COURS PI

L'école sur-mesure

de la Maternelle au Bac, Établissement d'enseignement privé à distance, déclaré auprès du Rectorat de Paris

Term. Générale

Enseignement Scientifique

Module 3 - Une histoire du vivant



- ***Leçons détaillées***
  pour apprendre les notions en jeu
- ***Exemples et illustrations***
  pour comprendre par soi-même
- ***Prolongement numérique***
  pour être acteur et aller + loin
- ***Exercices d'application***
  pour s'entraîner encore et encore
- ***Corrigés des exercices***
  pour vérifier ses acquis



ENSEIGNEMENT SCIENTIFIQUE TERMINALE

Module 3 – Une histoire du vivant

L'AUTEUR



Mathieu MEYER

« Le discours d'un professeur doit s'adapter aux besoins des élèves ». Enseignant expérimenté, Docteur en Chimie et Physico-chimie, il s'adapte facilement à tout public et accompagne élèves et étudiants dans leurs challenges. Doté d'un esprit positif, son approche de l'enseignement scientifique est axée sur le raisonnement, la compréhension, les applications et la manipulation.
Passionné de football et supporter de Lyon depuis toujours, il est aussi un coureur de fond et de trail dont les temps laissent rêveur... 36min sur 10km, 1h18 sur semi-marathon.

LE MOT DE L'AUTEUR

L'histoire du vivant… Histoire et vivant… Deux termes qui laissent entrevoir la complexité qui vous attend dans ce chapitre. En effet, le terme Histoire renvoie à l'Histoire de la vie sur Terre… Quand on sait qu'elle serait apparue il y a près de 800 millions d'années, cela montre l'ampleur de son étude voire son impossibilité. Vivant renvoie à tout ce qui vie sur Terre… Facile me direz-vous. Pourtant, au cours de ce chapitre, nous traiterons aussi bien de virus, de bactéries et de l'Homme. Vous verrez que ce n'est pas si facile, loin de là car la biodiversité est dynamique, en perpétuel mouvement.

Si vous attendez que nous traitions de l'évolution de nombreuses espèces, vous vous trompez. Ce ne sera pas l'objet de ce cours. Bien sûr, nous nous arrêterons sur l'Homo Sapiens et les caractéristiques de la lignée humaine. Mais ce sera tout puisque ce cours a pour but de montrer la complexité de l'histoire du vivant… en le quantifiant puis en s'intéressant aux impacts de l'Homme sur la vie terrestre.

Ce module permettra de voir la lenteur de l'évolution anatomique… une lenteur opposée à nos modes de vie contemporains si rapides… mais aussi opposée à l'évolution des virus et des bactéries qui nous oblige à faire évoluer sans cesse les armes qui nous aident à les contenir. Je fais bien sûr référence aux vaccins et aux antibiotiques.

Après « Histoire » ne signifie pas forcément « Passé » … l'Histoire s'écrit aussi par l'anticipation du « Futur ». Et nos outils comme les mathématiques permettent une meilleure compréhension du vivant. Ils permettent même de modéliser la dynamique des systèmes vivants afin de décrire leur évolution. Ils ont même permis le développement de l'informatique et plus récemment d'une nouvelle science : l'Intelligence Artificielle.
Ce module, à la croisée de la biologie, des mathématiques et de l'informatique, vise à une compréhension globale de l'Histoire du vivant, passée comme future.

TERMINALE GÉNÉRALE
ENSEIGNEMENT SCIENTIFIQUE

Module 3 • Une histoire du vivant

CHAPITRE 1. Biodiversité et évolution 3

COMPÉTENCES VISÉES

- Exploiter des données obtenues au cours d'une sortie de terrain ou d'explorations scientifiques (historiques et/ou actuelles) pour estimer la biodiversité (richesse spécifique et/ou abondance relative de chaque taxon).
- Quantifier l'effectif d'une population ou d'un taxon plus vaste à partir de résultats d'échantillonnage.
- Estimer une abondance par la méthode de capture, marquage, recapture, fondée sur le calcul d'une quatrième proportionnelle.
- En utilisant une formule donnée pour un intervalle de confiance au niveau de confiance de 95 %, estimer un paramètre inconnu dans une population de grande taille à partir des résultats observés sur un échantillon.
- Pour la transmission de deux allèles dans le cadre du modèle de Hardy-Weinberg, établir les relations entre les probabilités des génotypes d'une génération et celles de la génération précédente.
- Utiliser un modèle géométrique simple (quadrillage) pour calculer l'impact d'une fragmentation sur la surface disponible pour une espèce.
- Analyser des documents pour comprendre les mesures de protection de populations à faibles effectifs.
- Identifier des critères de gestion durable d'un écosystème. Envisager des solutions pour un environnement proche.
- Expliquer l'origine d'une structure anatomique en mobilisant les concepts de hasard, de variation, de sélection naturelle et d'adaptation (exemple de l'œil).
- Interpréter des caractéristiques anatomiques humaines en relation avec des contraintes historiques
- Mobiliser des concepts évolutionnistes pour expliquer comment des populations microbiennes pourront à longue échéance ne plus être sensibles à un vaccin (ou un antibiotique) ou comment l'utilisation de produits phytosanitaires favorise le développement de ravageurs des cultures qui y sont résistants

Première approche 4

1. Notions fondamentales 7

Le temps du bilan 22

2. L'évolution comme grille de lecture du monde 23

Le temps du bilan 30

Exercices 31

Les Clés du Bac : rédiger une argumentation scientifique 41

CHAPITRE 2. L'évolution humaine 45

COMPÉTENCES VISÉES

- Analyser des matrices de comparaison de caractères morpho-anatomiques résultant d'innovations évolutives afin d'établir des liens de parenté et de construire un arbre phylogénétique.
- Mettre en relation la ressemblance génétique entre les espèces de primates et leur degré de parenté.
- Positionner quelques espèces fossiles dans un arbre phylogénétique, à partir de l'étude de caractères.
- Analyser des arguments scientifiques qui ont permis de préciser la parenté d'Homo sapiens avec les autres Homo, et notamment la parenté éventuelle avec les Néandertaliens ou les Dénisoviens.

Première approche 46
1. L'homme : de nombreux caractères partagés avec les primates 49
2. L'analyse de fossiles ou la reconstitution de notre histoire 52
3. L'homme de Neandertal et l'homme de Desinova… de très proches cousins 57
4. La transmission de caractères non-génétiques 58
Le temps du bilan 61
Exercices 62
Les Clés du Bac : rédiger une argumentation scientifique 73

CHAPITRE 3. Les modèles démographiques et l'intellience artificielle 79

COMPÉTENCES VISÉES

- Exprimer u(n) en fonction de u(0) et n de différents modèles mathématiques.
- Produire et interpréter des graphiques statistiques traduisant l'évolution d'effectif d'une population ou de ressources, notamment sous forme de nuages de points.
- À l'aide d'une calculatrice ou d'un tableur, ajuster un nuage de points par une droite et utiliser ce modèle
- À partir de données démographiques, calculer le taux de variation d'une population entre deux dates.
- Calculer l'effectif final d'une population à partir de son effectif initial, de son taux de natalité et de son taux de mortalité.
- À l'aide d'un tableur, d'une calculatrice ou d'une représentation graphique, calculer le temps de doublement d'une population sous l'hypothèse de croissance exponentielle.
- À partir de documents fournis, proposer un modèle de croissance de ressources alimentaires.
- Comparer les valeurs fournies par un modèle à des données réelles afin de tester sa validité.
- Analyser des documents historiques relatifs au traitement de l'information et à son automatisation.
- Savoir distinguer les fichiers exécutables des autres fichiers sous un système d'exploitation donné.
- Connaître l'ordre de grandeur de la taille d'un fichier image, son, vidéo.
- Savoir calculer la taille en octets d'une page de texte (en ASCII et non compressé).
- Analyser des documents relatifs à une application de l'intelligence artificielle.
- Utiliser une courbe de tendance (encore appelée courbe de régression) pour estimer une valeur inconnue à partir de données d'entraînement.
- Analyser un exemple d'utilisation de l'intelligence artificielle : identifier la source des données utilisées et les corrélations exploitées.
- Sur des exemples réels, reconnaître les possibles biais dans les données, les limites de la représentativité.

Première approche 80
1. Les modèles démographiques 85
Le temps du bilan 94
2. L'intelligence artificielle 96
Le temps du bilan 106
Exercices 107
Les Clés du Bac : ouverture d'un sujet sur une conclusion 116



Toutes les applications proposées dans ce module disposent de corrigés-types.

- Dans la **version papier**, vous les retrouverez regroupés en toute fin du fascicule, et les repérerez à leur impression sur **papier de couleur**.
- Dans la **version numérique** de l'ouvrage, ils vous sont accessibles en scannant le QR code ci-contre.

