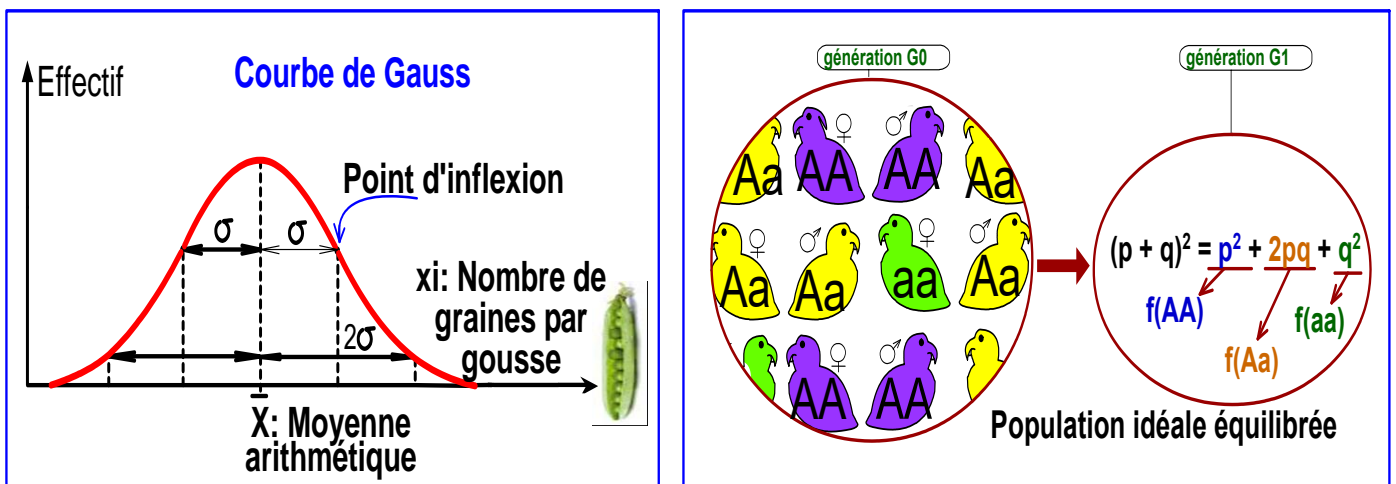




La variation génétique et la génétique des populations

Section internationale, option langue Française
2^{ème} année du baccalauréat, série science math A



Proposé par : Prof Khadija Zekrite

Année scolaire : 2025/2026

Chapitre 1 : La biométrie : étude de la variation des caractères quantitatifs

La génétique mendélienne s'intéresse à l'étude des caractères qualitatifs (la couleur, le forme...) qui sont faciles à distinguer.

Cependant, il existe d'autres caractères dits quantitatifs qui sont mesurables (en kg, en m, en l, ...) et qui prennent différentes valeurs (ex : la taille, le poids, la quantité de lait produite par une vache, le nombre des œufs pondus...). Un caractère quantitatif est la résultante de l'expression de plusieurs gènes et il est influencé par l'environnement ce qui le rend non soumis aux lois de Mendel.

La biométrie ou variation génétique est la branche de la biologie qui vise à expliquer la distribution des caractères quantitatifs en appliquant des méthodes mathématiques et statistiques.

Problème posé



Comment se fait l'étude quantitative de la variation ?

Plan du chapitre :

Activité 1 : Séance de travaux pratiques : étude d'une variation discontinue et d'une variation continue.

Activité 2 : Etude de la variation discontinue et de la variation continue.

Activité 3 : Exploitation mathématique des résultats statistiques.

Activité 4 : La sélection artificielle : rôle dans la sélection des races pures.

Fig 2

Nombre de graines par gousse = variable	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11
Nombre de gousses présentant ce nombre de graines = effectif	0	2	3	5	6	11	23	20	19	11	0

* **La variable** est le nombre de graines par gousse de petit pois, alors que **l'effectif** est le nombre de gousses présentant ce nombre de graines.

* Le nombre de graines par gousse s'étend entre **2 et 10 graines** dans chaque gousse.

PARTIE 2 : Variation continue

Caractère étudié : Longueur des gousses

Manipulation :

- ♦ Comptez 100 gousses de petit pois.
- ♦ A l'aide d'une règle ou d'un morceau de papier millimétré, mesurez la longueur de chaque gousse (en mm), puis notez ces résultats dans le cadre de la figure 3.

Exploitation statistique :

- ♦ En choisissant des classes de longueur de 0,4 cm, recueillir les données numériques obtenues sous forme d'un tableau (fig 4) de distribution de fréquence (fig 4).
- ♦ Identifiez la variable et la fréquence dans cet exemple.
- ♦ Déterminer l'étendue de la variable (valeur maximale, valeur minimale).
- ♦ Quelle différence peut-on noter en ce qui concerne la variation des deux caractères quantitatifs précédents : le nombre de graines par gousse et la longueur de la gousse du petit pois ?
- ♦ Définissez variation discontinue et variation continue et donnez d'autres exemples.

Fig 3 : Longueur de la gousse du petit pois (cm) :

7 – 7,5 - 8 – 8 – 8 – 8 – 8 - 8,3 – 8,3 – 8,4 – 8,5 – 8,5 – 8,5 – 8,6 – 8,6 – 8,8 – 8,8 – 8,8 – 8,9 – 9 – 9 – 9 – 9 – 9,1 – 9,2 – 9,2 – 9,2 – 9,4 – 9,4 – 9,4 – 9,5 – 9,5 – 9,5 – 9,5 – 9,5 – 9,6 – 9,6 – 9,6 – 9,7 – 9,7 – 9,7 – 9,8 – 9,8 – 9,8 – 9,8 – 9,9 – 9,9 – 10 – 10 – 10 – 10 – 10 – 10 – 10,1 – 10,1 – 10,2 – 10,2 – 10,2 – 10,2 – 10,3 – 10,3 - 10,3 – 10,4 – 10,4 – 10,4 – 10,4 – 10,5 – 10,5 – 10,5 – 10,5 – 10,5 – 10,5 – 10,5 – 10,6 – 10,6 – 10,7 – 10,7 – 10,8 – 10,8 – 10,8 - 10,8 – 10,9 – 11 – 11 – 11 – 11,1 – 11,2 – 11,2 – 11,2 – 11,2 – 11,3 – 11,4 – 11,4 – 11,5 – 11,5 – 11,6 – 12 – 12 – 12,5.

