

Activité n°1 : Le modèle de Hardy-Weinberg.

Après William Castle en 1903, un mathématicien britannique, Godfrey Hardy et un médecin allemand, Wilhem Weinberg, ont modélisé chacun séparément, en 1908, le devenir des allèles dans une population, dans des conditions particulières.

Problème posé : Le modèle de Hardy-Weinberg peut-il s'appliquer à des situations réelles ?

Document 1 : Les conditions d'application du modèle de Hardy-Weinberg.

Le modèle théorique de Hardy Weinberg est un outil **statistique** pour évaluer les forces évolutives qui s'appliquent sur les populations. En effet, ce modèle prévoit que **sans aucune contrainte** (*mutation, sélection naturelle, dérive génétique, migration, ...*), **les fréquences alléliques sont stables d'une génération à l'autre.**

• Pour un couple d'allèles A et a d'un même gène, de fréquences respectives p et q, on démontre que :

$$p + q = 1$$

$$(p + q)^2 = 1$$

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

	Gamète 1	A	a
Gamète 2		A (p)	a (q)
A (p)		AA ●	Aa ●
a (q)		Aa ●	aa ●
		$p \times p = p^2$	$p \times q = p'q'$
		$p \times q = (pq)'$	$q \times q = q^2$

• Ainsi, on peut déterminer le nombre d'individus **théoriquement attendus** à la génération suivante :

Génération « n » de 300 êtres vivants

108 individus AA

144 individus Aa

48 individus aa

$$f(A) = p = \frac{2 \times 108 + 144}{2 \times 300} = 0,6$$

$$f(a) = q = \frac{144 + 2 \times 48}{2 \times 300} = 0,4$$

Génération « n + 1 » de 267 êtres vivants

Individus AA = $p^2 \times 267 \approx 96$ attendus

Individus Aa = $2pq \times 267 \approx 128$ attendus

Individus aa = $q^2 \times 267 \approx 43$ attendus

Source : p114 Carnet d'enseignement scientifique

Les conditions du modèle de Hardy-Weinberg

Il existe 5 conditions nécessaires à l'équilibre de Hardy Weinberg :

- Absence de **sélection naturelle**
- Pas de mutation (aucun nouvel allèle)
- Pas de migration
- **Population de grande taille** (pas de dérive génétique)
- **Panmixie** (pas de sélection sexuelle et reproduction aléatoire ; *panmixie* : La panmixie, en génétique des populations, est le principe qui considère que les individus sont répartis de manière homogène au sein de la population et se reproduisent tous aléatoirement, Wikipedia)

1. Ouvrir le fichier excel fourni.
2. Déterminer la fréquence des allèles A et a pour la première génération.
3. Calculer, pour la génération suivante ; les fréquences génotypiques et alléliques dans les conditions de l'équilibre de Hardy Weinberg.
4. Renouveler cette étape pour une dizaine de génération.
5. Tracer une courbe représentant l'évolution des fréquences alléliques et l'évolution des fréquences génotypiques.

Document 2 : Les groupes sanguins MN.

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

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

Comme l'appartenance à l'un des trois génotypes est indécidable 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. En 1930, Landsteiner reçoit le prix Nobel de médecine pour la découverte des groupes sanguins.

Hachette, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 3 p 63.

6. Calculer les fréquences génotypiques et alléliques du système MN et montrer par le calcul que le modèle de Hardy-Weinberg s'applique.

Activité n°2 : Modifications des populations par sélection naturelle.

Vous devrez au sein de chaque groupe, **réaliser une étude de document** pour déterminer le facteur impliqué ici dans l'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg, puis **construire un mini-diaporama** afin de présenter votre étude au reste de la classe.

Pour ce dernier, vous pouvez récupérer les documents de votre étude dans l'espace classe.



Activité n°2 : Modifications des populations par sélection naturelle.

