

PARTIE 3 : UNE HISTOIRE DU VIVANT

Rappels (cf diaporama en lien sur le cahier de texte)

..... : Élément microscopique constitué d'une molécule d'ADN et situé dans le noyau des cellules.

ADN : Molécule qui représente le support de l'information génétique. Elle est formée de deux brins constitué chacun d'une succession de C'est une information codée par l'ordre d'enchaînement des nucléotides (= de nucléotides).

Gène : Séquence de (portée par un chromosome) qui détermine un caractère héréditaire.

Allèle : Version d'un apparue suite à une

..... : Modification de la séquence de nucléotides d'un gène.

Sélection naturelle : Mécanisme qui fait varier la d'un allèle dans une population sous l'effet de la pression de l'..... La fréquence des allèles qui confèrent un avantage dans un milieu donné au cours du temps alors que la fréquence des allèles diminue au cours du temps.

Dérive génétique : Evolution au de la fréquence d'un allèle qui ne confère ni avantage ni inconvénient à l'individu qui le porte. La transmission de cet allèle est due uniquement au hasard. Plus une population est de taille, plus l'effet de la dérive génétique est important.

Chapitre 1 :

La biodiversité varie au cours des temps géologiques. Son suivi sur des plus courtes échelles de temps est une préoccupation actuelle afin de mieux comprendre l'influence de l'Homme ou tout simplement les mécanismes de l'évolution. Les modèles mathématiques sont des outils indispensables à la description et la compréhension de ces variations.

I. ?

La biodiversité peut être estimée

- par le nombre d'espèces présentes dans un milieu (= **richesse** du milieu)
- et par le nombre d'individus de chaque espèce ou de chaque taxon (=)

Rq : un **taxon** est un groupe plus large que l'espèce. Il regroupe plusieurs espèces qui sont très proches/très fortement apparentées.

1. Estimer la **richesse spécifique** d'un milieu :

Il existe différentes méthodes pour estimer le nombre d'espèces dans un milieu :

→ **L'échantillonnage** (par observation, écoute, piégeage) consiste à identifier tous les individus d'une zone donnée (*ex identifier tous les êtres vivants d'1m³ de terre, piégés dans un filet de pêche...*)

→ **L'échantillonnage** qui consiste à **extraire de l'ADN environnemental (=ADNe)**. Le séquençage de cet ADN et sa comparaison avec celui d'espèces connues (présent dans des banques de données) permet une identification indirecte des espèces.

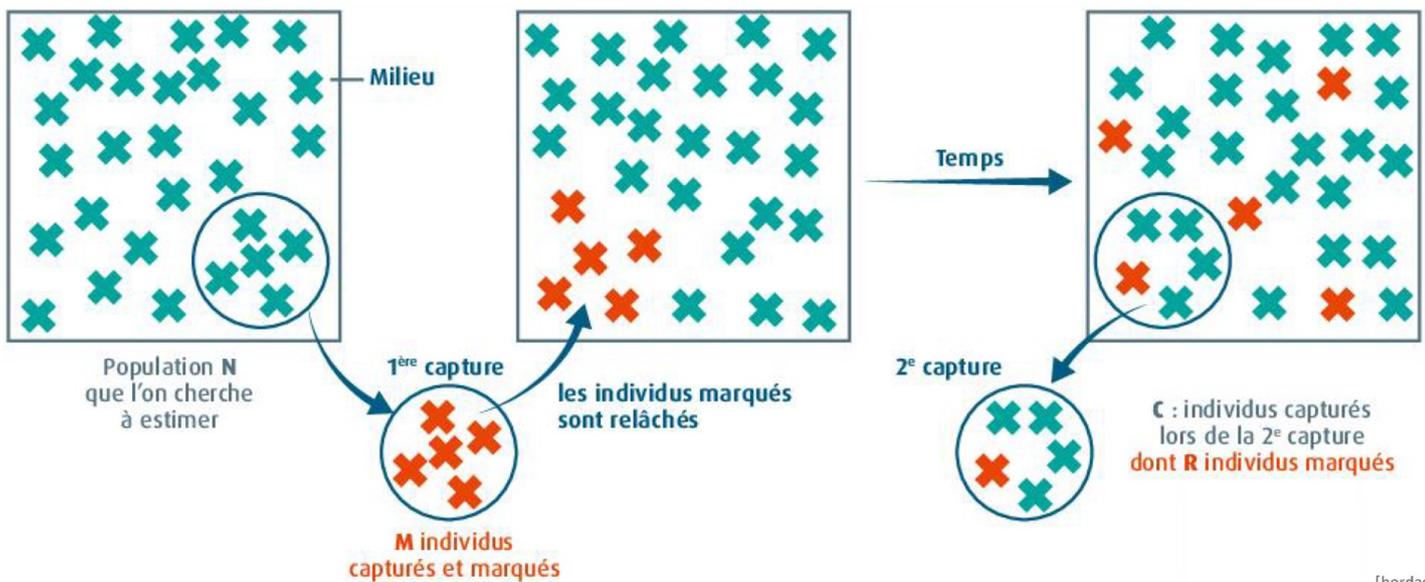
Exercice 1 : Identifier des espèces grâce à l'ADNe (*à faire à la maison*)

