Chapitre 3-1 : La biodiversité et son évolution

Activité 3-1 : Le recensement de la biodiversité d’un écosystème

Problématique : *Comment étudier la biodiversité d’un écosystème ?*

Définitions :

- Recenser = faire l’inventaire, nommer et compter.

- Biodiversité = ensemble des organismes et des végétaux qui vivent dans un écosystème.

- Ecosystème = ensemble d’êtres vivants qui vivent au sein d’un milieu ou d’un environnement spécifique et qui interagissent entre eux au sein de ce milieu et avec ce milieu.

- Biodiversité spécifique[[1]](#footnote-1)= diversité des espèces vivantes présentes dans un milieu, dans un écosystème.

- Richesse spécifique = nombre d’espèces différentes dans l’écosystème étudié.

- Population = ensemble d’individus de la même espèce, occupant une même aire géographique, à un moment donné, et se reproduisant entre eux.

- L’abondance d’une population = nombre d’individus de cette population.

- Echantillon = une fraction ou un groupe d’individus, représentatif d’un ensemble plus grand.

1) Proposer une stratégie

On identifie et on compte les différentes espèces (la richesse spécifique) de l’écosystème en question. Pour chaque espèce donnée on compte le nombre d’individus présents (l’abondance).

Quand l’écosystème est trop grand et qu’on ne peut pas l’étudier intégralement, l’on fait des échantillonnages.

Chez une espèce donnée, les chercheurs peuvent identifier les différences entre les individus, en étudiant la diversité génétique d’une population, en effet, même si à l’intérieur d’une même espèce, tous les individus ont les mêmes gênes (c’est pour ça qu’ils se ressemblent et qu’ils peuvent se reproduire entre eux), ils n’ont pas pour autant les mêmes allèles (c’est pour ça qu’ils présentent des caractéristiques phénotypiques uniques). Le polymorphisme génétique et la multiplicité des combinaisons d’allèles possibles qui en découle, sont donc les causes des différences individuelles au sein d’une population.

2) Résultats de l’expérience

On observe que certaines espèces sont présentes dans toutes les mers et océans, mais dans des proportions très différentes. Par exemple, *raphid*, (une espèce de diatomée) est très présente dans le Pacifique (entre 50 et 90%), alors qu’elle est très peu présente dans l’Atlantique (entre 5 et 10%). La richesse spécifique n’est pas le seul critère à prendre en compte pour décrire un écosystème, il faut également prendre en compte le critère de l’abondance. Certaines espèces sont absentes de certains écosystèmes marins.

*Comment expliquer ces différences d’abondance observée ?*

On peut penser que ce sont les conditions physico-chimiques qui sont différentes (température et salinité), qui sont responsables des différences d’abondance observée.

Bilan de l’activité 1 :

Il existe sur Terre un grand nombre d’espèces dont seule une faible proportion est connue. La biodiversité se mesure par des techniques d’échantillonnage (spécimens ou ADN) qui permettent d’estimer le nombre d’espèces (richesse spécifique) dans différents écosystèmes. 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 plus vaste à partir d’échantillonnage. L’échantillonnage d’individus dans un milieu permet leur observation et leur identification directe en se basant par exemple sur des critères morphologiques (Ex. : grâce à une clé de détermination). Toutes ces espèces se distinguent également par leur ADN. De nouvelles techniques permettent ainsi d’utiliser l’ADN prélevé dans un milieu (ADNe ou ADN environnemental), de le séquencer (on étudie la suite caractéristique de nucléotides) et d’identifier l’espèce correspondante par comparaison avec les ADN de la banque de données (Ex. : technique du barcoding) et ce même en l’absence d’observation directe de l’espèce. L’estimation de l’abondance peut être issue d’un comptage direct des individus, ou indirect (par des indices de leur présence/ galeries, empreintes, excréments…) ou encore du nombre d’exemplaires de séquences d’ADNe. Les différences de biodiversité peuvent s’expliquer par les conditions physico-chimiques des écosystèmes différentes.

