



Hardy, Weinberg (Belin, éd.2020,p.76)

TP 1 : Le modèle de Hardy-Weinberg, et les écarts liés à l'évolution des populations

(d'après Belin Ed.2020,p 76-77 et Hachette Ed.2020,p.62-63)

Un mathématicien britannique Godfrey Hardy, et un médecin allemand Wilhelm Weinberg, ont modélisé chacun séparément, en 1908, le devenir des allèles dans une population dans cinq conditions particulières :

- les croisements entre individus s'effectuent au hasard (panmixie)
- il y a absence de mutation à l'origine de nouveaux allèles
- il n'y a pas de sélection naturelle agissant sur les allèles
- il n'y a pas de flux génétique, c'est à dire de migration
- la population est de grande taille.

Comment évoluent les fréquences alléliques dans une population selon le principe de Hardy-Weinberg ?

Document de référence : la transmission des allèles chez la belle de nuit de génération en génération

(Belin Ed.2020,p 76)

On considère un gène dont les deux allèles R et B déterminent la couleur des pétales de la belle de nuit. La fréquence f_R de l'allèle R est égale à p et la fréquence f_B de l'allèle B est égale à q. Comme il n'y a que 2 allèles, on a $f_R + f_B = 1$, donc $p + q = 1$ (a). À l'issue de fécondation, s'il y a panmixie, c'est-à-dire si les différents individus se croisent au hasard, la fréquence des différents génotypes des zygotes sera :

Génotype	R//R	B//B	R//B
Fréquence	p^2	q^2	$2pq$

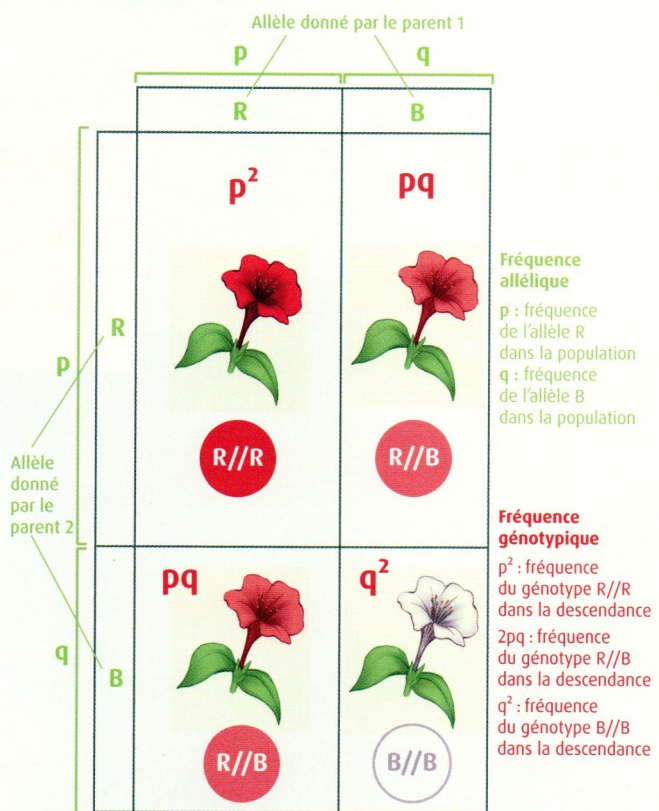
On peut donc calculer les fréquences f_R et f_B des allèles R et B dans les zygotes :

$f_R = \text{fréquence (R//R)} + \frac{1}{2} \text{ fréquence (R//B)} = p^2 + pq$
 $f_B = \text{fréquence (B//B)} + \frac{1}{2} \text{ fréquence (R//B)} = q^2 + pq$
 D'après (a), $q = 1 - p$ et $p = 1 - q$. Donc :

$$f_R = p^2 + pq = p^2 + p(1 - p) = p^2 + p - p^2 = p$$

$$f_B = q^2 + pq = q^2 + (1 - q)q = q^2 + q - q^2 = q$$

Donc, la fréquence de l'allèle R dans les zygotes est identique à la fréquence de l'allèle R chez les parents et la fréquence de l'allèle B dans les zygotes est identique à la fréquence de l'allèle B chez les parents. Si aucune force évolutive n'agit sur ces zygotes et sur les individus qui seront issus de leur développement, la fréquence des allèles et des génotypes sera constante dans la population considérée.



