

## Thème 1-A Génétique et Evolution

Classe : Terminales SPE  
Durée envisagée : 4 semaines  
Nombre de TP : 4

**En rouge** : Bilans à faire noter aux élèves  
**En bleu** : Activités pratiques  
**En vert** : Problématique et hypothèses



### Chapitre 3 - L'inéluctable évolution des génomes

#### INTRODUCTION :

La diversification des génomes, due à la reproduction sexuée et aux transferts de gènes, contribue à l'acquisition de nouveaux gènes (ou allèles) et à la diversification des êtres vivants (nouveaux caractères). Les êtres vivants subissent ensuite les contraintes du milieu et les **forces évolutives** : il s'agit des **mutations**, de la **sélection naturelle** et de la **dérive génétique**. Ces forces transforment alors lentement les populations et leurs génomes, ce qui contribue à former de nouvelles espèces : c'est la **spéciation**.

**Pb : Comment les forces évolutives modifient-elles les génomes et forment-elles de nouvelles espèces au cours de l'évolution ?**

Plan :

- 1- Le modèle théorique de Hardy Weinberg
- 2- Les écarts par rapport au modèle et les forces évolutives
- 3- La formation de nouvelles espèces (spéciation) et la notion d'espèce

#### [TP5 : L'évolution des génomes](#)

# I- Le modèle théorique de Hardy Weinberg (p76-77)

## 1- Le modèle de Hardy Weinberg

Le modèle théorique (ou loi) de Hardy Weinberg correspond à un outil statistique qui étudie les fréquences alléliques présentes au sein des populations (= structure génétique), en se basant sur les connaissances de la méiose et la fécondation. En effet, Le croisement de 2 individus hétérozygotes (A/a) va produire 3 types de génotypes : (A/A), (a/a) et (A/a). Si on attribue une fréquence « p » à l'allèle A et une fréquence « q » à l'allèle a, on peut établir les relations suivantes :

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

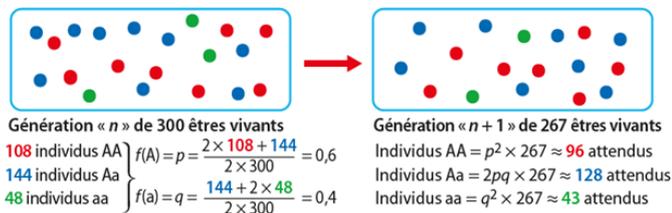
$$p + q = 1$$

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

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

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

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



Source : p114 Carnet d'enseignement scientifique

Document 1 : Le modèle théorique de Hardy Weinberg

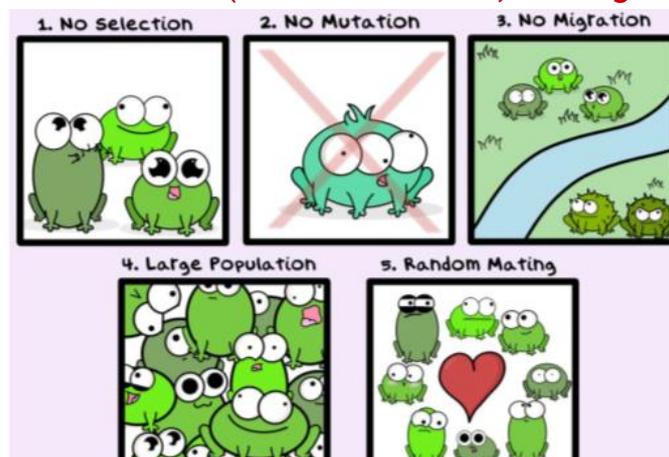


## 2- Les conditions du modèle de Hardy Weinberg

Le modèle de Hardy Weinberg reste « théorique » et ne peut s'appliquer que pour un couple d'allèles (A et a) sous 5 conditions :

- Absence de sélection naturelle (pas de disparition d'allèle)
- Pas de mutation (aucun nouvel allèle)
- Pas de migration (pas d'arrivée de nouvel allèle depuis une autre population)
- Population de grande taille (pas de dérive génétique)
- Panmixie (pas de sélection sexuelle et reproduction aléatoire)

L'intérêt de ce modèle de Hardy Weinberg est d'identifier si la population est à l'équilibre et correspond aux fréquences attendues. Tout écart à l'équilibre indique la présence de phénomènes évolutifs (sélection naturelle, dérive génétique ...).



