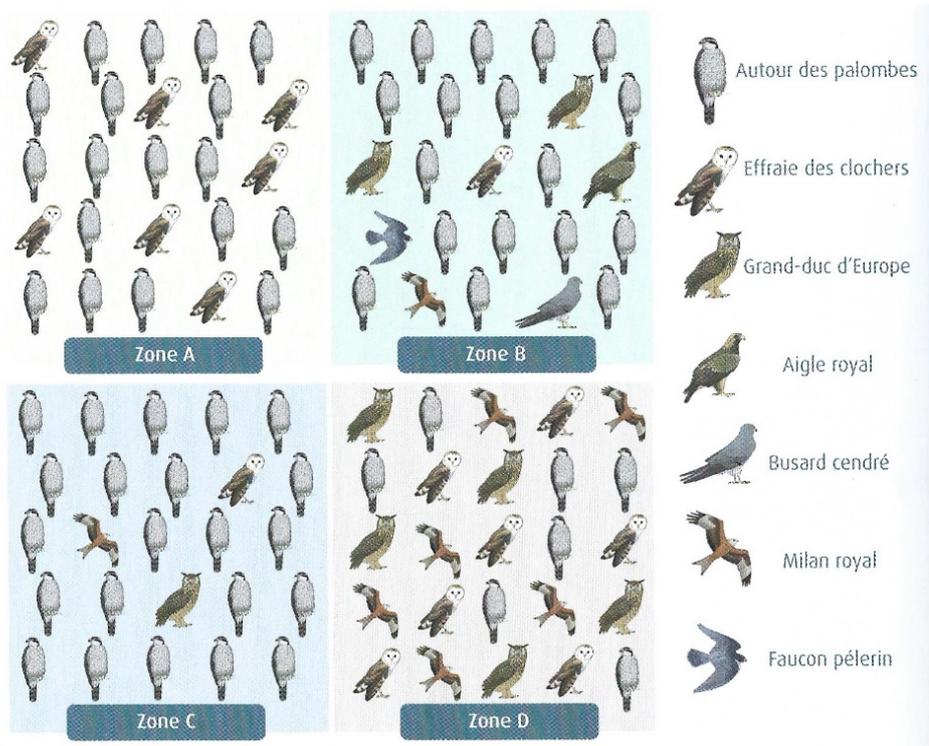


ANNEXE

Document 1 : les composantes de la biodiversité



La biodiversité peut être estimée de différentes manières :

➤ La richesse spécifique correspond au nombre d'espèces présentes dans un milieu.

➤ L'abondance représente le nombre d'individus d'une même espèce.

➤ Dans un milieu contenant plusieurs espèces (ou populations) l'équité estime si l'abondance entre chaque espèce est équilibrée.

Document 2 : suivi des populations d'oiseaux communs (programme STOC, Vigie Nature).

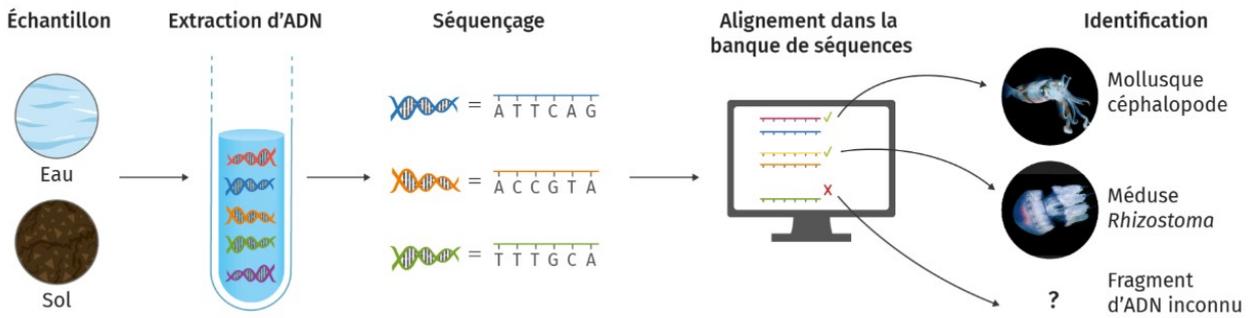
Le Suivi temporel des oiseaux communs par échantillonnage ponctuel simple (STOC-EPS) est un programme mis en place en 1989 et coordonné par le Muséum national d'Histoire naturelle. Il permet de suivre l'évolution de la richesse spécifique et de l'abondance des oiseaux nicheurs. Les sites à prospecter sont des carrés de 4 km², tirés aléatoirement dans chaque département.

