

Origine et évolution de la biodiversité

Introduction :

La biodiversité actuelle, qui regrouperait près de 10 millions d'espèces différentes, est le résultat de l'évolution de la biodiversité du passé : en effet, nous sommes tous issus d'un être vivant ancestral qui serait apparu il y a environ 3,5 milliards d'années. La biodiversité montre donc une dynamique temporelle à laquelle une dynamique spatiale sera ajoutée.

Comment expliquer ces dynamiques ?

Dans un premier temps, nous nous intéresserons aux outils statistiques qui nous permettront de quantifier les variations de biodiversité, puis nous expliquerons les mécanismes évolutifs à l'origine de ces variations. Dans une troisième partie, nous porterons notre attention sur les conséquences des actions humaines sur la biodiversité.

1 | Des outils pour quantifier la biodiversité

a. L'échantillonnage

La quantification de toute la biodiversité est impossible, car le nombre d'espèces différentes est très important : on estime qu'il existerait au moins 9 millions d'espèces encore non répertoriées sur Terre. Ce chiffre découle de calculs basés sur des **modèles mathématiques et statistiques**.



Pour pallier ce problème de la quantification de la biodiversité totale, la solution passe par l'étude d'**échantillons** représentatifs d'une population.

Échantillon :

Un échantillon d'effectif n est une sélection de n individus extraits de la population à laquelle on s'intéresse.

- Si cet échantillon est choisi aléatoirement et peut être considéré comme une « bonne » image de la population, on parle alors d'échantillon représentatif.

Par exemple, lorsque l'on fait des statistiques sur le comportement des Français, 1 000 personnes peuvent être questionnées et leurs réponses seront extrapolées à la population entière.

- La méthode d'échantillonnage sera donc capitale : si le choix des individus n'est pas représentatif – par exemple, si ceux-ci ont des profils similaires –, les réponses n'auront aucun intérêt.

Ainsi, à l'échelle des écosystèmes, quelques échantillons seront prélevés de manière aléatoire dans divers lieux, à divers moments, dans diverses conditions (exemple : à diverses températures). Ces données seront par la suite exploitées par des mathématiciens.



En statistiques, il existe plusieurs types d'échantillonnages aléatoires :

- l'échantillonnage aléatoire simple consiste à prélever des individus de façon aléatoire dans une population donnée ;
- l'échantillonnage aléatoire stratifié consiste d'abord à répartir la population étudiée en groupes définis selon des critères choisis, puis à prélever aléatoirement des individus dans chaque strate ainsi formée ;
- l'échantillonnage aléatoire en grappe consiste d'abord à répartir la population étudiée en groupes définis selon des critères choisis, puis à

prélever aléatoirement un certain nombre de ces groupes d'individus pour composer l'échantillon ;

- l'échantillonnage aléatoire systématique consiste à prélever avec des intervalles réguliers des individus dans une population (exemple : prélèvement d'un individu sur 4 dans une population définie) ;

→ Il est important de savoir que plusieurs méthodes d'échantillonnage existent, bien que, dans le cadre de ce cours, nous nous intéresserons uniquement à l'**échantillonnage aléatoire simple**.



Estimation d'un effectif par échantillonnage

● La méthode de « capture-marquage-recapture »



Le but de cette méthode est d'**estimer un effectif**, car un recensement exhaustif de chaque individu est impossible.

Dans un premier temps, on effectue une capture d'individus : lors de ce premier échantillonnage, les individus ainsi capturés sont comptés et marqués (une bague à la patte d'un animal par exemple) avant d'être relâchés.

Ensuite, on effectue une deuxième capture d'individus. Lors de ce deuxième échantillonnage, les individus sont de nouveau comptés : parmi ceux-ci, on compte aussi les individus précédemment marqués et présents dans ce nouvel échantillon.

On considère alors que la proportion des individus marqués lors du premier échantillonnage parmi la population totale est égale à la proportion des individus marqués parmi ceux capturés lors du deuxième échantillonnage.

Estimer la population totale revient donc à résoudre un problème de proportionnalité, grâce à un simple produit en croix.

→ Il s'agit de la **méthode de la quatrième proportionnelle**.



Exemple

Prenons un petit exemple pour montrer le calcul.

Nous cherchons à estimer la population de batraciens d'un étang.

