

## Chapitre 1 : La biodiversité et son évolution

### Introduction

La Terre est habitée par une grande diversité d'êtres vivants. Cette biodiversité est dynamique et issue d'une longue histoire dont l'espèce humaine fait partie.

A l'heure actuelle, on constate une forte érosion de la biodiversité qui s'explique en grande partie par l'essor des activités humaines.

#### Problématique : Comment mesurer la biodiversité et suivre son évolution pour mieux la protéger ?

Pour répondre à cette problématique on commencera par s'interroger sur les méthodes de mesures de la biodiversité à différentes échelles puis on cherchera à comprendre comment cette biodiversité change au cours du temps.

### I - Mesurer la biodiversité

De nombreuses espèces existent sur Terre, mais seul un faible pourcentage est connu et accessible grâce à différentes **méthodes d'échantillonnages** directes ou indirectes.

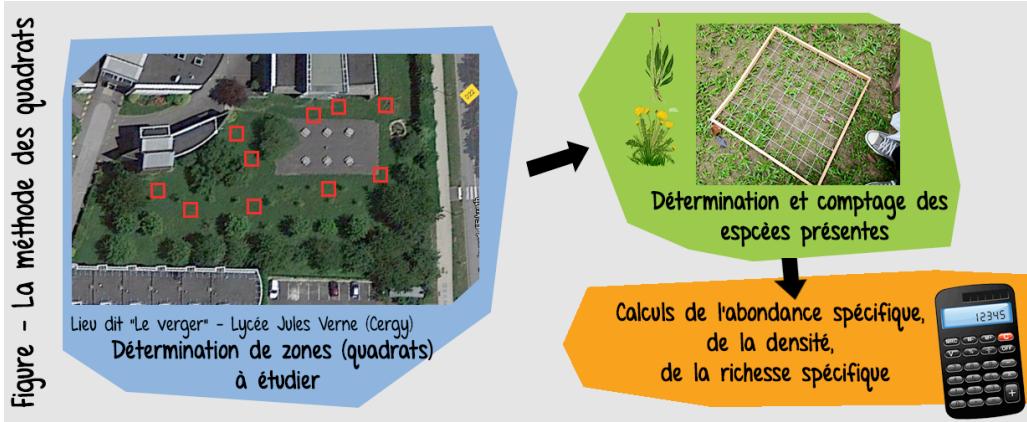
Pour mieux comprendre comment mesurer/suivre la biodiversité d'un milieu, nous avons testé et étudié trois méthodes : la méthode des quadrats, le « barcoding » et la méthode capture-marquage-recapture (CMR).

#### Encart 1 - La méthode des quadrats (voir TP)

La méthode des quadrats consiste à étudier de « petites » parcelles de surface connue et à déterminer et/ou échantillonner les espèces présentes dans ces parcelles. On considère ces parcelles comme représentatives de l'ensemble du milieu étudié.

La méthode des quadrats permet par exemple de suivre la biodiversité végétale dans une pelouse/prairie ou dans une forêt.

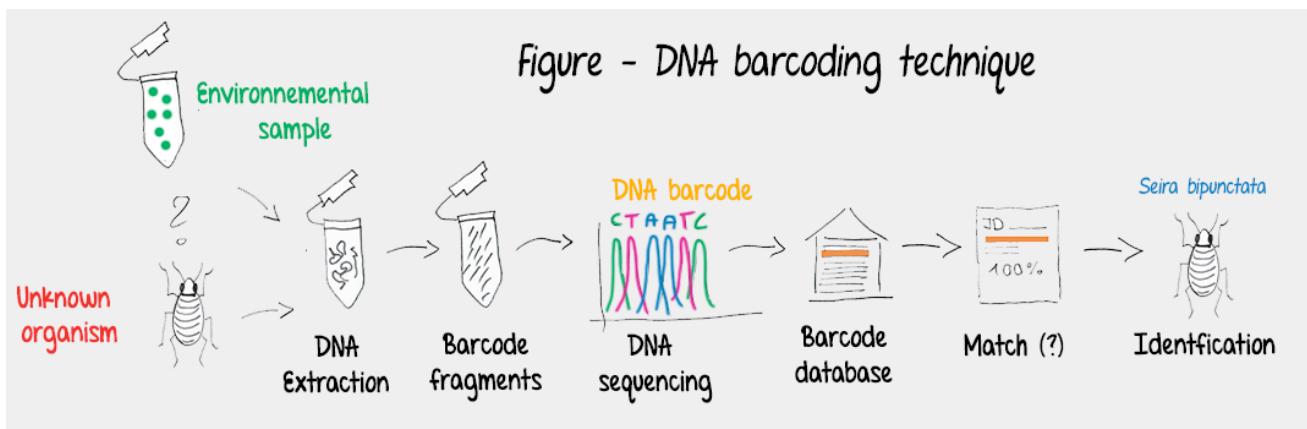
**Remarque :** plusieurs campagnes de « **sciences participatives** » comme Vigie Nature ou Florilèges-Prairies Urbaines, permettent de suivre la biodiversité végétale et/ou animale en France.



