

Thème III : Une histoire du vivant

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. L'évolution constitue un puissant outil de compréhension du monde vivant. Les activités humaines se sont transformées au cours de cette histoire, certaines inventions et découvertes scientifiques ont contribué à l'essor de notre espèce.

Les mathématiques permettent de modéliser la dynamique des systèmes vivants afin de décrire leur évolution. La démarche de modélisation mathématique comporte plusieurs étapes : identification du type de modèle le mieux adapté pour traduire la réalité, détermination des paramètres du modèle, confrontation des résultats du modèle à des observations, qui peut conduire à limiter son domaine de validité ou à le modifier. L'être humain a construit des machines pour traiter l'information et a créé des langages pour les commander. Avec les méthodes de l'intelligence artificielle, il continue d'étendre les capacités de traitement de données et les domaines d'application de l'informatique.

Histoire, enjeux et débats

- Histoire de l'évolution humaine et découverte de fossiles par les paléontologues.

- **La théorie de l'évolution et son application dans différents champs.**

- Modèles mathématiques historiques d'accroissement des populations (Malthus, Quetelet, Verhulst) et controverses autour du malthusianisme.

- Histoire de grandes avancées médicales : asepsie (Semmelweis, Pasteur), antibiothérapie (Fleming), vaccination (Jenner, Koch, Pasteur), radiologie (Röntgen), greffe, chimiothérapie...

- **Biodiversité et impacts des actions humaines.**

- Histoire du traitement de l'information : de l'invention de l'écriture aux machines programmables (Jacquard, Babbage) et aux ordinateurs (Lovelace, Turing, Von Neumann...).

- Bogues (ou *bugs*) et failles de sécurité des systèmes informatiques, comme contrepartie parfois graves de leur flexibilité.

.

Chapitre 1 : La biodiversité et son évolution.

Évaluer la biodiversité à différentes échelles spatiales et temporelles représente un enjeu majeur pour comprendre sa dynamique et les conséquences des actions humaines. Les populations évoluent au cours du temps. Des modèles mathématiques probabilistes et des outils statistiques permettent d'étudier les mécanismes évolutifs impliqués.

Savoirs : Il existe sur Terre un grand nombre d'espèces dont seule une faible proportion est effectivement connue. La biodiversité se mesure par des techniques d'échantillonnage (spécimens ou ADN) qui permettent d'estimer le nombre d'espèces (richesse spécifique) dans différents milieux. Les composantes de la biodiversité peuvent aussi être décrites par l'abondance (nombre d'individus) d'une population, d'une espèce ou d'un plus grand taxon.

Il existe plusieurs méthodes permettant d'estimer un effectif à partir d'échantillons. La méthode de « capture-marquage-recapture » repose sur des calculs effectués sur un échantillon. Si on suppose que la proportion d'individus marqués est identique dans l'échantillon de recapture et dans la population totale, l'effectif de celle-ci s'obtient par le calcul d'une quatrième proportionnelle.

À partir d'un seul échantillon, l'effectif d'une population peut également être estimé à l'aide d'un intervalle de confiance. Une telle estimation est toujours assortie d'un niveau de confiance strictement inférieur à 100 % en raison de la fluctuation des échantillons. Pour un niveau de confiance donné, l'estimation est d'autant plus précise que la taille de l'échantillon est grande.

Au cours de l'évolution biologique, la composition génétique des populations d'une espèce change de génération en génération.

Le modèle mathématique de Hardy-Weinberg utilise la théorie des probabilités pour décrire le phénomène aléatoire de transmission des allèles dans une population. En assimilant les probabilités à des fréquences pour des effectifs de grande taille (loi des grands nombres), le modèle 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). Cette stabilité théorique est connue sous le nom d'équilibre de Hardy-Weinberg.

Les écarts entre les fréquences observées sur une population naturelle et les résultats du modèle s'expliquent notamment par les effets de forces évolutives (mutation, sélection, dérive, etc.).