n = nombre total des gousses = Effectif total = 100

Classes : longueur des gousses en cm = variable (xi)	[1,5- 2[[2- 2,5[[2,5- 3[[3- 3,5[[3,5- 4[[4- 4,5[[4,5- 5[[5- 5,5[[5,5- 6[[6- 6,5[[6,5-7[[7-7,5[
Nombre de gousses présentant cette classe = effectif (fi)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
Classes : longueur des gousses en cm = variable (xi)	[7,5- 8[[8- 8,5[[8,5- 9[[9- 9,5[[9,5- 10[[10- 10,5[[10,5- 11[[11- 11,5[[11,5- 12[[12- 12,5[[12,5- 13[[13- 13,5[
Nombre de gousses présentant cette classe = effectif (fi)	5	6	11	12	18	20	12	10	3	1	0	0

✳ Dans cet exemple, la variable est la longueur des gousses (les classes), on la symbolise par (x_i) , alors que l'effectif est nombre de gousses présentant ces classes (les intervalles de longueur), on le symbolise par (f_i) ou (n_i) .

✳ La longueur des gousses s'étend entre **7cm et 12,5cm**.

✳ Dans le cas du caractère nombre de graine par gousse, la variable prend des valeurs entières limitées, on parle de variation discontinue.

✳ Dans le cas du caractère longueur de la gousse, la variable change d'une manière continue, on parle de variation continue.

Bilan :

✳ Une variable biométrique: une propriété qui peut changer d'un individu à un autre et que l'on peut mesurer ou enregistrer. Exemple : la taille ou la longueur ou le poids, l'âge, le nombre (de pétales par fleurs, de nervures par feuille, d'œufs pondus, de petits par gestation...)

✳ Les caractères quantitatifs peuvent varier de deux manières :

◆ Variation discontinue : variation quantitative ou la variable prend des valeurs entières très limitées, exemple : nombre de graines dans une gousse de petit pois, nombre de nervures par feuille d'une plante, nombre d'œufs pondus par une poule, nombre d'élèves dans une classe...

◆ Variation continue : variation quantitative ou la variable change d'une manière continue, elle prend toutes les valeurs possibles dans un intervalle donné : des nombres entiers et des nombres décimaux, exemple: longueur de la gousse du petit pois, quantité journalière de lait produite par des vaches d'une population, Taille de chaque individu dans une population donnée, diamètre de la coquille chez une espèce donnée de gastéropodes, masse de la gousse de haricot, quantité journalière de lait produite par une vache...

✳ La fréquence = l'effectif: nombre d'individus qui ont la même valeur de la variable, c.a.d qui ont le même phénotype du caractère quantitatif. Exemple : dans une étude de 100 personnes, 30 personnes ont une taille de 1,80m

→ effectif = 30, c'est donc un compte brut.

Activité 2 : représentations graphiques des résultats statistiques d'une variation discontinue et d'une variation continue

Les données statistiques des variations continues et des variations discontinues sont groupées dans des tableaux de fréquence, cependant les variables prennent la plupart des cas beaucoup de valeurs, les tableaux des nombres deviennent longs et peu lisibles, ce qui rend l'interprétation des données moins claire.

- Comment peut-on représenter graphiquement les résultats statistiques d'une variation discontinue et d'une variation continue pour rendre l'information statistique plus claire et plus parlante.?

I/ Représentations graphiques des résultats statistiques d'une variation discontinue :

Document 1 : Une variation discontinue peut être représentée graphiquement par : **un diagramme en bâtons, un polygone de fréquence et une courbe de fréquence.**

On porte en abscisse les valeurs des différentes classes de la variable et en ordonnée les fréquences correspondantes.

Diagramme en bâton : On relie la valeur de chaque variable (i) à son effectif (f_i) par un trait vertical.

Polygone de fréquence : On relie les points successifs du sommet du bâton par un segment de droite.

Courbe de fréquence : On régularise à main levée les contours du polygone de fréquence

Document 2 : Exercice d'application

On considère une population P de souris d'un élevage, tous de la même espèce. On compte dans cette population le nombre de nouveaux nés mis au monde par les femelles à chaque portée, pour 100 portées.



Le tableau suivant présente les résultats :

Nombre de petits	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Nombre de portées (femelles)	2	8	12	16	26	18	10	7	1

1/ **Dégager** du document la variable (les classes) étudiée et **l'effectif et déterminer** si cette variation est continue ou discontinue.

2/ En utilisant les instructions du document 1, **représenter** graphiquement la distribution de fréquence chez la souris.

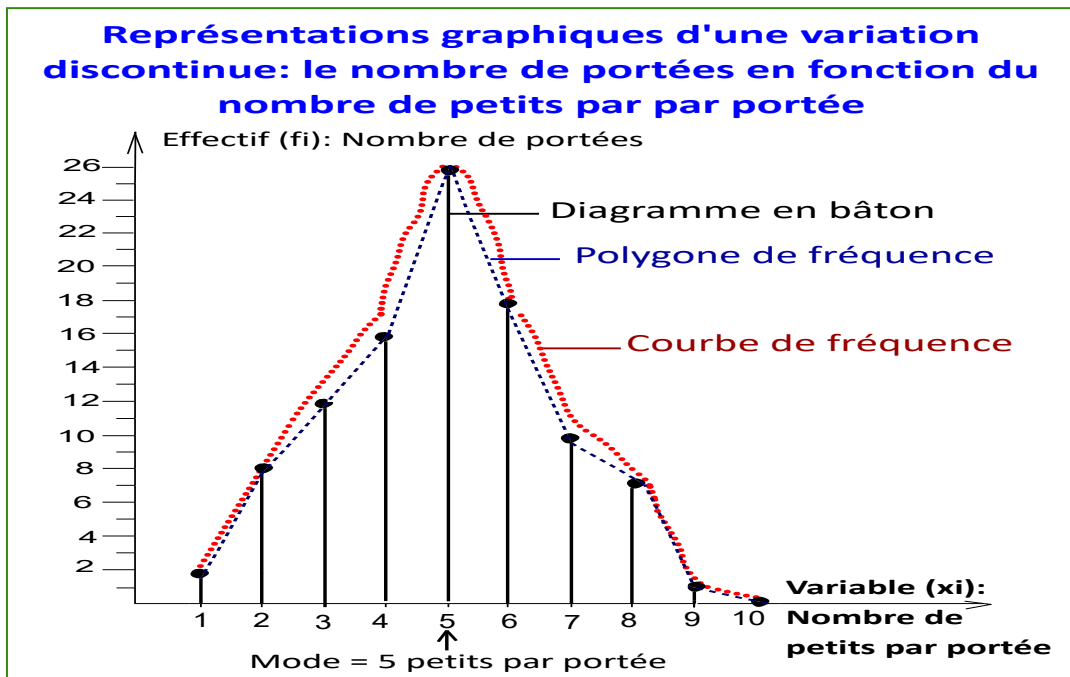
Réponses

1/ ● La variable étudiée est le nombre de petits, on la symbolise par (x_i).

