Fiche 3 – Analyse de la biodiversité par la méthode de l'ADN environnemental

Introduction

Le phytoplancton est l'ensemble des organismes réalisant la photosynthèse, de taille très petite ou microscopique, et qui vivent en suspension dans l'eau. Le phytoplancton comprend de nombreuses espèces de microalgues et de diatomées.

La quantité de phytoplancton dépend de la disponibilité en nutriments, de la température et de la lumière de l'eau de mer. Il constitue la base des chaînes trophiques des océans.

Le phytoplancton joue un rôle majeur dans le cycle du carbone grâce à la photosynthèse. Il absorbe le CO_2 atmosphérique et océanique pour former de la matière organique et des coquilles calcaires dont une partie tombe au fond des océans séquestrant du carbone et limitant l'effet de serre.

Scientifiques échantillonnant du plancton marin (expédition TARA Océans)

Le phytoplancton forme cependant des communautés vivantes fragiles, sensibles au réchauffement des eaux océaniques et à leur acidification. En conséquence, les scientifiques souhaitent mettre en place un projet de suivi de la biodiversité phytoplanctonique.

On cherche à évaluer l'utilisation de la technique de l'ADN environnemental pour le suivi de la biodiversité phytoplanctonique.

Ressources

DOC1 – Récolte des échantillons de plancton en mer

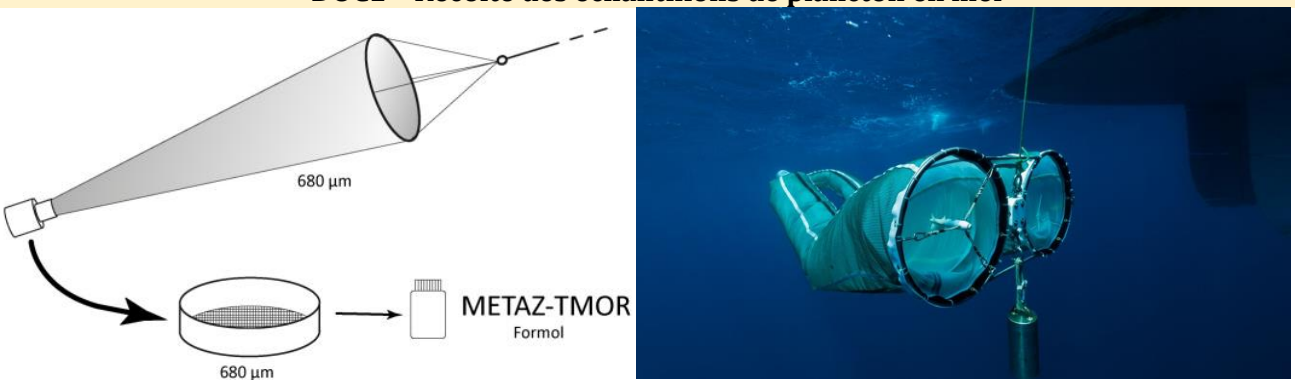
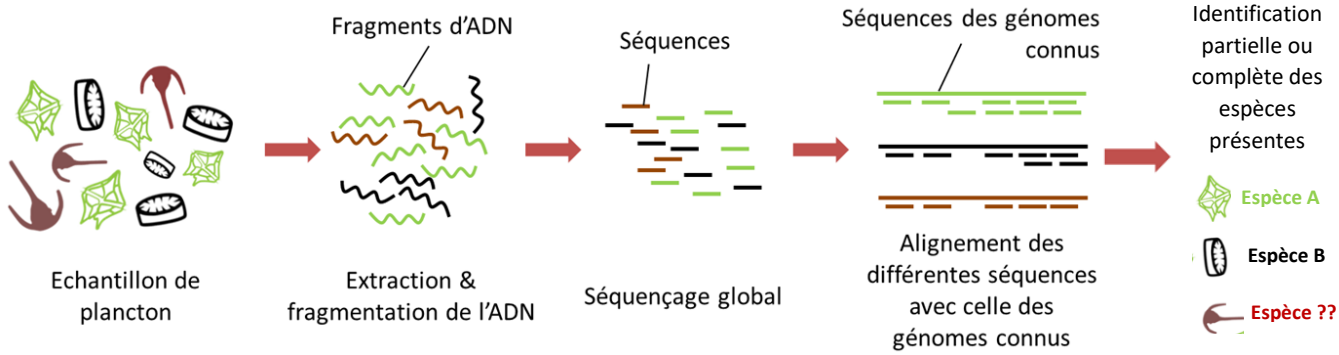


Schéma (à gauche) et photographie (à droite) de filets planctoniques

Grâce à des filets filtrant, les scientifiques récupèrent des planctons de différentes tailles (exemple :< 680, < 300, < 200, < 180, < 50 et < 20 microns ; un micron correspond 10^{-6}m). En parallèle, des capteurs et une pompe mesurent en continu : salinité, température, fluorescence, teneur en chlorophylle et efficacité de la photosynthèse.

Les échantillons sont congelés à différentes températures dans le laboratoire à bord. Ils sont ensuite analysés en microscopie sur le navire scientifique pour identification ou stockés en attendant d'être envoyés dans un laboratoire au sol.

