

Guide de présentation du rapport de laboratoire BIO 1410

Date de remise : 01 avril 2025 avant minuit

Remise du travail

- a) Remise. Les rapports de laboratoire doivent être soumis en format **Word** sur **Moodle**.
- b) Plagiat. Tout travail écrit soumis fera l'objet d'une recherche systématique sur internet via un logiciel anti-plagiat.
Rappel : l'utilisation de ChatGPT et d'autres modèles IA pour générer en totale ou partielle vos rapports sans les citer tombe sous « l'utilisation totale ou partielle du texte d'autrui en le faisant passer pour sien ou sans indication de référence » <https://apastyle.apa.org/blog/how-to-cite-chatgpt>.
- c) Retard dans la remise des travaux. Tout retard, quels que soit le travail et l'unité/cours, sera sanctionné comme suit : **10% de pénalité/jour supplémentaire**. Aucun document ne sera accepté au-delà de 5 jours après la date prévue de remise.

Normes de présentation (5 points)

- Format. Le format des dimensions de document doit être de : 8,5 x 11 pouces (lettre). Les marges sont de 2.5 cm partout.
- Page. Le rapport doit comporter une dizaine de pages maximum excluant figures, tableaux, annexes et bibliographie.
- Police. Il faut conserver la même police et taille dans l'ensemble du document.
 - On recommande la police Times New Roman ou Arial 12 points pour le corps du texte. Les principaux titres sont en **gras** taille 14 et les sous-titre en *italique* taille 12. Tous les titre sont numérotés et le texte doit être justifié.
 - Le nom des genres bactériens doit être écrit en *italique*.
- Interligne. Interligne double pour le texte et interligne simple pour la page de présentation, le résumé, les tables et la bibliographie.
- Références et plagiat. Au cours d'un travail de recherche, il importe de respecter certains principes pour utiliser l'information colligée de façon juste et honnête et ainsi éviter de faire du plagiat. Il faut veiller à citer toutes ses références et éviter de recopier le protocole. Les références doivent provenir de sources scientifiques.
 - Dans le corps du texte : On utilise la méthode « auteur, date » pour référer aux œuvres se trouvant dans la liste bibliographique lorsqu'on les cite dans le texte.
 - Pour 1 à 3 auteurs : Nom auteur 1, nom auteur 2, nom auteur 3, année de publication.
 - Plus de 3 auteurs : Nom auteur 1 *et al.*, année de publication.
- Pagination. Toutes les pages sont numérotées en chiffres arabes en bas à droite à l'exception de la page de présentation. La page de présentation n'est pas numérotée
- Légendes pour les figures et tableaux. Voir annex

1	Résumé (5 points)	1
2	Introduction (15 points)	2
3	Matériel et méthodes (25 points)	2
4	Résultats (15 Points)	2
5	Discussion (25 Points)	3
6	Annexe 1 – Exemple d’imprime-écran	5
7	Annexe 2 – Informations supplémentaires	6
8	Annexe 3 – Grille d’évaluation.....	7
9	Annexe 4 – Image à utiliser pour votre rapport	9
10	Bibliographie (5 points)	10

Respect des consignes de mise en forme et orthographe (5 points)

Appréciation générale (5 points)

N’incluez **pas** de table des matières dans votre rapport.

BIA1410 – Hiver 2025
Biochimie et microbiologie environnementale

Travail présenté à
Pierre Betti
David Ross

Titre

*Conseil : Donnez un vrai titre au rapport de laboratoire. Le titre écrit à l'intérieur du protocole est rarement complet et inspirant.

Par :

Prénom Nom 1 (Code permanent)

Prénom Nom 2 (Code permanent)

Université du Québec à Montréal
Département des Sciences Biologiques
01 avril 2025

1 Résumé (5 points)

- Format :
 - Simple interligne
 - Seul sur la page
 - Maximum **200 mots**. Vous devez faire un résumé concis du travail
- Contenu :
 - Une phrase visant à introduire le contexte (1 point)
 - Le but du travail / objectif (1 point)
 - Une brève mention de la méthodologie utilisée (1 point)
 - Les résultats les plus importants/ pertinents (1 point)
 - Conclusion / ouverture (1 point)

2 Introduction (15 points)

Nombre de page recommandé : ~ 1 (à 2) pages.

