

Thème : Génétique et évolution

Chapitre B3 :
**L'inéluctable évolution des génomes au
sein de populations**

Problématique : Quels mécanismes permettent l'évolution des génomes au sein des populations ?

I. L'équilibre de Hardy-Weinberg

Au début du 20^e siècle, le mathématicien Godfrey Hardy et le médecin Wilhem Weinberg ont découvert un principe qui permet de prévoir, dans certaines conditions, l'évolution des fréquences alléliques au sein des populations.

En 1908, Hardy et Weinberg énoncent que pour un gène donné, dans une population ayant recours à la reproduction sexuée, **la fréquence des génotypes des zygotes est prévisible** si l'on connaît la fréquence des allèles chez les parents.

Ce modèle dépend toutefois de plusieurs conditions :

Conditions de l'équilibre

- 1.** Les croisements entre individus se font au hasard (panmixie).
- 2.** Il y a absence de mutation à l'origine de nouveaux allèles.
- 3.** Il n'y a pas de sélection naturelle agissant sur les allèles.
- 4.** Il n'y a pas de flux génétique, c'est-à-dire pas de migration.
- 5.** La population est de grande taille.

• De plus, si les conditions ci-dessous sont respectées, alors les fréquences alléliques et génotypiques chez les **individus** sont stables dans le temps : c'est ce qu'on appelle l'**équilibre de Hardy-Weinberg**.

De plus, si les conditions sont respectées, alors les fréquences alléliques des individus sont stables dans le temps : c'est ce qu'on appelle **l'équilibre de Hardy-Weinberg**

Démonstration de la stabilité des fréquences alléliques au cours des générations :

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 :

$$f_R = \text{fréquence (R//R)} + \frac{1}{2} \text{fréquence (R//B)} = p^2 + pq$$

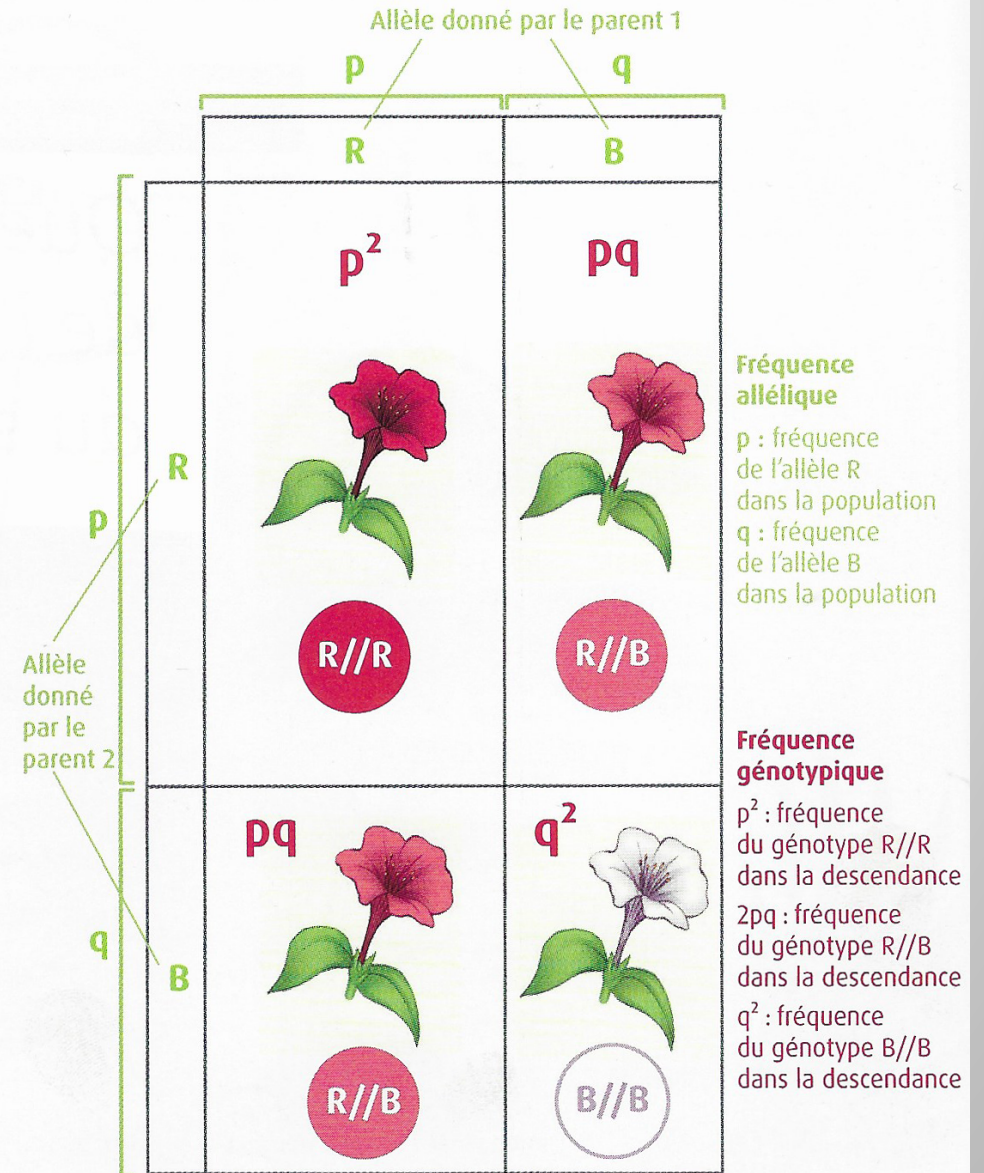
$$f_B = \text{fréquence (B//B)} + \frac{1}{2} \text{fréquence (R//B)} = q^2 + pq$$