● L'effectif (ou la fréquence) dans ce cas est le nombre de portées (de femelles), on le symbolise par (f_i) ou (n_i)

● Il s'agit d'une **variation discontinue** car la variable prend des valeurs limitées exprimées par des nombres entiers

2/ Représentation graphiques de la distribution des fréquences chez la population des souris :



II/ Représentations graphiques des résultats statistiques d'une variation continue :

Document 3:

* Une variation continue peut-être représentée graphiquement par : **un histogramme de fréquence, un polygone de fréquence et une courbe de fréquence.**

* On porte en abscisse les valeurs des différentes classes de la variable (xi) et en ordonnée les fréquences (fi) correspondantes.

* **Histogramme de fréquence** : On construit une série de rectangles dont la base a pour valeur les intervalles des classes et comme hauteur la fréquence de la classe correspondante

* **Polygone de fréquence** : On relie les valeurs médianes des différentes classes au niveau des sommets des rectangles de l'histogramme de fréquence par un segment de droite.

* **Courbe de fréquence** : On régularise à main levée les contours du polygone de fréquence.

Document 4 : Le perce oreille est un insecte de petite taille, il possède un abdomen qui se termine par deux pinces. Chez les mâles, la longueur des pinces est un caractère héréditaire variable (elle varie entre 2mm et 9mm) Dans une population P de 586 mâles de perse oreille on mesure la longueur des pinces, le tableau suivant résume les résultats obtenus.

En choisissant d'intervalle 1mm on a obtenu **7 classes égales** :



Longueur des pinces	Valeurs limites	[2, 3[[3, 4[[4, 5[[5, 6[[6, 7[[7, 8[[8, 9[
		Valeurs centrales	2,5	3,5	4,5	5,5	6,5	7,5
Effectif = fréquence (fi)		66	177	19	66	132	112	14

Réponses

1/ **Dégager** du document la variable (les classes) étudiée dans ce cas et déterminer si cette variation est continue ou discontinue.

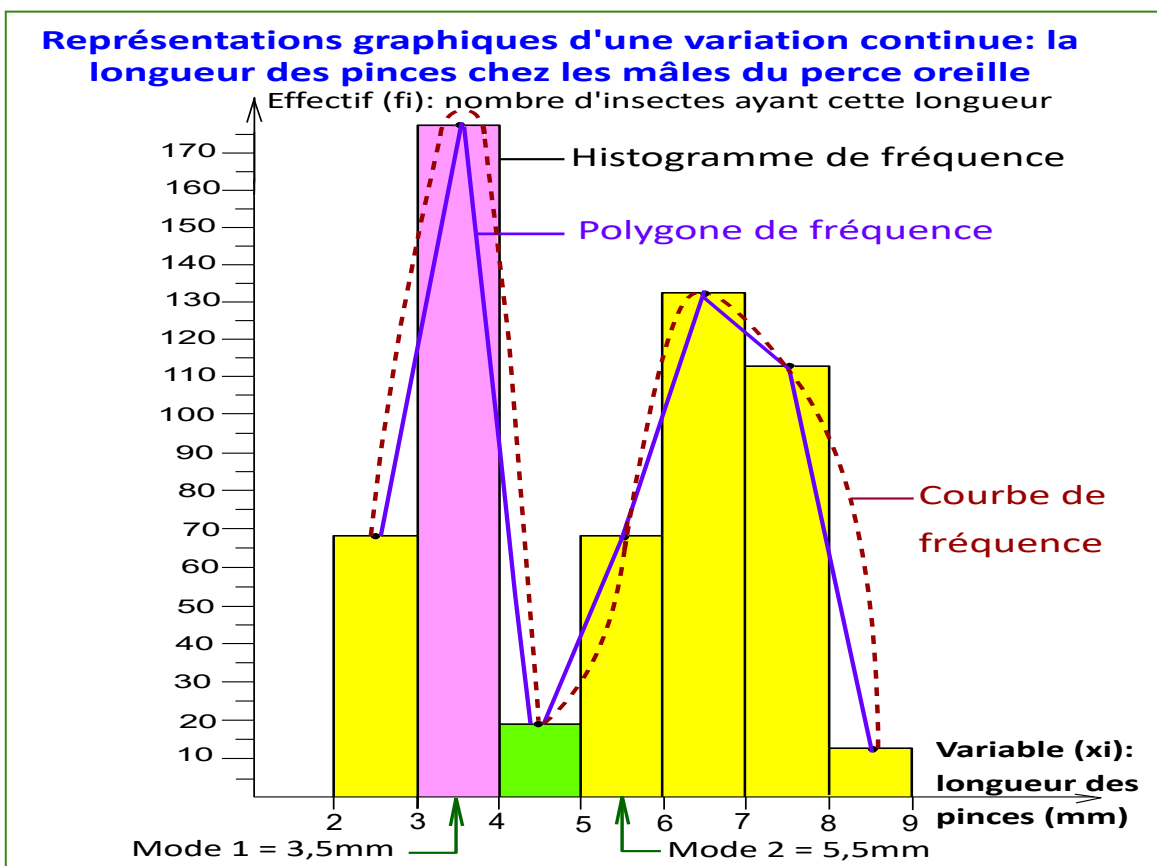
2/ En utilisant les directives du document 3, **représenter** graphiquement la distribution de fréquence chez cette population d'insecte (doc 4)

Réponses :

1/ ● La variable (ou les classes) étudiée est la longueur des pinces chez le perce oreille, on la symbolise par (x_i) .

