

PARTIE 3 : UNE HISTOIRE DU VIVANT

Rappels (cf diaporama en lien sur le cahier de texte)

Chromosome : Élément microscopique constitué d'une molécule d'ADN et situé dans le noyau des cellules.

ADN : Molécule qui représente le support de l'information génétique. Elle est constituée d'une succession de **nucléotides** C'est une information codée par l'ordre d'enchaînement des nucléotides (= **séquence** de nucléotides).

Gène : Séquence de **nucléotides** (portée par un chromosome) qui détermine un caractère héréditaire.

Allèle : Version d'un **gène** apparue suite à une **mutation**

Mutation : Modification de la séquence de nucléotides d'un gène.

Sélection naturelle : Mécanisme qui fait varier la **fréquence** d'un allèle dans une population sous l'effet de la pression de l'**environnement**. La fréquence des allèles qui confèrent un avantage dans un milieu donné **augmente** au cours du temps alors que la fréquence des allèles **désavantageux** diminue au cours du temps.

Dérive génétique : Evolution au **hasard** de la fréquence d'un allèle qui ne confère ni avantage ni inconvénient à l'individu qui le porte. La transmission de cet allèle est due uniquement au hasard. Plus une population est de **petite** taille, plus l'effet de la dérive génétique est important.

Chapitre 1 : La biodiversité et son évolution

La diversité du vivant, ou biodiversité, est dynamique et varie donc au cours des temps géologiques. La connaissance de la biodiversité actuelle, à travers son estimation et son suivi sur de courtes échelles de temps, est une préoccupation importante car elle permet de mieux comprendre les mécanismes qui ont régité son évolution, qu'ils soient d'ordres naturels ou bien encore liés aux conséquences des actions humaines. Les modèles mathématiques sont des outils indispensables à la description et la compréhension de ces variations.

I. Estimer la biodiversité

Les écosystèmes abritent des millions d'espèces différentes, mais cette biodiversité est souvent impossible à étudier de manière exhaustive.

Pb : Comment estimer la biodiversité d'un milieu ?

Définitions à connaître :

- **Biodiversité** : elle désigne la diversité du **vivant** Elle peut être décrite à 3 niveaux : écosystème, espèce et génétique (=intraspécifique = allélique)
- **Richesse spécifique** : nombre d'**espèces** différentes dans un milieu
- **Abondance** : nombre d'**individus** dans un groupe (espèce ou plus taxon plus large)
- **Fréquence** : c'est le rapport entre une valeur et l'effectif total (elle est comprise entre 0 et 1)
- **Intervalle de confiance** : lorsqu'un intervalle de confiance avec un niveau de confiance de 95 % est fourni pour une estimation, cela signifie que la valeur réelle a **95%** de chances de se trouver dans cet intervalle.
- **Echantillon** (d'une population) : quelques individus de la population. Un échantillon est censé être représentatif de l'ensemble de la population.

La biodiversité peut être estimée par le nombre d'espèces présentes dans un milieu (= **richesse spécifique** du milieu) et par le nombre d'individus de chaque espèce ou de chaque taxon (= **abondance**)

Rq : un taxon est un groupe plus large que l'espèce. Il regroupe plusieurs espèces qui sont très proches/très fortement apparentées.

1. Estimer la **richesse spécifique** d'un milieu :

Il existe différentes méthodes pour estimer le **nombre d'espèces** présentes dans un milieu donné :

→ L'**échantillonnage direct** qui consiste à identifier directement les espèces présentes dans un milieu donné. Cet échantillonnage direct peut se faire par observation, écoute ou piégeage.

→ L'**échantillonnage indirect** qui consiste à **extraire** de l'**ADN** environnemental (=ADNe) présent dans un milieu donné (eau, sol). Cet ADN est séquencé c'est-à-dire que l'on détermine la séquence des nucléotides qui le composent. Les séquences obtenues sont ensuite comparées avec celles d'espèces connues (présentes dans des banques de données). On peut ainsi identifier indirectement des espèces.

