

Partie 3 : Une histoire du vivant



Rappels



Qu'est ce que c'est ?

Un chromosome

L'ADN

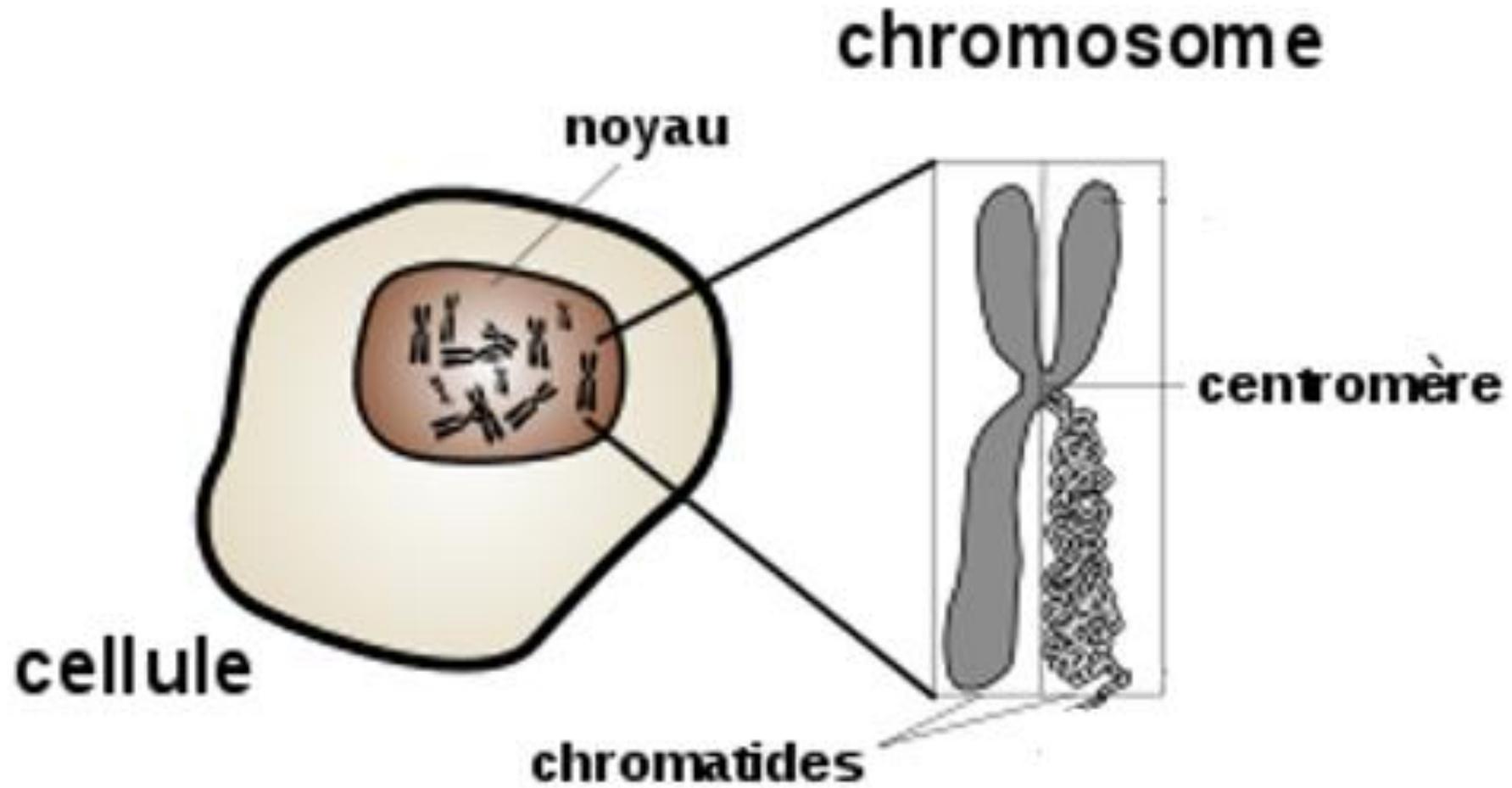
Un gène

Un allèle

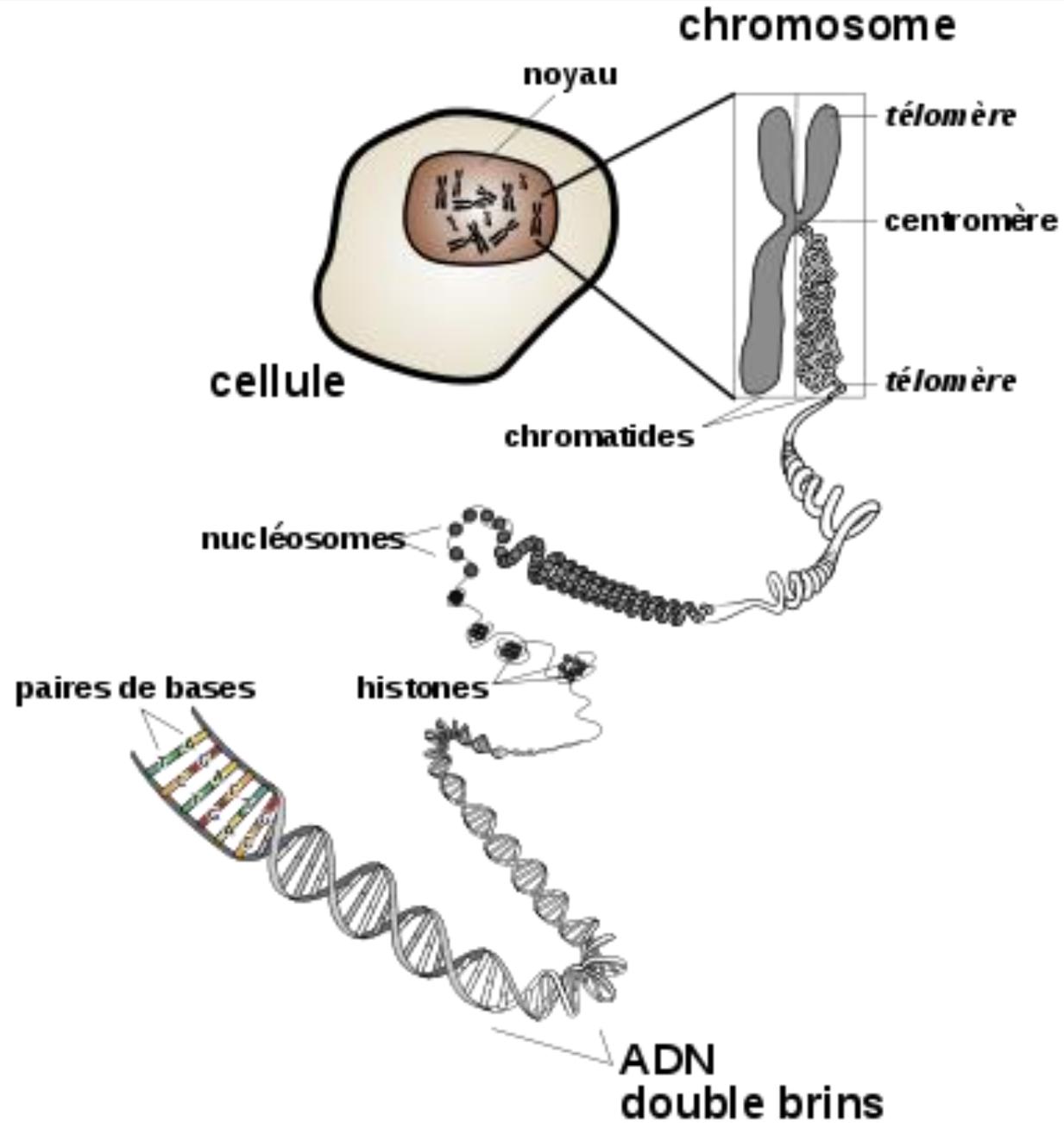
Une mutation

Relation entre ces termes ?

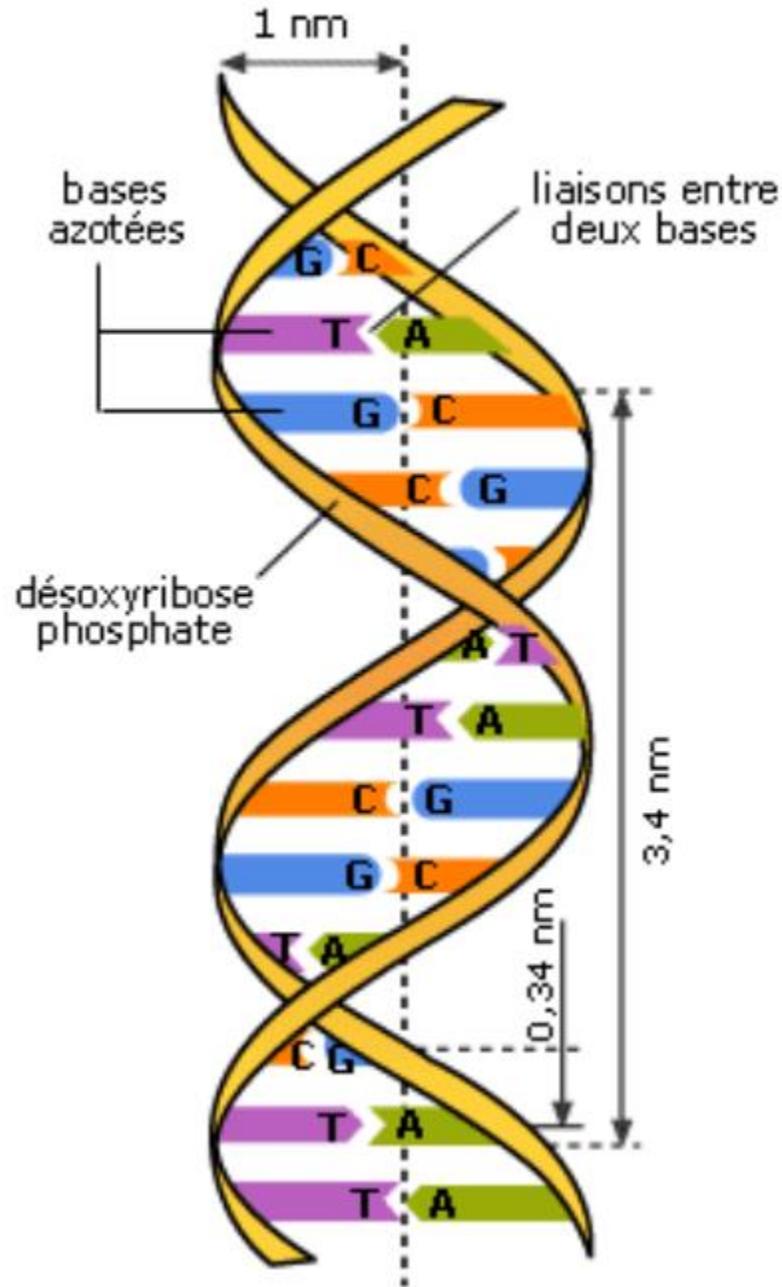
Les chromosomes dans la cellule



L'ADN dans les chromosomes

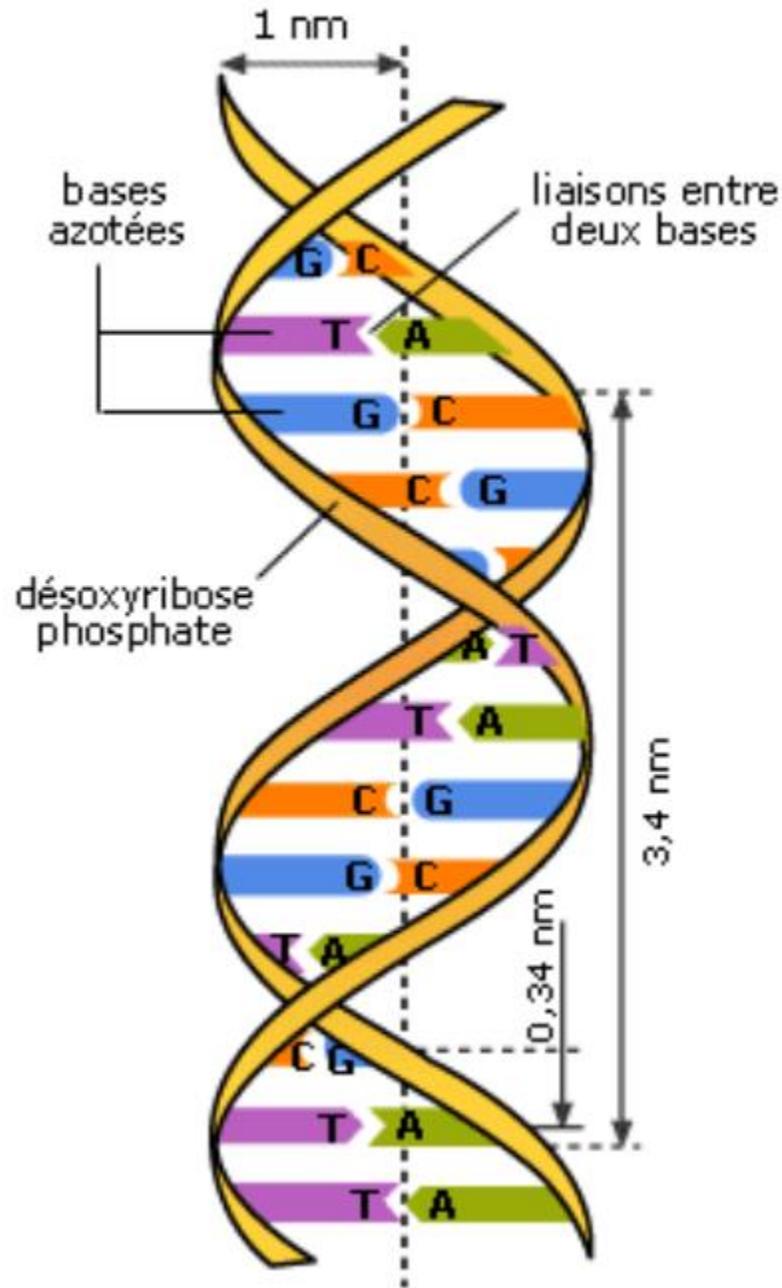


Structure de la molécule d'ADN humaine



- **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

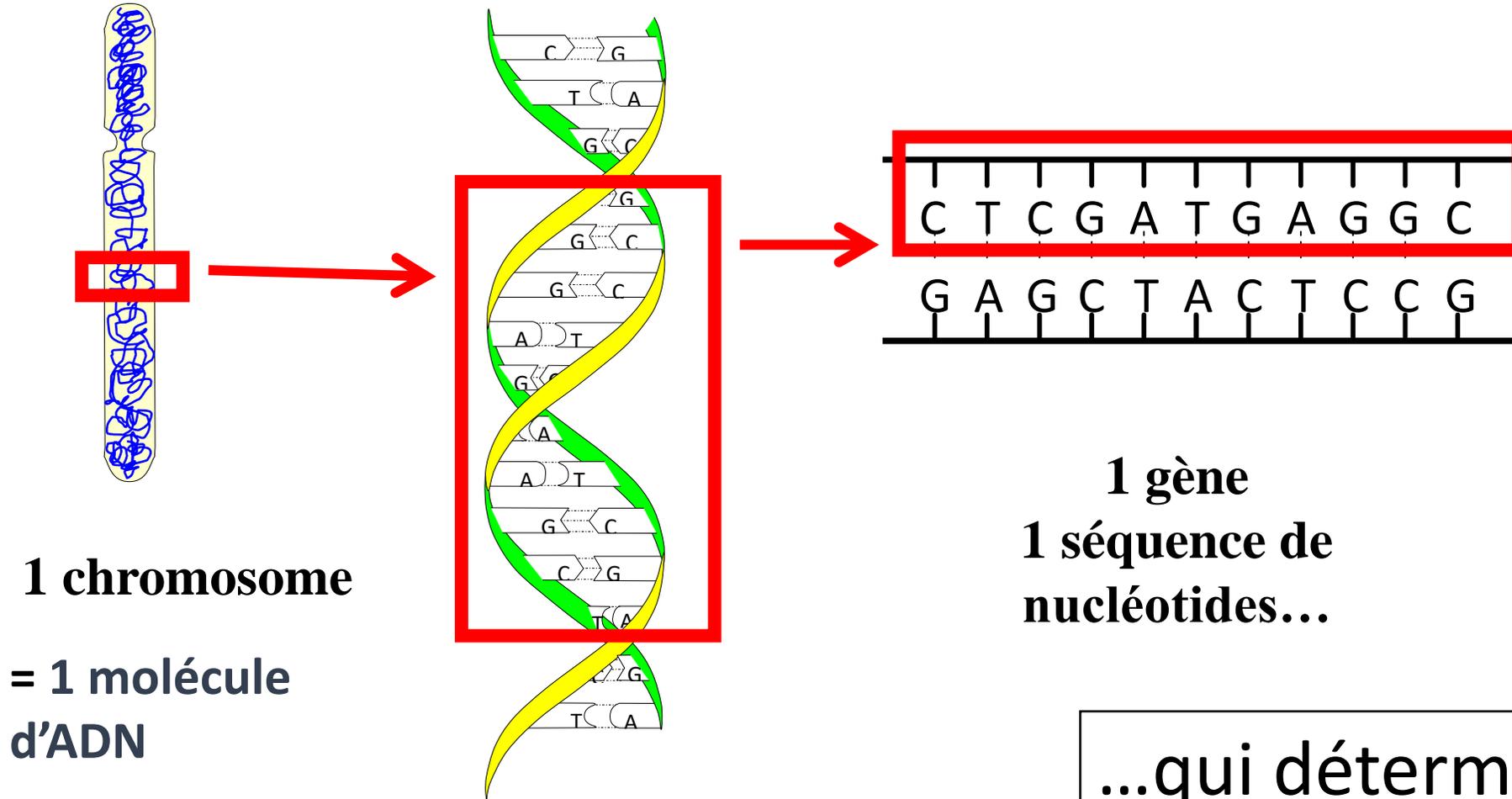
Codage de l'information sur la molécule d'ADN



ADN = molécule informative, support de l'information génétique.