Lien sur le cahier de texte de classe : http://incertae-sedis.fr/gl/LF_20_termES_chap1_exoblast.htm

2. Estimer l'**abondance** d'une population dans un milieu à partir d'un échantillon :

Voir TP-CMR

On peut estimer l'**abondance** d'une population par la méthode de **capture-.....-recapture (=CMR)**. Cette méthode n'est pas invasive (=nocive). Elle est applicable uniquement si la population est à effectif fixe. On capture des individus de la population, et on ces individus. Ils sont ensuite relâchés et se répartissent dans la population totale. On applique alors le principe de la en considérant que la fréquence des individus marqués doit être la même dans la 2^{nde} capture et dans la population totale.



[bordas]

	Nombre individus marqués	Nombre total individus
Lors de la 2 ^{ème} capture		
Lors la première capture		

$$nb\ total\ d'individus(N) = \frac{M \times C}{R} =$$

Estimation de la taille de la population dans cet exemple :

3. Estimer la fréquence d'un caractère dans une population :

La méthode de **capture-marquage-recapture** (=CMR) permet également d'estimer la de certains caractères pour caractériser une population (ex le sex-ratio).

Les valeurs calculées par la méthode CMR ne sont que des estimations. Il est important d'associer à ces estimations un **intervalle de**

Un intervalle de confiance à 95 % est un couple de valeurs entre lesquelles le paramètre étudié a 95% de chances de se situer. Plus l'effectif de l'échantillon est, plus l'intervalle de confiance est étroit, plus la valeur calculée est alors

(la formule permettant de calculer l'intervalle de confiance sera donnée dans les sujets).

Exemple: sur 100 cistudes d'Europe prélevées sur l'étang de l'Or dans l'Hérault, on dénombre 27 femelles et 73 mâles.

Calculer la fréquence de femelles, associé à un intervalle de confiance à 95%, dans cette population.

Pour un niveau de confiance de 95 %, l'intervalle de confiance se calcule ainsi :

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

f étant la fréquence du caractère étudié dans l'échantillon, et n l'effectif de cet échantillon.

