

Manipulation d'un logiciel de modélisation de la dynamique des populations : Populus.
Ouvrez Populus (sous JAVA)

I. DYNAMIQUE D'UNE POPULATION ISOLEE

A. *Modèle non densité-dépendant ou modèle exponentiel de Malthus*

1. Cas d'une reproduction continue

On considère un organisme comme l'Homme ou une culture de bactéries en milieu liquide qui se reproduit de façon continue avec un recouvrement de génération. Tous les âges sont présents simultanément, et l'effectif de la population est affecté à tout instant par les naissances et des morts.

Si N = effectif de la population

b = taux de naissance instantané par femelle

a = taux de mort instantané par femelle

Alors la vitesse de croissance de la population est donnée par : $dN/dt = (b-d) N$

Si l'on compte le taux de naissances et de morts par individu (per capita) en un seul terme $r=b-d$, appelé taux intrinsèque de croissance exponentielle, alors : $dN/dt = rN$

Ce qui signifie que la vitesse de croissance de la population est proportionnelle à rN

Si l'on intègre la formule pour connaître l'effectif au temps t , il vient : $N(t) = N(0) e^{rt}$

Cliquez sur Modele

Choisir : Single-Species Dynamics, Density-Independent Growth, Continuous

Vous pouvez choisir le taux de croissance r et l'effectif initial de la population Pop Size

Vous pouvez ensuite choisir la fonction étudiée :

$N = f(t)$ soit N vs t ;

$\ln N = f(t)$ soit $\ln(N)$ vs t ;

$dN/dt = f(N)$ soit dN/dt vs N

$dN/Ndt = f(N)$ soit dN/Ndt vs N

1/ Qu'observez-vous si $r=0$; si $r<0$ ou si $r>0$?

2/ Quelles informations apportent $\ln(N)$ vs t ; dN/dt vs N et dN/Ndt vs N ?

2. Cas d'une reproduction avec des générations discrètes

C'est le cas des nombreuses espèces dont la reproduction est saisonnière. La population se compose d'un ensemble de *cohortes* dont les membres sont au même stade de développement. On suppose qu'un intervalle commence par les naissances et si les individus survivent jusqu'à la maturité reproductive, ils produisent une nouvelle cohorte de nouveaux nés au début de l'intervalle suivant. Les parents peuvent tous mourir avant (cas des plantes annuelles), ou ils peuvent survivre et se reproduire à nouveau et alors les générations se recouvrent partiellement. Dans les 2 cas, les jeunes apparaissent en groupes presque synchrones séparés par des intervalles sans recrutement. La croissance discrète d'une population peut être décrite par une équation différentielle finie.

If : N_t = effectif de la population au temps t

b = naissances par femelle et par intervalle

p = probabilité de survie dans l'intervalle

Alors $N_{t+1} = pN_t + bN_t = (p+b) N_t$

On renomme le terme naissance et décès par un simple paramètre $\lambda = p + pb$ qui donne le nombre de survivants et de descendants :

$$N_t = \lambda N_{t-1} = \lambda(\lambda N_{t-2}) = \lambda^t N_0$$

λ est le facteur de croissance géométrique, si λ demeure constant, on peut prédire l'effectif de la population au t N1emps t : $N_t = \lambda^t N_0$

1/ Qu'observez-vous si $\lambda=1$; si $\lambda < 1$ ou si $\lambda > 1$ et comment peut-on interpréter ces conditions en termes de dynamique des populations ?

B. *Modèle de croissance logistique ou densité-dépendant*

Ce modèle suppose une rétroaction négative linéaire de l'effectif de la population. Il requiert un effectif initial $N(0)$, une capacité maximale du milieu, un taux de croissance par individu de r et une éventuelle latence de feed-back τ . Le programme incluse une modélisation continue ou discrète.

$$dN/dt = rN (K-N/K)$$

Pour prévoir l'effectif à l'instant t , il faut intégrer l'équation différentielle entre 0 et t :

$$N(t) = K / (1 + [K - N(0) / N(0)] e^{-rt})$$

La courbe de croissance est une sigmoïde, quasi exponentielle pour les effectifs faibles, puis la croissance se ralentit lorsque l'effectif se rapproche de la capacité maximale K .