#### Encart 2 - La méthode du « barcoding » (voir TP)

La méthode du *barcoding* consiste à extraire l'ADN d'un milieu (sol forestier, microbiote intestinal, eau de mer, etc). On amplifie cet ADN par PCR puis on le séquence. On compare les résultats obtenus à des banques de données (type BLAST) pour identifier les espèces présentes. Autrement dit, on utilise l'ADN comme un « code-barre ».

**Remarque :** le séquençage de l'ADN est maintenant automatisé et peu coûteux et il permet d'identifier un grand nombre d'espèces simultanément, notamment des espèces microscopiques.



### Encart 3 - La méthode Capture-Marquage-Recapture ou CMR (voir TP)

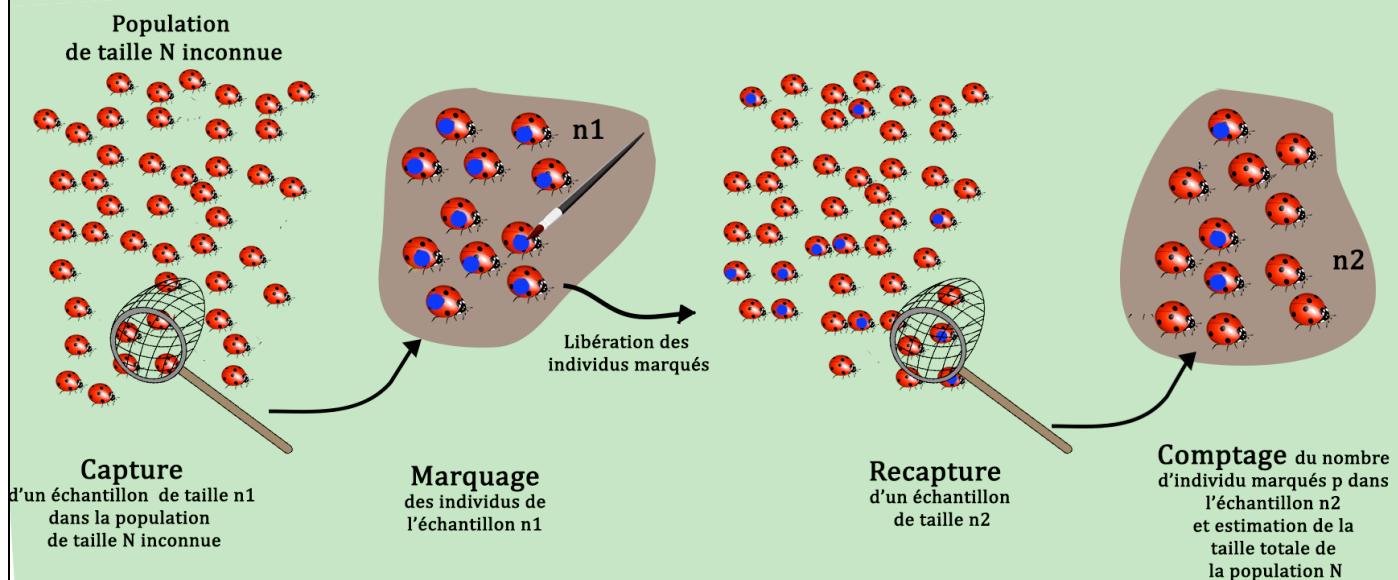
La méthode CMR consiste à capturer un échantillon, quelques individus d'une population, pour les marquer. On relâche ces individus puis après un temps suffisant on les recapture.

On analyse dans l'échantillon de recapture le nombre d'individus marqués. Cela permet notamment d'estimer la taille de la population étudiée.