Définitions à connaître :

- **Biodiversité** : elle désigne la diversité du Elle peut être décrite à 3 niveaux : écosystème, espèce et génétique (=intraspécifique = allélique)
- **Richesse spécifique** : nombre d'..... différentes dans un milieu
- **Abondance** : nombre d'..... dans un groupe (espèce ou taxon plus large)
- **Fréquence** : c'est le rapport entre une valeur et l'effectif total (elle est comprise entre 0 et 1)
- **Intervalle de confiance** : lorsqu'un intervalle de confiance à 95 % est fourni pour une estimation, cela signifie que la valeur réelle a de chances de se trouver dans cet intervalle.
- **Echantillon** : quelques individus d'une population

Exercice 2 : Calculer l'abondance et une fréquence dans une population

Faire l'exercice 8 p 209 du livre

Exercice 3 : Les résultats d'un sondage

(Belin 2020)

Un sondage d'opinion est en général effectué sur un échantillon de 1000 individus, choisis au hasard. Un sondage a été effectué à propos d'un référendum, il indique que 52% des individus seraient en faveur du oui.

Peut-on certifier que plus de la moitié de la population française est en accord avec la proposition ?

II.

Les espèces changent au cours des temps parce que la composition génétique de l'espèce se modifie (composition génétique = nature et fréquence des allèles présents chez les individus de cette espèce). L'évolution ne peut s'étudier à l'échelle de l'individu, puisque la définition de l'espèce repose sur la capacité des individus à se reproduire entre eux. Il est donc nécessaire de considérer un groupe d'individus qui peuvent potentiellement se reproduire. On parle de **population**.

A.

1.

Dans une **population** on peut calculer la **fréquence d'un allèle**. On l'exprime comme une proportion de cet allèle dans la population par rapport aux autres allèles de ce gène. La somme des fréquences alléliques de tous les allèles d'un gène dans une population est donc par définition égale à 1.

On peut également calculer la **fréquence d'un génotype** qui correspond à la proportion de ce génotype par rapport aux autres génotypes possibles en considérant un gène. Dans une population, la somme des fréquences génotypiques de tous les génotypes possibles en considérant 1 gène est elle aussi égale à 1.

⚠ Attention : une fréquence est toujours comprise entre 0 et 1

Exemple 1 : La couleur des poulets andalous

La couleur des poulets andalous est déterminée par un gène qui existe sous 2 versions alléliques : l'allèle N qui détermine la couleur noire et l'allèle B qui détermine la couleur blanche. Les allèles N et B sont codominants : lorsqu'un poulet possède ces 2 allèles, son plumage est gris bleu.



Phénotype	[noir]	[blanc]	[Gris-bleu]
Génotype	(N//N)	(B//B)	(N//B)
Effectif dans la classe			

Calcul des fréquences alléliques :

- fréquence de l'allèle N = $\frac{\text{nombre d'allèle N}}{\text{nombre total d'allèles}}$ =

- fréquence de l'allèle B =

Fréquence de l'allèle N + fréquence de l'allèle B = =

Calcul des fréquences génotypiques :

- fréquence du génotype (N//N) = $\frac{\text{nombre d'individus ayant le génotypes (N//N)}}{\text{nombre total d'individus dans la population}}$ =

- fréquence du génotype (B//B) =

- fréquence du génotype (N//B) =

=> **La fréquence des allèles est différente de la fréquence des génotypes dans la population.**

Exemple 2 : On considère une population de 5 individus dont voici les génotypes et les phénotypes pour le gène du groupe sanguin :

Individu	Phénotype	Génotype
Individu A	[A]	(A//O)
Individu B	[O]	(O//O)
Individu C	[AB]	(A//B)
Individu D	[A]	(A//A)
Individu E	[AB]	(A//B)

Calcul des fréquences alléliques de cette population :

Fréquence de l'allèle A =

Fréquence de l'allèle B =

Fréquence de l'allèle O =

Calcul des fréquences génotypiques :

$f(A//O) =$

$f(A//B) =$

Calcul des fréquences phénotypiques :

$f[A] =$

$f[B] =$

$f[O] =$

$f[AB] =$

La fréquence des allèles est différente de la fréquence des génotypes elle-même différente de la fréquence des caractères phénotypiques dans la population.

**Par exemple la fréquence du phénotype [A] est de
la fréquence du génotype (A//A) est
la fréquence de l'allèle A est de**

2.

