TD Phylogénie et Spéciation

**Exercice 1**

Vous êtes chercheur au sein de l’équipe Homologie de l’Institut de Systématique, Evolution et Biodiversité à Concarneau.

Vous êtes revenu il y a maintenant quelques mois d’une mission pendant laquelle vous avez pu récolter différents échantillons qui sont uniquement des fragments d’individu. Vous n’avez donc aucune idée des espèces dont il s’agit. Vous avez réalisé toutes les analyses, extraction, amplification et séquençage pour différents marqueurs. Le jour tant attendu est arrivé ! Un 1er lot de résultats du séquençage sont là. Impatient, vous vous empressez alors d’identifier ces séquences.

Grâce aux bases de données en ligne et en respectant les critères d’identification que l’on a vu pendant les deux cours, identifier les 6 séquences d’ADN obtenues.

**Exercice 2**

Vous avez pour projet d’identifier un œuf de poisson, que vous n’arrivez pas à identifier en morphologie, en utilisant le barcoding moléculaire. Pour cela, vous amplifiez et séquencez plusieurs marqueurs afin d’avoir l’identification la plus robuste possible, il s’agit du COI et du 12S/16S. Les séquences que vous obtenez sont la séquence 8 (COI) et la séquence 9 (12S/16S)

**Exercice 3**

Dans les résultats que vous avez obtenus, vous souhaitez mener une recherche plus affiné sur les baleines franches. Les bases de données en ligne ne sont pas toujours assez précises, vous voulez donc créer votre propre base de données.

Créer une base de données pour la famille des Balaenidae pour le gène de 12S. Faites les recherches adéquat, vérifier la robustesse de votre nouvelle base de données. Vous pouvez pour cela utiliser <https://www.phylogeny.fr/>