D'après (a), $q = 1 - p$ et $p = 1 - q$. Donc :

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

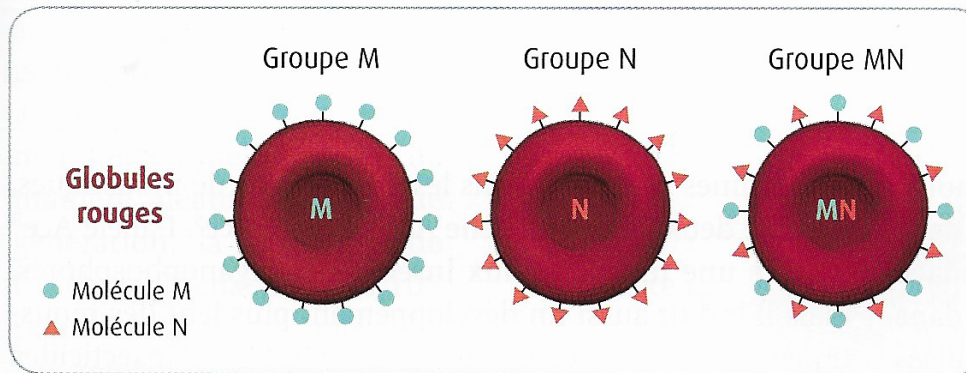
$$f_B = q^2 + pq = q^2 + (1 - q)q = q^2 + q - q^2 = q$$

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.



Exemple des marqueurs M et N des globules rouges

Les globules rouges portent à leurs surfaces des molécules qui peuvent être reconnues par des anticorps. Les plus connues sont celles qui déterminent les groupes sanguins ABO. Il existe beaucoup d'autres molécules permettant d'établir des groupes sanguins, comme les molécules M et N. Elles sont codées par un gène possédant deux allèles M et N. Dans les années 1950, le génotype pour ce gène d'un échantillon de 1416 habitants d'une ville japonaise a été déterminé.



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

Méthode-clé

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

- Partir de effectifs de chaque génotype dans l'échantillon d'effectif N : $n_{[AA]}$, $n_{[Aa]}$ et $n_{[aa]}$
- Calculer la fréquence de chaque allèle dans l'échantillon :

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

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

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

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

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

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

- Comparer effectifs attendus et effectifs observés.

4 Études des groupes sanguins M et N dans une ville japonaise.

Montrez que la structure génétique de la population est en accord avec la loi de Hardy-Weinberg.