- 1 Nous prélevons un échantillon de 90 individus, les marquons tous et les relâchons.
 - 2 Nous prélevons ensuite un autre échantillon de 70 individus et comptons, parmi eux, le nombre de batraciens marqués : 5.
- Nous pouvons résumer ces données dans un tableau, avec N l'effectif de la population totale :

	Effectifs	Individus marqués
Étang	N	90
Échantillon recapturé	70	5

- c Nous pouvons appliquer maintenant la méthode de la quatrième proportionnelle :

$$\begin{aligned} N &= \frac{90 \times 70}{5} \\ &= 1\,260 \end{aligned}$$

→ Nous estimons la population totale de l'étang à 1 260 batraciens.

Attention cependant, la proportion d'individus marqués lors de la recapture va bien sûr varier d'un échantillon à l'autre.

→ On parle alors de **fluctuation d'échantillonnage**.

Il est donc indispensable de faire un maximum de recaptures, de même effectif, où l'on compte à chaque fois le nombre d'individus marqués.

→ En travaillant ensuite sur la moyenne ainsi obtenue, nous limitons les erreurs dues à ces fluctuations.



Exemple

Reprenons notre exemple précédent, où nous avons capturé et marqué **90** batraciens. Et nous admettons cette fois que la population totale est égale à **1 600**.

Pour montrer les fluctuations et comprendre pourquoi multiplier les recaptures permet d'avoir une idée plus précise, nous allons nous servir d'un tableur pour noter les données lors de **10** recaptures successives de **70** individus, effectuées à différentes heures et dans diverses conditions, et calculer les estimations correspondant à chacune.

→ Le tableau suivant donne les résultats (nous avons ajouté une colonne pour indiquer l'écart entre l'estimation et la réalité, nous en avons ajouté une autre pour préciser, en pourcentage (arrondi à l'entier), ce que représente cet écart par rapport à la population réelle.

Recapture n°	Effectifs	Individus marqués	Estimation	Écart (en valeur absolue)	Erreur (en valeur absolue)
1	70	5	1 260	340	21 %
2	70	7	900	700	44 %
3	70	3	2 100	500	31 %
4	70	6	1 050	550	34 %

5	70	1	6 300	4 700	294 %
6	70	5	1 260	340	21 %
7	70	6	1 050	550	34 %
8	70	2	3 150	1 550	97 %
9	70	3	2 100	500	31 %
10	70	2	3 150	1 550	97 %

Nous remarquons tout de suite que les écarts entre estimation et réalité sont énormes pour chaque échantillon : si nous nous fondions par exemple sur l'échantillon n° 5, nous serions particulièrement éloignés de la population réelle.

Maintenant, à partir de la moyenne des individus marqués sur les 10 échantillons, que nous notons \bar{x} , faisons une nouvelle estimation :

$$\bar{x} = 4$$

$$\text{D'où l'estimation : } N = 1\,575$$

Nous avons un écart de 25, soit un pourcentage d'erreur de 2 %.

→ Travailler sur 10 recaptures nous a ainsi permis d'estimer la population avec un écart acceptable.

Le calcul de la quatrième proportionnelle permet donc d'estimer l'**abondance** d'une population.



Définition

Abondance :

L'abondance d'une population correspond au nombre d'individus. Elle sera déterminée par la méthode de la quatrième proportionnelle.

Nous l'avons vu, la méthode de « capture-marquage-recapture » ne peut donner que des valeurs estimées, c'est-à-dire mathématiquement proches d'un modèle. S'agissant donc de valeurs estimées, il nous faudra connaître la marge d'erreur : l'**intervalle de confiance** va tenir compte de cette variable.



Définition

Intervalle de confiance :

Lors d'un comptage aléatoire, il y a toujours une marge d'erreur, car un échantillonnage ne peut pas être un relevé exhaustif de la population totale. L'intervalle de confiance va encadrer la valeur réelle.

Pour calculer un intervalle de confiance, nous disposons de la propriété suivante.



Propriété

Si, dans un échantillon de taille n (avec n suffisamment grand), nous observons une fréquence du caractère étudié égale à f , alors la proportion de ce caractère dans la population totale appartient, avec un niveau de confiance estimé à 95 %, à l'intervalle :

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

→ Cet intervalle est alors appelé **intervalle de confiance à 95 %**.

Nous allons prendre un exemple pour montrer comment calculer un tel intervalle de confiance.



Exemple

Nous avons observé 92 oiseaux de la même espèce, et nous avons constaté que 23 étaient gris.

