

Introduction :

Les populations évoluent au cours du temps.

Deux mécanismes connus d'évolution des populations :

- **La sélection naturelle.** Dans un milieu certains génotypes produisent plus de descendants que d'autres.
- **La dérive génétique.** La dérive génétique est une réduction aléatoire de la diversité allélique.

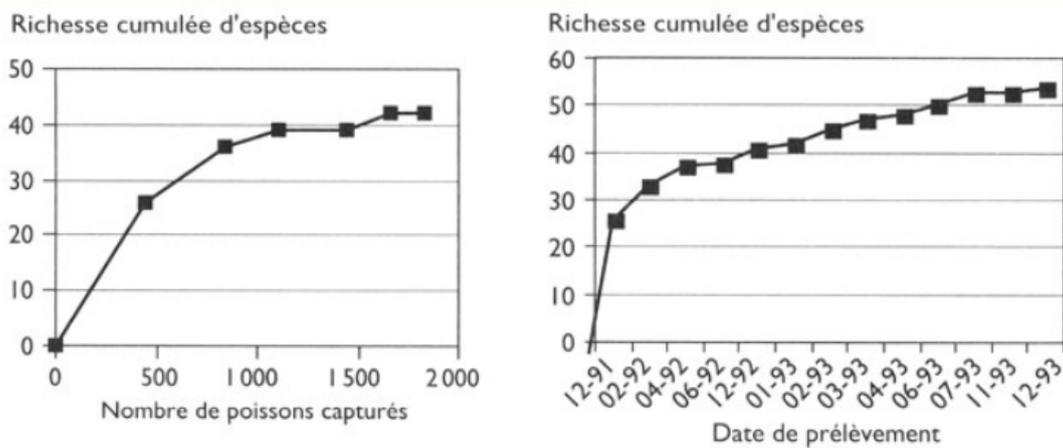
La biodiversité peut être évaluée selon 3 niveaux :

- **Biodiversité des écosystèmes**
- **Biodiversité des espèces**
- **Biodiversité génétique** (Biodiversité des gènes et des allèles des gènes)

T3A La biodiversité et son évolution

La biodiversité se mesure par des techniques d'échantillonnage (spécimens ou ADN) qui permettent d'estimer le nombre d'espèces (richesse spécifique) dans différents milieux.

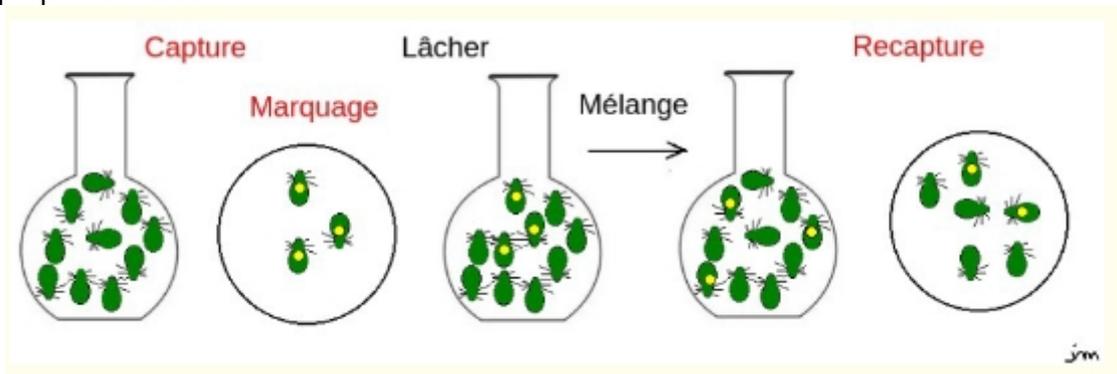
Les composantes de la biodiversité peuvent aussi être décrites par l'abondance (nombre d'individus) d'une population, d'une espèce ou d'un taxon d'ordre plus grand.