À partir d'ici, le texte s'écrit à double interligne, en une police standard, 12 points.

L'introduction sert à définir le cadre conceptuel du travail. Elle présente dans l'ordre, le sujet général, la problématique à résoudre, les objectifs, les hypothèses et une brève méthodologie. En fait, il s'agit de répondre aux questions : Qu'est-ce qui est connu sur le sujet ? Quelles sont la/ les questions à résoudre ? Quelles sont vos hypothèses sur le sujet ? Qu'avez-vous fait?

Rappelez-vous que vous devez appuyer par la littérature (livres et articles scientifiques Majoritairement - <https://infosphere.uqam.ca/rechercher-linformation/>) ce que vous avancez comme hypothèses. Votre revue de littérature vous servira en grande partie à comprendre ce que vous faites et pourquoi.

3 Matériel et méthodes (25 points)

Nombre de page recommandé : ~ 3 (à 4) pages.

Cette section décrit la façon dont l'expérience s'est déroulée. Comment avez-vous obtenu et analysé vos données? Combien d'échantillons avez-vous et d'où proviennent-ils? Il s'agit ici de faire un résumé bref en texte continu de façon à comprendre la technique employée. Attention, il ne faut pas énumérer chaque étape d'une technique. La méthodologie devrait être suffisamment détaillée pour qu'une personne extérieure puisse refaire l'expérience sans trop de difficulté. Vous pouvez utiliser les informations présentées à l'annexe 2 pour vous aider.

4 Résultats (15 Points)

Nombre de page recommandé : ~ 1 (à 2) pages.

Cette section présente les faits marquants dans un court texte accompagnant les résultats sous forme de tableau ou figure, mais aucune interprétation ne doit être faite à cette étape et aucune présentation/explication des méthodes. Les tableaux et figures doivent avoir un titre et une légende,

écrits de façon claire et concise. Le titre apparaît en haut des tableaux et en bas des figures. Les légendes doivent être brèves, mais assez détaillées pour que les éléments graphiques de votre texte soient compréhensifs sans avoir à lire le texte en entier (voir annexe 4 pour des exemples). Vous devez également faire référence aux tableaux et aux figures dans le texte et numéroté les tableaux et les figures dans le même ordre qu'ils apparaissent dans le texte.

4.1 Richesse (4 points)

4.2 Différence de composition (4 points)

4.3 Principaux taxons et taxons discriminant (4 points)

4.4 Classification par BLAST (3 points)

Nom scientifique	Query cover	E value	Per. Ident.
------------------	-------------	---------	-------------

5 Discussion (25 Points)

Nombre de page recommandé : ~ 5 (à 7) pages.

Quelle est la signification de vos résultats ?

La discussion sert à évaluer de façon critique vos résultats selon les objectifs et hypothèses présentes dans votre introduction.

Comparaison du microbiome (19 points)

- Y-a-t-il une différence significative entre les régions et en fonction des caractéristiques (diète, main dominante, etc.) ? (6 points)
- Comment se compare votre conclusion avec celle de la littérature ? (Au moins **trois** études) (6 points)

- Lorsque vous comparez vos résultats avec celle d'une autre étude il est important de résumer aussi brièvement l'étude. Combien de participant comprenait cette étude, où s'est-elle déroulée, principales conclusions, etc.
- Pourquoi croyez-vous qu'il y ait une différence/similarité ? (Forces / faiblesses du protocole) (5 points)
- Pourquoi certaines séquences ne peuvent être identifiées ? (2 points)

Écologie d'un taxon (6 points)

- Description du taxon choisi (gram +/- ; classification taxonomique ; etc...)
- Distribution et habitat (2 points)
- Adaptations / métabolisme (2 points)

Le dernier paragraphe de la discussion représente généralement la conclusion du travail.

6 Annexe 1 – Exemple d'imprime-écran

Inclure un imprimé-écran du résultat de votre analyse BLAST pour l'ASV sélectionné. Présentant les trois premiers résultats.