On cherche à comprendre comment évoluent les fréquences alléliques et les fréquences génotypiques dans une population au cours du temps.

Le modèle de Hardy-Weinberg (=HW) suppose que dans une population « idéale » = dans laquelle les hypothèses ci-dessous sont respectées, **la fréquence de chaque allèle d'un gène et de chaque génotype est de génération en génération.**

Ce modèle est construit sur des hypothèses fortes :

- **une population de grande taille**
- **une absence de mutations**
- **une reproduction aléatoire des individus**
- **une absence de migration et de sélection naturelle** (les allèles ne modifient pas l'espérance de vie de l'individu).

Par exemple, si on suppose que la population française est à l'équilibre de HW pour les groupes sanguins (ce qui n'est pas tout à fait exact), si la fréquence de l'allèle A est aujourd'hui de 0,27 (=27%) elle restera de 0,27 de génération en génération. De la même façon si la fréquence du génotype (A//B) est aujourd'hui de 0,06 (=6%), elle restera de 0,06 de génération en génération.

Si on travaille avec la version la plus simple du modèle de HW, on considère un gène qui a uniquement deux allèles : l'allèle A, de fréquence p, l'allèle a, de fréquence q (avec $p+q=1$). Le modèle de HW prévoit donc que la fréquence p de l'allèle A gardera la même valeur chiffrée de génération en génération, tout comme la fréquence q de l'allèle a.

Il est en de même pour les fréquences génotypiques, que le modèle prévoit constantes de génération en génération.

Dans ce cas de figure simple (1 gène avec seulement 2 allèles), le modèle permet également d'estimer la fréquence de chaque génotype grâce à des formules (à connaître) :

Fréquences génotypiques :

$f(AA) =$

$f(Aa) =$

$f(aa) =$

Avec $p^2 + 2pq + q^2 = 1$

(/!\ A connaître)

3.

Démontrons les formules ci-dessus (ce qui vous permettra de les mémoriser !) :
 En considérant dans les cases grises la totalité des gamètes d'une génération (on raisonne ici à l'échelle de la population), on obtient ce tableau qui prévoit la fréquence des génotypes de la génération 2 :
 (On reprend l'exemple de la couleur des poulets vu précédemment, avec **fréquence allèle N = p** et **fréquence allèle B = q**)

		Gamète mâle (de la génération 1)	
		Allèle : Fréquence :	Allèle : Fréquence :
Gamète Femelle (de la génération 1)	Allèle : Fréquence :	Génotype : Fréquence du génotype :	Génotype : Fréquence du génotype :
	Allèle : Fréquence :	Génotype : Fréquence du génotype :	Génotype : Fréquence du génotype :

Génération 2

Fréquence des génotypes obtenus à la génération 2

On peut alors facilement démontrer que la fréquence de chaque allèle est restée constante, tout comme celle de chaque génotype.

- Soit N_t le nombre total de poulets à la génération 2.
- Le nombre de poulets qui possèdent le génotype (N//N) =
- Le nombre de poulets qui possèdent le génotype (N//B) =
- Le nombre de poulets qui possèdent le génotype (B//B) =

- Fréquence de l'allèle N (à la génération 2) :

- Fréquence de l'allèle B (à la génération 2) :

Basé sur des connaissances en probabilité simples, ce modèle prévoit un maintien des **fréquences alléliques** et **génotypiques** au cours du temps. On dit alors que la population est à l'équilibre d'Hardy-Weinberg.

B.

1.

En exercice, vous devez savoir déterminer si une population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg.

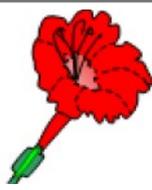
Voir fiche méthode et énoncés des exercices sur les pages suivantes

Application du cours – Hardy-Weinberg (remplir sur la fiche méthodologique)

Exploitez les données de ces deux exemples afin de dire si les populations sont à l'équilibre de HW. Dans le cas contraire, proposez une explication à l'écart observé.