Les activités humaines (pollution, destruction des écosystèmes, combustions et leurs impacts climatiques, surexploitation d'espèces...) ont des conséquences sur la biodiversité et ses composantes (dont la variation d'abondance) et conduisent à l'extinction d'espèces.

La fragmentation d'une population en plusieurs échantillons de plus faibles effectifs entraîne par dérive génétique un appauvrissement de la diversité génétique d'une population.

La connaissance et la gestion d'un écosystème permettent d'y préserver la biodiversité.

Savoirs faire :

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.

À l'aide d'un tableur, simuler des échantillons de même effectif pour visualiser la fluctuation d'échantillonnage.

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.

Produire une démonstration mathématique ou un calcul sur tableur ou un programme en Python pour prouver ou constater que les probabilités des génotypes sont constantes à partir de la seconde génération (modèle de Hardy-Weinberg).

Utiliser des logiciels de simulation basés sur ce modèle mathématique.

Analyser une situation d'évolution biologique expliquant un écart par rapport au modèle de Hardy-Weinberg.

Utiliser un modèle géométrique simple (quadrillage) pour calculer l'impact d'une fragmentation sur la surface disponible pour une espèce.

À partir d'un logiciel de simulation, montrer l'impact d'un faible effectif de population sur la dérive génétique et l'évolution rapide des fréquences alléliques.

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.

Prérequis et limites

Les notions déjà connues de gènes et d'allèles, de diversité allélique, de sélection naturelle, de dérive génétique, de calcul de probabilités et de fluctuation d'échantillonnage sont mobilisées (classe de seconde).

Séance 1 :

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. Les mathématiques vont nous permettre de modéliser la dynamique des systèmes vivants afin de décrire leur évolution.

Évaluer la biodiversité à différentes échelles spatiales et temporelles représente un enjeu majeur pour comprendre sa dynamique et les conséquences des actions humaines. Les populations évoluent au cours du temps. Des modèles mathématiques probabilistes et des outils statistiques permettent d'étudier les mécanismes évolutifs impliqués.

A) Comment évaluer la biodiversité ?

Introduction :