SUGGESTIONS CULTURELLES



BIBLIOTHÈQUE THÉMATIQUE

Une sélection de ressources à explorer librement et goulûment

ESSAIS

- **Atlas de la biologie** *Günther Vogel et Hartmut Angermann*
- **Atlas des vertébrés De leurs origines à nos jours** *Arthur Escher et Robin Marchant*
- **Evolution** *Yves Coppens*
- **Darwin et les grandes énigmes de la vie** *Stephen Jay Gould*
- **Le coup de la girafe : Des savants dans la savane** *Léo Grasset*
- **Le Hasard et la Nécessité** *Jacques Monod*
- **La plus belle histoire du monde** *Reeves, Simonnet, Coppens, de Rosnay*
- **La raison du plus faible** *Jean-Marie Pelt*
- **Sur les épaules de Darwin (tous les tomes)** *Jean-Claude Ameisen*

BANDES DESSINÉES

- **Alpha... directions** *Jens Harder*
- **Darwin (tous les tomes)** *Fabio Bono et Christian Clot*
- **La biologie en BD** *Larry Gonick*
- **La génétique en BD** *Larry Gonick*

DOCUMENTAIRES AUDIOVISUELS

- **Ce que Darwin ne savait pas encore** *John Rubin*
- **La fabuleuse histoire de l'évolution (6 épisodes)** *Satoshi Okabe*
- **L'évolution en marche (4 épisodes)** *Frédéric Febvre, Jean-François Barthod et Luc Riolon*
- **L'ADN, nos ancêtres et nous** *Franck Guerin, Emmanuel Leconte*

PODCASTS

- **La méthode scientifique** *France Culture*
- **Futura dans les étoiles de Futura sciences** *https://podcasts.futura-sciences.com/futura-futura-dans-les-etoiles/*


Le Cours

CHAPITRE 1
BIODIVERSITÉ ET ÉVOLUTION



Il a été décidé par l'équipe pédagogique des Cours Pi que les parties sur les « Biodiversité et évolution » et « L'Evolution comme grille de lecture du monde » seraient regroupées au sein d'un même chapitre. En effet, ces deux parties, très complémentaires, permettent lors d'études groupées une vision globale de la biodiversité et de son évolution.

Au cours de ce chapitre, nous nous intéresserons en première partie à la biodiversité et son évolution. Sa définition mais aussi son estimation et son évolution seront étudiées. Nous verrons ensemble par la suite comme l'évolution permet de comprendre l'histoire du monde en se basant sur quelques structures anatomiques ou les organismes microbiens.

COMPÉTENCES VISÉES

- Exploiter des données obtenues au cours d'une sortie de terrain ou d'explorations scientifiques (historiques et/ou actuelles) pour estimer la biodiversité (richesse spécifique et/ou abondance relative de chaque taxon).
- Quantifier l'effectif d'une population ou d'un taxon plus vaste à partir de résultats d'échantillonnage.
- Estimer une abondance par la méthode de capture, marquage, recapture, fondée sur le calcul d'une quatrième proportionnelle.
- En utilisant une formule donnée pour un intervalle de confiance au niveau de confiance de 95 %, estimer un paramètre inconnu dans une population de grande taille à partir des résultats observés sur un échantillon.
- Pour la transmission de deux allèles dans le cadre du modèle de Hardy-Weinberg, établir les relations entre les probabilités des génotypes d'une génération et celles de la génération précédente.
- Utiliser un modèle géométrique simple (quadrillage) pour calculer l'impact d'une fragmentation sur la surface disponible pour une espèce.
- Analyser des documents pour comprendre les mesures de protection de populations à faibles effectifs.
- Identifier des critères de gestion durable d'un écosystème. Envisager des solutions pour un environnement proche.
- Expliquer l'origine d'une structure anatomique en mobilisant les concepts de hasard, de variation, de sélection naturelle et d'adaptation (exemple de l'œil).
- Interpréter des caractéristiques anatomiques humaines en relation avec des contraintes historiques (comme le trajet de la crosse aortique), des contraintes de construction (comme le téton masculin), des compromis sélectifs (comme les difficultés obstétriques) ou des régressions en cours (comme les dents de sagesse).
- Mobiliser des concepts évolutionnistes pour expliquer comment des populations microbiennes pourront à longue échéance ne plus être sensibles à un vaccin (ou un antibiotique) ou comment l'utilisation de produits phytosanitaires favorise le développement de ravageurs des cultures qui y sont résistants.

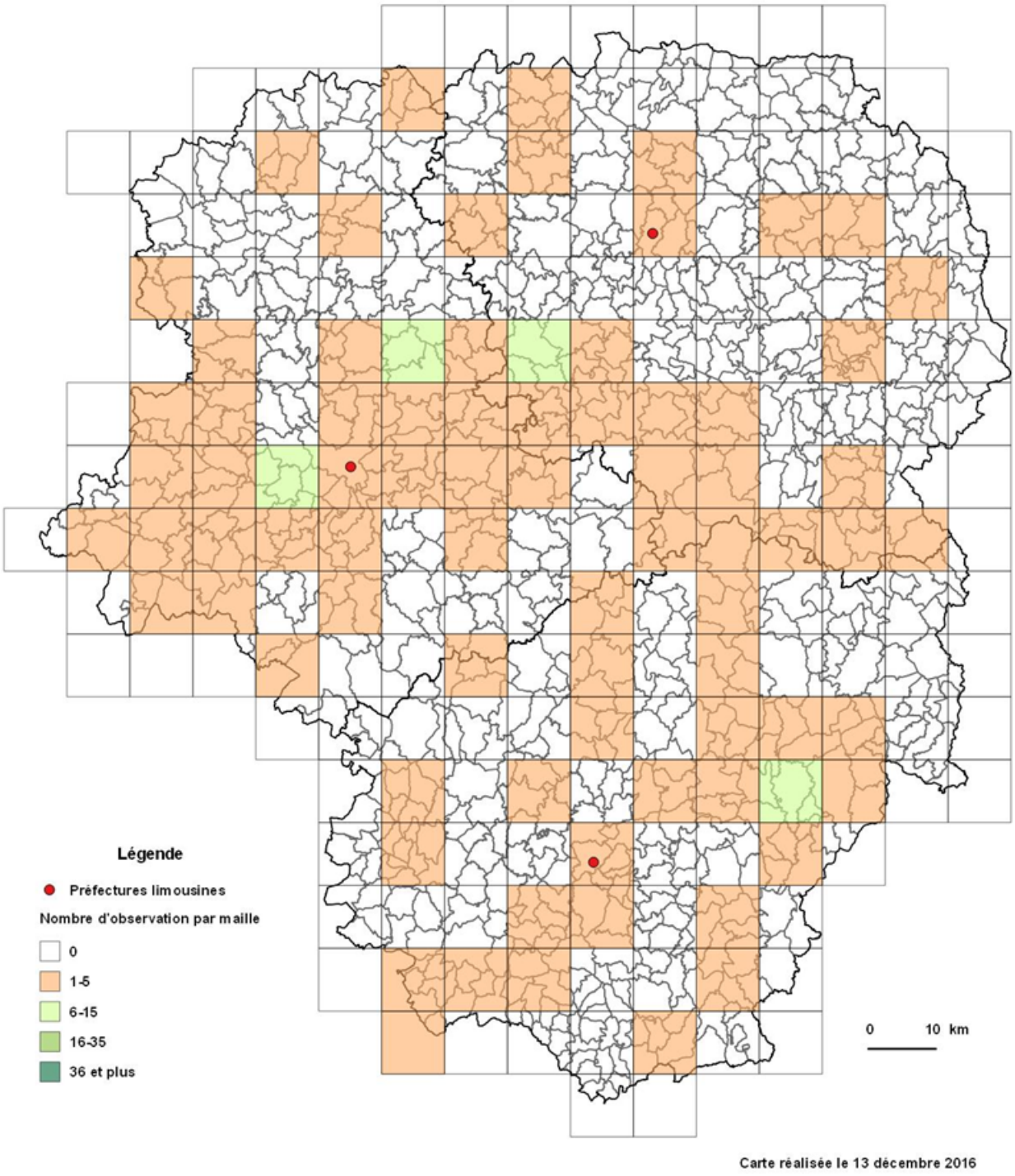
Première approche
Répartition géographique

Voici une carte de la répartition des campagnols des champs en 2016 dans le Limousin.

L'objectif est de déterminer leurs populations. Les données sont issues du site internet du Groupe Mammalogique et Herpétologique du Limousin.