Biodiversité d'une rivière de Guyanne

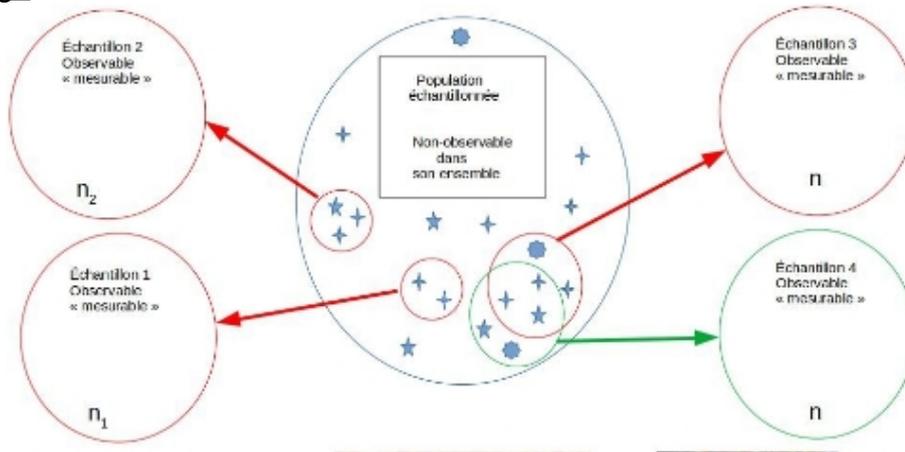
Les valeurs retenues par les scientifiques sont des estimations.

1 - la méthode CMR, une estimation ponctuelle d'un effectif par capture, marquage, recapture, repose sur le principe de proportionnalité.



Exemple des salamandres : $27/N = 20/42$

2- L'échantillonnage



À partir d'un seul échantillon, la proportion (fréquence) d'une population portant un caractère donné peut également être estimée à l'aide d'un intervalle de confiance.

Une telle estimation est toujours associée à un niveau de confiance strictement inférieur à 100 % en raison de la fluctuation des échantillons.

Pour un niveau de confiance donné, l'estimation est d'autant plus précise que la taille de l'échantillon est grande.

Exercice :

11 Méthode de « capture-marquage-recapture »

Estimer l'effectif d'une population à partir d'échantillons.

On désire évaluer l'abondance d'une population de manchots empereurs vivant sur une île. Pour cela, on capture 232 individus qui sont marqués puis relâchés. On recapture ultérieurement 400 animaux parmi lesquels on dénombre 116 animaux marqués.

1. Donner un intervalle de confiance à 95 % de la proportion p d'animaux marqués.

Données

On rappelle que l'intervalle de confiance à 95 % est $\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$

avec f la fréquence observée et n la taille de l'échantillon.

3- L'évolution des populations – mise en évidence par le test d'un modèle et le rejet d'hypothèses

Le modèle mathématique de **Hardy-Weinberg (HW)** utilise la théorie des probabilités et des hypothèses biologiques pour décrire la transmission des allèles dans une population. Sous ces hypothèses il permet de prévoir les fréquences des différents génotypes.

L'équilibre de Hardy-Weinberg

Entrées du modèle

Mathématique - Loi des grands nombres : si effectifs de grande taille; probabilités \Leftrightarrow fréquences

Hypothèses biologiques = hypothèses nulles = Absence de « forces évolutives »

- H_0^1 Pas de mutations
- H_0^2 Pas de sélection naturelle
- H_0^3 Pas de recouvrement de génération
- H_0^4 Pas de sélection sexuelle, accouplements au hasard (= panmixie)
- H_0^5 Pas de sélection gamétique (= pangamie).
- H_0^6 Pas de migrations (aucune arrivée ni départ d'individus)
- H_0^7 Effectif important d'individus reproducteurs (donc pas de dérive génétique)

Sortie du modèle

Si toutes hypothèses sont vraies => le modèle prédit que la structure génétique d'une population est stable au cours des générations = équilibre de Hardy-Weinberg. L'équilibre est atteint dès la première génération.

Comparaison aux observations

Si le modèle est conforme aux observations alors on ne peut rejeter aucune des H_0 donc on les accepte toutes jusqu'à preuve du contraire.

Si déséquilibre observé => une au moins des H_0 n'est pas vérifiée => rejet d'une au moins des hypothèses.

