGCAGGGGTA AGATCTATTT TAGGGGCAGT AAATTTTATT TCAACTTTAG GTAACCTGCG AGTTTTTGGG
ATAGTCATGG ATCAAATACC ATTGTTTGCC TGAGCAGTAT TAATTACTGC CGTTTTACTT CTTCTTTCTT TACCTGTATT
AGCAGGGGCT ATTACGATAC TGTTAACGGA TCGAAATTTA AATTCCTGTT TCTATGATAC TGCTGGAGGT GGAGACCCGA
TTCTTTATCA ACATCTATTT TGATTTT

>ADNe-2

ATGTAGCAGA CAGATATGAT ACAGATAGAC ACAGACAGAT AGACAGATAG ACAACAGTCG CTCAGTCAGT ACGCATTACC
GTGCGCTCGC GACAGCTCGA CGCTCGACGC TCGATCGATC GATATTTTCA TGCGATGACA GATGACAGAT GACAGTAGAC
AGATGACGAT GCAGATGACA GTGAGACAGA TGACGATGAG AGTAGCAGAT AGCGATGAGC GATGGGTAGA CGATGACCAC

>ADNe-3

TACGGCTGCG AGTGGACAAA TGGCTGGTGC CTACAGGAGT GCTCTGACTC AAGAGCTATC AATGTAGCTG TCATAGGCAC
TTGTGTAGCT GCAGAGGGGG AAGAGGCTAT CATTCTGAC ATAGAATTTG CAGAATCTGC CACTGTACCA GTAAAGGGAA
GGCCAGGCA AACTGACTGG GAGATTGCAG GGCTGATCTG GGCCTCTTCC TTGGACTGTG CTGGGGCAAC CGTGT CAGGC
TGCTCTTCAT CAGAATAATA ATCCTTTATG TAGACCCACT CCACTGTCGG TAATGGGGGG CTCCGGCATG GTGCTGGCTG
GGCTGTTGGT GGGCTCGTGT TCGGGTAGAG AATACCTGCA TTGACAAAGT TAGTGAGGTC CCGAGGGATC ACGAAGCTTC
CGTCCCCTTG AATGCATGCG CTCACCATCG CAGGGCTGCC ATTCATATC

>ADNe-4-plastique

CGAGTCTTGC TAAGCACCAT GATTTAAGAT GCTCTTGGTA GAATGTCTTA TCAGCATACT TTCTAAAACC ATGCTTATTG
CTTTTGTCTC TTCTTCATCT AACTGTTGGA TTTTTTTAA CCTGAGCATA AGCTCTTGAT TTTCATCTGT GGCCCATCTT
CCGCATAGTT CATCAATTGA GATCTCCAGA GCATCTGCGA TCTTCACAAG GTTTTCCATT GTAGGCAAAC CTCCCCAGA
TTCGTATTTT TTGTACGATG TTAGACTAAT TCCAATTTCA TCAGCCATTT GTGCCTGAGT CTTATTAATT GCCTTTCTTT
GGTTGGCTAG CCTTTCTTTT ATCTTCATAA CAATCCCCTT TAGCTTGATT TATTTCTATT GTAAGGCTGT TTTTTGTAC
ATTAGTCTTG AAAGTGCGCA TTGGTTGCTG TATTTTAGCT CTAAAGGTTA TCTTGACAGG TTTTTGAAGG CTAATGAAAA
AGCAGATTTT CACTCTTGAC GAATTACAAC TCGATACAAA CGCTTCTCCG TTTGTTTTTG TCGATTATCT TGCTTGGTCG
GTTCCATTATG CTTCAATCCG TCACGCGCAT AAGTCCGATT TGTCCTCGCT TATCTGGGCG CCTCTTCCCTA AGCCCGATTA
CCGTATGGCT CGCACCCCTG AGCAAAAAGA GAAGTTAATC GAGCTTTATA AGCAGAAGTG GAACGTTGCC ATGATGGAAC
GCTTGGAGGT GTTTTGCCTT CATGTTCTTG GTCTTCGTAT GTCGCCTTGG CGCGATAAGG