La région a été divisée par un quadrat en mailles de 10 kilomètres de côté. En se basant sur la carte ci-dessous, nous allons chercher à déterminer leurs populations.

Document 1 : campagnol des champs, nombre d'observations par maille



http://gmhl.asso.fr/atlas/micromammiferes/

Le Campagnol des champs mesure entre 9 et 13 cm, a une queue mesurant un peu plus de 3 cm et peut peser jusqu'à 50g. La reproduction commence au printemps. Entre trois et six portées de quatre à cinq jeunes par femelles ont lieux chaque année. On considère que les effectifs des campagnols sont à leurs maximums en automne et diminuent au cours de l'hiver. La durée de vie est de quelques mois et dépasse rarement un an. Son alimentation se base sur les céréales notamment celles cultivées par l'Homme.

1. Justifier que la région ait été divisée en carré de 10km par 10km pour cette prospection.

2. Quel est l'objectif de cette étude ?

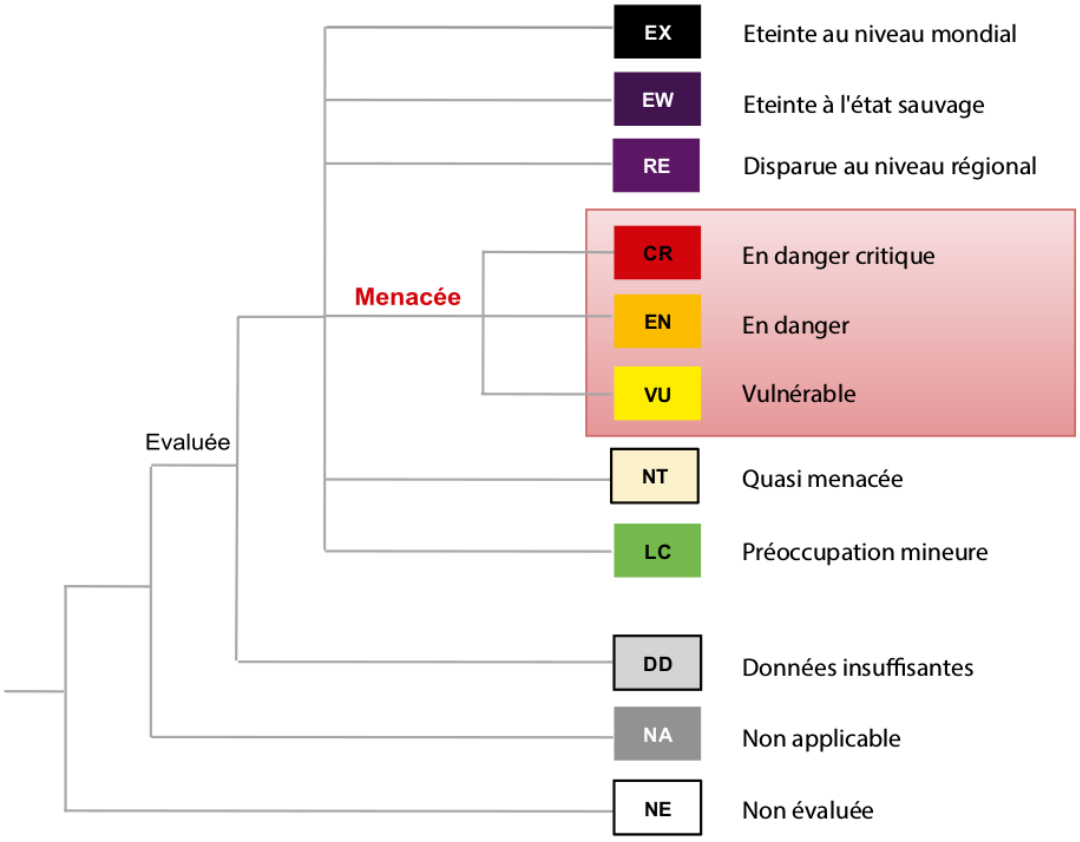
3. Le statut du campagnol des champs est préoccupation mineure selon l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature. D'après vos recherches, que cela signifie-t-il ?

4. En quoi une étude régulière de cette population est-elle importante ?

5. Déterminer d'après les données ci-dessous, la population minimale et maximale recensée en 2016 du campagnol des champs.

CORRECTION

1. Dénombrer des animaux dans une région aussi grande que le Limousin (près de 17 000 km^2) est impossible sans une méthodologie précise. Diviser cette région est zone de taille égale permet de gagner en précision dans les résultats. Cela permet aussi de faire des études ciblées par la suite. Il sera beaucoup plus facile d'aller chercher une information dans une zone délimitée (10 km sur 10 km) préalablement définie.
2. L'objectif de cette étude est de déterminer la population du campagnol des champs. Cela permet de faire un recensement de l'espèce mais aussi de la biodiversité présente dans la région.
3. Ce terme a été développée par l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature. Cette institution internationale vise à recenser et suivre l'évolution des espèces menacées afin de mettre en œuvre une politique afin d'éviter leurs extinctions.
   Voici un graphique des différentes catégories pour caractériser la densité de population d'une espèce :



   Le terme « Préoccupation Mineure » renvoie à une population animale évaluée mais dont la population ne suggère pas de risque de disparition.

4. Une étude régulière est importante puisqu'elle peut mettre en avant un danger pour l'espèce ou d'autres espèces. Une forte diminution du campagnol des champs dans les prochaines années peut suggérer l'apparition d'un prédateur (Renards, Rapaces) ou une disparition de son alimentation.
   Au-delà de ces raisons, une autre s'impose : cet animal se nourrit des céréales cultivées par l'Homme. Une prolifération de cette espèce aurait un impact majeur sur les cultures et les activités humaines.
5. Recensons les mailles où la population est présente :

Maille de couleur	Orange	Verte
Nombre de maille	**76**	**4**
Population minimale	**1**	**6**
Population maximale	**5**	**15**

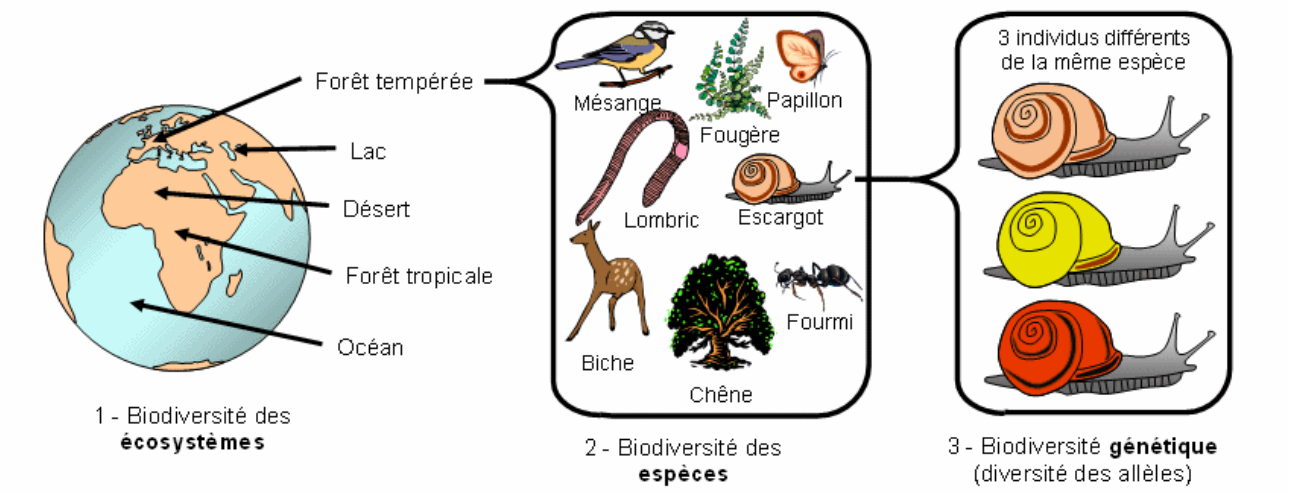
$$\text{Population minimale recensée} = 76 \times 1 + 4 \times 6 = 76 + 24 = 100$$
$$\text{Population maximale recensée} = 76 \times 5 + 4 \times 15 = 380 + 60 = 440$$

01 BIODIVERSITÉ ET ÉVOLUTION
Notions fondamentales

QU'EST-CE QUE LA BIODIVERSITÉ ?

La notion de biodiversité vous est surement déjà familière puisqu'elle a été déjà étudiée au collège et en seconde. Mais revenons dessus. La biodiversité se définit comme la variété et la variabilité du monde du vivant sous toutes ses formes. Le terme biodiversité renvoie à trois thématiques :

- La biodiversité des écosystèmes.
- La biodiversité des espèces.
- La biodiversité génétique.



