

D3. Modification de la biodiversité et évolution

La **biodiversité** englobe l'**ensemble du vivant** aux échelles des **écosystèmes**, des **espèces** mais aussi des **individus**.

C'est un équilibre dynamique entre **extinction** et **naissance de nouvelles espèces**.

L'**évolution** en est le moteur : l'extinction des espèces est compensée par l'apparition de nouvelles populations **mieux adaptées à leur milieu**, lequel sera tôt ou tard amené à changer.

L'intégralité du vivant présent aujourd'hui sur notre planète est le fruit de cet équilibre dynamique. D'après www.mnhn.fr

On veut montrer comment certains mécanismes de l'évolution sont à l'origine d'une modification de la biodiversité au cours du temps.

Pour répondre (en partie) à la problématique, on vous demande :

- de modéliser la dérive génétique puis d'exploiter vos résultats ;
- de proposer une modification du protocole pour l'adapter à la sélection naturelle,
- d'exploiter des données complémentaires (ultérieurement).

Ressources complémentaires

Document. Simulation de la dérive génétique

On dispose de **trois couples de reproducteurs**, au départ tous **hétérozygotes** pour le même gène : ils possèdent un **allèle** jaune J et un **allèle** bleu B (ou d'autres couleurs : dans ce cas changer les abréviations). Leur **génotype** est (B/J).

On considère que **chaque couple a deux enfants** (= population restant stable au cours du temps). Pour déterminer les génotypes de chaque enfant (= les allèles qu'ils possèdent), **on tire au sort un allèle du parent 1 du couple (= pot 1)**, puis **un allèle du parent 2 (= pot 2) (donc sans regarder, et après avoir mélangé)** : l'ensemble des deux allèles correspond à l'**enfant**. On simule donc la **méiose** et la **fécondation**. Pour le tirage au sort du deuxième enfant, **on reconstitue les génotypes initiaux des parents avec les jetons**, puis on fait de nouveau un tirage au sort et on constitue le deuxième enfant.

- **Noter** les génotypes de chaque descendant dans le tableau n°1 (= génération 2).

Par la suite, on effectue le même protocole en considérant que les enfants de chaque couple sont les parents de la génération suivante.

- **Réaliser** les sept générations suivantes en suivant rigoureusement le protocole exposé. **Noter** en parallèle vos résultats (donc les génotypes) dans le tableau n°1 (à rendre).

Tableau n°1 : tableau bilan des simulations.

	Couple 1		Couple 2		Couple 3	
	P1 (B / J)	P2 (B / J)	P1 (B / J)	P2 (B / J)	P1 (B / J)	P2 (B / J)
Génération 1						
Génération 2	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 3	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 4	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 5	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 6	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 7	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 8	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance
Génération 9	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance	Descendance

- **Compléter** ensuite le tableau 2 (nombre d'allèles et calcul des fréquences pour chaque génération).

Calcul de la fréquence = nombre d'allèles d'une couleur donnée sur une génération / nombre total d'allèles par génération.

Tableau n°2 : fréquences des allèles B et J au cours des générations.

Génération	Nb d'allèles J sur l'ensemble de la génération	Fréquence de l'allèle J	Nb d'allèles B sur l'ensemble de la génération	Fréquence de l'allèle B	Total (nb d'allèles)
1	6	0,5	6	0,5	12
2					
3					
4					
5					
6					
7					
8					
9					

- **Recopier** les données utiles du tableau dans Excel (= colonnes **générations** et **fréquences de chaque allèle**).
- **Représenter** graphiquement, via le logiciel, **l'évolution de la fréquence des allèles bleu et jaune au cours des générations** (onglet « insertion » pour le graphique -> nuage de points -> reliés par une courbe). Ne pas oublier de **légender** et **titrer** (onglet « disposition » pour le titre et les légendes des axes).
- **Copier** votre graphique sur un fichier texte.
- **Décrire** vos résultats puis **comparer** aux résultats des autres groupes. **Conclure** (= caractériser la notion de dérive génétique).
- **Indiquer** comment le protocole pourrait être adapté pour simuler la sélection naturelle*.

* *Sélection naturelle : variation non aléatoire de la fréquence des allèles d'un ou plusieurs gènes au sein d'une population sous l'effet des caractéristiques du milieu de vie. Suite à la sélection naturelle, la fréquence des allèles, qui dans un milieu donné, apportent un avantage reproductif aux individus qui les portent, tend à augmenter dans une population.*

Suite et fin

Pour compléter la réponse à la problématique, on vous demande d'exploiter :

- un exemple de dérive génétique (documents 1 à 4 p72 et 73 + modélisation numérique proposée) ;
- un exemple de sélection naturelle (documents 1, 4 et 5 p74 et 75 + modélisation numérique proposée) ;

Modélisation de la dérive génétique.

Adresse de la modélisation :

<http://www.pedagogie.ac-nice.fr/wp-content/uploads/sites/5/productions/derive-genetique>

Paramétrages.

- Modélisation 1. Fréquence initiale de l'allèle : 0,5 / Nombre de générations : 100 / Effectif de la population : 20. **Réaliser** plusieurs simulations pour conclure.
- Modélisation 2. Fréquence initiale de l'allèle : 0,5 / Nombre de générations : 100 / Effectif de la population : 5 000. **Réaliser** plusieurs simulations pour conclure.

Modélisation de la sélection naturelle (en lien avec l'exemple des moustiques).

