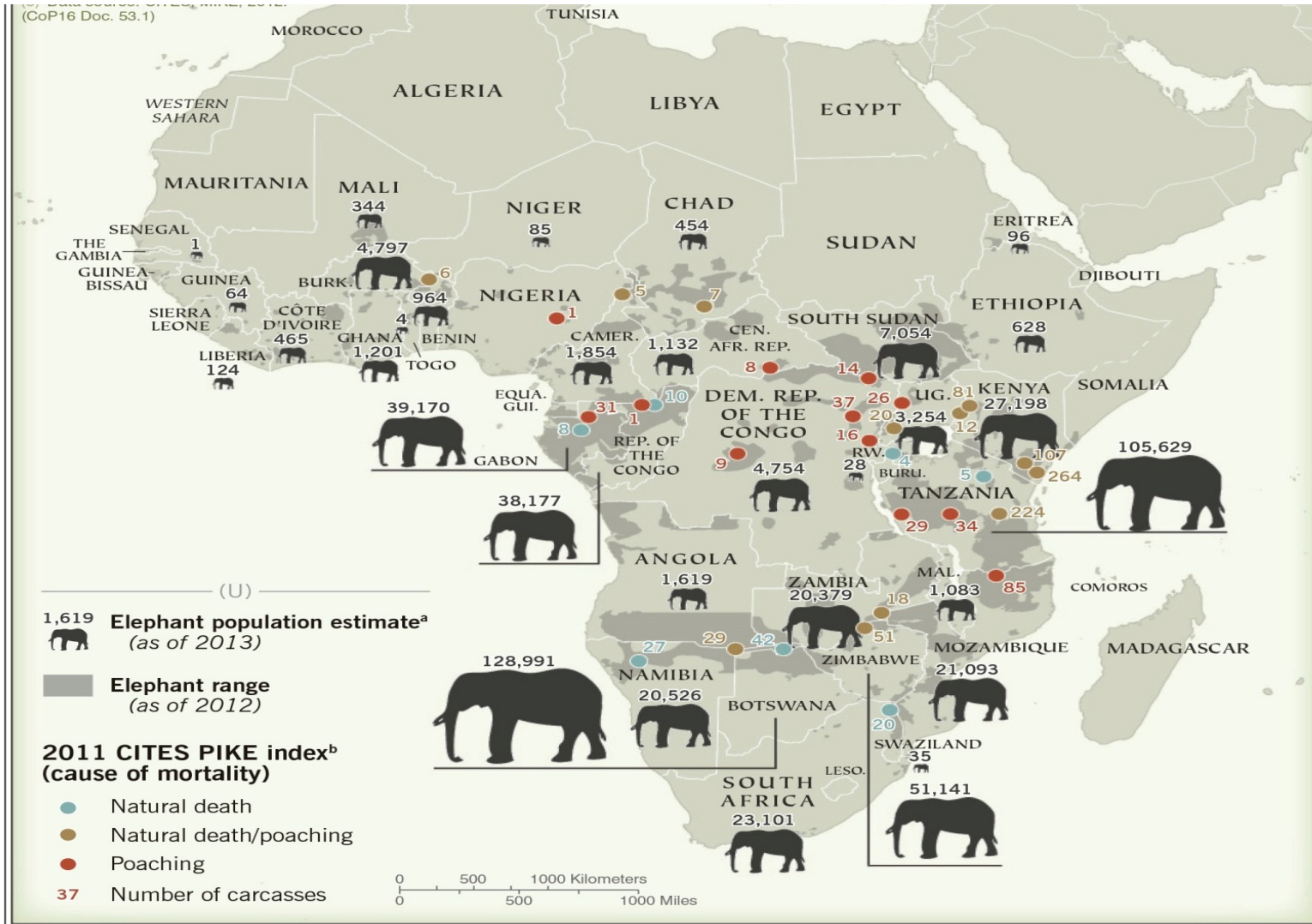


# Thème 1 : La Terre, la vie et l'organisation du Vivant



*Rhinopithecus bieti*

# Qu'est ce qu'une population?



## Chapitre 4 : L'évolution des populations par la variation des fréquences alléliques

*Comment les forces évolutives modifient-elles la structure génétique des populations ?*

*Comment peuvent-elles conduire à l'apparition de nouvelles espèces ?*

## Chapitre 4 : L'évolution des populations par la variation des fréquences alléliques

- I. Le modèle d'Hardy-Weinberg : la constance des fréquences alléliques dans les populations au cours du temps
- II. Les écarts au modèle d'HW mettent en évidence les mécanismes de l'évolution contribuant à la différenciation génétique des populations
- III. Un nouveau regard sur la définition d'espèce

## A. Notions de fréquence allélique et de fréquence génotypique

## Ex1 : la couleur des poulets andalous



Phénotype	[noir]	[blanc]	[Gris-bleu]
Génotype	(N//N)	(B//B)	(N//B)
Effectif dans la classe	5	2	9

## Ex2 : les groupes sanguins

Exemple 2 : On considère une population de 5 individus dont voici les génotypes et les phénotypes pour le gène du groupe sanguin :

Individu	Phénotype	Génotype
Individu A	[A]	(A//O)
Individu B	[O]	(O//O)
Individu C	[AB]	(A//B)
Individu D	[A]	(A//A)
Individu E	[AB]	(A//B)

Calcul des fréquences alléliques de cette population :

Fréquence de l'allèle A =

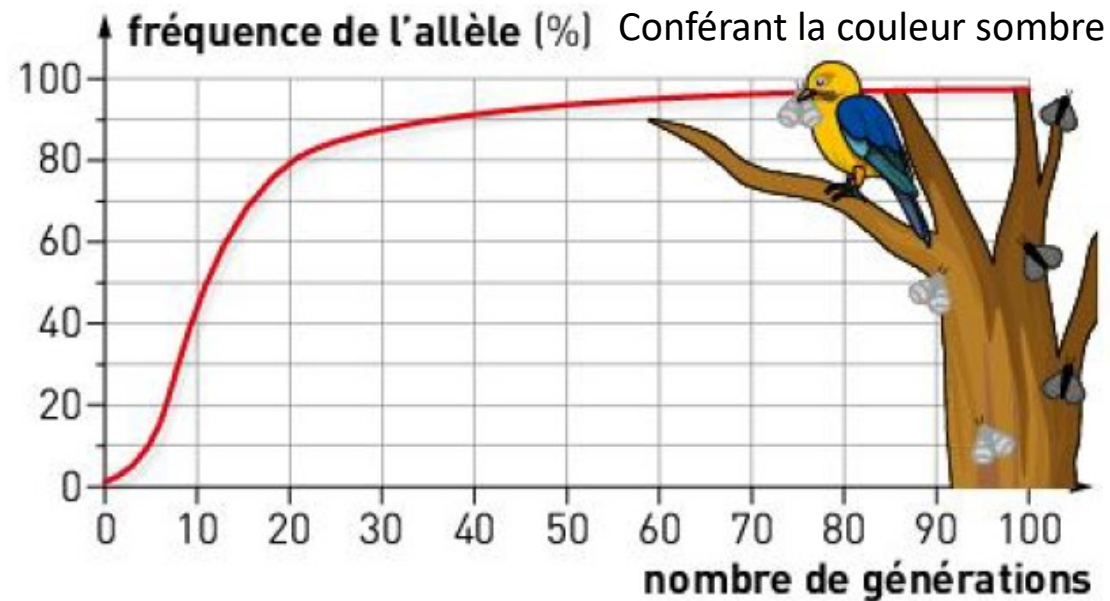
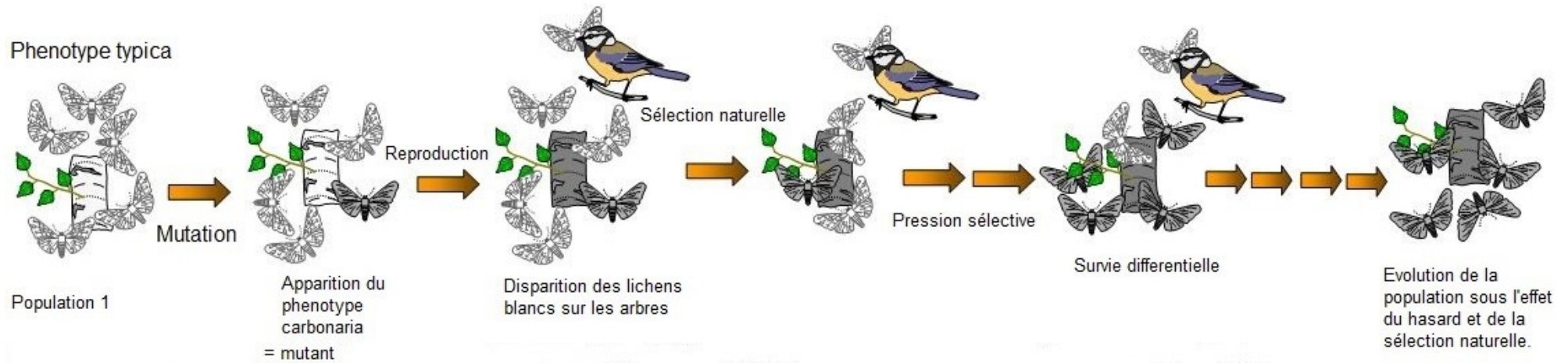
Fréquence de l'allèle B =

Calcul des fréquences génotypiques :

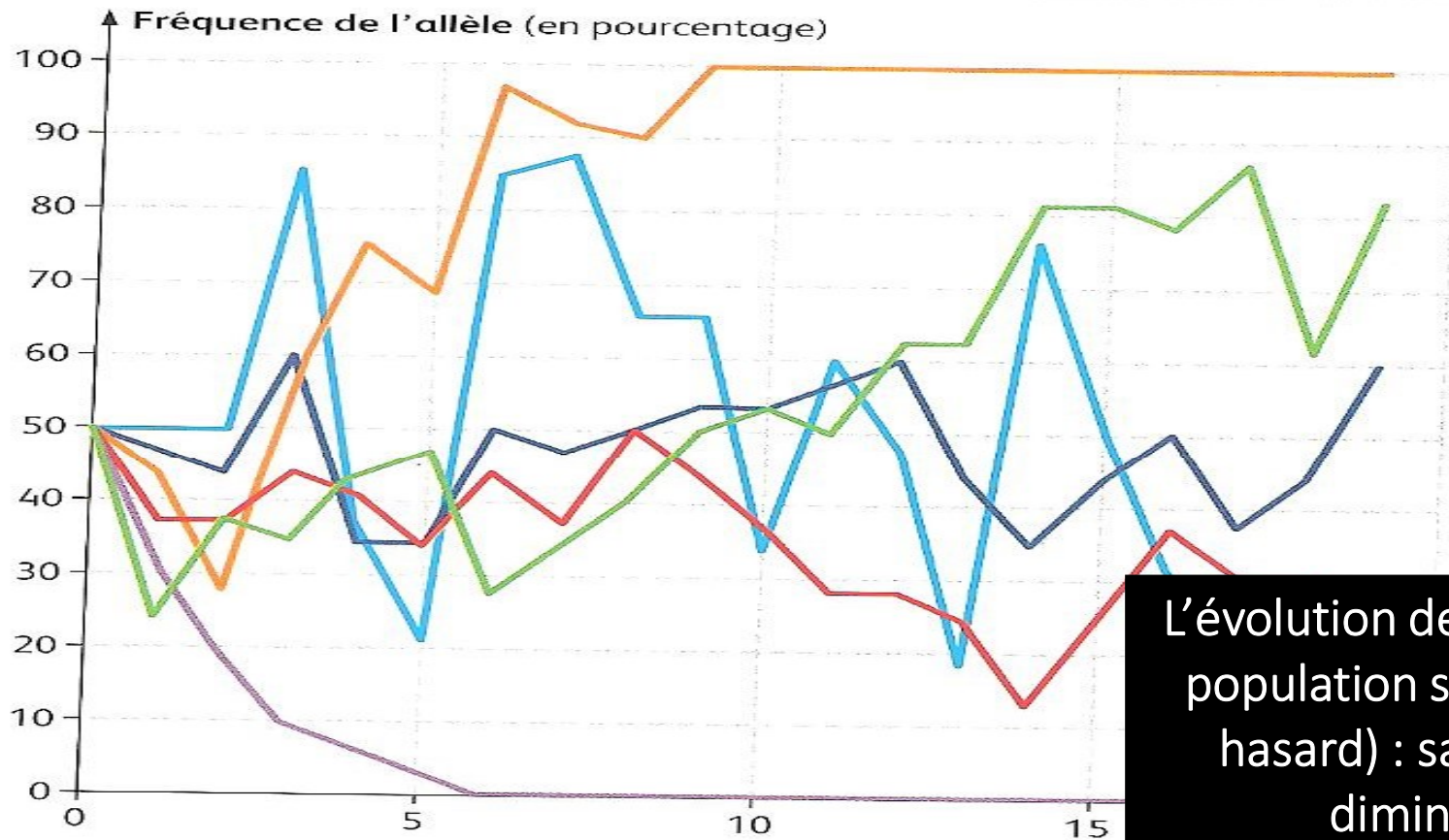
B. L'équilibre de Hardy-Weinberg : la constance des fréquences alléliques au cours du temps sous certaines conditions



# Allèle avantageux ou désavantageux : sélection naturelle



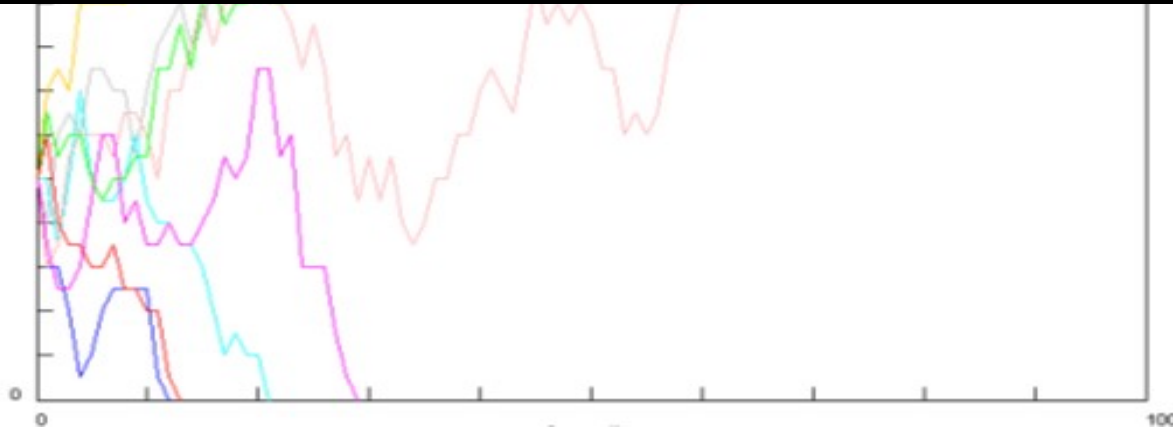
## Allèle neutre : dérive génétique



L'évolution de la fréquence de l'allèle dans la population se fait de manière aléatoire (au hasard) : sa fréquence peut augmenter, diminuer ou rester constante  
=> dérive génétique

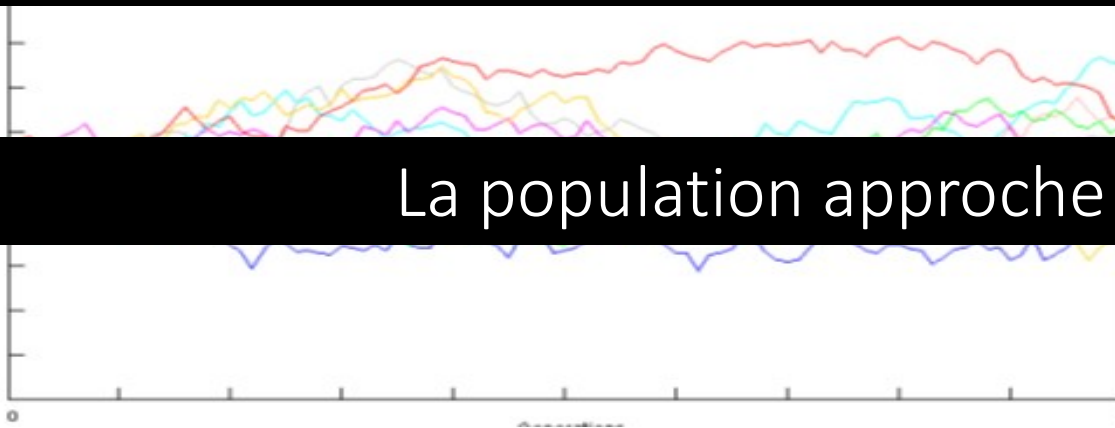
## Dérive génétique et taille de la population