1 - Biodiversité des **écosystèmes**

2 - Biodiversité des **espèces**

3 - Biodiversité **génétique** (diversité des allèles)

Une étude récente a publié une estimation quantitative de la biodiversité mondiale.

	Ensemble des milieux			Milieu marin		
	Espèces décrites	Estimation totale	Marge d'erreur	Espèces décrites	Estimation totale	Marge d'erreur
Eucaryotes						
Animaux	953,434	7,770,000	958,000	171,082	2,150,000	145,000
Chromées	13,033	27,500	30,500	4,859	7,400	9,640
Champignons	43,271	611,000	297,000	1,097	5,320	11,100
Plantes	215,644	298,000	8,200	8,600	16,600	9,130
Protozoaires	8,118	36,400	6,690	8,118	36,400	6,690
Total	1,233,500	8,740,000	1,300,000	193,756	2,210,000	182,000
Procaryotes						
Archées	502	455	160	1	1	0
Bactérie	10,358	9,680	3,470	652	1,320	436
Total	10,860	10,100	3,630	653	1,320	436
Total	**1,244,360**	**8,750,000**	**1,300,000**	**194,409**	**2,210,000**	**182,000**

RÉFLÉCHISSONS ENSEMBLE

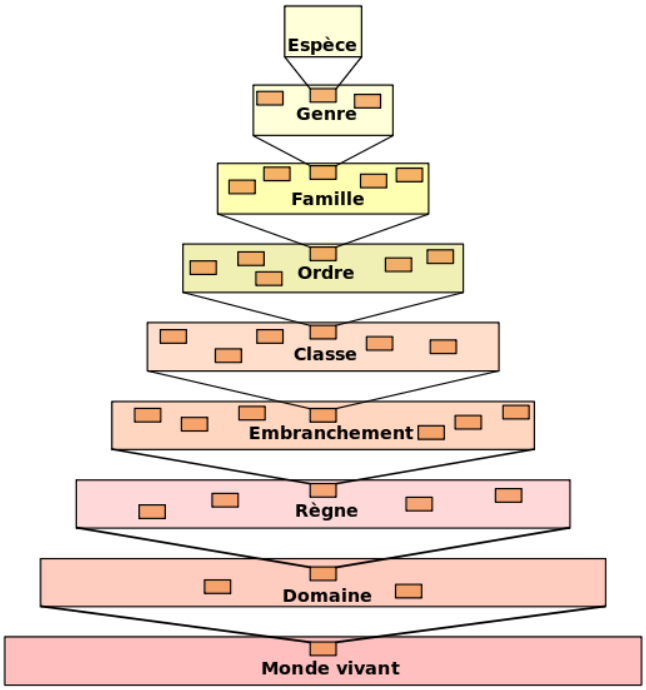
Que pouvez-vous en déduire sur les connaissances de l'Homme sur la biodiversité ?

Ce tableau issu d'une publication scientifique cherche à quantifier le nombre d'espèces présentes sur Terre. Deux expressions attirent l'attention : « Espèces décrites » et « Estimation totale ». La première expression correspond aux espèces connues de l'Homme. Cette étude les estime à 1 244 360. Cependant, cette part est relativement faible devant la biodiversité totale qui elle est estimée à 8 750 000. Les connaissances de l'Homme restent donc relativement faibles concernant la biodiversité et de nombreuses espèces restent à découvrir.

La France représente, à elle seule, plus de 10% de la biodiversité mondiale d'après une étude du Muséum national d'histoire naturelle en 2016. 182 498 espèces de la faune et de la flore terrestres et marines ont été recensées sur les 1,2 millions d'espèces décomptées en 2009. On trouve en France plus exactement :

- au moins 50 % des mammifères marins
- 20 % des échinodermes et des cnidaires (coraux, méduses, etc.)
- 25 % des oiseaux
- 20 % des poissons marins et d'eau douce
- Plus de 10 % des mammifères terrestres
- 7 % des insectes connus au niveau mondial. Les insectes représentent la moitié de la faune française.

Une étude approfondie des espèces met en avant des taxons. Ce terme renvoie à un regroupement d'organismes vivants possédant en commun des caractères définis. Le taxon de base est le terme « espèce » qui constitue le socle de base de la classification. Ensuite, plus le rang du taxon s'élève, plus le degré de ressemblance des individus diminuent.



Pour quantifier la biodiversité, les techniques d'échantillonnage sont effectuées pour déterminer la richesse spécifique d'une espèce, c'est-à-dire la quantifier. Quand celle-ci est macroscopique, l'utilisation de quadrat ou de transect est très utile.





Le quadrat correspond à une surface carrée ou rectangulaire au sol dans laquelle les scientifiques vont effectuer un relevé qualitatif et quantitatif des espèces présentes. Le transect se fait à une plus grande échelle. Il s'agit d'un trajet dans un écosystème où l'ensemble des êtres vivants observés est relevé. Au-delà, de déterminer la présence ou non d'une espèce, le dénombrement de celle-ci est primordial.

JE VÉRIFIE MES CONNAISSANCES

La biodiversité est-elle entièrement connue ? quelles sont les difficultés liées à son dénombrement ?

La biodiversité mondiale n'est pas entièrement connue. On dénombre actuellement environ 1 250 000 espèces connues alors que les scientifiques estiment que sont nombre réel est de près de 9 000 000. Cette différence peut s'expliquer par plusieurs phénomènes comme l'inaccessibilité de certaines zones (il est difficile d'aller dénombrer la biodiversité au fond des océans comme dans les fosses) et la difficulté à couvrir l'ensemble d'un territoire.

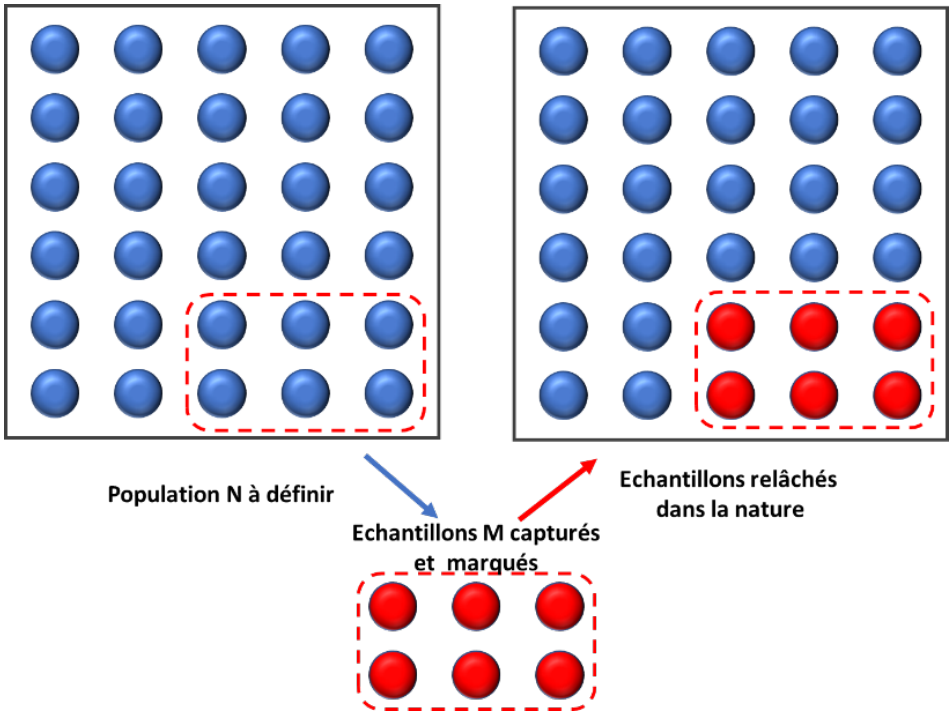
L'ESSENTIEL

Il existe sur Terre un très grand nombre d'espèce. L'Homme n'en connait lui-même qu'un faible pourcentage, à peine plus de 10%. Cette biodiversité est étudiée et mesurée par des techniques d'échantillonnages (quadrat, transect).
Celles-ci permettent de d'estimer le nombre d'espèces d'une espèce dans un milieu, c'est-à-dire sa richesse spécifique.