Réalisation :

- On considère que pour les belles de nuit $p = 0,7$ et qu'il y a panmixie, déterminer les fréquences génotypiques à la génération G2 en utilisant un tableur.
- Puis modéliser l'évolution de la fréquence génotypique et allélique sur plusieurs générations (au moins 10), on considère que les 5 conditions du modèle sont réunies

Production attendue :

- Un tableau renseigné sur différentes générations
- Des courbes représentant l'évolution des fréquences alléliques et génotypiques.

Matériel : tableur libre office ou Excel

Lexique :

Fréquence allélique : proportion d'un allèle dans une population. La somme des fréquences alléliques d'un gène dans une population est égale à 1

Fréquence génotypique : proportion d'un génotype, dépendant d'une combinaison de deux allèles pour les diploïdes, dans une population.

1. Ouvrir le fichier Excel fourni.
2. Fixer la fréquence des 3 génotypes possibles (A//A; A//a; a//a). Attention, la somme des fréquences doit être égale à 1.
3. Déterminer la fréquence des allèles A et a pour la première génération
4. Calculer, pour la génération suivante, les fréquences génotypiques et alléliques dans les conditions de l'équilibre de Hardy-Weinberg.
5. Renouveler cette étape pour une dizaine de générations.
6. Tracer une courbe représentant l'évolution des fréquences alléliques et l'évolution des fréquences génotypiques.

Coup de pouce

Les groupes sanguins MN, un gène à l'équilibre selon le modèle de Hardy Weinberg ?

En 1927, à Vienne, Karl Landsteiner et Philip Levine ont injecté des globules rouges humains à des lapins. Ces derniers ont en réponse fabriqué des anticorps dirigés contre deux marqueurs différents de la surface de ces globules rouges: ils ont été dénommés M et N, et sont codés par deux allèles du gène de la Glycophorine A porté par le chromosome 4.

Origine des groupes sanguins MN

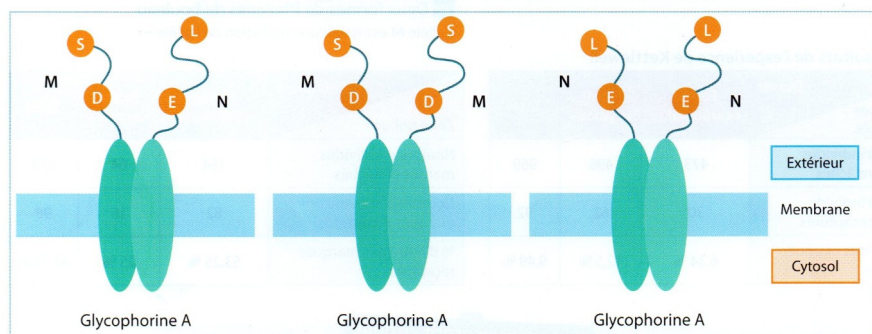
(Hachette Ed.2020,p.63)

a Séquence nucléotidique de la glycophorine A (premiers codons traduits)

INTITULÉ	1	5	10	15	20	25	30	35	40	45																																		
Glycophorine A allèle M	T	C	A	A	G	T	A	C	C	A	C	T	G	T	G	G	C	A	A	T	G	C	A	C	T	T	C	A	A	C	C	T	T	C	T	C	A	G	T	C	A	C		
Glycophorine A allèle N	T	T	A	A	G	T	A	C	C	A	C	T	G	A	G	G	T	G	C	A	A	T	G	C	A	C	T	T	C	A	A	C	C	T	T	C	T	C	A	G	T	C	A	C

b Séquence protéique de la glycophorine A (25 premiers acides aminés)