Vous devrez au sein de chaque groupe, **réaliser une étude de document** pour déterminer le facteur impliqué ici dans l'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg, puis **construire un mini-diaporama** afin de présenter votre étude au reste de la classe.

Pour ce dernier, vous pouvez récupérer les documents de votre étude dans l'espace classe.



Activité n°2 : Modifications des populations par sélection naturelle.

Vous devrez au sein de chaque groupe, **réaliser une étude de document** pour déterminer le facteur impliqué ici dans l'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg, puis **construire un mini-diaporama** afin de présenter votre étude au reste de la classe.

Pour ce dernier, vous pouvez récupérer les documents de votre étude dans l'espace classe.



Activité n°2 : Modifications des populations par sélection naturelle.

Vous devrez au sein de chaque groupe, **réaliser une étude de document** pour déterminer le facteur impliqué ici dans l'écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg, puis **construire un mini-diaporama** afin de présenter votre étude au reste de la classe.

Pour ce dernier, vous pouvez récupérer les documents de votre étude dans l'espace classe.

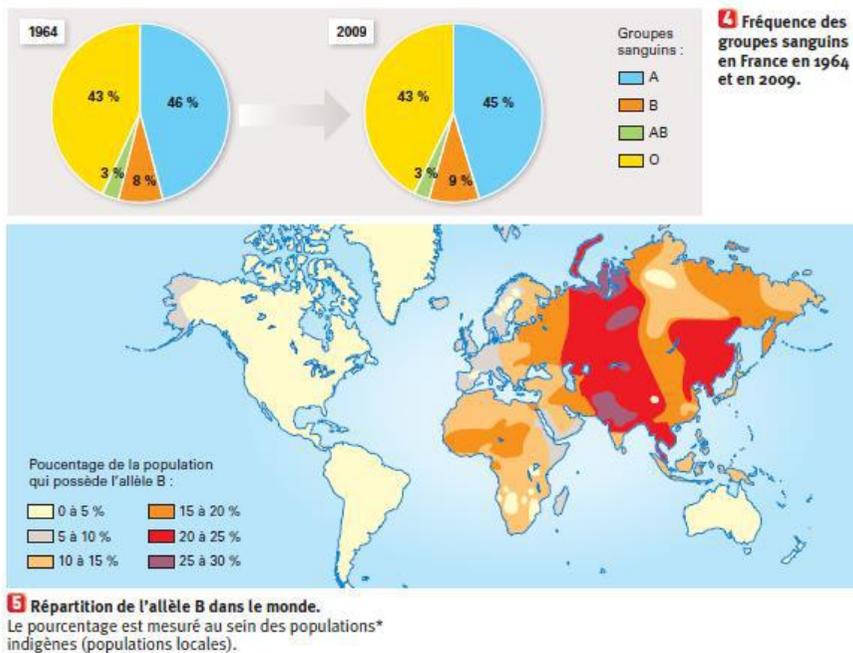


Activité n°3 : L'impact de l'effectif des populations.

Les groupes sanguins sont les résultats de l'expression combinée des allèles A, B et O. A l'échelle du globe la composition génétique des populations au niveau des groupes sanguin est très variable sans lien apparent avec les contraintes de l'environnement.

Comment la dérive génétique contribue-t-elle à entraîner un écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg ?

Dans les populations Aborigène et Amérindienne, l'allèle B est quasi inexistant.



<https://nanopdf.com/download/la-diversite-genetique-recouvre-la-diversite-aes-genes-de-tous-les-pdf>

La dérive génétique est une modification aléatoire de la fréquence des allèles au sein d'une population.

On veut montrer les effets de la dérive génétique sur la fréquence des allèles des groupes sanguins dans les populations Aborigène et Amérindienne et l'impact de la taille d'une population sur la fréquence allélique.

À l'aide d'un outil de modélisation numérique, vous allez simuler l'évolution de la fréquence des allèles A, O et B en fonction des conditions expérimentales.

