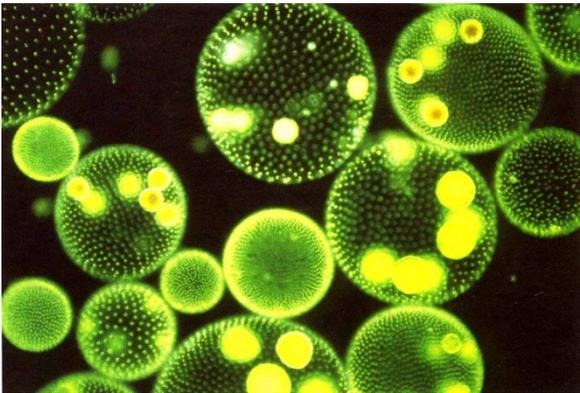


Comment utiliser l'ADN de plancton afin de répertorier les espèces ?

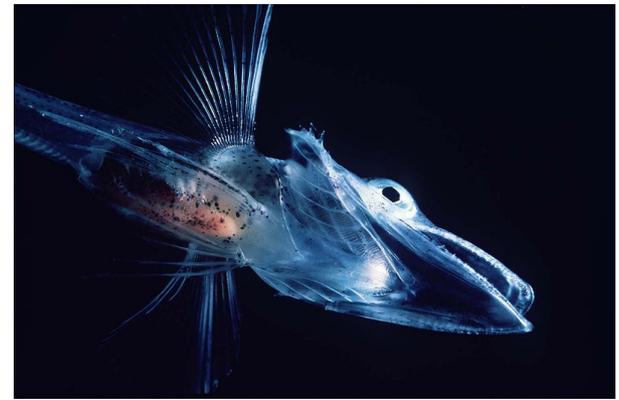
Lycée Pierre du Terrail

Groupe d'AP de la 1^oS1 et leurs professeurs.

Qu'est ce que le plancton ?

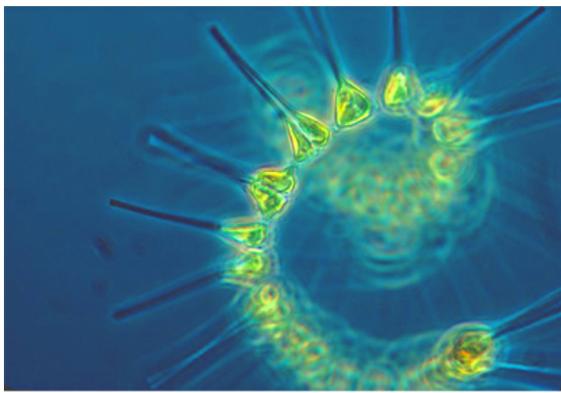


Radiolaires (x600)



Le zooplancton d'origine animale.
(Larve planctonique de poisson d'eau froide)

Le
phytoplancton
d'origine
végétale



Diatomée (x600)