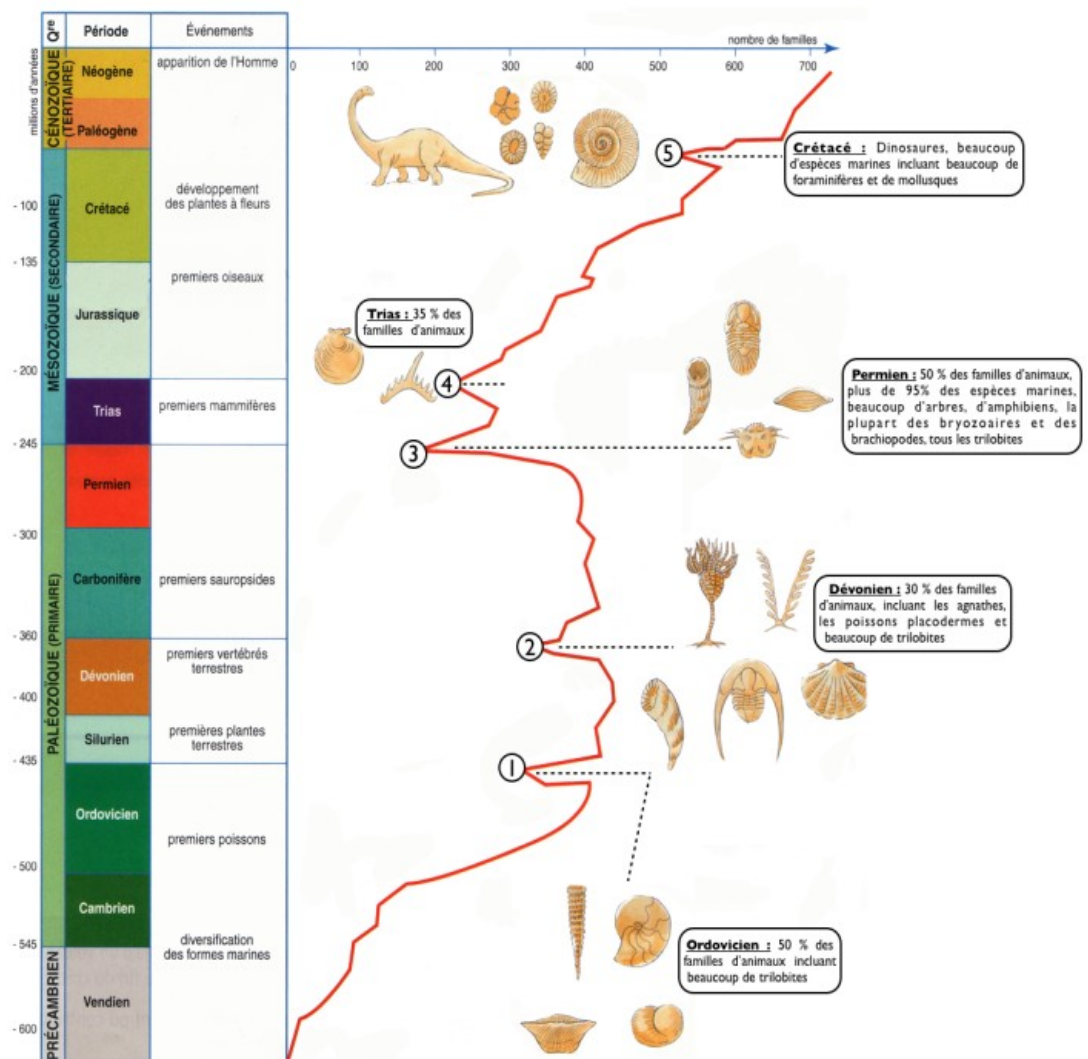
Nous avons déjà pu voir que l'étude de la biodiversité passait par la connaissance de ces **trois niveaux** :

- Le niveau **écosystémique** (diversité des assemblages biotope/biocénose)
- Le niveau **spécifique** (abondance d'espèces différentes)
- Le niveau **intraspécifique** (diversité génétique et phénotypique au sein des espèces)

La **biodiversité n'a cessé**

d'évoluer depuis la création de la Terre et l'émergence des premières formes de vie.

Nous avons déjà compris l'interdépendance des différents niveaux (ex : si le biotope et/ou la biocénose d'un écosystème varie, cela fera varier les deux autres niveaux..). On peut donc constater, grâce aux études paléontologiques, que la biodiversité avait subi de nombreuses crises et explosions....



Nous nous concentrerons d'abord sur les diversité spécifiques et intraspécifiques.

A-1- Une rigueur scientifique nécessaire pour quantifier.

PB : Quelles sont les méthodes utilisées pour quantifier les différentes composantes de la biodiversité ?

Bilan séance 1 :

La **biodiversité spécifique** est estimée en comptabilisant le **nombre d'espèces différentes** dans un milieu donné, ce nombre représente la **richesse spécifique**. Il est important d'estimer le **nombre d'individus** de chaque espèce dans le milieu afin de connaître l'**abondance de l'espèce**, une abondance faible indiquerait un potentiel risque pour la survie de l'espèce ; Lorsque **les abondances** des différentes espèces en présence est relativement **équivalent**, on parle d'**équitabilité**.

L'**évaluation de la biodiversité** passe donc forcément par une **phase d'estimation des abondances** d'individus identifiés. Puisqu'on ne peut compter l'ensemble réel, on doit passer par des **techniques d'échantillonnage**, c'est à dire que l'on fait le comptage que sur une surface/ volume réduit pour obtenir des **résultats** par la suite **extrapolés**. Les **techniques de comptabilisation** sont très **variées**(obs. Directe, de traces, écoute, prélèvement d'ADN et identification...) et doivent répondre à un **cahier des charges précis** (surfaces ou volumes précis, moments précis, système de comptage identique) pour pouvoir **comparer les biodiversités** entre milieu et entre moments.

