

## 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.

## Chapitre 1 : La biodiversité et son évolution

**Biodiversité** = diversité du vivant

Elle peut se définir à différentes échelles : - la diversité des **écosystèmes** (des milieux)

- la diversité des **espèces** (une espèce est un ensemble d'individus qui se ressemblent, qui peuvent se reproduire entre eux et dont la descendance est fertile)

- la diversité **intraspécifique** (= génétique) due à la diversité des allèles au sein d'une espèce.

### I. Estimer la biodiversité

**Pb** : Comment estimer la biodiversité d'un milieu ?

La biodiversité peut être estimée par :

→ le nombre d'espèces présentes dans un milieu (= **richesse spécifique** du milieu)

→ le nombre d'individus de chaque espèce (= **abondance de l'espèce**)

→ La fréquence d'un caractère (donc des allèles qui en sont responsables)

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

#### A. 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 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)**

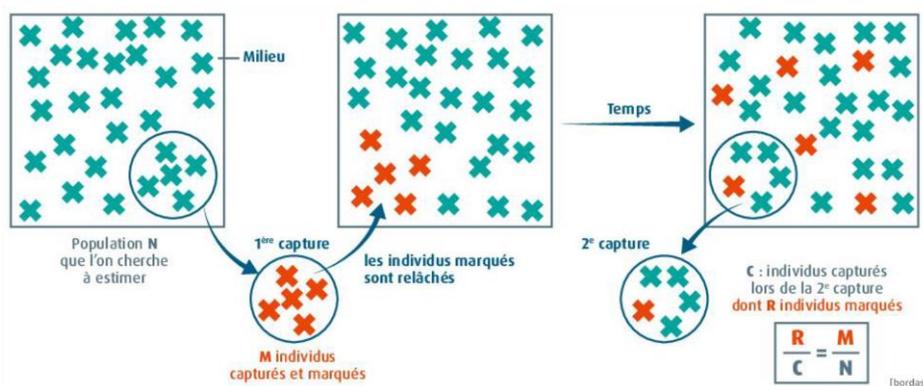
Lien sur le cahier de texte de classe : [http://incertae-sedis.fr/gl/LF\\_20\\_termES\\_chap1\\_exoblast.htm](http://incertae-sedis.fr/gl/LF_20_termES_chap1_exoblast.htm)

#### B. Estimer l'abondance d'une espèce dans un milieu à partir d'un échantillon :

On peut estimer l'**abondance** d'une population par la méthode de **capture-marquage-recapture** (=CMR).

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<sup>ème</sup> capture est réalisée. On considère que la fréquence des individus marqués doit être la même dans la 2<sup>nd</sup>e capture et dans la population totale. Pour estimer l'abondance de l'espèce, il suffit alors d'appliquer le principe de proportionnalité.

Attention : les valeurs obtenues en utilisant cette méthode sont des estimations. Elles permettent d'avoir une idée de l'abondance de l'espèce dans le milieu (ordre de grandeur) mais ce ne sont pas des valeurs réelles.



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

Estimation de la taille de la population dans cet exemple :

Nbre d'individus marqués à la 1<sup>ère</sup> séance (M) = 5

Nbre d'individus capturés à la 2<sup>ème</sup> séance (C) = 5

Nbre d'individus marqués capturés à la 2<sup>ème</sup> 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

### C. Estimer la fréquence d'un caractère dans une population

Une **population** est un groupe d'individus qui vivent à proximité les uns des autres et se reproduisent préférentiellement entre eux.

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

$$\text{fréquence} = \frac{\text{Nombre d'individus qui possèdent ce caractère}}{\text{Nombre total d'individus}}$$

Comme pour la méthode CMR, la valeur obtenue n'est qu'une **estimation**. On peut déterminer la fiabilité de ce résultat en calculant un **intervalle de confiance**.

Un intervalle de confiance est un couple de valeurs entre lesquelles la fréquence réelle du caractère étudié a 95% de chances de se situer.

Cet intervalle s'écrit : [... ; ...]

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.

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).

Exercices d'application (cf poly)