Photographie : marquage d'un oiseau (bague jaune)



## Schéma et calculs : la méthode CMR



### Estimation de la taille de la population

La fréquence des individus marqués  $f$  est :

$$f = \frac{n_1}{N} = \frac{p}{n_2}$$

$$\text{On peut en déduire : } N = \frac{n_2 \times n_1}{p} \text{ ou } N = \frac{n_1}{f}$$

### Calcul de l'intervalle de confiance de $f$ et de $N$

Pour notre estimation de  $N$ , on s'appuie sur la fréquence d'individu marqués  $f$  dont on peut calculer l'intervalle de confiance :

$$\left\{ f - \frac{1}{\sqrt{n_2}}, f + \frac{1}{\sqrt{n_2}} \right\}$$

Ces méthodes permettent d'estimer :

- la **richesse spécifique** d'un milieu : c'est à dire le nombre total d'espèces présentes dans un milieu ;
- l'**abondance** ou l'**effectif** d'une population : c'est à dire le nombre d'individus d'une espèce dans un milieu ; on peut aussi estimer l'**abondance relative**, c'est à dire l'abondance d'une espèce rapportée à l'ensemble des espèces observées ;
- la **fréquence d'un caractère** dans une population ;

On peut donc mesurer la biodiversité à différentes échelles (écosystémique, spécifique et génétique).

Les résultats obtenus sont des estimations et doivent être assortis d'un **intervalle de confiance**. Les résultats seront d'autant plus fiables, que l'intervalle de confiance sera réduit.

## Schéma et calcul : estimation de la fréquence d'un caractère dans une population

Population sauvage de lapin (de taille inconnue)

Echantillon A

Echantillon B

On peut **estimer** la fréquence de lapins au pelage marron dans la **population** en calculant la fréquence de lapins aux pelage marron dans chaque échantillon :

$$f_{\square} = \frac{p_{\square}}{n_{\square}}$$

$f_{\square}$  : fréquence du caractère pelage marron dans l'échantillon  
 $p_{\square}$  : nb de lapin au pelage marron dans l'échantillon  
 $n_{\square}$  : taille de l'échantillon

L'intervalle de confiance pour les fréquences calculées dépend de la taille des échantillons choisis :

$$\left\{ f - \frac{1}{\sqrt{n_{\square}}}; f + \frac{1}{\sqrt{n_{\square}}} \right\}$$

! Plus la taille des échantillons est forte, plus l'estimation de la fréquence du caractère est fiable !

## 2 - Comprendre l'évolution génétique des populations

Pour comprendre l'évolution génétique d'une population, on a étudié le modèle mathématique de Hardy-Weinberg que l'on a comparé avec un modèle numérique (EDUMODELE) et à des exemples réels.

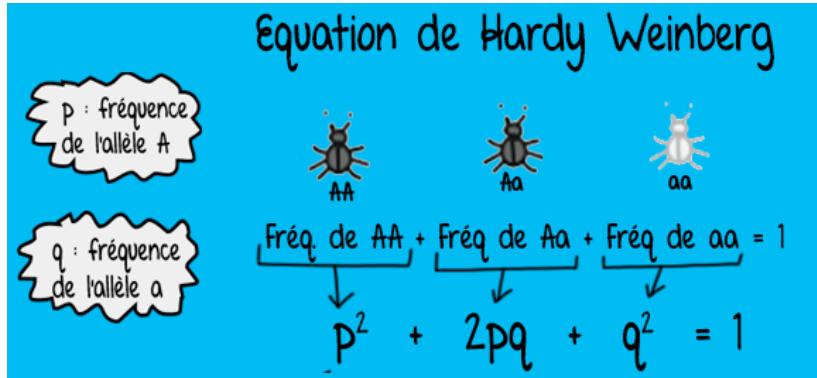
**Rappel - Définition d'un modèle :** un modèle est une construction mathématique, numérique ou analogique qui se substitue à un réel trop complexe, ou inaccessible à l'expérience pour mieux permettre de comprendre.

### 2 - 1 Le modèle de Hardy-Weinberg

Le modèle mathématique de Hardy-Weinberg a été découvert au début du 20<sup>ème</sup> siècle indépendamment par le mathématicien Godfrey H. HARDY (camarade de cricket, du généticien Réginald PUNNETT, inventeur des tableaux de croisement de gamètes) et par le médecin gynécologue Wilhelm WEINBERG.