Standard Nucleotide BLAST

[blastn](#) [blastp](#) [blastx](#) [tblastn](#) [tblastx](#)

BLASTn programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#)

[Reset page](#) [Bookmark](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#)

[Clear](#)

Query subrange [?](#)

From

To

Or, upload file

[Parcourir...](#)

Aucun fichier sélectionné. [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

[Align two or more sequences](#) [?](#)

Choose Search Set

Database

Standard databases (nr etc.) rRNA/ITS databases Genomic + transcript databases Betacoronavirus

Nucleotide collection (nr/nt) [?](#)

Organism

Optional

[?](#) exclude [+](#)

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)

Exclude

Optional

Models (XM/XP) Uncultured/environmental sample sequences

Limit to

Optional

Sequences from type material

Entrez Query

Optional

[YouTube](#) [Create custom database](#)

Enter an Entrez query to limit search [?](#)

Program Selection

Optimize for

- Highly similar sequences (megablast)
 More dissimilar sequences (discontiguous megablast)
 Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm [?](#)

BLAST has New Default Parameters and Search Limits.
Click [here](#) for more info.



BLAST

Search database Nucleotide collection (nr/nt) using Megablast (Optimize for highly similar sequences)

Show results in a new window

Séquence 1

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download

Manage Columns

Show 100



select all 100 sequences selected

[GenBank](#)

[Graphics](#)

[Distance tree of results](#)

	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera isolate H04 TstCOI*42 04 R cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1232	1232	100%	0.0	100.00%	MH159162.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera isolate G04 TstCOI*42 03 R cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1232	1232	100%	0.0	100.00%	MH159161.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera isolate E04 TstCOI*42 01 R cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1232	1232	100%	0.0	100.00%	MH159159.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera isolate F04 TstCOI*42 02 R cytochrome c oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1221	1221	100%	0.0	99.70%	MH159160.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera voucher B10UG<CAN>:MxTem002 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1164	1164	95%	0.0	99.69%	DQ889132.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1136	1136	98%	0.0	97.73%	MF098548.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Temora stylifera voucher P0016 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	1134	1134	98%	0.0	97.72%	KP861423.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Parvocalanus crassirostris isolate ICAR-CMFRI_Pc1 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	556	556	100%	4e-154	81.82%	MK387708.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Parvocalanus crassirostris isolate ICAR-CMFRI_Pc1 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds: mitochondrial	556	556	100%	6e-153	80.78%	MK387709.1



Temora stylifera

Crustacé, copépode

Séquence 2

BLAST[®] » blastn suite » results for RID-NPDNZ9NX014 [Home](#) [Recent Results](#) [Saved Strategies](#) [Help](#)

[← Edit Search](#) [Save Search](#) [Search Summary](#) [? How to read this report?](#) [▶ BLAST Help Videos](#) [↶ Back to Traditional Results Page](#)

Job Title	Nucleotide Sequence
RID	NPDNZ9NX014 <small>Search expires on 09-12 16:35 pm</small> Download All ▼
Program	? Citation ▼
Database	nt See details ▼
Query ID	lc Query_37261
Description	None
Molecule type	dna
Query Length	240
Other reports	?

Filter Results

Percent Identity	<input type="text"/> to <input type="text"/>	E value	<input type="text"/> to <input type="text"/>	Query Coverage	<input type="text"/> to <input type="text"/>
Filter Reset					

⚠ No significant similarity found. For reasons why, [click here](#)

Séquence trop courte ?
Trop fréquente donc non significative?