II. Les écarts à l'équilibre de Hardy-Weinberg

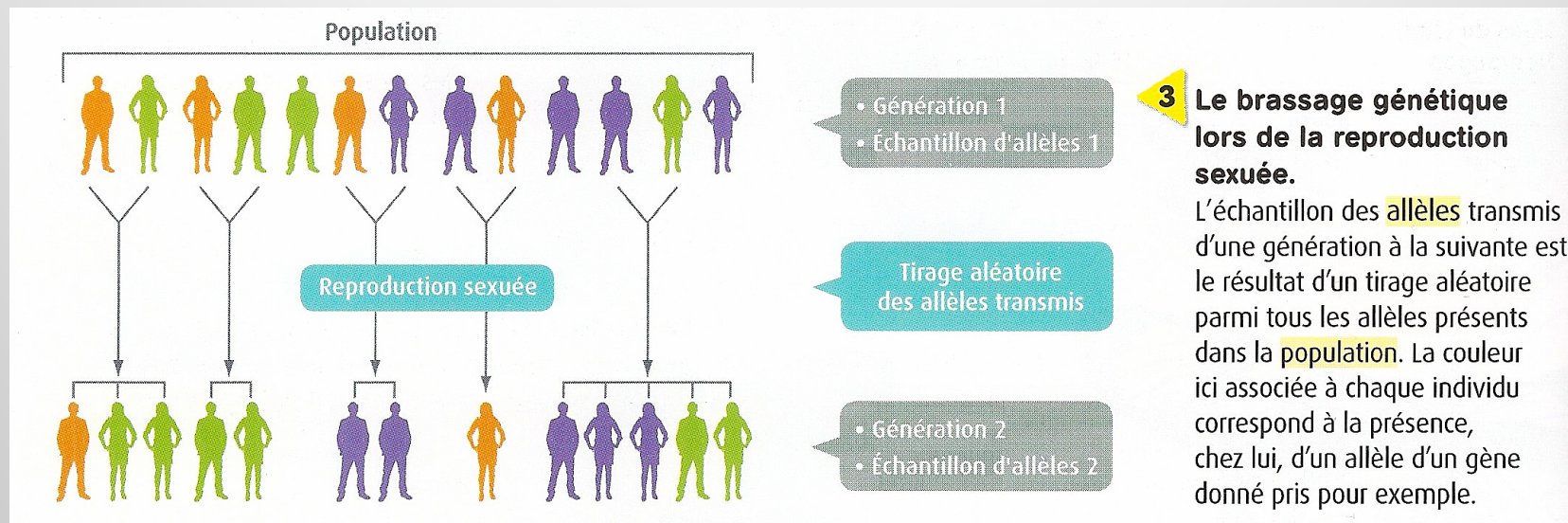
1) Les effets des mutations

2) Les effets de la dérive génétique

La fréquence des allèles varie au cours des générations par dérive génétique

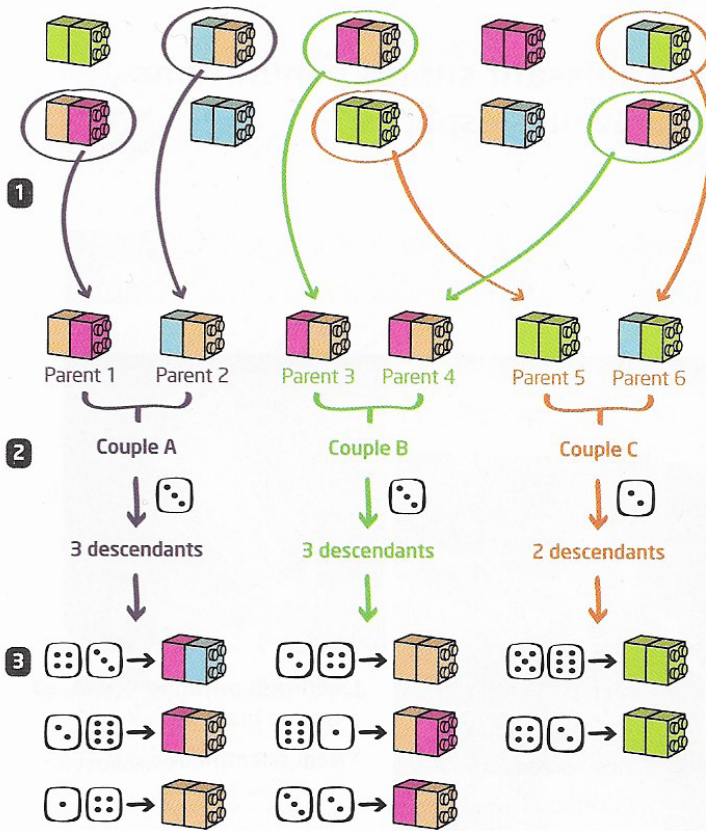
La fréquence des allèles varie sous **l'effet du hasard (de façon aléatoire)** au cours des générations car les parents transmettent au hasard un échantillon d'allèles lors de la reproduction.

On dit que les allèles subissent une **dérive génétique**.



Modélisation de l'évolution de la fréquence des allèles par dérive génétique

Génération 1: population de départ 10 individus - 4 allèles



Génération 2

1 SÉLECTION DE 3 COUPLES REPRODUCTEURS

Choisir au hasard (les yeux bandés) 3 couples dans la population de départ.

2 NOMBRE DE DESCENDANTS

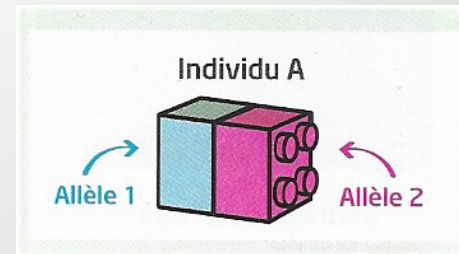
Lancer le dé pour déterminer le nombre de descendants de chaque couple.

3 DÉTERMINER LES ALLÈLES DE CHAQUE DESCENDANT

Chaque parent transmet soit l'allèle 1, soit l'allèle 2.