Le Génomoscope

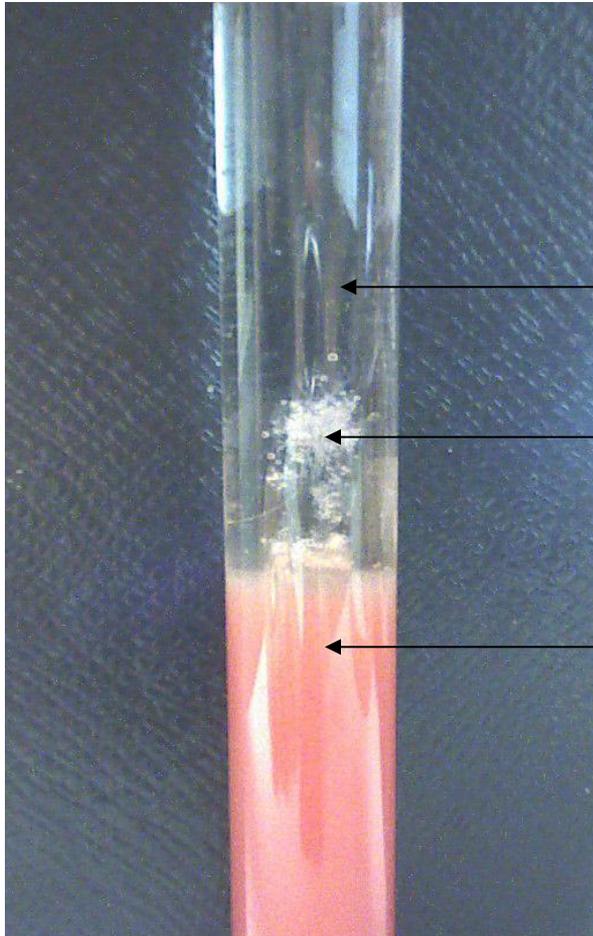


- Centre national de séquençage
- Exploitation des données de séquences
- Génomique environnementale
- Bioinformatique