● Il s'agit d'une variation continue, car la variable (longueur des pinces) prend toutes les valeurs possibles dans un intervalle donné : des nombres entiers et des nombres décimaux

2/ Représentation graphiques de la distribution des fréquences chez la population des mâles du perce oreille:

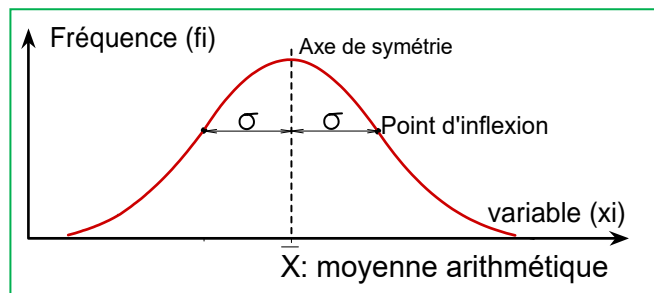


Bilan :

- **Une variation discontinue** peut être représentée graphiquement par un diagramme en bâton, un polygone ou une courbe de fréquence
- **Une variation continue** peut-être représentée graphiquement par un histogramme de fréquence, un polygone ou une courbe de fréquence

Activité 3 : Exploitation mathématique des résultats statistiques

Les courbes de fréquence obtenues montrent toutes la forme d'une cloche parfaitement symétrique, semblable à la courbe de Gauss et qui obéit à des lois mathématiques.



- Quels sont ces paramètres mathématiques et quelles sont leurs significations ?

I/ Les paramètres de position :

Document 1 : le mode et la moyenne arithmétique

Les paramètres de position sont des indicateurs qui permettent de localiser la valeur centrale d'une distribution, ce sont le mode et la moyenne arithmétique.

Le mode

- * Le mode est la valeur de la variable (xi) (centre de la classe dans le cas de la variation continue) qui présente la fréquence la plus élevée.
- * Une distribution peut avoir un seul mode, on parle de distribution unimodale, mais il y'a des distributions qui présentent deux ou plusieurs modes, on parle de distribution bimodale ou plurimodale.
- * Le mode permet de déterminer l'homogénéité de la distribution d'une variable :
 - ♦ Si le polygone de fréquence est **unimodal**, l'échantillon étudié est probablement homogène.
 - ♦ Si le polygone de fréquence est **bimodal**, ou plurimodale, l'échantillon étudié est hétérogène.

La moyenne arithmétique (\bar{X}) (lire X barre):

- * La moyenne arithmétique est la somme des produits de la valeur de chaque classe (xi) et la valeur de la fréquence (fi) correspondante divisée par l'effectif total des individus (n). On la symbolise par \bar{X} :

$$\bar{X} = \frac{\sum_n^i (f_i \cdot x_i)}{n}$$

\bar{X} : moyenne arithmétique

f_i : fréquence de la classe.

n : nombre total d'individus.

x_i : Valeur de la variable dans le cas de la variation continue, ou milieu de la classe dans le cas de la variation continue.

Exercices d'application :

Exercice 1 : Revenons à l'exemple précédent qui représente la distribution de la fréquence du nombre des nouveaux nés chez la souris

										Total
Nombre de petits (xi)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
Nombre de femelles (fi)	2	8	12	16	26	18	10	7	1	$\Sigma fi = n = 100$
(fi . xi)	2	16	36	64	130	108	70	56	9	$\Sigma(fi.xi) = 491$

1/ **Déterminer** le mode pour cette population, **proposez une hypothèse** à propos de l'homogénéité de cette population.

2/ **Calculer** la moyenne arithmétique (\bar{X}).

Réponses :

1/ **La valeur du mode** est : M = 5 petits par portée.

Signification de cette valeur : le plus grand nombre de femelles des souris donne 5 petits par gestation.

La distribution montre un seul mode, elle est **unimodale**.

Hypothèse : Puisque la distribution est unimodale, on peut dire que cette population est homogène et **peut être elle est de race pure**.

2/ **Calcul de la moyenne arithmétique :**

$$\bar{X} = \frac{\sum_n^i (fi . xi)}{n} = \frac{491}{100} = 4,91$$

Cela veut dire que la moyenne de nouveaux nés par la femelle de ces souris est : 4,91 petits par portée

Exercice 2 : **Déterminez** le mode et **calculez** la moyenne arithmétique dans le cas de la distribution de la fréquence de la longueur des pinces chez le perce oreille (exemple de la variation continue dans l'activité 1), **Proposer une hypothèse** à propos de l'homogénéité cette population.

									Total
Longueur des pinces	Valeurs limites	[2, 3[[3, 4[[4, 5[[5, 6[[6, 7[[7, 8[[8, 9[
	Valeurs centrales	2,5	3,5	4,5	5,5	6,5	7,5	8,5	
Effectif = fréquence (fi)		66	177	19	66	132	112	14	$\Sigma fi = n = 586$
(fi . xi)		165	619,5	85,5	363	858	840	119	$\Sigma(fi.xi) = 3050$

Les valeurs du mode est : **M1 = 3,5mm** et **M2 = 6,5mm**

La distribution montre deux modes, elle est **bimodale**

Hypothèse : La population des mâles du perce oreille est **hétérogène**.

Calcul de la moyenne arithmétique :

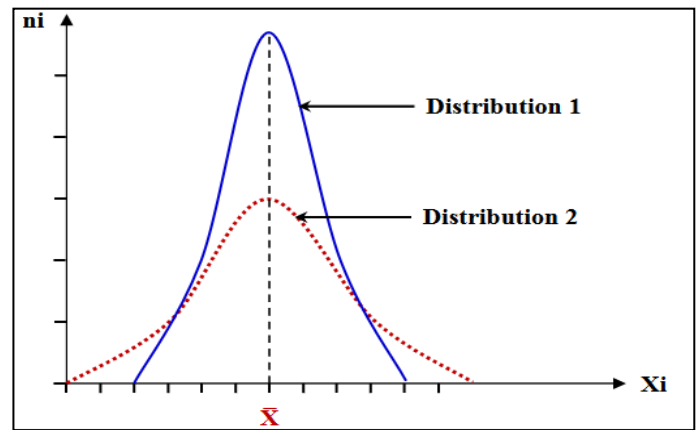
$$\bar{X} = \frac{\sum_n^i (fi . xi)}{n} = \frac{3050}{586} = 5,2\text{mm}$$

Cela veut dire que la moyenne de la longueur des pinces chez cette population est 5,2mm

Remarque :

Il se peut que deux populations aient la même moyenne arithmétique, mais elles présentent des dispersions très différentes (plus ou moins étalées).