<https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/derive-diplo/index.htm>

1. Paramétrer le modèle en choisissant 3 couleurs correspondant à trois allèles, un faible nombre d'individus (petite population d'individus) sans probabilité de mutation.
2. Puis, par tirage successif, simuler le devenir des allèles jusqu'à la 10^{ème} génération.
3. Noter le résultat des fréquences alléliques obtenues au bout de la 10^{ème} génération.
4. Recommencer cette simulation (en réinitialisant) 5 fois.
5. Rassembler les résultats dans un tableau.
6. Recommencer tout ce travail en considérant un effectif (une population) beaucoup plus grand.
7. Rassembler les résultats dans un tableau.
8. Commenter puis interpréter les résultats des deux types de simulation.
9. Répondre au problème.

Comment utiliser le logiciel :

Choisir les paramètres (nombre d'individus et nombre d'allèles) puis ok

Paramétrage du modèle

Paramètres globaux :

Nombre d'individus (de 4 à 100) :

Nombre initial d'allèles (de 2 à 5) :

Définition des allèles :

N°	Nom	Couleur
1	<input type="text" value="A"/>	
2	<input type="text" value="B"/>	
3	<input type="text" value="O"/>	

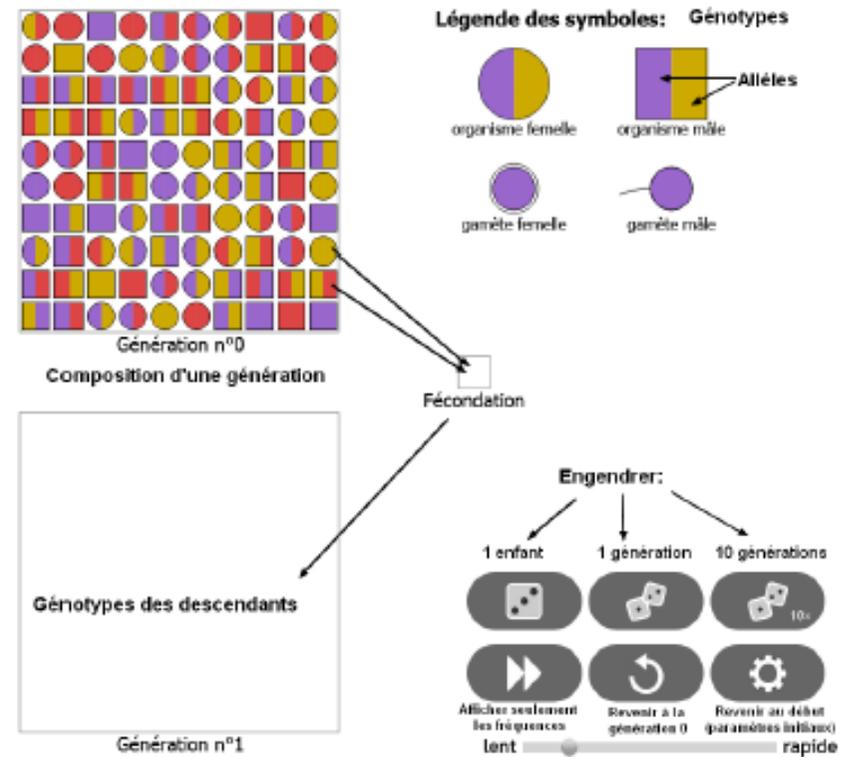
Paramètres avancés :

Probabilité de mutation (%) :

Garantir la présence des deux sexes :

Cliquer sur la case indiquant 10x (voir ci-contre)

Vous observez le résultat sur le graphe et le tableau.



Activité n°4 : L'impact des flux migratoires.

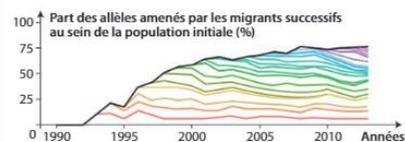
Document 1 : L'impact de migrations dans les populations de Geais à gorge blanche.