Séquence 3

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download

Manage Columns

Show

100



select all 1 sequences selected

[GenBank](#)

[Graphics](#)

[Distance tree of results](#)

	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Posidonia oceanica mitogen-activated protein kinase kinase gene, partial cds	830	830	100%	0.0	100.00%	JF811736.1

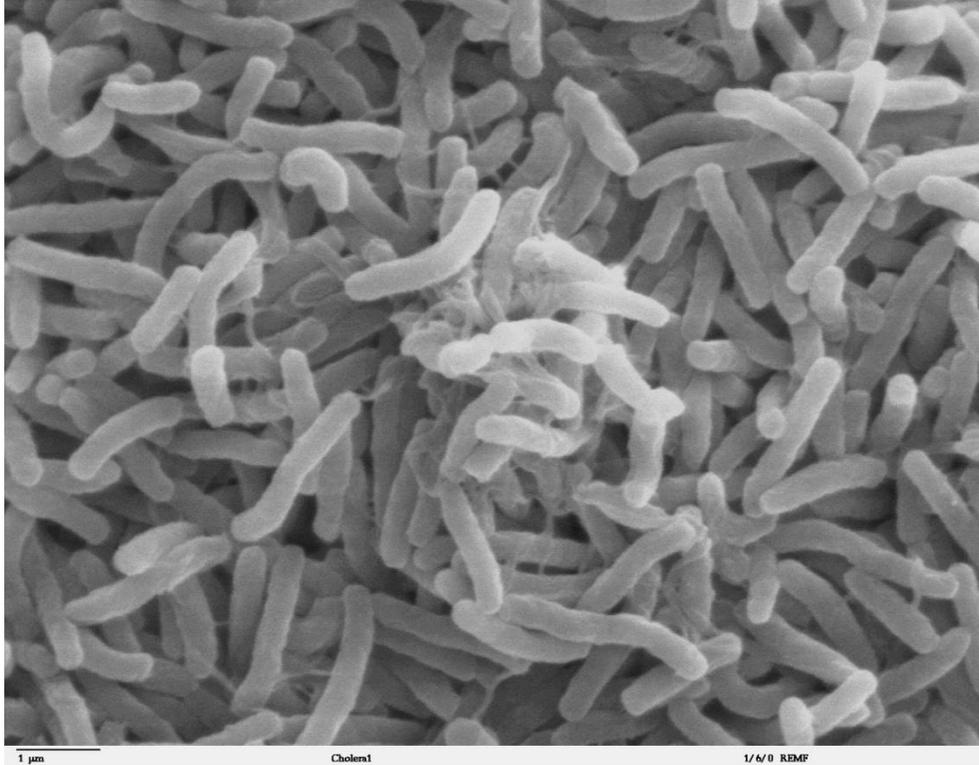


posidonia

Plante à fleur sous marine

Séquence 4

	Description	Max Score	Tot Sc
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae C6706 chromosome 1, complete sequence	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain C6709 chromosome 1, complete sequence	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain P27459 chromosome 1, complete sequence	1441	43
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain DRC-193A chromosome 1, complete sequence	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain E7946 chromosome 1, complete sequence	1441	71
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 strain AAS91 chromosome 1, complete sequence	1441	43
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae isolate CTMA_1441 chromosome 1, complete sequence	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain F9993 chromosome 1, complete sequence	1441	57
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae C6706 chromosome 1, complete sequence	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain 2010EL-1786 chromosome 1	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor str. N16961 genome assembly, chromosome: 1	1441	28
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain E4 chromosome 1, complete sequence	1441	43
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain C1 CTX phage region genomic sequence	1441	72
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain No341 chromosome 1 phage sequence	1441	28



Vibrio cholerae

Bacille du choléra = bactérie

- Exercice 8 p 209

8 Recensement d'un élevage de truites

Un pisciculteur souhaite estimer l'effectif de son élevage de truites dans l'un de ses bassins. Il utilise la technique de capture-marquage-recapture. L'éleveur capture 70 truites, les marque puis les relâche. Quotidiennement, il recapture 30 truites, note le nombre d'individus marqués et les relâche. Ses relevés sont notés dans le tableau ci-dessous.