Les effets de la dérive génétique sont marqués



Petite population (10 individus) => évolution très rapide : l'allèle se répand ou disparaît

Les effets de la dérive génétique s'estompent



Grande population => l'allèle se

La population approche un équilibre

## Si

- population de grande taille
- absence de mutations
- reproduction aléatoire des individus = PANMIXIE
- pas de migrations
- pas de sélection naturelle

- > Maintien des **fréquences alléliques**
- > Maintien des **fréquences génotypiques**  
de génération en génération

## Exemple : les groupes sanguins

Population	Pourcentage des groupes				Fréquence des allèles		
	O	A	B	AB	A	B	O
Amérindiens (Argentine)	98,5	1,5	0	0	0,007	0	0,993
Aborigènes (Australie)	48,1	51,9	0	0	=> Fréquences constantes		
Population basque	57,2	41,7	1,1	0			
Population française	39,8	42,3	11,8	6,1	0,276	0,088	0,632
Population chinoise	34,2	30,8	27,7	7,3	0,220	0,201	0,580

# Formalisation mathématique par Hardy

## Modèle :

- On considère 1 gène qui a uniquement deux allèles
  - L'allèle **A**, de fréquence **p**
  - L'allèle **a**, de fréquence **q**



**A connaître !**

**Fréquences des génotypes dans la population**

$$f(A//A) = p^2$$

$$f(A//a) = 2pq$$

$$f(a//a) = q^2$$

**Avec :  $p^2 + 2pq + q^2 = 1$**

# Le modèle d'Hardy-Weinberg – En résumé

## L'équilibre théorique de Hardy-Weinberg

Si dans une population, il y a seulement 2 allèles pour un caractère donné, alors :

$$P^2 + 2PQ + Q^2 = 1$$

Fréquence  
du génotype  
homozygote  
dominant



Fréquence  
du génotype  
hétérozygote



Fréquence  
du génotype  
homozygote  
récessif



*Le modèle d'Hardy-Weinberg se vérifie-t-il toujours ?*

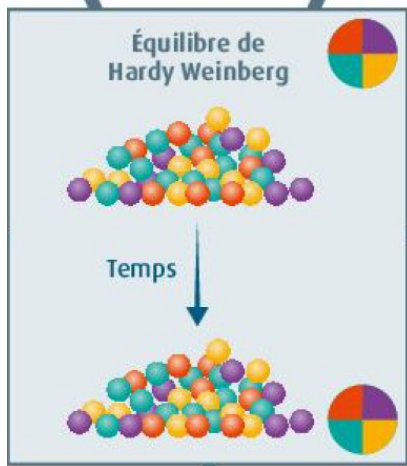
## Chapitre 4 : L'évolution des populations par la variation des fréquences alléliques

- I. Le modèle d'Hardy-Weinberg : la constance des fréquences alléliques dans les populations au cours du temps
- II. Les écarts au modèle d'HW mettent en évidence les mécanismes de l'évolution contribuant à la différenciation génétique des populations
- III. Un nouveau regard sur la définition d'espèce



## VOIR TP9

[http://www.incertae-sedis.fr/gl/LF 20 term spe HW sommaire.htm](http://www.incertae-sedis.fr/gl/LF_20_term_spe_HW_sommaire.htm)

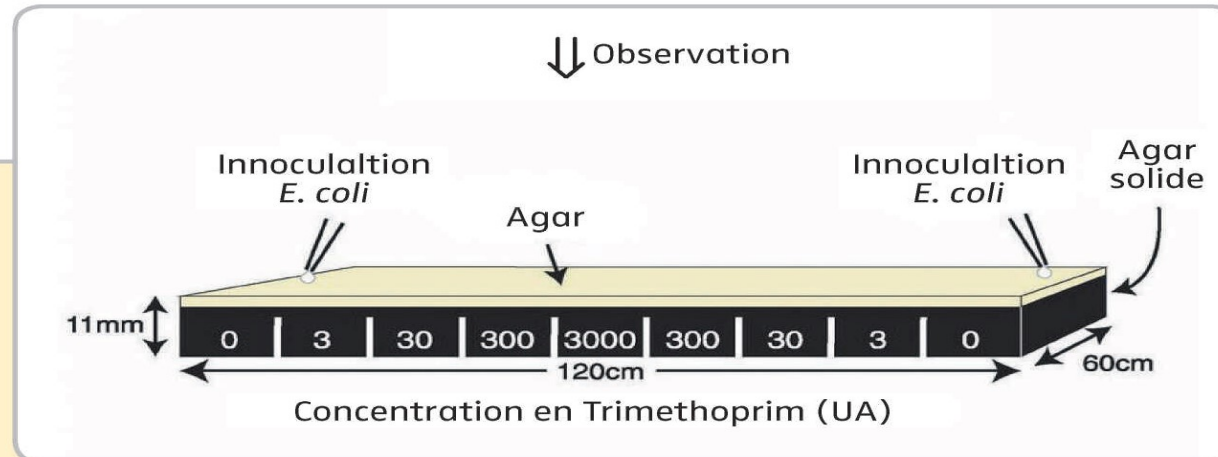


- > Maintien des **fréquences alléliques**
- > Maintien des **fréquences génotypiques** de génération en génération

**Sinon, une des hypothèses n'est pas respectée**

- absence de mutations
- population de grande taille
- pas de sélection naturelle
- reproduction aléatoire des individus
- pas de migrations

# Mutations

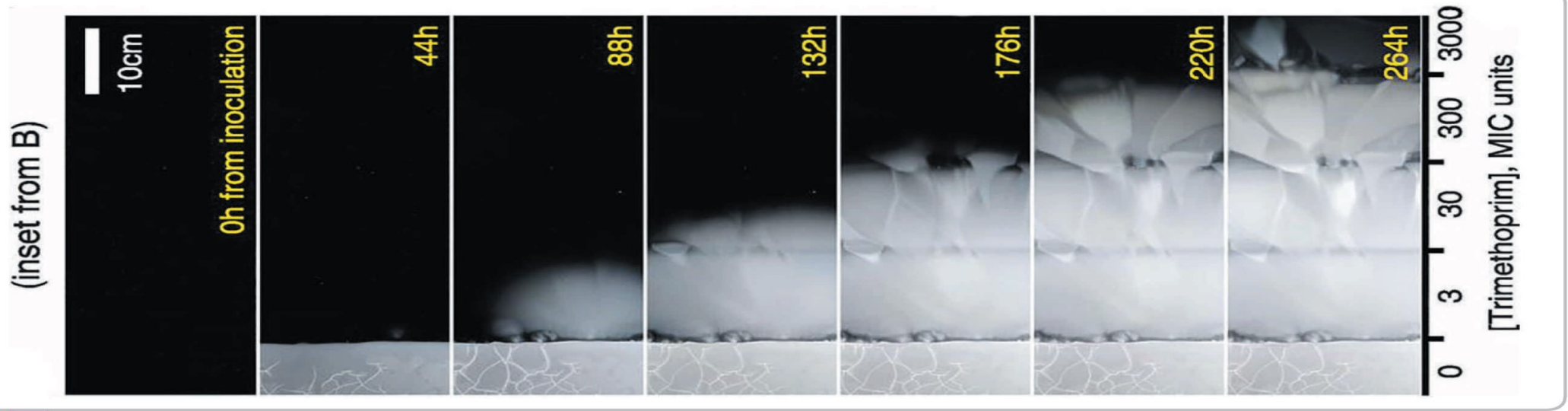


Les scientifiques ont cultivé une souche d'*Escherichia coli* sensible à un antibiotique, le triméthoprim, sur une boîte de Petri géante remplie avec de la gélose noire. Dans ce milieu, on retrouve des éléments nutritifs permettant aux bactéries de se multiplier et de former un tapis blanc en surface. Il contient aussi une concentration croissante de ce même antibiotique.

Au bout de 11 jours, on observe les résultats et on identifie les différentes mutations (présence d'un rond) qui aboutissent à la formation de nouvelles souches de bactéries résistantes.

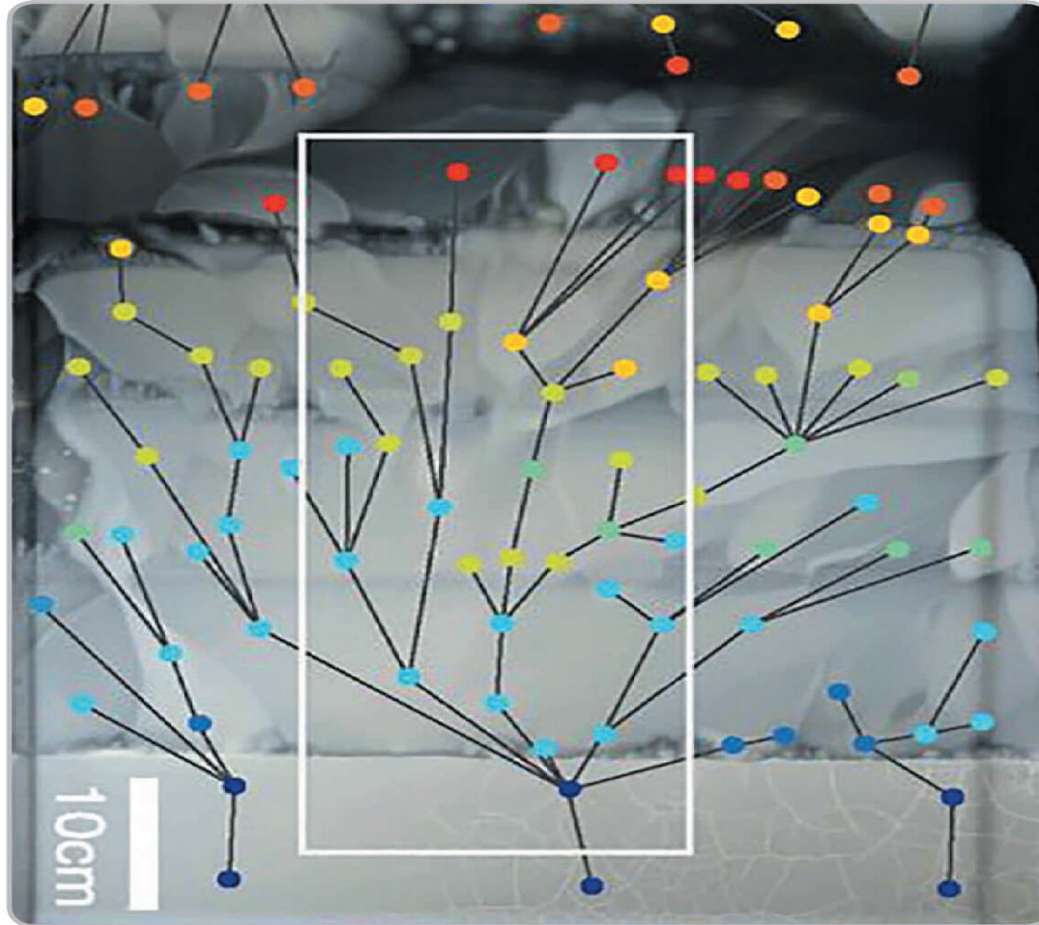
**b** Principe de l'expérience.

# Mutations



**a** Résultats de l'expérience de croissance d'une souche d'*Escherichia coli* sensible à l'antibiotique triméthoprim.

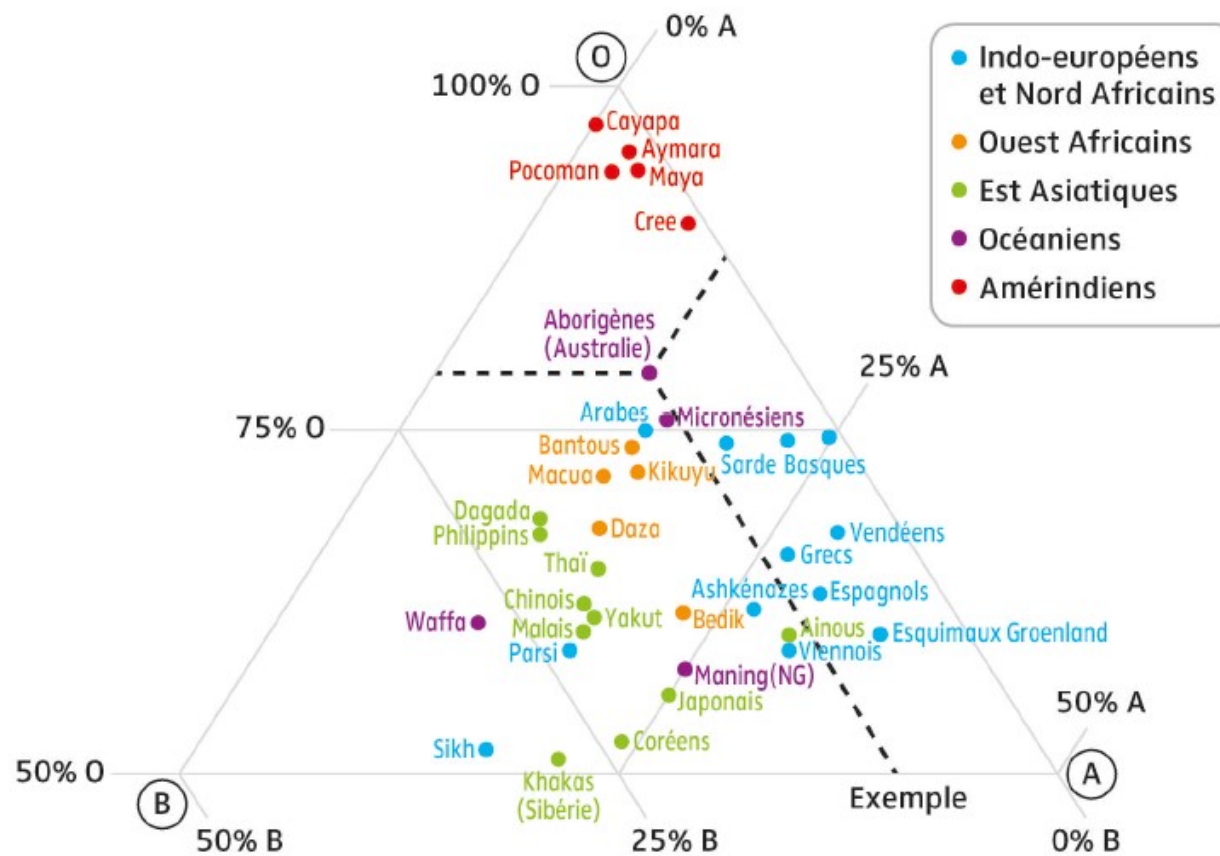
# Mutations



**c** Identification des mutations survenues chez les bactéries au cours des divisions cellulaires à l'origine de l'acquisition de l'antibiorésistance.

# Dérive génétique

**Décrire** les fréquences alléliques des populations pour le gène des groupes sanguins du système ABO



Dans l'espèce humaine, les groupes sanguins du système ABO sont déterminés par trois allèles : A, B et O.

On peut représenter sous la forme d'un diagramme triangulaire l'abondance relative de ces allèles dans les différentes populations humaines.

## 4 La fréquence des allèles A, B et O dans les différentes populations humaines.

Dans cette représentation, plus une population est proche d'un sommet du triangle équilatéral, plus l'allèle correspondant est fréquent dans cette population.