Lancer le dé pour sélectionner l'allèle transmis par le premier parent.
 - Si le résultat est impair, il transmet l'allèle 1.
 - S'il est pair, il transmet l'allèle 2.

Faire de même pour sélectionner l'allèle transmis par le 2^e parent.



3 Principe de la modélisation de la dérive génétique. Cette modélisation peut être menée sur plusieurs générations, en appliquant toujours le principe suivant : dans une génération, seuls trois couples au maximum se reproduisent.

Résultats sur la génération 2 après trois simulations

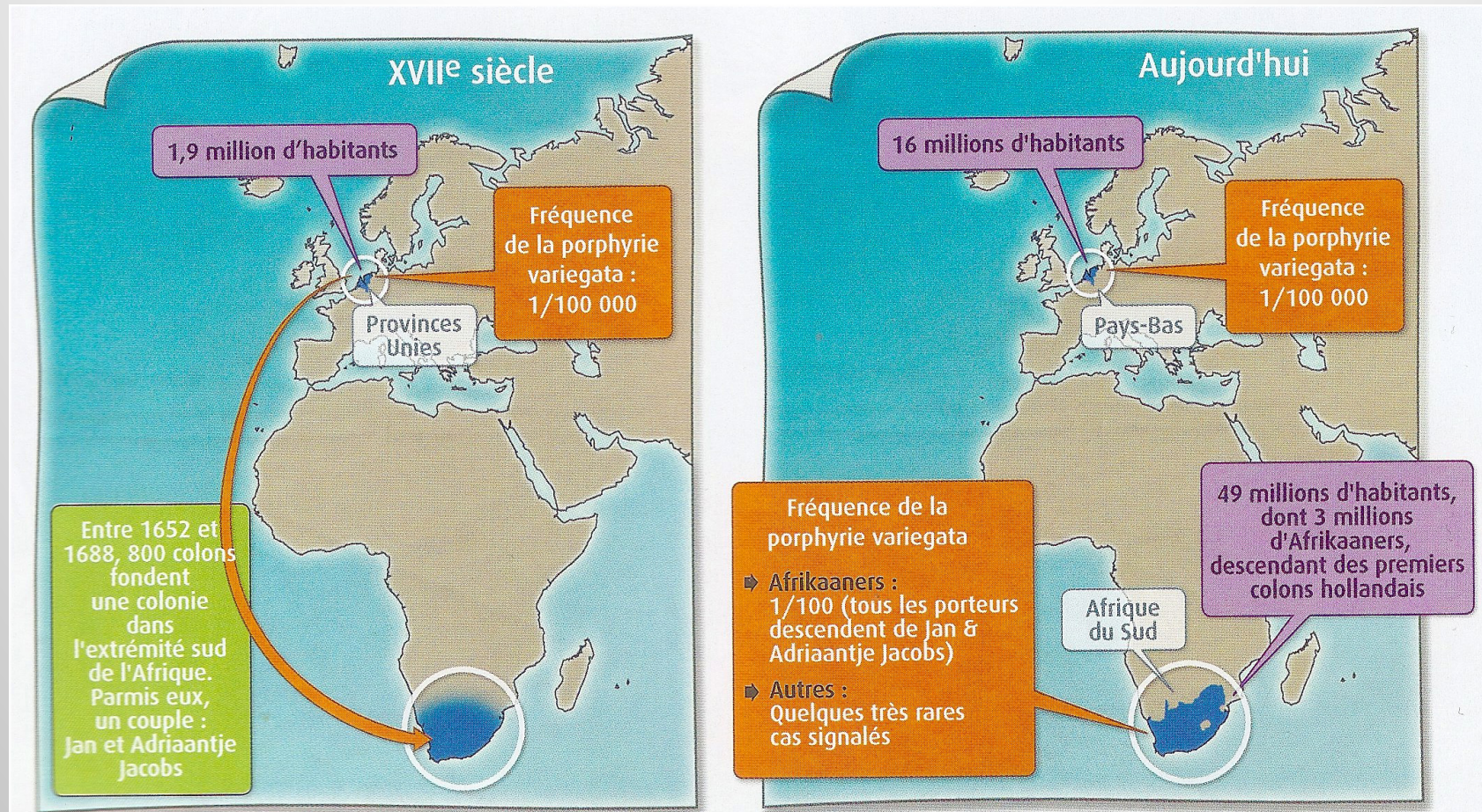
| | Fréquence allèle vert | Fréquence allèle rose | Fréquence allèle orange | Fréquence allèle bleu |
|--------------|-----------------------|-----------------------|-------------------------|-----------------------|
| Simulation 1 | 0,46 | 0,36 | 0,09 | 0,09 |
| Simulation 2 | 0,16 | 0,19 | 0,19 | 0,46 |
| Simulation 3 | 0,12 | 0,56 | 0,20 | 0,12 |

4

Résultats de trois simulations sur la génération trois.

