

Cahier des charges :

A) Lire et comprendre l'article Eme_et_al_2017, en particulier la démarche scientifique consistant à générer différents jeux d'hypothèses d'espèce sur la base de différents critères de délimitation (morphologique et moléculaires) et à lier entre eux ces différents jeux. Les figures 1 et 2 sont centrales.

B) Ecrire les requêtes listées ci-dessous (section C)

Pour chaque requête ou groupe de requêtes, prévoir dans le cahier des charges :

- Un temps d'échange avec les chercheurs consacré à la présentation d'une maquette de requête qui décrit la démarche proposée (notamment la liste des champs assemblés). Cette démarche peut faire appel à des outils externes si nécessaires.
- Produire une description de la requête en langage non-informatique, i.e. accessible à l'utilisateur lambda.
- Attention, la base, sa structure, les métadonnées et les données vous seront fournies mais ne doivent en aucun cas être diffusées à d'autres personnes que vous les trois étudiants impliqués dans le projet.

C) Requêtes

C1. Groupe 1 de requêtes :

- a) Compter et de lister le nombre de MOTU (molecular operational taxonomic units) que renferme l'espèce morphologique X (critère d'identification morphologique : M) pour la méthode de délimitation moléculaire Y (méthode MOTU).
- b) Etendre la requête a) à une liste d'espèces morphologiques
- c) Etendre la requête b) à toutes comparaisons possibles de différentes méthodes de délimitation

C2. Groupe 2 de requêtes :

- d) de déterminer si l'espèce morphologique X est un match, lump, split ou reshuffling (cf. fig. 1 de Eme_et_al_2017) d'individus de MOTUS issus de la méthode de délimitation moléculaire Y.
- e) Etendre la requête d) à une liste d'espèces morphologiques
- f) Etendre la requête e) à toutes comparaisons possibles de différentes méthodes (l'expression graphique de cette requête aboutit à la figure 2 de Eme_et_al_2017)

C3. Groupe 3 de requêtes :

g) Calculer le nombre de stations, l'étendue linéaire maximale (MLE : Maximum linear extent) et le point latitudinal moyen (LMP : latitudinal mid-point) de l'aire de distribution de l'espèce morphologique X

h) Calculer pour cette espèce morphologique X, le nombre de stations pour lesquelles nous disposons du gene COI et la MLE et le LMP de l'aire de répartition de ces stations.

i) Etendre les requêtes g) et h) à une liste d'espèces morphologiques (l'expression graphique de cette requête aboutit à la figure X dans le Supplementary Material de Eme_et_al_2017).

C4. Groupe 4 de requêtes :

j) Assembler un jeu de données permettant de comparer les distributions des espèces établies pour un même ensemble d'individus mais à partir de différentes méthodes de délimitation (l'expression graphique de cette requête aboutit à la figure A2 de Eme_et_al_2017).