Information codée par l'ordre d'enchaînement des nucléotides le long de la molécule d'ADN = Séquences de nucléotides

La notion de gène



1 chromosome

= 1 molécule
d'ADN

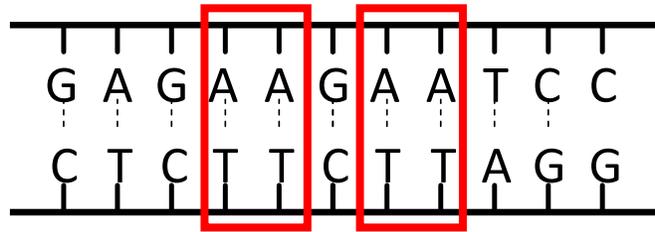
1 gène
1 portion de
chromosome...

1 gène
1 segment d'ADN...

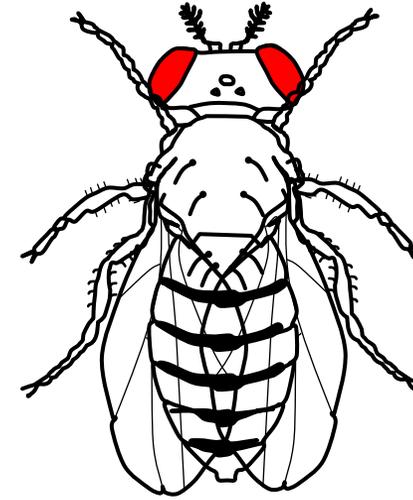
1 gène
1 séquence de
nucléotides...

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

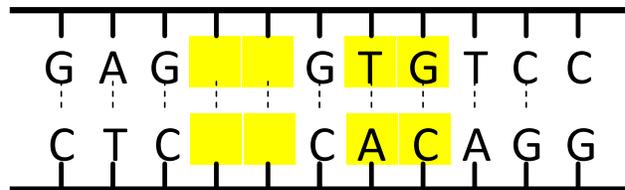
Une mutation crée une nouvelle version d'un gène



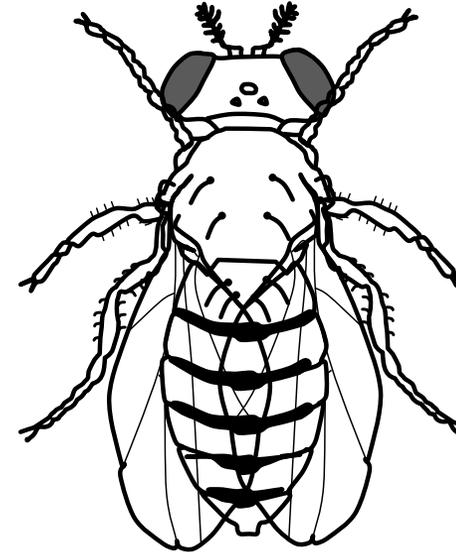
Protéine rouge



MUTATION



Protéine sombre



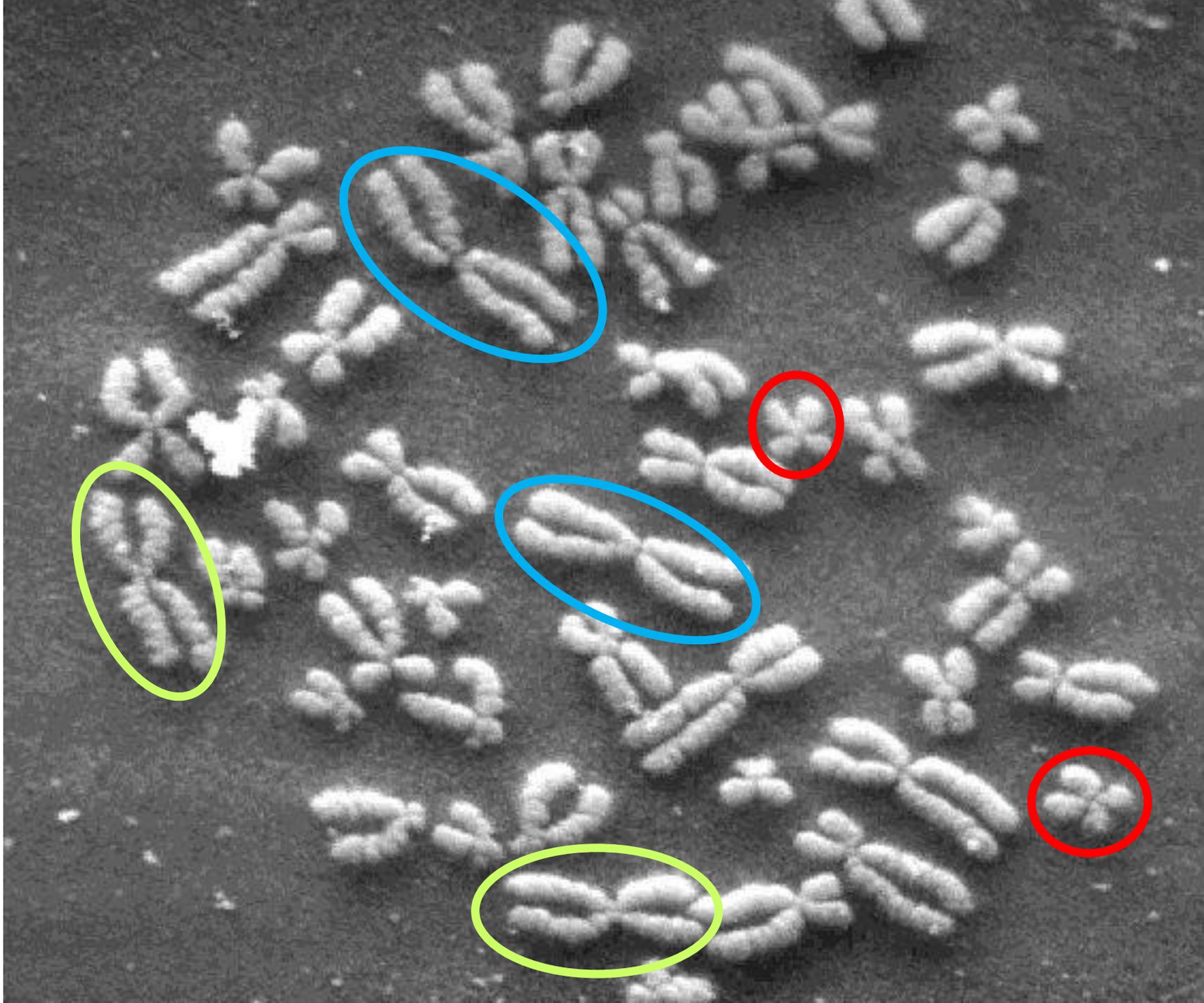
Nouvel allèle

Les allèles sont les différentes versions d'un gène

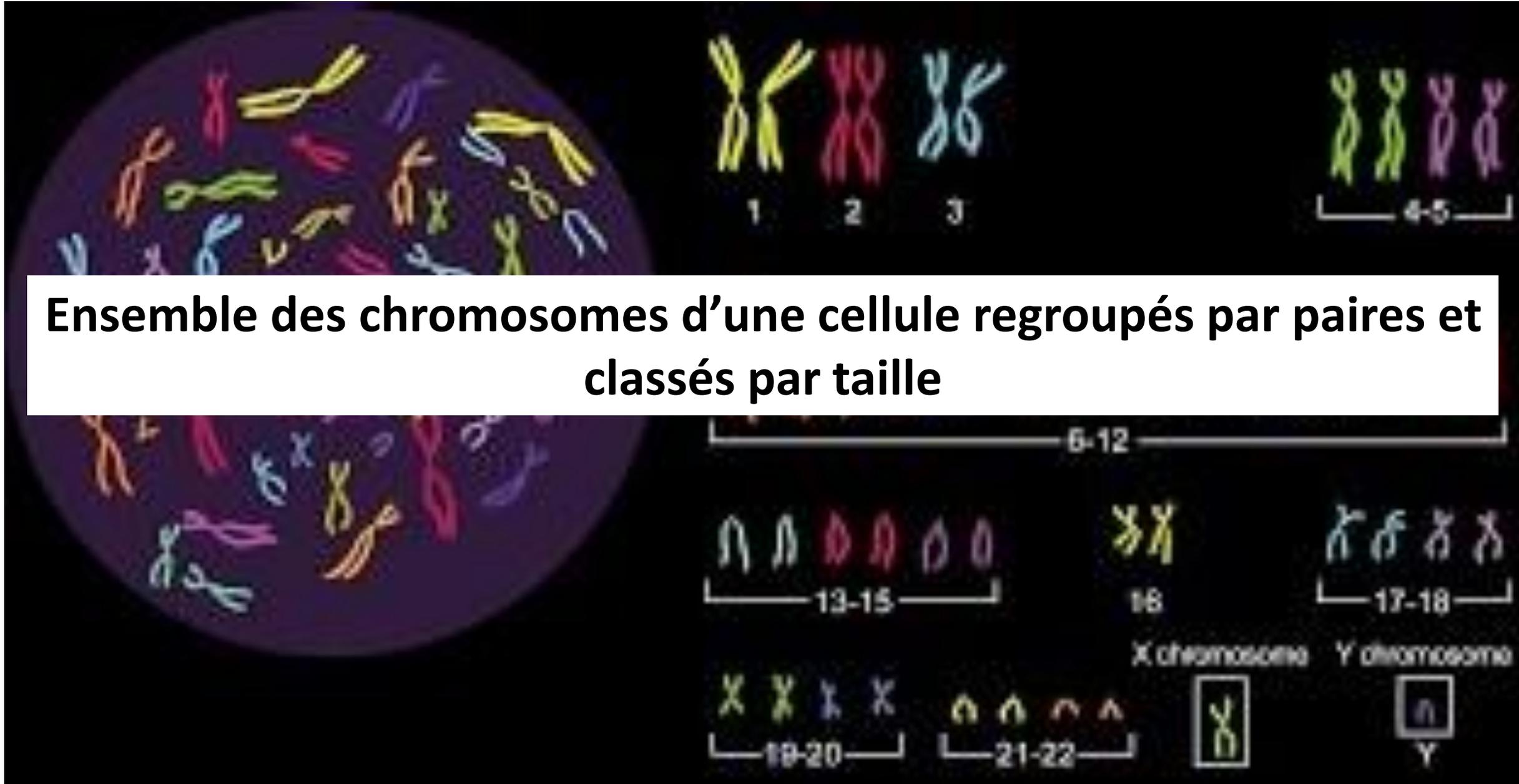


Qu'est ce que c'est ?

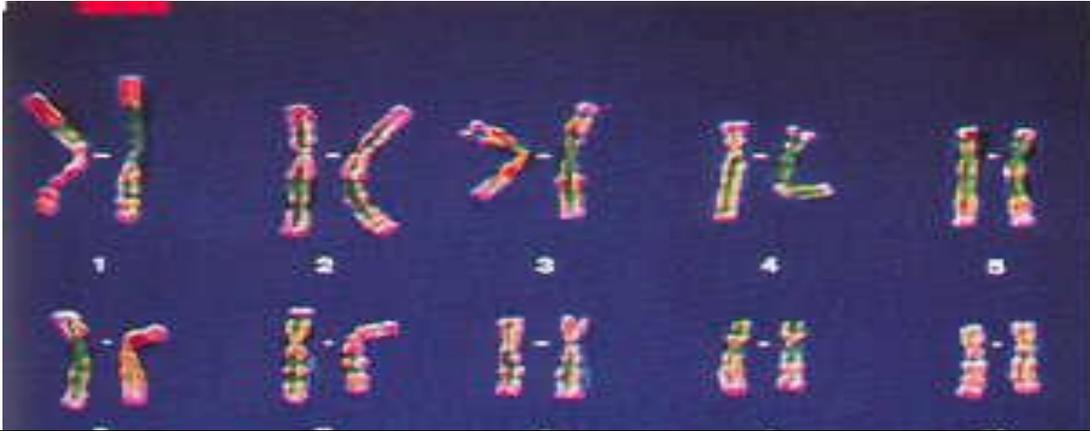
Le caryotype



Le caryotype d'une cellule



Le caryotype humain



Pour chaque paire de chromosomes, l'un vient du père, l'autre de la mère



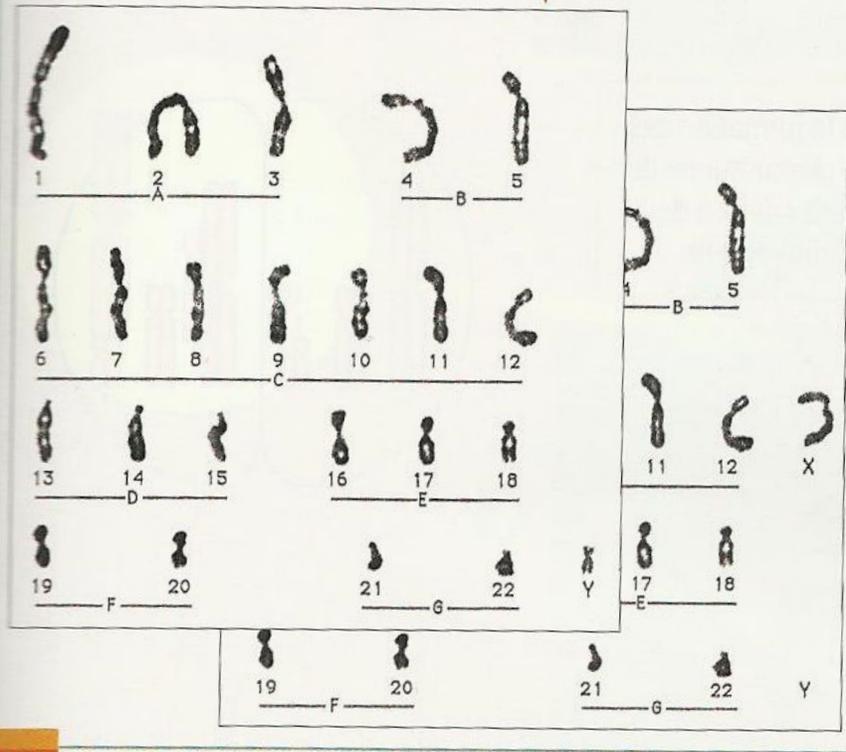
A Le caryotype ordonné d'une femme.



B Le caryotype ordonné d'un homme.

Le caryotype des cellules reproductrices

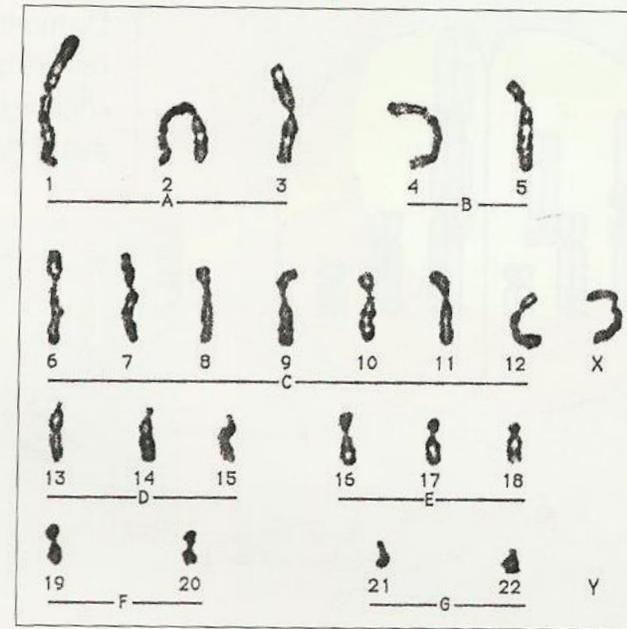
Deux caryotypes possibles
pour les spermatozoïdes



DOC
2

Le caryotype des spermatozoïdes.

Un seul caryotype pour
les ovules



DOC
3

Le caryotype d'un ovule.