La structure génétique d'une population naturelle de Geais à gorge blanche (*Aphelocoma coerulescens*) a été étudiée pendant plus de 20 ans en Floride. Cette population a connu des niveaux élevés d'immigration : les individus immigrant représentent 32 à 55 % des adultes reproducteurs sur une année. Ces individus, en se reproduisant avec la population existante, y intègrent leurs allèles : on parle de flux de gènes.

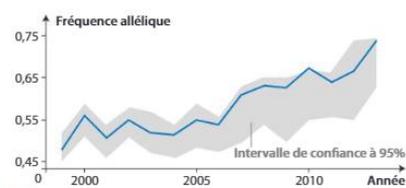
Source : N. Chen, PNAS (2019)



a Un Geai à gorge blanche



b Contribution génétique des immigrants sur la population de Geais étudiée
Chaque courbe colorée indique la contribution génétique de cohortes successives de migrants. La courbe noire correspond à la contribution génétique totale des immigrants.



c Évolution des fréquences alléliques d'un SNP suite aux immigrations successives

Les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) sont des séquences d'ADN qui présentent des variations ponctuelles de l'ADN très fréquentes entre individus, à l'origine de nombreux allèles. Leur analyse est riche pour évaluer la diversité génétique d'une population.

Hachette, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 3 p.67

Montrer comment les flux migratoires des populations entraînent des écarts à l'équilibre de Hardy-Weinberg.

Activité n°4 : L'impact des flux migratoires.

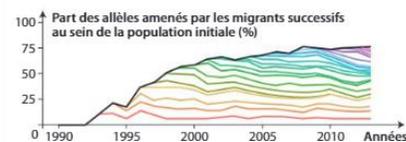
Document 1 : L'impact de migrations dans les populations de Geais à gorge blanche.

La structure génétique d'une population naturelle de Geais à gorge blanche (*Aphelocoma coerulescens*) a été étudiée pendant plus de 20 ans en Floride. Cette population a connu des niveaux élevés d'immigration : les individus immigrant représentent 32 à 55 % des adultes reproducteurs sur une année. Ces individus, en se reproduisant avec la population existante, y intègrent leurs allèles : on parle de flux de gènes.

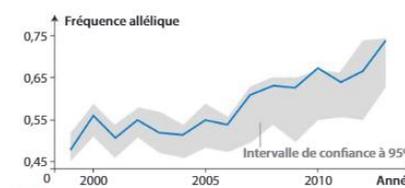
Source : N. Chen, PNAS (2019)



a Un Geai à gorge blanche



b Contribution génétique des immigrants sur la population de Geais étudiée
Chaque courbe colorée indique la contribution génétique de cohortes successives de migrants. La courbe noire correspond à la contribution génétique totale des immigrants.



c Évolution des fréquences alléliques d'un SNP suite aux immigrations successives

Les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) sont des séquences d'ADN qui présentent des variations ponctuelles de l'ADN très fréquentes entre individus, à l'origine de nombreux allèles. Leur analyse est riche pour évaluer la diversité génétique d'une population.

Hachette, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 3 p.67

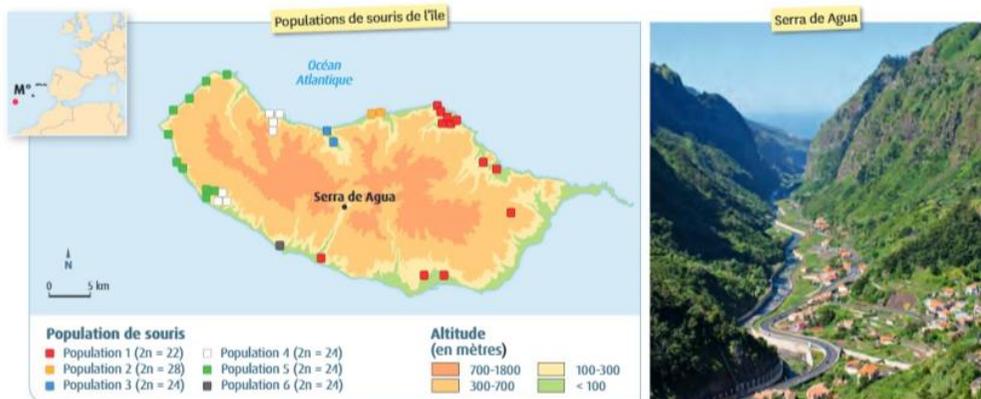
Montrer comment les flux migratoires des populations entraînent des écarts à l'équilibre de Hardy-Weinberg.

