

Compte rendu – Analyse avec les chercheuses de nos prélèvements.

Aujourd'hui avec les chercheuses de la FAC nous avons analysé les résultats des séquences obtenues suite aux différents prélèvements sur le pêcher du lycée.

On a utilisé un site américain d'analyse de séquences : *NCBI BLAST*. Il s'agit d'une banque mondiale de séquences utilisée par les chercheurs soit comme outils de comparaison ou bien pour ajouter des éléments, par exemple.

Parmi nos trouvailles après analyses et le tri des séquences intéressantes, nous avons trouvé de l'ADN de quelques bactéries et quelques plantes.

| | | |
|----------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------|
| @11046312-2c17-44e9-a175-c440ab07c99c | Inconnu | Inconnu |
| @1f89b8fd-93a9-4e3f-9925-f4550e371cd9 | Prunus dulcis DNA, unplaced-scaffold_326 | 88% |
| @d5ae70df-573d-41c1-b66a-399aea294af5 | Prunus cerasifera isolate DM612 large subunit ribosomal RNA and small subunit ribosomal RNA genes, complete sequence | 92% |
| @7e94ab87-c92a-44cc-bde6-a68f49c3f69a | Inconnu | Inconnu |
| @56bfd2e-26e5-4851-9a16-1cdf19656e29 | Inconnu | Inconnu |
| @ddd7ac7e-768e-4124-bfa8-e13fdc8c7516 | Inconnu | Inconnu |
| @ce915266-f15c-4ed0-b783-626fb3c5cdac | Prunus dulcis DNA, unplaced-scaffold_350 | 92% |
| @M04485:56:000000000-KBTFH:1:1101:15444:1558 | Uncultured Pelomonas sp. clone OTU_741 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 100% |
| @M04485:56:000000000-KBTFH:1:1101:8748:3516 | Inconnu | Inconnu |
| @M04485:56:000000000-KBTFH:1:1101:10371:2821 | Gynostemma burmanicum (nom. inval.) chloroplast, complete genome | 87% |
| @M04485:56:000000000-KBTFH:1:1101:18241:6293 | Uncultured Bradyrhizobium sp. clone OTU_64 16S ribosomal RNA gene, partial sequence | 98% |

Nous avons identifié les organismes correspondants aux séquences :

- **Gynostemma burmanicum (nom. inval.) chloroplast, complete genome**



Travail avec le site NCBI :

- 1-Insertion de la séquence à identifier dans le site NCBI.
- 2-résultats des correspondances avec les séquences connues.
- 3- comparaison fine pour comprendre plus finement la séquence ;

Nos conclusions sur le projet :

- 1- On remarque une pluralité d'espèces qui vivent ensemble sur les feuilles des pêchers, c'est un exemple de biodiversité.
- 2- Nous avons effectué une analyse manuelle des résultats certes plus lente mais plus sûre pour éviter des erreurs possibles de la machine. Il existe des outils informatiques qui permettent d'analyser et de reconnaître les êtres vivants qui coexistent de manière plus simple et rapide à partir des prélèvements mais ceux-ci surinterprètent les résultats obtenus.
- 3- Au final, on se rend compte qu'entre nos 3 échantillons il y a peu de différences.

Critiques de notre protocole : Il ne faut pas oublier que nous n'avons mis du spray que pendant 3 jours afin d'éviter la pluie donc une expérimentation plus longue semble s'imposer sur 15 jours. Il faudrait filtrer les échantillons pour avoir mieux d'ADN de pêcher.

Finalement, la bonne nouvelle est qu'avec ou sans traitement sur trois jours la biodiversité sur le pêcher est peu impactée.