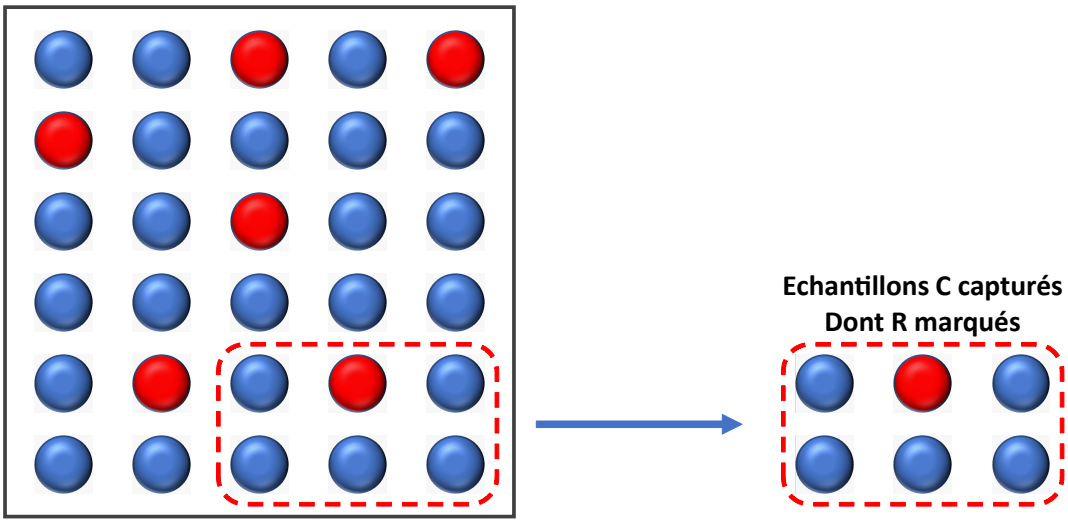
ESTIMATION D'UNE POPULATION

Mais comment déterminer précisément une espèce au sein d'un transect ?
Il existe plusieurs méthodes d'échantillonnages mais nous allons intéresser à la méthode dite de « capture-marquage-recapture » (CMR) qui repose sur des calculs effectués sur un échantillon. Bien que ces calculs soient liés à de la biostatistique, leur fonctionnement reste relativement simple. Cette méthode permet notamment d'apporter des réponses quantitatives à des questions relatives à la biologie, la médecine, l'environnement et la biodiversité. Définissons la méthode CMR.

L'étape 1 consiste à prélever un certain nombre d'échantillons et de les marqués. Ceux-ci, alors quantifiés sont remis dans leurs milieux naturels.



Etape 2
Après quelques temps, une seconde capture est effectuée sur C échantillons dont R marqués.



On peut alors appliquer les calculs suivants. En supposant que la proportion d'individus marqués dans l'échantillon 1 $\frac{M}{N}$ est égal à la proportion de la seconde capture $\frac{R}{C}$.
On peut alors en déduire que : $\frac{M}{N} = \frac{R}{C}$
La détermination de l'échantillon N est alors égale à : $N = \frac{M \times C}{R}$

Dans notre cas :

- N est notre inconnue.
- M le premier échantillon marqué correspond à 6 éléments.
- C le second échantillon capturé vaut 6.
- R, les éléments marqués du second échantillon, vaut 1.
-

L'application numérique vaut : $N = \frac{M \times C}{R} = \frac{6 \times 6}{1} = 36$

N vaut 36 soit le nombre de billes bleues dans l'échantillon 1.



JE VÉRIFIE MES CONNAISSANCES

Expliquez en quelques lignes la technique de CMR.

La CMR (Capture – Marquage – Recapture) est une technique qui vise à quantifier une population. Elle se déroule en deux étapes. La première consiste à prélever un certain effectif de la population, de le dénombrer et de le marquer. Cet échantillon est alors remis dans le milieu naturel. Une seconde capture a lieu quelques temps plus tard. En quantifiant le nombre d'échantillon marqué dans cet effectif « capturé », il est possible de revenir à la population de l'échantillon initial.



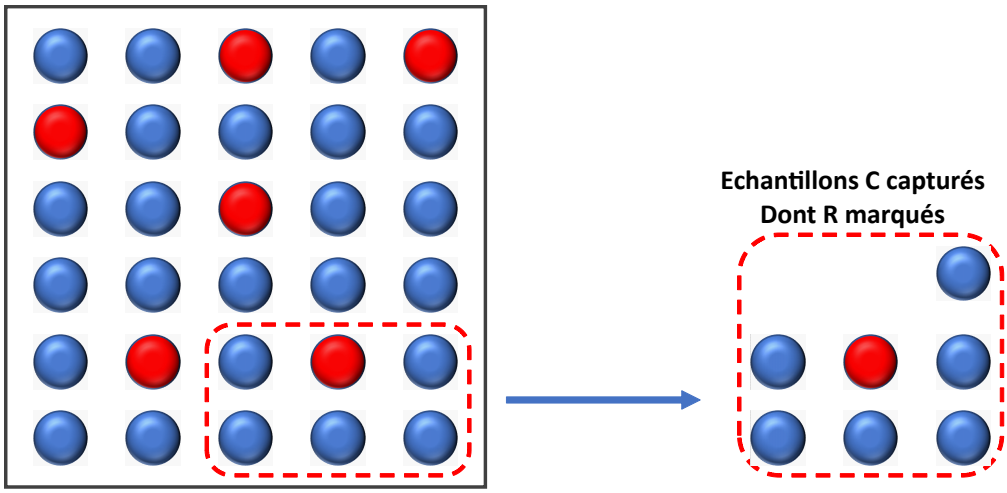
RÉFLÉCHISSONS ENSEMBLE

Quelles sont les conditions pour que ce résultat soit valable ?

Plusieurs conditions existent pour que ce résultat puisse être considéré comme juste :

- La population doit avoir un effectif constant.
- Les méthodes de capture sont reproductibles.
- Le marquage n'impacte pas la survie de l'espèce.

Une des limites de l'activité précédente est la valeur du nombre de d'éléments issu de la seconde capture (C). Si dans notre cas, C valait 7, la valeur de N aurait été différente.



Dans le cas présent, on a alors N qui vaut : $N = \frac{M \times C}{R} = \frac{6 \times 7}{1} = 42$

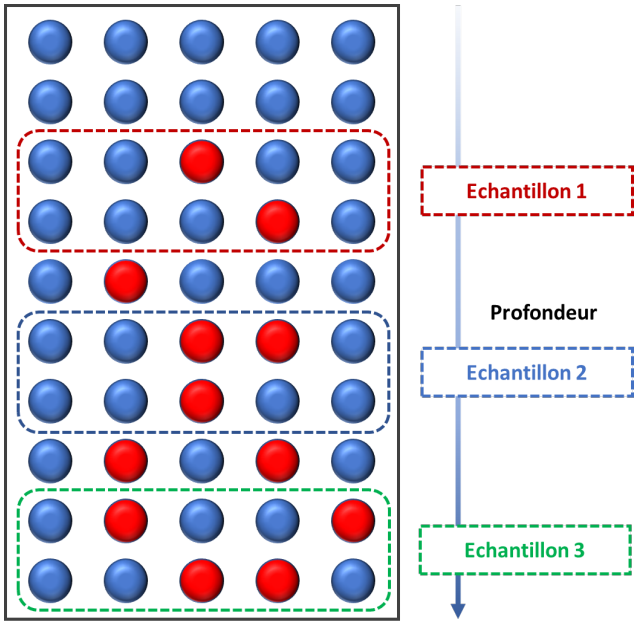
La variabilité de N selon l'effectif de la seconde capture demande donc aux scientifiques de faire intervenir une nouvelle donnée qui est celle de **l'intervalle de confiance.**

L'intervalle de confiance permet d'attribuer un certain niveau de confiance à accorder à une estimation en fonction de la taille de l'échantillon.

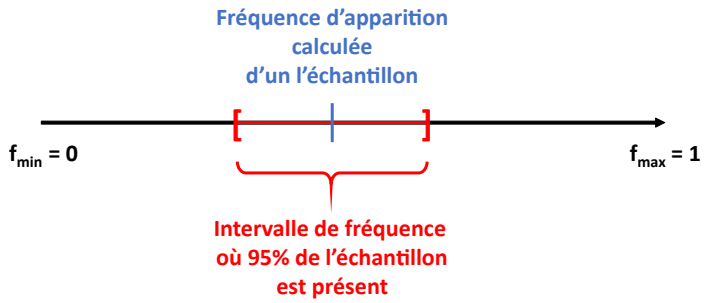
Pour des valeurs d'un échantillon de taille n, l'intervalle de confiance à 95% vaut :

$$I_{C-95\%} = \left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

Simplifions ce théorème mathématique par un exemple facile à comprendre.



Dans le cas présent, la fréquence d'apparition d'une boule rouge change que l'on soit dans les échantillons 1, 2 ou 3. Il est donc impossible à partir d'un seul échantillon d'avoir la proportion exacte de boules rouges.
Il est donc important de tenir compte de cette variabilité et ne déterminant plus une seule valeur de fréquence d'apparition mais un intervalle de fréquence de population.