Activité n°5 : Les souris de Madère.

A l'aide des informations à votre disposition, montrez que les souris de Madère sont constituées des populations différentes qui pourraient à terme être à l'origine d'espèces différentes. Vous préciserez les mécanismes génétiques et évolutifs en jeu.

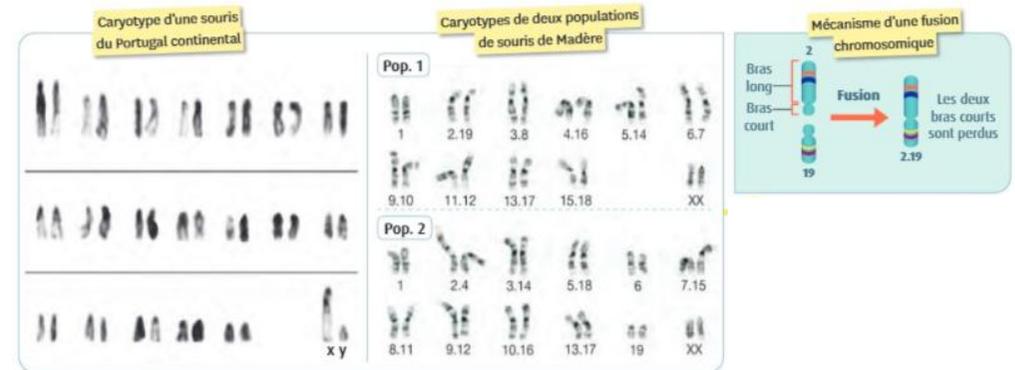


Document 1 : Les souris de Madère. Sur l'île portugaise de Madère, des analyses génétiques ont montré que toutes les souris ne possèdent pas le même caryotype. On a dénombré 6 ensembles de populations ayant chacun un caryotype différent. Ces ensembles de sous-populations sont séparés les uns des autres par des obstacles (sommets élevés par exemple) limitant fortement les échanges entre eux. Aucun caryotype ne correspond à celui que possèdent les souris dans le reste de l'Europe et au Portugal continental.



Belin, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 1 p.80

Document 2 : Les caryotypes des souris de Madère. Les souris ont normalement 20 paires de chromosomes (2n=40). Ces chromosomes sont dits acrocentriques : le bras court est extrêmement réduit. Chez les souris de Madère, plusieurs chromosomes ont fusionné.



Belin, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 2 p.80

Document 3 : Etude de l'interfécondité de différentes populations de souris de Madère. Une équipe scientifique a croisé au laboratoire deux populations de souris de Madère possédant des caryotypes différents. Les croisements donnent naissance à des hybrides. Les ovaires des femelles ne présentent pas d'anomalies, contrairement aux testicules des mâles. Les essais de reproduction de ces hybrides entre eux montrent que leur fertilité est diminuée de 50%.