[Nathan]

# Dérive génétique

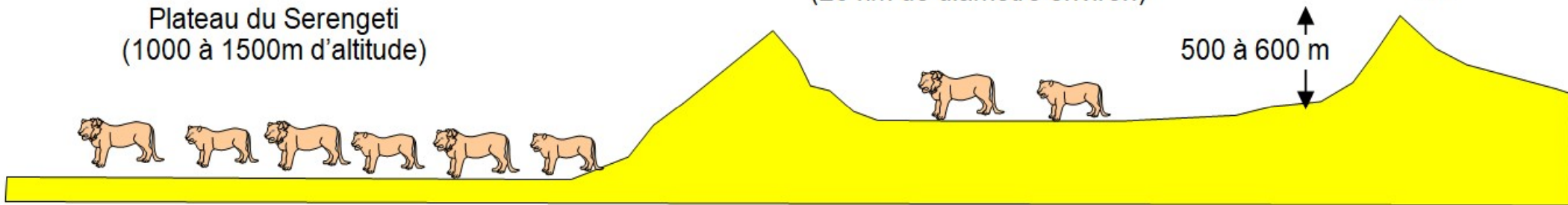
NO

Plateau du Serengeti  
(1000 à 1500m d'altitude)

Cratère du Ngorongoro  
(20 km de diamètre environ)

SE

500 à 600 m



	Effectifs	Gène 1	Gène 2	Gène 3	Gène 4
Lions du Serengeti	> 2000	A : 79% B : 19% C : 2%	M : 74% N : 26%	R : 99% S : 1%	Y : 99% Z : 1%
Lions du cratère Ngorongoro	Env 100	A : 85% B : 15%	M : 94% N : 6%	R : 100%	Y : 100%

Proportions des allèles de quatre gènes entre les deux populations de lions en 1990  
(les lettres représentent les différents allèles du gène). Données du manuel Bordas SVT de seconde

# Sélection naturelle

Individus possédant un **caractère avantageux** dans un environnement donné

**Augmentation** de la probabilité de survie et de reproduction

**Plus de descendants**

**Propagation** du caractère (et éventuellement de l'allèle déterminant ce caractère) dans la population

**Caractère sélectionné**

Individus possédant un **caractère désavantageux** dans un environnement donné

**Diminution** de la probabilité de survie et de reproduction

**Moins de descendants**

**Régression (et même disparition)** du caractère (et éventuellement de l'allèle déterminant ce caractère) dans la population

**Caractère non sélectionné / éliminé**

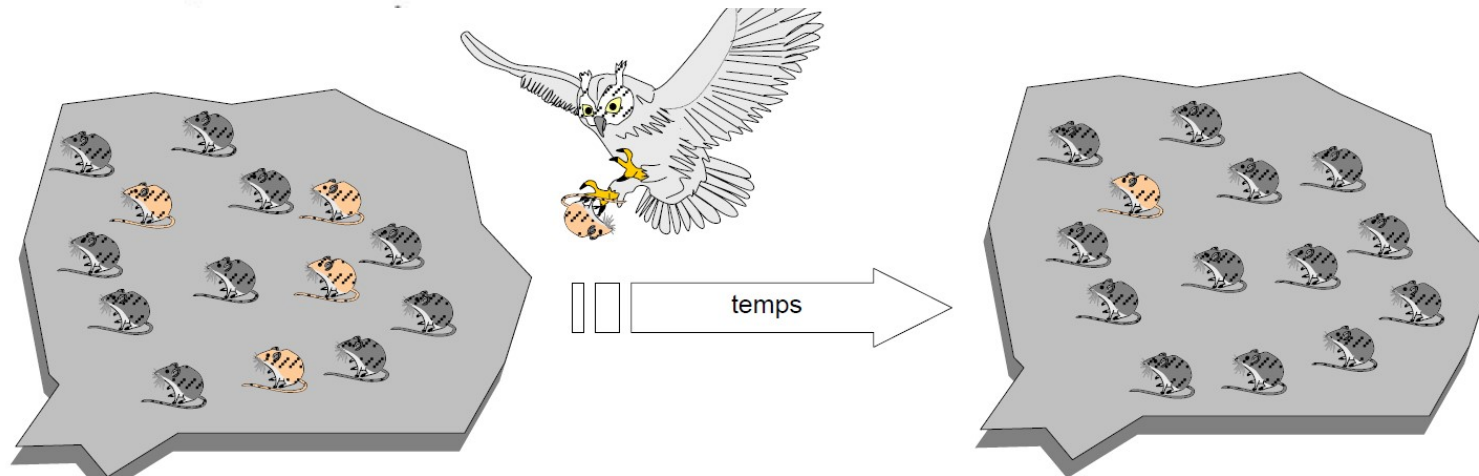


# Sélection naturelle

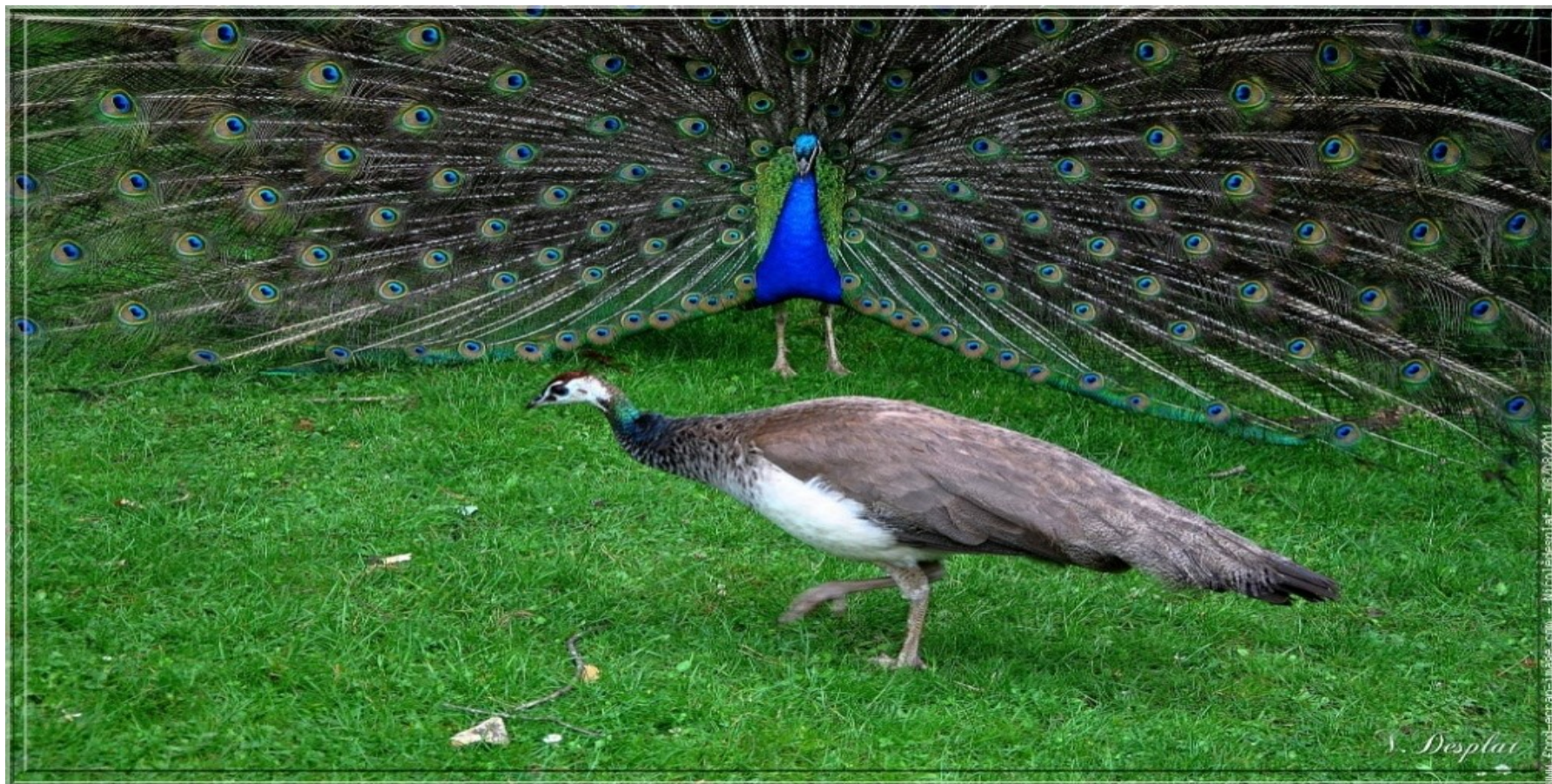
## Un exemple : les souris à abajoues



4 Les souris à abajoues et leur milieu de vie.

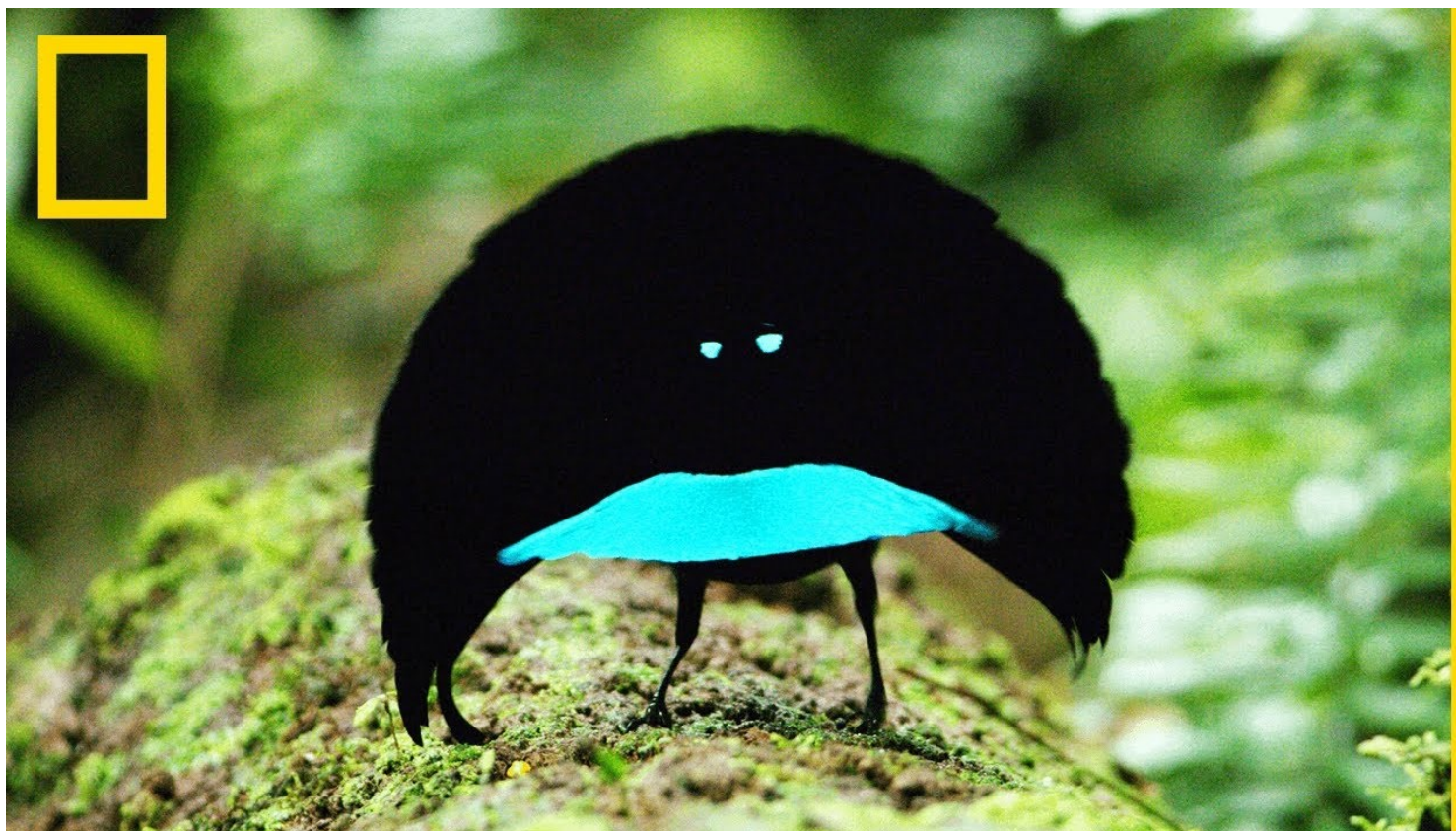


# Sélection sexuelle



# Sélection sexuelle

<https://www.youtube.com/watch?v=xEGje03jMhQ>



# Sélection sexuelle

Cerf volant



# Double sélection et compromis sélectif



**A** Guppy mâle (à gauche) et femelle (à droite).

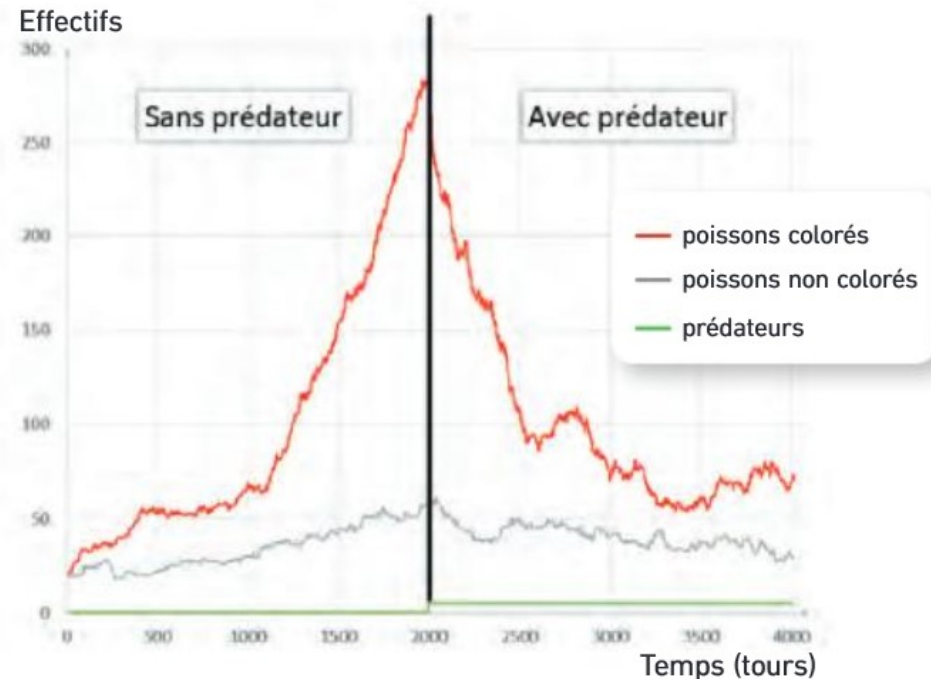
Les guppys sont des petits poissons dont les mâles portent des tâches vivement colorées, de nombre et de forme variables. Ce nombre de taches est déterminé génétiquement.

On constate que les femelles s'accouplent préférentiellement avec les mâles plus colorés. Cependant, ceux-ci sont plus facilement repérés par d'éventuels prédateurs.

L'observation de guppys en milieu naturel montre que l'intensité de la coloration des mâles est plus ou moins intense selon les populations.

## Activité pratique

À l'aide du logiciel *Edu'modèles*, on peut mettre en évidence l'effet de la **sélection sexuelle\*** en présence ou en absence de prédateurs.



**B** Résultat d'une simulation obtenue avec *Edu'modèles*.

# Sélection artificielle



# Sélection artificielle

Téosinte (6 à 8 grains/épi)



À maturité, les graines de la téosinte tombent de l'épi sur le sol mais demeurent enfermées dans une enveloppe sombre appelée **glume**.

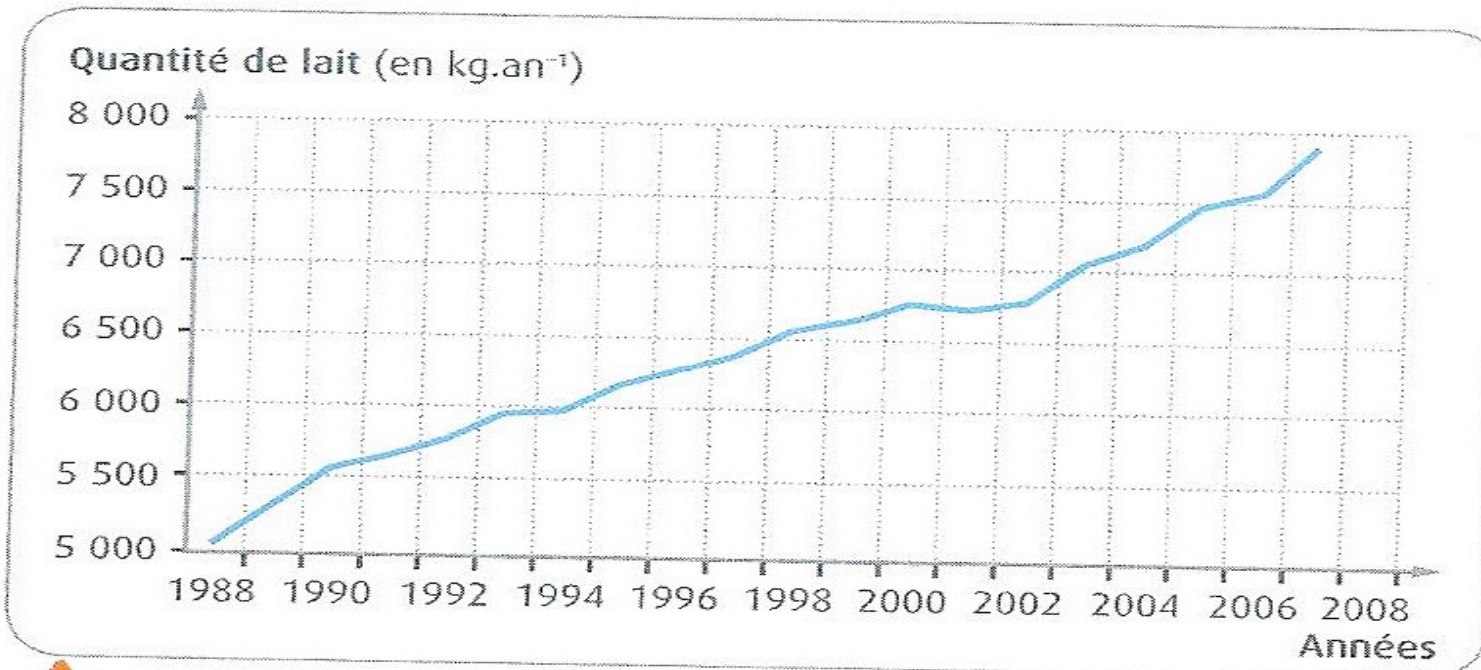
Variétés de maïs actuelles (jusqu'à 600 grains/épi)



À maturité, les grains du maïs présents sur 20 rangées demeurent fixés sur les épis que porte la plante.