Au départ, la fréquence de chaque allèle était 0,25 dans la population.

Exemple de dérive génétique : la maladie génétique porphyrie variegata dans l'espèce humaine

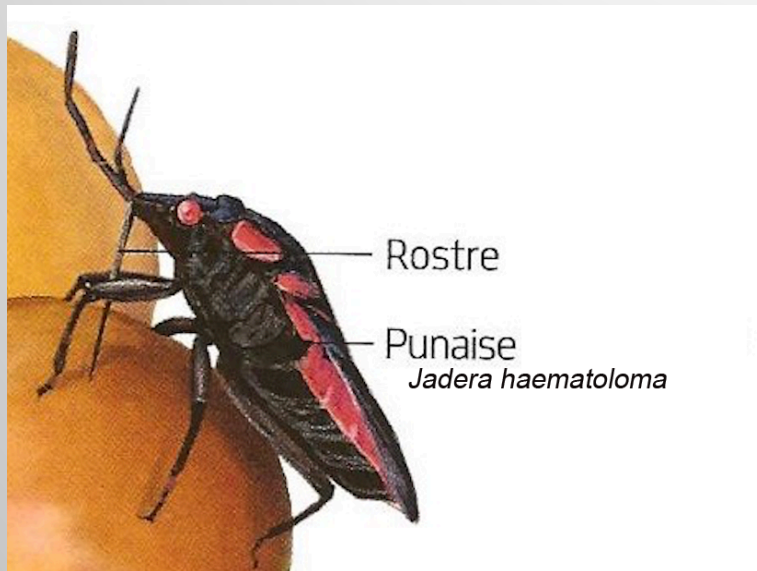


3 Évolution de la fréquence d'une maladie génétique (porphyrie variegata) dans deux populations humaines entre le XVII^e siècle et nos jours. Cette maladie implique un seul locus. Les personnes atteintes ont peu de symptômes (faiblesse musculaire, insomnie, urines colorées en rouge sombre). Leur survie et leur fertilité sont normales.

3) Effet de la sélection naturelle

Exemple de la population de punaises en Floride

La punaise *Jadera haematoloma* se nourrit exclusivement de graines d'arbres de la famille des Sapindacées grâce à un rostre long et fin en forme d'aiguille qui lui permet de percer l'enveloppe du fruit pour atteindre la graine



A Punaise du savonier enfonçant son rostre dans un fruit de liane-ballon pour en atteindre la graine.

Les punaises sont sédentaires et passent toute leur vie sur un seul arbre

- En Floride, l'espèce indigène de Sapindacées est la liane-ballon, surtout présente dans le sud, plus rare dans le centre. Dans les années 1920, le savonnier élégant, originaire d'Asie, a été introduit dans le centre de la Floride où il s'est largement répandu.

L'étude de spécimens de punaises du savonnier conservées dans des musées a permis de reconstituer l'évolution de la taille du rostre dans la population du centre de la Floride au cours du temps (C).

Par ailleurs il a été démontré :

- que l'accès aux graines permet aux femelles d'augmenter leurs chances de reproduction (cette nourriture permet en effet la maturation des ovules) ;
- que la longueur du rostre est un caractère héréditaire*, génétiquement déterminé ;
- que les punaises sont sédentaires (il n'y a pas eu d'événements de migration entre les deux régions).

Fruit de la liane-ballon (dite Graine de cœur)