DOC2 – Principe général de la méthode de l'ADN environnemental



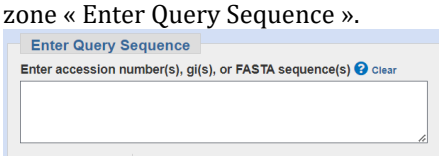
DOC3 – Utilisation du logiciel BLAST pour la comparaison de séquence d'ADN

L'alignement des séquences et leur comparaison peut se faire grâce à la banque de données BLAST, outil gratuit et disponible en ligne : https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi

Protocole pour analyser une séquence ADN

1. Ouvrez le site BLAST puis cliquez sur le bouton « Nucléotide Blast »

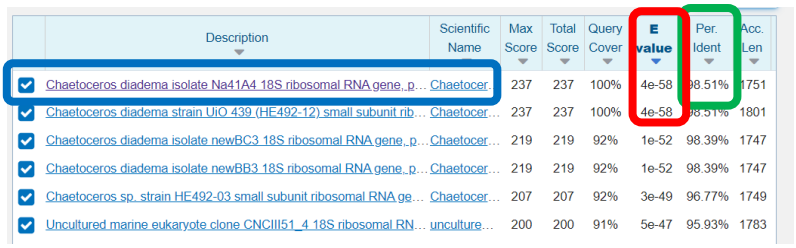
2. Collez la séquence à analyser dans la zone « Enter Query Sequence ».



3. Cliquez sur le bouton « Blast » en bas de la page. Patientez.

4. Une page de résultats s'affiche. Analysez ces résultats.

Aide à l'analyse des résultats



Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len
Chaetoceros diadema isolate Na41A4 18S ribosomal RNA gene, p…	Chaetocer…	237	237	100%	4e-58	98.51%	1751
Chaetoceros diadema strain UiO 439 (HE492-12) small subunit rib…	Chaetocer…	237	237	100%	4e-58	98.51%	1801
Chaetoceros diadema isolate newBC3 18S ribosomal RNA gene, p…	Chaetocer…	219	219	92%	1e-52	98.39%	1747
Chaetoceros diadema isolate newBB3 18S ribosomal RNA gene, p…	Chaetocer…	219	219	92%	1e-52	98.39%	1747
Chaetoceros sp. strain HE492-03 small subunit ribosomal RNA ge…	Chaetocer…	207	207	92%	3e-49	96.77%	1749
Uncultured marine eukaryote clone CNCIII51_4 18S ribosomal RN…	unculture…	200	200	91%	5e-47	95.93%	1783

➔ Consultez le tableau de résultats (en bleu). Le nom de l'espèce et le gène associé s'affichent dans la colonne *Description*.

➔ Le pourcentage d'identité (vert) indique la proportion de nucléotides communs entre la séquence testée et le gène de l'espèce présent dans la banque.
Plus on se rapproche de 100% plus les 2 séquences se ressemblent, ce qui confirme la présence de cette espèce dans l'échantillon.

➔ La E-Value (rouge) indique la probabilité qu'une telle ressemblance entre deux séquences soit liée au hasard.
Plus on se rapproche de 0 moins la ressemblance est liée au hasard.

Consignes

1. **Réaliser un tableau** présentant 5 espèces identifiées par la technique de l'ADN ENVIRONNEMENTAL. Pour chaque espèce, présentez : le nom de l'espèce, la classe, une photographie (avec échelle et titre) et vous préciserez s'il s'agit de **phytoplancton**.

2. En tenant compte des documents proposés et de votre expérience sur BLAST, **indiquez** 2 avantages et 2 limites, de l'analyse par ADN ENVIRONNEMENTAL pour le suivi de la biodiversité du phytoplancton.

Compétences évaluées	Quelques critères de réussite	MI	MF	MS	MTS
Réaliser un CR de TP à l'aide des outils numériques	☐ *J'ai mis en forme mon TP (gras/soulignement/italique)* ☐ *… et je l'ai correctement identifié (titre/auteurs).*	0		1	
Envoyer un document à l'aide des outils numériques (ENT)	☐ *J'ai correctement nommer le fichier (titre/noms/classe).* ☐ *Je l'ai déposé dans le dossier indiqué sur l'ENT*	0		1	
Utiliser une base de données scientifiques	☐ *J'ai utilisé BLAST en autonomie à l'aide du protocole* ☐ *J'ai identifié 5 espèces à l'aide de BLAST*	0	0.5	1.5	2
Réaliser un tableau de données répondant à la consigne	☐ *J'ai mis en forme et organisé correctement mon tableau ; avec un titre ;*	0	1	2	
Réaliser une recherche en ligne	☐ *J'ai trouvé le nom de la classe de l'espèce…* ☐ *… une photographie (avec la source)* ☐ *… et j'ai vérifié qu'il s'agit de phytoplancton ;*	0	0.5	1.5	2
Identifier les intérêts/limites d'une technique de suivi de la biodiversité	☐ *J'ai identifié 2 intérêts de la technique de l'ADN environnemental…* ☐ *… et 2 limites*	0	0.5	1.5	2