# Sélection artificielle

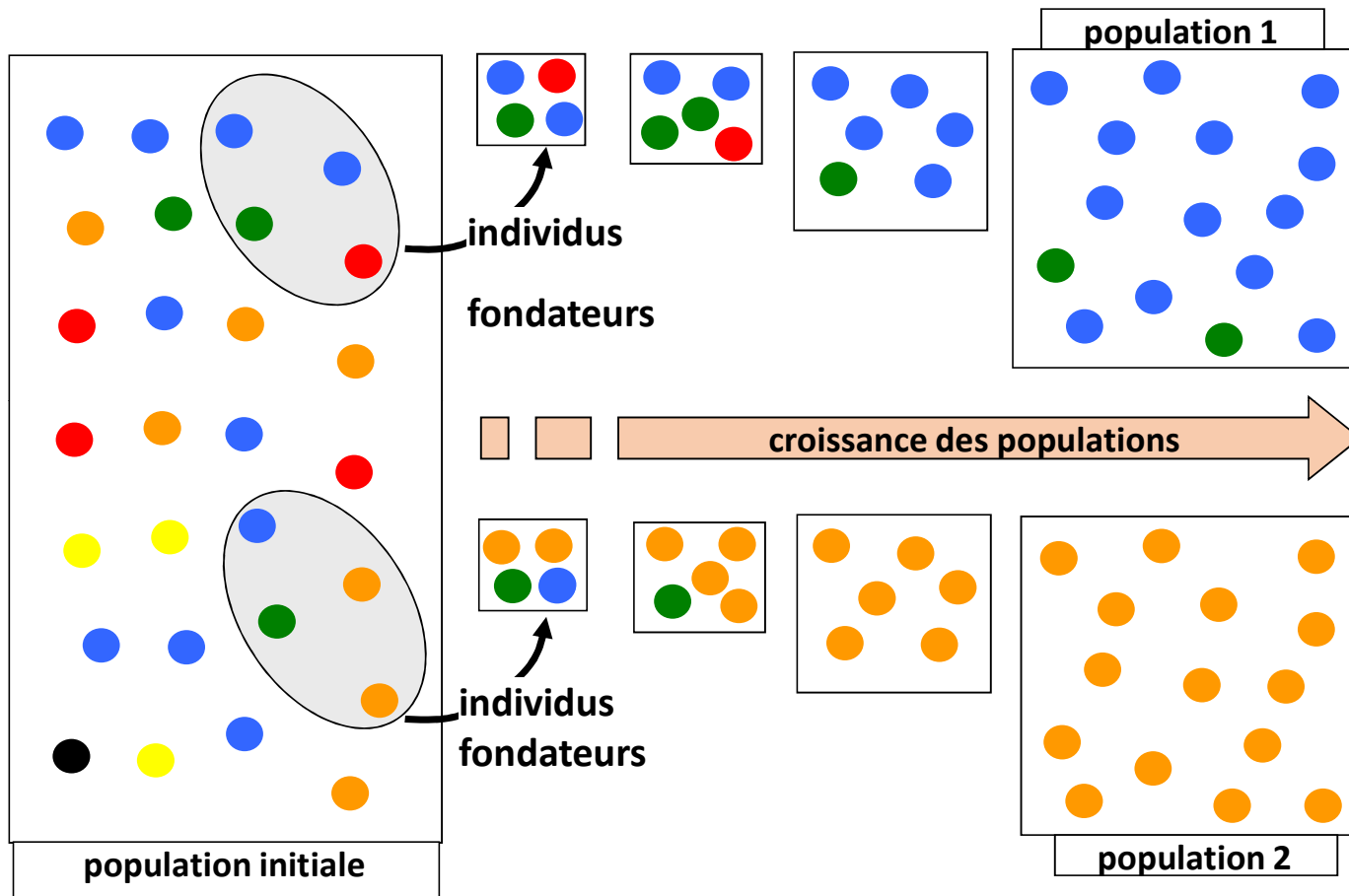
## La sélection d'individus productifs



**5** Exemple d'amélioration d'une race de vache :  
**évolution de la production laitière chez la race Prim'Holstein.**  
L'essentiel de l'amélioration de la production laitière (quantité de lait produite et richesse en protéines) est liée à la sélection génétique des individus (croisements entre individus performants).



# Migrations et dérive génétique : l'effet fondateur



# Migration et effet fondateur



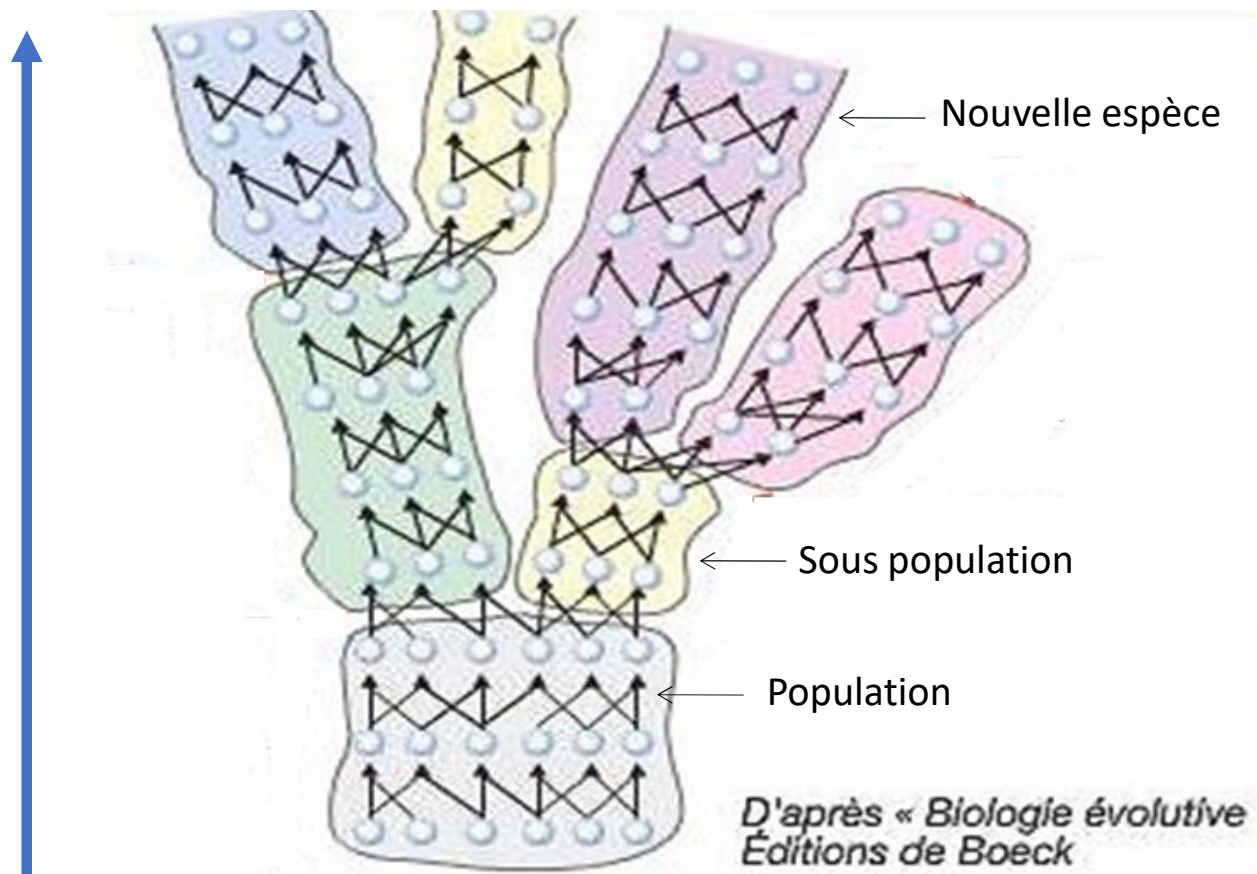
Gène	Gène A			Gène B		Gène du groupe sanguin		
	Allèles	A10	A11	A28	B5	B12	A	B
Population européenne	3	7,4	4	8	18	27	8	65
Huttérites	14	0	0	14	8	35	2	63
Amish	7	14	0,7	6	19	66	6	28

## Chapitre 4 : L'évolution des populations par la variation des fréquences alléliques

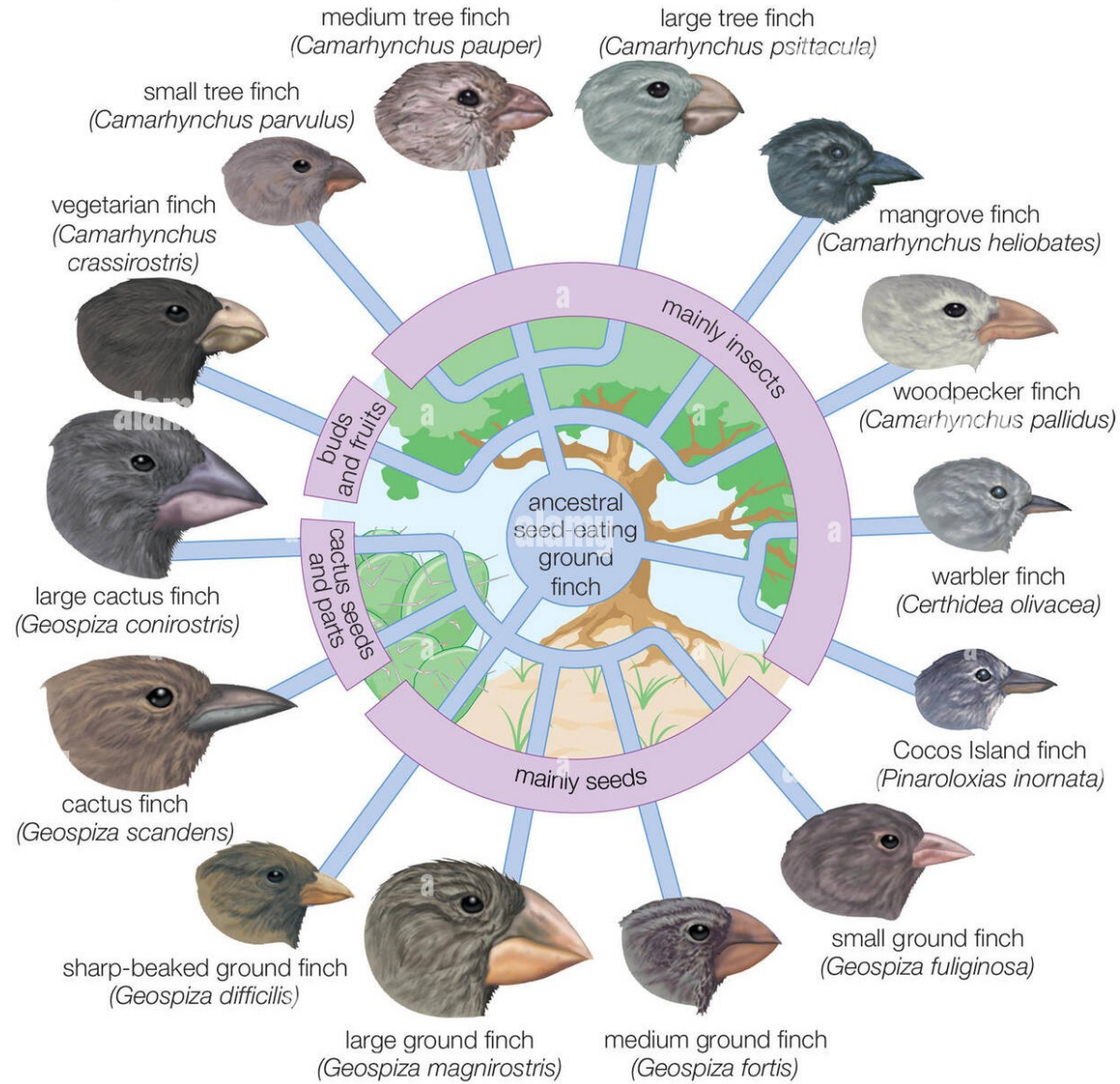
- I. Le modèle d'Hardy-Weinberg : la constance des fréquences alléliques dans les populations au cours du temps
- II. Les écarts au modèle d'HW mettent en évidence les mécanismes de l'évolution contribuant à la différenciation génétique des populations
- III. Un nouveau regard sur la définition d'espèce
  - Les mécanismes de la spéciation

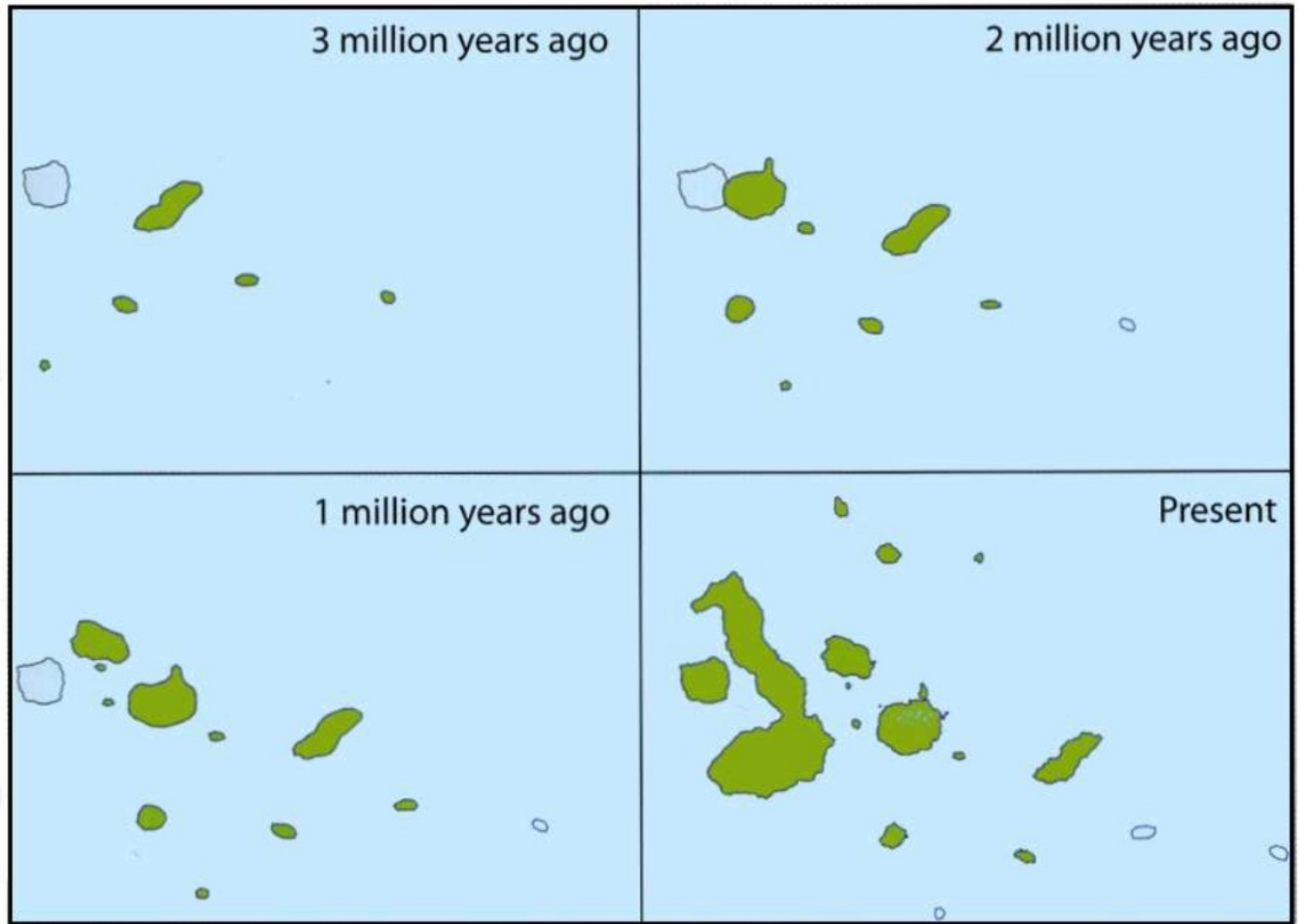
## Différenciation génétique des populations