L'équilibre de Hardy-Weinberg : corollaire applicable

Si toutes hypothèses sont vraies => le modèle prédit une structure génétique stable au cours des générations. Les fréquences génotypiques à l'équilibre prévues par le modèle sont:

$$f_{AA} = p^2, f_{Aa} = 2.p.q, f_{aa} = q^2 \text{ avec } f_A = p, f_a = q \text{ et } p+q = 1$$

Si les fréquences observées des différents génotypes ne coïncident pas avec les fréquences prévues par le modèle alors on rejette l'une au moins des hypothèses nulles qui fondent le modèle.

On peut alors conclure qu'il existe au moins une « force évolutive ».

Exercice vu en TD : Les nombreuses épinoches du lac Kennedy – Population sédentaire => pas de migration

Forme complète **CC**

Forme intermédiaire **CL**

Forme légère **LL**

d'après Marchinko & Schluter, 2007 Evolution (61)-5 pp1084-1090

Phénotypes et génotypes

Déterminisme génétique du nombre de plaques osseuses
 Le gène « Ectodysplasine » (Eda) présente 2 allèles, C et L qui sont responsables des 3 formes observables de répartition des plaques osseuses.
Le génotype CC présente une forme complète, CL une forme intermédiaire et LL une forme légère.

Méthode :

- 1 Extraire les fréquences alléliques f_C et f_L
- 2 Calculer les fréquences génotypiques sous HW
- 3 Recalculer les effectifs attendus
- 4 Comparer les effectifs attendus aux effectifs observés

Étude du tableau de comparaison :

- Comparer autant que possible des effectifs plutôt que des fréquences
- Technique très approximative des « 10 % »
- Technique plus rigoureuse – test statistique du χ^2 . Les distributions d'effectif repérées par la même lettre en exposant ne sont pas significativement différentes => $dist^{(a)} \# dist^{(b)}$

Tableau de comparaison des effectifs attendus aux effectifs réellement observés :

Génotype →	LL	CL	CC	Somme
Effectifs observés (embryons) ^(a)	46 ↑	158 ↑	99 ↑	303
Effectifs attendus HW (embryons) ^(a)	52 ↓	147 ↓	104 ↓	303
Effectifs observés (adultes) ^(b)	37 ↑	54 ↓	78 ↑	169
Effectifs attendus HW (adultes) ^(c)	24 ↑	80 ↓	65 ↑	169

Pour les embryons, il n'y a pas de différence significative entre les effectifs observés et les effectifs attendus. On ne peut rejeter aucune des hypothèses nulles donc on les accepte jusqu'à preuve du contraire. Il n'y a pas de « force évolutive » s'exerçant sur la population de la production des gamètes à l'éclosion de l'œuf.

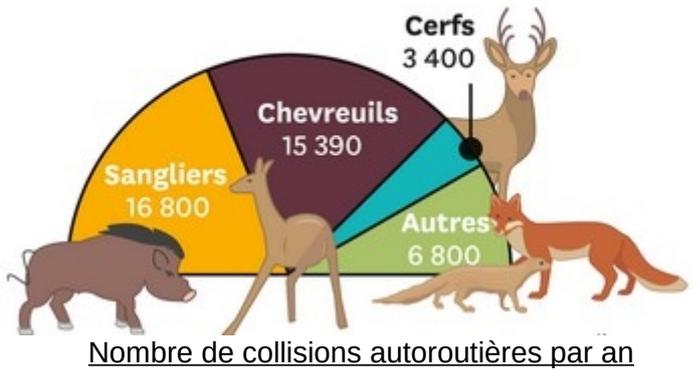
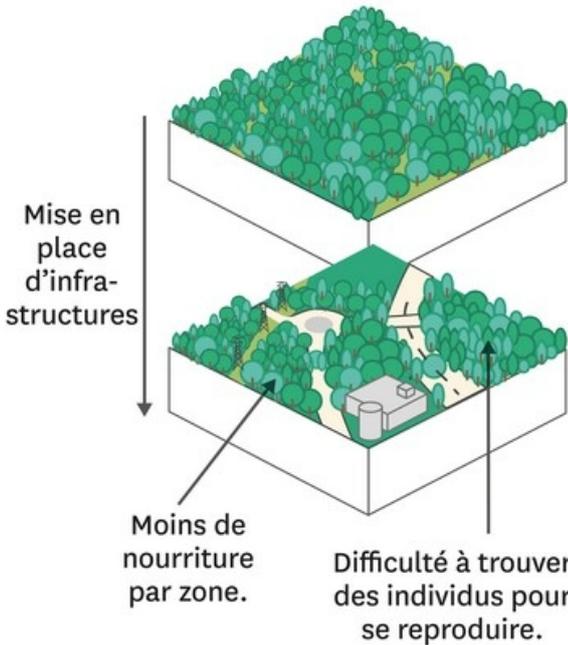
Pour les adultes toutes les différences sont significatives. On peut donc rejeter au moins une des hypothèses restant. Puisqu'il n'y a ni dérive ni migration, il doit donc s'exercer une sélection naturelle. Les individus de génotype (CL) sont désavantagés (un plus petit nombre d'entre eux survit).

