



**THÈME** : UNE HISTOIRE DU VIVANT  
**Chapitre** : La biodiversité et son évolution

**1**  
 Term ES

**Estimer la biodiversité de notre planète**

➤ **Objectif**

Exploiter des données obtenues au cours d'une sortie de terrain ou d'explorations scientifiques (historiques et/ou actuelles) pour estimer la biodiversité.

➤ **Compétence travaillée :**



**Non maîtrisé**



**Insuffisamment maîtrisé**



**Bien maîtrisé**



**Maîtrisé**

**S'approprier une problématique, identifier les connaissances associées et rechercher l'information utile.**

La problématique n'est pas correctement cernée.

- L'élève mobilise quelques éléments issus des connaissances ou des ressources fournies

- L'élève mobilise quelques éléments issus des connaissances et des ressources fournies

La problématique est correctement cernée.

- L'élève mobilise des connaissances adaptées.  
 - L'élève prélève, dans les ressources fournies, des informations adaptées.

- L'élève mobilise des connaissances pertinentes et suffisantes.  
 - L'élève prélève, dans les ressources fournies, des informations pertinentes et suffisantes.

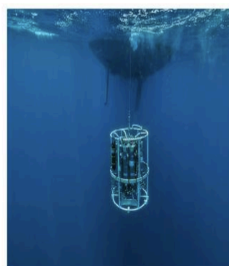
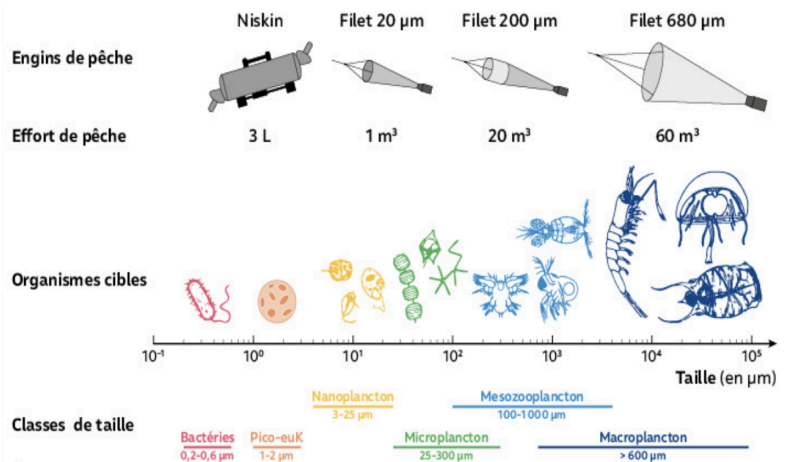
**Mise en situation** : Depuis le XVIIIème siècle, de nombreuses expéditions scientifiques ont eu pour objectif d'évaluer la biodiversité de différents écosystèmes. On estime qu'il existe environ 8,5 millions d'espèces, dont seulement 15 % sont connues.

**Question scientifique:** Quelles méthodes permettent d'estimer la biodiversité terrestre?

**PARTIE 1 : DES MÉTHODES D'ÉTUDES ANCIENNES DE LA BIODIVERSITÉ**

Entre 2009 et 2013, la goélette Tara a permis aux scientifiques d'étudier la biodiversité peu connue du plancton océanique. Ces micro-organismes sont indispensables à l'équilibre de l'écosystème marin. Pendant 4 ans, le navire a sillonné l'ensemble des mers et des océans du globe, explorant 154 stations et récoltant 27 000 échantillons de plancton.

**Document 1 : L'expédition Tara Oceans.**



Les filets permettent d'attraper les organismes plus gros que la taille de la maille (de 5 à 690 µm). Ils sont immergés à différentes profondeurs depuis la surface jusqu'à 1000 m. La rosette CTD est un ensemble de 10 bouteilles qui s'ouvrent en profondeur pour collecter de l'eau jusqu'à 2000 m. Des capteurs associés permettent de mesurer la conductivité, la température, la pression, la salinité, l'oxygène dissous...

**Document 2 : Des outils d'échantillonnage variés.**

1. Expliquer l'intérêt des différents instruments utilisés lors de Tara Oceans.

## PARTIE 2 : DES MÉTHODES D'ÉTUDES RÉCENTES DE LA BIODIVERSITÉ



**▼ Le Zooscan**  
identifie automatiquement le zooplancton.

**▲ L'Underwater Vision Profiler**  
observe le plancton pendant la collecte.

**▲ Le FlowCam**  
fait défiler des organismes à grande vitesse dans le faisceau d'un laser, en les comptant et en les caractérisant.