temps

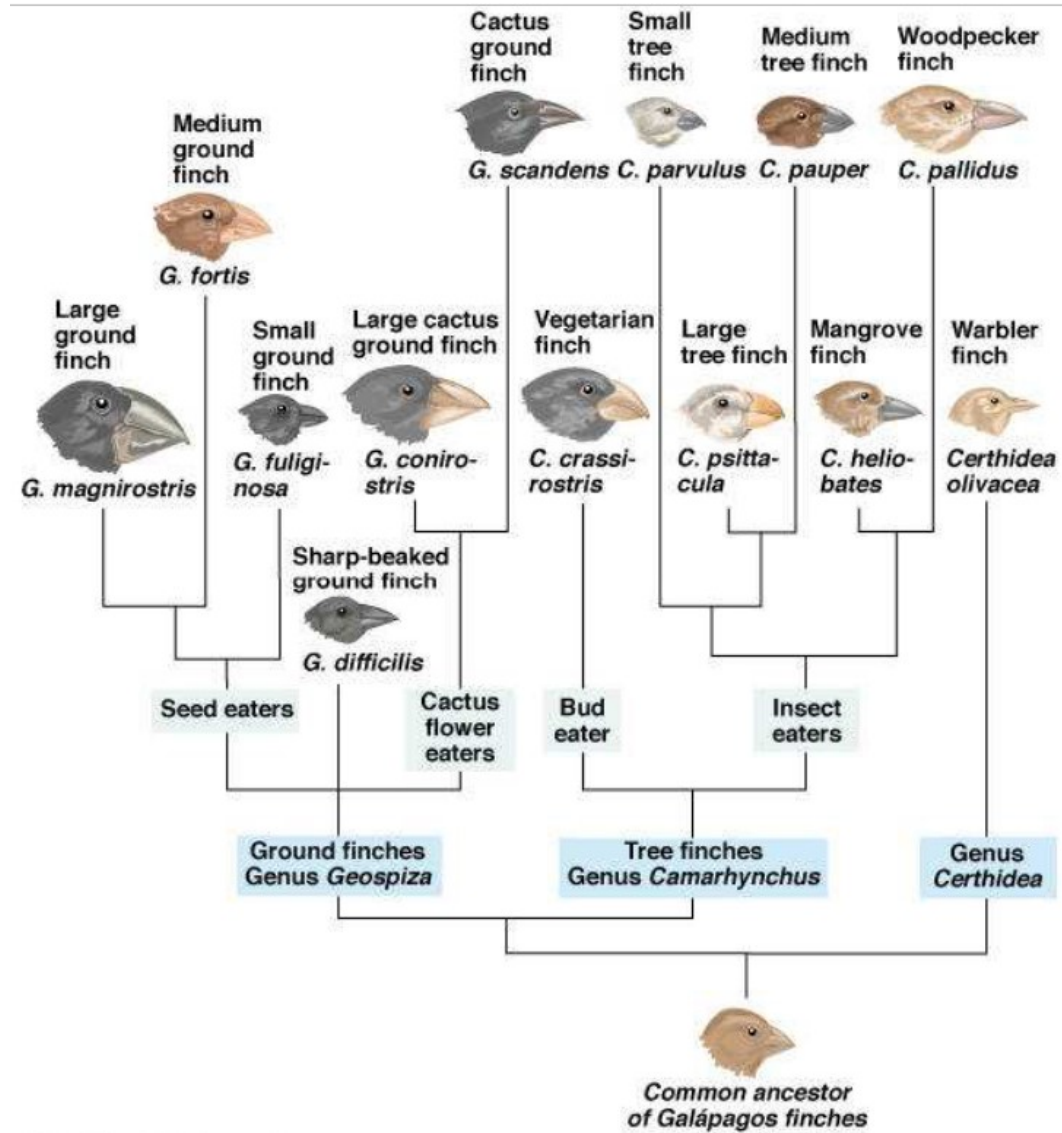


## Adaptive radiation in Galapagos finches





Source : 99% APE, How evolution adds up, Natural History Museum, 2008

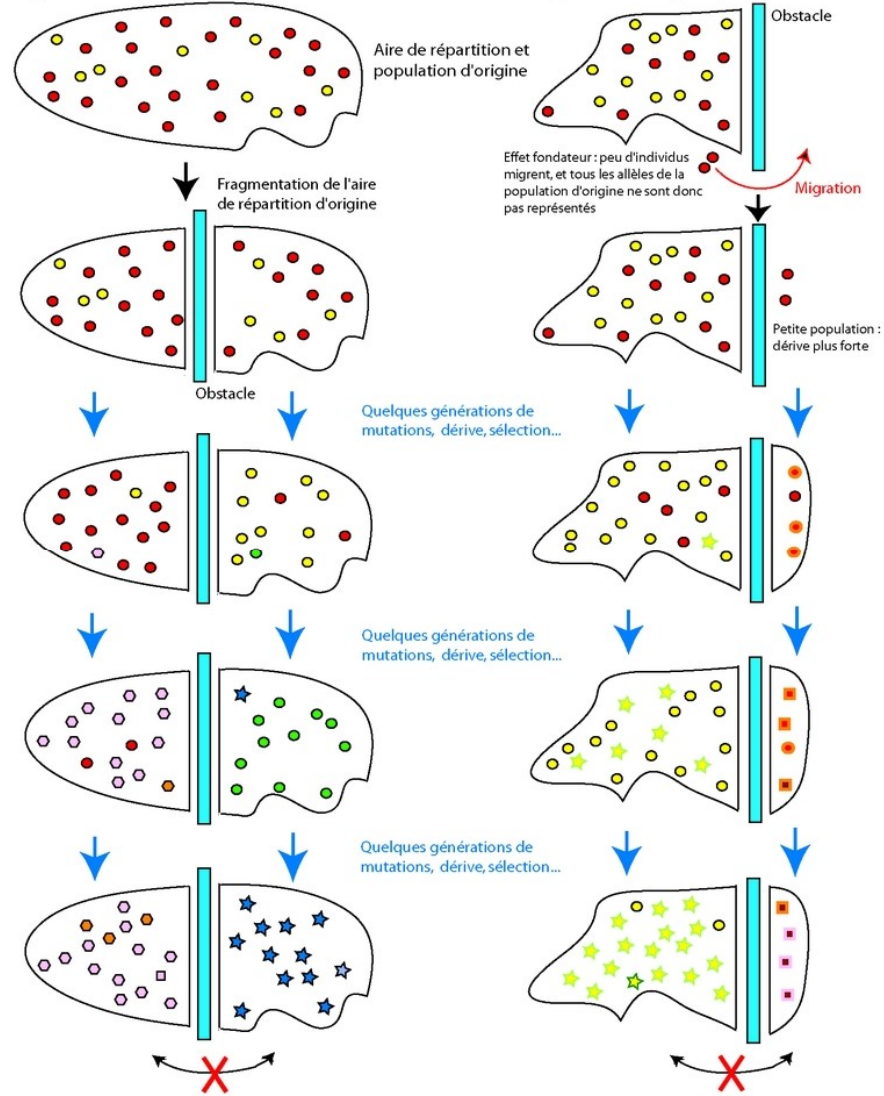


©1999 Addison Wesley Longman, Inc.

Source : Addison Wesley Longman

séparation en deux groupes par fragmentation de l'aire de répartition

formation de deux groupes par migration d'un groupe d'individus



Incompatibilité physiologique, génétique ou comportementale qui empêche les individus d'un groupe de se reproduire avec des individus de l'autre groupe, même si les populations sont remises en contact



**- des définitions biologiques et génétiques des espèces**

## Les limites du concept d'espèce



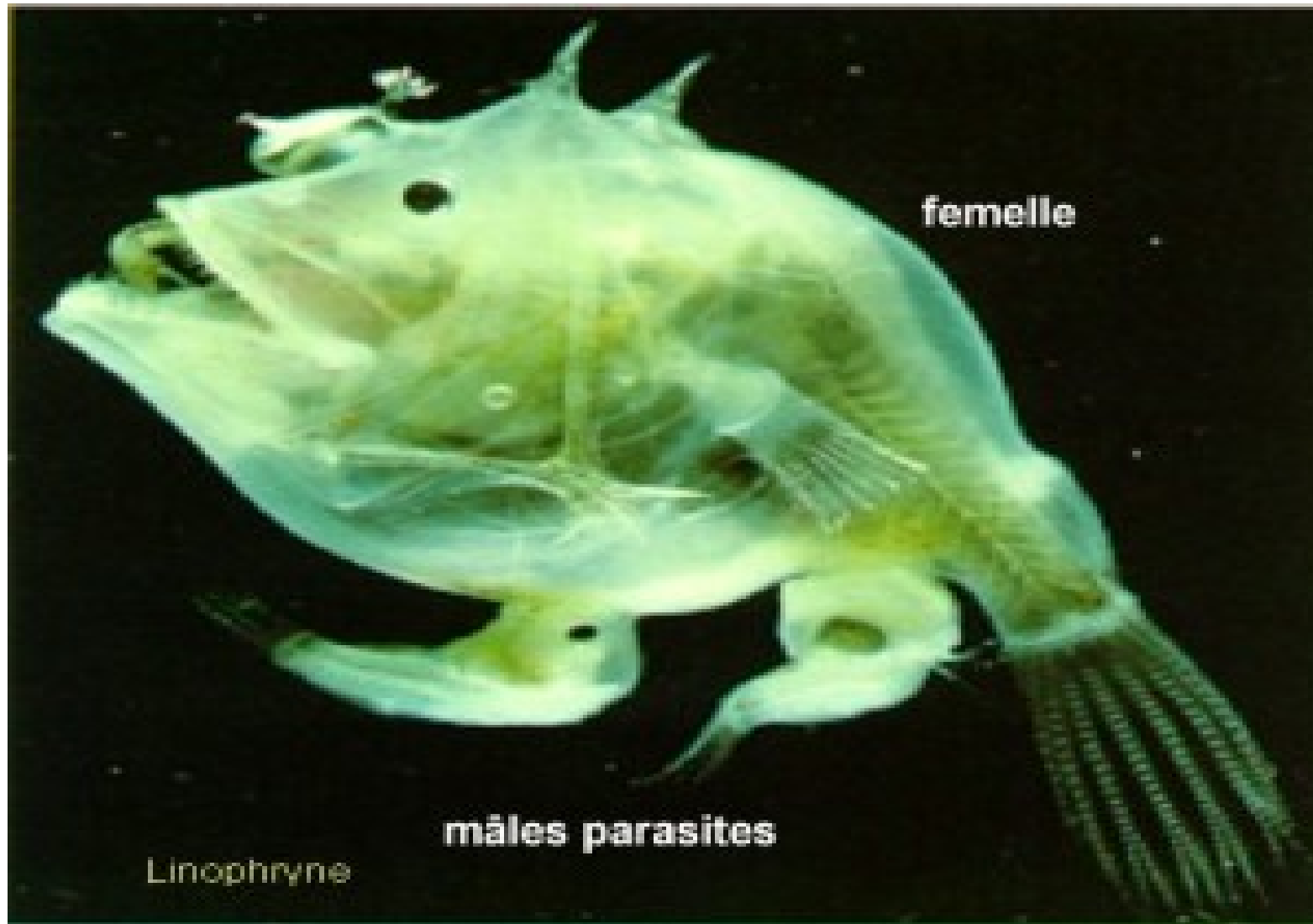
# Les limites du concept d'espèce



Deux espèces différentes ? Non, simplement un **dimorphisme sexuel** : à gauche un mâle, à droite une femelle de l'espèce *Orgyia recens*.



## Les limites du concept d'espèce



## Les limites du concept d'espèce



**b** Deux individus d'espèces différentes :  
Aigle pêcheur d'Afrique (en haut)  
et Pygargue à tête blanche (en bas)

[Hachette]

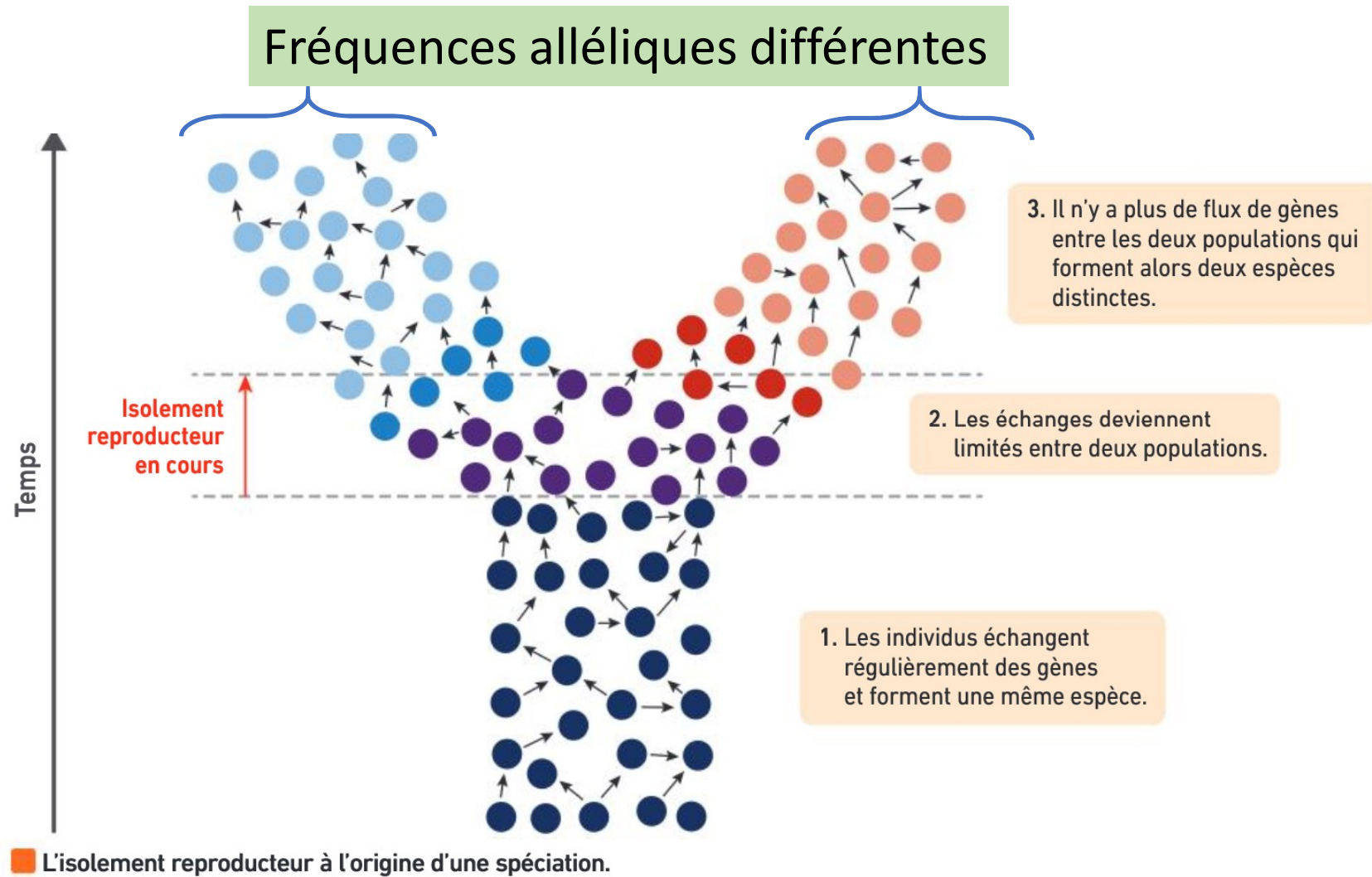
## Les limites du concept d'espèce



### Chien-loup (croquette)

- Parent mâle: chien domestique (*Canis familiaris*)
- Parent femelle: loup gris (*Canis lupus*)
- Hybridation observée dans la nature
- Hybride fertile

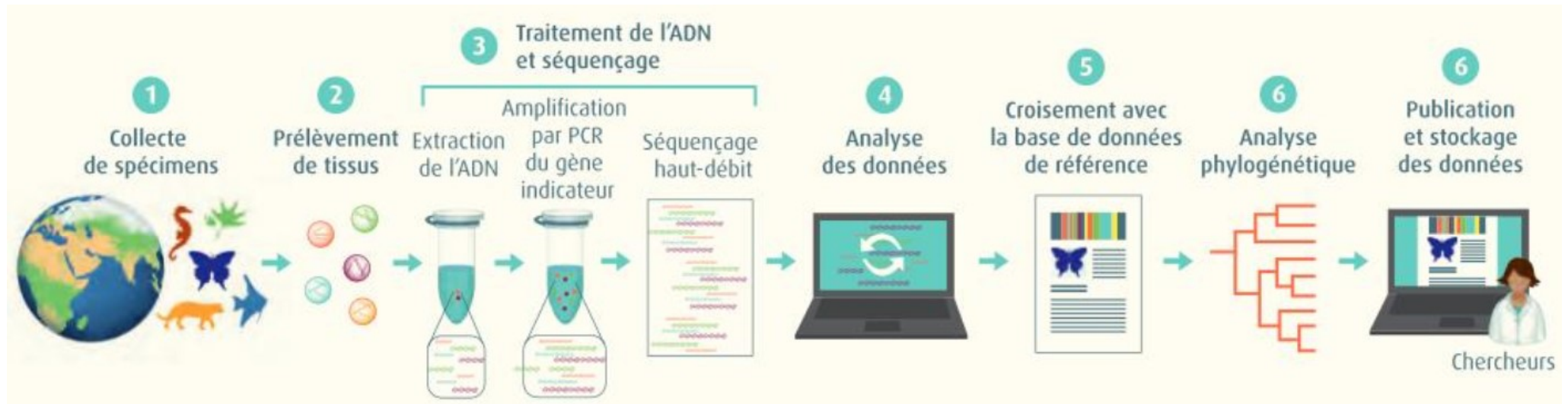
# Une espèce se définit par des flux de gènes