Mots-clé / Notions-clés : écosystème, espèce, taxon, biodiversité spécifique, richesse spécifique, population, abondance, échantillon, barcoding moléculaire

Rappel sur l’ADN :

Structure de l’ADN : voir polycopié

Mutations génétiques :

Les mutations sont des changements dans la séquence ADN. Il existe trois types de mutations génétiques :

* Les mutations par suppression
* Les mutations par addition
* Les mutations par substitution (changement de nucléotides)

Définitions :

Séquence d’ADN : enchaînement précis de nucléotides / de bases azotées.

Barcoding : le *barcoding* moléculaire consiste à identifier une espèce, en comparant une courte séquence de son ADN à toutes les séquences connues d’ADN qui sont rassemblées dans une banque de données. Le *barcoding* permet de déterminer à quelle espèce appartient un échantillon à priori inconnu.

Séquencer l’ADN : séquence l’ADN, c’est déterminer l’enchaînement des nucléotides de l’ADN.

Activité 3-1-2 : Estimer l’abondance d’une population par échantillonnage et la proportion d’un caractère dans une population

*Comment quantifier une population à partir d’échantillons ?*

1) Mise en œuvre de la modélisation analogique de la technique de capture-marquage-recapture (CMR)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Essai | Nombre de jetons recapturés (R) | Nombre jetons marqués parmi les recapturés (m) | Estimation du nombre de jetons total dans le sac (N) |
| 1 | 10 | 4 | N1 = = 50 |
| 2 | 10 | 4 | N2 = 50 |
| 3 | 10 | 3 | N3 = 67 |
| 4 | 10 | 7 | N4 = 59 |
| 5 | 10 | 6 | N5 = 33 |
| 6 | 10 | 5 | N6 = 40 |
| 7 | 10 | 3 | N7 = 67 |
| 8 | 10 | 4 | N8 = 50 |
| 9 | 10 | 4 | N9 = 50 |
| 10 | 10 | 4 | N10 = 50 |

Nmoyenne = 49 jetons. Il y aurait, selon notre estimation, 49 jetons dans le sac.

D’après ce tableau et en sachant que :

M = le nombre d’individus / jetons capturés et marqués initialement.

On peut déduire que :

N x m = M x R

Et donc que :

N =

Cette formule n’est valable que si l’on présuppose que la proportion[[2]](#footnote-2) de jetons marqués dans la population recapturée est identique à la *proportion* de jetons marqués dans la population générale.

Remarque sur les variations :

« n » varie selon l’échantillon de l’essai, cette variable est donc soumise à la fluctuation d’échantillonnage.

Calcul de l’intervalle de confiance :

Pour mesurer l’incertitude des résultats et se rapprocher de la valeur réelle, il nous faut évaluer un intervalle de confiance. Cet intervalle s’obtient en employant la formule suivante :

IC =  ; avec « n » étant l’effectif de l’échantillon.

En l’occurrence, l’intervalle de confiance (IC) est . Par conséquent, il peut y avoir 41 % de mâles comme 78%. Avec un niveau de confiance de 95%, on ne peut pas affirmer qu’il y a plus de mâles que de femelles.

Pour mesurer la variation de l’intervalle de confiance en fonction de la taille de l’échantillon, on réalise une seconde expérience.

Pour un échantillon de 120 individus, on obtient le calcul suivant pour un niveau de confiance de 95% :

IC =

IC =

IC =

IC =

A partir d’un seul échantillon, la proportion de la population qui porte le caractère étudié peut être estimée avec un intervalle de confiance. Celui-ci donne un encadrement de la valeur obtenue. L’intervalle de confiance est toujours associé à un niveau de confiance sous forme de pourcentages (Exemple : 95% de niveau de confiance).

Pour un niveau de confiance de 95% :

IC =

De plus, l’intervalle de confiance se réduit, se rétrécit, à mesure que l’effectif de l’échantillon, « n », est grand.

Bilan sur la CMR :

La méthode de capture-marquage-recapture, permet une estimation ponctuelle de l’effectif d’une population (l’abondance de celle-ci), en se basant sur le principe de proportionnalité. D’après cette méthode nous pouvons déduire que : N =  ; avec « M », le nombre de marqués initialement ; « N », l’effectif de la population ; « R », le nombre de jetons recapturés ; et « m », le nombre de jetons marqués parmi les recapturés.