Extraction d'ADN



ADN d'œufs de poisson: méduse blanche

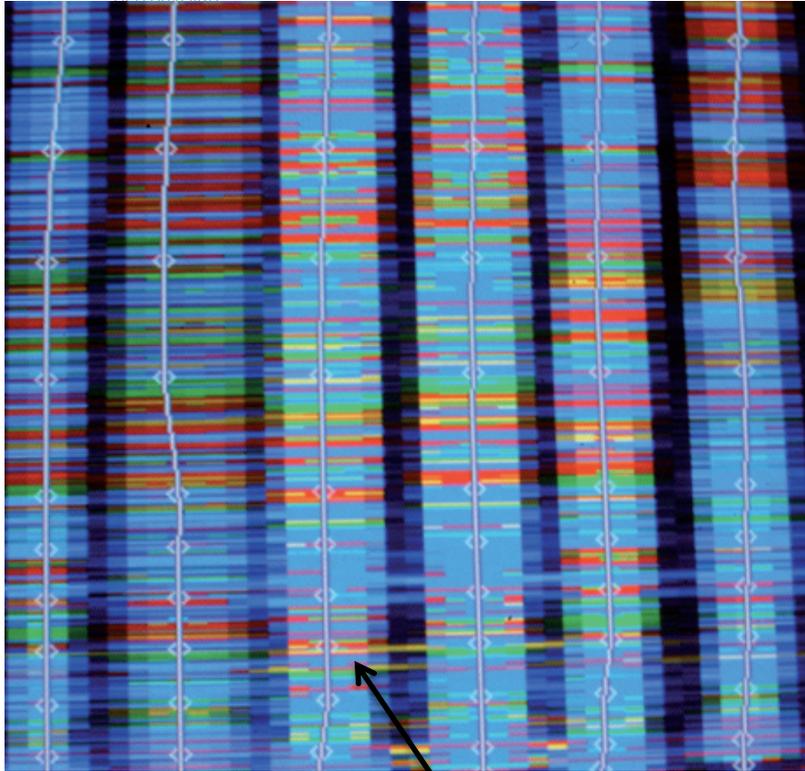


Alcool

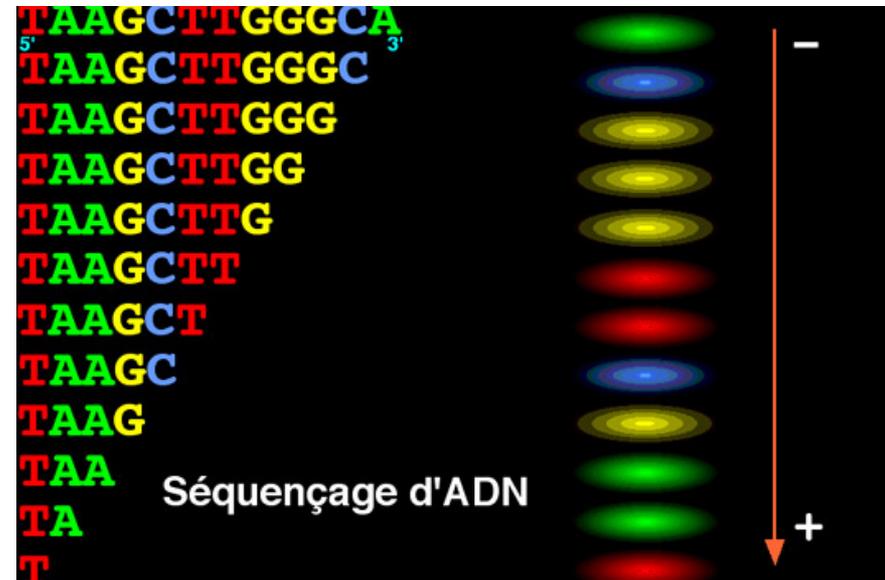
Méduse d'ADN d'œufs de poisson

Filtrat d'œufs broyés

Méthode de séquençage



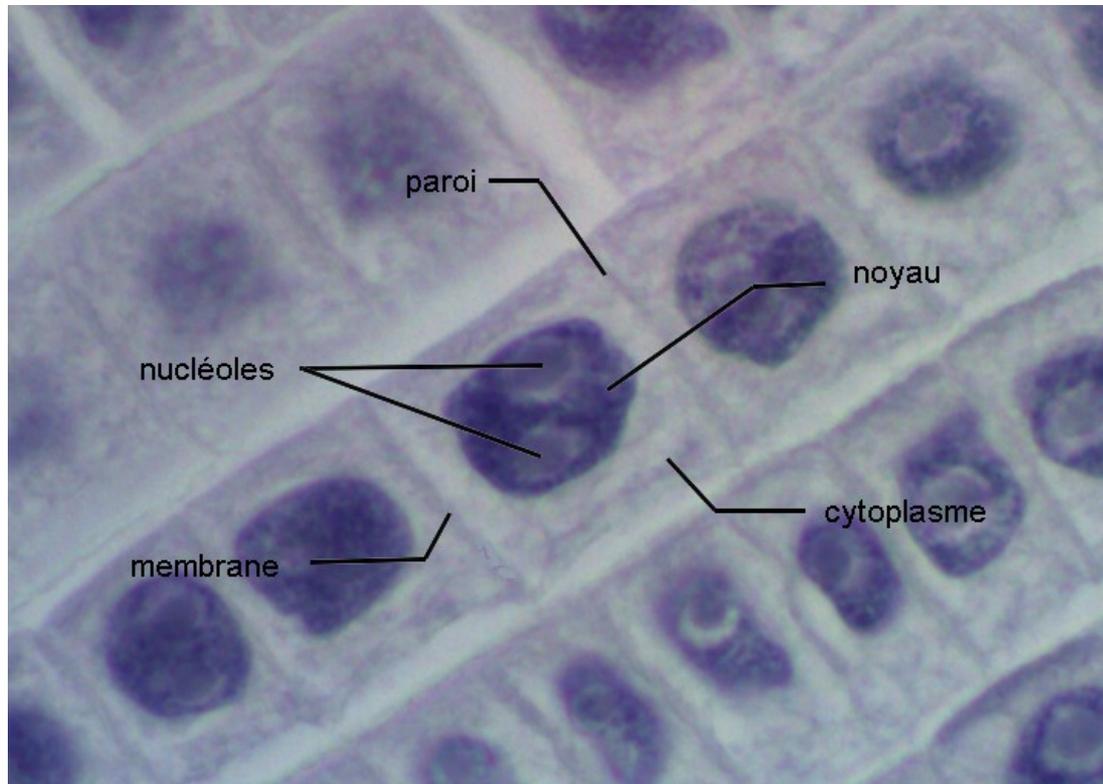
Résultats obtenus lors du séquençage et interprétations.



↑
Chaque bande correspond à une séquence d'ADN

↖
Chaque couleur correspond à un nucléotide

Le nucléole : lieux de synthèse de l'ARN r



Racine de jacinthe
écrasée, observée
au microscope
(X600)

Comment lire une séquence ?



```

1  → @G3:64TC8AAXX:4:1:5995:1506/2
2  → TTTATTCCTCTATCCAATCGCTCTTCCTCACTTAATAAAGCATGAGT
3  → +
4  → IIIIIIIIIIIIIIIIIHHIIIIHHIBGEIGIIIIIGHHIFHIIIC
  
```

1 : C'est le « code barre » de la séquence. Le /1 ou /2 (ici) indique de quel brin* de la molécule il s'agit. Le /2 est obtenu quelques jours plus tard (en général dégradé donc séquence incomplète).

2 : C'est la séquence de nucléotides.