**- les apports du séquençage**



# Utilisation du séquençage pour construire des arbres phylogénétiques



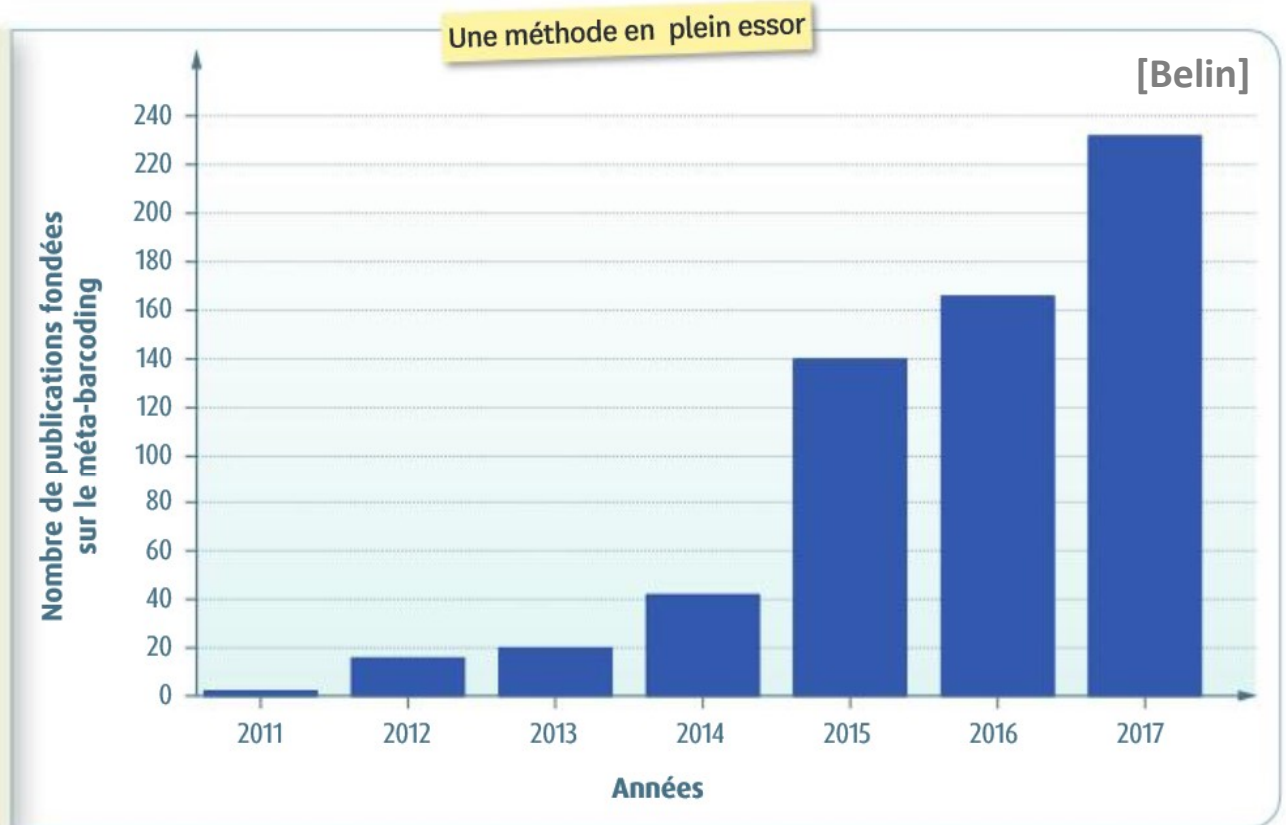
# Utilisation du séquençage pour construire des arbres phylogénétiques

## Avantages

- Coûts réduits
- N'implique le prélèvement de spécimens (méthode non-invasive)

## Inconvénients

- On ne sait pas si une espèce détectée est encore présente dans le milieu (son ADN peut « subsister plus longtemps qu'elle »)
- On ne sait rien des populations des espèces détectées (effectifs, localisation)
- On ne peut pas exclure que certains groupes d'ADN correspondent à plusieurs populations d'une même espèce et non à plusieurs espèces



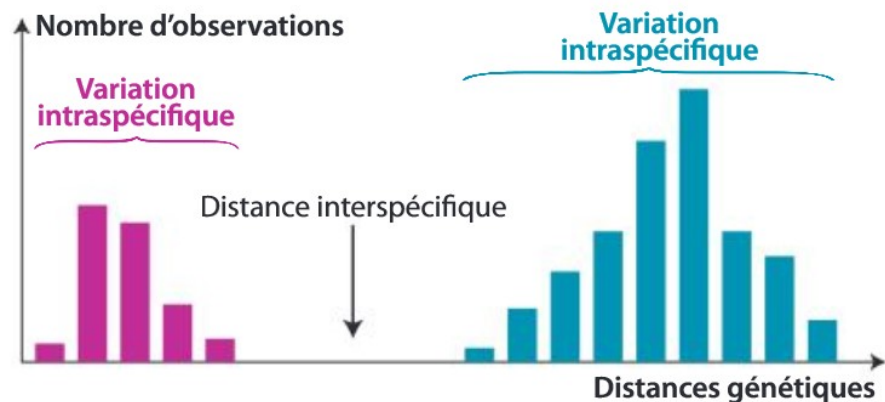
**2** Le code-barres moléculaire appliqué à l'ADN environnemental (« DNA méta-barcoding »). Dans le DNA méta-barcoding, on n'utilise plus d'ADN prélevé sur des échantillons vivants, mais l'ADN directement prélevé dans l'environnement (le sol le plus souvent).

# Déterminer si on a affaire à 2 populations ou 2 espèces

## 3 Identifier les espèces grâce à un « code barre » génétique

Le *barcoding* repose sur la variabilité d'un fragment d'ADN judicieusement choisi, de façon à ce que la variabilité intraspécifique soit faible, et la variabilité interspécifique relativement forte. Chez la plupart des animaux, c'est une portion du gène mitochondrial de la cytochrome oxydase I (COI), une enzyme impliquée dans la respiration cellulaire et se trouvant dans le génome de chaque mitochondrie, qui fait office de *barcode*. Ce gène est présent en grande quantité ce qui est pratique lorsqu'il faut travailler sur de petits échantillons ou s'ils sont fortement dégradés. De plus, les mitochondries mutent beaucoup plus que l'ADN nucléaire car elles sont en milieu oxydant et ont peu de système de réparation des mutations. Comme elles accumulent plus de mutations, elles sont plus judicieuses lors de la comparaison d'espèces historiquement proches.

Pour chaque groupe taxonomique, un seuil de variation de 2 à 12 % est défini. Au dessus de ce seuil, les groupes n'appartiennent plus à la même espèce. En comparant la séquence du gène mitochondrial de la cytochrome oxydase à une base de données, où les séquences d'ADN sont associées à chaque espèce, l'identification de l'espèce est possible, de la même façon que si on scannait un code-barre.



# Déterminer si on a affaire à 2 populations ou 2 espèces

2 espèces  
distinctes

Variation  
intraspécifique

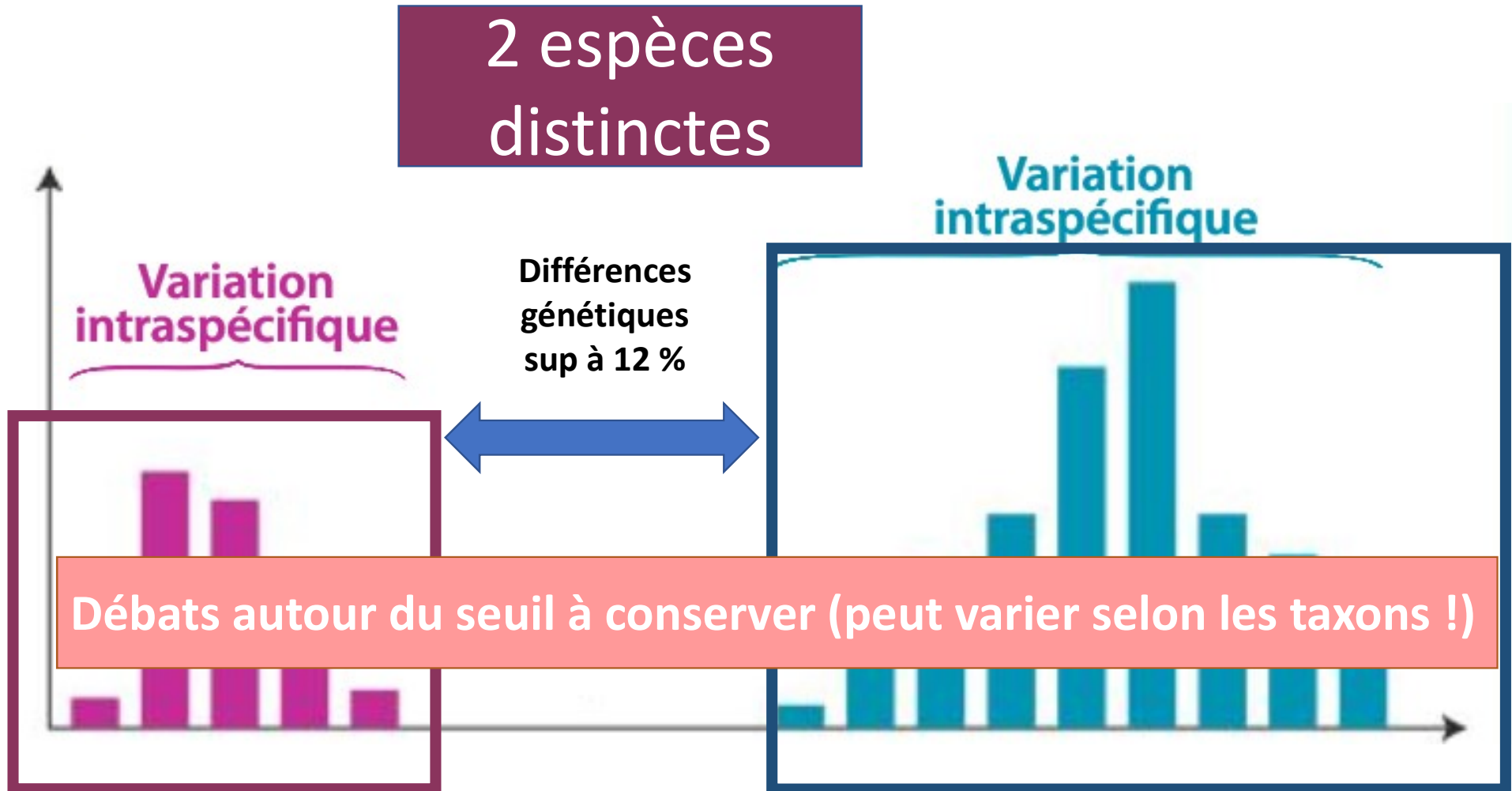
Différences  
génétiques  
sup à 12 %

Variation  
intraspécifique

Débats autour du seuil à conserver (peut varier selon les taxons !)

Différences génétiques inf à 12 %

Différences génétiques inf à 12 %



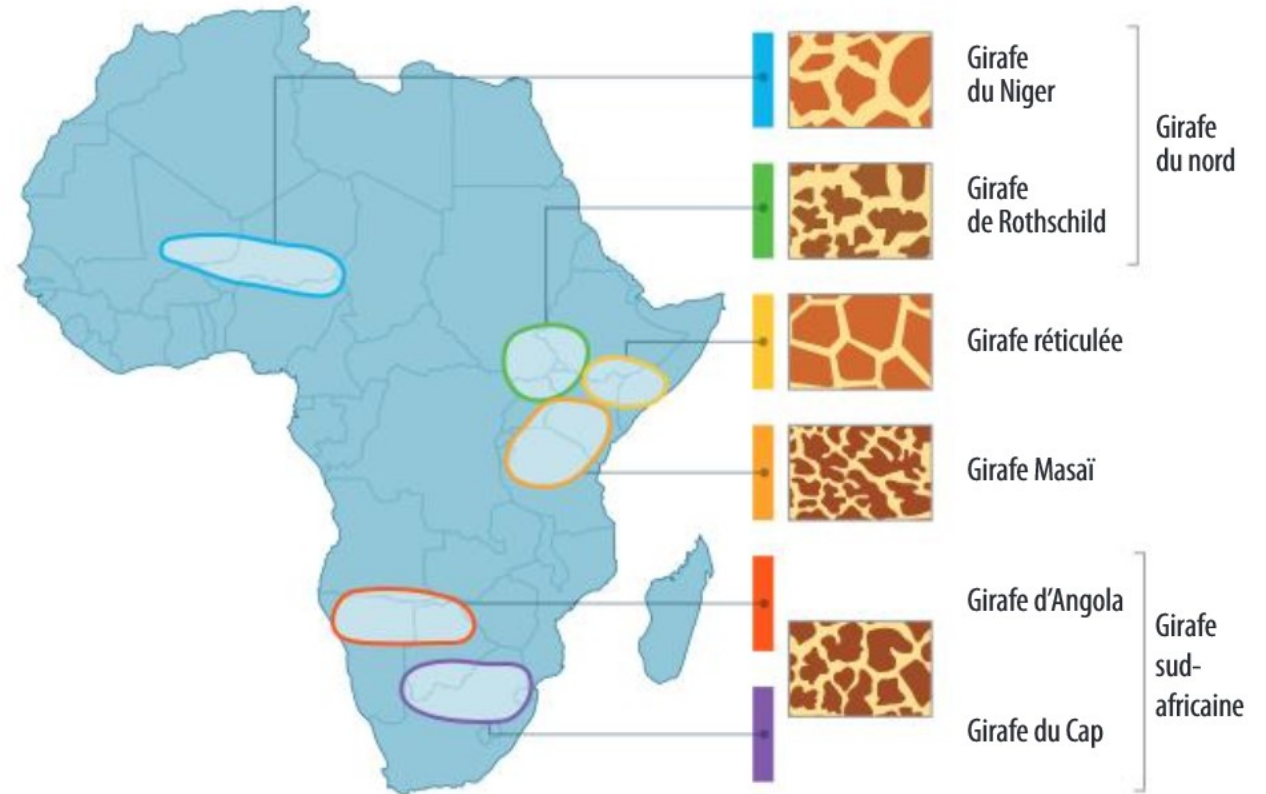
# Diversité génétique et révision de la classification (1)

Une seule espèce de Girafe a jusque récemment été reconnue sur le continent africain : *Giraffa camelopardalis*, avec neuf sous-espèces définies selon les motifs du pelage, les caractéristiques des cornes et l'aire de répartition géographique.