On peut observer que les résultats obtenus ne sont pas identiques pour les différents échantillons : c’est ce que l’on appelle la fluctuation d’échantillonnage. Quand la taille de l’échantillon augmente, la fluctuation diminue. Enfin, cette méthode repose sur un certain nombre d’hypothèses :

- la mortalité, l’immigration, et l’émigration d’individus doivent être négligeables entre deux captures.

- les méthodes de capture doivent reproductibles à l’identique.

- le marquage ne doit pas affecter ni la probabilité de survie, ni la probabilité de capture de l’animal.

- le marquage doit être permanent.

Activité 3-1-3 : La structure génétique d’une population

Problématique : *Comment décrire la structure génétique d’une population ?*

Définitions :

- Allèle : un allèle est une version particulière d’un même gène, créé par mutation.

- Génotype : le génotype d’un individu, c’est l’ensemble des allèles de celui-ci.

- Génome : le génome d’un individu, c’est l’ensemble de ses gènes.

Au sein d’une même espèce, les différents individus qui y appartiennent ont le même génome, mais pas le même génotype.

Pour décrire la structure génétique d’une population, on peut calculer :

- Les fréquences alléliques (fréquences de chaque allèle au sein d’une population).

- Les fréquences génotypiques (fréquences de chaque génotype au sein d’une population).

Tout comme les êtres vivants qui les composent, les populations sont soumises à l’évolution. Pour pouvoir mettre en évidence cette évolution, il faut disposer d’une « référence », d’un modèle de population théorique qui n’évolue pas.

1) Construction de la population théorique de départ :

On représente une population théorique de 10 individus. Chaque individu est représenté par un rectangle. Un extrait du caryotype est aussi représenté : la paire de chromosomes portant les deux allèles, A1 et A2 d’un gène A. Chaque individu est donc ici représenté par deux chromosomes.

1-1) Calcul des fréquences alléliques et des fréquences génotypiques à partir de la population théorique de départ :

Pour vérifier si : f A1 = f A1/A1 + f A1/A2, on établit le tableau suivant :

|  |  |
| --- | --- |
| Fréquences alléliques | |
| f A1 | 0.45 (45%) |
| f A2 | 0.55 (55%) |
| Fréquences génotypiques | |
| f A1 // A1 | 0.20 (20%) |
| f A2 // A2 | 0.50 (50%) |
| f A1 // A2 | 0.30 (30%) |

Pour étudier la structure génétique d’une population, il faudra la comparer à une autre population, « témoin », théorique, qui elle n’évolue pas. Non seulement cette population théorique est dotée d’un effectif infini, mais elle n’est également ni affectée par les mutations, ni par l’apparition de nouveaux allèles, ni par la sélection naturelle, ni par les migrations. En outre, dans ce modèle, la reproduction des individus se fait au hasard. Dans ces conditions et dans ces conditions seulement, on peut appliquer certaines lois mathématiques : c’est le modèle de Hardy-Weinberg.

1-2) On considère une population à très grand effectif (infini), non affectée par les mutations, ni par la sélection naturelle, ni par des migrations et dans laquelle les individus se reproduisent au hasard.

Selon le modèle théorique de Hardy-Weinberg :

On considère un gène possédant deux allèles A et a avec :

* Fréquence de l’allèle A : f de A = p

Et

* Fréquence de l’allèle a : f de a = q

On a : p + q = 1 (100%)

1-2-1) Calculer alors les fréquences génotypiques des futurs individus à partir de celles des gamètes dont ils sont issus :

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | A (p) | a (q) |
| A (p) | A //A | P x q (A//a) |
| a (qà | A//a (Pxq) | q2 (a//a) |

(voir la suite sur les tableaux du polycopié)

Bilan de l’étude du modèle théorique :

Pour une population théorique fermée, sans mutations, d’un grand effectif, sans forces évolutives (sélection naturelle…), et avec une reproduction aléatoire des individus (panmixie), on prédit que la structure génétique de cette population est stable de générations en générations, c’est l’équilibre de Hardy-Weinberg.