INTITULÉ	1	5	10	15	20	25																				
Glycophorine A allèle M	Ser	Ser	Thr	Thr	Gly	Val	Ala	Met	His	Thr	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Val	Thr	Lys	Ser	Tyr	Ile	Ser	Ser	Gln	Thr	Asn
Glycophorine A allèle N	Leu	Ser	Thr	Thr	Glu	Val	Ala	Met	His	Thr	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Val	Thr	Lys	Ser	Tyr	Ile	Ser	Ser	Gln	Thr	Asn



c Représentation moléculaire de la glycophorine A pour chaque génotype
On trouve 10⁶ protéines glycophorine A en surface de chaque hématie

Comme l'appartenance à l'un des trois génotypes est indécélable dans la vie courante, on considère dans cette situation que ce gène n'interfère pas dans le choix du partenaire, et que le groupe n'a aucune incidence sur le développement de l'individu porteur.

Une analyse sanguine de 6 129 personnes a révélé la répartition des effectifs des trois génotypes possibles pour ce gène.

(Hachette Ed.2020,p.63)

Génotype	(M//M)	(M//N)	(N//N)	
Effectifs	1 787	3 039	1 303	Total N = 6 129

Dans les années 50 le génotype pour ce même gène a été déterminé sur un échantillon de 1482 habitants d'une ville japonaise.

(Belin Ed.2020,p 77)

Génotype	M//M (groupe M)	M//N (groupe MN)	N//N (groupe N)
Nombre d'individus	406	744	332

Réalisation :

- Montrer que les deux études à presque 30 ans d'écart sur deux populations distincts suit le modèle de Hardy-Weinberg.

Production attendue : Calculs de fréquences sur tableur

Matériel : tableur libre office ou Excel

Tester si une population suit la structure génétique de Hardy-Weinberg

1. Partir de effectifs de chaque génotype dans l'échantillon d'effectif N : $n_{[AA]}$, $n_{[Aa]}$ et $n_{[aa]}$

2. Calculer la fréquence de chaque allèle dans l'échantillon :

$$f_A = (n_{[AA]} + \frac{1}{2} n_{[Aa]}) / N$$

$$f_a = (n_{[aa]} + \frac{1}{2} n_{[Aa]}) / N$$

3. Calculer les effectifs attendus sous l'hypothèse de Hardy Weinberg :

$$n_{[AA]} = f_A^2 \times N$$

$$n_{[Aa]} = 2 \times f_A \times f_a \times N$$

$$n_{[aa]} = f_a^2 \times N$$

4. Comparer effectifs attendus et effectifs observés.

Coup de pouce

Evolution des populations et équilibre de Hardy-Weinberg :

(d'après SVT lycée Pape Clément)

Comment les populations d'individus évoluent au cours du temps ?

Document 1 : Evolution des populations d'éléphants :

Actuellement, dans certaines régions du monde, nous observons que de plus en plus d'éléphants naissent sans défenses. Si cette situation s'interprète aisément dans le cas où les éléphants sont chassés pour l'ivoire de leurs défenses, elle s'observe aussi dans des réserves où les éléphants sont protégés des braconniers. **On souhaite expliquer cette modification de la structure génétique des populations d'éléphants au cours du temps.**

Le phénotype sauvage de l'éléphant de la savane africaine (espèce *Loxodonta africana*) comporte des défenses. Il s'agit des incisives supérieures dont la croissance est continue, présentes chez les mâles et les femelles. Le déterminisme de la croissance des incisives est sous la dépendance d'un gène porté par la portion spécifique du chromosome sexuel X. Chez les individus porteurs d'une mutation de ce gène, la croissance des incisives est inhibée ce qui conduit à l'absence de défenses. Chez les éléphants, les défenses sont utiles pour la quête de nourriture, la protection des petits et les combats.

Par ailleurs, sur la période allant de 1900 à 1989, la savane africaine a été victime de chasseurs et de braconniers qui tuaient les éléphants pour vendre l'ivoire de leurs défenses. Face au déclin des populations, des mesures ont été prises. À partir de cette date, des barrières de protection et des patrouilles anti-braconnage sont mises en place.