Le modèle de Hardy-Weinberg postule que, pour une population qui respecte quelques conditions :

- les fréquences alléliques sont stables d'une génération à l'autre ;
- les fréquences alléliques et les fréquences génotypiques sont liées par une équation mathématique simple :



Ce modèle s'applique dans des conditions particulières :

- organisme diploïde (deux allèles pour chaque gène) se reproduisant par reproduction sexuée,
- taille de la population infinie,
- rencontre au hasard des partenaires et des gamètes pour la reproduction (panmixie),
- population fermée (sans mouvement migratoire),
- aucune force évolutive (mutation, dérive, sélection, migration),

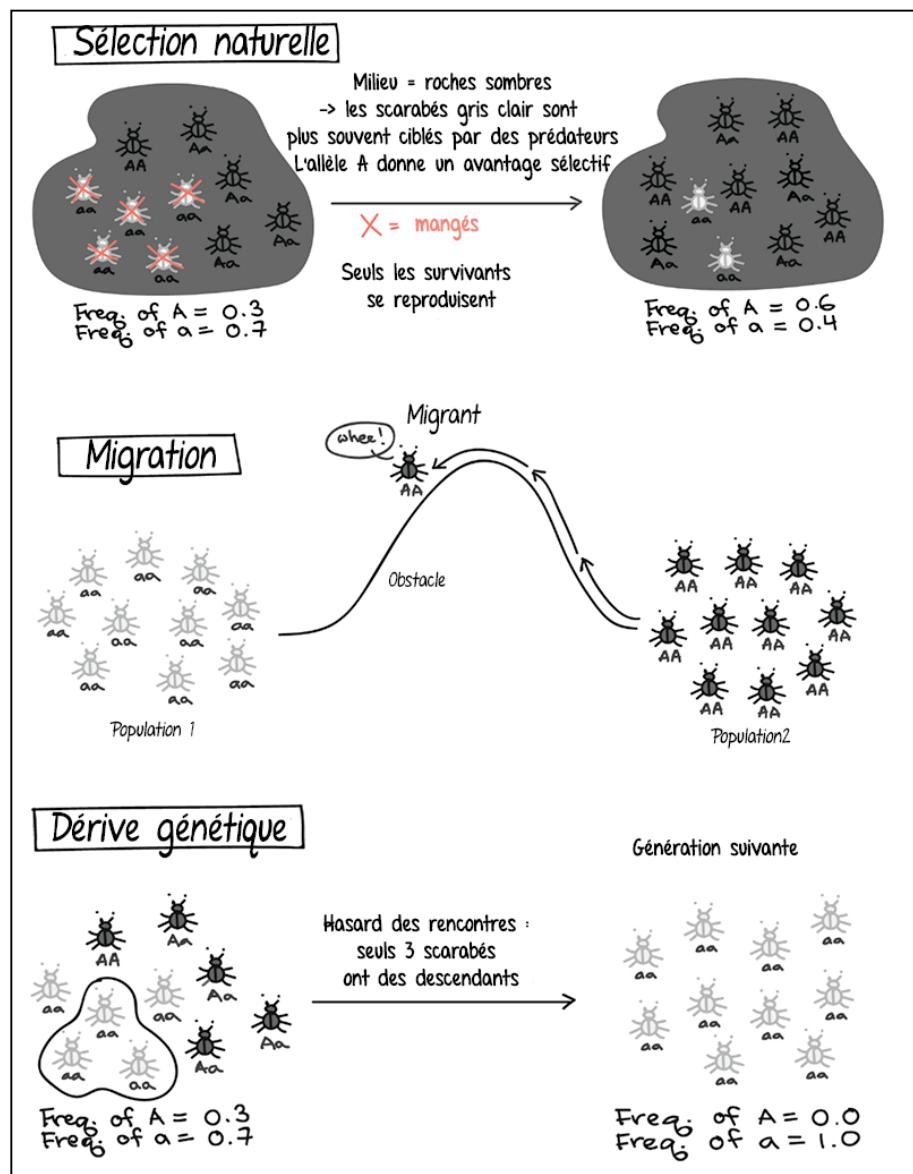
Pour conclure, **le modèle de Hardy-Weinberg décrit un cas théorique d'une population qui n'évolue pas !**  
On parle d'équilibre de Hardy-Weinberg.