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	Gemella sanguinis strain 2045-94 16S ribosomal RNA, partial sequence	Gemella sanguinis	592	592	100%	6e-169	100.00%	1510	NR_026419.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Gemella taiwanensis strain NTUH_5572 16S ribosomal RNA, partial sequence	Gemella taiwane...	592	592	100%	6e-169	100.00%	1426	NR_133753.1
<input checked="" type="checkbox"/>	Gemella parahaemolysans strain NTUH_1465 16S ribosomal RNA, partial sequence	Gemella paraha...	592	592	100%	6e-169	100.00%	1397	NR_133752.1

7 Annexe 2 – Informations supplémentaires

- Kit d'extraction utilisé : DNeasy Blood & Tissue Kits
- Région amplifiée : V5 à V6
- Amorces utilisées : Amorces 799F (AACMGGATTAGATACCKG) et 1115R (AGGGTTGCGCTCGTTG) (Giangacomo *et al.*, 2020)
- Plateforme de séquençage : Illumina MiSeq du Centre d'Excellence en Recherche sur les Maladies Orphelines – Fondation Courtois (CERMO-FC)
- Traitement des séquences : logiciel R version 4.4.1 (R Core Team, 2024) avec la bibliothèque DADA2 version 1.26 (Callahan *et al.*, 2016)
- Classification taxonomique des ASV : Ribosomal Database Project (RDP) Classifier (Wang *et al.*, 2007) avec la base de données SILVA SSU 138.1 (Glöckner *et al.*, 2017)
- Tests statistiques utilisés :
 - Diversité : Indice de Shannon et test de *t* Tukey.
 - Ordination : Matrice de dissimilarité calculé à partir de l'indice de Bray-Curtis représentée graphiquement à l'aide d'analyse en coordonnées principales (PCoA). Comparaison de la composition entre les groupes à l'aide d'une PERMANOVA
 - Principaux taxons en fonction des groupes : analyse linéaire discriminante d'effet de taille (LEfSe)
- Pour l'ensemble des tests statistiques le seuil de signification de 0.05 est utilisé

8 Annexe 3 – Grille d'évaluation

RÉSUMÉ	5
Phrase de mise en contexte	1
Objectif	1
Méthodologie	1
Résultats principaux	1
Conclusions	1
INTRODUCTION	15
Mise en contexte	5
Objectifs et hypothèses	5
Méthodologie sommaire	5
MÉTHODOLOGIE	25
Échantillonnage (4 points)	
Écouvillonnage	4
Extraction de l'ADN (4 points)	
Principales étapes d'une extraction d'ADN	2
Description sommaire des principales étapes	2
PCR (5 points)	
Objectif	1
Principales étapes	2
Région amplifiée et amorces	2
Séquençage (2 points)	
Objectif	1
Instrument utilisé	1
Traitement bio-informatique des séquences (7 points)	
Objectif	1
Principales étapes du traitement des séquences	2
Classification	2
Statistiques utilisées	2
BLAST (3 points)	
Objectif	1
ASV sélectionné	1
Paramètres de la recherche BLAST	1
RÉSULTATS	15
Analyser le microbiome des deux habitats (12 points)	
Différences en richesse (<i>boxplot</i>)	4
Différences en composition (ordination, PERMANOVA)	4
Différences de taxons abondants	4
Classification par BLAST (3 points)	
Identification d'un ASV par BLAST	3
DISCUSSION	25
Comparer le microbiome (19 points)	

Il y a-t-il une différence significative entre les régions / caractéristiques?	6
Comment se compare votre conclusion avec celle de la littérature? (3 études)	6
Pourquoi croyez-vous qu'il y ait une différence/similarité?	
Forces/faiblesses du protocole	5
Pourquoi certaines séquences ne peuvent être identifiées?	2
Détaillez l'écologie d'un taxon (6 points)	
Description du taxon choisi (Gram +/- ; classification taxonomique; etc...)	2
Distribution et habitat	2
Adaptations	2
RESPECT DES CONSIGNES DE MISE EN FORME	5
APPRÉCIATION GÉNÉRALE	5
RÉFÉRENCES / BIBLIOGRAPHIE	5