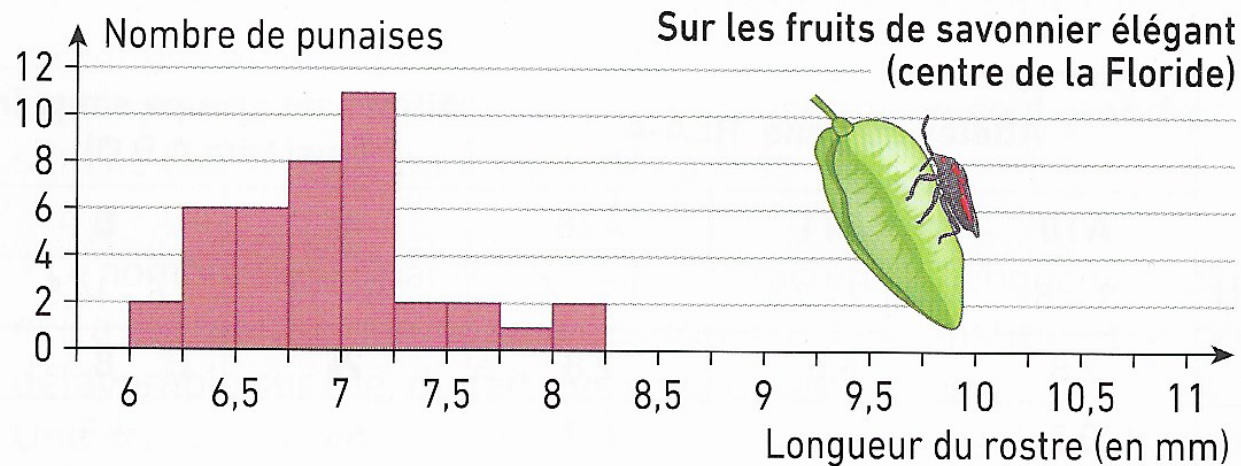
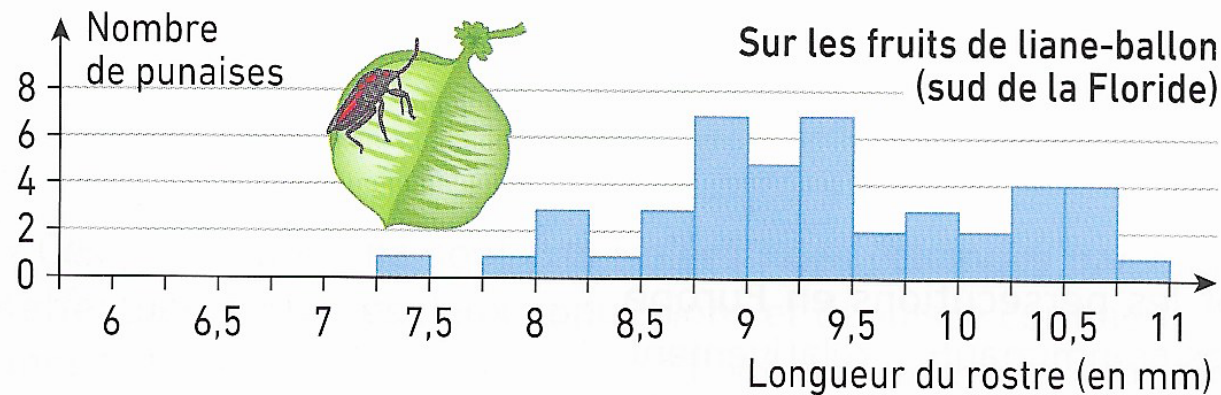
Distance moyenne pour atteindre la graine :
8 mm

Fruit du savonnier

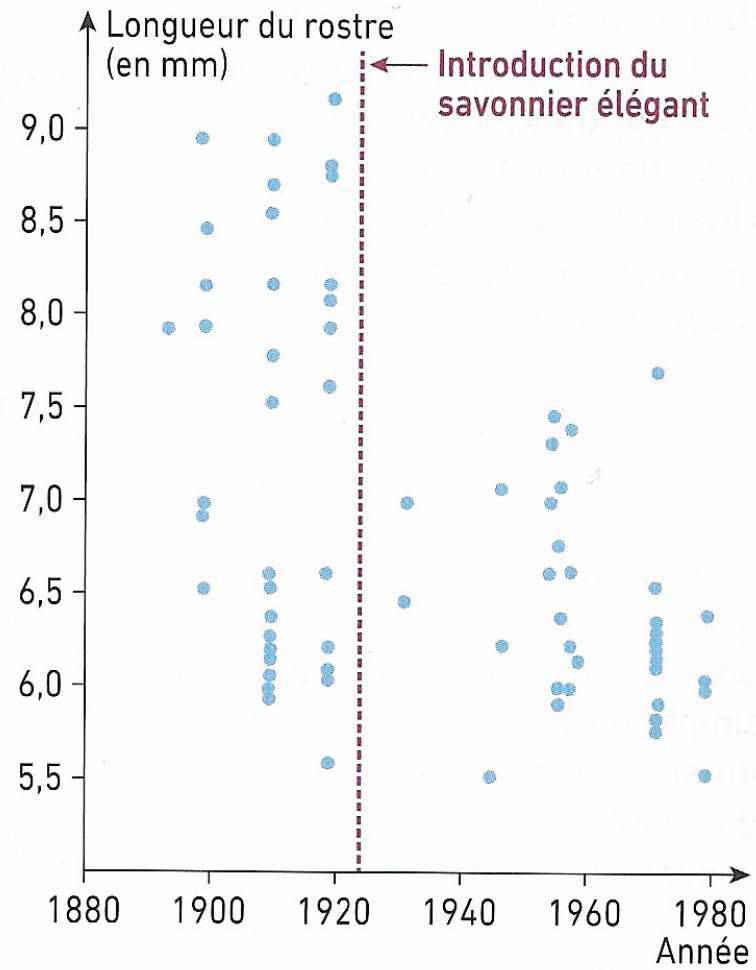


Distance moyenne pour atteindre la graine :
6 mm

Des chercheurs ont étudié la longueur du rostre dans deux populations de punaises, vivant dans deux régions de Floride (B) : dans le sud, les punaises vivent sur la liane-ballon, à fruit renflé, tandis que dans le centre, elles se développent sur le savonnier élégant, arbre dont le fruit est beaucoup plus plat.