Pour un gène possédant deux allèle, « A » et « a » :

- f (A) = p

- f (a) = q

- p+q = 1

On a : f(A) = f(AA) + f(Aa)

f(a) = f(aa) + f (Aa)

Dans la population théorique, la fréquence des allèles reste constante au fil des générations et la fréquence des génotypes reste constante au fil des générations. Ainsi, on a (uniquement pour la population théorique) :

f(AA) = p2

f(Aa) = 2pq

f(aa) = q2

Ainsi, c’est l’absence d’évolution des fréquences alléliques qui permet de dire qu’une population ne subit pas de forces évolutives (équilibre de Hardy-Weindberg). Donc, lorsqu’une population se trouve dans des conditions proches de ce modèle, on prédit que sa structure génétique ne variera pas au cours du temps.

Partie 2 : Application de la théorie

2-1) Proposer une stratégie :

Si la population étudiée est soumise à des forces évolutives, alors la structure génétique de la population va changer. A contrario, si la population ne subit aucune force évolutive, la fréquence des allèles restera la même d’une génération à l’autre (modèle d’Hardy-Weindberg).

2-2) Protocole :

Ainsi, pour vérifier si la population évolue, il nous faut réaliser un premier prélèvement dans la population à un instant T1 puis réaliser un second prélèvement quelques temps plus tard (à un instant T2). En l’occurrence, l’écart temporel minimum entre deux prélèvements de daphnies, doit être supérieur à 10 jours.

2-3 Résultats :

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| Dates de récolte | Effectifs échantillons | f F//F | f F//S | F S//S |
| 17/5/1982 | 97 | 0.371 | 0.474 | 0.155 |
| 27/7/1982 | 186 | 0.382 | 0.462 | 0.156 |

2-4) Exploiter ces résultats pour préciser si cette population de crustacés est soumise à des forces évolutives.

1. On établit le modèle théorique de référence :

On considère un modèle théorique qui considère l’existence d’un 1gène avec deux allèles différents : F et s.

On considère les fréquences alléliques suivantes : fF = p et fS = q

fFF = p2

fSS = q2

fFS = 2pq

2. On calcule les fréquences alléliques à partir des résultats des prélèvements de l’expérience :

a) Les fréquences obtenues à partir des prélèvements de mai :

fF = 0.371 + x 0.474 = 0.608 = pmai

fS = 0.155 + x 0.474 = 0.392 = qmai

b) Les fréquences alléliques obtenues à partir des prélèvements de juillet :

fF = 0.382 + x 0.462 = 0.613 = pjuillet

fS = 0.156 + x 0.462 = 0.387 = qjuillet

3. Calcul des fréquences génotypiques calculées prédites si la population suit les conditions du modèle de Hardy-Weinberg :

fFFmai = pmai2 = (0.608)2 = 0.370

fSSmai = (0.392)2 = 0.153

fFSmai = 2pqmai = 2 x 0.608 x 0.392 = 0.477

fFFjuillet = pjuillet2 = 0.6132 = 0.376

fSSjuillet = qjuillet2 = 0.3872 = 0.150

fFSjuillet = 2pqjuillet = 2 x 0.613 x 0.387 = 0.474

Remarque :

Dans un premier temps, on calcule les fréquences alléliques pour chaque prélèvement, et dans un second temps, on calcule les fréquences génotypiques (combinaisons d’allèles) pour chaque prélèvement.

4. Comparaison des valeurs théoriques et des valeurs réelles :

En comparant les résultats réels avec les valeurs calculées prédites par le modèle de Hardy-Weinberg, on observe que les valeurs sont très proches. Par conséquent, nous n’avons pas pu mettre en évidence de forces évolutives, pouvant faire évoluer significativement la population de crustacés. (Il ne faut pas dire qu’il n’y a pas de forces évolutives, il faut simplement dire que pour peu qu’elles existent, elle ne se sont pas manifestées de façon significatives.

Activité 3-1-4 : Les forces évolutives

*Quelles sont les forces évolutives pouvant affecter la structure génétique des populations ?*

Introduction :

Dans le modèle de Hardy-Weinberg, les populations sont génétiquement stables d’une génération à l’autre. Dans la réalité, c’est rarement le cas. Il existe donc des forces qui font varier la structure génétique des populations : les forces évolutives. La structure génétique d’une population est décrite par les fréquences alléliques et par les fréquences génotypiques.

