

Les Mathématiques dans la biodiversité et son évolution

1. Prévoir la transmission des gènes de génération en génération

- Une autre composante de la biodiversité est la **diversité génétique** au sein d'une population d'individus de même espèce. Les individus ont des génotypes différents selon la nature des deux **allèles** présents pour chaque **gène**.
- Si la fréquence de l'allèle A est p et celle de l'allèle a , avec $p + q = 1$, la population présente trois génotypes (AA), (Aa) et (aa) dont les proportions respectives sont p^2 , $2pq$ et q^2 dans les conditions théoriques du **modèle de Hardy-Weinberg** :
 - l'effectif est de grande taille ;
 - la reproduction est sexuée et les gamètes s'associent au hasard pour le gène considéré ;
 - il n'y a ni mutations, ni migrations, ni sélection naturelle.
- Les **fréquences des génotypes** dans la population sont alors constantes au fil des générations pour le gène considéré. Dans la réalité, la structure génétique et les fréquences alléliques de la population peuvent changer de génération en génération sous l'effet des forces évolutives, qui dépendent à la fois de l'effectif et du milieu.

2. Estimer la fréquence d'un caractère à partir d'échantillons

- On peut observer que les résultats d'analyse de fréquence d'un caractère à partir d'un échantillon ne sont pas identiques selon les échantillons, ce phénomène est appelé **fluctuation d'échantillonnage**.
- Pour estimer la proportion de présence d'un caractère dans une population, on peut avec un seul échantillon, donner un intervalle dans lequel cette proportion cherchée devrait se situer. Plus la taille de l'échantillon est grande, plus cet intervalle est étroit.
- Pour une fiabilité de 95%, cet intervalle de confiance est :

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

où f est la fréquence observée dans un échantillon de taille n .