Nous avons donc $n = 92$ et $f = \frac{23}{92} = 0,25$ et nous obtenons :

$$f - \frac{1}{\sqrt{n}} = 0,25 - \frac{1}{\sqrt{92}} \\ \approx 0,14$$

[en arrondissant au centième inférieur]

$$f + \frac{1}{\sqrt{n}} = 0,25 + \frac{1}{\sqrt{92}} \\ \approx 0,36$$

[en arrondissant au centième supérieur]

→ Nous obtenons ainsi l'intervalle de confiance à 95 % : [0,14 ; 0,36].

Nous pouvons dire, avec un niveau de confiance de 95 %, que la proportion des oiseaux gris dans la population totale est comprise entre 14 % et 36 %.

Notons, dans l'exemple précédent, que, si nous avions observé un échantillon d'effectif supérieur à 92, nous aurions restreint l'intervalle autour de la fréquence observée.

→ Plus l'échantillon est grand, plus l'estimation est précise.

● La richesse spécifique

L'échantillonnage va permettre d'étudier la diversité d'espèces au sein d'un écosystème : c'est ce que l'on appelle la **richesse spécifique**.

Dans certains environnements, cette richesse sera telle qu'il sera préférable d'étudier la richesse par **taxon**.



Définition

Taxon :

Un taxon correspond à un groupe d'êtres vivants partageant des caractères en communs du fait de leur parenté (espèce, genre, famille, ordre, etc.).

L'organisation en taxons permet ainsi de classer ces êtres vivants.

Par exemple, déterminer la richesse spécifique des insectes dans la forêt amazonienne est, à elle seule, une tâche importante, puisque l'on estime qu'il y a environ 2,5 millions d'insectes dans ce milieu.



L'évaluation de la biodiversité est basée sur l'échantillonnage, qui permet de généraliser les mesures réalisées sur une partie d'une population, sur le modèle d'un sondage d'opinion.

La méthode de « capture-marquage-recapture » permet d'estimer l'abondance d'une population et donc, plus largement, d'étudier la richesse spécifique d'un milieu.

L'étude des fossiles montre que la biodiversité est en constante modification. Comment les modèles mathématiques peuvent-ils alors nous aider à suivre ces modifications au cours du temps ?

2 | Évolution de la structure génétique d'une population

Au cours de l'évolution biologique, la composition génétique des populations d'une espèce change de génération en génération. Afin de suivre cette évolution, les scientifiques vont exploiter des situations de référence. Ainsi, le modèle de Hardy-Weinberg par exemple permettra de prédire comment un groupe d'individus va évoluer.

a. La théorie de Hardy-Weinberg

La **théorie de Hardy-Weinberg** se propose de faire un suivi génétique d'une population, en s'intéressant aux variations des fréquences alléliques au cours des générations.

Lors de la reproduction sexuée, les **allèles** des parents vont être brassés.



Allèle :

Les allèles sont des séquences d'ADN présentes sur des chromosomes. Ces séquences vont coder des informations qui seront à l'origine des caractéristiques, comme par exemple la couleur de la peau chez les êtres humains.



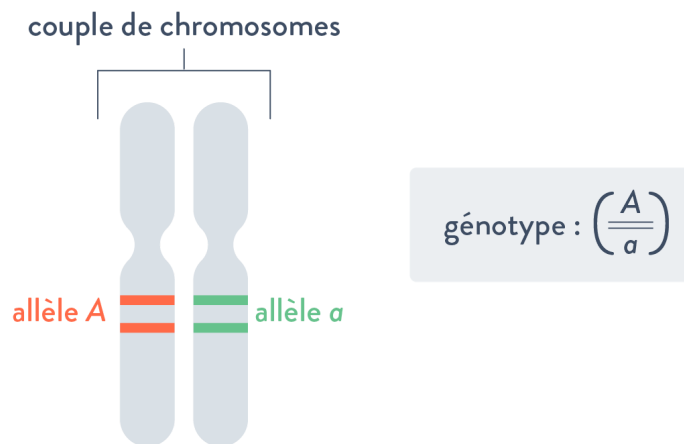
Pour ne pas confondre la notion d'allèle avec celle de gène, il faut garder à l'esprit que le terme « gène » désigne un élément du chromosome porteur d'un caractère héréditaire précis (exemple : gène responsable de la couleur des yeux), tandis que le terme « allèle » désigne plus particulièrement une version d'un même gène (exemple : allèle des yeux verts).

Ainsi, chez les êtres humains, les allèles sont présents sous la forme de deux copies : l'une maternelle et l'autre paternelle. Ces copies définissent un **génotype**.



Génotype :

Le génotype représente les gènes contenus dans l'ADN d'une cellule et les allèles présents pour chacun de ces gènes.