Parfois la rétroaction n'est pas immédiate. Par exemple, les effets de la malnutrition peuvent ne se manifester de façon aigüe qu'à l'âge de la reproduction. Cet effet peut être simulé en considérant que le taux de croissance de la population est affecté plus tôt.

D'où :

$$dN/dt = rN [1 - N(t-\tau) / K]$$

Cliquez sur [Modele](#)

Choisir : Single-Species Dynamics, Density-Dependent Growth, Continuous logistic Population Growth

Faites varier les différents paramètres démographiques.

Il est possible de comparer 2 graphiques en ne fermant pas le premier et en ouvrant le second dessous, vous pouvez alors comparer la croissance avec ou sans délai.

II. **DYNAMIQUE DES POPULATIONS EN INTERACTION INTERSPECIFIQUES**

A. *Relation proies-prédateurs : modèle de Lotka-Volterra*

Dans ce modèle, un terme est ajouté au modèle logistique pour comptabiliser les effets densité dépendants des relations interspécifiques pour chacun des organismes.

Dans les équations de Lotka-Volterra, les densités de chacune des deux espèces sont soustraites à la capacité de charge d'un certain terme densité-dépendant, et le nombre de compétiteurs interspécifiques est pondéré par un terme appelé coefficient de compétition qui varie selon l'espèce, aussi :

Où N_1 représente la densité de l'espèce 1, K_1 la capacité de charge du milieu pour 1, r_1 le taux de croissance intrinsèque et α le coefficient de compétition, une proportion constante de K_1 prélevé par chaque individu de l'espèce 2. Dans la seconde expression, β est un coefficient analogue pondérant les effets de chaque individu de l'espèce 1 sur K_2 .

$$\frac{dN_1}{dt} = r_1 N_1 \left(\frac{K_1 - (N_1 + \alpha N_2)}{K_1} \right)$$

$$\frac{dN_2}{dt} = r_2 N_2 \left(\frac{K_2 - (N_2 + \beta N_1)}{K_2} \right)$$

Bien que nous n'ayons pas de solution finie pour ces équations, on peut déjà s'intéresser à leur dynamique autour de l'équilibre quand $dN_1/dt=dN_2/dt=0$

A l'équilibre r ou $N=0$; ou dans des cas plus intéressants, quand $N_1 = K_1 - \alpha N_2$ et $N_2 = K_2 - \beta N_1$

B. Infection par des microparasites (optionnel, hors-programme)

Les microparasites tels que des virus, des bactéries ou des champignons causent des maladies infectieuses qui affectent la dynamique de la population de leur hôte. L'OMS estime que 33,6 millions de personnes dans le monde portaient le virus du SIDA en 1999. La plupart seront morts dans la décade suivante, et 70% de cette mortalité sera concentrée en Afrique sub-saharienne qui a déjà supporté 84% des 16,3 millions de morts du SIDA depuis le début de l'épidémie. Les interactions hôte-parasite diffèrent de celles entre proies et prédateurs car les maladies parasitaires ne tuent pas nécessairement l'hôte, et parce que les hôtes développent une immunité contre la réinfection.

À la différence des macroparasites, les microparasites se reproduisent essentiellement chez l'hôte, la durée de l'infestation est courte comparée à celle de l'hôte et les hôtes survivants sont immunisés.

Soit une population d'hôtes d'effectif (N), contenant des individus susceptibles (S), des individus infectés (I) qui peuvent contaminer les autres et des individus immunisés (R).

Les individus susceptibles de contracter le virus présentent des taux de croissance intrinsèque de b (depuis la naissance) ou de (γ) dans le cas d'une perte d'immunité. Les individus peuvent quitter la catégorie des sujets susceptibles d'être contaminés soit en mourant de mort naturelle (taux d), soit en étant infectés par le virus (taux β). Inversement, les individus infectés peuvent quitter ce groupe soit par mort naturelle (d), soit tués par la maladie (α), soit parce qu'ils ont guéri (ν) et ils sont alors immunisés.