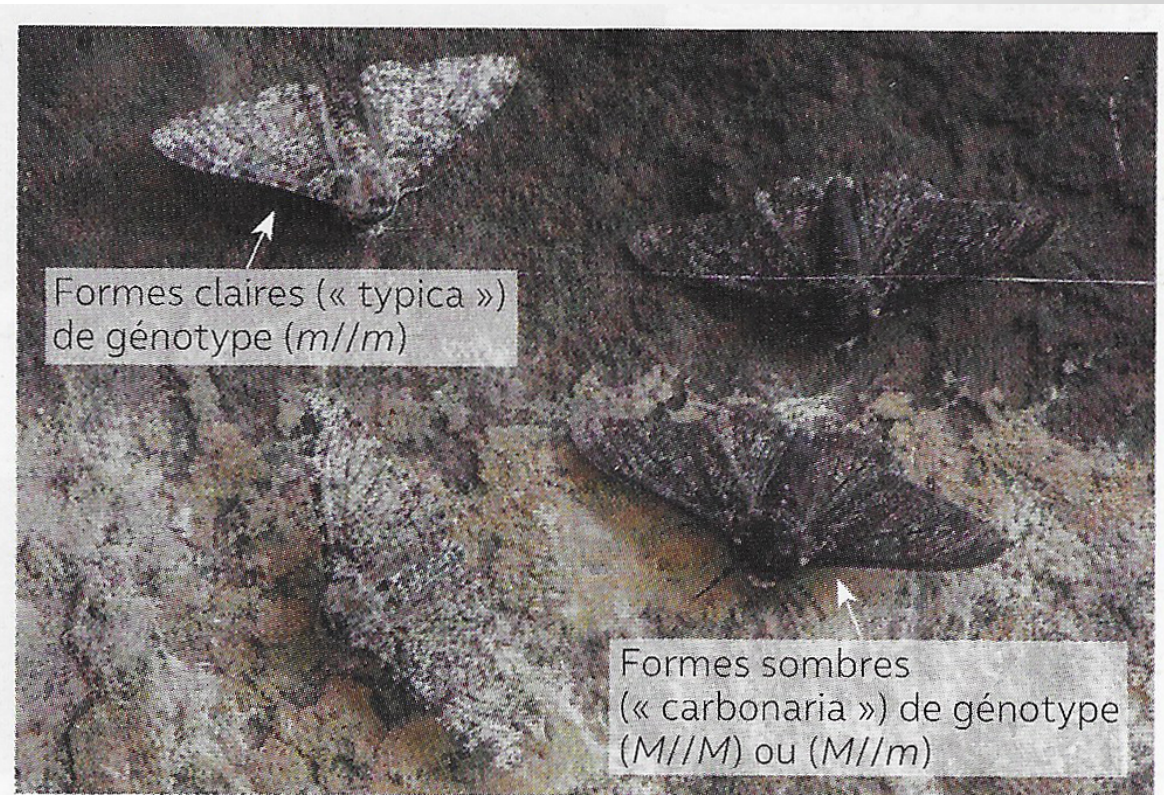
B Longueur du rostre des deux populations de punaises.



C Évolution de la taille du rostre des punaises du savonnier au cours du temps (un point correspond à un individu).

Exemple de la phalène du bouleau

Les Phalènes du bouleau (*Biston betularia*) sont des papillons qui se posent le jour sur les troncs de Bouleau, et dont certains oiseaux se nourrissent. Dans l'expérience de Kettlewell (1955), des centaines de Phalènes du bouleau clairs et foncés de deux régions distinctes ont été marqués par une tache de peinture puis relâchés soit dans une forêt aux troncs clairs (zone non polluée du Dorset) soit dans une forêt aux troncs sombres (zone polluée de Birmingham). La nuit suivante, des papillons ont été recapturés et ceux marqués ont été décomptés. Kettlewell étudie ainsi la **sélection naturelle**.



a Deux formes de Phalènes du bouleau

L'allèle M est issu d'une mutation de l'allèle m .