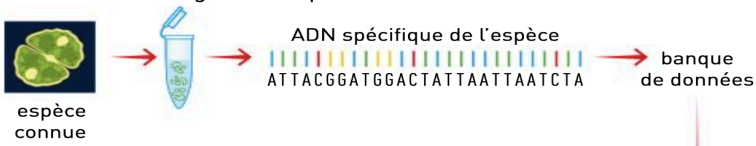
1. Ver polychète
2. Ver polychète en cours de métamorphose
3. Crevette
4. Larve de corail
5. Larve d'hémichordé *Tonaria (Ptychodera flava)*

Les échantillons récoltés grâce aux outils sont photographiés par une caméra intelligente capable d'identifier et de comptabiliser automatiquement les micro-organismes d'une taille supérieure à 10 µm, ce qui fait que certaines espèces ne sont pas identifiables par cette méthode.

**Document 3 : Inventaire numérique des espèces ramenées dans les filets .**

Les chercheurs rassemblent les individus au sein des différentes espèces grâce à des séquences caractéristiques communes de leur ADN. Le séquençage des différents individus ou de l'ADN présent dans l'environnement (eau de mer) consiste à déterminer l'ordre des nucléotides (A,T,C,G) de l'ADN, ce qui permet d'identifier précisément les espèces et d'estimer leur abondance relative.


**Étape 1 : extraction de l'ADN puis recherche et séquençage\* automatisé d'un gène marqueur**



espèce connue

ADN spécifique de l'espèce  
ATTACGGATGGACTATTAATTAATCTA → banque de données

**Étape 2 : extraction et analyse de l'ADN contenu dans un échantillon d'eau de mer**



mélange d'espèces à identifier

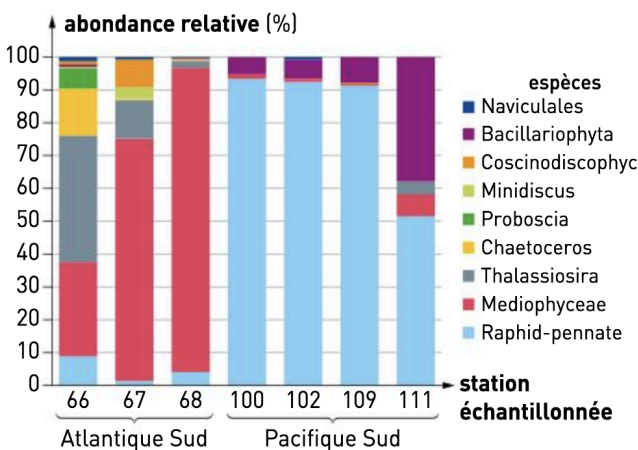
ATTACGGATGGACTATTAATTAATCTA  
TTGTAACCTGGCAACTACTGGAATGACG  
ATTACGGATGGACTATTAATTAATCTA  
CCTACAGTCGTACCATTGATCGTACCG

**Étape 3 : comparaison informatique, détermination des espèces et de leur abondance relative**

**Document 4 : Identification des espèces en fonction de leur ADN.**

La biodiversité est estimée en fonction de 2 paramètres :

- l'abondance, c'est-à-dire le nombre d'individus de chaque espèce.
- La richesse spécifique, c'est-à-dire le nombre d'espèces présentes.



**abondance relative (%)**

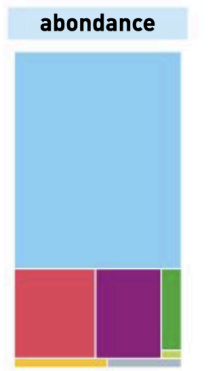
station échantillonnée

Atlantique Sud (66, 67, 68) / Pacifique Sud (100, 102, 109, 111)

**espèces**

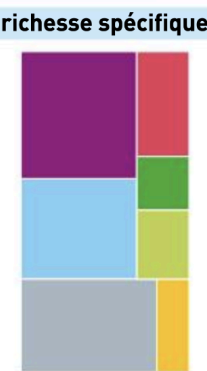
- Naviculales
- Bacillariophyta
- Coscinodiscophyceae
- Minidiscus
- Proboscia
- Chaetoceros
- Thalassiosira
- Mediophyceae
- Raphid-pennate

**abondance**



N ≈ 121 × 10<sup>6</sup> individus

**richesse spécifique**



N ≈ 46 000 espèces

**taxons**

- Opisthochontes
- Rhizaires
- Alvéolés
- Excavés
- Straménopiles
- Procaryotes
- Inconnu

**Document 5 : Abondance relative et richesse spécifique.**

2. Indiquer les avantages et les inconvénients de travailler à partir de séquences d'ADN.

3. Montrer que l'étude de l'abondance et celle de la richesse spécifique sont complémentaires l'une de l'autre pour décrire la biodiversité.