Les gènes sur les paires de chromosomes

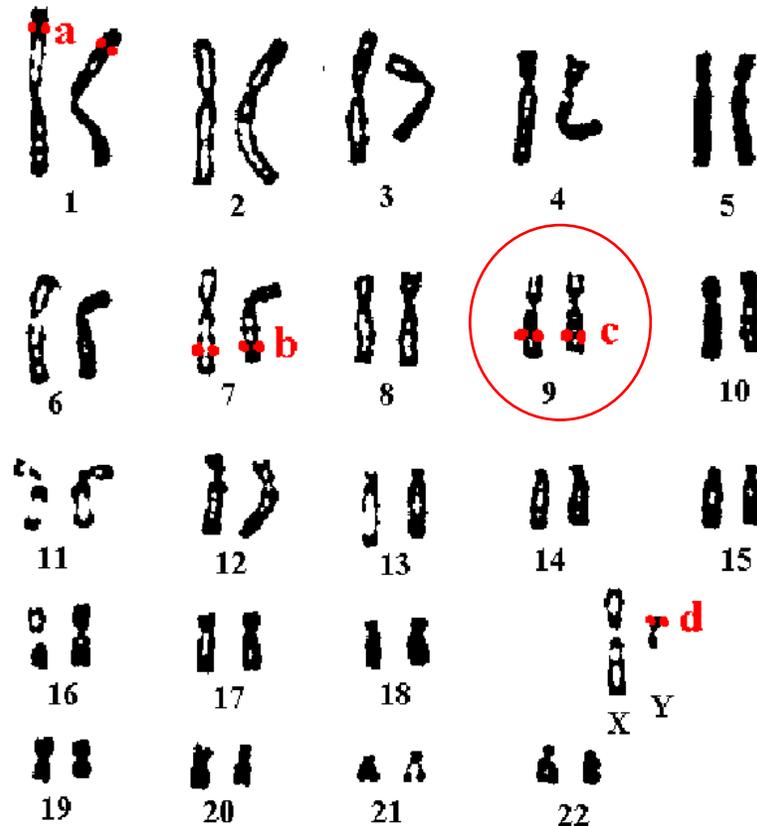
Caryotype, gènes et allèles ...

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



Les 2 chromosomes d'une même paire portent les mêmes gènes au mêmes endroits => un individu possède 2 exemplaires de chaque gène (sf chromosomes sexuels de l'homme)

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

Comparaison avec alignement

220 230 240 250 260 270 280 290

Traitement 0

Identités 0

acod.adn 0

bcod.adn 0

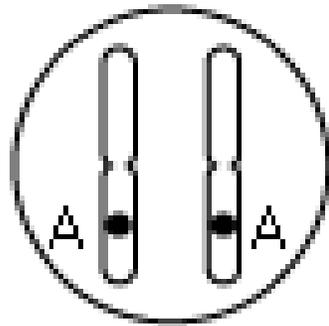
ocod.adn 0

Sélection : 0/5 lignes

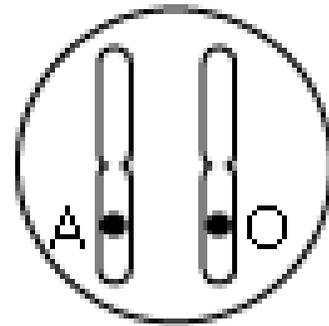
ACCCCCAGCCAAAGGTGCTGACACCGTGGAGGATGTCTCTGGTGGTACCCCTTGGCTGGCTCCCATTGTCTGGGAGGGCACA

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

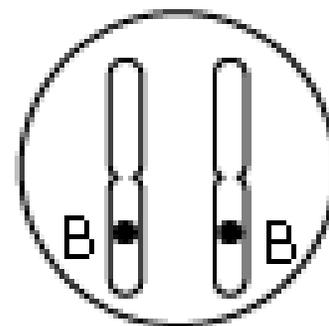
Les gènes existent sous différentes versions, les allèles



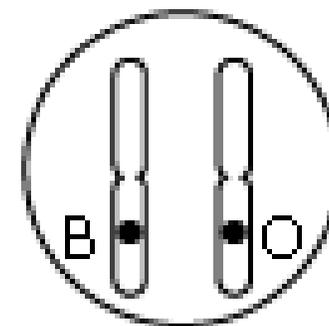
Homozygote



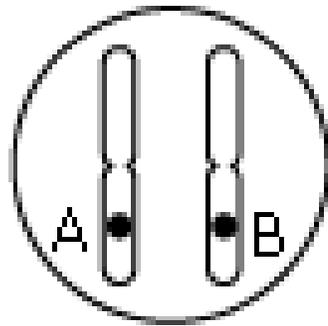
Hétérozygote



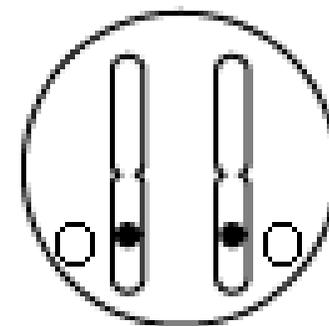
Homozygote



Hétérozygote

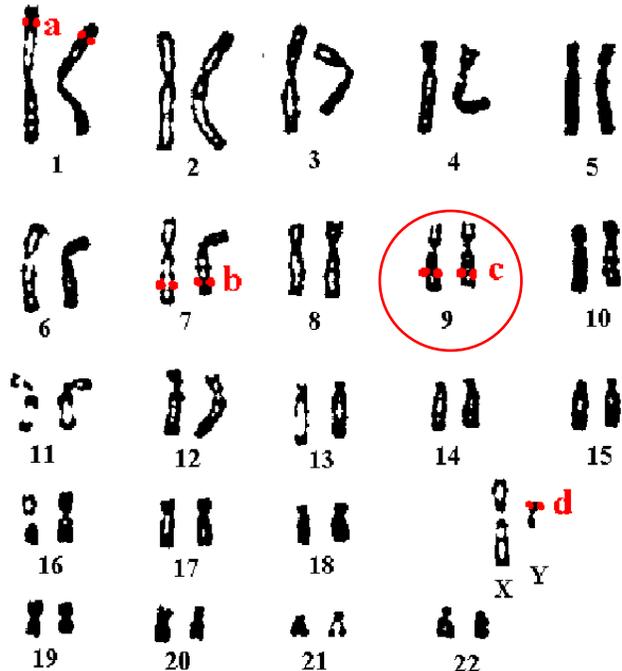
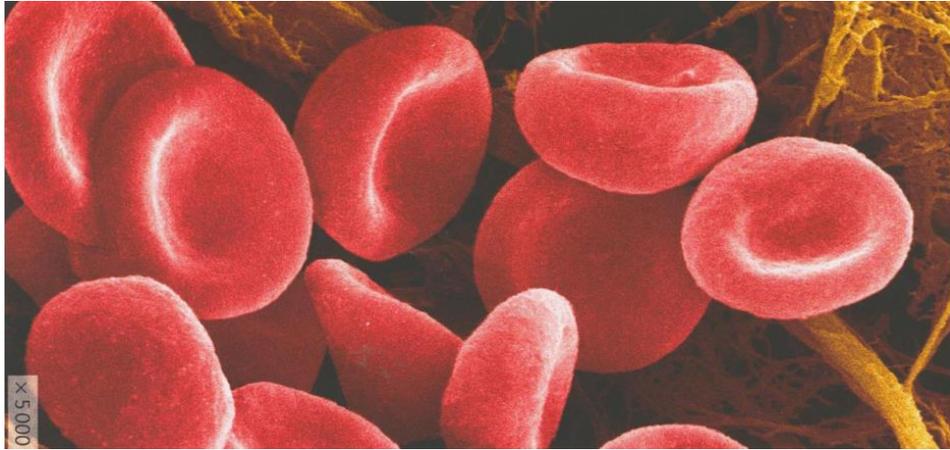


Hétérozygote



Homozygote

Gènes, allèles et caractères de l'individu...

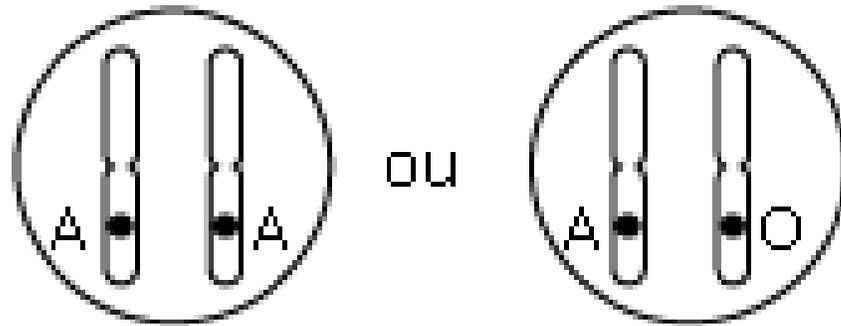


Caryotype humain classé
(Homme)

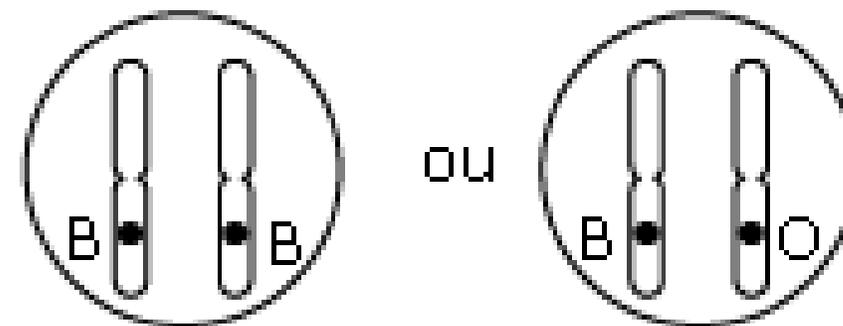
	Groupe A	Groupe B	Groupe AB	Groupe O
	marqueur A	marqueur B		
Hématies				

Les gènes existent sous différentes versions, les allèles

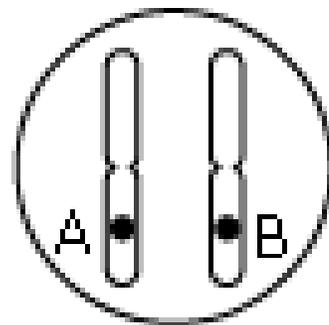
Groupe A



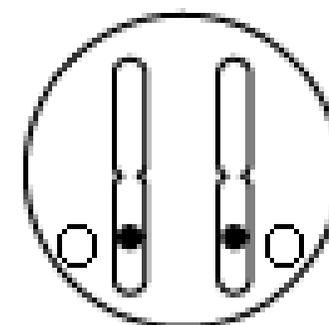
Groupe B



Groupe AB



Groupe O





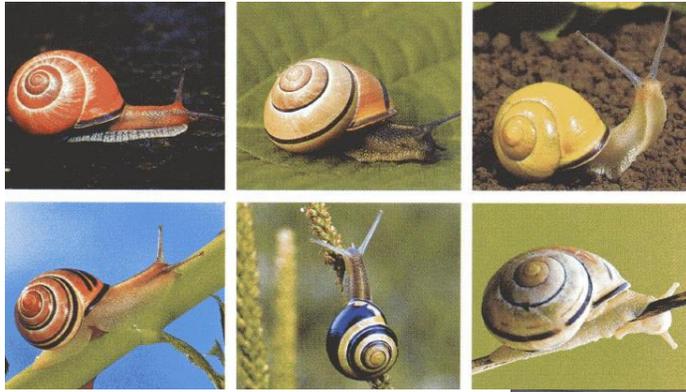
Qu'est ce que c'est ?

La biodiversité

Quelles sont les échelles de définition de la biodiversité?

Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

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**



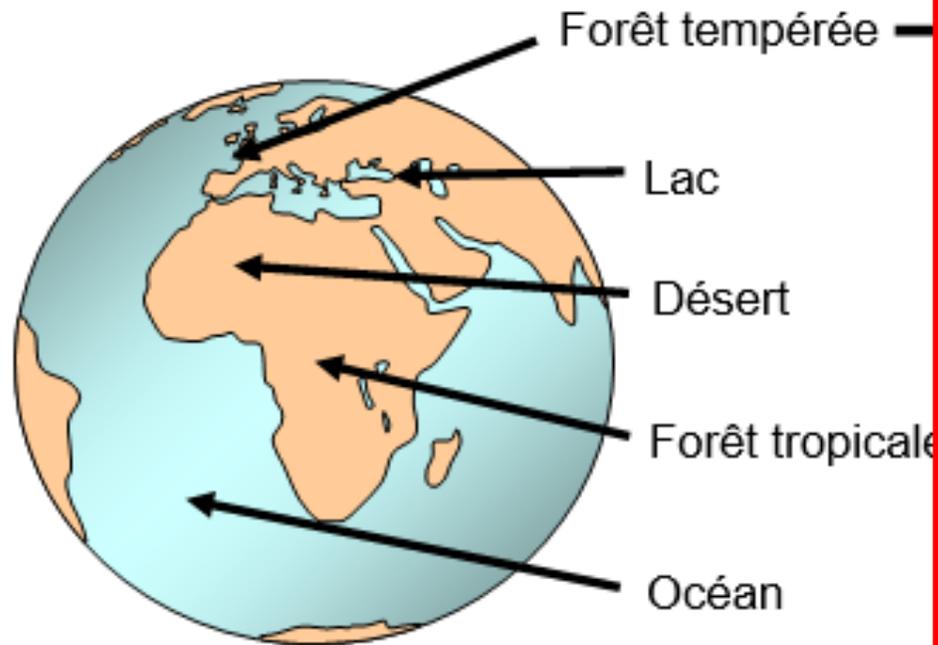
Diversité des individus au sein d'une espèce = biodiversité intra spécifique



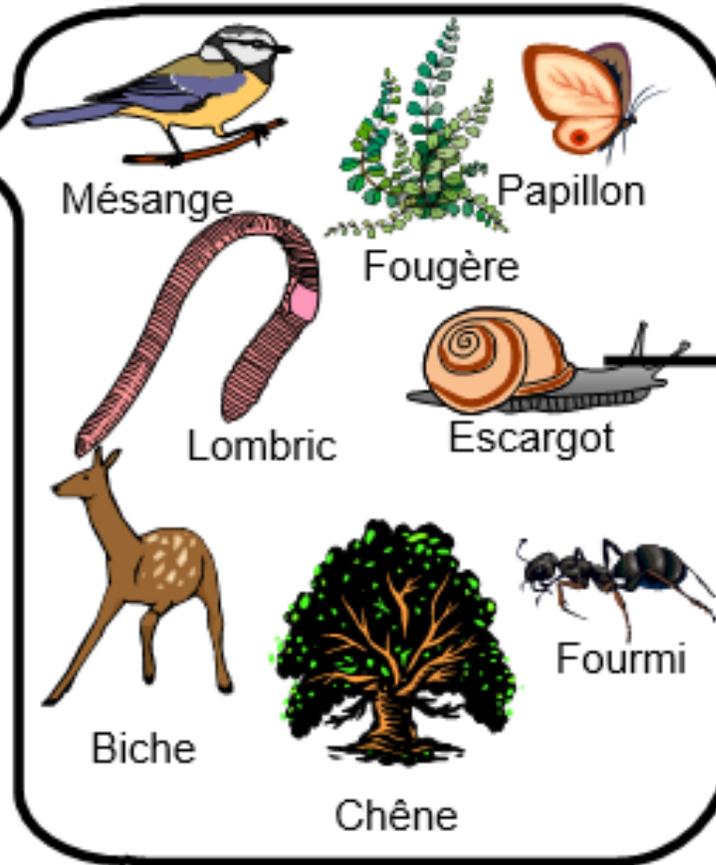
La biodiversité intra spécifique est due à la diversité des allèles



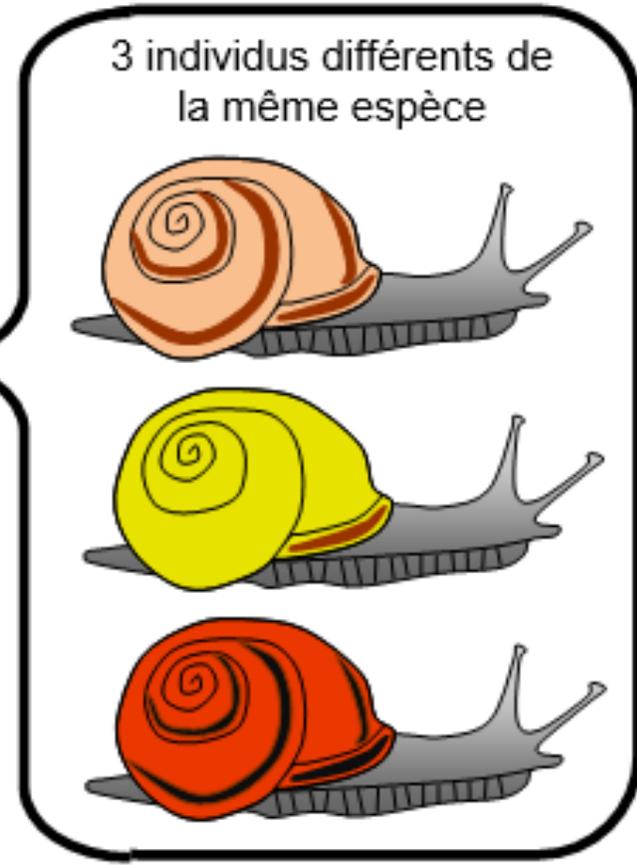
La biodiversité : 3 niveaux d'étude



1 - Biodiversité des **écosystèmes**



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



3 - Biodiversité **intraspécifique**
= génétique

Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

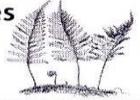
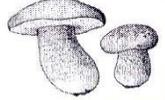
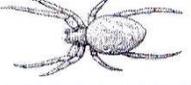
Comment peut- on estimer la biodiversité actuelle ?

Comment limiter l'impact de l'Homme ?

Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

I. Estimer la biodiversité

La biodiversité actuelle

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

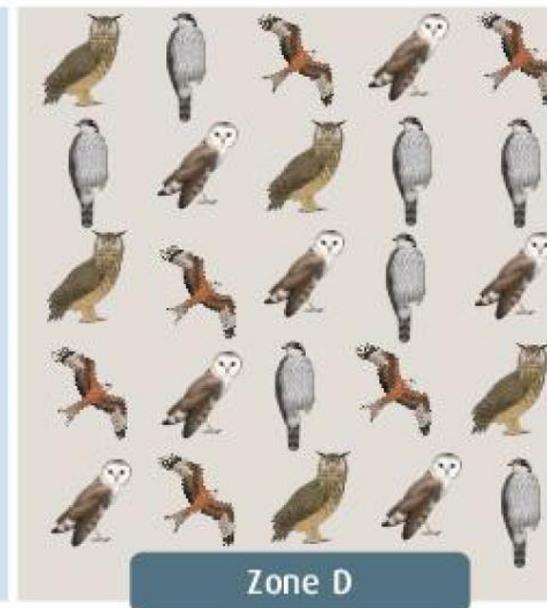
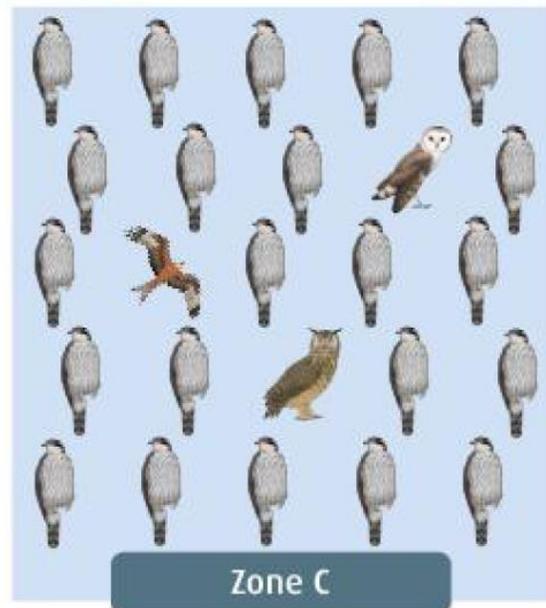
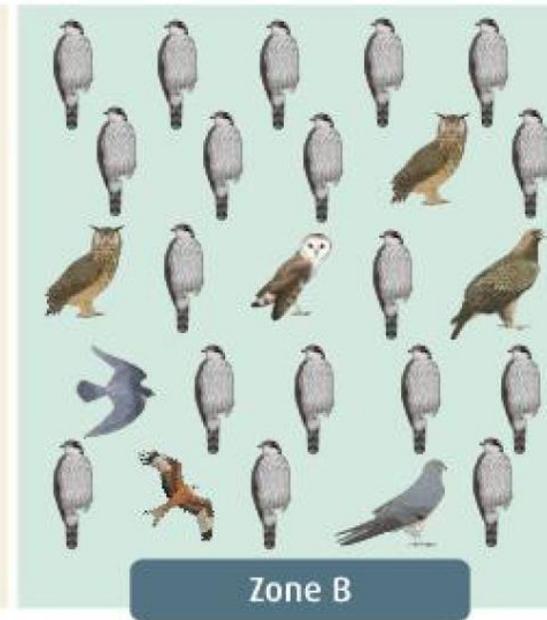
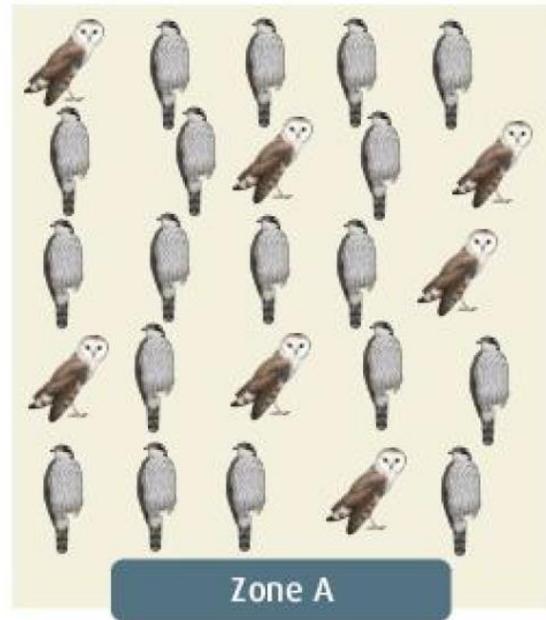
On estime à environ 30 millions le nombre d'espèces différentes vivant actuellement à la surface de la Terre.

Comment peut-on estimer la biodiversité ?

Nombre d'espèces actuellement connues sur Terre

Estimer la biodiversité

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



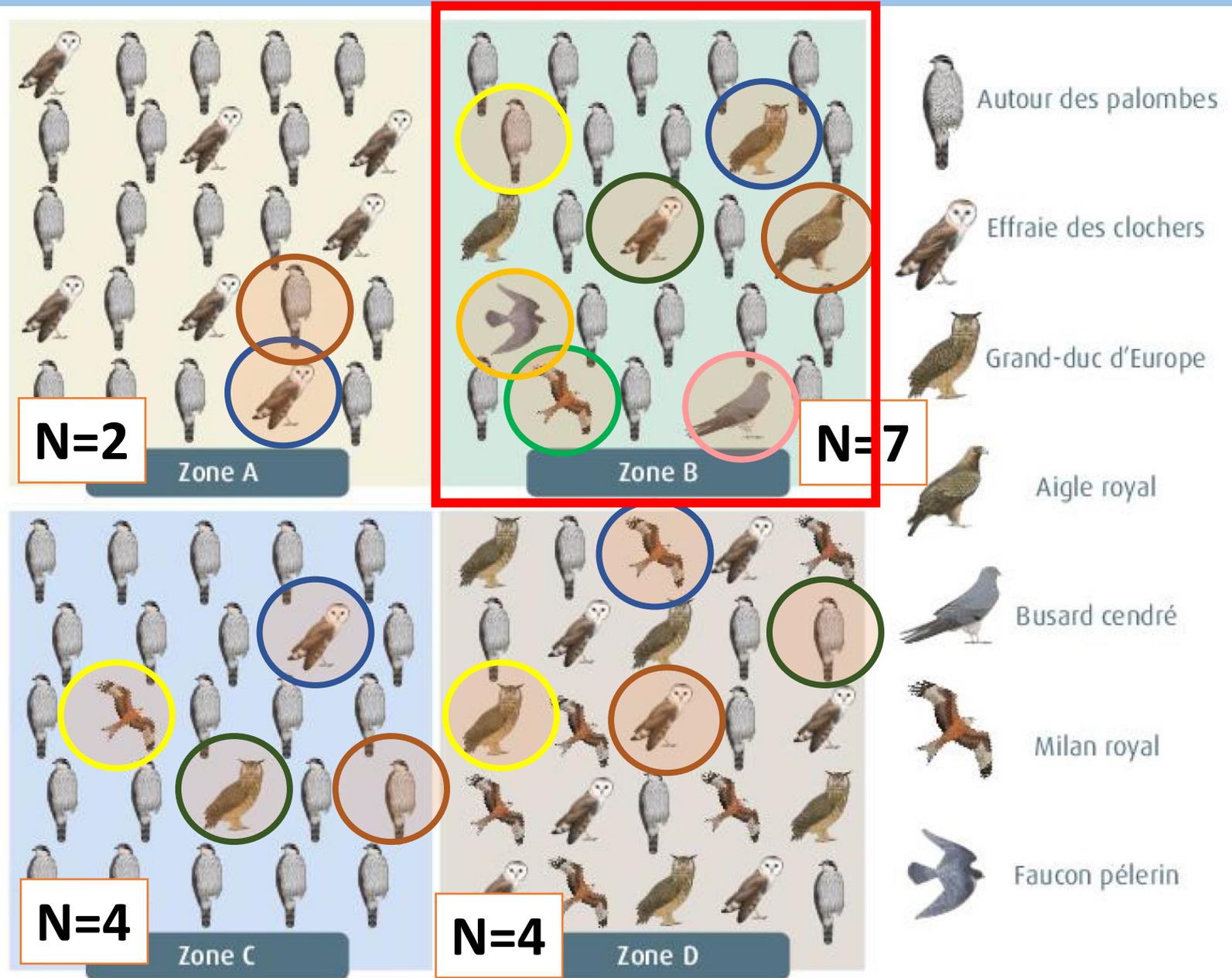
-  Autour des palombes
-  Effraie des clochers
-  Grand-duc d'Europe
-  Aigle royal
-  Busard cendré
-  Milan royal
-  Faucon pèlerin

(belin)

Estimer la biodiversité

Dans quel zone la biodiversité est la plus importante ?

Richesse spécifique =
Nb d'espèces \neq

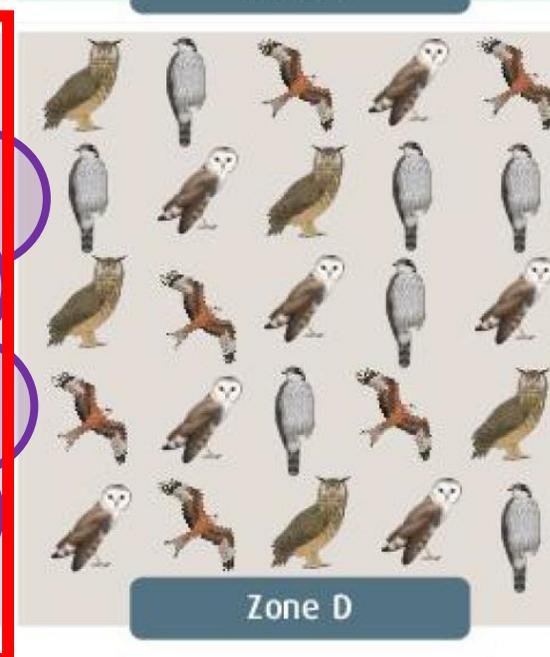
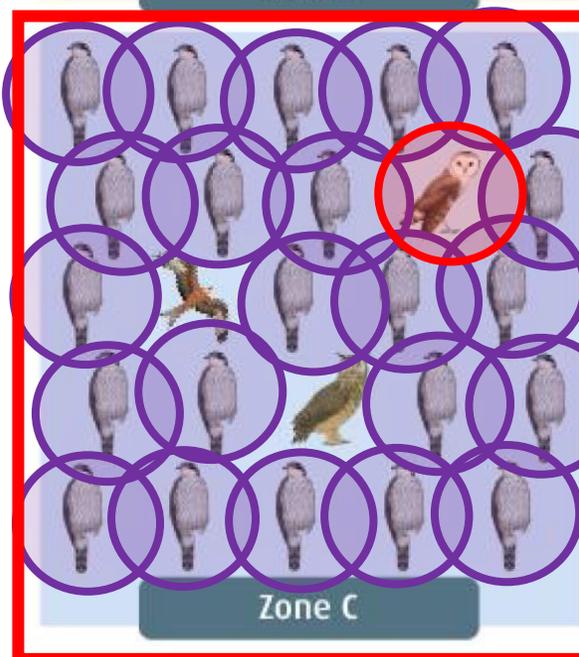
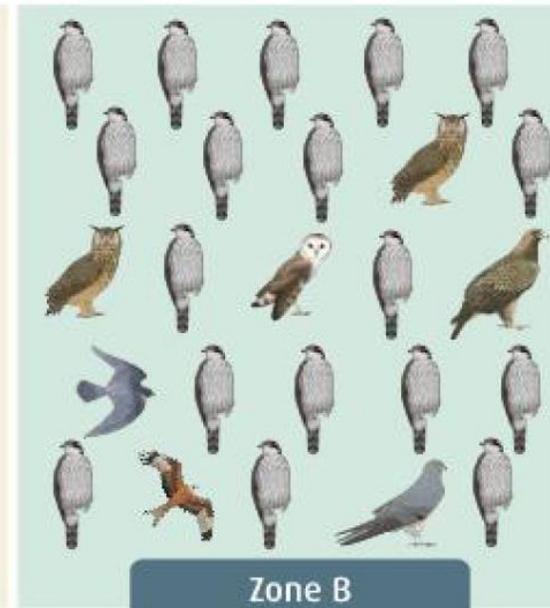
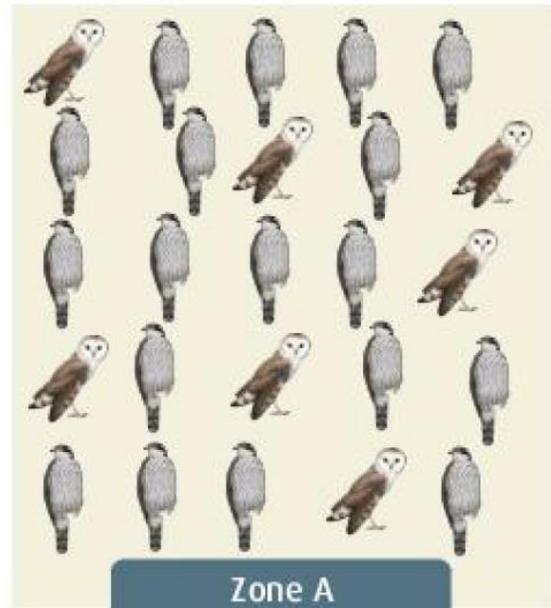


Estimer la biodiversité

Dans quel zone la biodiversité est la plus importante ?

Richesse spécifique =
Nb d'espèces ≠

Abondance = Nb
d'individus par espèce



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

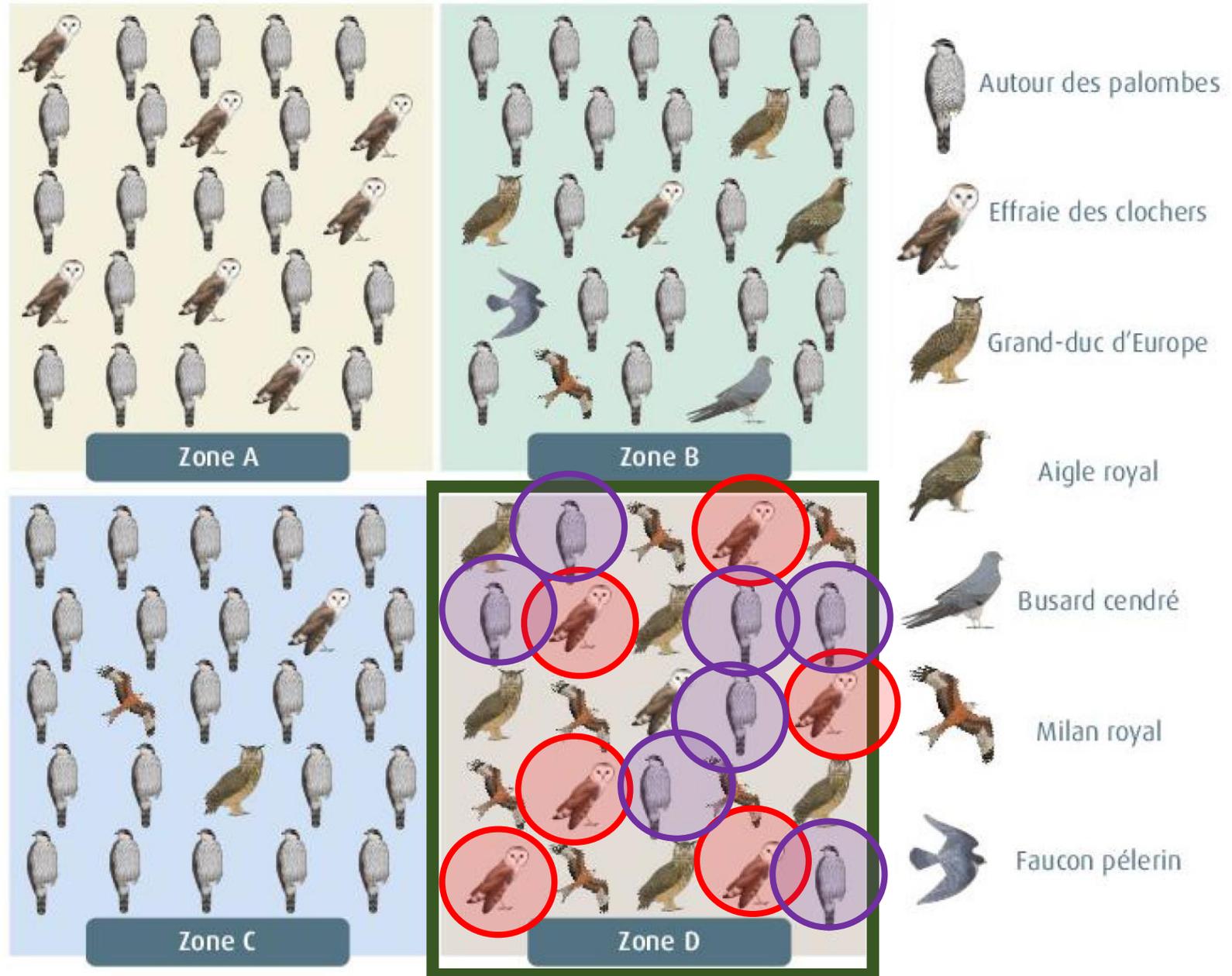
Estimer la biodiversité

Dans quel zone la biodiversité est la plus importante ?