© SCHOOLMOUV

→ Au début du XX^e siècle, les mathématiciens **Hardy** et **Weinberg** ont proposé une théorie basée sur des populations qui ne seraient pas soumises à des forces évolutives (sans sélection naturelle ni dérive génétique, notions que nous allons voir plus loin dans ce cours) et qui auraient des effectifs infinis.

Modèle de Hardy-Weinberg :

Pour expliquer ce modèle, nous allons nous contenter de nous intéresser à l'évolution, au fil des générations, des proportions dans la population de deux allèles, A et a , et de trois génotypes, $A//A$, $a//a$ et $A//a$.

1 Commençons par regarder cette évolution entre la génération initiale de notre étude et sa descendance.

Nous adoptons les notations suivantes, pour la génération initiale, que nous considérons comme la génération 0 :

- A_0 est la fréquence de l'allèle A ,
 - a_0 est la fréquence de l'allèle a ,
- il s'agit de fréquences, donc A_0 et a_0 sont compris entre 0 et 1, et $A_0 + a_0 = 1$;
- u_0 est la fréquence du génotype $A//A$,

- v_0 est la fréquence du génotype $A//a$,
 - w_0 est la fréquence du génotype $a//a$,
- ici aussi, nous avons u_0, v_0 et w_0 compris entre 0 et 1, et $u_0 + v_0 + w_0 = 1$.

De la même façon, pour la descendance de la génération 0, c'est-à-dire la génération 1, nous définissons les fréquences A_1, a_1, u_1, v_1 et w_1 .

Nous savons que chacun des deux parents (génération 0) donnera à sa descendance (génération 1) soit l'allèle A , soit l'allèle a .

→ Représentons cela dans un échiquier de croisement :

Parent 2 → Parent 1 ↓	A	a
A	$A//A$	$A//a$
a	$A//a$	$a//a$

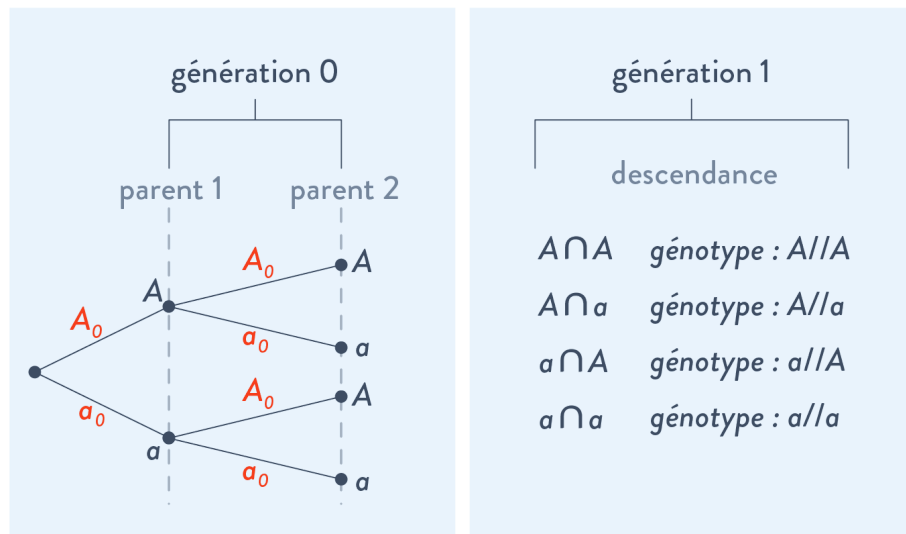
Nous l'avons dit plus haut, dans le modèle de Hardy-Weinberg, nous considérons la population d'effectif infini.

→ En vertu de la **loi des grands nombres**, nous pouvons assimiler les fréquences étudiées à des probabilités.



La loi des grands nombres, dans sa version simplifiée, dit que plus une expérience aléatoire est répétée, plus la fréquence d'apparition d'un caractère se rapproche de sa probabilité théorique.

En outre, les croisements étant indépendants – les fréquences A_0 et a_0 sont ainsi égales pour les deux parents –, nous pouvons, pour mieux nous représenter la descendance, la modéliser par l'arbre pondéré suivant :



© SCHOOLMOUV

Nous pouvons appliquer maintenant les formules habituelles de probabilité pour calculer les fréquences des génotypes dans la génération 1.



Soit deux événements E et F réalisés par des issues d'une expérience aléatoire.

Nous notons :

- $p(E)$ la probabilité de l'événement E ,
- $p(F)$ la probabilité de F ,
- $p(E \cap F)$ la probabilité qu'adviennent l'événement E et l'événement F ,
- $p(E \cup F)$ la probabilité qu'advienne l'événement E ou l'événement F .

