

CC2 Ecogénomique 2 Mélanie Le Moigne (21800149)

Article : Effects of Ocean Acidification on Resident and Active Microbial Communities of *Stylophora pistillata*

(Vous m'aviez dit de changer d'article le 30 décembre car ce n'était pas les données brut qui ont été déposés).

Questions scientifique :

Est-ce que l'utilisation de DADA2 en ne formant pas d'OTU (Unité Taxonomique opérationnelle) met en évidence les mêmes familles dominantes au niveau des communautés bactérienne de *Stylophora pistillata* ?

Les calculs de l'alpha diversité sont les mêmes avec et sans l'utilisation de DADA2 ?

Concernant les graphiques de qualité on voit que la qualité des graphiques est bonne au début puis elle diminue et donc le score de qualité n'est pas bon. Ceci est normal avec le séquençage Illumina car la qualité du séquençage va diminuer.

Par ailleurs en comparant entre la partie reverse et forward on observe que la qualité est moins bonne pour la partie reverse.

Le graphique suivant met en avant le score de qualité en fonction de la fréquence d'erreur. Ainsi si le score est de 40 il y a une chance sur 4000 que ce soit la mauvaise base.

Encore une fois lorsque l'on regarde la partie forward on voit que la qualité générale diminue.

Ensuite on passe à l'assignement taxonomique où on voit que la famille dominante *Cyclobacteriaceae* comme dans la figure en fonction du traitement par pH. On voit avec l'utilisation de DADA2 la dominance également des *Colwelliaceae* alors que cette famille n'est pas présente en abondance relative donc avec une abondance relative inférieure à moins de 1 %. On voit dans les 2 cas la présence des *Alteromonadaceae* ainsi que les *Flavobacteriaceae*.

On peut dire que avec l'utilisation DADA2 qu'en utilisant Mothur comme dans l'article.

Par ailleurs, au niveau des OTU sur la figure provenant de l'article ; on voit la large dominance de *Fulvivirga* en genre, de *Thalassotalea*, *Alteromonas*, *Tenacibaculum* qui sont tous présents au niveau de la figure mais également au niveau de nos analyses DADA2.

Ainsi en terme de famille et de genre dominant on voit une différence au niveau de la famille mais faiblement au niveau des genres bactérien. Ainsi DADA2 qui permet de détecter et de corriger les erreurs de séquençage à enlever des familles présentes et ainsi on ne trouve pas forcément les mêmes familles dominantes avec l'utilisation de DADA2.

Concernant les calculs de l'alpha diversité, au sein de l'article il y a un tableau regroupant ces calculs, malheureusement étant donné que je suis bloqué au niveau du keep.cols je n'ai pas pu calculer l'alpha diversité.

Treatment		Chao1			Shannon			Simpson evenness		
		Mean	SD	SE	Mean	SD	SE	Mean	SD	SE
DNA	7.2	765.94	100.73	58.16	2.83	0.35	0.20	0.01	0.00	0.00
	7.4	494.74	323.31	186.66	3.30	0.25	0.15	0.04	0.02	0.01
	7.8	492.58	260.52	150.41	2.54	0.66	0.38	0.02	0.02	0.00
	8	410.36	142.16	82.08	3.38	0.43	0.25	0.03	0.00	0.00
RNA	7.2	147.16	45.09	26.03	1.08	0.14	0.08	0.03	0.00	0.00
	7.4	164.47	59.28	34.22	0.74	0.23	0.14	0.02	0.01	0.00
	7.8	492.65	552.17	318.79	1.34	0.82	0.47	0.01	0.01	0.00
	8	684.66	130.10	75.11	2.42	0.43	0.25	0.01	0.00	0.00

Ainsi au vue de mes résultats avec l'utilisation de DADA2 ont voit bien une différence entre les données de l'article et les données traité avec DADA2 ainsi DADA2 à permis d'enlever les erreurs de séquençage que l'article n'avais pas enlever ainsi on se retrouver avec des famille et des espèces différentes en partie.