Caractéristiques génétiques des populations d'éléphants :

• Génotype – Phénotype des éléphants

XiXi	Eléphant femelle avec défenses, de génotype Xi/Xi <i>i</i> désigne l'allèle permettant la croissance des défenses
Xi-Xi-	Eléphant femelle sans défenses, de génotype Xi-/Xi- <i>i-</i> désigne un allèle muté inhibant la croissance des défenses
XiXi-	Eléphant femelle hétérozygote avec défenses, de génotype Xi/Xi-
XiY	Eléphant mâle avec défenses, de génotype Xi/Y
Xi-Y	Eléphant mâle sans défenses, de génotype Xi-/Y
Chasseur	individu tuant les éléphants avec défenses pour vendre l'ivoire de leurs défenses

En présence de chasseurs, les individus porteurs du génotype (Xi//Xi) et (Xi//Xi-) sont défavorisés (valeur du génotype : 0,2) alors que les individus de génotypes (Xi-/Xi-) sont favorisés (valeur du génotype : 1).

La situation particulière du parc Addo.

Le parc Addo, situé en Afrique du Sud, illustre une mesure de protection très particulière. Il a été créé en 1931 afin de reconstituer une populations d'éléphants réduite à 11 individus (8 femelles et 3 mâles) à la suite d'une chasse intensive. Aujourd'hui, l'effectif du parc Addo atteint 400 individus et la fréquence des éléphants femelles sans défenses est de 90%. Par ailleurs, on sait qu'il n'existe pas de chasseurs dans ce parc. La population d'éléphants s'y est donc développée sans être soumise à une pression de sélection exercée par des chasseurs.

Année 1931
(= il s'agit de respecter les proportions d'éléphants indiquées par les données 1931)

- **Effectifs :**

XiXi, 2
XiXi-, 2
Xi-Xi-, 4
XiY, 0
Xi-Y, 3

- **Fréquences alléliques initiales :**

allèle	fréquence (%) en 1931
i	31,6
i-	68,4

Réalisation :

- Ouvrir le logiciel en ligne Web PopGen II : [Web PopGen \(radford.edu\) : www.radford.edu/~rsheehy/Gen_flash/popgen/](http://Web PopGen (radford.edu) : www.radford.edu/~rsheehy/Gen_flash/popgen/)

- Paramétrer le logiciel :

population : fini

nombre de population : 5

nombre de générations : 100

fréquence (allélique) A1 : 0,5

Ces paramètres correspondant à l'équilibre de Hardy-Weinberg.

The screenshot shows the 'Données démographiques' and 'Fréquence Allele' tabs. The 'Données démographiques' tab has a dropdown menu set to 'Infini'. The 'Fréquence Allele' tab has input fields for '# des populations' (5), '# des générations' (400), and 'freq' (0,5). The 'Fitness (w)' tab shows fitness values for genotypes A1A1, A1A2, and A2A2, all set to 1. A green 'Aller' button is at the bottom.

- Taper aller, et expliquer les résultats obtenues.

- à partir de l'analyse du document 1 qui montre une évolution de la population d'éléphants du parc Addo, émettez deux hypothèses qui expliquerez la diminution des éléphants à défenses.

Appeler le professeur pour soumettre vos hypothèse

- **En tenant compte des informations extraites du document 1, paramétrez le logiciel pour vérifier la première hypothèse**

Données démographiques	Fréquence Allele	Fitness (w)		
Population: <input type="text" value="Infini"/>	# des populations <input type="text" value="5"/> # des générations <input type="text" value="400"/>	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
N = <input type="text" value="100"/>	freq A_1 <input type="text" value="0,5"/>	<input type="text" value="1"/>	<input type="text" value="1"/>	<input type="text" value="1"/>
<input type="button" value="Aller"/>		}		

pouvoir sélectif

Préciser, pour chacun des phénotypes son pouvoir sélectif (survie ou mort) en fonction des paramètres du milieu (on admet que ce pouvoir est égal à 0,2 pour des individus qui sont soumis à l'action prédatrice (exercée par les chasseurs), et à 1 : si l'action de chasse ne les affecte pas

- Présenter et exploiter les résultats
- Valider ou non l'hypothèse 1

- **En tenant compte de la population de départ en 1931 ; paramétrez le logiciel pour vérifier la deuxième hypothèse.**

- Présenter et exploiter les résultats
- Valider ou non l'hypothèse 2