

Activité 9 : La mesure de la biodiversité

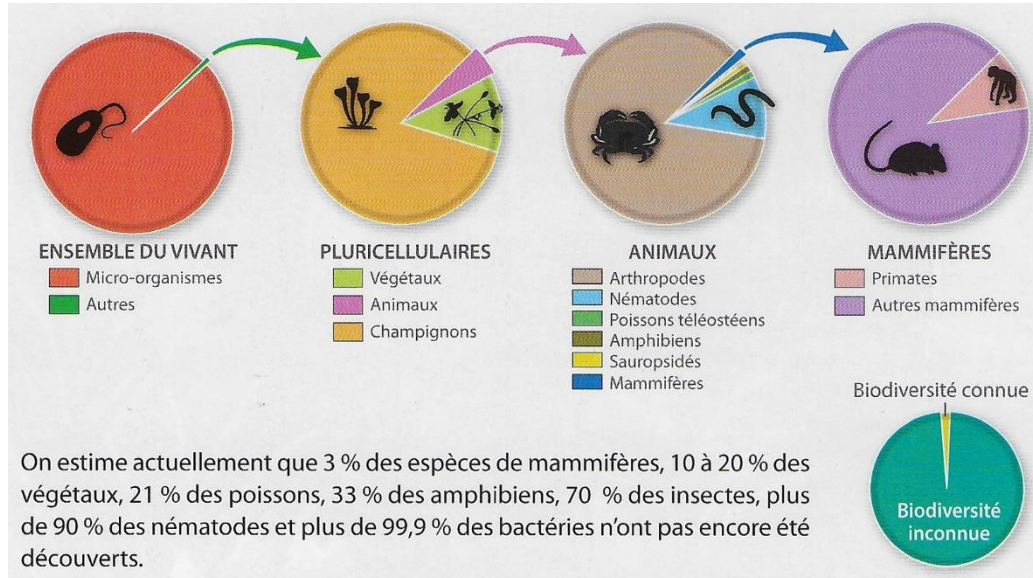
Depuis quelques décennies, la proportion d'êtres vivants menacés augmente, surtout en raison de certaines activités humaines.

L'enjeu du recensement des espèces est double : découvrir de nouvelles espèces et quantifier les effets de l'action de l'espèce humaine avec davantage de précision.

Objectif : comprendre les différentes méthodes permettant d'inventorier la biodiversité.

Cette activité comprend à la fois des notions de SVT et de Mathématiques.

Biodiversité : un état des lieux



On estime actuellement que 3 % des espèces de mammifères, 10 à 20 % des végétaux, 21 % des poissons, 33 % des amphibiens, 70 % des insectes, plus de 90 % des nématodes et plus de 99,9 % des bactéries n'ont pas encore été découverts.

Justifier parmi quels groupes d'animaux il serait pertinent de chercher de nouvelles espèces.

Comment qualifieriez-vous notre connaissance des espèces composant le monde vivant.

La métagénomique : une méthode d'échantillonnage de plus en plus utilisée

La métagénomique est un outil pour étudier la biodiversité dans un milieu. Elle consiste à étudier le contenu en ADN d'un échantillon : sol, eau de mer, contenu intestinal, fèces, peau, etc. Cet ADN est alors séquencé puis comparé à des banques de séquences connues. On peut ainsi :

- identifier une espèce déjà caractérisée ;
- entériner la découverte d'une nouvelle espèce ;
- quantifier l'abondance relative* des espèces.



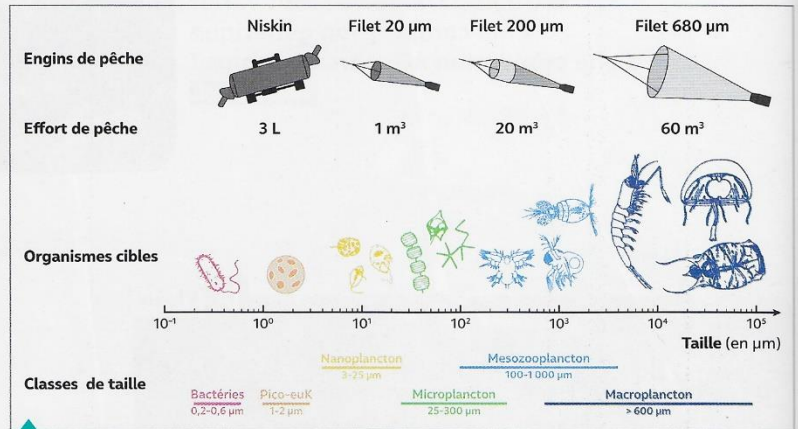
Expliquer en quelques phrases comment la métagénomique a révolutionné la mesure de la biodiversité

Un exemple de mesure de biodiversité des océans : TARA



1 Le trajet de la goélette Tara dans le Pacifique

L'expédition « Tara Océans » (2009-2012) a eu en partie pour objectif de caractériser la biodiversité planctonique.



2 La collecte des animaux lors des expéditions Tara

Des filets reliés à des collecteurs sont traînés dans l'eau par le bateau. En fonction de la taille des mailles du filet, les échantillons peuvent aller du virus (quelques nm) au plancton (2 mm).