Dans un arbre pondéré :

- pour calculer la probabilité d'un événement réalisé par un chemin, nous multiplions les probabilités rencontrées sur ce chemin ;
- pour calculer la probabilité d'un événement réalisé par plusieurs chemins, nous ajoutons les probabilités de tous les chemins qui le réalisent.

$$\begin{aligned}
A/A : u_1 &= p(A \cap A) \\
&= A_0 \times A_0 \\
&= (A_0)^2 \\
A/a : v_1 &= p(A \cap a) + p(a \cap A) \\
&= A_0 \times a_0 + a_0 \times A_0 \\
&= 2 \times A_0 \times a_0 \\
a/a : w_1 &= p(a \cap a) \\
&= a_0 \times a_0 \\
&= (a_0)^2
\end{aligned}$$

Nous avons ainsi des premières relations entre les fréquences des génotypes de la génération 1 et celles des allèles de la génération 0. Mais nous allons approfondir encore.

Soit N_0 le nombre de génotypes de la génération 0.

À chaque génotype correspondent 2 allèles, le nombre d'allèles de la génération 0 est donc égal à $2 \times N_0$.

Considérons le nombre total d'allèles A à la génération 0.

- Il y a $u_0 \times N_0$ génotypes $A//A$, avec donc chacun 2 allèles A , soit $2 \times u_0 \times N_0$ allèles A .
- Il y a $v_0 \times N_0$ génotypes $A//a$, avec donc chacun 1 allèle A , soit $v_0 \times N_0$ allèles A .

→ D'où le nombre total d'allèles A :

$$2 \times u_0 \times N_0 + v_0 \times N_0$$

Nous en déduisons la fréquence A_0 , qui, par définition, est égale au nombre d'allèles A divisé par le nombre total d'allèles :

$$\begin{aligned}
A_0 &= \frac{2 \times u_0 \times N_0 + v_0 \times N_0}{2 \times N_0} \\
&= u_0 + \frac{1}{2} \times v_0 \text{ [en simplifiant les fractions]}
\end{aligned}$$

Pour exprimer a_0 , nous menons le raisonnement suivant :

$$\begin{aligned}a_0 &= 1 - A_0 \text{ [car } A_0 + a_0 = 1\text{]} \\&= (u_0 + v_0 + w_0) - \left(u_0 + \frac{1}{2} \times v_0\right) \\&\text{[car } u_0 + v_0 + w_0 = 1 \\&\text{et } A_0 = u_0 + \frac{1}{2} \times v_0 \text{ d'après le précédent calcul]} \\&= \frac{1}{2} \times v_0 + w_0\end{aligned}$$

Si nous récapitulons, nous avons trouvé :

$$\begin{cases} A_0 = u_0 + \frac{1}{2} \times v_0 \\ a_0 = \frac{1}{2} \times v_0 + w_0 \end{cases} \quad \text{et} \quad \begin{cases} u_1 = (A_0)^2 \\ v_1 = 2 \times A_0 \times a_0 \\ w_1 = (a_0)^2 \end{cases}$$

Nous en déduisons les relations suivantes, en remplaçant dans le deuxième système les valeurs de A_0 et a_0 par celles du premier système :

$$\begin{cases} u_1 = \left(u_0 + \frac{1}{2} \times v_0\right)^2 \\ v_1 = 2 \times \left(u_0 + \frac{1}{2} \times v_0\right) \times \left(\frac{1}{2} \times v_0 + w_0\right) \\ w_1 = \left(\frac{1}{2} \times v_0 + w_0\right)^2 \end{cases}$$

→ Ainsi, nous obtenons la relation entre les fréquences génotypiques de la génération 1 et celles de la génération 0.

2 Nous allons maintenant généraliser ces relations.

Nous venons donc de voir que, si nous connaissions les fréquences génotypiques et alléliques de la génération 0, nous pouvions calculer celles de la génération 1.

→ En menant *exactement* le même raisonnement que pour le point 1, connaissant donc les fréquences de la génération 1 – puisque nous les avons calculées –, nous pouvons cette fois calculer celles de la génération 2.

→ Et ainsi de suite pour les générations suivantes, où nous calculons les fréquences d'une génération à l'autre.

Note : Dans les formules ci-dessous, nous allons identifier certaines relations, car nous y ferons référence au point suivant.



