

Séance 7 : évolution et biodiversité

Les êtres vivants présentent des parentés à plusieurs échelles. Ils sont pourtant très différents, malgré ces parentés. Cette diversité du vivant, ou biodiversité, qui évolue au cours du temps, est visible même au niveau de l'espèce, puisque les individus possèdent des allèles différents.

Comment la diversité génétique des populations peut-elle conduire à l'évolution des espèces ?

Capacités : réaliser une modélisation, utiliser un tableur, utiliser un logiciel de simulation.

Un rappel : les individus d'une même espèce possèdent les mêmes mais ne présentent pas les mêmes On parle de diversité génétique.

Illustrons ceci avec la répartition des fréquences des allèles ABO dans diverses populations humaines (il s'agit des allèles d'un même gène).

Population	Pourcentage des allèles		
	A	B	O
française	26,3	7,4	66,3
italienne	23,7	7,7	68,6
turque	25,6	13,5	60,9
russe	20,9	15,2	63,8
malgache	16,8	15,3	67,9
sénégalaise	14,9	18,9	66,1
indienne	14,9	29,1	56

Répartition des fréquences alléliques des allèles ABO dans diverses populations humaines.

© SVT 2^{Nde} Nathan 2010

- **Comparer** les fréquences des allèles A, B, O dans les différentes populations présentées et **conclure**.

La notion de dérive génétique.

On dispose de trois couples de reproducteurs, tous hétérozygotes pour le même gène (ils possèdent un allèle jaune et un allèle bleu).

On considère que chaque couple a deux enfants (population stable au cours du temps). Pour déterminer les génotypes des enfants, on pratique un tirage au sort d'un allèle d'un des représentants du couple, puis d'un allèle du partenaire. Pour le deuxième enfant, on fait de même, en ayant pris soin auparavant de remettre les allèles tirés au sort dans les pots, et d'avoir mélangé.

- **Noter** les génotypes de chaque descendant dans le tableau donné en annexe.

Pour les générations suivantes, on suit systématiquement les règles exposées ci-dessous :

Partenaires	Couple 1		Couple 2		Couple 3	
	Enfant 1 du couple 1 de la génération précédente	Enfant 2 du couple 2 de la génération précédente	Enfant 2 du couple 1 de la génération précédente	Enfant 1 du couple 3 de la génération précédente	Enfant 1 du couple 2 de la génération précédente	Enfant 2 du couple 3 de la génération précédente

Modalité des croisements.

- **Réaliser** les sept générations suivantes en suivant scrupuleusement le protocole précédent. **Noter** en parallèle vos résultats dans le modèle de tableau présenté en annexe.

- **Inscrire** par la suite dans le tableau ci-dessous la fréquence des allèles bleu et jaune par génération.

Pour calculer la fréquence : nombre d'allèles d'une couleur donnée / nombre total d'allèles.

	Nombre d'allèles jaunes	Fréquence de l'allèle jaune	Nombre d'allèles bleus	Fréquence de l'allèle bleu	Total
Génération 0					
Génération 1					
Génération 2					
Génération 3					
Génération 4					
Génération 5					
Génération 6					
Génération 7					
Génération 8					

Fréquences des allèles bleu et rouge au cours des générations.

- **Recopier** les données utiles du tableau dans Excel (générations et fréquences de chaque allèle).
- **Représenter** graphiquement via le logiciel Excel, l'évolution du nombre d'allèles bleu et jaune au cours des générations (Graphique -> nuage de points -> reliés par une courbe). Ne pas oublier de **légèder** et **titrer**.
- **Copier** votre graphique sur un fichier Word (pour que je puisse réunir tous ceux de la classe).
- **Analyser** les résultats.

On veut maintenant simuler informatiquement cette dérive. On utilise la simulation en ligne suivante : <http://darwin.eeb.uconn.edu/simulations/drift.html>

Dans un premier temps, on prend un faible nombre d'individus. **Choisir** ainsi les paramètres suivants :
 P (fréquence de départ de l'allèle étudié) : 0,5 (comme dans la modélisation précédente)
 N (nombre d'individus) : 10 individus (contre 12 dans la vôtre).
Prendre 100 générations (contre 8 précédemment).

- **Faire** huit tentatives successives. **Conclure**.
- **Recommencer** avec un effectif beaucoup plus élevé (1000 individus). **Conclure**.
- **Indiquer** alors quelle devrait être la fréquence des trois allèles ABO (premier document de la feuille) dans les différentes populations dans 100 ans, si on considère que ces populations sont de grande taille et que les rencontres entre individus se font au hasard.
- Bilan de cours.

La notion de **sélection naturelle**.

L'expérience précédente montre une évolution totalement aléatoire des allèles au cours du temps. Il est possible que cette évolution ne soit pas aléatoire, sous l'effet de contraintes du milieu. On parle alors de sélection naturelle.

On utilise la simulation en ligne suivante : <http://darwin.eeb.uconn.edu/simulations/selection.html>

Cette simulation permet de suivre l'évolution de la fréquence allélique d'organismes fictifs au fil des générations, en réponse à la pression de sélection naturelle. Le nombre de générations est fixé à 100. Il est possible de moduler la valeur sélective d'un génotype entre cinq niveaux différents. Le niveau 1 correspond à un génotype responsable d'un avantage sélectif neutre. Plus le niveau est bas, plus la valeur sélective est élevée.

- **Partir** d'une fréquence P : (fréquence de l'allèle) 0,5 (comme dans les simulations précédentes)
- **Paramétrer** le génotype homozygote (convention w11) avec une valeur sélective de plus en plus forte (de 1 à 0,6). Les deux autres génotypes, hétérozygote (w12) et homozygote (w22) auront une valeur sélective neutre (1).
- **Lancer** la modélisation à chaque changement de valeur sélective pour que l'on puisse suivre l'évolution de la fréquence de l'allèle étudié au cours des différentes expériences.
- **Observer et conclure** (ce qui revient à définir en partie la notion de sélection naturelle).
- Bilan de cours (complément sur la sélection naturelle).

Il arrive dans la nature que des populations d'individus d'une même espèce soient isolées les unes des autres durant de longues périodes (plusieurs milliers d'années).

Les phénomènes de dérive génétique associés à la sélection naturelle, peuvent alors conduire les populations à posséder un patrimoine génétique tellement différent qu'elles ne peuvent plus se reproduire ensemble et forment alors deux espèces distinctes. C'est le cas des souris sylvestres américaines (*Peromyscus maniculatus*) qui présentent quatre populations distinguées en sous-espèces. Les populations se croisent entre elles, sauf *artemisiae* et *nebrascensis*, qui ne sont pas au contact direct l'une de l'autre.



Répartition des populations de souris sylvestres. © http://www.rationalisme.org/french/sciences_preuves_9.htm

- **Expliquer**, en utilisant le document, comment la dérive génétique et la sélection naturelle peuvent participer à l'émergence de nouvelles espèces.
- Conclusion finale.