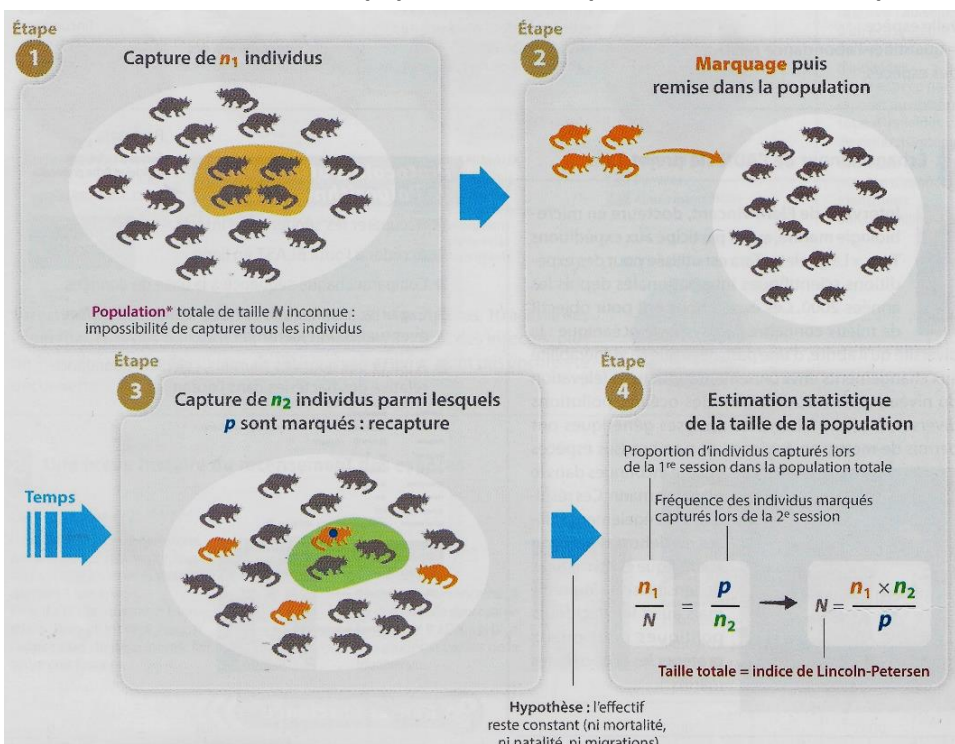
Mesurer la biodiversité : la métagénomique logiciel BLAST

- ▶ Récupérer les séquences d'intérêt.
- ▶ Accéder à l'outil BLAST en ligne.
- ▶ Comparer chaque séquence à la base de données.
- ▶ Exploiter les résultats et noter le nom de l'espèce éventuellement identifiée.
- ▶ À partir des données fournies, calculer l'abondance relative des bactéries dans l'océan.



Mesurer la biodiversité continentale

Estimer la taille d'une population : Principe de la méthode de Capture-Marquage-Recapture (CMR)



Pour mesurer la biodiversité, on est souvent amené à estimer la taille d'une population, cependant il est difficile et fastidieux de compter l'ensemble des individus d'une population quand celle-ci est très grande. Il existe pour cela une méthode : la méthode CMR présentée ci-contre.

Etude d'un exemple de calcul avec la méthode CMR.

Sur un territoire donné, 42 lapins de garenne ont été capturés, marqués puis remis en liberté. Une semaine plus tard, 79 lapins ont été recapturés parmi lesquels 2 étaient marqués.

En utilisant la méthode CMR, estimer la taille de la population totale de lapins.



Estimer la proportion d'un caractère : estimation par intervalle de confiance

Rappel : Dans une population, les individus d'une même espèce présentent des **phénotypes** (ou **caractères**) différents. Ces phénotypes peuvent être macroscopiques (couleur du pelage, taille du bec, couleur des yeux etc.), microscopiques (forme et taille des cellules) ou moléculaires (présence ou absence de certaines molécules comme la mélanine par exemple)

On cherche à estimer la proportion p d'individus possédant un caractère donné dans une population.

La méthode est la suivante :

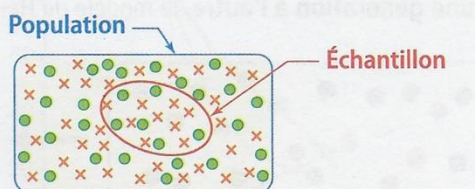
1. Prélever un échantillon de n individus et compter le nombre d'individus n_E possédant le caractère étudié.

2. Calculer la fréquence f du caractère dans l'échantillon.

3. Déterminer un intervalle de confiance à un niveau de confiance donné (ici 95 %).

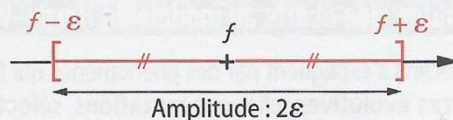
Remarque La marge d'erreur ε est définie par $\varepsilon = 1,96 \sqrt{\frac{f(1-f)}{n}}$

4. Conclure.



$$f = \frac{\text{Nombre d'individus } \bullet}{\text{Nombre d'individus } \bullet \text{ et } \times} = \frac{n_E}{n}$$

$$[f - \varepsilon ; f + \varepsilon]$$



La proportion p se situerait entre

$$f - \varepsilon \text{ et } f + \varepsilon$$

Etude d'un exemple.

Pour estimer la proportion de lapins touchés par la myxomatose sur un territoire, 105 lapins ont été prélevés : 12 s'avèrent infectés.

Compléter le texte ci-dessous en réalisant des calculs si nécessaires.

La taille de l'échantillon étudiée est $n = \dots$

La fréquence de lapins infectés dans un échantillon est $f = \dots$ soit $\dots\%$

La marge d'erreur ε pour un niveau de confiance de 95% est environ égale à \dots

La proportion de lapins infectés sur le territoire se situerait ainsi environ entre $\dots\%$ et $\dots\%$