Ainsi, nous pouvons définir, pour la génération n , avec n entier naturel :

- A_n , la fréquence de l'allèle A ;
- a_n , la fréquence de l'allèle a ;
- u_n , la fréquence du génotype $A//A$;
- v_n , la fréquence du génotype $A//a$;
- w_n , la fréquence du génotype $a//a$.

Et nous avons, pour toute génération n :

$$\begin{cases} A_n = u_n + \frac{1}{2}v_n \text{ (relation 1)} \\ a_n = \frac{1}{2}v_n + w_n \text{ (relation 2)} \end{cases}$$

Et nous avons aussi, pour tout entier naturel n , les relations entre les générations n et $n + 1$:

$$\begin{cases} u_{n+1} = (A_n)^2 \text{ (relation 3)} \\ v_{n+1} = 2 \times A_n \times a_n \text{ (relation 4)} \\ w_{n+1} = (a_n)^2 \text{ (relation 5)} \end{cases}$$

\Leftrightarrow

$$\begin{cases} u_{n+1} = \left(u_n + \frac{1}{2} \times v_n\right)^2 \\ v_{n+1} = 2 \times \left(u_n + \frac{1}{2} \times v_n\right) \times \left(\frac{1}{2} \times v_n + w_n\right) \\ w_{n+1} = \left(\frac{1}{2} \times v_n + w_n\right)^2 \end{cases}$$

Nous venons d'exprimer ce que l'on appelle, en mathématiques, des **suites définies par des relations de récurrence**, qui nous permettent, si nous connaissons les données de la génération 0, de calculer, de terme en terme, celles de toute génération n , avec n entier naturel non nul.

→ Nous notons ces suites entre parenthèses : (A_n) , (a_n) , (u_n) , (v_n) et (w_n) .

3 Ces calculs étant faits, nous allons maintenant découvrir une conséquence importante du modèle de Hardy-Weinberg.

Étudions la variation de la suite (A_n) , pour savoir comment évolue la fréquence de l'allèle A entre l'année n et l'année suivante $n + 1$.

Pour cela, nous allons étudier le signe de $A_{n+1} - A_n$:

- s'il est strictement négatif, alors la suite sera décroissante, c'est-à-dire que la fréquence diminuera d'une année à l'autre ;
- s'il est strictement positif, alors la suite sera croissante, c'est-à-dire que la fréquence augmentera d'une année à l'autre ;
- s'il est nul, alors la suite sera constante, c'est-à-dire que la fréquence ne changera pas d'une année à l'autre.

→ Notons que les relations données plus haut sont valables pour tout entier naturel n , elles sont donc aussi valables pour $n + 1$.

$$\begin{aligned} A_{n+1} - A_n &= \left(u_{n+1} + \frac{1}{2}v_{n+1} \right) - A_n \text{ [avec la relation 1]} \\ &= (A_n)^2 + \frac{1}{2} \times 2 \times A_n \times a_n - A_n \text{ [avec les relations 3 et 4]} \\ &= (A_n)^2 + A_n \times a_n - A_n \\ &= A_n \times (A_n + a_n - 1) \text{ [en factorisant]} \\ &= A_n \times (1 - 1) \text{ [car } A_n + a_n = 1\text{]} \\ &= 0 \end{aligned}$$

→ Nous en concluons que la suite (A_n) reste constante d'une génération à l'autre, et ce dès la génération 0.

- Et, comme $a_n = 1 - A_n$, puisque (A_n) est constante, la suite (a_n) est de la même façon constante.
- Enfin, d'après les relations 3, 4 et 5, puisque (A_n) et (a_n) sont constantes dès la génération 0, les suites (u_n) , (v_n) et (w_n) sont constantes à partir de la génération 1.

Nous venons de démontrer l'**équilibre de Hardy-Weinberg**.



À retenir

Le modèle de Hardy-Weinberg prédit que la structure génétique d'une population de grand effectif est stable d'une génération à l'autre sous certaines conditions (absence de migration, de mutation et de sélection).

Ainsi, avec p la fréquence de l'allèle A et q celle de l'allèle a , la distribution des génotypes est donnée par la relation :

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

Où :

- p^2 est la fréquence du génotype homozygote $A//A$;
- q^2 est la fréquence du génotype homozygote $a//a$;
- $2pq$ est la fréquence du génotype hétérozygote $A//a$.



Astuce

En utilisant un tableur et en y intégrant les formules données plus haut pour faire des simulations, vous constaterez cette stabilité, et ce quelles que soient les fréquences initiales u_0 , v_0 et w_0 (telles que $u_0 + v_0 + w_0 = 1$) que vous choisirez.