Chaque carré est attribué à un observateur qui répartit de façon homogène 10 points d'écoute dans son carré. Deux fois par an, l'observateur reste immobile pendant 5 min à chaque point d'écoute et comptabilise toutes les espèces et individus vus et entendus. Le tableau montre les dénombrements dans le carré ci-contre, proche de Nantes.



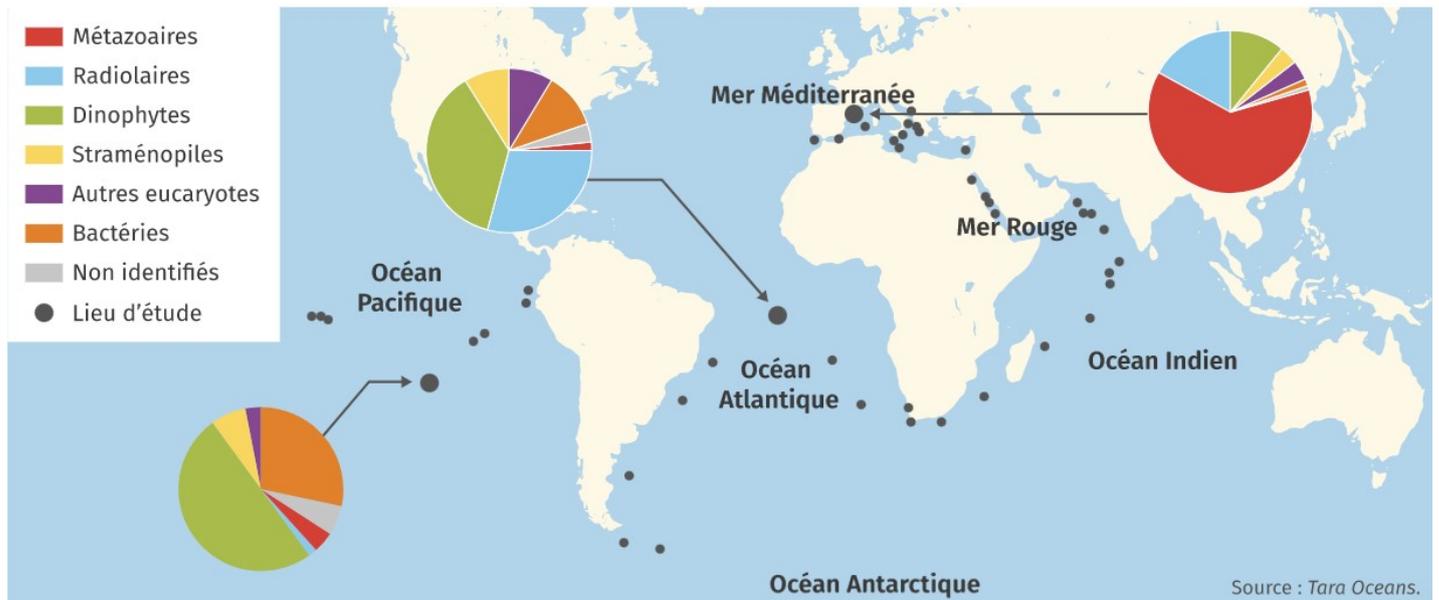
Espèce	Effectifs dénombrés en juin				
	2002	2006	2010	2014	2018
Choucas des tours	0	5	4	2	1
Corneille noire	14	13	24	11	11
Grive musicienne	5	5	3	0	0
Linotte mélodieuse	13	0	0	0	0
Merle noir	17	29	20	18	24
Petit Gravelot	0	0	0	0	5
Pigeon ramier	6	26	31	24	15
Rougegorge familier	7	8	4	5	7
Tourterelle turque	11	11	10	15	4
Verdier d'Europe	14	20	6	2	0

Document 3 : des méthodes d'étude modernes de la biodiversité.



► Principe de la méthode de *barcoding* moléculaire.

