

UHV1 « La biodiversité et son évolution »

L'estimation de la biodiversité terrestre.

- **La biodiversité se définit à 3 échelles** : des **écosystèmes**, des **espèces**, et des **individus** (diversité allélique).
- Parmi l'ensemble du monde vivant, un **grand nombre d'espèces est inconnu**.
- Les espèces inconnues sont notamment dans les groupes aux tailles les plus petites ou à l'évolution rapide (exemple : les bactéries).
- Finalement **seule une faible proportion des espèces est connue**.
- On peut **mesurer la biodiversité** en récoltant des **spécimens** (individus) ou leur **ADN** dans leur milieu de vie (technique beaucoup moins invasive).
- L'ADN est récupéré, amplifié (= on augmente sa quantité), séquencé (= détermination de la séquence de nucléotides) puis **comparé à des banques de séquences connues**, ce qui permet d'**identifier une espèce** déjà caractérisée, d'entériner la **découverte d'une nouvelle espèce**, de **quantifier l'abondance relative des espèces ou le nombre d'individus d'une population**.

L'échantillonnage des populations.

- On peut **estimer l'effectif d'une population à partir d'échantillons**. Il existe **plusieurs méthodes d'estimation**, dont la méthode CMR et la détermination d'un intervalle de confiance.
- **La méthode de capture - marquage - recapture** (CMR) :
 - * **on capture n1 individus** d'une population de taille N inconnue que l'on marque puis que l'on replace dans la population ;
 - * au bout d'un certain temps, **on capture n2 individus** parmi lesquels **certains sont marqués donc recapturés** (= p).
 - * **on estime statistiquement la taille de la population** par l'indice de Lincoln-Petersen :

$$N = \frac{n1 \times n2}{p}$$

- **L'intervalle de confiance** (IC). On peut le calculer à partir de la connaissance du **niveau de confiance** (= pourcentage de chance d'avoir raison) et en appliquant la formule :

$$\varepsilon = k \sqrt{\frac{f_{obs}(1-f_{obs})}{n}}$$

* f_{obs} = **fréquence observée** et n **taille de la population**.

* pour un niveau de confiance de 95 % (niveau généralement appliqué),
k = 1,96.

* l'IC est alors compris dans l'**intervalle** [$f_{obs} - \varepsilon$; $f_{obs} + \varepsilon$].

- **Plus la taille de l'échantillon est petite, plus l'amplitude de l'intervalle de confiance est grande et moins l'estimation est précise**. Inversement, plus la taille de l'échantillon est grande, plus l'amplitude de l'intervalle de confiance associé est petite et plus l'estimation est précise

L'évolution génétique des populations : le modèle de Hardy-Weinberg

- Le **modèle de Hardy-Weinberg** est un **modèle de génétique à l'échelle des populations**.
- Il **repose sur des hypothèses** : **population de grande taille**, rencontre aléatoire des gamètes, formation aléatoire des couples (sans sélection sexuelle), diploidie (= chromosomes par paires), reproduction sexuée (= méiose et fécondation), pas de croisements entre générations différentes, **absence de forces évolutives** (**mutations**, **migration** (= départ ou arrivée d'individus dans la population), **sélection - sélection naturelle**, **sélection sexuelle** - et **dérive génétique**).
- *Note : la sélection naturelle est l'évolution de la fréquence des allèles au cours des générations sous l'effet des contraintes du milieu (des allèles apportent des avantages ou des désavantages). La dérive génétique est l'évolution aléatoire des fréquences alléliques au cours des générations.*
- Quand on étudie **deux allèles d'un même gène** dans une population (A de fréquence p et a de fréquence q), on a **p + q = 1**
- Les gamètes des individus portent donc soit l'allèle A (p) ou B (q).
- Au sein d'une population, les individus produisent alors des gamètes avec (A) ou (a). On obtient alors donc le tableau de croisement suivant :

gamètes	A (p)	a (q)
A (p)	(A//A) p ²	(A//a) pq
A (q)	(A//a) pq	(a//a) q ²

- On a alors les **génotypes** diploïdes (= 2 allèles par individus) des individus de la génération suivante. La somme des probabilités des quatre cellules du tableau est de 1. **On peut donc prévoir les fréquences génotypiques de la génération suivante qui est p² + q² + 2pq = 1**

- Si l'on étudie les générations suivantes, on retrouve alors toujours :
 - * les **mêmes fréquences alléliques $p + q = 1$**
 - * les **mêmes fréquences génotypiques $p^2 + q^2 + 2pq = 1$**
- La population est dite **à l'équilibre de Hardy-Weinberg**.
- Au cours des générations, les fréquences des alléliques et génotypiques restent constantes **à condition qu'aucune force évolutive s'exerce sur les individus**.
- **Si une population ne suite pas l'équilibre de HW, alors c'est qu'au moins une force évolutive est présente.**

L'impact humain sur la biodiversité.

- Il faut **préserver tous les niveaux de la biodiversité**.
- Les **humains dégradent leur environnement : la biodiversité régresse**, et cela s'accélère (sixième crise biologique actuelle).
- Causes :
 - * **Destruction et fragmentation** des habitats ;
 - * **Surexploitation** des espèces ;
 - * **Pollution** des écosystèmes ;
 - * Introduction d'**espèces invasives** ;
 - * **Réchauffement climatique**...
- La **biologie de la conservation** tente de répondre à ces problématiques : étude des écosystèmes alliée aux intérêts économiques et sociétaux. On prend alors des mesures de protection alliant viabilités économique et sociétale pour les humains. Pour cela, on peut :
 - * **lutter contre la fragmentation des habitats** en créant des **corridors écologiques** pour connecter les espaces et maintenir les liens entre populations pour que **diversité génétique** puisse se maintenir (évitant l'appauvrissement génétique d'une population) ;
 - * **créer des espaces naturels** pour conserver les environnements existants ;
 - * conserver une **diversité d'habitats** ;
 - * **maintenir les effectifs des populations des espèces et maintenir le nombre d'espèces** en encourageant la reproduction, la réintroduction d'individus (permettant de réintroduire de la diversité génétique).