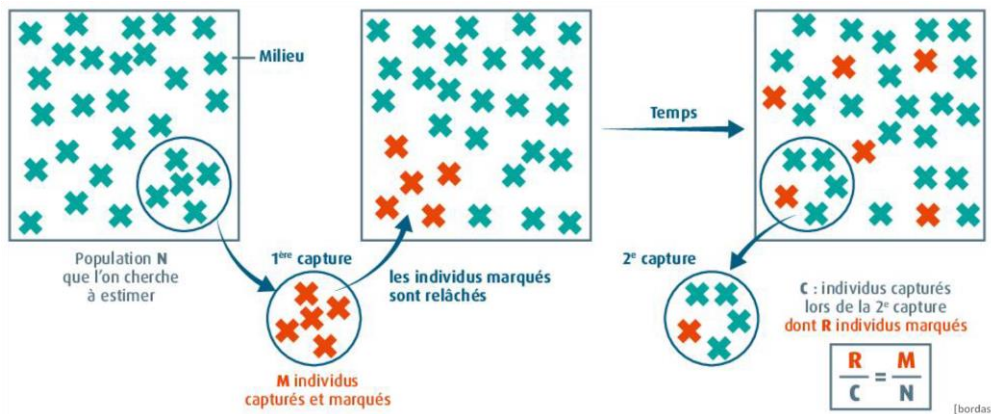
Exercice 1 : Identifier des espèces grâce à l'ADNe (à faire à la maison)

Lien sur le cahier de texte de classe : http://incertae-sedis.fr/gl/LF_20_termES_chap1_exoblast.htm

2. Estimer l'**abondance** d'une population dans un milieu à partir d'un échantillon :

On peut estimer l'**abondance** d'une population par la méthode de **capture-marquage-recapture** (=CMR). Cette méthode n'est pas invasive (=nocive). Elle repose sur le prélèvement d'un échantillon de la population et n'est applicable que si cette population est à effectif fixe.

Elle consiste à capturer quelques individus de la population, à les **marquer** puis à les relâcher pour qu'ils se répartissent de manière **aléatoire** dans la population totale. Quelques temps plus tard, une 2^{ème} capture est réalisée dans les mêmes conditions que la 1^{ère}. On compte le nombre d'individus capturés et le nombre d'individus capturés déjà marqués. Pour estimer le nombre d'individus dans la population totale, on applique alors le principe de la **proportionnalité** en considérant que la fréquence des individus marqués doit être la même dans la 2^{nde} capture et dans la population totale.



$$nb\ total\ d'individu = \frac{nombre\ d'individus\ marqués \times nombre\ d'individus\ de\ la\ 2ème\ capture}{nb\ d'individus\ marqués\ de\ la\ 2ème\ capture}$$

Estimation de la taille de la population dans cet exemple :

Nbre d'individus marqués à la 1^{ère} séance (M) = 5

Nbre d'individus capturés à la 2^{ème} séance (C) = 5

Nbre d'individus marqués capturés à la 2^{ème} séance (R) = 1

$$N = (5 \times 5) / 1 = 25$$

Nbre total d'individus dans la pop. (N) = 25 individus

Ce n'est qu'une estimation car ds cet exemple il y a 29 individus dans la population

3. Estimer la fréquence d'un caractère dans une population :

La capture d'un échantillon (quelques individus) de la population permet également d'estimer la **fréquence** de certains caractères dans une population (ex sexe-ratio). On considère, là encore, que la fréquence du caractère étudié est la même dans l'échantillon prélevé et dans la population totale.

Les effectifs calculés par la méthode CMR et les fréquences de caractères calculées à partir de la capture d'un échantillon ne sont que des **estimations** et non les valeurs réelles observées dans la population totale. Pour connaître ces valeurs réelles, il faudrait être capable de dénombrer tous les individus de la population, ce qui est rarement faisable dans la nature. Il est donc nécessaire d'associer à ces valeurs estimées un **intervalle de confiance**, afin d'avoir une idée de la fiabilité de ces estimations.

Un intervalle de confiance avec un niveau de confiance de 95 % est un couple de valeurs entre lesquelles la valeur réelle du paramètre étudié a 95% de chances de se situer. Plus l'effectif de l'échantillon est **grand** plus l'intervalle de confiance est étroit, plus la valeur calculée est alors **fiable**.

(la formule permettant de calculer l'intervalle de confiance sera donnée dans les sujets).

Exemple :

Pour un niveau de confiance de 95 %, l'intervalle de confiance se calcule ainsi :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

f étant la fréquence du caractère étudié dans l'échantillon, et n l'effectif de cet échantillon.

Ex : La fréquence de femelles dans une population de cistudes (cf diaporama) :

Exercice 2 : Calculer l'abondance et une fréquence dans une population

Faire l'exercice 8 p 209 du livre

Exercice 3 : Les résultats d'un sondage

(Belin 2020)

Un sondage d'opinion est en général effectué sur un échantillon de 1000 individus, choisis au hasard. Un sondage a été effectué à propos d'un référendum, il indique que 52% des individus seraient en faveur du oui.

Peut-on prévoir que le OUI va passer ?

Rappel : Calcul de l'intervalle de confiance à 95 % :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

Avec n = taille de l'échantillon, et f estimation de la fréquence