Exemple 1 :

On considère des fleurs « Belle de nuit » dont la couleur est déterminée par un seul couple d'allèle, avec deux allèles A et B codominants. On échantillonne toutes les fleurs présentes dans une prairie, et on note leur couleur.

Phénotype	 [rouge]	 [rose]	 [blanc]
Genotype des individus	AA	AB	BB
Effectif	166	187	47

Exemple 2 :

On considère à présent une population de drosophiles (mouches du vinaigre) élevée en laboratoire, et repiquée dans un nouveau milieu à chaque génération. On s'intéresse à un gène qui contrôle la forme des ailes, il existe dans la population 2 allèles : l'allèle **vg+**, dominant responsable d'une aile sauvage, ainsi que l'allèle **vg-**, récessif, provoquant une aile raccourcie. La nourriture se situe en haut de la cage, il faut voler pour y parvenir. Les individus sont dénombrés et génotypés après 20 générations.

Phénotype	 [ailes sauvages]	 [Ailes sauvage]	 [Ailes vestigiales]
Genotype des individus	(vg+//vg+)	(vg+//vg-)	(vg-//vg-)
Effectif	200	220	5

Méthodologie : comment vérifier si une population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg ?

Pour un gène avec 2 allèles A et a, de fréquence allélique respectives p et q .

1. On mesure les effectifs des différents **génotypes** (en général, cela est donné).

Génotypes	AA	Aa	aa	Total
Effectifs	n_{AA}	n_{Aa}	n_{aa}	N

2. On calcule les fréquences alléliques à partir de ce tableau. Comme chaque individu est diploïde, le nombre total d'allèles équivaut à 2 fois le nombre d'individus.

$$p = \frac{(2n_{AA} + n_{Aa})}{2N} \quad \text{et} \quad q = 1 - p = \frac{(2n_{aa} + n_{Aa})}{2N}$$

3. En utilisant ces fréquences allélique calculées, on calcule les effectifs attendus si la population était l'équilibre de HW. Pour cela, on multiplie la fréquence de chaque génotype par l'effectif total.

Génotypes	AA	Aa	aa
Fréquence attendue si équilibre de HW	p^2	$2pq$	q^2
Effectifs attendus si équilibre de HW	p^2N	$2pqN$	q^2N

4. On compare ces effectifs attendus avec les effectifs observés (ceux du 1). Deux cas de figures se présentent :

-> **les données observées ≈ données attendues**
 -> la population est à l'équilibre de HW
 -> toutes les hypothèse initiales (voir cours) sont vérifiées

-> **les données observées ≠ données attendues**
 -> la population n'est pas à l'équilibre de HW
 -> Au moins une hypothèse n'est pas vérifiée
 (en général l'information est dans un document !)

Ex 1 : Les belles de nuits

Phénotype	 [rouge]	 [rose]	 [blanc]
Genotype des individus	AA	AB	BB
Effectif	166	187	47

p=

q=

Génotypes	AA	AB	BB
Fréquence attendue si équilibre de HW			
Effectifs attendus si équilibre de HW			

Conclusion :

Ex 2 : Les drosophiles

Phénotype	 [ailes sauvages]	 [Ailes sauvage]	 [Ailes vestigiales]
Genotype des individus	(vg+//vg+)	(vg+//vg-)	(vg-//vg-)
Effectif	200	220	5

p=

q=

Génotypes	(vg+ //vg+)	(vg+ //vg-)	(vg- //vg-)
Fréquence attendue si équilibre de HW			
Effectifs attendus si équilibre de HW			

Conclusion :

Remarque : Il n'est pas possible d'obtenir parfaitement les mêmes valeurs. En recherche, on réalise un test statistique afin de dire si les différences sont significatives ou non. Vous n'aurez que des résultats sans ambiguïté.