Jours	1	2	3	4	5	6	7
Nombres d'individus marqués	5	2	2	7	8	4	4

1. À partir de ces relevés, estimer par le calcul l'effectif de l'élevage.
2. Proposer un protocole de capture-marquage-recapture qui permettrait à l'éleveur d'estimer cet effectif avec une meilleure précision.

L'éleveur dispose d'un autre bassin, dans lequel un comptage exhaustif a été réalisé : 1 327 individus y ont été recensés. Une partie des truites de ce bassin souffre d'une maladie parasitaire. L'éleveur souhaite connaître le pourcentage d'individus affectés. Pour cela, il réalise un échantillonnage dans ce bassin et prélève 125 truites, dont 37 portent le parasite.

3. Estimer le pourcentage de truites affectées par le parasite, en précisant l'intervalle de confiance pour un niveau de confiance de 95 %.



■ Pour marquer les truites, on réalise couramment l'ablation de la nageoire adipeuse (indiquée ici par une flèche).

Coup de pouce

La formule à utiliser pour estimer l'effectif N est la suivante :

$$N = n \cdot \frac{m_0}{m}$$

n : effectif de l'échantillon
 m_0 : nombre d'individus marqués initialement
 m : nombre d'individus marqués et recapturés

Correction de l'exercice

8 Recensement d'un élevage de truites

1. On commence par calculer le nombre moyen d'individus marqués et recapturés par jour.

$$m = \frac{(5+2+2+7+8+4+4)}{7} = 4,57$$

Puis on applique la formule donnée dans le « Coup de pouce » :

$$N = n \times \frac{m_0}{m} = 70 \times \frac{30}{4,57} = 460$$

On peut estimer à 460 le nombre de truites dans le bassin.

2. Pour améliorer la précision de l'estimation, l'éleveur peut augmenter la taille de son échantillon afin de diminuer la fluctuation d'échantillonnage. Concrètement, il peut par exemple prélever 50 truites quotidiennement au lieu de 30.

3. Sur l'échantillon de 125 truites, 37 sont parasitées.

La fréquence de ce caractère au sein de notre échantillon est égale à : $f = \frac{37}{125} = 0,296$ (soit 29,6 %).

L'intervalle de confiance, pour un niveau de confiance de 95 %, peut être établi ainsi :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right] \text{ (} n \text{ étant l'effectif de l'échantillon).}$$

L'intervalle de confiance correspondant à notre estimation ($n = 125$) est donc :

$$[0,296 - 0,089 ; 0,296 + 0,089]$$

$$[0,207 ; 0,385]$$

$$[20,7 \% ; 38,5 \%]$$

Avec un niveau de confiance de 95 %, on peut estimer le pourcentage des truites du bassin porteuses du parasite comme étant compris entre 20,7 % et 38,5 %.

Autre possibilité pour la question 1 : (cette méthode est plus correcte scientifiquement)

Q1 : Le pisciculteur a utilisé la technique de capture-marquage-recapture. La fréquence des individus marqués dans lors de la recapture est la même que celle dans la population totale.

Pour le **jour 1** on a donc : Nombre total = $(70 \times 30)/5 = 420$ (voir cours)

On peut faire le même calcul pour chaque jour.

Jours	1	2	3	4	5	6	7
Individus marqués lors de la recapture	5	2	2	7	8	4	4
Taillé estimée de la population	420	1050	1050	300	262,5	525	525

Exercice 3 : Les résultats d'un sondage

(Belin 2020)

Un sondage d'opinion est en général effectué sur un échantillon de 1000 individus, choisis au hasard. Un sondage a été effectué à propos d'un référendum, il indique que 52% des individus seraient en faveur du oui.

Peut-on prévoir que le OUI va passer ?