Richesse spécifique =
Nb d'espèces \neq

Abondance = Nb
d'individus par espèce

Equitabilité = Abondance
bien répartie entre les
espèces



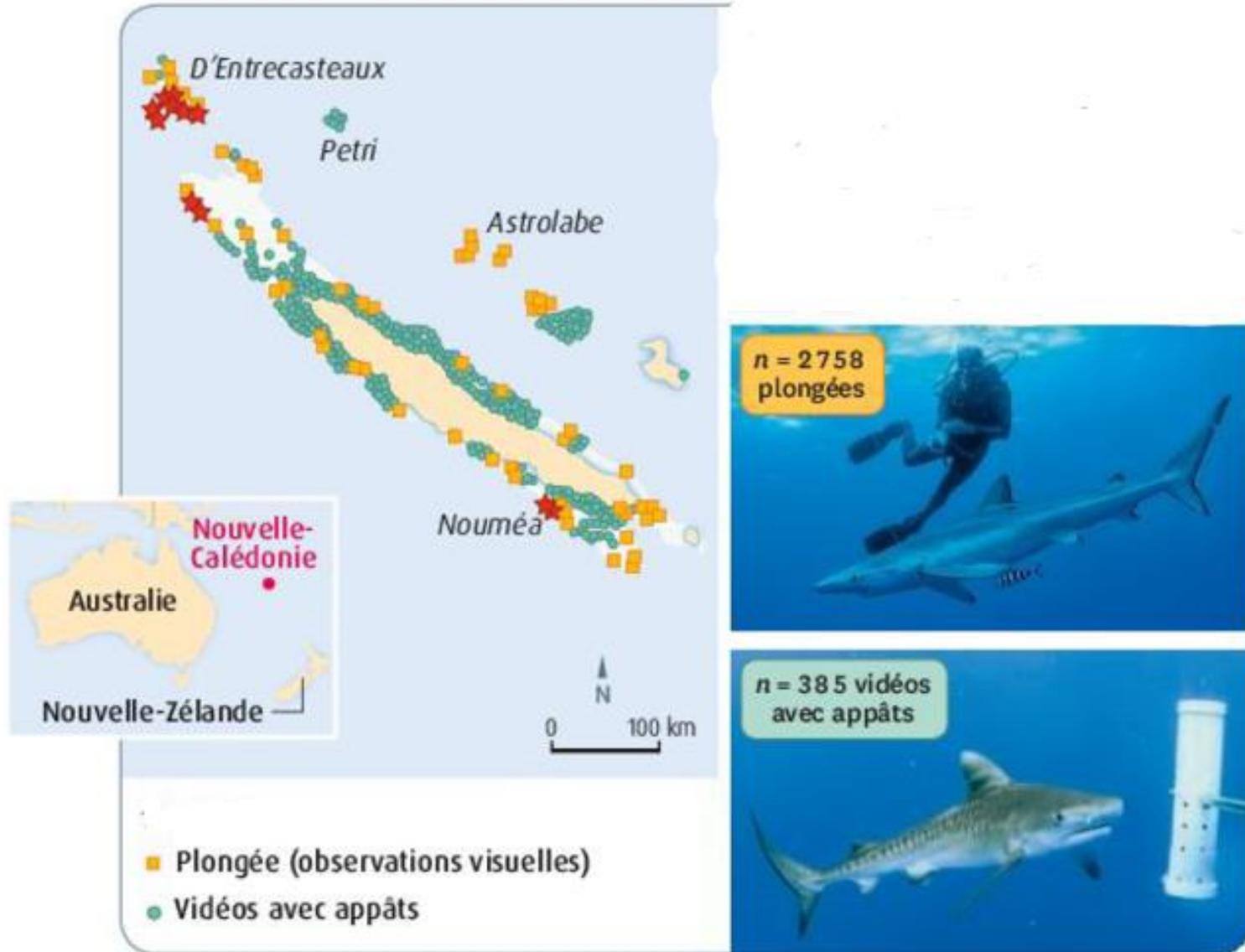
Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

I. Estimer la biodiversité

A. Estimer la richesse spécifique d'un milieu

Estimer la richesse spécifique
par **échantillonnage direct**

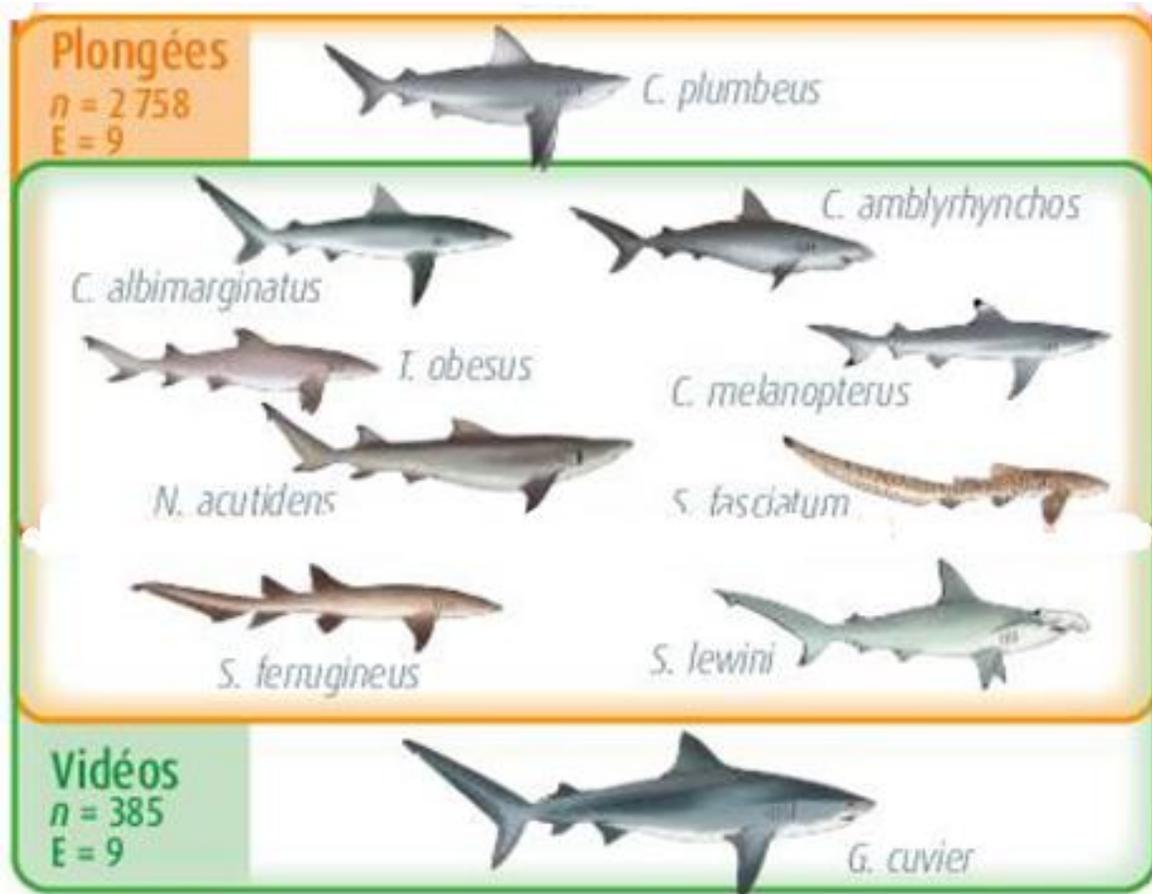
Méthodes non invasives pour estimer la biodiversité



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

(belin)

Méthodes non invasives pour quantifier la biodiversité



D'après Boussarie et al, 2018

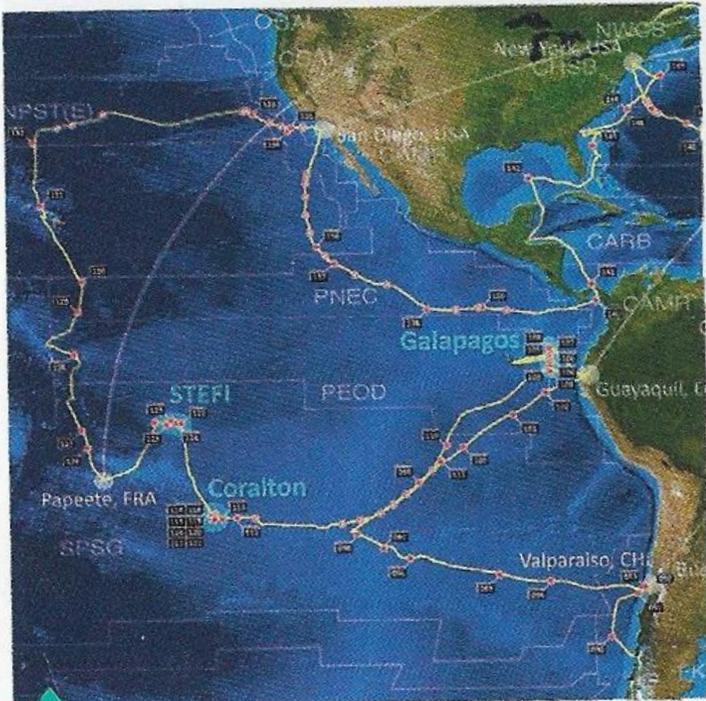
=> 10 espèces de requin

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.

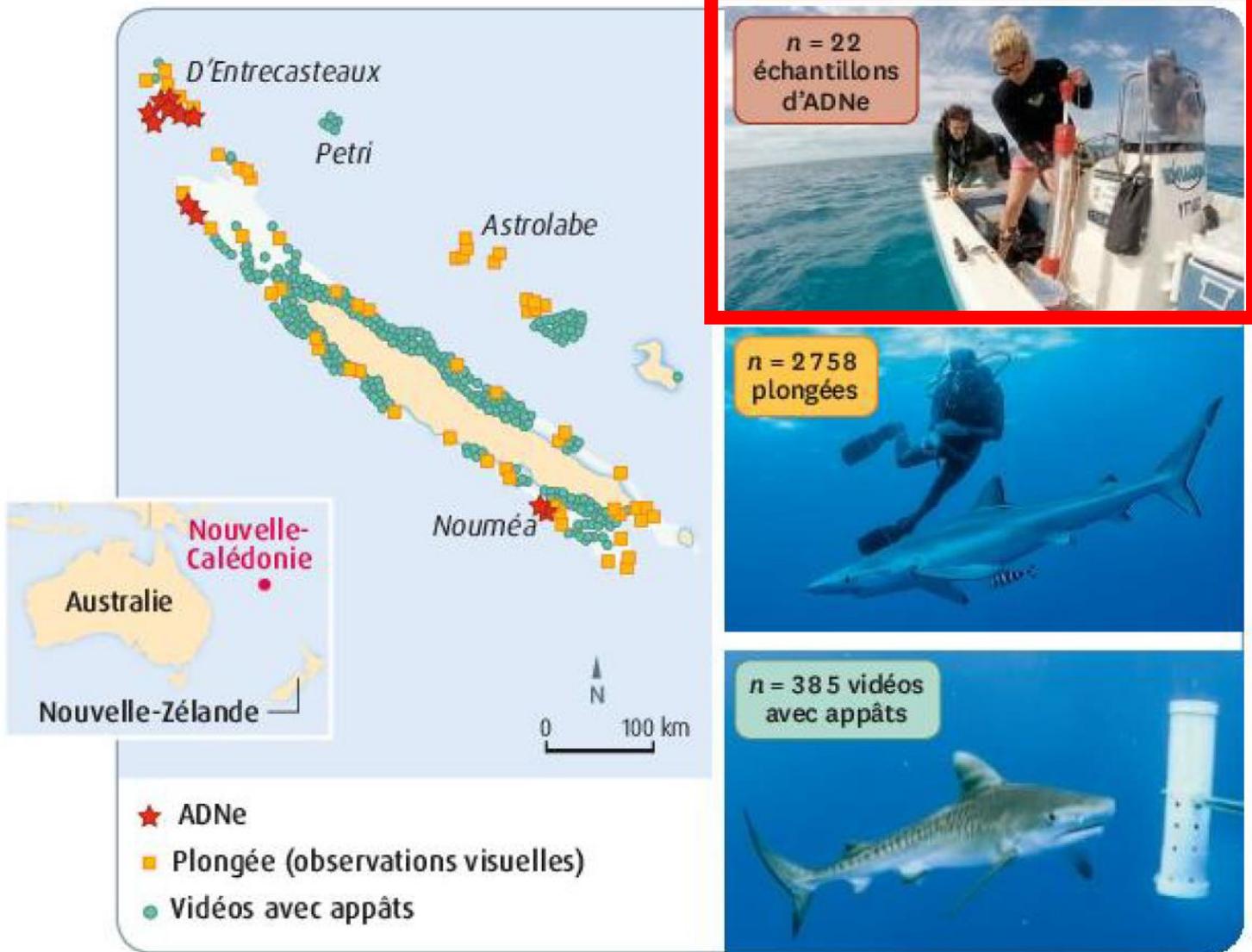


Méthodes non invasives pour estimer la **biodiversité**



Estimer la richesse spécifique
par **échantillonnage indirect**

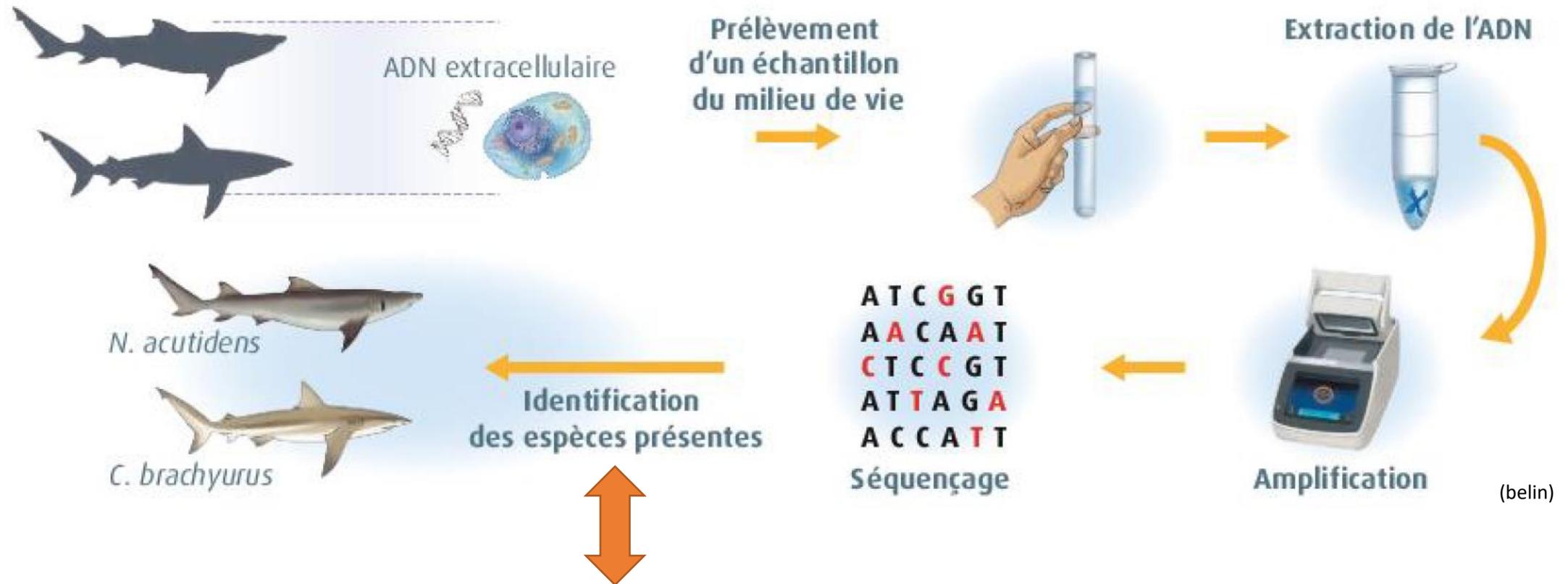
Méthodes **indirectes** pour estimer la **biodiversité**



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

(belin)

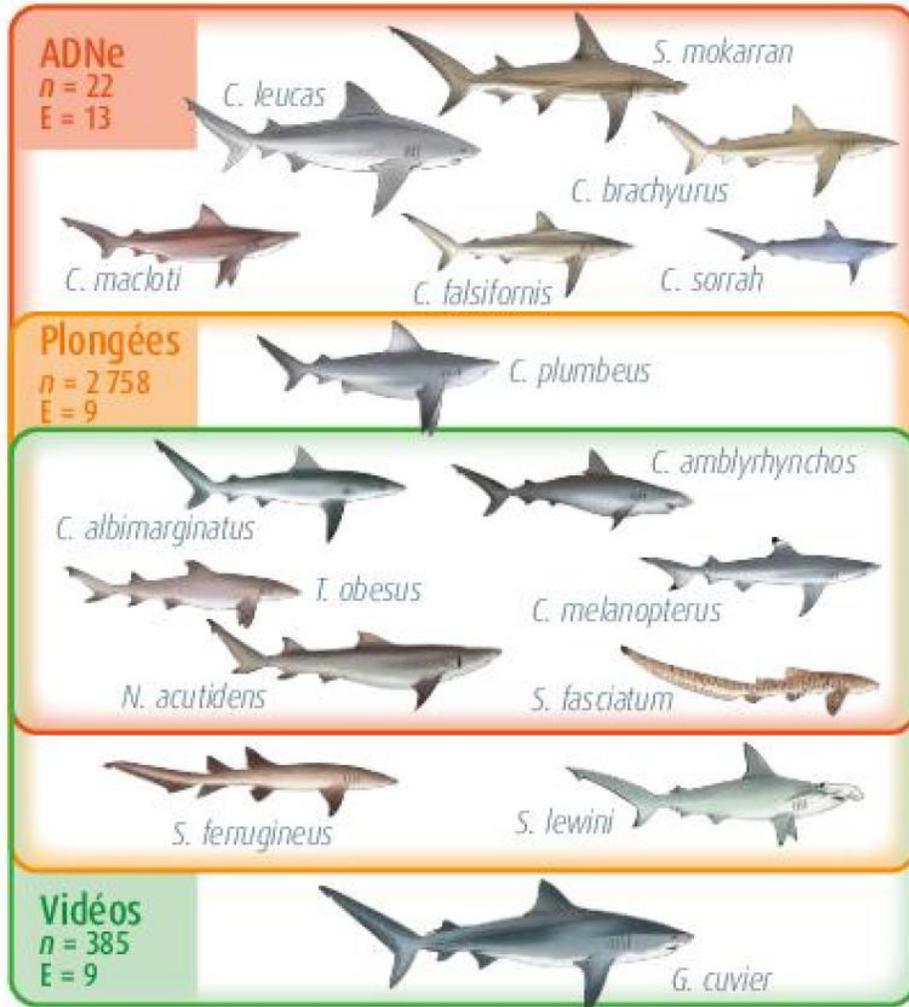
Méthodes non invasives pour quantifier la **biodiversité**