La moyenne arithmétique est donc insuffisante pour décrire la distribution d'un caractère quantitatif, les généticiens utilisent d'autres paramètres appelés paramètres de dispersion.



↳ **Quel sont ces paramètres de dispersion**

II/ Les paramètres de dispersion :

Document 2 : les paramètres de dispersion :

Les paramètres de dispersion sont des indicateurs qui mesurent le degré de variabilité ou d'étalement des données autour des paramètres de position (la moyenne arithmétique). Ils permettent de comprendre si les valeurs sont proches les unes des autres ou au contraire très dispersées. Les principaux paramètres de dispersion sont : l'écart moyen arithmétique, la variance, l'écart type, le domaine de confiance et le coefficient de variabilité.

L'écart moyen arithmétique (E):

C'est la somme des valeurs absolues des écarts par rapport à la moyenne arithmétique, multipliée par la fréquence correspondante et divisée par l'effectif total de la population

$$E = \frac{\sum_n^i f_i |x_i - \bar{X}|}{n}$$

E : écart moyen arithmétique

\bar{X} : moyenne arithmétique

f_i : fréquence de la classe.

n : nombre total d'individus.

x_i : Valeur de la variable dans le cas de la variation continue, ou milieu de la classe dans le cas de la variation continue.

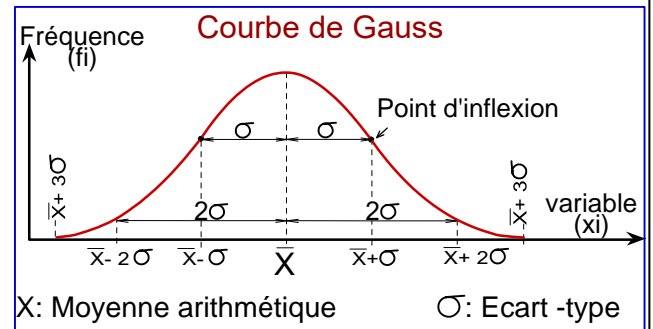
La variance (v) :

Pour éviter d'utiliser les valeurs absolues, on élève au carré les écarts par rapport à la moyenne arithmétique.

$$v = \frac{\sum_n^i f_i (x_i - \bar{X})^2}{n}$$

L'écart type (σ) (lire sigma)

- L'écart-type est un paramètre de dispersion qui mesure à quel point les valeurs des variables sont éloignées de la moyenne arithmétique ; autrement dit, il indique si les données sont peu ou très dispersées. L'écart-type est la racine carrée de la variance.



$$\sigma = \sqrt{v} = \sqrt{\frac{\sum_n^i f_i \cdot (x_i - \bar{X})^2}{n}}$$

- Si l'écart-type est petit \rightarrow valeurs de la variable proches de la moyenne \rightarrow la population est homogène et peu dispersée.
- Si l'écart-type est grand \rightarrow valeurs de la variable sont éloignées de la moyenne \rightarrow la population est hétérogène et très dispersée.

Le domaine de confiance

- L'intervalle de confiance permet d'évaluer la précision d'une estimation et l'incertitude liée aux différentes valeurs de la variable. Il traduit la fiabilité الموثوقية d'une variation.
- Il est calculé à partir de la moyenne arithmétique et l'écart type.
- L'intervalle $[\bar{X} - \sigma, \bar{X} + \sigma]$ contient **68%** de la population.
- L'intervalle $[\bar{X} - 2\sigma, \bar{X} + 2\sigma]$ contient **95%** de la population.

Le coefficient ou indice de variabilité (k)

- Est un paramètre de dispersion qui permet de mesurer l'importance de la variabilité d'une population par rapport à sa moyenne.

$$k = \frac{\sigma \cdot 100}{\bar{X}}$$

Il permet de déterminer le degré d'homogénéité de la population étudiée :

- **Si $k \leq 15\%$** : La dispersion autour de la moyenne est faible, donc la population est homogène.
- **Si $15\% < k \leq 30\%$** : la dispersion est moyenne, donc l'homogénéité de la population est moyenne.
- **Si $k > 30\%$** : La dispersion autour de la moyenne est forte, donc la population est hétérogène.

Exercice d'application :

Les tableaux suivants représentent la production journalière du lait en l/j par des vaches importées de race Holstein dans une coopérative agricole (fig a) et par des vaches locales dans une ferme (fig b).

Fig a : Production journalière du lait (en L/j) par les vaches Holstein						
Classes (xi)	22-24	24-26	26-28	28-30	30-32	32-34
Fréquence (fi)	3	5	8	6	4	2

Fig b : Production journalière du lait (en L/j) par les vaches de la ferme									
Classes (xi)	8-10	10-12	12-14	14-16	16-18	18-20	20-22	22-24	24-26
Fréquence (fi)	1	2	3	5	4	4	2	2	1

1/ **Déterminer** le mode pour chacune des deux populations et **proposer une hypothèse** à propos de l'homogénéité de chacune des deux populations.

2/ **Calculer** la moyenne arithmétique (\bar{X}), l'écart type (σ), le domaine de confiance et le coefficient de variabilité (k) pour les deux races de vaches, en indiquant la signification de ces valeurs.

3/ **Comparez** la dispersion de la population des vaches Holstein par rapport aux vaches de la ferme.

Réponses :

1/ La valeur du mode :

Vaches Holstein : **Mode = 27L/j**, cela veut dire que le grand nombre de ces vaches produisent 27L de lait par jours.

Vaches de la ferme : **Mode = 15L/j**, cela veut dire que le grand nombre de ces vaches produisent 15L/j de lait par jours.