Partie 1 : L’impact des mutations

Définition :

Une mutation est une modification aléatoire de la séquence en nucléotides de l’ADN pouvant créer un nouvel allèle transmis à la génération suivante si cette mutation touche les cellules sexuelles.

1-1) Mise en œuvre d’un protocole : modélisation numérique de l’évolution de fréquences alléliques pour un taux de mutation donné

Cas n°1 : Taux de mutation = 1% et nombre de générations = 200

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Générations | fA (en %) | fa (en %) |
| 0 | 100.00 | 0.00 |
| 1 | 99.00 | 1.00 |
| 2 | 98.01 | 1.99 |
| 3 | 97.03 | 2.97 |
| … | … | … |
| 200 | 13.40 | 86.60 |

Cas n°2 : Taux de mutation = 0.01% (taux proche de celui rencontré dans le réel) et nombre de générations = 200

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Générations | fA (en%) | fa (en%) |
| 0 | 100 | 0 |
| 1 | 99.99 | 0.0100 |
| 2 | 99.98 | 0.0199 |
| 3 |  |  |
| … | … | … |
| 200 | 98.02 | 1.98 |

Conclusion :

Dans la réalité, l’impact des mutations est réel mais reste trop faible pour faire varier significativement la structure génétique de la population.

Partie 2 : L’impact de la sélection naturelle.

Chez la drosophile, le gène vg participe au contrôle de la longueur des ailes.

On a :

* Allèle sauvage dominant : vg+
* Allèle muté récessif : vg-

Les drosophiles ayant l’allèle vg- à l’état homozygote sont dotées d’ailes atrophiées (on dit vestigiales) et ne peuvent pas voler.

2-1) Protocole :

Ils ont réalisé un élevage dans lequel la fréquence initiale des allèles vg+ et vg- est identique (50%, 50%). Le dispositif d’accès à la nourriture est difficile pour les drosophiles ne pouvant pas voler.

Des échantillonnages sont réalisés durant plusieurs semaines et on détermine les fréquences des allèles vg+ et vg-.

2-2) Résultats :

2-3) Exploiter ces résultats :

On observe qu’en partant d’une fréquence de 50%, on arrive au bout d’un an à une fréquence avoisinant les 0% pour l’allèle vg-. La structure génétique de la population a donc considérablement changé en un an. Les mouches qui ont l’allèle vg- à l’état homozygote ont des petites ailes et ne peuvent pas se nourrir, elles meurent donc avant de pouvoir se reproduire et ne peuvent pas transmettre leurs allèles. Sous la pression des forces évolutives, l’allèle désavantageux, délétère va progressivement disparaître.

La sélection naturelle est donc une force évolutive qui fait significativement changer la structure génétique d’une population, en favorisant la reproduction des individus les mieux adaptés à leur environnement. Les allèles favorisants verront quant à eux leur fréquence augmenter, faisant ainsi varier la structure génétique de la population.

La sélection sexuelle est un cas de sélection naturelle.

Partie 3 : L’impact de la dérive génétique

Rappel :

Une modélisation en science est une représentation simplifiée de la réalité, suffisamment fiable, suffisamment juste pour permettre la vérification d’une connaissance établie à priori (une hypothèse).

La dérive génétique est une variation aléatoire des fréquences alléliques au cours des générations.

La dérive génétique fait varier les proportions des allèles au sein d’une population, et c’est le simple fruit du hasard.

La dérive génétique est plus marquée dans les petites populations et elle peut entraîner la disparition d’allèles.

Bilan :

Dans le modèle de Hardy-Weinberg, les populations sont génétiquement stables d’une génération à l’autre. Dans la réalité, cela est rarement observé : les fréquences alléliques varient du fait des forces évolutives qui expliquent l’écart avec l’équilibre prédit par le modèle de Hardy-Weinberg.

Les mutations font apparaître de nouveaux allèles modifiant l’équilibre de Hardy-Weinberg, et enrichissent la biodiversité. Toutefois, du fait de leur rareté, leur impact demeure modeste.