Afin d'obtenir des **valeurs comparables**, nous devons passer par le **calcul de grandeurs mathématiques** adaptées. Ainsi, les **indices de Shannon, de Piélou** et de **biodiversité génétique**(et bien d'autres) sont utilisés par tous afin de pouvoir comparer les études de terrains.

L'indice de Shannon est un indice permettant de mesurer la diversité spécifique. Il est supérieur ou égal à 0, plus il est élevé, plus on a une riche biodiversité.

H : indice de biodiversité de Shannon

i : une espèce du milieu d'étude comprenant n espèces

S : richesse spécifique(nombre d'espèces présentes)

p_i : Proportion d'une espèce i par rapport au nombre total d'individus (N)

dans le milieu d'étude, qui se calcule de la façon suivante : $p_i = (\text{nombre d'individus de } i) / N$

$H_{\max} = \ln(S)$

$$H = - \sum_{i=1}^n p_i \ln p_i$$

L'indice d'équitabilité de Piélou : indice d'équirépartition (E).

Sa formule correspond au rapport entre H et $H_{\max}$:

$$E = H/H_{\max}.$$

L'indice de biodiversité génétique
(f en fraction sur 1 et non en %)

$$h = 1 - (f_1^2 + f_2^2 + f_3^2).$$

A-2- ... Des méthodes de comptabilisation avec approximation.

Pb : On ne peut techniquement pas TOUT compter.... Comment évaluer les effectifs et prendre en compte les marges d'erreur?

Bilan séance 2:

Il existe **plusieurs méthodes** permettant d'**estimer un effectif** à partir d'échantillons. La **méthode de « capture-marquage-recapture »** repose sur des calculs effectués sur un échantillon. Si on suppose que la proportion d'individus marqués est identique dans l'échantillon de recapture et dans la population totale, l'effectif de celle-ci s'obtient par le calcul d'une quatrième proportionnelle.

Estimation de l'abondance d'une population par CMR: **Nombre d'individus** = $(n \times M) / m$ avec n =nombre d'individus recapturés ; m marqués lors de la recapture ; M marqués à l'origine lors de la capture initiale..

Cette méthode permet aussi bien d'**estimer un effectif globale** que la **proportion d'individus présentant un phnotype donné dans la population globale**. Le résultat de l'estimation sera valide mais avec une **certain incertitude**. Cette dernière est précisée par un intervalle de confiance. L'estimation est toujours assortie d'un **niveau de confiance strictement inférieur à 100 %** en raison de la fluctuation des échantillons

Pour un niveau de confiance donné, plus la taille de l'échantillon est grande, plus l'estimation est précise.

Une **intervalle de confiance de 95 %** correspond au fait que **lors d'une estimation on a 95 % de chance de tomber dans cette intervalle de confiance**, selon théorème mathématique de Moivre Laplace, est :

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

avec f la fréquence(en fraction sur 1 et non en %) déduite de l'estimation et n le nombre d'individus recapturés lors de l'estimation. **Plus n (effectif de l'échantillon) est grand, plus l'intervalle se resserrera**. Il reste cependant 5 % de chance de tomber en dehors de l'intervalle lors d'une estimation....

Alors attention aux estimations, sondages en tous genres !!

B) Comment expliquer et interpréter l'évolution de la biodiversité?

Introduction :

Au cours de l'évolution, la **composition génétique des individus évolue** de génération en génération. Des modèles mathématiques tentent de modéliser cette évolution en prenant en compte de nombreux paramètres. La confrontation de ces modèles avec la réalité du terrain permet de mettre en évidence l'existence de nombreux facteurs influençant les évolution génétiques des populations.

Rappel : **Population** : groupe d'individus d'une même espèce localisés au même endroit.

PB : Comment un modèle mathématique simple peut mettre en évidence l'existence de nombreux paramètres influençant l'évolution des populations?