Revenons sur l'exemple ci-dessus et estimons la fréquence d'apparition f d'une boule rouge dans l'échantillon 2 :

$$f = \frac{nombre\ de\ boules\ à\ caractère\ rouge\ dans\ l'échantillon}{taille\ de\ l'échantillon} = \frac{3}{10} = 0{,}3$$

Il est alors possible de déterminer l'intervalle de confiance où 95% de l'échantillon se situe. Pour cela, il est nécessaire de dénombrer l'échantillon total, c'est-à-dire le nombre de billes quelles que soient leurs couleurs. Dans notre cas, il y a 50 boules, n = 50.

$$I_{C-95\%} = \left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}}\right]$$

$$I_{C-95\%} = \left[0{,}3 - \frac{1}{\sqrt{50}} ; 0{,}3 + \frac{1}{\sqrt{50}}\right]$$

$$I_{C-95\%} = [0{,}159 ; 0{,}441]$$

Il est possible de conclure ici que la fréquence d'apparition d'une boule rouge est comprise entre 0,159 et 0,441. Ces valeurs peuvent alors être appliquées pour déterminer un intervalle de la valeur N de la population.

Il est aussi important dans le cadre de la CMR, la fréquence f (appelée aussi p pour proportion) est la proportion d'individus marqués dans l'échantillon de recapture. Elle est donc égale à : $f = \frac{R}{C}$



RÉFLÉCHISSONS ENSEMBLE

Définissons le paramètre influant sur la précision de l'intervalle de confiance.

Cas 1 :	Cas 2 :
Soit une fréquence d'apparition f de 0,4 avec un échantillon total de 100. Calculer l'intervalle de confiance.	Soit une fréquence d'apparition f de 0,4 avec un échantillon total de 1 000. Calculer l'intervalle de confiance.

Cas 1 :	Cas 2 :
$I_{C-95\%} = \left[0{,}4 - \frac{1}{\sqrt{100}} ; 0{,}4 + \frac{1}{\sqrt{100}}\right]$ $I_{C-95\%} = [0{,}3 ; 0{,}5]$	$I_{C-95\%} = \left[0{,}4 - \frac{1}{\sqrt{1\,000}} ; 0{,}4 + \frac{1}{\sqrt{1\,000}}\right]$ $I_{C-95\%} = [0{,}368 ; 0{,}432]$

La précision de l'intervalle de confiance augmente avec la valeur de l'effectif de l'échantillon. Plus celui-ci est grand, plus l'intervalle de confiance et la précision des calculs le seront.



JE VÉRIFIE MES CONNAISSANCES

Pourquoi avoir défini un intervalle de confiance alors que la technique CMR dont un nombre précis.

La technique de CMR, malgré une facilité d'utilisation intéressante et une grande précision, présente quelques limites. Les espèces ne doivent pas mourir, ni se reproduire puisque l'effectif doit être constant. Lors des études sur de longues périodes où la gestation de l'espèce est présente (naissances de petits), un résultat précis devient impossible à avoir. C'est pourquoi les scientifiques ont mis en place un intervalle de confiance qui permet de connaitre un intervalle de valeurs dans laquelle se situe l'effectif de la population dénombrée.

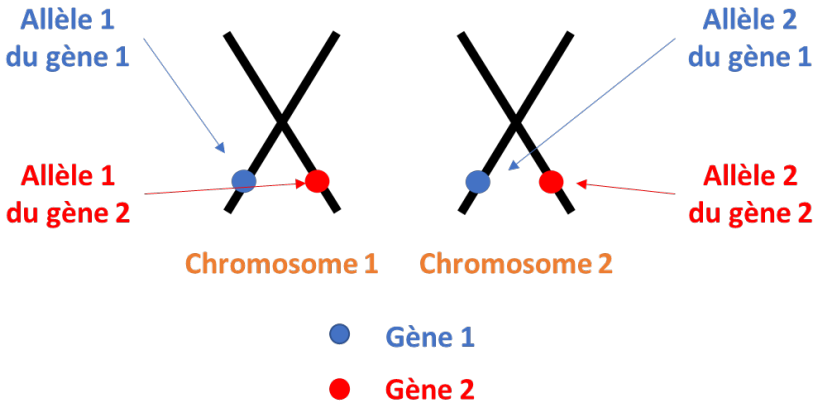


L'ESSENTIEL

La méthode de « capture-marquage- recapture » est une des techniques utilisées pour estimer la taille d'un échantillon. Le produit en croix à l'issue de la recapture permet une estimation de l'effectif total. Cette technique nécessite néanmoins que la proportion d'individus marqués n'ait pas évolué entre la « capture » et la « recapture ».
Un échantillon ne permet pas d'avoir la valeur exacte d'une population. Un intervalle de confiance est un outil mathématique suffisamment fiable pour déterminer une estimation précise de cette population. Cette estimation sera d'autant plus précise que l'échantillon sera grand.

LA COMPOSITION GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS AU COURS DU TEMPS

Cependant, la méthode CMR impose que la population marquée entre deux captures n'évolue pas, ce qui est scientifiquement impossible dans le cas d'évolution des espèces, surtout si on s'intéresse au côté génétique. Ce dernier va être le point suivant.
Mais revenons sur la définition de gènes et d'allèles. En génétique, des séquences d'acide désoxyribonucléique (ADN) déterminent les caractères héréditaires d'une génération à une autre. Ces séquences d'appellent des gènes, qui se situent sur chaque chromosome. Dans une cellule diploïde, ces derniers chromosomes se trouvent par pair et chaque gène se trouve sur chaque chromosome. Il y a donc deux versions de gènes qui s'appelle « allèle ».



Lors de sa conception, un organisme reçoit deux allèles, un étant issu de chaque parent. Imaginons maintenant que chaque parent est deux types d'allèles : A et a.

	A	a
A	A//A	A//a
a	a//A	a//a

Les deux allèles mis en commun constituent le génotype : A//A, A//a (qui est le même que a//A) et a//a. Les génotypes A//A et a//a sont dits homozygotes alors que Aa est dit hétérozygote.

Dans la partie de cours suivante, des outils mathématiques vont être utilisés afin de déterminer la composition génétique d'une population d'une espèce de génération en génération. C'est le modèle de Hardy-Weinberg qui permet d'estimer la population.

Posons quelques hypothèses avant de commencer :

- L'allèle *A* a une fréquence *p*.
- L'allèle *a* a une fréquence *q*.
- p et q sont liés par la relation $q = 1 - p$ (et $p = 1 - q$).
- La proportion des génotypes va être la suivante :
  - p_n est la proportion des génotypes A//A à la génération n.
  - q_n est la proportion des génotypes a//A (ou A//a) à la génération n.
  - r_n est la proportion des génotypes a//a à la génération n.
  - $p_n + q_n + r_n = 1$.
- Ce modèle repose sur des hypothèses de départ dont :
  - La population est suffisamment grande pour que les fréquences observées soient considérées comme des probabilité d'après la loi des grands nombres.
  - Le choix du partenaire sexuel au sein de la population se fait au hasard : c'est la « panmixie ».
  - Il n'y a ni migration, mutation ou sélection d'allèles.
  - Aucune union possible entre des générations différentes.

Les hypothèses étant posées, nous pouvons maintenant déterminer les relations permettant d'étudier les évolutions alléliques de génération en génération.
Reprenons le tableau initial :

	A	a
A	A//A	A//a
a	a//A	a//a

Le génotype A//A de la génération n + 1 comporte deux allèles A de la génération n d'où :
$p_{n+1} = A_n \times A_n = A_n^2$

On en déduit que la probabilité du génotype A//A à la génération n+1 est simplement le produit des probabilités de chaque allèle A à la génération n.

Les mêmes méthodes peuvent être appliquées pour les génotypes a//a et A//a :

- Pour le génotype a//a à la génération n + 1 :

$$r_{n+1} = a_n \times a_n = a_n^2$$

- Pour le génotype A//a (qui apparait deux fois) à la génération n + 1 :

$$q_{n+1} = A_n \times a_n + \ a_n \times A_n = 2A_n a_n$$

A l'issue de cette première partie de démonstration, sont calculées les probabilités des génotypes A//A, A//a et a//a.

Or ce qui nous intéresse, c'est la fréquence allélique, la fréquence des allèles *A* et *a* à chaque génération. La deuxième partie de la démonstration va nous permettre de le déterminer.
Partons de l'hypothèse qu'il y a N génotype. Un génotype étant constitué de deux allèles, il y a donc 2N allèles. Le génotype A//A a deux allèles *A*, le génotype a//a a deux allèles *a* et le génotype A//a a une allèle A et une allèle *a*.