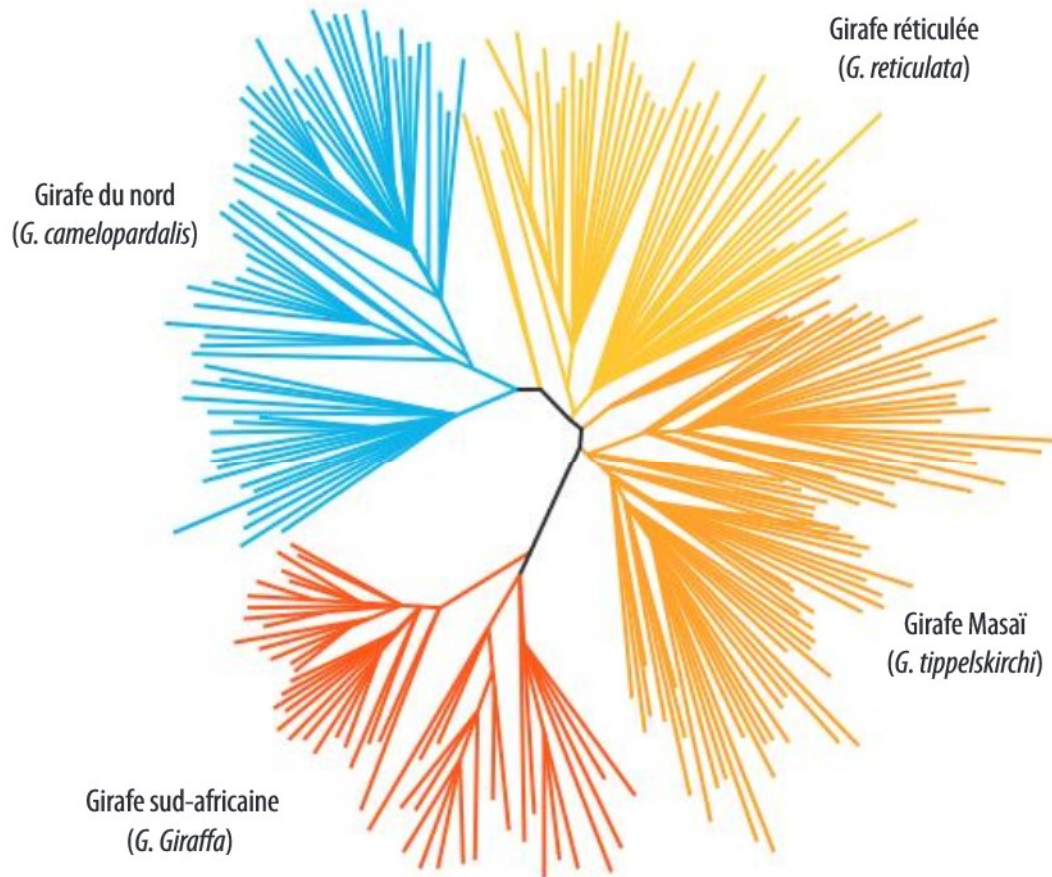
## **a** Aires de répartition géographique et aspects des pelages de différentes populations de Girafes

Même pour les populations voisines sans obstacle géographique entre elles, les Girafes ne se reproduisent pas ou très peu entre populations distinctes.

Source : D. Brown, *BMC Biology* (2007)



# Diversité génétique et révision de la classification (1)



**Révision de la classification, non plus 1 espèce mais 4 espèces de girafes !**

**b** Relations phylogénétiques entre différentes populations de Girafes, obtenues à partir de séquençage d'ADN mitochondrial et de petites séquences d'ADN nucléaire

Les résultats ont des implications pour la conservation : toutes les espèces de Girafes doivent être protégées, avec une attention particulière accordée aux Girafes du nord et réticulée, chacune de ces espèces comptant moins de 10 000 individus.

Source : J. Fennessy, *Current Biology* (2016)

## Diversité génétique et révision de la classification (2)

- Même travail sur les éléphants : initialement 2 espèces : éléphant d'Afrique et d'Asie

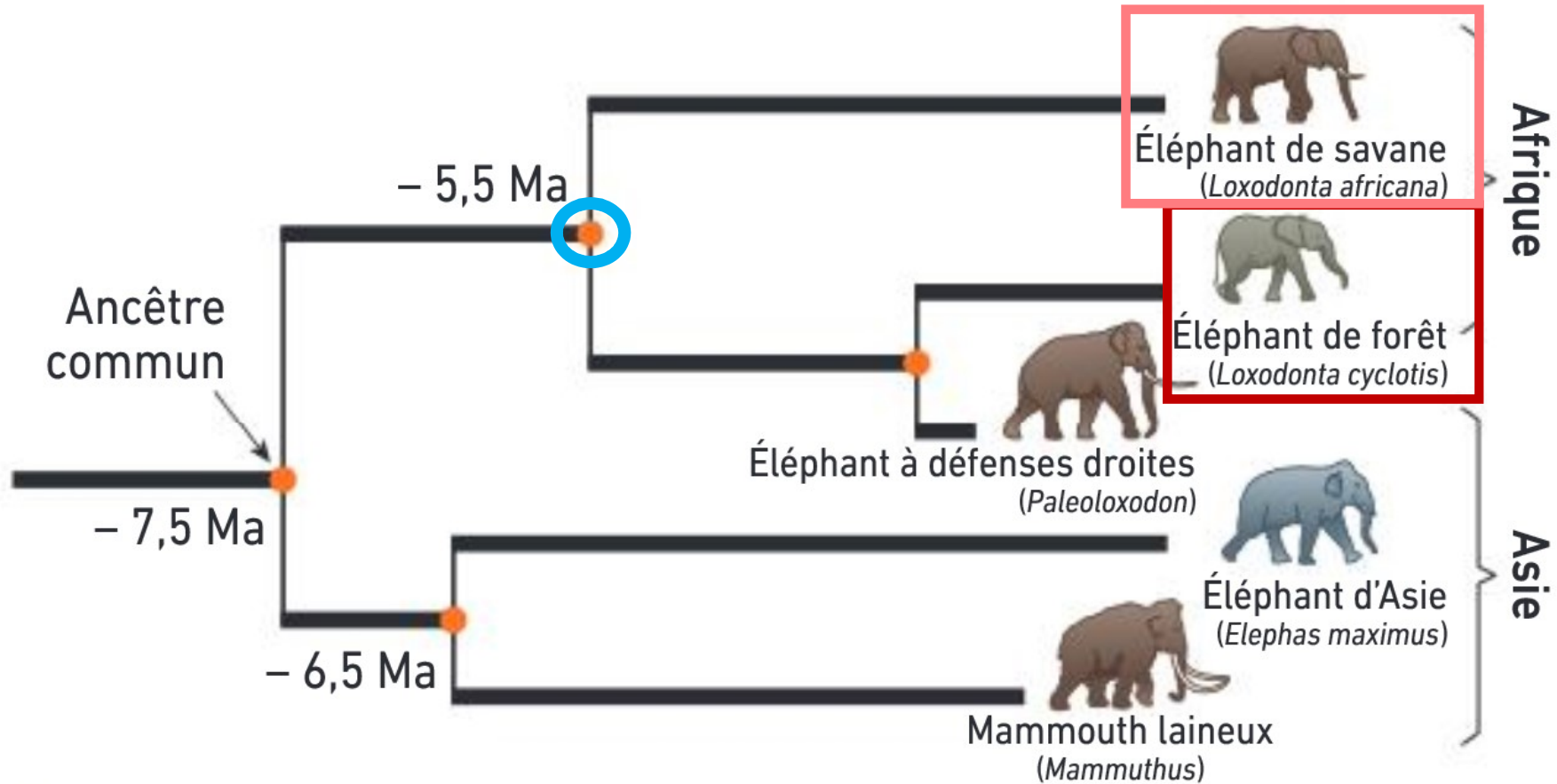
Eléphants d'Afrique = 1 espèce avec 2 populations



Les **éléphants de forêt (A)** sont plus trapus que les **éléphants de savane (B)** et leurs défenses plus longues. Ils sont plus rares et se reproduisent moins (les femelles ne sont fertiles que vers 20 à 25 ans et le temps entre deux gestations est de 5 à 6 ans).

[Bordas]

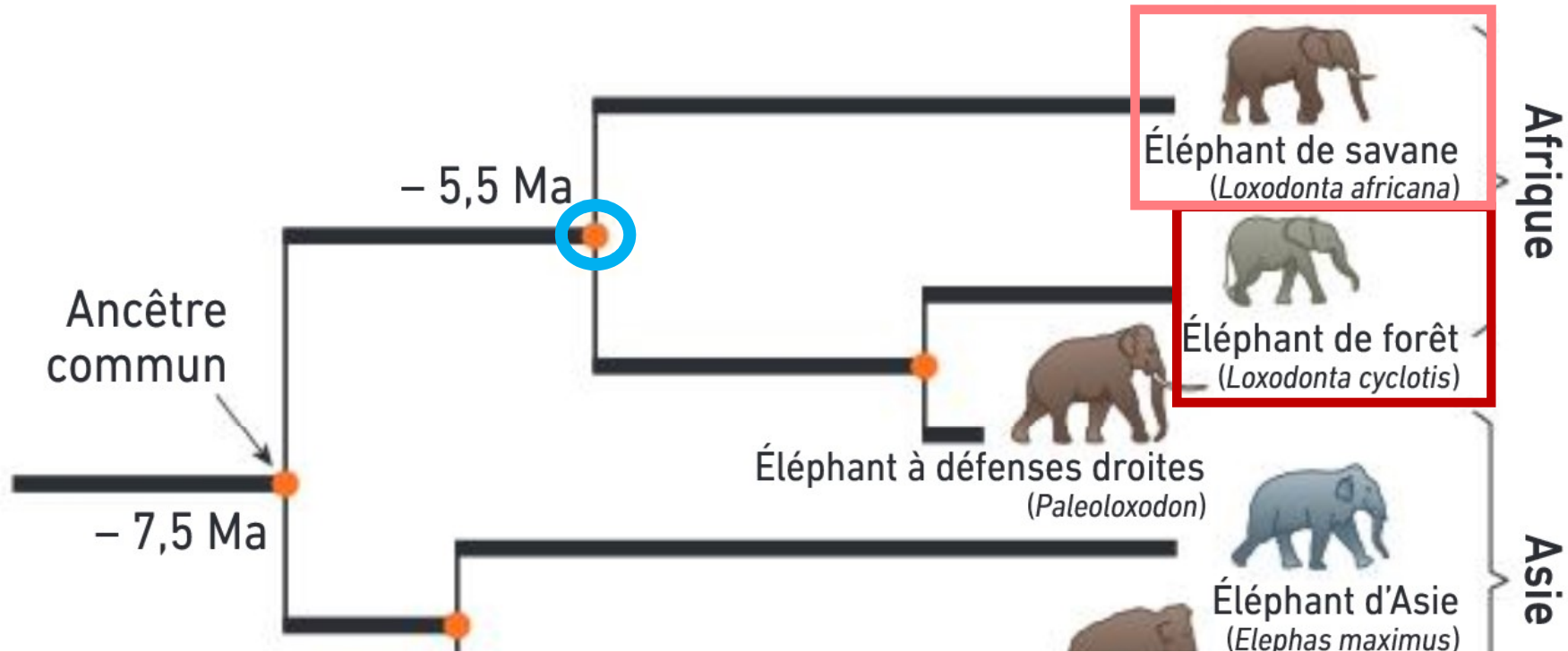
## Diversité génétique et révision de la classification (2)



**C** Arbre phylogénétique établi par analyse d'ADN de différentes espèces d'éléphantidés.



## Diversité génétique et révision de la classification (2)



- Aucune trace d'hybridation entre ces 2 groupes
- Ils vivent au même endroit, mais plus aucun échange de gènes depuis au moins 500 000 ans
- Il y a donc au total 3 espèces d'éléphants, dont 2 sur le continent africain

# Diversité génétique et révision de la classification (3)



1 Le grizzly, *Ursus arctos*.

- Pelage : brun.
- Dimensions : tête et corps de 1,7 à 2,8 m ; hauteur au garrot de 0,9 à 1,5 m.
- Extrémité des membres : griffes non rétractiles et longues ; doigts non palmés.
- Régime alimentaire : omnivore.
- Milieu de vie : forêt, zone côtière, montagne.
- Période d'accouplement : mai à juillet.
- Hibernation : de décembre à mi-mars.

2 Focus sur le grizzly.

## Diversité génétique et révision de la classification (3)



3 L'ours polaire, *Ursus maritimus*.

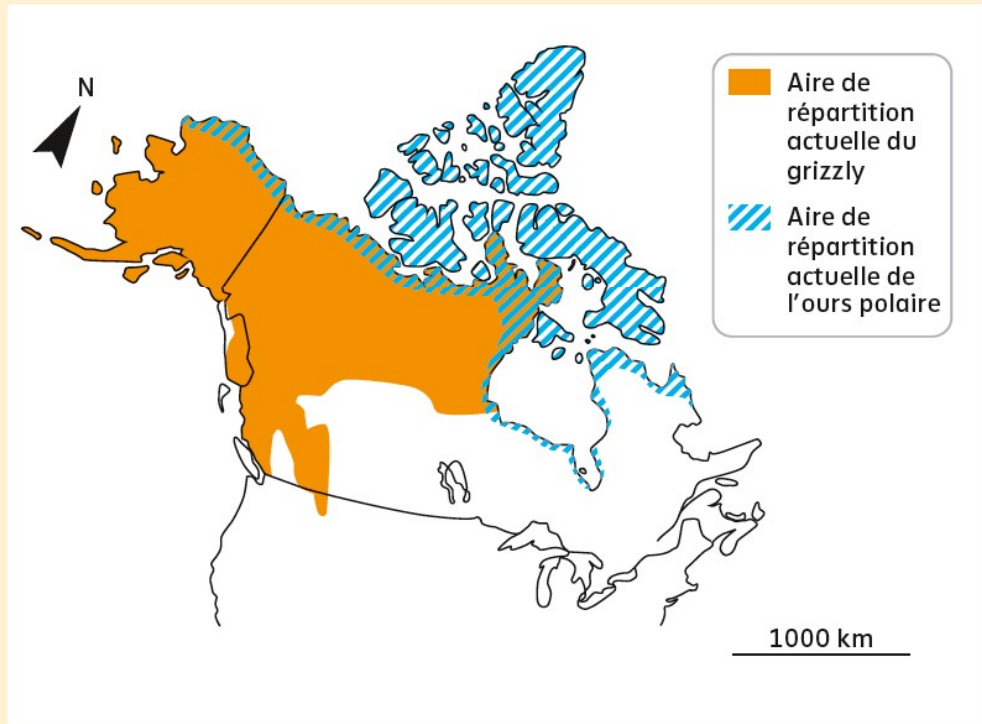
- Pelage : blanc.
- Dimensions : tête et corps de 1,8 à 3 m ; hauteur au garrot de 1 à 1,6 m.
- Extrémité des membres : griffes non rétractiles et courtes, doigts partiellement palmés.
- Régime alimentaire : carnivore.
- Milieu de vie : banquise.
- Période d'accouplement : avril à juin.
- Hibernation : seules les femelles gestantes hibernent.

4 Focus sur l'ours polaire.



## Diversité génétique et révision de la classification (3)

Les grizzlys de l'Alaska et du Canada montent de plus en plus vers le nord pour trouver un climat plus frais, tandis que la fonte des glaces fait que les ours polaires passent plus de temps sur le continent. Les deux sortes d'ours se retrouvent alors sur un territoire commun.



6 Carte de répartition des populations des ours polaires et des grizzlys en Amérique du Nord.



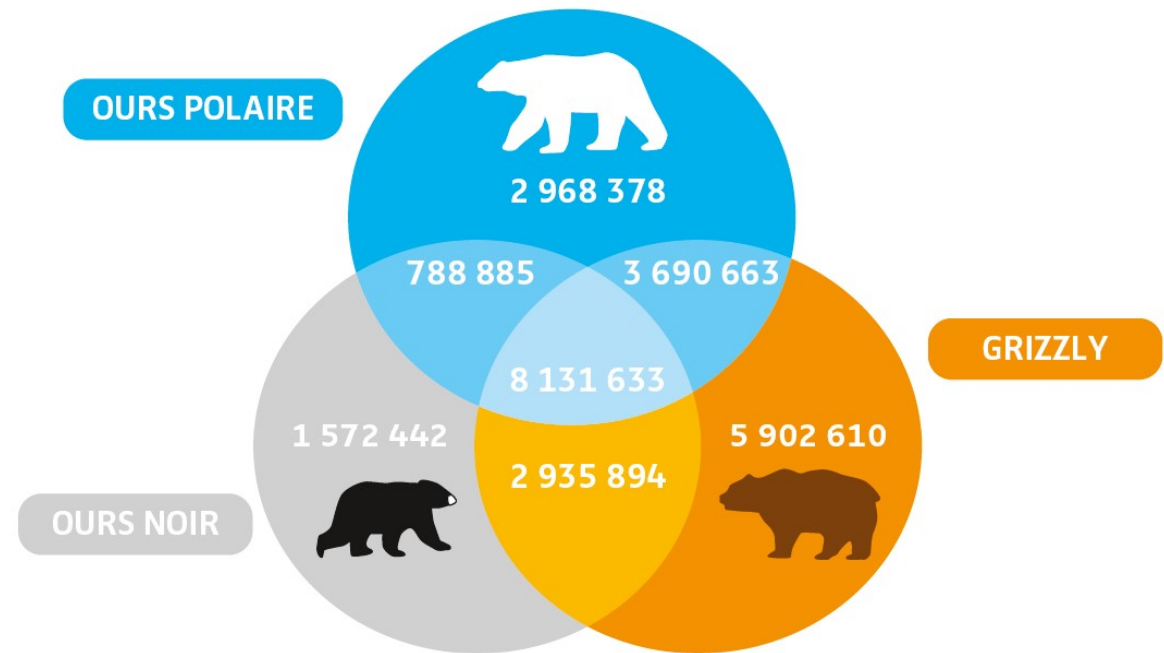
**GROLAR ou PIZZLY**

[Nathan]

# Diversité génétique et révision de la classification (3)

Les SNP (Single Nucleotide Polymorphism) sont des variations de l'ADN qui portent sur un seul nucléotide. Réparties de façon homogène sur l'ensemble du génome, les SNP en sont les variations les plus fréquentes. Il existe des millions de SPN dans un génome.