Le modèle suppose qu'ils ne sont infectés à la naissance, que les individus contaminés peuvent transmettre le virus dès la naissance, qu'il n'y a pas de structure d'âge dans la population des hôtes, que la taille de la population est suffisamment grande pour se comporter de façon statistique, qu'il n'y a pas de rétroaction densité dépendante dans la population des hôtes exceptée celle qui concerne les relations hôtes/parasites et que l'infestation est un phénomène aléatoire qui dépend des densités des individus susceptibles et de celle des individus infestés et du coefficient de transmission βSI .

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= b(S + I + R) - dS - \beta SI + \gamma R \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - (\alpha + d + \nu)I \\ \frac{dR}{dt} &= \nu I - (d + \gamma)R\end{aligned}$$

Pour la suite voir l'aide (help p.16)

III. LES FORCES EVOLUTIVES

A. La sélection naturelle

Le poly-allélisme de la chaîne β de l'hémoglobine est un exemple classique. Les allèles les plus communs sont $Hb\beta A$, $Hb\beta B$ et $Hb\beta X$, que nous noterons A , B et C .

Les homozygotes SS souffrent de l'anémie falciforme qui entraîne une cristallisation de l'hémoglobine en baguettes lorsque le taux d'oxygène est faible, ce qui déforme les hématies, les empêche de passer dans les capillaires de la rate où elles sont détruites, d'où l'anémie et des risques de thrombose.

Le tableau suivant est extrait de données recueillies par Cavalli-Sforza et Bodmer (1971). Il donne les nombres de phénotypes observés et ceux qui sont attendus par la Loi de Hardy-Weinberg for chacun des

six génotypes sur un échantillon de 32 898 individus de 72 populations Ouest Africaines avec un fitness estimée calculée à partir du rapport observés/attendus, et la fitness relative normalisée telle que $w_{AS}=1$

	Genotype					
	<i>AA</i>	<i>SS</i>	<i>CC</i>	<i>AS</i>	<i>AC</i>	<i>SC</i>
Observed	25374	67	108	5482	1737	130
Expected	25616	307	75	4967	1769	165
Obs/Exp	0.99	0.22	1.45	1.10	0.98	0.79
Rel Fitness	0.89	0.20	1.31	1	0.89	0.70

Le premier fait remarquable c'est que si une population composée entièrement d'individus de génotype *AA* est envahie par un seul allèle *S* provenant d'un hétérozygote, alors la fréquence de l'allèle *S* va augmenter car un seul *S* dans une population d'allèles *A* a une fitness marginale de 1, ce qui significativement supérieur à la fitness de la population dominante : 0,89. Avec seulement 2 allèles impliqués, la population évolution vers l'équilibre pour 2 allèles :

$$\hat{p}_s = \frac{w_{SS} - w_{AS}}{w_{AA} - 2w_{AS} + w_{SS}}$$

Pour les fitness relatives à partir du tableau, la fitness de *S* à l'équilibre est 0,1209 et la fitness à l'équilibre est 0,9033.

Si une seconde mutation introduit l'allèle *C* dans une population à l'équilibre entre *A* et *S*, son effet sera déterminé par sa fitness marginale qui est donnée par :

$$w_C = p_A w_{AC} + p_S w_{SC} + p_C w_{CC}$$

Si *C* est un mutant rare, le troisième terme peut être négligé, car $p_C \approx 0$.

Par conséquent, comme $p_S = 0,1209$, alors $p_A = 1 - p_S = 0,8791$

$$w_C = (0.8791)(0.89) + (0.1209)(0.70) = 0.8670$$

Ce qui est inférieur à la fitness principale de la population à l'équilibre (0,9033).

Ainsi *C* qui est rare ne peut pas envahir la population.

B. La dérive génétique

Mêmes capacités que PopG.