Le nombre total d'allèle A à la génération n'est donc : $2 \times p_n \times N + \ q_n \times N$. La proportion A_n d'allèles A parmi $2N$ allèles est :

$$A_n = \frac{2 \times p_n \times N + \ q_n \times N}{2N} = p_n + \frac{1}{2} q_n$$

De la même manière :

$$a_n = r_n + \frac{1}{2} q_n$$

Ces relations permettent de déterminer numériquement de la génération n et de la génération n et de la n+1 :

$$p_{n+1} = \left(p_n + \frac{1}{2} q_n\right)^2$$
$$q_{n+1} = \left(r_n + \frac{1}{2} q_n\right)^2$$
$$r_{n+1} = 2\left(p_n + \frac{1}{2} q_n\right)\left(r_n + \frac{1}{2} q_n\right)$$



RÉFLÉCHISSONS ENSEMBLE

Le tableur Excel intitulé « Modèle Hardy-Weinberg » étudie l'évolution d'une fréquence de génotype et d'allèle de génération en génération. Téléchargez-le dans les ressources des Cours Pi.

1. Dans les cases correspondantes, placer les valeurs p0 = 0,6, q0 = 0,3 et r0 = 0,1. Qu'observez-vous ? Quelles conjectures pouvez-vous effectuer ?

.....

.....

.....

2. Cette manipulation va être refaite avec les valeurs : p0 = 0,5, q0 = 0,3 et r0 = 0,2. Vos hypothèses sont-elles vérifiées ? Que peut-on en conclure ?

.....

.....

.....

1. Voici les résultats :

Génération n	p_n	q_n	r_n	A_n	a_n
0	0,6	0,3	0,1	0,75	0,25
1	0,5625	0,375	0,0625	0,75	0,25
2	0,5625	0,375	0,0625	0,75	0,25
3	0,5625	0,375	0,0625	0,75	0,25
4	0,5625	0,375	0,0625	0,75	0,25
5	0,5625	0,375	0,0625	0,75	0,25

A partir de la génération 1, l'ensemble des fréquences sont constantes dans le temps. Il ne semble pas y avoir d'évolution de la fréquence des génotypes et alléliques dans le temps.

2. Voici les résultats pour la seconde étude :

Génération n	p_n	q_n	r_n	A_n	a_n
0	0,5	0,3	0,2	0,65	0,35
1	0,4225	0,455	0,1225	0,65	0,35
2	0,4225	0,455	0,1225	0,65	0,35
3	0,4225	0,455	0,1225	0,65	0,35
4	0,4225	0,455	0,1225	0,65	0,35
5	0,4225	0,455	0,1225	0,65	0,35

Les conjectures sont ici vérifiées. Si les fréquences des génotypes et des allèles sont constantes, cela signifie qu'il existe une certaine stabilité de la structure génétique d'une population dans les conditions du modèle de Hardy-Weinberg.



L'ESSENTIEL

Au cours de l'évolution biologique, la composition génétique d'une population évolue entre à chaque génération. Cependant, le modèle mathématique de Hardy-Weinberg montre que la structure génétique d'une population est stable d'une génération à l'autre sous-certaine conditions (grand nombre, absence de mutation, de migration et de sélection). Cette stabilité théorique est connue sous le nom d'équilibre de Hardy-Weinberg.

Cette étude reste cependant un modèle mathématique qui se base sur un certain nombre d'hypothèses. La réalité peut cependant être différente et des écarts entre les fréquences alléliques observées et la théorie peuvent être différentes.

C'est par exemple le cas dans les petits effectifs. La loi de Hardy-Weinberg s'applique aux grands effectifs dont l'idéal serait une population dont le nombre tend vers l'infini. A l'échelle d'une petite population, il est inévitable que certains allèles ne soient pas transmis entre des générations, provoquant pour les petites populations une possible disparition d'un allèle. On parle de dérive génétique. A ce sujet, plus la population est faible, plus la dérive est importante.

La sélection naturelle est aussi un facteur important. Selon l'environnement, tous les individus d'une population n'ont pas la même capacité à survivre ou à produire une descendance viable. Certains allèles se retrouvent donc transmis de manière proportionnée par rapport à la fréquence de la génération antérieure.



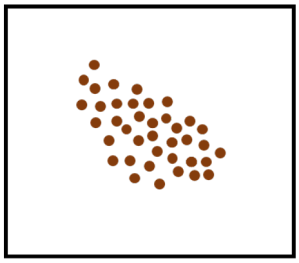
L'ESSENTIEL

Des écarts entre la théorie et la réalité dans la transmission des allèles peuvent être observés. Cela peut s'expliquer par des forces évolutives comme les mutations, la sélection naturelle ou dérive génétique.

La fragmentation d'un espace peut impacter une population.

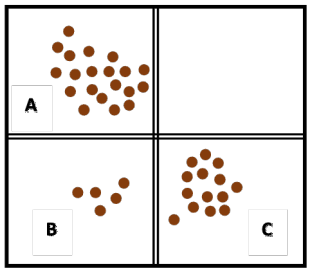
RÉFLÉCHISSONS ENSEMBLE

Prenons un exemple schématique ci-dessous. Une population animale se trouve dans un écosystème adapté. Cette population compte près de 1 000 individus schématisés par des billes.



Imaginons maintenant que l'Homme pour ses besoins construisent des infrastructures qui découpent l'écosystème et donc notre population animale, sans que celle-ci puisse migrer d'une zone à une autre.

Représentation schématique de la population à la suite de la construction d'infrastructures



- Population A : 600 individus.
- Population B : 30 individus.
- Population C : 370 individus.

Au cours de cette activité va être étudié le devenir de ces populations dans 100 générations en supposant que la population a une fréquence allélique A égale à 60% et a égale à 40%.

1. Rendez-vous sur la page : https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/derive-genetique/
2. Intégrez les paramètres suivants :
    a. Nom de l'allèle 1 = A
    b. Nom de l'allèle 2 = a
    c. Fréquence initiale de l'allèle A = 60%
    d. Effectif = 1 000
    e. Nombre de générations = 100
3. Lancez la simulation. Qu'observez-vous ?

.....

.....

.....

4. Refaites les simulations pour les effectifs des populations A, B et C ? Conclure.

.....

.....

.....

3. Voici les résultats de la simulation
Bilan au bout de 100 générations :

	Fréquence initiale	Fréquence finale
Allèle A	60%	64%
Allèle a	40%	36%

4. Voici les résultats des simulations pour les populations A, B et C :
Bilan au bout de 100 générations :

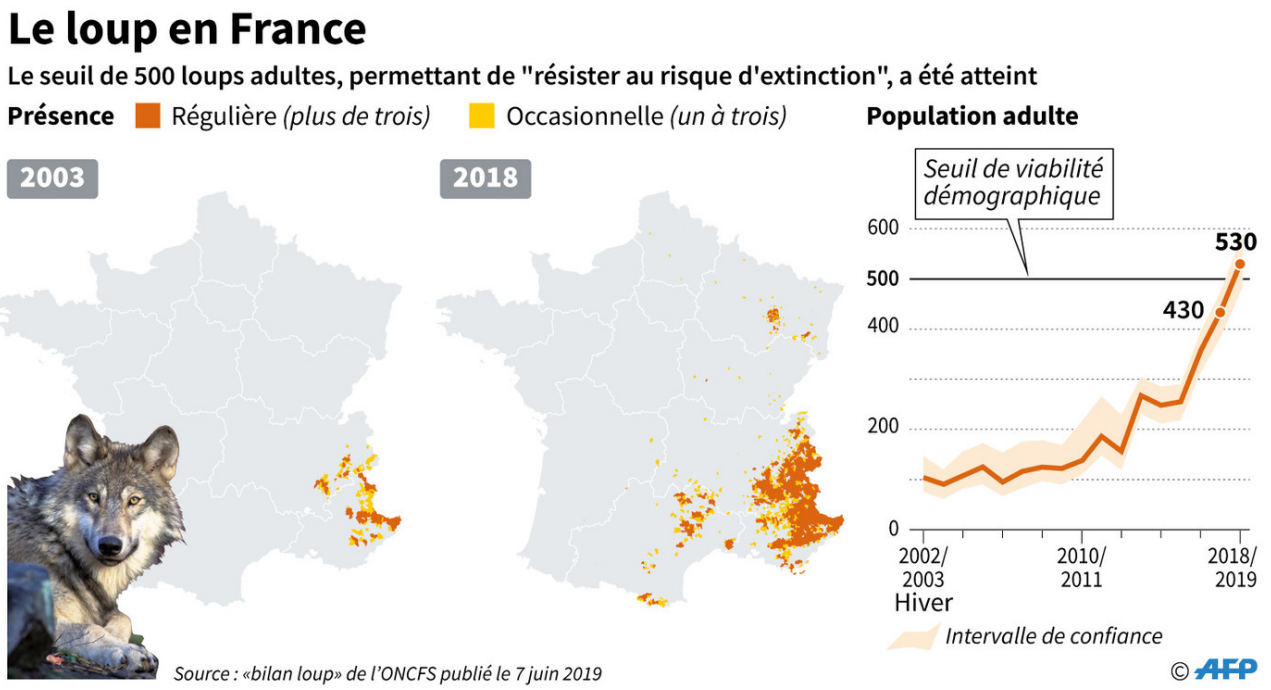
	Fréquence initiale	Fréquence finale 600 personnes POPULATION A	Fréquence finale 370 personnes POPULATION C	Fréquence finale 30 personnes POPULATION B
Allèle A	60%	59%	23%	100%
Allèle a	40%	41%	77%	0%

L'évolution de la fréquence d'un allèle dépend donc de la population d'individus. Cet exemple remet bien en évidence l'impact de la dérive génétique. L'Homme peut par exemple par son activité provoquer l'appauvrissement de la diversité génétique voire l'extinction d'une espèce.