9 Annexe 4 – Exemple de légende pour vos figures et tableaux

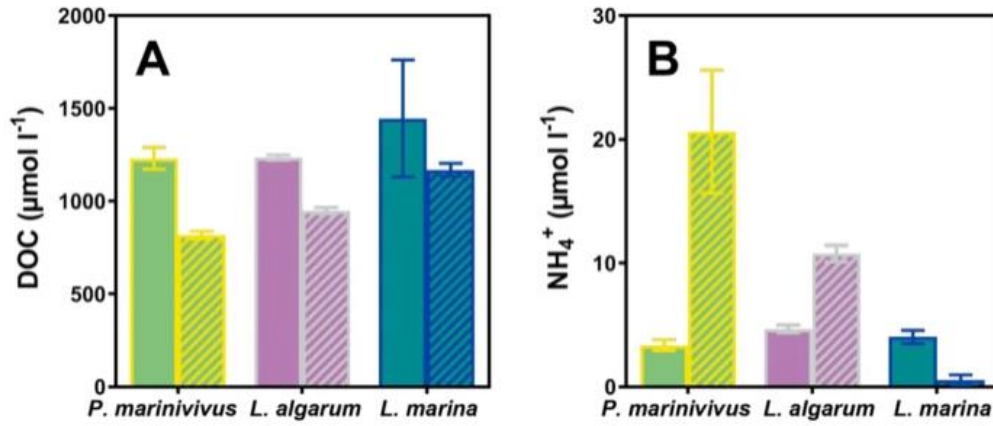


Figure 1 Variation de la concentration extracellulaire de carbone organique dissous (A) et d'ammonium (B) pendant la croissance. Les échantillons analysés dans le milieu non ensemencé (rempli de couleur) et en fin de culture (rempli de couleur avec des lignes diagonales). Les barres vertes, rosées et indigo représentent respectivement *P. marinivivus* LXJ4, *L. algarum* HY03 et *L. marina* HY2016. La valeur moyenne des cultures en triple (n = 3) est affichée.

10 Bibliographie (5 points)

Il s'agit de dresser la liste, en ordre alphabétique de toutes les sources (livres, articles, sites Internet, etc.) qui ont été consultées pour la rédaction du rapport. Vous devrez utiliser le style APA lorsque vous insérez vos sources. Voir le [guide de l'UQAM](#) contenant des exemples de références.

Afin d'organiser vos références vous pouvez utiliser divers logiciels tels que Zotero, ou EndNote. Le logiciel EndNote permet d'organiser et d'importer des références en quelques minutes. Il facilite l'insertion des citations dans un document et automatise la création des bibliographies selon les normes de l'UQAM ou d'éditeurs de revues savantes : <https://bibliotheques.uqam.ca/soutien-logiciel-gestion-bibliographique/endnote/>. Vous pouvez aussi utiliser le logiciel Zotero, dont l'utilisation est détaillée par l'UQAM (<https://bibliotheques.uqam.ca/soutien-logiciel-gestion-bibliographique/zotero/>) ou sur ces vidéos : <https://www.youtube.com/watch?v=LVsI7kaIwFc> (français), https://www.youtube.com/watch?v=JG7Uq_JFDzE (anglais).

La bibliographie est présentée à simple interligne avec un retrait de 1cm sur la seconde ligne et un espace entre chaque référence. Exemple :

Giangacomo, C., Mohseni, M., Kovar, L. et Wallace, J. G. (2020). Comparing DNA Extraction and 16s Amplification Methods for Plant-Associated Bacterial Communities. *bioRxiv*, 2020.2007.2023.217901. doi: 10.1101/2020.07.23.217901

Glöckner, F. O., Yilmaz, P., Quast, C., Gerken, J., Beccati, A., Ciuprina, A., . . . Ludwig, W. (2017). 25 years of serving the community with ribosomal RNA gene reference databases and tools. *J Biotechnol*, 261, 169-176. doi: 10.1016/j.jbiotec.2017.06.1198