

Biodiversité et évolution – Fiche de cours

1. Mesure de la biodiversité

a. Quantifier la biodiversité

L'inventaire de la biodiversité consiste à évaluer :

- la richesse spécifique : on estime à 2 millions le nombre d'espèces connues alors qu'il en existe 10 millions
- l'abondance ou effectif d'une population
- l'abondance relative des différents groupes



b. Méthodes de mesure

- quadrats ou transects : surface carrée au sol dans laquelle on réalise un relevé exhaustif des espèces présentes
- dragage et aspiration sous-marine : collecter des échantillons d'espèces marines
- barcoding : identifier des espèces selon leur code ADN

c. Méthode Capture – Marquage – Recapture

- Etape 1 : on capture M espèces biologiques de même nature dans une population à N éléments inconnus
- Etape 2 : on marque les M espèces biologiques (bague, marque de couleur, transpondeur) et on les relâche dans leur milieu
- Etape 3 : on réalise une nouvelle capture lors d'un échantillon de taille n et on mesure le nombre m d'espèces marquées

Par proportionnalité on estime $N = \frac{n}{m} \cdot M$

c. Intervalle de confiance

A partir d'un échantillon de taille n, on mesure une fréquence f et il est possible d'évaluer une fréquence F ou une proportion dans une population de taille N avec une incertitude (ou erreur)

L'intervalle de confiance donne un encadrement de la fréquence estimée dans la population

$$F \in \left[f - \frac{1}{\sqrt{n}}, f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right] \text{ au risque d'erreur de 5 \%}$$

2. Modèle de Hardy-Weinberg

a. Hypothèses du modèle mathématique

- les mâles s'accouplent au hasard avec les femelles
- la population est de grande taille
- les cellules étudiée doivent être diploïdes (paires de chromosomes identiques)
- absence de forces évolutives (migration, dérive génétique, mutation ou sélection naturelle)

b. Fréquences alléniques et fréquences génotypiques

- allèles : formes différentes d'un gène
- génotype : composition en allèles

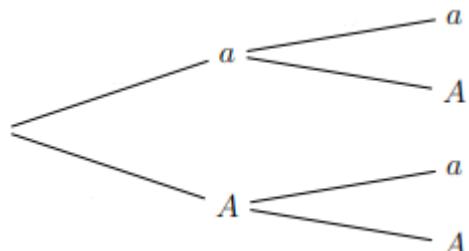
Soit un gène qui peut prendre les 2 formes A et a ; les 3 génotypes possibles sont A//A, A//a et a//a

	<i>c₂</i>	A	a
<i>c₁</i>			
A		AA	Aa
a		aA	aa

$$f(A) = f(A//A) + \frac{f(a//A)}{2} \quad ; \quad f(a) = f(a//a) + \frac{f(a//A)}{2}$$

b. Evolution sur plusieurs générations

On s'intéresse à l'évolution génotypique sur plusieurs générations



$$f(A//A) = f^2(A) \quad ; \quad f(A//a) = 2f(A) \cdot f(a) \quad ; \quad f(a//a) = f^2(a)$$

c. Ecart par rapport au modèle

Lorsque l'on observe des écarts entre les fréquences observées et les fréquences attendues par le modèle de Hardy-Weinberg, cela est du à des forces évolutives qui font varier les fréquences génotypiques

Les principales forces évolutives sont :

- dérive génétique : des allèles peuvent disparaître au cours des générations
- sélection naturelle : les individus les plus aptes à survivre peuvent influencer les fréquences alléniques des générations futures
- mutation génétique : des mutations aléatoires d'allèles peuvent apparaître et être transmises aux générations futures
- migration

3. Impact de l'activité humaine

a. Présentation

Certaines activités humaines ont des conséquences néfastes sur la biodiversité pouvant conduire à l'extinction d'espèces : pollution, changement climatique, surexploitation

b. Fragmentation des habitats

Les constructions, champs et routes modifient les habitats et réduisent la surface disponible pour les espèces

c. Appauvrissement de la diversité énergétique

Les populations fragmentées sont en plus petit effectif, ce qui augmente la dérive génétique et diminue la diversité génétique

d. Mesures de préservation de la biodiversité

Des mesures de gestion durables de la biodiversité (réservoirs, corridors écologiques, données scientifiques permettent de limiter la fragmentation des habitats)