Adresse de la modélisation : <https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/evolution-allelelique>

Paramétrages.

- Modélisation 1 (zone traitée). Allèle 1 : ACER / Allèle 2 : ACES / Fréquence initiale de ACER : 0,1 % / Valeurs sélectives* : (ACER/ACER) = 1 (ACER/ACES) = 0,9 / (ACES/ACES) = 0,8.
- Modélisation 2 (zone non traitée). Allèle 1 : ACER / Allèle 2 : ACES / Fréquence initiale de ACER : 0,1 % / Valeurs sélectives : (ACER/ACER) = 0,9 (ACER/ACES) = 0,9 / (ACES/ACES) = 1.
- **Comparer** les deux simulations pour conclure.

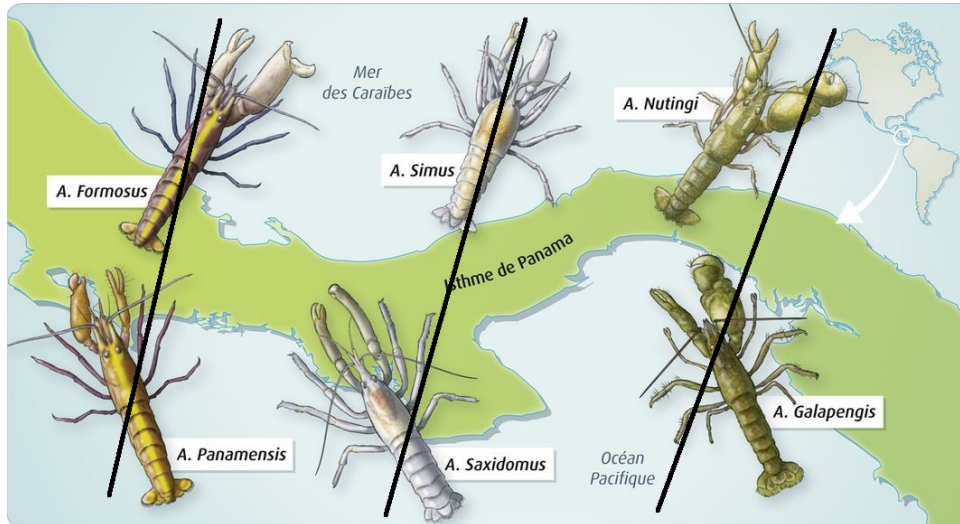
* La valeur sélective vaut 1 pour la paire d'allèles la plus avantageuse. Elle est plus faible pour les paires moins avantageuses.

Comment se forment de nouvelles espèces ?

Vous montrerez que les populations étudiées se ressemblent mais forment des espèces différentes. Vous indiquerez les mécanismes à l'origine de l'évolution des populations. Vous quantifierez la distance génétique entre les différentes espèces de crevettes-pistolets à l'aide de Geniegen 2.

Document 1. Six espèces de crevettes-pistolets.

Il existe près de 600 espèces différentes de crevettes-pistolets (genre *Alpheus*). La plupart vivent dans les eaux marines, tropicales et subtropicales, peu profondes. L'isthme du Panama s'est formé il y a 3,5 millions d'années. Avant cela, les océans Atlantique et Pacifique communiquaient entre eux. Les lignes noires représentent des latitudes identiques.



Document 2. Fichier Alpheus.aln ouvert sous Geniegen.

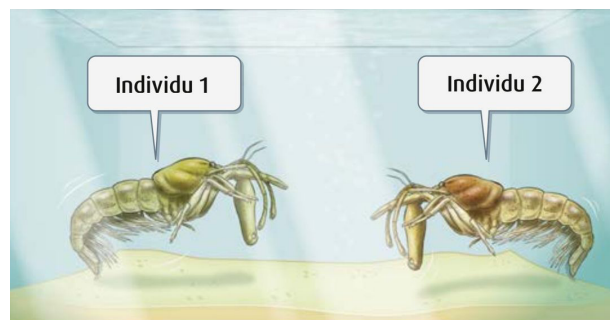
Les séquences étudiées correspondent à un gène codant une enzyme mitochondriale de la crevette pistolet. Les différences entre les séquences de chaque espèce sont principalement liées à la dérive génétique.

Complément : les séquences sont à traiter avec le logiciel Geniegen2 (en ligne).

- **Charger** les séquences Alpheus.aln dans Geniegen2 (elles sont dans votre répertoire classe). La comparaison des séquences est déjà effectuée (fenêtre du bas), pour montrer les différences.
- **Afficher** le tableau de comparaison et en **faire** une copie (*plus les séquences sont proches, plus les espèces sont apparentées*). L'**exploiter** (écrit).
- **Afficher** le phénogramme (arbre de parentés) correspondant et en **faire** une copie. L'**exploiter** (écrit). Sur l'arbre, vous pouvez faire des regroupements par latitudes identiques et aussi représenter la formation de l'isthme.

Document 3. Comportement reproducteur des crevettes-pistolets de part et d'autre de l'isthme de Panama.

On a mesuré le nombre de contacts agressifs et passifs entre deux individus au laboratoire. Un excès de contacts agressifs montre que la reproduction n'est pas possible.



Individu 1	Individu 2	% de contacts agressifs	% de contacts passifs
A. simus	A. simus	50,0	50,0
A. saxidomus	A. simus	94,0	6,0
A. galapengis	A. galapengis	50,0	50,0
A. galapengis	A. nutingi	99,8	0,2