3 : Un « + » pour séparer les séquences et rendre le fichier lisible.

4 : Elle indique la fiabilité de la marge. Plus la lettre est loin dans l'alphabet, plus le séquençage est fiable. (S'il s'agit d'un symbole, le nucléotide est peu fiable.)

* On ne peut pas savoir s'il s'agit du brin transcrit ou non.

Table ASCII : fiabilité des séquences.



Décimale	Hex	Binaire	Valeur	Explication
000	00	00000000	NUL	NULL Character
001	01	00000001	SOH	Start of Header
002	02	00000010	STX	Start of Text
003	03	00000011	ETX	End of Text
004	04	00000100	EOT	End of Transmission
005	05	00000101	ENQ	Enquiry
006	06	00000110	ACK	Acknowledgement
007	07	00000111	BEL	Bell
008	08	00001000	BS	Backspace
009	09	00001001	HT	Horizontal Tab
010	0A	00001010	LF	Line Feed
011	0B	00001011	VT	Vertical Tab
012	0C	00001100	FF	Form Feed
013	0D	00001101	CR	Carriage Return
014	0E	00001110	SO	Shift Out
015	0F	00001111	SI	Shift In
016	10	00010000	DLE	Data Link Escape
017	11	00010001	DC1	Device Control 1 (XON)
018	12	00010010	DC2	Device Control 2
019	13	00010011	DC3	Device Control 3 (XOFF)
020	14	00010100	DC4	Device Control 4
021	15	00010101	NAK	Negative Acknowledgement
022	16	00010110	SYN	Synchronous Idle
023	17	00010111	ETB	End of Transmission Block
024	18	00011000	CAN	Cancel
025	19	00011001	EM	End of Medium
026	1A	00011010	SUB	Substitute
027	1B	00011011	ESC	Escape
028	1C	00011100	FS	File Separator
029	1D	00011101	GS	Group Separator
030	1E	00011110	RS	Record Separator / Request to Send
031	1F	00011111	US	Unit Separator
032	20	00100000	SP	Space
033	21	00100001	!	exclamation mark
034	22	00100010	"	Double quote
035	23	00100011	#	Dièse
036	24	00100100	\$	Dollar
037	25	00100101	%	Pour cent
038	26	00100110	&	Eperluette
039	27	00100111	'	Simple quote
040	28	00101000	(Parenthèse ouvrante
041	29	00101001)	Parenthèse fermante
042	2A	00101010	*	Asterisque

La fiabilité est déterminée par la table ASCII, chaque caractère correspond à une valeur qui détermine le degré de fiabilité.

034	22	00100010	"	Double quote
035	23	00100011	#	Dièse
036	24	00100100	\$	Dollar
037	25	00100101	%	Pour cent

Comment repérer le début d'un gène...



```
@G3:64TC8AAXX:4:1:5995:1506/2  
TTTATTCCTCTATCCAATCGCTCTTCCTCACTTAATAAAGCATGAGTAGTTTCAGTTGGACTAACAGTTGTAC  
+  
IIIIIIIIIIIIIIIIIIHHIIIIHHIBGEIGIIIIIGHHIFHIIIGHIGEHIGHGHDIDFFFEHEIBEFBEF
```

Boite TATA

C'est une répétition des
nucléotides T et A.

La boite TATA précède le
début du gène d'environ
30 nucléotides.

Sources



- ◆ http://www.futura-sciences.com/fr/definition/t/zoologie-2/d/plancton_3831/
- ◆ <http://www.chups.jussieu.fr/polys/biochimie/BGbioch/POLY.Chp.9.17.html>
- ◆ http://interstices.info/jcms/n_50779/decoder-le-vivant
- ◆ <http://www.genoscope.cns.fr/spip/spip.php?lang=fr>
- ◆ <http://www.table-ascii.com/>

Remerciements :



Elèves participants:

- Blanche Coulon
- Alexis Crozatier
- Younes Guilmot
- Liam Guerineau

présentation par :

- Audrey Bertrand
- Clara Lejeune

Xavier Bougeard de Tara-
expéditions pour son
intervention lors de la
vidéoconférence.

Professeurs accompagnateurs:

- Mme Perrelli-Vorger
- M. Bozon