Forces évolutives

En théorie, le modèle de Hardy-Weinberg conduit à la mise en place de populations statistiquement prévisibles.

Dans la réalité, des **forces évolutives externes** vont modifier cet équilibre.

1 L'importance des mutations



Définition

Mutation :

Une mutation est une modification aléatoire de l'ADN et donc de la structure des allèles.

→ Au cours des générations successives, l'**accumulation des mutations** sera à l'origine de l'accumulation de nouveaux caractères, ce qui finira par générer de nouvelles espèces.

Donc, les mutations vont modifier aléatoirement l'équilibre de Hardy-Weinberg.

2 La sélection naturelle

Lorsqu'un allèle défavorable est généré par une mutation, il devrait progressivement disparaître de la population, car les individus porteurs ont moins de chances de survivre que les autres : c'est ce que l'on appelle la **sélection naturelle**.



Définition

Sélection naturelle :

La sélection naturelle correspond à l'évolution génétique d'une population sous l'effet de facteurs environnementaux.



Attention

La relation allèle défavorable/extinction de l'espèce n'est pas aussi évidente.

Par exemple, l'allèle HBS provoque la drépanocytose, qui est une maladie sanguine grave, mais cet allèle continue de progresser dans les populations africaines où le paludisme progresse (maladie infectieuse

grave). Donc l'allèle HBS qui paraissait défavorable est favorable dans les régions où le paludisme sévit.

3 La dérive génétique

L'équilibre de Hardy-Weinberg part du principe que la taille de la population est infinie, ce qui n'est pas le cas dans la réalité.

De plus, des populations peuvent être fragmentées (montée de l'eau qui sépare certains individus sur une île par exemple).

→ Lorsque la taille du groupe est fortement réduite, le modèle mathématique n'est plus valable.

Ainsi, dans des groupes à petits effectifs, on constate que la fréquence des allèles et donc la fréquence des individus n'est plus prévisible : c'est ce que l'on appelle la **dérive génétique**.



Définition

Dérive génétique :

Évolution génétique d'une population due au hasard, donc impossible à prévoir.



À retenir

Les modèles mathématiques sont soumis à des forces évolutives qui peuvent totalement modifier les prévisions statistiques.

Les mutations, la sélection naturelle et la dérive génétique sont trois mécanismes évolutifs à l'origine de la diversification des populations.

3 | Influences de l'être humain

Selon des données récentes, on estime que **25 %** des espèces sont menacées d'extinction à cause de l'activité humaine.

→ Même si ce bilan des conséquences de l'activité humaine sur la planète est donc clairement négatif, des initiatives locales ou globales peuvent permettre

de limiter cette extinction.



La bonne connaissance de la biodiversité, qui passe par notre capacité à la comptabiliser et suivre son évolution, est indispensable à la mise en place de **politiques de préservation**.

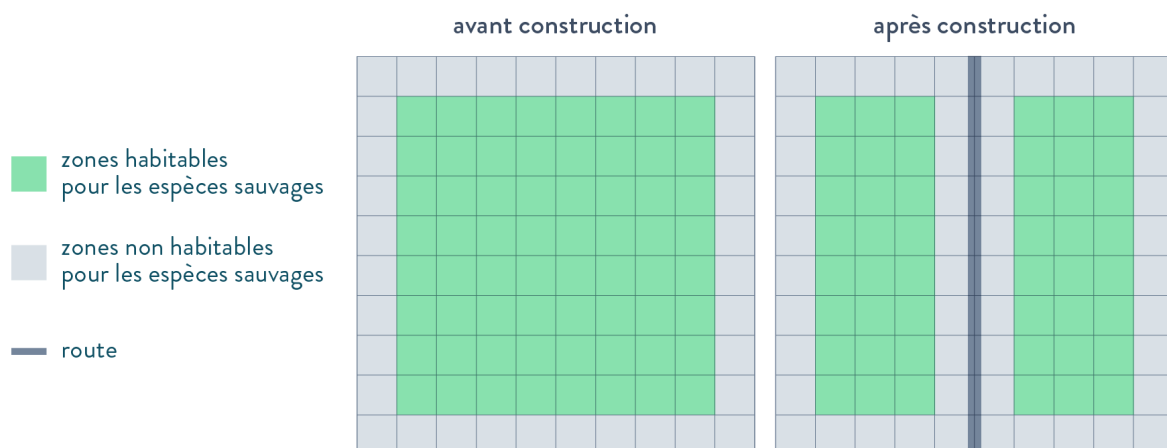
a. Exemple d'impacts négatifs : la fragmentation d'un écosystème

En Amazonie, des surfaces boisées sont régulièrement coupées. De nouveaux ensembles d'arbres, isolés les uns des autres, finissent par apparaître : on dit que **l'écosystème initial a été fragmenté**.