	% de cellules germinales mortes	Gamètes avec un nombre anormal de chromosomes
Souris parentales	28,3	Rares
Hybrides	50,9	Plus fréquents

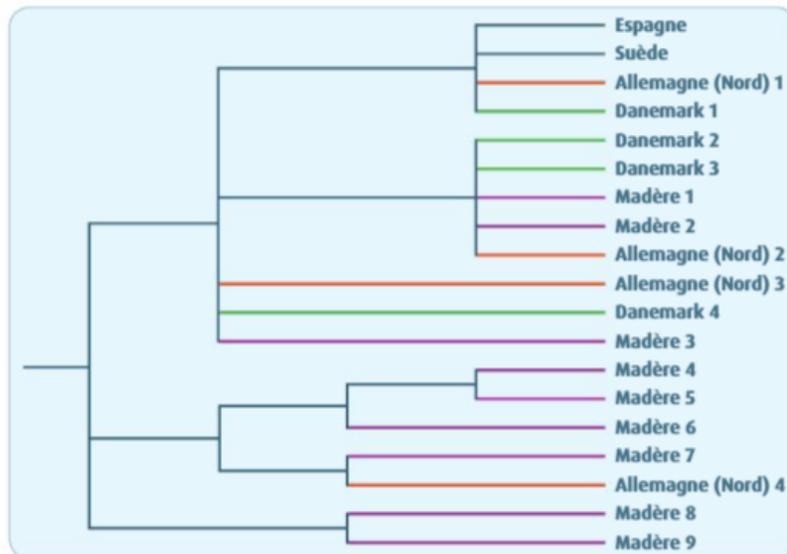
Belin, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 3 p.80

Document 4 : L'origine des souris de Madère : un scénario.

Les souris colonisent de nouveau milieu comme les îles en étant transportés de manière involontaire par les humains sur leurs bateaux. À Madère, deux événements successifs de colonisation ont sans doute eu lieu. Les premières souris arrivées sur l'île provenaient probablement d'Europe du nord, via des bateaux Vikings. Cet événement est non documenté par les archives historiques, mais les Vikings danois ont fait des raids sur la côte ibérique au 9^e siècle. Plus tard, des souris provenant du Portugal ont probablement débarqué à Madère suite à l'échouage accidentel d'un vaisseau sur l'île en 1419.

Belin, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 5 p.81

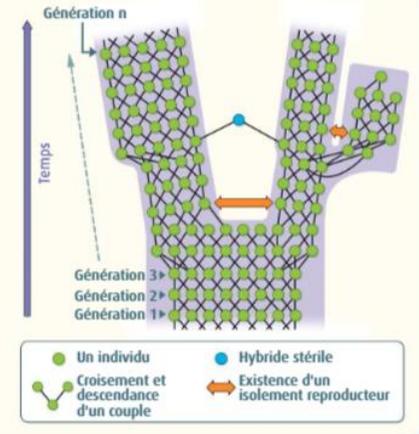
Document 5 : Arbre phylogénétique simplifié de souris originaire de l'île de Madère et d'autres populations de souris. Cet arbre a été obtenu par séquençage d'un gène contenu dans l'ADN des mitochondries (cet ADN est transmis seulement par la mère). Il montre une proche parenté de souris de Madère avec des souris du nord de l'Europe. Mais d'autres études fondées sur l'étude de séquences dans l'ADN nucléaire montrent une grande proximité avec des souris du Portugal continental.



Belin, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 4 p.81

Document 6 : La définition phylogénétique de l'espèce.

Il y a plusieurs façons de définir une espèce. La définition donnée en classe de seconde est celle du biologiste Ernst Mayr (1942) : une espèce est un « groupe de populations naturelles, effectivement ou potentiellement interfécondes, et reproductivement isolées d'autres groupes semblables ». Cet isolement reproducteur peut se mettre en place de façon progressive dans le temps. On peut également définir l'espèce de façon phylogénétique : une espèce est l'ensemble des individus qui donnent ensemble une descendance fertile depuis un point de rupture du flux généalogique jusqu'au point de rupture suivant. Du point de vue temporel, une espèce est encadrée par un événement de spéciation, à l'origine de cette espèce, et par un événement mettant fin à son existence (soit une nouvelle spéciation, soit une extinction).



Belin, Terminale spécialité SVT, 2020, doc 6 p.81