Hypothèse à propos de l'homogénéité des deux populations :

La population des vaches Holstein : Puisque la distribution est unimodale, on peut dire que cette population est homogène et **peut être elle est de race pure.**

La population des vaches de la ferme : Puisque la distribution est unimodale, on peut dire que cette population est homogène et **peut être elle est de race pure.**

2/ **Calcul de la moyenne arithmétique (\bar{X}), et des paramètres de dispersion : pour faciliter ces calculs on utilise un tableau pratique :**

Chez les vaches Holstein (fig a) :

Les classes	Centre des classes (xi)	Fréquence fi	fi . xi	xi - \bar{X} ($\bar{X} = 27,64$)	(xi - \bar{X}) ²	fi (xi - \bar{X}) ²
22-24	23	3	69	-4,64	21,53	64,59
24-26	25	5	125	-2,64	6,97	34,85
26-28	27	8	216	-0,64	0,41	3,28
28-30	29	6	174	1,36	1,85	11,1
30-32	31	4	124	3,36	11,29	45,16
32-34	33	2	66	5,36	28,73	57,46
Total →		$\Sigma fi = n =$ 28	$\Sigma fi . xi =$ 774			$\Sigma fi (xi - \bar{X})^2$ = 216,44

Chez les vaches de la ferme (fig b) :

Les classes	Centre des classes (xi)	Fréquence fi	fi . xi	xi- \bar{X} $\bar{X} = 16,75$	(xi- \bar{X}) ²	fi (xi- \bar{X}) ²
8-10	9	1	9	-7,75	60,06	60,06
10-12	11	2	22	-5,75	33,06	66,12
12-14	13	3	39	-3,75	14,06	42,19
14-16	15	5	75	-1,75	3,06	15,31
16-18	17	4	68	0,25	0,06	0,25
18-20	19	4	76	2,25	5,06	20,25
20-22	21	2	42	4,25	18,06	36,12
22-24	23	2	46	6,25	39,06	78,12
24-26	25	1	25	8,25	68,06	68,06
Total →		$\Sigma fi = n$ = 24	$\Sigma fi . xi$ = 402			$\Sigma fi (xi- \bar{X})^2$ = 386,48

2/ * Calcul de la moyenne arithmétique :

Vaches Holstein :

$$\bar{x} = \frac{\sum_n^i (fi \cdot xi)}{n} = \frac{774}{28} = 27,64$$

Cela veut dire que la moyenne de production laitière chez les vaches Holstein est **27,64L/j**

Vaches de la ferme : $\bar{X} = 402/24 = 16,75$

Cela veut dire que la moyenne de production laitière chez les vaches de la ferme est **16,75L/j**

La production du lait est meilleur chez les vaches Holstein.

* Calcul de l'écart type (σ) :

Vaches Holstein :

$$\sigma = \sqrt{v} = \sqrt{\frac{\sum_n^i fi \cdot (xi - \bar{X})^2}{n}} = \sqrt{\frac{216,44}{28}} = 2,78$$

Un écart type de **2,78 litres/jour** signifie que la production de lait des vaches Holstein varie généralement d'environ $\pm 2,78$ L autour de la moyenne (27,64L/J).

Vaches de la ferme :

$$\sigma = \sqrt{\frac{386,48}{24}} = \sqrt{16,10333} = 4,01$$

Un écart type de **4,01 litres** signifie que la production de lait dans ce troupeau varie généralement de $\pm 4,01$ L autour de la moyenne (16,75 L/J). Ici, la variabilité est **plus grande** que pour les Holstein. Cela peut s'expliquer par :

- un troupeau plus hétérogène (différentes races),
- des différences d'âge, de stade de lactation,
- une conduite d'élevage variable,
- des effets sanitaires ou nutritionnels.

Comparaison de l'écart type des deux populations : **La population Holstein est plus homogène et moins dispersée**, tandis que le troupeau de la ferme montre une **plus grande dispersion** des niveaux de production.

✳ **Calcul du domaine de confiance :**

	$[\bar{X} - \sigma, \bar{X} + \sigma]$	$[\bar{X} - 2\sigma, \bar{X} + 2\sigma]$
Vaches Holstein	$[27,64 - 2,78, 27,64 + 2,78] = [24,86, 30,42]$	$[27,64 - 5,56, 27,64 + 5,56] = [22,08, 33,2]$
Vaches de la ferme	$[16,75 - 4,01, 16,75 + 4,01] = [12,74, 20,76]$	$[16,75 - 8,02, 16,75 + 8,2] = [8,55, 24,95]$
Signification	<ul style="list-style-type: none"> * 68% des vaches Holstein produit entre 24,86L et 30,42L de lait par jour. * 68% des vaches de la ferme produisent entre 12,74L et 20,76L de lait par jour. 	<ul style="list-style-type: none"> * 95% des vaches Holstein produit entre 22,08L et 33,2L de lait par jour. * 95% des vaches de la ferme produisent entre 8,55L et 24,95L de lait par jour.

✳ **Calcul du coefficient de variabilité (k) :**

	Vaches Holstein	Vaches de la ferme
Valeur de k $k = \frac{\sigma \cdot 100}{\bar{X}}$	$k = \frac{2,78 \cdot 100}{27,64} = 10,06$	$k = \frac{4,01 \cdot 100}{16,75} = 23,94$
Signification	La dispersion autour de la moyenne est faible, donc la population des vaches Holstein est homogène.	la dispersion est moyenne, donc l'homogénéité de la population des vaches de la ferme est moyenne.

Activité 4 : La sélection artificielle : rôle dans la sélection des races pures

Une population peut être homogène pour un caractère quantitatif (formée d'une seule race pure), comme elle peut être hétérogène (formée de plusieurs races pures). Les races animales et végétales pures pour certaines caractères (quantité de lait, graines résistantes aux maladies ...), sont désirées par les agriculteurs et les éleveurs parce que leur reproduction donne une production sans fortes variations.