Remarque : Ce cas est rare ! En général les hétérozygotes sont avantagés (voir ex drépanocytose).

Bilan : Les écarts entre les fréquences observées sur une population naturelle et les résultats attendus du modèle de HW s'expliquent par les effets de forces évolutives (mutation, sélection, dérive, etc...). Les exemples vus en TD sont généralisables: Le plus souvent déséquilibre **donc** le plus souvent présence de "forces évolutives". **La biodiversité évolue constamment.**

4- Impact des activités humaines sur la biodiversité.

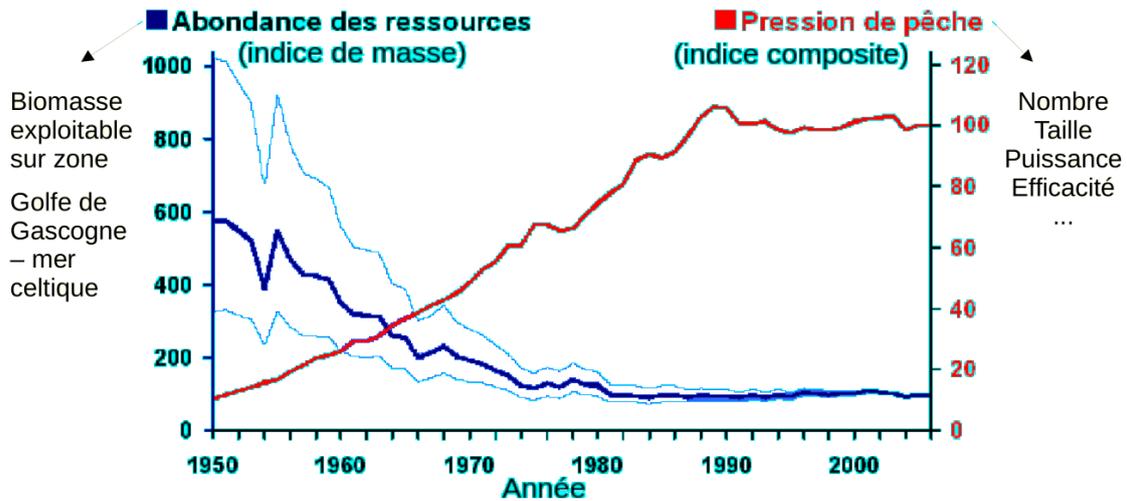
Les activités humaines (pollution, destruction des écosystèmes, combustions et impacts climatiques, surexploitation, ...) ont des conséquences sur la biodiversité et ses composantes (dont la variation d'abondance).



Les activités humaines peuvent conduire à l'**extinction d'espèces (diminution de la richesse spécifique)**. La fragmentation d'une population en plusieurs échantillons de plus faibles effectifs (**diminution de l'abondance**) entraîne par **dérive génétique** un **appauvrissement de la diversité génétique** d'une population.

Conséquences de la fragmentation d'un écosystème

La connaissance et la gestion d'un écosystème permettent d'y préserver la biodiversité .



Prof. Gascuel D. 14/09/2022 Intervention devant le sénat de la république française. <https://www.senat.fr/rap/r13-495/r13-4954.html>

IFREMER- Le RMD: la plus grande quantité de biomasse que l'on peut extraire en moyenne et à long terme dans les conditions environnementales existantes sans affecter le processus de reproduction.