Si un caractère héréditaire confère un avantage reproductif, la fréquence de l’allèle correspondant à ce caractère va augmenter avec le temps dans la population. C’est la sélection naturelle. Si l’avantage concerne l’accès aux partenaires sexuels, on parle de sélection sexuelle.

Dans une population finie, la fréquence des caractères et des allèles correspondants peut varier, et c’est le simple fruit du hasard : c’est la dérive génétique aléatoire. Cette dernière conduit à l’appauvrissement génétique, car certains allèles peuvent disparaître et d’autres s’imposer. Plus l’effectif de la population est faible, plus la dérive est rapide.

Si la population est l’objet de forces évolutives (mutations, sélection naturelle et dérive génétique), alors sa structure génétique évolue avec le temps.

Activité 3-1-5 : Impact des activités humaines sur la biodiversité

*Quels sont les impacts des activités humaines sur la biodiversité et comment gérer durablement un écosystème ?*

Partie 1 : Impacts des activités humaines sur la biodiversité ; l’exemple de la fragmentation des habitats

Définition de la fragmentation :

De nombreuses activités humaines comme la déforestation, l’agriculture ou la construction d’infrastructures nécessitent de découper un espace en plusieurs petits espaces : c’est la fragmentation.

1-1) Modélisation géométrique de la fragmentation :

(De nombreux animaux ne peuvent pas vivre à la lisière : insolation, vents, écarts thermiques…)

1-2) Exploiter la modélisation géométrique et les données ci-après pour présenter les conséquences de la fragmentation d’un habitant.

Données de départ :

Densité maximale de la population concernée : 400 individus / km2

10 carreaux correspondent à 500m

Calcul de la surface totale étudiée et de l’effectif de la population / fragment :

Si la surface de la zone étudiée possède la forme d’un carré :

On a : surface totale de la zone étudiée = 500 x 500 = 250 000 m2.   
Avec : 400 individus / km2 et sachant que : 1km2 = 1x106 m2

Alors :

64 carreaux x 2500 m2 = 160 000 m2

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Nombre de fragments | Surface forestière totale / fragment (en m2) | Effectif de la population / fragment |
| 1 | 250 000 | 64 individus |
| 2 | 125 000 | 24 individus par fragment (48 au total) |

La taille de la route est négligeable en termes de surface occupée, mais la construction de la route a tout de même un impact sur l’effet lisière, puisque cette dernière coupe la forêt en deux. Cette scission de la forêt accentue l’effet lisière en augmentant la surface non habitable pour les espèces de l’éco système forestier.

Bilan :

L’homme par ses actions, peut avoir un impact négatif sur la biodiversité, par exemple, la fragmentation de l’habitat réduit l’effectif d’une population, au risque de la faire disparaître. Dans une perspective plus raisonnable, l’effet lisière peut provoquer la diminution de l’abondance d’une population, voire la diminution de la richesse spécifique d’un écosystème (si une espèce vient à disparaître à cause de la fragmentation de l’habitat). S’il existe une perte de connectivité entre les deux fragments, alors, il peut y avoir une accentuation de la dérive génétique, puisque cette dernière est plus forte dans les petites populations. La diminution de la diversité allélique, génotypique d’une population, la rend plus vulnérable aux variations environnementales, en effet, les avantages évolutifs associés à certains allèles sont toujours relatifs aux exigences de la sélection naturelle. Ainsi, un même allèle peut, selon la nature de l’environnement dans lequel évolue l’individu qui le porte, s’avérer plus ou moins favorisant sur le plan évolutif. Par exemple, le pelage blanc des lapins de l’Himalaya leur permet de leurrer les prédateurs dans les paysages enneigés, tandis qu’il trahit plutôt ces mêmes lapins dans des écosystèmes forestiers européens, dont les couleurs dominantes contrastent complétement avec le blanc du pelage.

Depuis 1970, la population de vertébrés a considérablement diminué (58% des vertébrés).

Partie 2 : Gérer durablement la biodiversité

2) A l’aide de vos connaissances et du site suivant « notre-environnement.gouv.fr » compléter le schéma suivant :

(voir poly)

1. Le qualificatif « spécifique » fait ici référence aux espèces, et non à la notion de spécificité [↑](#footnote-ref-1)
2. pas le nombre ! [↑](#footnote-ref-2)