L'étude de la richesse spécifique de ces ensembles isolés montre une nette baisse : dans certains fragments, au bout de 10 ans, cette richesse spécifique a été divisée par deux.

Des modèles géométriques simples peuvent modéliser cette fragmentation.

Voici l'exemple d'une construction routière :



→ Les zones en vert sont des habitats non exploités, c'est-à-dire des forêts. Les zones en gris représentent des lisières avec une richesse spécifique bien plus faible. Après construction d'une route, la surface boisée est moindre. Outre cette baisse importante de surface boisée, la fragmentation a aussi isolé les populations initiales en deux groupes.



Sur le long terme, la fragmentation d'un écosystème va accélérer la dérive génétique, car le nombre d'individus initial sera fortement réduit : l'équilibre de Hardy-Weinberg sera déstabilisé.



© SCHOOLMOUV

→ La dérive génétique est d'autant plus importante que le groupe est formé initialement de peu d'individus.

On comprend donc comment la déforestation impacte grandement les écosystèmes.

Il existe de nombreux autres comportements à risque pour la biodiversité. Parmi ceux-ci, nous pouvons citer notamment :

- les échanges internationaux qui favorisent le déplacement d'espèces invasives. Exemple : les huîtres géantes importées d'Asie par accident sur les

côtes européennes grâce à la coque des porte-conteneurs ;

- l'usage excessif des carburants fossiles à l'origine du réchauffement climatique. Exemple : le réchauffement menace l'ours blanc d'extinction. La banquise qui constitue son habitat naturel est de plus en plus réduite et les populations d'ours blancs sont exposées à une hybridation avec le grizzly en raison du recoupement de leurs territoires ;
- l'usage des pesticides qui éliminent sans distinction tous les insectes. Exemple : la disparition des abeilles, indispensables à la pollinisation, dans le sud de l'Île-de-France.



L'humain et la protection des écosystèmes : exemple de la réintroduction du loup dans les Alpes

En France, la progression des cultures et des élevages ovins ont conduit à la disparition des habitats occupés par les loups.

Le loup, comme tout être vivant, appartient à une chaîne alimentaire. Son absence a été bénéfique pour le développement agricole, mais cela a été une catastrophe pour l'équilibre des écosystèmes.

En effet, on constate que, sans le loup, le nombre de petits rongeurs a explosé. Ces animaux se nourrissant de grandes quantités de petits buissons ont provoqué la baisse des surfaces boisées, car les cervidés ont dû alors se nourrir de jeunes arbrisseaux. Une fois la forêt disparue, la baisse de biodiversité devient irréversible.



Depuis quelques décennies, le loup a été réintroduit dans ses anciens écosystèmes afin de réguler naturellement les populations.



À retenir

L'humain peut donc être amené à **recréer artificiellement un équilibre interspécifique**.

Il existe de nombreuses autres solutions pour limiter l'impact de l'humain. Parmi celles-ci, nous pouvons notamment citer :

- la construction d'écoponts (passages réservés aux animaux au-dessus d'une autoroute) ou de crapauducs (tunnels souterrains pour les petits animaux) pour éviter une fragmentation excessive ;
- le développement de l'agriculture biologique plus respectueuse de la biodiversité que l'agriculture intensive ;
- l'exploitation raisonnée des êtres vivants. Par exemple, malgré la forte exploitation forestière dans l'est de la France, le nombre d'arbres est en augmentation dans cette région (ceci s'explique par les politiques qui subventionnent le replantage d'arbres après exploitation ;
- l'usage d'énergies propres, telles que l'éolien ou le solaire, qui produisent moins de CO_2 , gaz à effet de serre à l'origine du réchauffement climatique.

Conclusion :

La biodiversité est telle qu'une étude par échantillon doit être privilégiée pour l'appréhender quantitativement. Donc l'échantillonnage est primordial pour que les résultats soient extrapolables à la totalité de la population.

Spontanément, la structure génétique tend vers l'équilibre de Hardy-Weinberg, mais dans la réalité cet équilibre est rarement conservé sur le long terme à cause des mutations, de la sélection naturelle et de la dérive génétique.

Enfin, l'humain, même s'il est lui aussi un facteur de déséquilibre, est capable de limiter son impact environnemental.