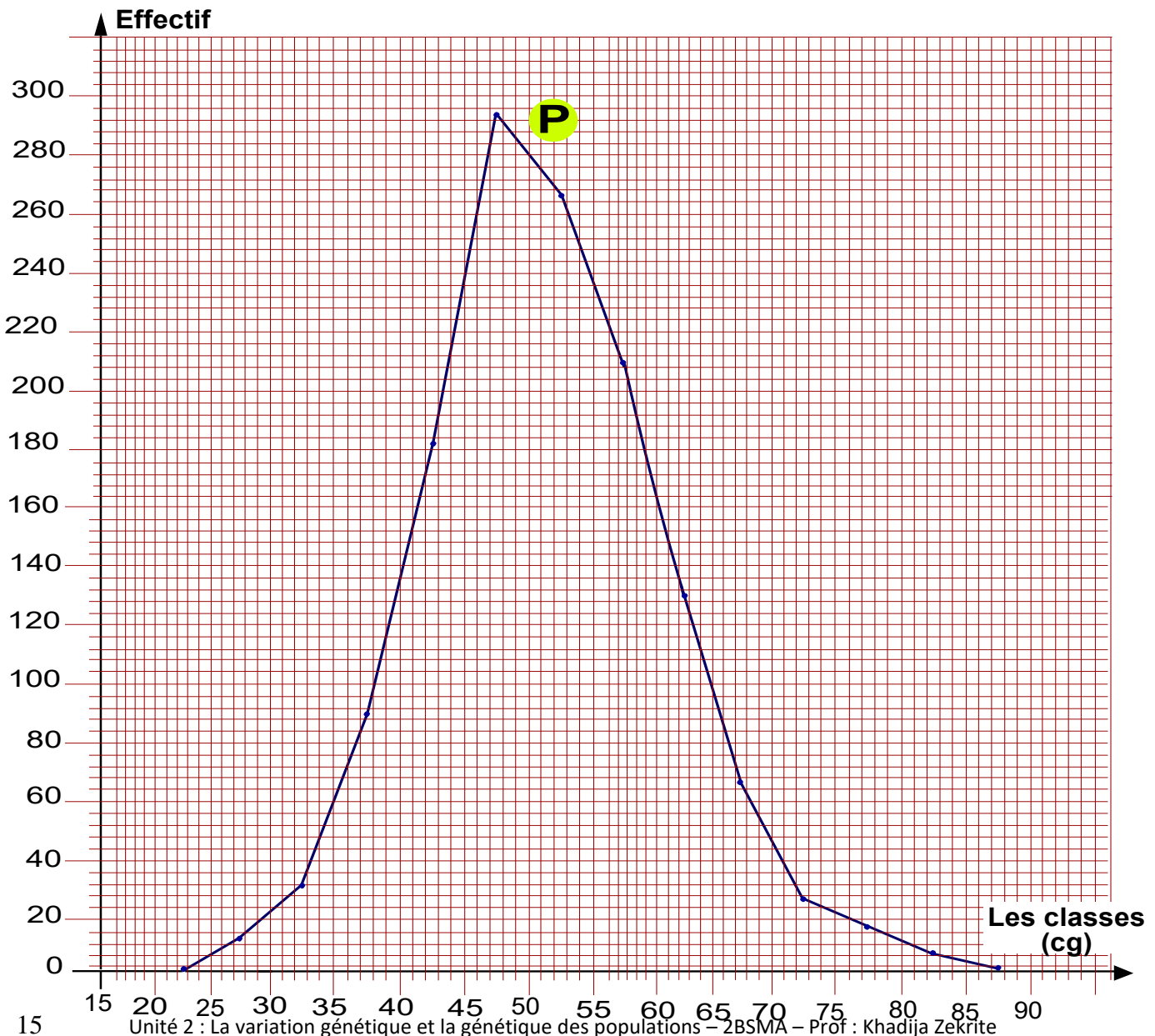
Pour sélectionner une race pure, on applique une technique appelée sélection artificielle.

- Comment réaliser une sélection artificielle dans une population ?

Exemple de sélection artificielle : expérience de W.Johannsen sur l'haricot

W.Johannsen a réalisé une étude statistique sur la variation continue du poids des graines chez le haricot pour la sélection de race pure.

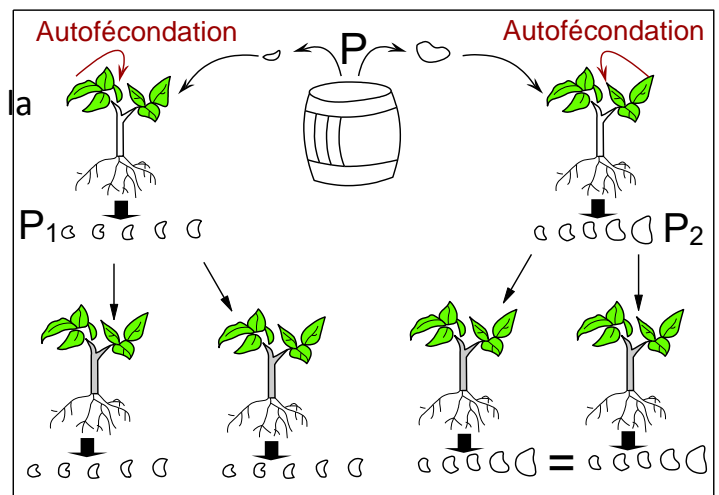
Etape 1 : Johannsen pèse les graines contenues dans chaque gousse, l'étude est réalisée sur une population P de **n = 1337 graines**, en choisissant des poids d'intervalle 5cg il a obtenu **14 classes égales**. Le graphique ci-dessous représente le polygone de fréquence de la distribution de cette variation continue.



1/ A partir de l'analyse du polygone de fréquence de la distribution des poids chez la population P, **que pouvez-vous supposer** en ce qui concerne l'homogénéité de cette population ?

Etape 2

Johannsen isole les graines d'haricot de la classe [20-25cg] (graines légères) et celles de la classe [85-90cg] (graines lourdes) puis il a cultivé séparément les graines de chaque classe. Après germination des graines et formation des plantes, il a laissé ces dernières s'autoféconder, il a ainsi obtenu deux sous populations (P1 et P2) de graines dont les distributions sont résumées dans les tableaux suivants



Masse des graines P1 (cg)	Valeurs limites	[20, 25[[25, 30[[30, 35[[35, 40[[40, 45[[45, 50[[50, 55[[55, 60[[60, 65[
	Valeurs centrales	22,5	27,5	32,5	37,5	42,5	47,5	52,5	57,5	62,5
Effectif = fréquence (fi)	2	7	18	23	20	16	10	5	2	

Masse des graines P2 (cg)	Valeurs limites	[35, 40[[40, 45[[45, 50[[50, 55[[55, 60[[60, 65[[65, 70[[70, 75[[75, 80[[80, 85[[85, 90[
	Valeurs centrales	37,5	42,5	47,5	52,5	57,5	62,5	67,5	72,5	77,5	82,5	87,5
Effectif = fréquence (fi)	2	5	9	14	21	22	24	23	17	6	2	

2/ **Représenter** par deux couleurs différentes sur diagramme précédent les polygones de fréquence chez les deux sous populations P1 et P2.

3/ **Déterminer** le mode et **calculer** la moyenne arithmétique de la distribution de chacune des populations P, P1 et P2.

4/ A partir de cette étude, **que peut-on déduire** en ce qui concerne l'homogénéité de la population P ?