Variante : Parfois il vous sera donné directement la fréquence des génotypes dans la population, sans vous donner l'effectif total.

Exemple : la fréquence des malades atteints par la mucosvisidose (a//a) est de 1/3500

On en déduit alors que

$$f(aa) = q^2 = 1/3500$$

$$q = \sqrt{1/3500} \quad \text{or } p+q = 1$$

$$\Rightarrow p = 1 - \sqrt{1/3500}$$

2.

La plupart du temps, les populations ne sont pas à l'équilibre de HW. Cet **écart** est observé à partir du moment où l'une des hypothèses de départ du modèle n'est plus respectée.

- Si la population est petite, alors la **dérive génétique** devient importante (cf III)
- L'apparition de nouvelles **mutations** modifie la fréquence des allèles et donc leur probabilité de transmission, il en est de mêmes des **flux migratoires**
- Si certains allèles permettent d'être plus choisis lors de la reproduction (**sélection sexuelle**) leur probabilité de transmission augmente, il en est de même pour les allèles qui augmentent l'espérance de vie de l'individu les portant (**sélection naturelle**).

Définitions :

- : groupe d'individus appartenant à une même espèce, vivant dans un même lieu et pouvant potentiellement se produire entre eux
- **Modèle de Hardy Weinberg** (= HW) : Modèle mathématique qui prédit la d'une population sous certaines hypothèses (voir ci dessous).
- **Allèle** : d'un gène. Les allèles diffèrent par leur séquence nucléotidique.
- **Fréquence** : Fréquence d'un allèle par rapport aux autres allèles du même gène dans une population.
- **Génotype** : Ensemble des allèles portés par un individu. On le limitera ici aux allèles du gène étudié. Si l'individu a 2 allèles identiques, on dit qu'il est pour ce gène. Si les allèles sont différents, on dit qu'il est
- **Fréquence génotypique** : occurrence d'un génotype donné (..... d'allèle) par rapport au nombre d'individus
- **Sélection naturelle** : force évolutive qui favorise la transmission de certains allèles dans un environnement donné : un allèle qui confère un avantage voit sa fréquence
- **Dérive génétique** : Variation aléatoire de la des allèles au cours des générations. Elle est plus importante dans les populations.

III.

Définitions :

- : Morcellement d'un écosystème, qui aboutit à la séparation d'une population en deux (les deux populations ne peuvent alors plus échanger d'allèles entre elles par absence de reproduction).

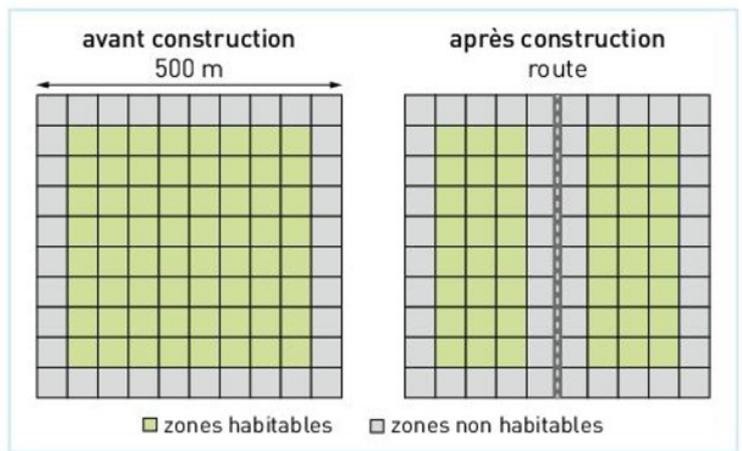
Les **activités humaines** ont de nombreuses conséquences sur la **biodiversité**. Elles modifient globalement le climat (voir thème 1), et modifient de ce fait les écosystèmes en provoquant la disparition de certaines espèces.