Rappel : Calcul de l'intervalle de confiance à 95 % :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}}; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

Avec n = taille de l'échantillon,
et f estimation de la fréquence

Correction de l'exercice

1. Argument 1. Calcul de l'intervalle de confiance avec un niveau de confiance à 95 %

$f = 52\% = 0,52$ (fréquence d'individus en faveur du oui)

$n = 1000$ (échantillon interrogé)

Intervalle de confiance $\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$

$\left[0,52 - \frac{1}{\sqrt{1000}} ; 0,52 + \frac{1}{\sqrt{1000}} \right]$

$[0,49 ; 0,55]$

Il y a 95 % de chances que le pourcentage d'individus en faveur du oui soit compris entre 49 % et 55 %.

On ne peut donc pas affirmer que le oui va passer.

2. Argument 2. Un intervalle de confiance à 95% signifie que la fréquence réelle a 95 % de chance de se trouver dans cet intervalle. Il y a donc toujours 5% de chance qu'elle ne s'y trouve pas donc même si l'intervalle de confiance se situait au-delà de 0,5, on ne pourrait pas prévoir que le oui va passer de façon certaine.

Modélisation : - Estimation de l'effectif d'une population modélisée ici par des haricots
- Estimation de la fréquence d'un caractère au sein d'une population (ici le caractère « rouge » modélisé par les haricots rouges)

En utilisant les méthodes vues en cours, proposer un protocole pour :

- 1. Estimer votre population de « haricots »**
- 2. Estimer la fréquence du caractère « rouge » au sein de cette population (en indiquant la fiabilité de votre réponse)**

Partie A : Estimation de la taille de la population

 On ne tient pas compte de la couleur des haricots dans cette partie

Protocole

- Tirez 8 haricots de l'enveloppe, et marquez-les à l'aide d'une croix avec le marqueur sur les deux faces
- ! ne sortez pas tous les haricots (l'effectif total doit rester inconnu)
- Remplacez les haricots dans l'enveloppe - mélangez
- Piochez 5 haricots au hasard, et comptez le nombre de haricots **marqués** parmi eux. Remplissez la valeur dans la 1^{ère} case de la 3^{ème} ligne du tableau
- Remplacez les haricots piochés dans l'enveloppe, mélangez à nouveau, et procédez à un nouveau tirage/comptage de 5 individus.
- Répétez l'étape précédente avec 2 tirages de 20 haricots
- Complétez la 4^{ème} ligne en vous aidant si besoin du cours pour estimer l'effectif de la population totale.

Nombre d'individus marqués lors de la capture	8	8	8	8
Nombre total d'individus recapturés	5	5	20	20
Nombre d'individus marqués parmi les individus recapturés				
Estimation de l'effectif total				

Vous pouvez à présent sortir toutes les graines et les compter, cela correspond à l'**effectif réel** =
(auquel les biologistes n'ont pas accès)

Proposer des limites à cette méthode et justifier l'intérêt de recapturer un grand nombre d'individus :

Partie B : Estimation de la fréquence d'un caractère

On cherche à présent à estimer la **fréquence** d'un caractère [couleur rouge] dans cette population de haricot.

Protocole

- Remplacez la totalité des haricots dans l'enveloppe
- Piochez 10 haricots, comptez le nombre de haricots [**rouges**] piochés - *!!* on ne s'intéresse plus à leur marquage
- Remplacez- les dans l'enveloppe et procédez de même en piochant 20 haricots
- Déduisez-en la fréquence observée du caractère ainsi que l'intervalle de confiance associé pour chaque colonne

Nombre de haricots piochés	10	20	<i>Les valeurs suivantes ont été obtenues en réunissant toutes les enveloppes d'une classe</i>	200	500
Nombre de haricots rouges				61	171
Fréquence observée des haricots rouges					
Intervalle de confiance associé à cette valeur					

Sortez à nouveau l'intégralité des graines et calculez la fréquence **réelle** de la couleur rouge =

Calcul de l'intervalle de confiance :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

Avec n = taille de l'échantillon,
et f estimation de la fréquence

Justifiez l'intérêt de travailler avec des échantillons de taille importante, et de toujours préciser l'intervalle de confiance :