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



D'après Boussarie et al, 2018

=> 16 espèces de requin

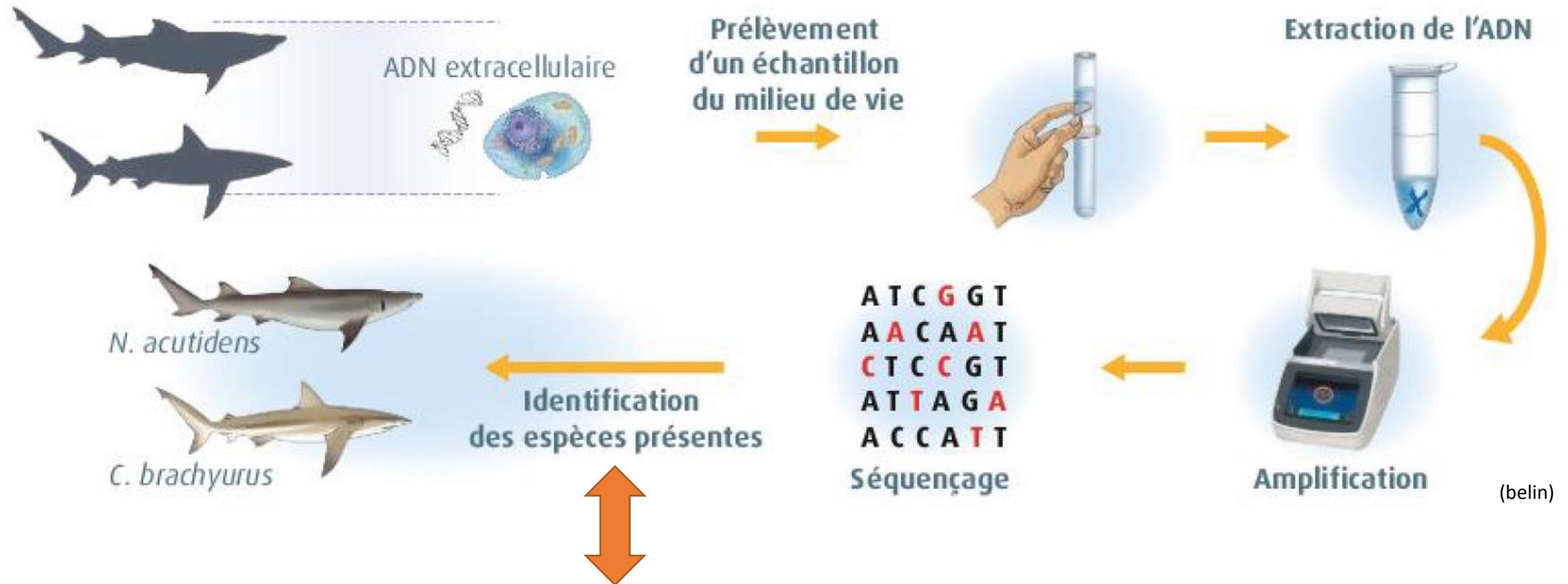
Comment estimer de façon fiable l'abondance d'une population animale (= mobile !)?

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

(belin)

Correction de l'exercice sur l'ADNe

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](#)

SEQUENCES A ETUDIER :

>ADNe-1

```
GGAAC TTTAT ATTTA ATAGC GGGGG CTTGA GCGGG TTTAG TTGGA ACTGG GTTAAGA ATA ATTAT TCGTG TTGAATT AGG
GCAGC CTGGG AGTTT AATTG GGGAT GGTCA AATTT ATAAT GTAGT CGTAA CAGCA CATGC TTTTAT CATG ATTTTT TTTCA
TAGT TATAACC TATTT TAATT GCGGG GTTG GAAAT TGGCT CGTACC CTTA ATATT AGGAG CAGCC GATAT AGCTTT TCCCT
CGTAT GAATA ATATA AGATT TTGAT TTTTA CTTCC TGCTT TAATT ATACT AATTAT TAGT TCTAT AGTAG AGAGAG GGGG
AGGAA CTGGA TGAAC CGGTT ATCCT CCATT ATCTG GAAAT TCAGC TCATG GGGGT AGGTC AGTAG ATTTT GCAAT TTTCT
CATTG CATT AGCAG GGGTA AGATC TATTT TAGGG GCAGT AAATTT TATT TCACT TTAG GTAAC CTGCG AGTTTT TGGG
ATAGT CATGG ATCAA ATACC ATTGT TTGCC TGAGC AGTAT TAATT ACTGC CGTTTT ACTT CTTCT TTTCTT TACCT GTATT
AGCAG GGGCT ATTAC GATAC TGTTA ACGGA TCGAA ATTTA AATTC CTGTT TCTAT GATAC TGCTG GAGGT GGAGAC CCGA
TTCTT TATCA ACATC TATTT TGATTTT
```

>ADNe-2

```
ATGTAG CAGA CAGAT ATGAT ACAGAT AGAC ACAGAC AGAT AGACAG ATAG ACAAC AGTCG CTCAG TFCAGT ACGC ATTACC
GTGCG CTCGC GACAG CTCGA CGCTC GACGC TCGAT CCGATC GATAT TTCGA TGCGAT GACA GATGAC AGAT GACAG TAGAC
AGATG ACGAT GCAGAT GACA GTGAG ACAGA TGACG ATGAG AGTAG CAGAT AGCGAT GAGC GATGG GTAGA CGATG ACCAC
```

>ADNe-3

```
TACGG CTGCG AGTGG ACAAA TGGCT GGTGC CTACAG GAGT GCTCT GACTC AAGAG CTATC AATGT AGCTG TCATAG GCAC
TTGTG TAGCT GCAGAG GGGG AAGAG GCTAT CATT TCTGAC ATAGA ATTTG CAGA ATCTGC CACTG TACCA GTAAAG GGGAA
GGGCC AGGCA AACTG ACTGG GAGAT TG CAG GGCTG ATCTG GGCCT CTTCC TTGGACT GTG CTGGGG CCAAC CGTGT CAGGC
TGCTC TTCAT CAGAATA ATA ATCCT TTTATG TAGAC CCACT CCACTG TCGG TAATG GGGGG CTCCG GCATG GTGCT GGCTG
GGCTG TTGGT GGGCT CGTGT TCGGG TAGAG AATACT GCA TTGACA AAGT TAGTG AGGTC CCGAG GGATC ACGAAG CTTC
CGTCC CCCTTG AATGC ATGCG CTCACC ATCG CAGGG GCTGCC ATTCAT ATC
```

>ADNe-4-plastique

```
CGAGT CTTGC TAAGC ACCAT GATTT AAGAT GCTCT TGGTA GAATG TCTTA TCAGC ATACT TTCTAAA ACC ATGCT TATTG
CTTTT TGCTC TTCTT CATCT AACTG TTGGA TTTTT TTTAA CCTGAG CATA AGCTC TTGAT TTTCAT CTGT GGCCCAT CTT
CCGCAT AGTT CATCA ATTGA GATCT CCAGA GCATC TGCGA TCTT CACAAG GTTTT CCATT GTAGG CAAAC CTCCCCAGA
TTCGT ATTTT TTGTAC GATG TTAGACT AAT TCCAAT TTTCA TCAGC CATT GTGCCT GAGT CTTAT TAATT GCCTTT CTTT
GGTTGG CTAG CCTTT CTTTT ATCTT CATAA CAATCCC CTT TAGCTTG ATT TATTT CTATT GTAAGG CTGT TTTTT TGAC
ATTAG TCTTG AAAGT GCGCA TTGGT TGCTG TATTT TTAGCT CTAAAG GTTA TCTTG ACAGG TTTTT GAAGG CTAATG AAAA
AGCAG ATTTT CACTC TTGAC GAATT ACAAC TCGATA CAAA CGCTT CTCCG TTTGTTTT TGG TCGATT ATCT TGCTT GGTCG
GTTCC TTATG CTTCA TTCCG TCACG CGCAT AAGTCC GATT TGTCCT CGCT TATCT GGGCG CCTCT TCCTA AGCCCG ATTA
CCGTAT GGCT CGCAC CCCTG AGCAAAA AGA GAAGT TAATC GAGCT TTTATA AGCAGA AGTG GAACGT TGCC ATGAT GGAAC
GCTTG GAGGT GTTTT GCCTT CATG TTCTG GTCTT CGTAT GTCGC CTTGG CCGGATA AGG
```

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

Enter organism name or id--completions will be suggested 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 BIOUG<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"/>	Paracalanus parvus voucher Co251.5.3 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	553	553	93%	6e-153	82.78%	KC287779.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Paracalanus indicus voucher V341.PI2a cytochrome oxidase subunit I gene, partial cds; mitochondrial	547	547	97%	3e-151	82.06%	KF715901.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Calocalanus minutus voucher V0009.2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	497	497	92%	3e-136	81.33%	JQ911971.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Gaetanus brevispinus mitochondrial COI gene for cytochrome oxidase subunit I, partial cds, voucher_DNA: rjm1150	494	494	97%	4e-135	80.52%	AB380007.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Paracalanus parvus voucher Co251.5.1 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	492	492	81%	1e-134	83.15%	HQ150069.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Parvocalanus crassirostris cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	488	488	85%	2e-133	82.23%	KT119520.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Paracalanus aculeatus cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	473	473	91%	5e-129	80.90%	KX090445.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Paracalanus quasimodo isolate GR1_8 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	470	470	96%	6e-128	79.97%	MH818734.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Eodiaptomus japonicus mitochondrial COI gene for cytochrome c oxidase subunit I, partial cds, isolate: Ejap_01	466	466	98%	8e-127	79.51%	LC215453.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Eodiaptomus japonicus mitochondrial COX1 gene for cytochrome oxidase subunit I, partial cds, isolate: E16	464	464	93%	3e-126	80.16%	AB330551.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Tortanus insularis voucher TolnJS62.5 cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	464	464	97%	3e-126	79.54%	KC287906.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Ctenocalanus vanus voucher Co007.2.2 cytochrome oxidase subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial	464	464	94%	3e-126	79.97%	GU171289.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Leucophenga sp. 1 HWC-2015 voucher DIP125758 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial	462	462	100%	1e-125	79.32%	KP697090.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Eodiaptomus japonicus mitochondrial COX1 gene for cytochrome oxidase subunit I, partial cds, isolate: F26	459	459	93%	1e-124	80.00%	AB330560.1



Temora stylifera

Crustacé, copépode

Séquence 2

SEQUENCES A ETUDIER :

>ADNe-1
GGAACCTTAT ATTTAATAGC GGGGGCTTGA GCGGGTTTAG TTGGAACCTG GTTAAGAATA ATTATTCGTG TTGAATTAGG
GCAGCCTGGG AGTTTAATTG GGGATGGTCA AATTATAAT GTAGTCGTAA CAGCACATGC TTTTATCATG ATTTTTTCA
TAGTTATACC TATTTAATG GCGGGTTTG GAAATGGCT CGTACCCTTA ATATTAGGAG CAGCCGATAT AGCTTTTCC
CGTATGATA ATATAAGATT TTGATTTTTA CTCTCTGCTT TAATTATACT AATTATTAGT TCTATAGTAG AGAGAGGGG
AGGAACCTGA TGAACGGTTT ATCCTCCATT ATCTGGAAAT TCAGTTCATG GGGGTAGGTC AGTAGATTTT GCAATTTTCT
CATTTGCATT AGCAGGGGTA AGATCTATT TAGGGCAGT AAATTTTATT TCAACTTTAG GTAACCTGCG AGTTTTTGGG
ATAGTCATGG ATCAATATCC ATTTGTTGCC TGAGCAGTAT TAATTACTGC CGTTTTACTT CTTCCTTCTT TACCTGTATT
AGCAGGGGCT ATTACGATAC TGTTAACGGA TCGAAATTTA AATTCTGTGT TCTATGATAC TGCTGGAGGT GGAGACCCGA
TTCTTTATCA ACATCTATT TGATTTT

>ADNe-2
ATGTAGCAGA CAGATATGAT ACAGATAGAC ACAGACAGAT AGACAGATAG ACAACAGTCG CTCAGTCAGT ACGCATTACC
BTGGCTCGC GACAGCTCGA CGCTCGAGC TCGATCGATC GATATTTCGA TGGGATGACA GATGACAGAT GACAGTAGAC
AGATGACGAT CGAGATGACA GTGAGACAGA TGACGATGAG AGTACGATAG ACGGATGAGC GATGGGTAGA CGATGACCAC

>ADNe-3
TACGGCTGCG AGTGGACAAA TGGCTGGTGC CTACAGGAGT GCTCTGACTC AAGAGCTATC AATGTAGCTG TCATAGGCAC
TTGTGTAGCT GCAGAGGGGG AAGAGGCTAT CATTTCTGAC ATAGAATTTG CAGAATCTGC CACTGTACCA GTAAAGGGAA
GGGCCAGGCA AACTGACTGG GAGATTTCGAG GGCTGATCTG GGCCTCTTCC TTGGACTGTG CTGGGGCAAC CGTGTGAGCG
TGCTCTTCAT CAGAATAATA ATCCTTTATG TAGACCCACT CCACCTGCGG TAATGGGGGG CTCGGGCATG GTGCTGGCTG
GGCTGTGGT GGGCTCGGT TCGGGTAGAG AATACCTGCA TTGACAAAGT TAGTGAGGTC CCGAGGGATC ACGAAGCTTC
CGTCCCTTG AATGCATGG CTACCATCG CAGGGCTGCC ATTCATATC

>ADNe-4-plastique
CGAGTCTTGC TAAGCACCAT GATTTAAGAT GCTCTTGGTA GAATGTCTTA TCAGCATACT TTCTAAAACC ATGCTTATTG
CTTTTGGCTC TTCTTCATCT AACTGTTGGA TTTTTTTTAA CCTGAGCATA AGCTCTTGAT TTTTATCTGT GGCCCATCTT
CCGCATAGTT CATCAATTGA GATCTCCAGA GATCTGCGA TCTTACAAG GTTTTCCATT GTAGGCAAAC CTTCCTCCAGA
TTCTGATTTT TTGTACGATG TTAGACTAAT TCCAATTTCA TCAGCCATTT GTGCCTGAGT CTTATTAATT GCCTTTCTTT
GGTTGGCTAG CCTTCTTTT ATCTTCTATA CAATCCCTT TAGCTTGATT TATTTCTATT GTAAGGCTGT TTTTTGTAC
ATTAGTCTTG AAAGTGGCGA TTGGTTGCTG TATTTAGCT CTAAGGTTA TCTTGACAGG TTTTGAAGG CTAATGAAAA
AGCAGATTTT CACTCTGAC GAATTACAAC TCGATACAAA CGCTCTCCG TTTGTTTTG TCGATTATCT TGCTTGGTCG
GTTCCCTATG CTTTATCCG TCACGGCAT AAGTCCGATT TGTCTCGCT TATCTGGGCG CCTCTTCTTA AGCCGATTA
CGTATGGCT CGCACCCTG GCACAAAAGA GAAGTTRATC GAGCTTTATA AGCAGAAGTG SAACGTTGCC ATGATGGAAC
GCTTGGAGT GTTTTGCCTT CATGTTCTGT GTCTCTGATG GTCGCTTGG CCGGATAAGG

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	lcl 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					