Document 2 p 200 : conséquences de la fragmentation sur une population de crapauds

Actuellement, 70 % de la forêt mondiale se trouve à moins de 1 km de la lisière à cause de la fragmentation. De nombreuses espèces d'animaux et de végétaux ne peuvent pas vivre à proximité de la lisière car les conditions de vie y sont différentes (insolation, vents, écarts thermiques...) : c'est l'effet lisière.

Il est possible de simuler l'effet de la fragmentation d'une forêt, suite à la construction d'une route (schéma ci-dessous), sur une espèce de crapaud incapable de vivre à moins de 50 m de la lisière.

Densité maximale de crapauds = 400 individus /km²



Impact de la construction d'une route sur la surface habitable par le crapaud.

	Avant construction	Avec une route	Avec 2 routes perpendiculaires
Nombre de zones habitables	1		
Surface habitable (km ²)			
Effectif maximum de crapauds			
% relatif	100 %		

+ Doc 1 p 200 . Quelles sont les conséquences de la fragmentation ?

.....

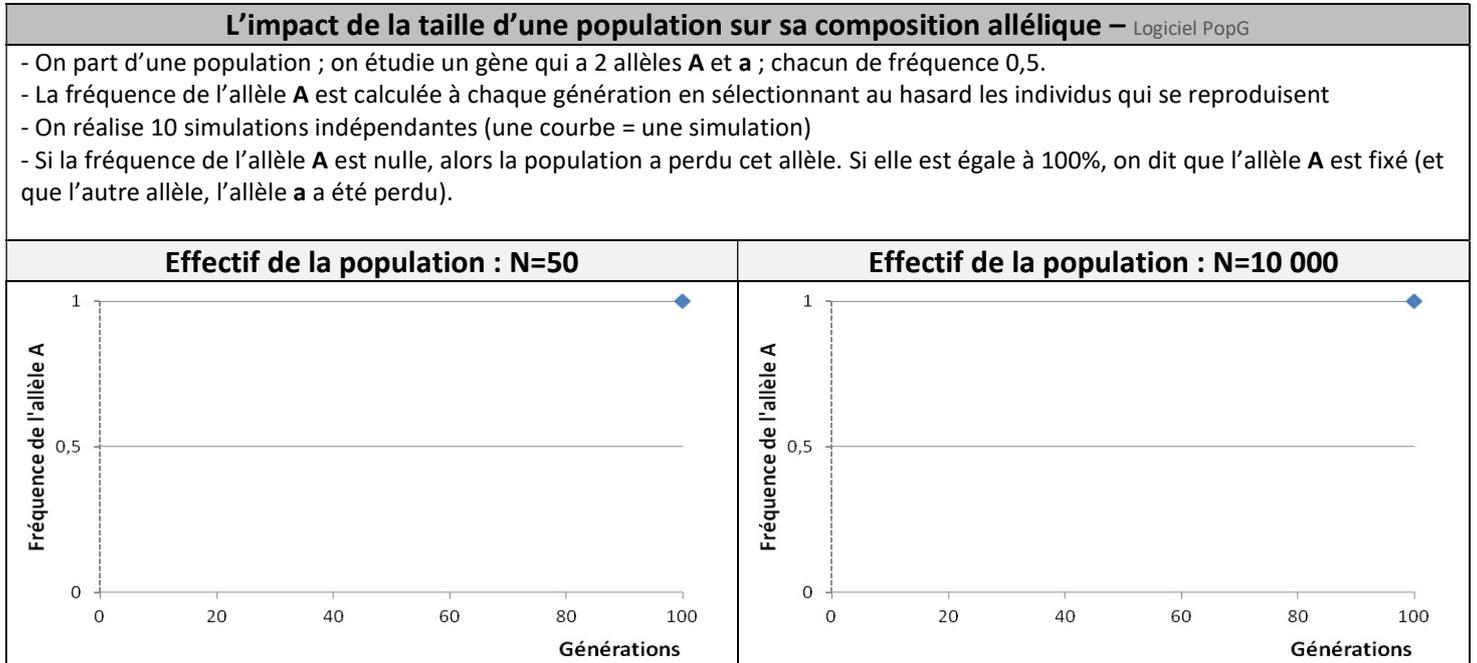
.....