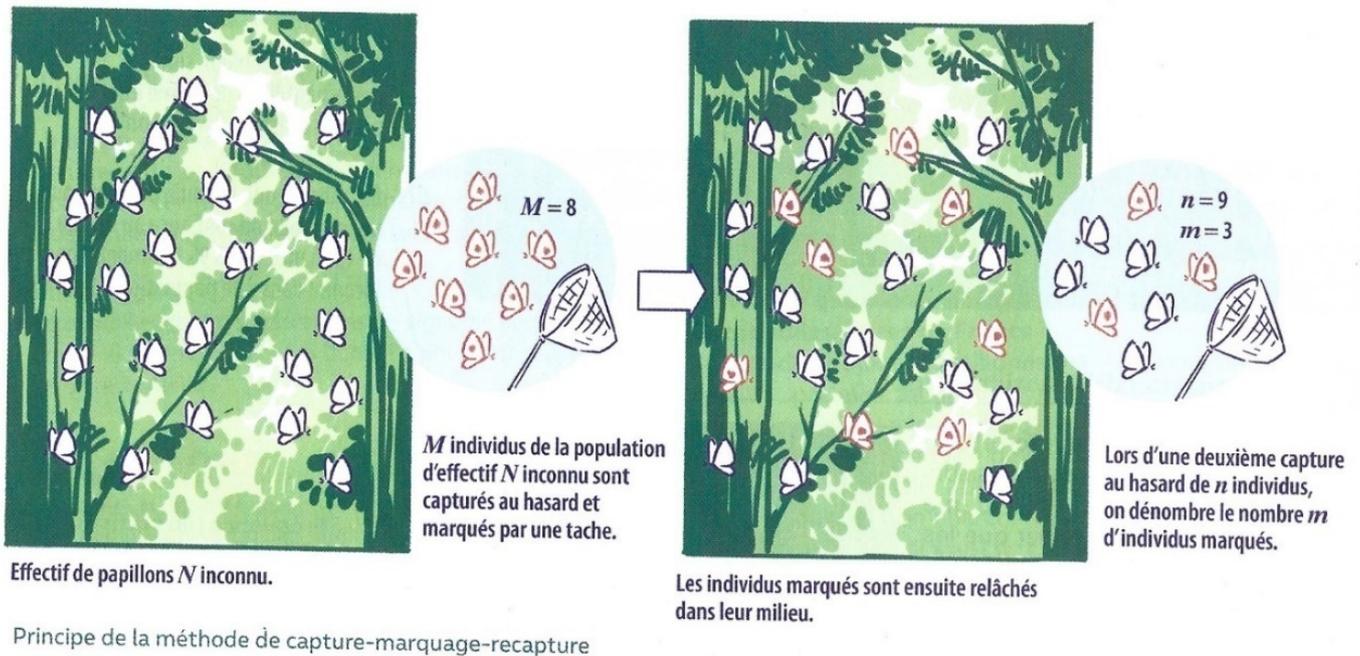
Le **barcoding** moléculaire consiste à identifier une espèce en comparant une courte séquence de son ADN à toutes les séquences connues d'ADN rassemblées dans une banque de données, comme si l'on « scannait » son code-barres génétique. En comparant toutes les séquences d'ADN retrouvées dans un échantillon d'eau ou de sol à cette banque de données, les chercheurs peuvent identifier les espèces qui se trouvent dans cet échantillon : c'est le **metabarcoding**. Ces méthodes sont cependant coûteuses et ne peuvent pas remplacer complètement les reconnaissances sur le terrain. De 2009 à 2013, les équipes de recherche à bord du *Tara* ont réalisé une étude approfondie par *metabarcoding* de la diversité des microorganismes marins. La carte ci-dessous présente l'abondance relative des différents taxons dans trois des lieux étudiés.



► L'expédition *Tara Océan* : un exemple de *metabarcoding*.

+ voir la vidéo de la Fondation Tara Océan sur la biodiversité et le séquençage ADN sur mon site

Document 4 : méthode dite de capture-marquage-recapture (CMR).



Si on suppose que la proportion des individus marqués dans la population totale et dans la population recapturée est conservée, N peut être estimé à partir de M , M et n .

	Sujets (marqués ou non)	Sujets marqués
Effectif de la population.	N	$M=1\ 500$
Effectif dans l'échantillon recapturé.	$n=200$	$m=12$

La quatrième proportionnelle se calcule alors grâce à un simple produit en croix.