A 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

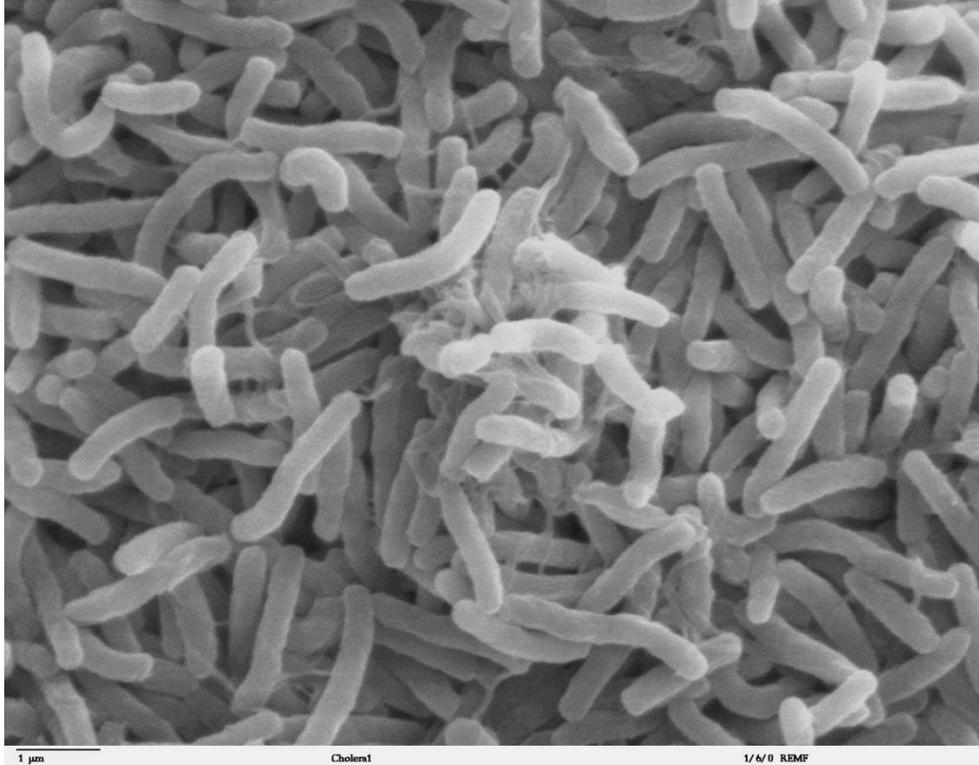


posidonia

Plante à fleur sous marine

Séquence 4

	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae C6706 chromosome 1, complete sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP047295.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain C6709 chromosome 1, complete sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP047297.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain P27459 chromosome 1, complete sequence	1441	4324	100%	0.0	100.00%	CP047299.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain DRC-193A chromosome 1, complete sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP047301.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor strain E7946 chromosome 1, complete sequence	1441	7194	100%	0.0	100.00%	CP047303.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 strain AAS91 chromosome 1, complete sequence	1441	4318	100%	0.0	100.00%	CP042299.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae isolate CTMA_1441 chromosome 1, complete sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP047059.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain F9993 chromosome 1, complete sequence	1441	5766	100%	0.0	100.00%	CP046840.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae C6706 chromosome 1, complete sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP046844.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain 2010EL-1786 chromosome 1	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP038178.2
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae O1 biovar El Tor str. N16961 genome assembly, chromosome: 1	1441	2883	100%	0.0	100.00%	LT906614.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain E4 chromosome 1, complete sequence	1441	4324	100%	0.0	100.00%	CP033515.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain C1 CTX phage region genomic sequence	1441	7207	100%	0.0	100.00%	KY454839.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain No341 chromosome 1 phage sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	KY474411.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain J6 chromosome 1 phage sequence	1441	4324	100%	0.0	100.00%	KY474413.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain C2 chromosome 1 phage sequence	1441	4324	100%	0.0	100.00%	KY474414.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain P2 chromosome 1 phage sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	KY474416.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain P16 chromosome 1 phage sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	KY474417.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain M25 chromosome 1 phage sequence	1441	4324	100%	0.0	100.00%	KY474419.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain C7 chromosome 1 phage sequence	1441	5749	100%	0.0	100.00%	KY474410.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain A1552 chromosome 1, complete sequence	1441	2883	100%	0.0	100.00%	CP028894.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain N16961 chromosome 1, complete sequence	1441	4324	100%	0.0	100.00%	CP028827.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Vibrio cholerae strain 4295STDY6534248 genome assembly, chromosome: 1	1441	3985	100%	0.0	100.00%	LT992492.1



Vibrio cholerae

Bacille du choléra = bactérie

Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

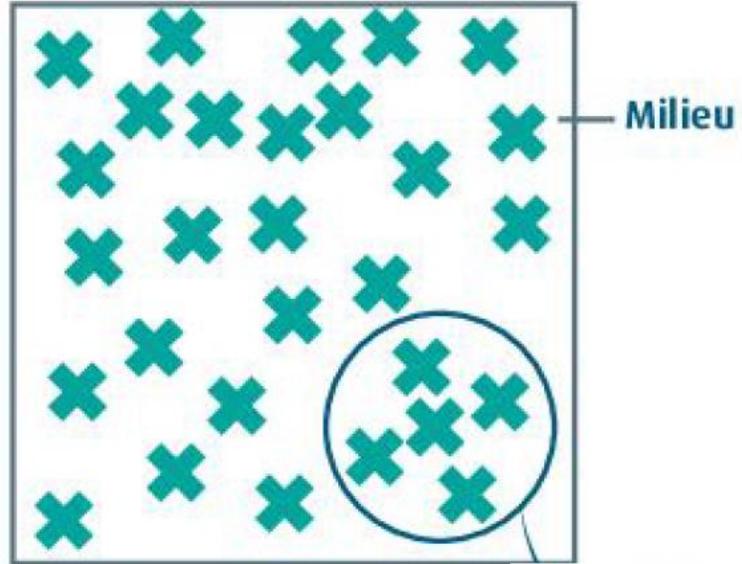
I. Estimer la biodiversité

A. Estimer la richesse spécifique d'un milieu

B. Estimer l'abondance d'une espèce dans un milieu

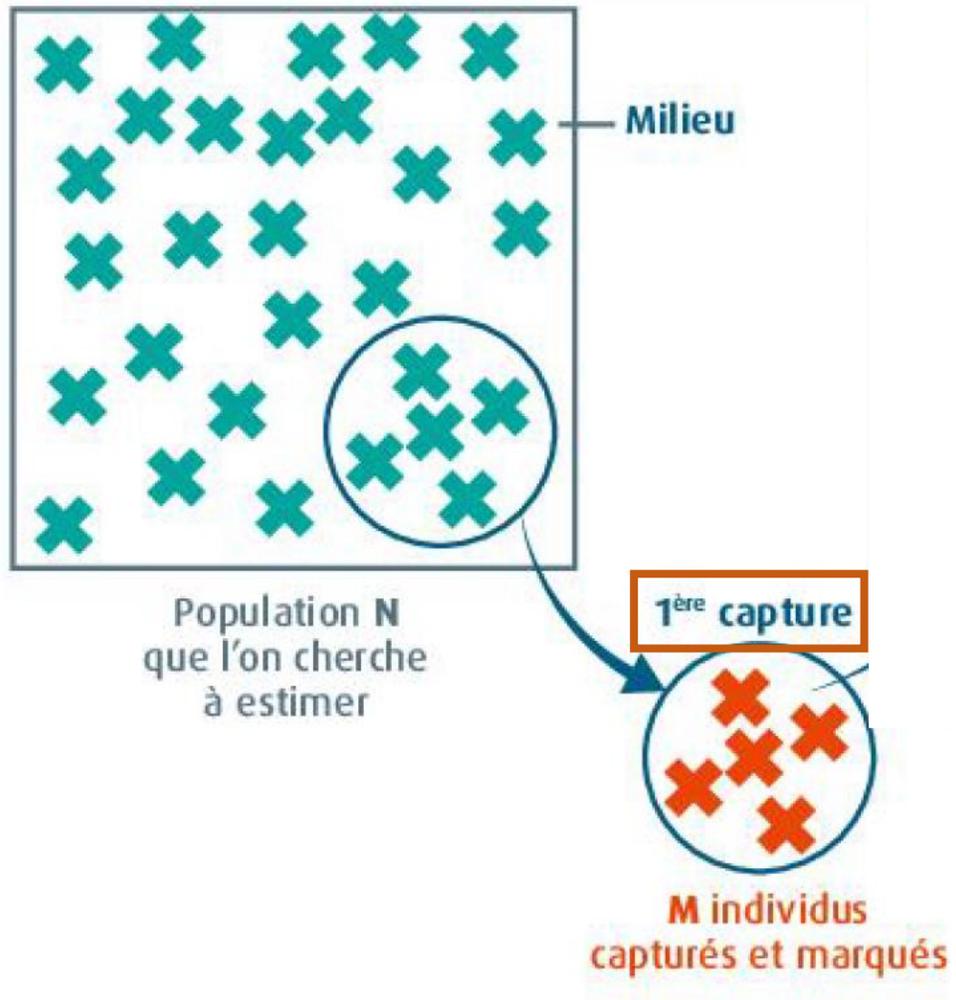
La méthode **capture - marquage - recapture**

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



Effectif total inconnu

La méthode capture - marquage - recapture : principe

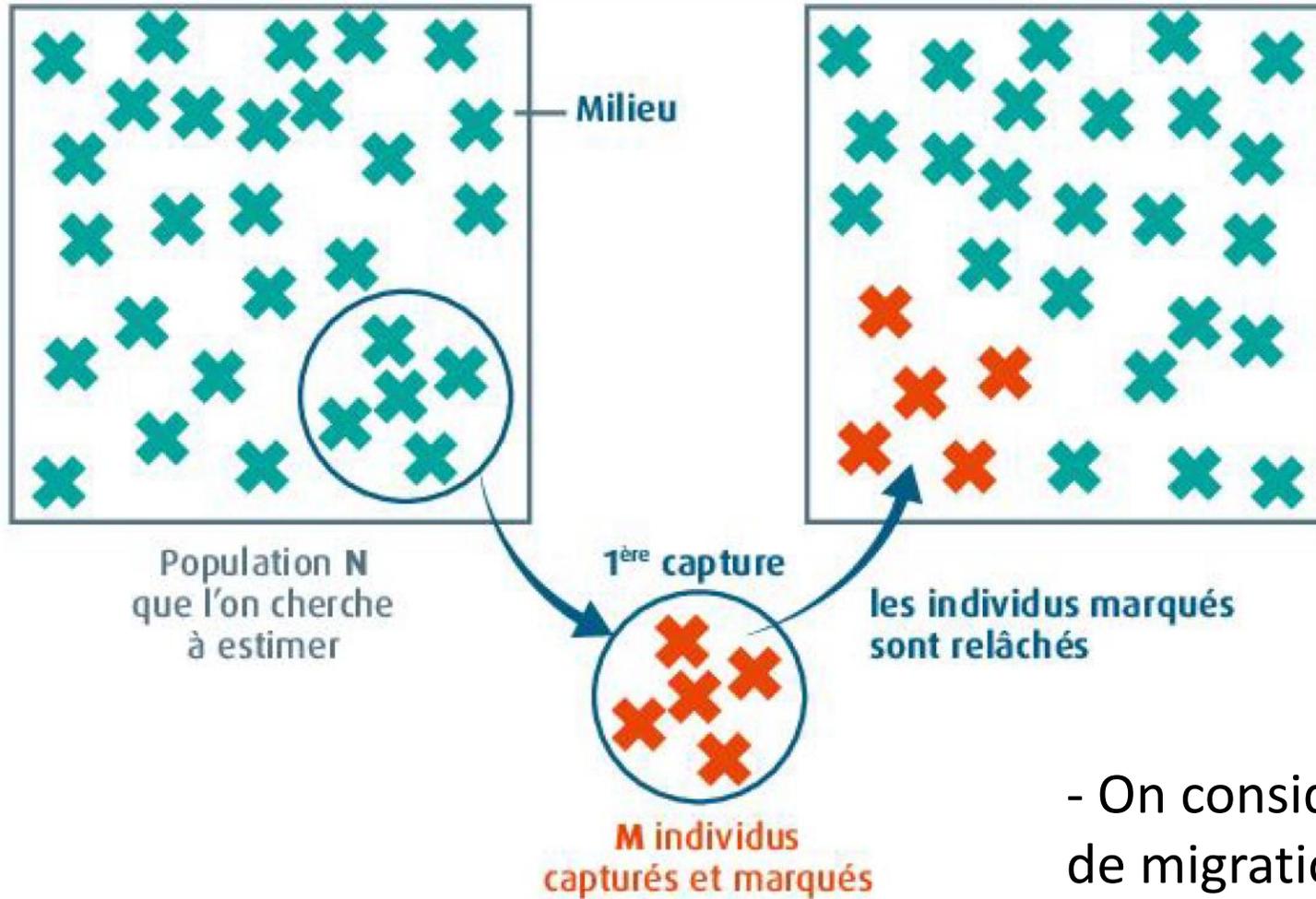


La méthode **capture - marquage - recapture** : principe

Les différents types de marquage :



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

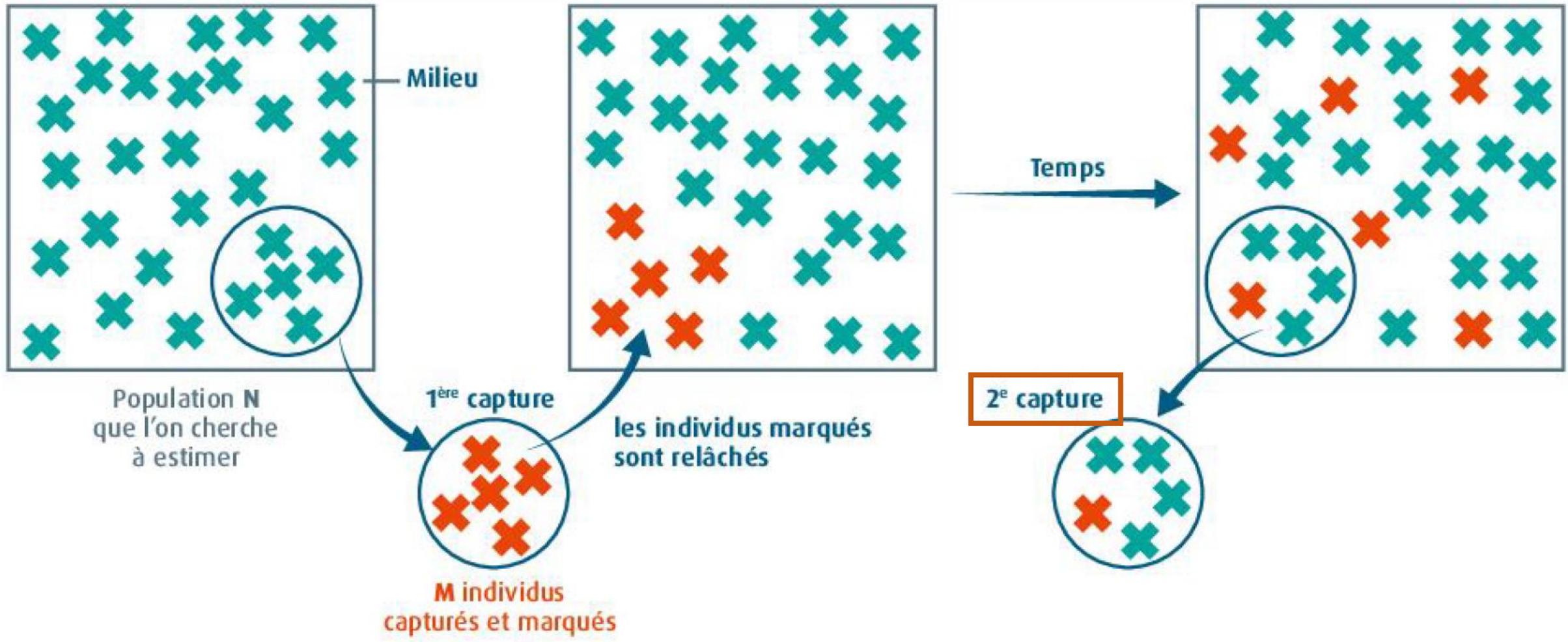


Hypothèses fortes pour faire l'estimation :

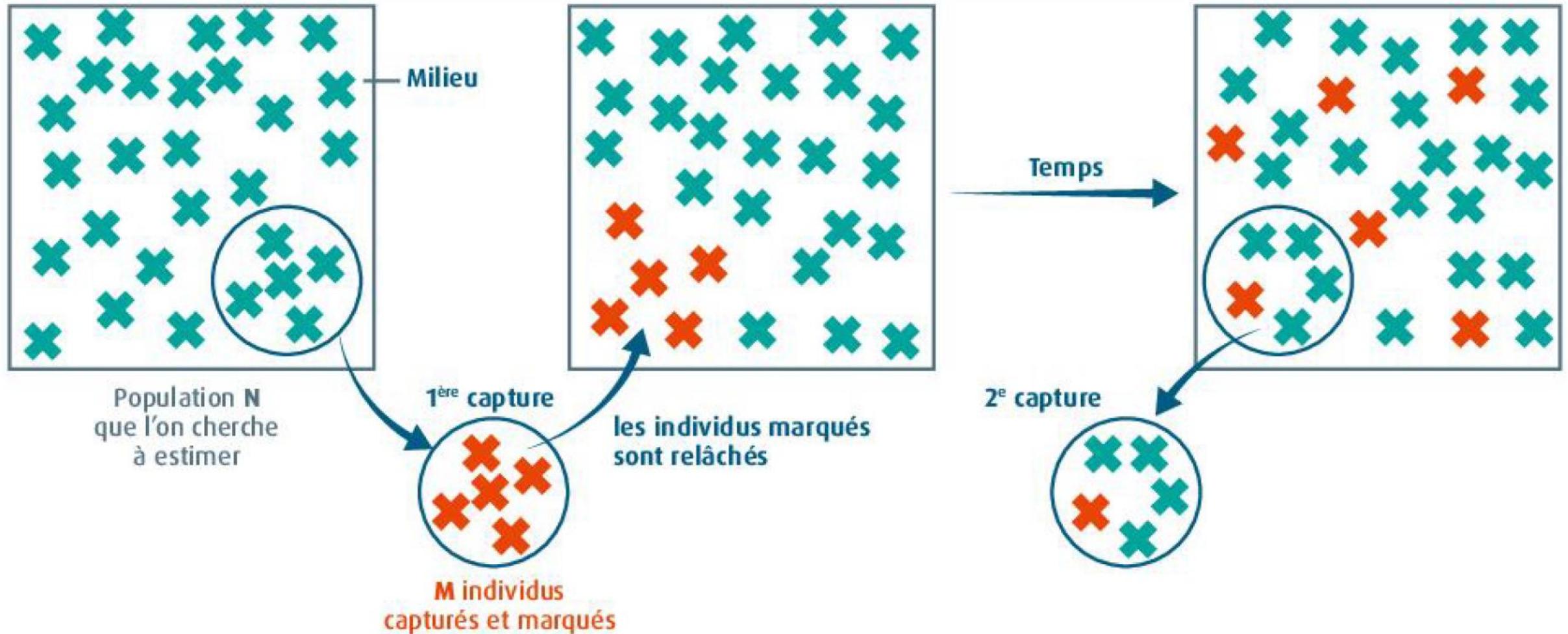
- Les animaux marqués, mobiles, se répartissent **aléatoirement** dans population.