Bilan séance 3:

Au cours de l'évolution biologique, la **composition génétique des populations d'une espèce change de génération en génération.**

Le modèle mathématique de Hardy-Weinberg utilise la théorie des probabilités pour décrire le phénomène aléatoire de transmission des allèles dans une population.

Le **modèle de Hardy-Weinberg** prédit que, sous **certaines conditions** (taille infinie de la population, absence de migration, de mutation et de sélection, panmixie), la **structure génotypique d'une population de grand effectif est stable**. Cette stabilité théorique est connue sous le nom d'équilibre de Hardy-Weinberg. Pour un gène à deux allèles A et a, les fréquences $f(A) = p$ et $f(a) = q$ restent constantes au cours des générations.

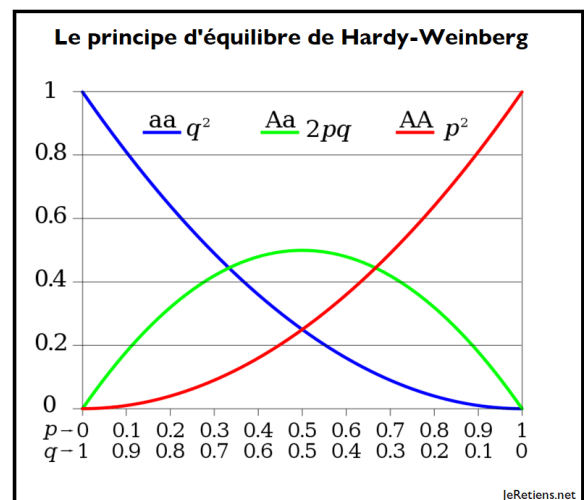
Si la reproduction a lieu indépendamment des allèles possédés :

tout individu ayant p chance de posséder l'allèle A et q chance de posséder l'allèle a, la descendance aura les proportions génotypiques montrées dans ce tableau de croisement :

	A	a
A	AA p^2	Aa pq
a	Aa pq	aa q^2

La distribution génotypique de la population est ainsi stable : $f(A/A) = p^2$, $f(a/a) = q^2$, $f(A/a) = 2pq$. Cette stabilité est appelée équilibre de Hardy-Weinberg.

Selon la proportion de l'allèle a (par exemple), on va avoir les répartitions génotypiques suivantes dans la population :



→ **Un écart à l'équilibre** de Hardy-Weinberg s'explique par les effets des **forces évolutives** (mutation, sélection naturelle, dérive génétique, migration, etc.) et se manifeste par une variation des fréquences alléliques et génotypiques au fil des générations.

C) Quelles sont les actions anthropiques sur l'évolution de la biodiversité?

Introduction :

L'être humain est responsable de la majorité des extinctions qui affectent la biodiversité. Le taux d'extinction actuel est très élevé, avec des centaines d'espèces qui disparaissent chaque jour. Cela pourrait conduire à une sixième crise d'extinctions massives dans l'histoire de la biodiversité.

PB : Comment l'activité humaine influence-t-elle l'évolution des populations?

Bilan séance 4 :

Certaines activités humaines ont des conséquences néfastes sur la biodiversité :

- pollution
- changement climatique
- surexploitation d'espèces
- transformation des écosystèmes par modification du biotope et/ou de la biocénose
- etc.

Ces conséquences de l'activité humaine **peuvent ainsi conduire à l'extinction d'espèces.**

Les actions humaines peuvent **fragmenter un écosystème** et donc les populations qui s'y trouvent en plusieurs **échantillons de plus faible effectif**. Ce phénomène peut accentuer une **dérive génétique**, qui à son tour **diminue la diversité génétique** des populations et les rend plus vulnérables. En effet, une **importante diversité allélique** permet à la population d'**offrir des métabolismes adaptés à la majorité des modifications environnementales possibles.**

Les données recueillies par les scientifiques sur les écosystèmes permettent de mieux les gérer et donc d'y préserver la biodiversité.