b Les résultats de l'expérience de Kettlewell

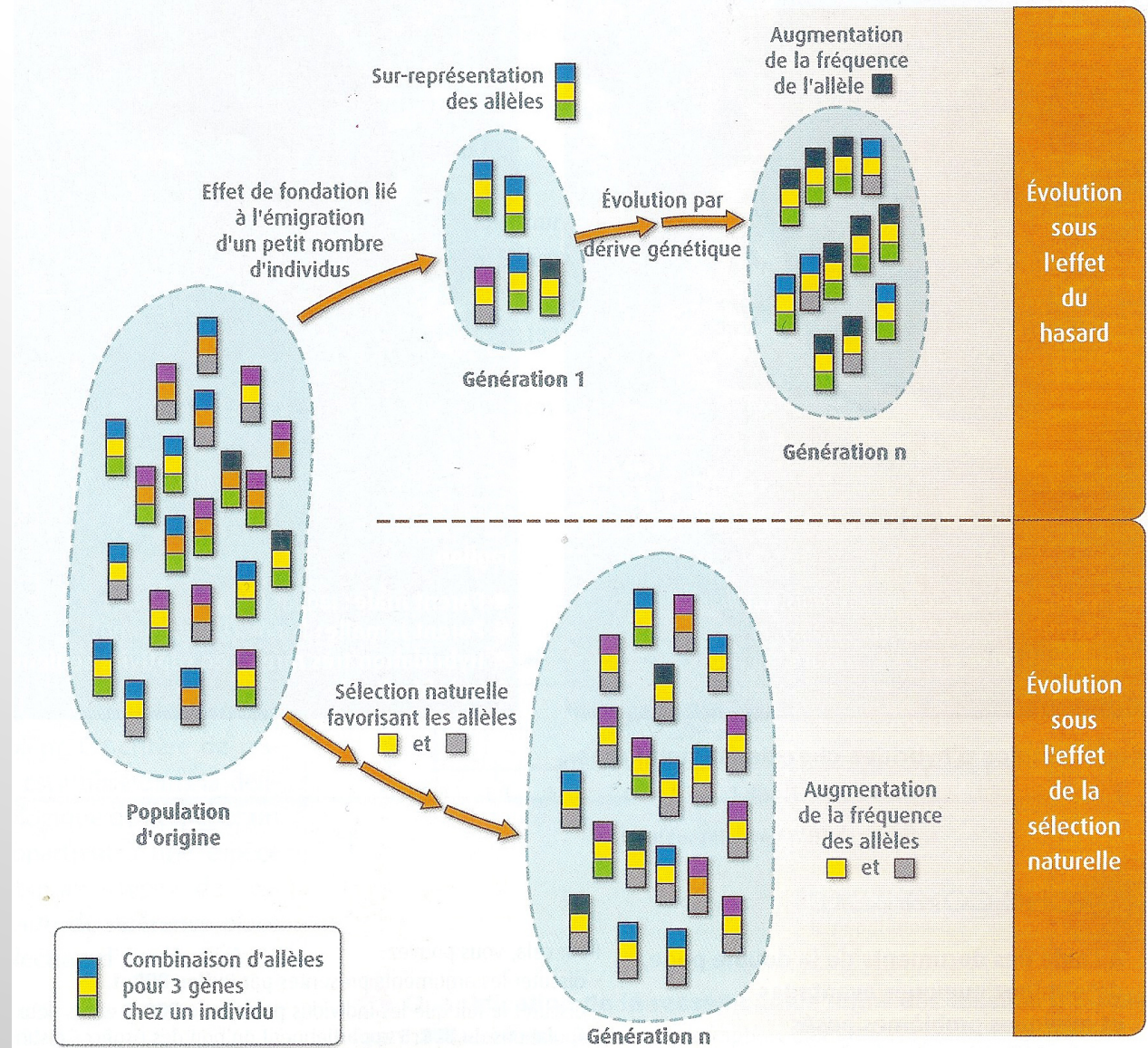
| Dorset | Forme « carbonaria » | Forme « typica » | Total |
|--------------------------------------|----------------------|------------------|--------|
| Zone boisée non polluée | | | |
| Nombre d'individus marqués relâchés | 473 | 496 | 969 |
| Nombre d'individu marqués recapturés | 30 | 62 | 92 |
| % d'individus marqués recapturés | 6,34 % | 12,5 % | 9,49 % |

| Birmingham | Forme « carbonaria » | Forme « typica » | Total |
|--------------------------------------|----------------------|------------------|---------|
| Zone polluée | | | |
| Nombre d'individus marqués relâchés | 154 | 64 | 218 |
| Nombre d'individu marqués recapturés | 82 | 16 | 98 |
| % d'individus marqués recapturés | 53,25 % | 25 % | 44,95 % |

Zone non polluée du Dorset : foret de troncs clairs

Zone polluée de Birmingham : foret de troncs foncés

Bilan des effets de la dérive génétique et de la sélection naturelle



Les modifications de la diversité génétique des populations au cours du temps.