- 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

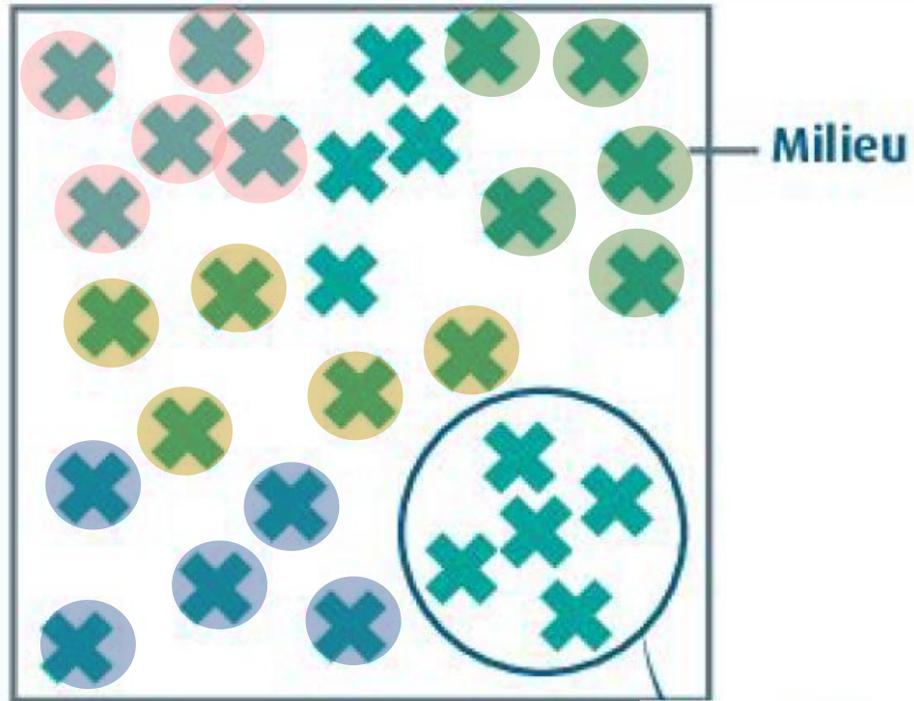


La méthode **capture - marquage - recapture** : principe



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



Population N
que l'on cherche
à estimer

Cette technique reste une estimation.
Ici, en réalité :

$$N_{\text{réel}} = 29 \neq 25$$

Application de la méthode

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

1. Utiliser le matériel à disposition (feutre) pour estimer le nombre de haricots présents dans l'enveloppe.

Attention : ne pas sortir plus d'une petite poignée de haricots par prélèvement!

2. Lorsque vous avez terminé, allez inscrire vos résultats au tableau.
3. Puis sortir tous les haricots de l'enveloppe et les compter.
4. Utiliser les résultats de l'ensemble de la classe pour conclure quant à la fiabilité de l'estimation de l'abondance d'une espèce obtenue avec cette méthode.

Groupe	M = individus marqués (1 ^{ère} capture)	C = individus recapturés	R = individus marqués parmi les recapturés	Effectif total estimé = N
1	10	9	2	45
2	7	12	2	42
3	10	15	1	150
4	9	8	1	72
5	5	26	4	33
6	6	7	1	42
7	7	8	1	56
8	5	8	1	40
9	15	7	4	26.25
10	5	6	0	30
11	7	7	1	49
12	6	12	1	72
13	8	6	0	infinie
14	9	17	4	38.25
15	9	12	2	54

Chapitre 1. La biodiversité et son évolution

I. Estimer la biodiversité

A. Estimer la richesse spécifique d'un milieu

B. Estimer l'abondance d'une espèce dans un milieu

C. Estimer la fréquence d'un caractère dans une population

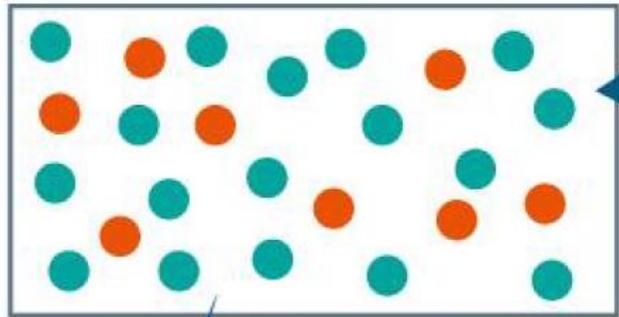
- Fréquence des mâles (sex-ratio)
- Fréquence d'une maladie infectieuse (FIV du chat)
- Fréquence d'une maladie génétique (Drépanocytose dans les populations humaines)

Estimer la fréquence d'un caractère dans une population

fréquence =

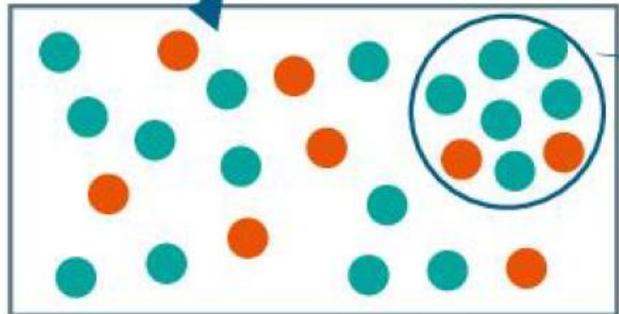
 C'est une valeur comprise entre 0 et 1 !

Estimer la fréquence d'un caractère dans une population

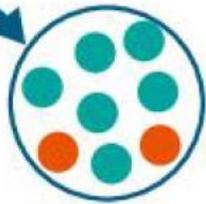


Les billes sont mélangées

$$\frac{8}{25} = 0,32$$



2^e prélèvement de 8 billes



8 billes prélevées
dont 2 billes
marquées

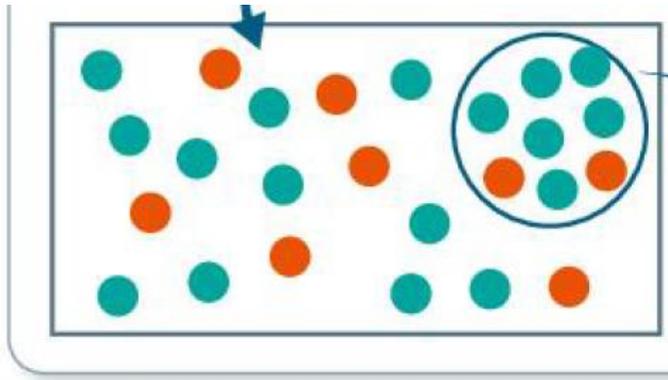
$$\begin{array}{l} c = 8 \\ R = 2 \end{array}$$

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

Fréquence
de la couleur rouge

On considère que la fréquence du caractère dans la population est la même que la fréquence du caractère dans l'échantillon prélevé

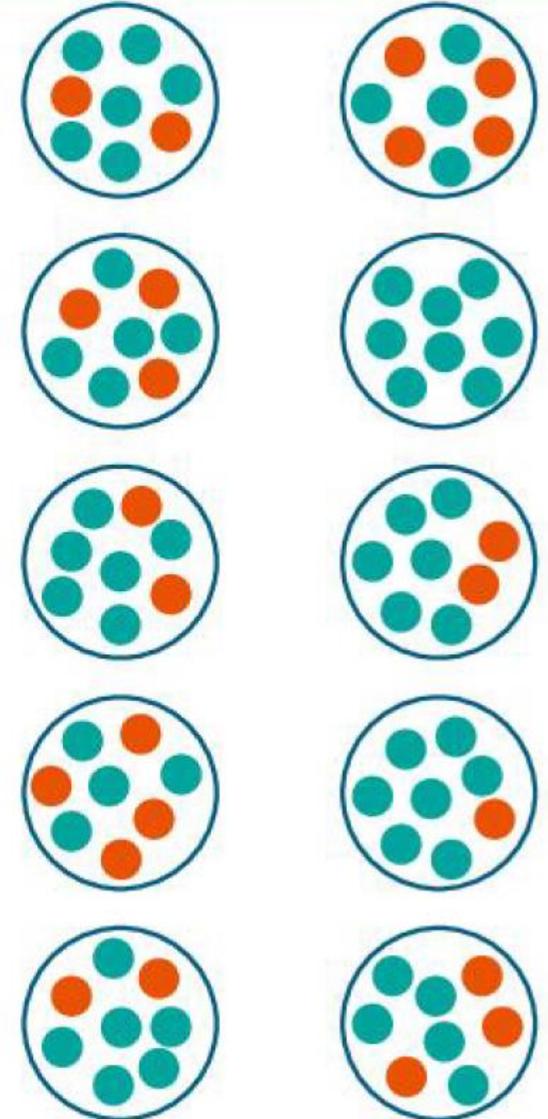
Estimer la fréquence d'un caractère dans une population



On réalise
10 échantillonnages
indépendants



Résultats pour 10 tirages du même effectif



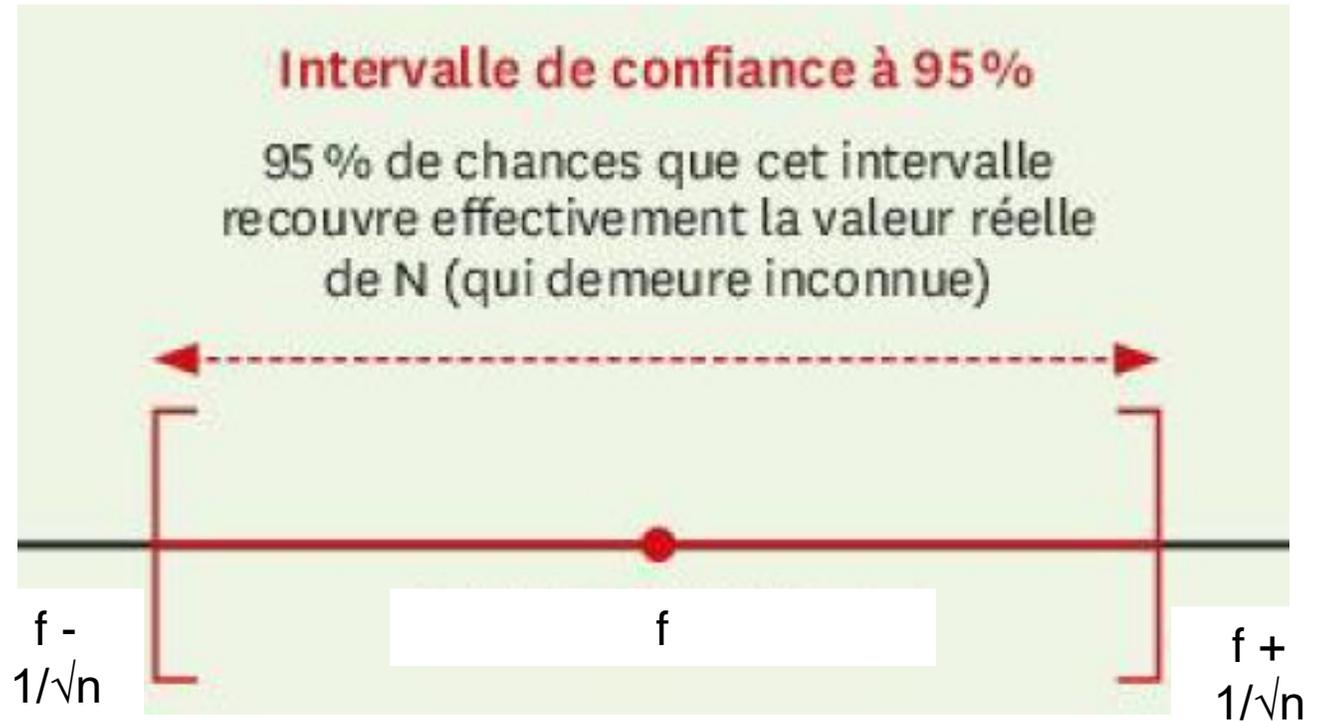
Il y a une incertitude!

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.



[;]

Estimer la fréquence d'un caractère dans une population: application

1. Appliquer la méthode précédente pour estimer la fréquence de haricots rouges présents dans l'enveloppe.

Vous ferez 3 fois cette estimation en sortant un échantillon de

- **20 haricots**
- **40 haricots**
- **60 haricots.**

2. Vous calculerez l'intervalle de confiance associé à chaque échantillonnage. Comparer les 3 intervalles obtenus.
3. Justifier l'intérêt de travailler avec des échantillons de taille importante, et de toujours préciser l'intervalle de confiance

Estimer la fréquence d'un caractère dans une population: application

Tirage	20	40	60
Fréquence estimée	0,3	0,37	0,3
Intervalle de confiance	[0,07 ; 0,52]	[0,21 ; 0,53]	[0,17 ; 0,43]

Plus n est grand (échantillonnage conséquent), plus l'intervalle de confiance sera resserré donc plus la valeur obtenue est fiable

Exercices de préparation au devoir

Pour le 20/10 : devoir :

Réviser tout le chapitre et savoir refaire tous les exercices.

Vous devez :

- connaître les définitions des termes scientifiques du cours (et des rappels) et savoir employer ces termes à bon escient
- savoir expliquer les différentes notions du cours
- être capable d'expliquer comment on peut déterminer la richesse spécifique d'un milieu
- être capable d'estimer :
 - l'effectif d'une population par la méthode CMR
 - la fréquence d'un caractère dans une population en précisant la fiabilité de la valeur obtenue grâce à un intervalle de confiance.
- discuter de l'intérêt et des limites des méthodes utilisées.

Penser à la calculatrice !

Estimer l'abondance d'une espèce par méthode **capture - marquage - recapture**

Une équipe souhaite estimer l'effectif d'une population de lions de mer *Eumetopias jubatus*, une espèce classée « quasi menacée » par l'organisme UICN. Pour cela ils ont accès à des données de capture/marquage/recapture dans une zone nord de l'océan pacifique : 57 individus ont été capturés et marqués lors d'une première étude. Un an plus tard, 48 individus ont été recapturés, dont 19 marqués.

A partir de ces données, et après avoir expliqué le principe de la technique, estimez la taille de la population étudiée.



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.



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 certifier que plus de la moitié de la population française est en accord avec la proposition ?

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

- 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).

Estimer l'abondance d'une espèce par méthode **capture - marquage - recapture**

Une équipe souhaite estimer l'effectif d'une population de lions de mer *Eumetopias jubatus*, une espèce classée « quasi menacée » par l'organisme UICN. Pour cela ils ont accès à des données de capture/marquage/recapture dans une zone nord de l'océan pacifique : 57 individus ont été capturés et marqués lors d'une première étude. Un an plus tard, 48 individus ont été recapturés, dont 19 marqués.

A partir de ces données, et après avoir expliqué le principe de la technique, estimez la taille de la population étudiée.



Estimer l'abondance d'une espèce par méthode **capture - marquage - recapture**

D'après les données du texte :

- Nombre d'individus marqués = 57
- Nombre d'individus recapturés = 48
- Nombre d'individus marqués parmi les recapturés = 19

$$N_{\text{estimé}} = 57 \times 48 / 19 = 144$$



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.



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, associée à un intervalle de confiance à 95%, dans cette population.

Fréquence de femelles dans l'étang:
 $f = 27/100 = 0.27 = 27\%$

Intervalle de confiance

$$\begin{aligned} \text{Borne inférieure} &= f - 1/\sqrt{n} \\ &= 0.27 - 1/\sqrt{100} \\ &= 0.17 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \text{Borne supérieure} &= f + 1/\sqrt{n} \\ &= 0.27 + 1/\sqrt{100} \\ &= 0.37 \end{aligned}$$

Il y a 95% de chances que le pourcentage de femelles dans l'étang soit compris entre 17 et 37%.

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 certifier que plus de la moitié de la population française est en accord avec la proposition ?

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 %

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

$n = 1000$ (échantillon interrogé)

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

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

$[0,49 ; 0,55]$

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.

- 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).

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