**7** Baliser le génome grâce aux SNP.



L'ours noir d'Amérique du Nord sert d'extra groupe dans cette étude.  
Source : National Academy of Sciences, 4 septembre 2012.

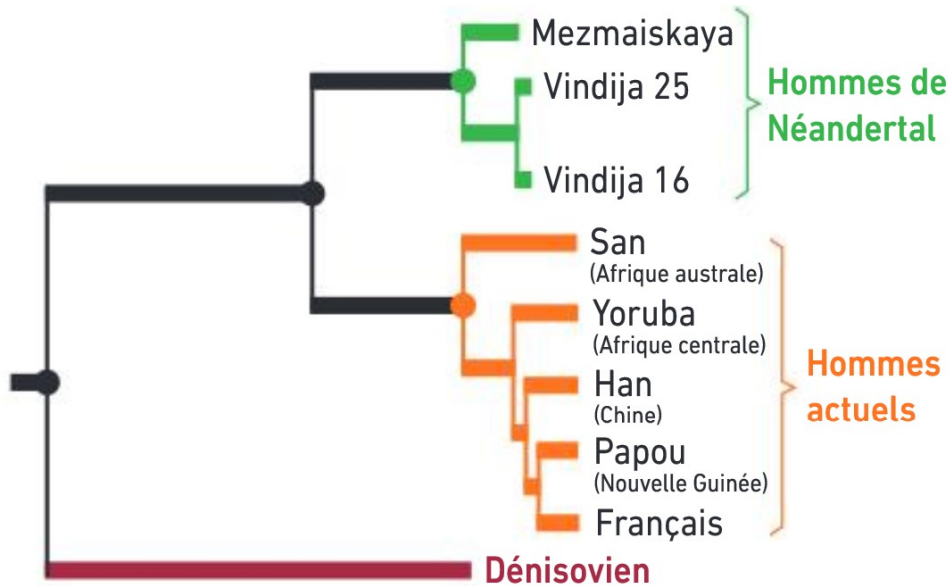
**8** Nombre d'allèles uniques et partagés par trois espèces d'ours (grizzly, ours polaire et ours noir américain) pour les gènes dits « SNP ».

# Diversité génétique et Histoire évolutive d'une espèce (1ère spé)

- Il y a eu par le passé coexistence de plusieurs représentants de la lignée humaine :
  - Homo sapiens
  - Néanderthaliens
  - Dénisoviens

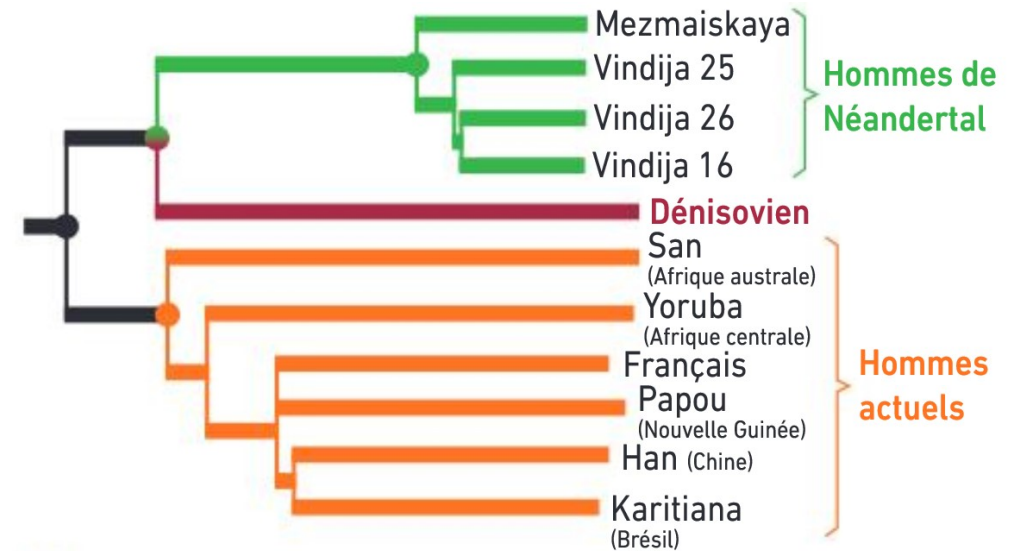
# Diversité génétique et Histoire évolutive d'une espèce (1ère spé)

## ADN mitochondrial



**A** Arbre phylogénétique obtenu par comparaison de l'ADN mitochondrial de 9 individus.

## ADN nucléaire



**B** Arbre phylogénétique obtenu par comparaison de l'ADN nucléaire de 11 individus.

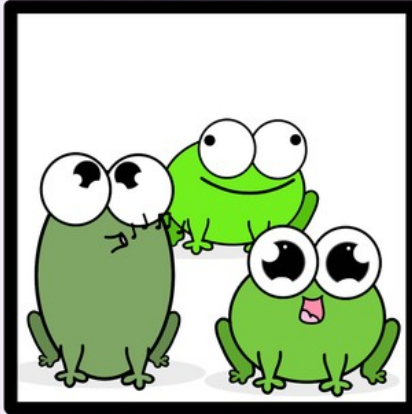
- Arbres phylogénétiques contradictoires
- 1 à 3 % des gènes d'eurasiens (*Homo sapiens*) viennent de Néanderthal
- certains ont 5% de gènes de Dénisoviens  
→ métissage entre ces espèces

# BILAN

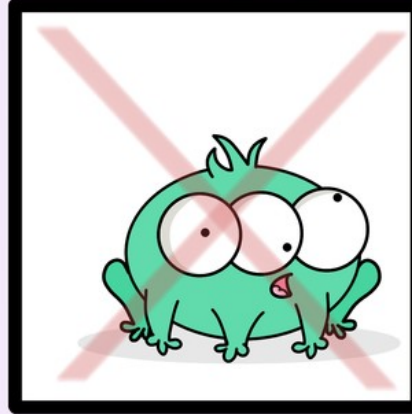


# Assumptions of Hardy-Weinberg Equilibrium

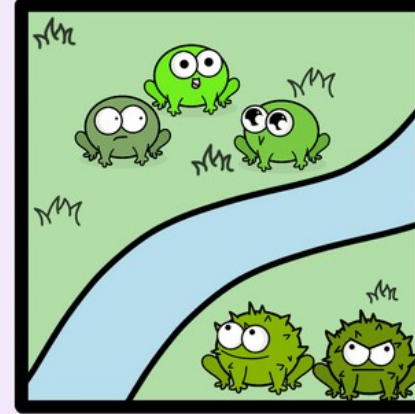
1. No selection



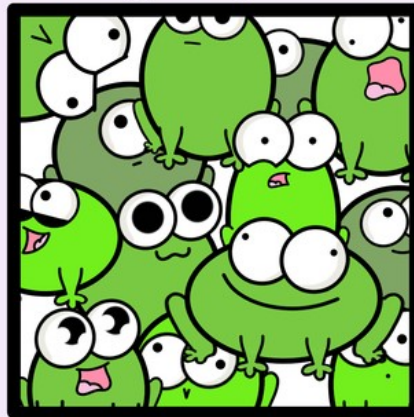
2. No Mutation



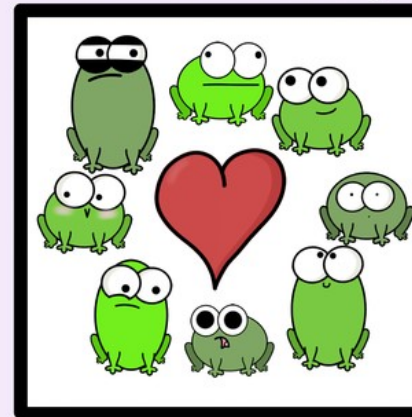
3. No Migration



4. Large Population



5. Random Mating



@AmoebaSisters

# Hardy-Weinberg equilibrium

If there are only 2 alleles for a trait in a Population, then:

$$P^2 + 2Pq + q^2 = 1$$

frequency of  
homozygous  
dominant  
genotype



frequency of  
heterozygous  
genotype



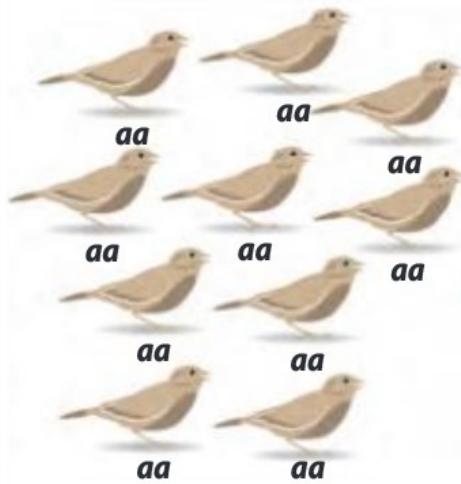
frequency of  
homozygous  
recessive  
genotype



Purple is dominant to Pink

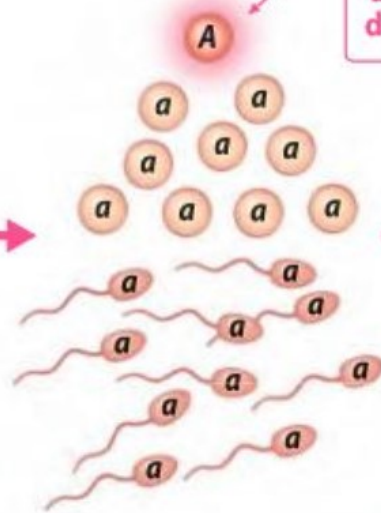
- > fréquence des allèles et des génotypes constants

## Mutation

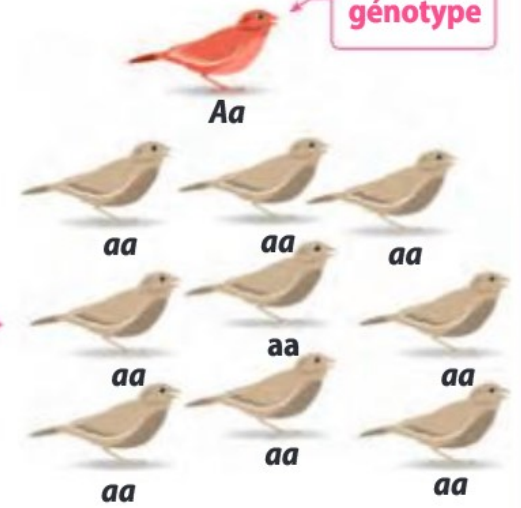


Fréquence de  $a = 1.0$

Production  
de gamètes



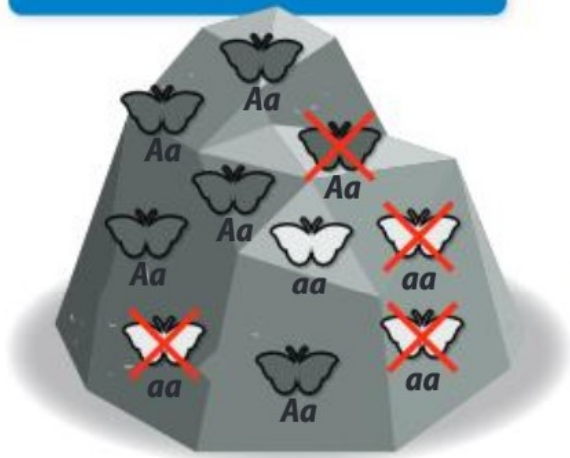
Mutation  
aléatoire :  
apparition  
de l'allèle A



Nouveau  
génotype

Fréquence de  $A = 0,05$   
Fréquence de  $a = 0,95$

## Sélection naturelle



Fréquence de  $A = 0,3$   
Fréquence de  $a = 0,7$

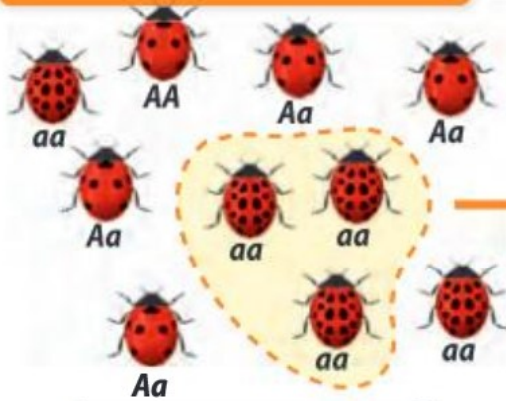
 = Tué par un prédateur

## Génération suivante



Fréquence de  $A = 0,6$   
Fréquence de  $a = 0,4$

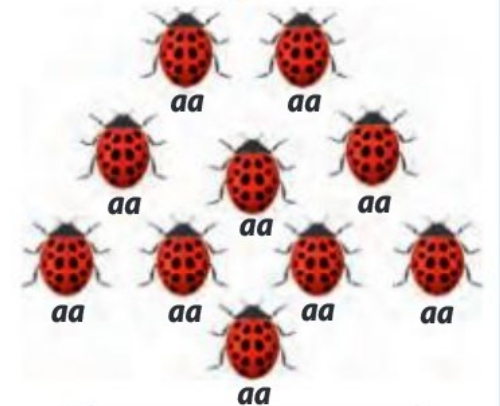
## Dérive génétique



Fréquence de  $A = 0,3$   
Fréquence de  $a = 0,7$

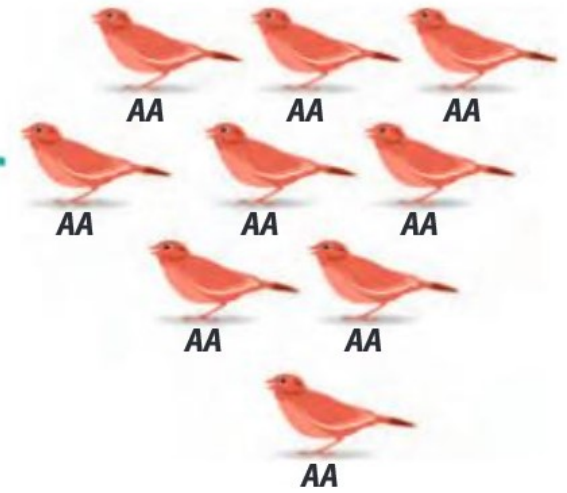
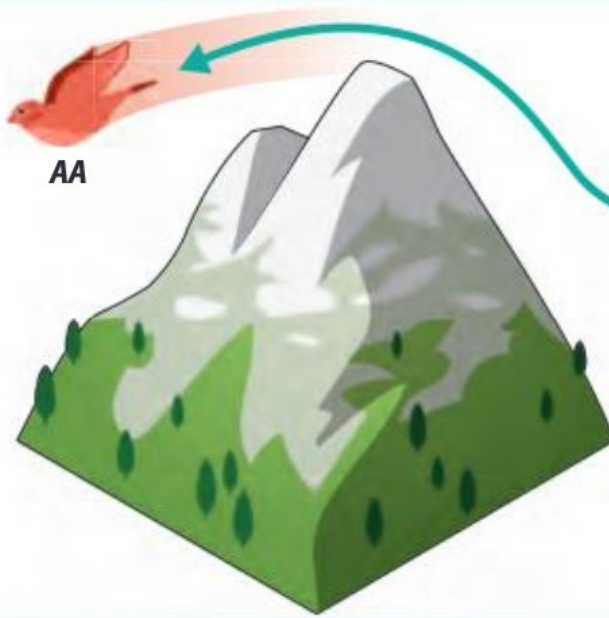
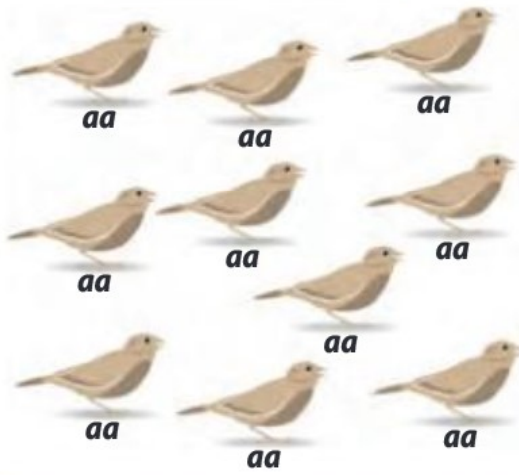
Du fait d'évènements aléatoires,  
seuls ces trois individus  
se reproduisent

## Génération suivante



Fréquence de  $A = 0,0$   
Fréquence de  $a = 1,0$

## Migration



# Une espèce se définit par des flux de gènes