## 2.2 - Les forces évolutives

Dans les faits, lorsque l'on calcule les fréquences alléliques et génotypiques d'une population, **on constate des écarts à l'équilibre de Hardy-Weinberg.**

Ces écarts s'expliquent peuvent s'expliquer par plusieurs phénomènes :

- les populations ne sont pas infinies ; et plus leur taille est faible plus on observe les effets de **la dérive génétique** (effet du hasard sur la répartition des allèles)
- les populations ne sont pas fermées ; on observe de **la migration**, des individus passent d'une population à l'autre et modifient la répartition des allèles ;
- la rencontre des partenaires ne se fait pas au hasard ; on observe des phénomènes de **la sélection sexuelle** entre mâles et femelles ;
- certains allèles procurent un avantage ou un désavantage en terme de survie ou de succès reproducteur : c'est **la sélection naturelle** ; la fréquence des allèles procurant un avantage va augmenter progressivement au cours des générations ;
- **des mutations génétiques** se produisent et font apparaître de nouveaux allèles qui modifient la répartition des allèles dans les populations ;



### 3 - Préserver la biodiversité

La problématique de la préservation de la biodiversité est une question complexe ; pour en appréhender certains aspects on a étudié quelques exemples afin de faire le lien avec nos connaissances sur les forces évolutives.

On mesure et on observe depuis plusieurs décennies **une érosion très forte de la biodiversité**. Il existe un consensus scientifique sur ce point comme le montre les travaux de l'**IPBES** (*Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services*).

Ce déclin est essentiellement lié aux activités humaines :

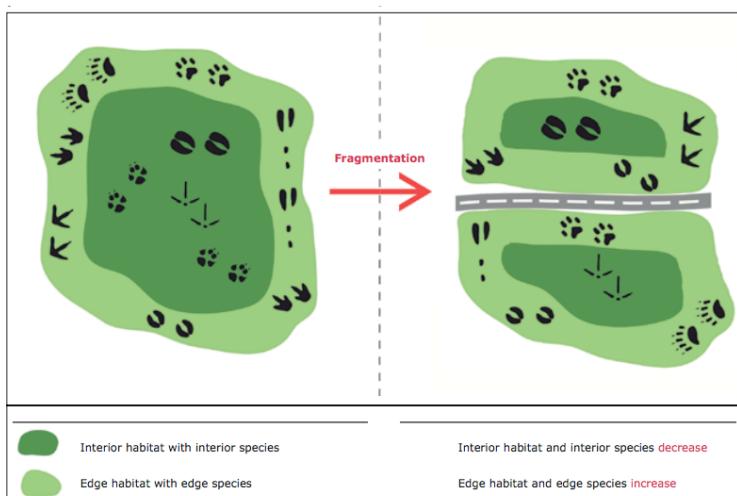
- l'utilisation des sols (agriculture, urbanisation) qui conduisent à une diminution et à **une fragmentation des habitats** ;
- la pollution (pesticides, résidus plastiques, etc.) qui engendre des conséquences variées et néfastes dans les populations ;
- l'utilisation des combustibles fossiles et le réchauffement climatique associé qui provoquent d'importants bouleversements des écosystèmes ;
- la surexploitation des espèces (pêche, élevage, etc.)
- la propagation d'espèces invasives ;

Une meilleure connaissance scientifique du fonctionnement des écosystèmes associée à des politiques de conservation permet de limiter l'érosion de la biodiversité.

#### Documents sur les effets de la fragmentation sur la biodiversité

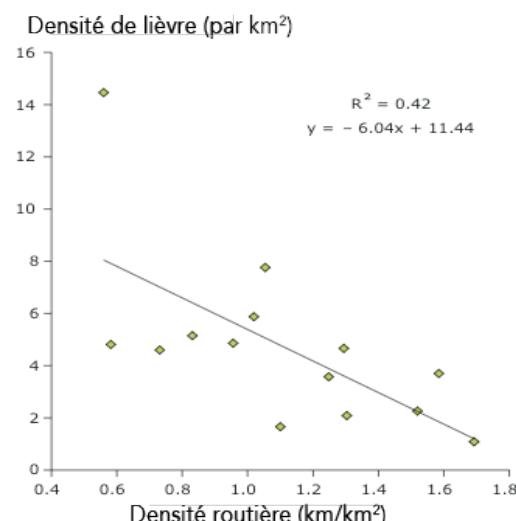
**Schéma** – Illustration des effets de la fragmentation sur les habitats suite à la construction d'une route

source : <https://www.eea.europa.eu/>



**Graphique** – Effet de la densité routière sur l'abondance du Lièvre Brun dans le Comté d'Argovie en Suisse

source : <https://www.eea.europa.eu/>



**Photographies** – Deux exemples de continuité écologique en Hollande (au dessus d'un autoroute et d'une rivière) source : <https://www.eea.europa.eu/>