Document 2 : Les conditions du modèle de Hardy Weinberg

## II- Les écarts au modèle théorique (p78-79)

### 1- Les écarts associés aux mutations

Dans les conditions réelles, l'équilibre de HW n'est jamais atteint et cela à cause des forces évolutives et de la complexité des écosystèmes et leur modifications (catastrophes naturelles, tectonique des plaques ...). Ce sont des systèmes présentant des équilibres dynamiques (cf 1ere SPE).

Les mutations correspondent à une force évolutive qui crée de nouveaux gènes et allèles par des phénomènes de mutation, duplication et transferts de gènes. Elles ont une incidence variable, selon le temps de génération de l'être vivant étudié (ex : bactérie/virus : mutations plus fréquentes). Chez les pluricellulaires, les mutations germinales (sur les cellules reproductrices) restent assez rares ( $10^{-6}$ ) et leur impact est donc très faible. Néanmoins, cet impact peut être rendu très important par la sélection naturelle.

- Ex : Modélisation avec l'effet d'une mutation avec une probabilité de 0,1%

### 2- Les écarts associés à la sélection naturelle

La sélection naturelle est une force évolutive qui contribue à une augmentation de la fréquence des allèles favorables et au contraire, une diminution de la fréquence des allèles défavorables. Ceci contribue à former des écarts à la loi de HW. La sélection naturelle contribue à un avantage sélectif qui s'exprime par un succès reproducteur : l'individu survit davantage et se reproduit donc davantage.

- Ex : La phalène du bouleau (forme claire/sombre)
- Ex : Les défenses des éléphants
- Ex : Le bec des pinsons de Darwin (gros bec/petit bec)
- Ex : Allèles HbA et HbS (drépanocytose)

Il existe également des formes paradoxales de sélection naturelle qui résultent d'un compromis entre la survie et la reproduction : c'est la sélection sexuelle. Dans ce cas, l'avantage reproductif prime sur l'avantage de la survie car il accentue la transmission des allèles.

- Ex : Le plumage de certains oiseaux mâles (ex : le Paon)
- Ex : Cas des nageoires de certains poissons (Guppy)

### 3- Les écarts associés à la dérive génétique

La dérive génétique est une force évolutive qui s'exprime très fortement dans les petites populations et qui implique un biais dans la transmission des allèles. Si la population est de petite taille, il se peut que les allèles transmis ne soient pas représentatifs de la population de départ. Il peut donc y avoir des modifications rapides des fréquences des allèles de façon totalement aléatoires (allèles neutres, non sélectionnés).

- Ex : Les éléphants sans défense du Parc Addo (p87)
- Ex : Les souris de Madère (p80-81)

Enfin, les migrations et les préférences de reproduction modifient également la structure génétique (fréquences alléliques) des populations.

Ex : l'autogamie chez les plantes (doc 3p79)

### III- La notion d'espèce et la spéciation (p80-85)

#### 1- La définition de l'espèce

Une espèce se définit généralement comme un ensemble d'individus qui se ressemblent, peuvent se reproduire entre eux (interféconds) et ont une descendance viable et fertile.

Néanmoins, les progrès scientifiques montrent que cette définition reste toujours imprécise. En effet, il existe de nombreux cas d'hybrides interspécifiques fertiles (Pizzly, Ligre, ...) qui prouvent que 2 espèces peuvent parfois encore être interfécondes. Dans ce cas, on a souvent affaire à des espèces naissantes (pas encore assez éloignées l'une de l'autre).

Ainsi, la définition actuelle de l'espèce considère qu'il s'agit d'un groupe d'êtres vivants qui sont génétiquement proches (pour se ressembler et être interféconds) et qui sont suffisamment éloignés génétiquement d'autres groupes, dans l'espace (niche écologique) et le temps (ancêtre commun suffisamment ancien).