Ces simulations montrent l'impact que peut avoir l'Homme par le développement de ses infrastructures sur l'évolution d'une population d'une espèce ou sa diversité génétique.

C'est en ce sens que les gouvernements nationaux mais aussi les institutions internationales se lancent dans des programmes de préservations de la faune et de la flore. Par exemple, l'Etat Français développe des plans nationaux d'actions (PNA) qui sont des outils visant à la conservation ou le rétablissement d'espèces de faune et de flore sauvages menacées. Un des plans les plus médiatiques de ces dernières années fut le plan de conservation du loup en France.

Un grand plan lancé avant 2010 et poursuivi jusqu'à aujourd'hui vise à permettre la réintroduction du loup dans les Alpes tout en s'assurant que celui-ci n'impacte pas les activités humaines.

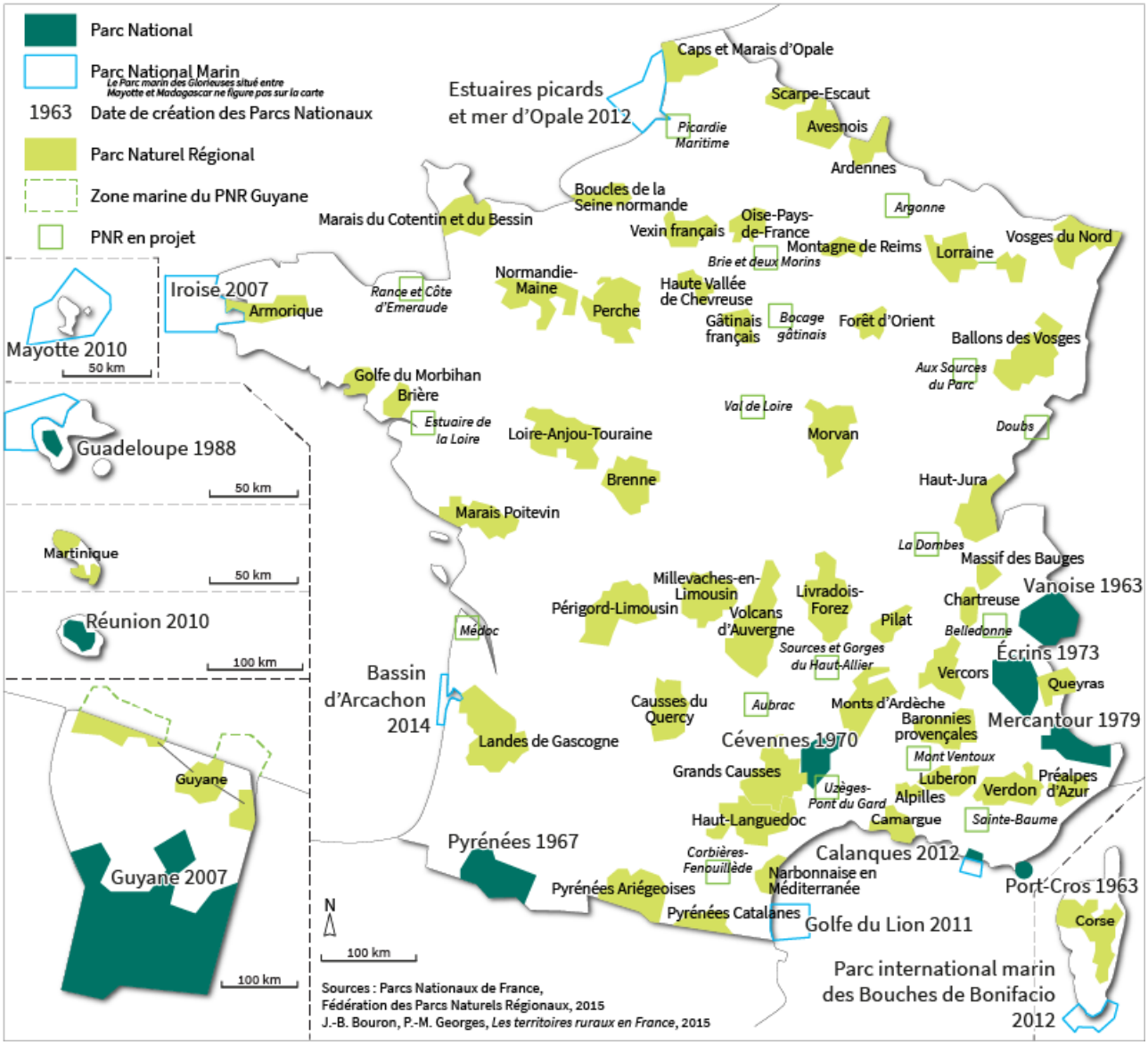


D'un point de vue de la protection animale, cet exemple est une réussite puisque le seuil de viabilité démographique est aujourd'hui dépassé, c'est-à-dire que l'effectif de loup actuel est suffisant pour que l'espèce puisse évoluer seule sans risque d'extinction.

MINISTÈRE
DE LA TRANSITION
ÉCOLOGIQUE
Liberté
Égalité
Fraternité

Pour aller plus loin :
Pour mieux connaitre les différents plans Nationaux d'Actions en France, voici un lien vers l'ensemble des espèces protégés
https://www.ecologie.gouv.fr/plans-nationaux-dactions-en-faveur-des-especes-menacees#e2

Le développement des aires protégées comme les parcs nationaux, régionaux et réserves naturelles sont des réponses de l'Homme pour la préservation de la faune et de la flore. Aujourd'hui, les aires protégées françaises couvrent environ 29,5 % des terres et 23,5 % des eaux françaises.



Au-delà de ces grands espèces créés et valorisés pour permettre à la faune et la flore de se développer en toute sécurité, l'Homme cherche aussi à tenir compte des écosystèmes dans sa création d'infrastructures. Les écoducs sont de plus en plus nombreux. Les écoducs sont des passages construits pour permettre aux espèces animales de traverser des obstacles construits par l'être humain. Ceux-ci sont très présents au niveau des routes ou des voies ferroviaires.





L'ESSENTIEL

Les écosystèmes et leurs tailles ont une importance sur l'évolution de la faune. Une fragmentation d'un espace par l'Homme et ses infrastructures peuvent diminuer les effectifs d'une espèce et entrainer une dérive génétique importante, appauvrissant la diversité génétique d'une population voire son extinction.
L'Homme doit donc limiter son impact sur la biodiversité par le biais d'une connaissance accrue des écosystèmes et par la préservation des espèces et des espaces (Plans Nationaux d'Action, développement de zones protégées).

POUR ALLER PLUS LOIN

Ce que Darwin ne savait pas encore

Documentaire de John Rubin

Il y a cent cinquante ans, Charles Darwin révolutionne la science avec sa théorie de l'évolution Rvenant sur les bases de la théorie de Darwin en compagnie des plus éminents scientifiques (biologistes, généticiens, paléontologues, médecins...) qui font partager leurs expériences en laboratoire et sur le terrain, le documentaire explique les découvertes les plus récentes, notamment le rôle et le fonctionnement de l'ADN dans les mécanismes de l'évolution.
Pourquoi les oiseaux ont-ils des becs si différents ? Comment les poissons se sont-ils transformés en tétrapodes il y 3 000 000 d'années ? Pourquoi, alors que notre génome est identique à celui du chimpanzé à 99 %, sommes-nous si dissemblables ? Avec pour principal guide Sean B. Caroll, professeur reconnu en biologie moléculaire et en génétique, le documentaire parvient à expliquer simplement des mécanismes extraordinaires et complexes, tout en nous faisant partager le plaisir des chercheurs.
A voir ou en VOD ou en replay sur le site d'Arte