.....

.....

Par son action l'Homme réduit l'espace de vie des populations : déforestation, construction de routes infranchissables, agriculture ... Ceci provoque la des populations. Or la d'une population est d'autant plus faible que sa surface habitable est petite. Ainsi il y a aura moins d'individus dans 10 espaces isolés de 1 km² chacun que dans un grand espace unique de 10 km². **La fragmentation diminue donc l'..... des espèces impactées.**

De plus on constate que les populations de petite taille sont fragilisées, ce qu'on peut modéliser :



Que prouvent ces simulations ?.....

Dans une population de **taille**, la fréquence des allèles évolue **rapidement** : en un nombre de générations relativement faible un allèle peut et donc un autre peut être **fixé**. On dit que **les effets de la dérive génétique sont marqués dans les populations de petite taille.**

Dans une grande population, la dérive génétique existe, puisque les allèles sont transmis au hasard de génération en génération, mais ses effets sont peu visibles : les allèles se maintiennent le plus souvent.

Ainsi, dans une petite population, la dérive génétique provoque la **diminution de la diversité génétique** de la population (puisque des allèles disparaissent). Or une population ayant une faible diversité génétique sera plus **vulnérable** en cas de modifications de l'environnement, d'apparition d'une maladie, etc... puisqu'elle aura moins de chances de posséder un allèle avantageux lui permettant de résister à cette modification d'environnement.

En plus de diminuer la surface habitable, la **fragmentation de l'habitat** divise donc les populations en petits groupes dont les individus ne peuvent plus se reproduire entre eux. La **dérive génétique** s'exerce alors fortement, diminuant la diversité génétique des petites populations et rendant chacune d'entre elles plus **vulnérable**.

L'Homme peut limiter son impact en mettant en place des **écologiques** qui permettent de relier des réservoirs de biodiversité (haies, crapauducs, îlots...).

NOM : Prénom : Classe :	<h2 style="margin: 0;">TD : Décrire la biodiversité</h2>	Travail en binôme Durée : 40 min
-------------------------------	--	-------------------------------------

On souhaite caractériser l'**effectif** et la **fréquence** d'un caractère dans une population animale, ici modélisée par des haricots de couleurs différentes.

Partie A : Estimation de la taille de la population

 On ne tient pas compte de la couleur des haricots dans cette partie

Protocole

- Tirez 8 haricots de l'enveloppe, et marquez-les à l'aide d'une croix avec le marqueur sur les deux faces
- !! ne sortez pas tous les haricots (l'effectif total doit rester inconnu)
- Replacez les haricots dans l'enveloppe - mélangez
- Piochez 5 haricots au hasard, et comptez le nombre de haricots **marqués** parmi eux. Remplissez la valeur dans la 3^{ème} ligne du tableau
- Replacez les haricots piochés dans l'enveloppe, mélangez à nouveau, et procédez à un nouveau tirage/comptage de 5 individus.
- Répétez l'étape précédente avec 2 tirages de 20 haricots
- Complétez la 4^{ème} ligne en vous aidant si besoin du cours pour estimer l'effectif de la population totale.

Nombre d'individus marqués lors de la capture	8	8	8	8
Nombre total d'individus recapturés	5	5	20	20
Nombre d'individus marqués parmi les individus recapturés				
Estimation de l'effectif total				

Vous pouvez à présent sortir toutes les graines et les compter, cela correspond à l'**effectif réel** =
 (auquel les biologistes n'ont pas accès)

Décrivez vos résultats. Proposez des limites à cette méthode et justifiez l'intérêt de recapturer un grand nombre d'individus :

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