#### 2- Les apports du séquençage des génomes

A l'heure actuelle, les techniques de séquençage des génomes ont progressé de façon importante et permettent de séquencer de très nombreux génomes rapidement. On peut alors :

- Comparer différentes populations d'une même espèce (exemple : populations humaines, cf programme 1ere SPE)
- Comparer différentes espèces proches afin de reconstituer les migrations, séparations (ex : souris de madère, Homo sapiens ...)
- Etudier l'ADN mitochondrial pour retracer la lignée maternelle et envisager les origines des individus.
- Réaliser les arbres phylogénétiques afin d'évaluer la proximité de différentes populations au sein d'une espèce mais aussi de différentes espèces les unes par rapport aux autres.

#### 3- Les mécanismes de spéciation

Une espèce apparaît quand une nouvelle population s'individualise et devient génétiquement différente du reste de la population : c'est la spéciation. La spéciation nécessite donc l'arrêt des échanges de matériel génétique entre un groupe isolé et le reste de l'espèce pendant un temps variable : on parle d'isolement reproducteur. L'isolement reproducteur peut se faire de 2 façons principales :

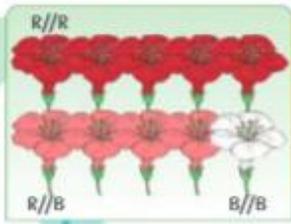
- La spéciation allopatrique dans laquelle les individus sont séparés (migration, séparation des niches écologiques ...)
- La spéciation sympatrique dans laquelle les individus sont dans le même écosystème mais ils se séparent à la faveur de phénomènes biologiques (décalage des cycles de reproduction, décalage dans la nutrition, différence de communication ...) ou des phénomènes génétiques (modification du caryotype, mutations ...).

Ainsi, l'espèce a une histoire évolutive : elle apparaît dans de petites populations séparées du reste de l'espèce initiale puis évolue grâce aux forces évolutives (mutation, sélection, dérive) et peut disparaître si l'ensemble des individus disparaissent (extinction).

**CONCLUSION : Bilan p91**

**Le modèle de Hardy - Weinberg**

- 2 allèles R et B d'un gène
- Population d'effectif N
- Fréquence allèle R = p
- Fréquence allèle B = q
- Panmixie

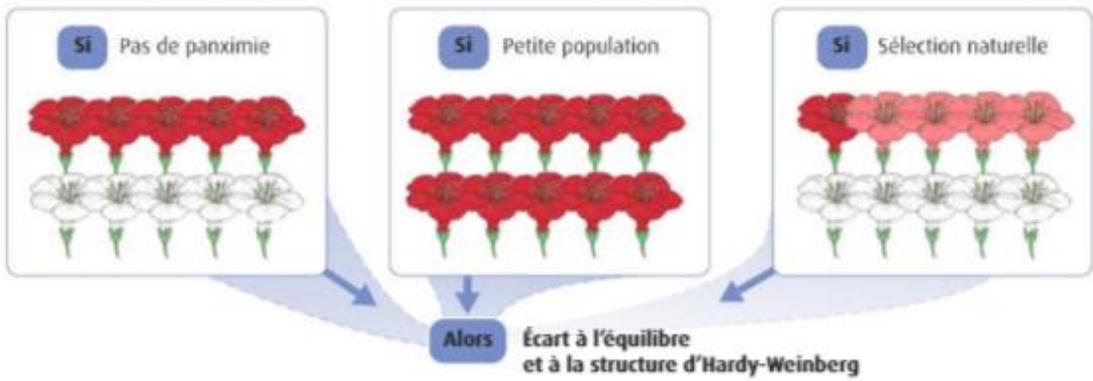


- Si**
- pas de sélection
  - pas de mutation
  - pas de migration
  - taille population très grande
- Alors** Stabilité dans le temps des fréquences alléliques = **Équilibre de Hardy-Weinberg**
- 

**Si**

- $n_{R//R} = Np^2$
- $n_{R//B} = 2Npq$
- $n_{B//B} = Nq^2$

**Alors** Structure génétique de Hardy-Weinberg



**Évolution des génomes et spéciation**