Etape 3

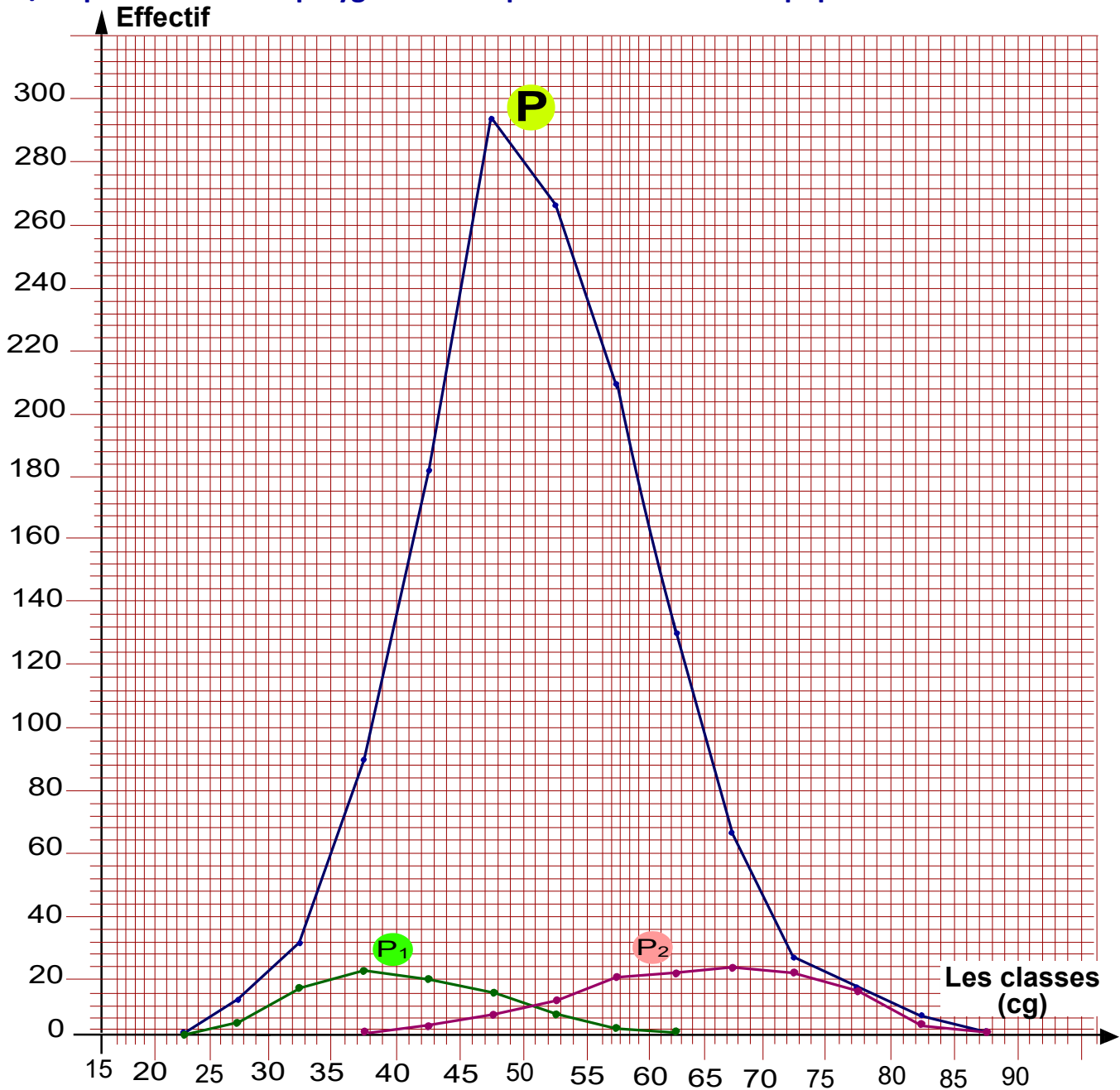
Pour évaluer l'homogénéité des sous populations P1 et P2, Johannsen réalise sur chacune d'elle une opération de sélection artificielle semblable à celle effectuée sur la population P, il obtient à chaque fois une descendance ayant la même distribution et le même mode que la sous population d'origine.

5/ A partir de cette 3^{ème} étude, **que peut-on déduire** en ce qui concerne l'homogénéité des sous populations P1 et P2 ?

Réponses :

1/ On constate que le polygone de fréquence de la population P est unimodal ce qui laisse supposer que cette population est homogène.

2/ Représentation du polygone de fréquence des deux sous populations P1 et P2.



3/ Détermination du mode et de la moyenne arithmétique de la distribution de chacune des populations P, P1 et P2.

	Mode	Moyenne arithmétique
Population P	M=48 cg	$\bar{X}= 52.18$ cg
Sous population P1	M1= 38 cg	$\bar{X}1= 41.09$ cg
Sous population P2	M2 = 68 cg	$\bar{X}2 = 64.18$ cg

4/ Conclusion en ce qui concerne l'homogénéité de la population P ?

On constate que le mode et la moyenne arithmétique de la population d'origine sont intermédiaires entre ceux des deux sous populations P1 et P2. On déduit que la population P d'origine était composée de deux groupes différents mais non détectables

par l'étude statistique de la variation mais qu'on a pu mettre en évidence grâce à la sélection artificielle. Donc cette sélection a été efficace.

5/ Déduction en ce qui concerne l'homogénéité des sous populations P1 et P2 ?

Cette deuxième sélection artificielle n'a entraîné aucune modification de la distribution des deux populations P1 et P2. Ceci peut être expliqué par le fait que les deux populations constituent deux races pures différentes :

- La race des graines légères possédant le même génotype qui reste invariable d'une génération à une autre
- La race des graines lourdes qui possèdent un génotype différent de celui des graines légères et qui reste stable également d'une génération à une autre.

Dans ce cas la sélection artificielle a été inefficace.

Bilan :

✳ **La sélection artificielle** الانتقاء الاصطناعي est le processus par lequel l'être humain choisit et fait reproduire certains individus d'une espèce pour obtenir une race pure avec des caractéristiques souhaitées. Elle permet de :

- Sélectionner des races pures.
- Améliorer certaines caractéristiques d'une population de plantes ou d'animaux : obtenir des individus plus productifs, plus résistants, de taille désirée ou mieux adaptés aux besoins humains.

✳ La sélection artificielle consiste à isoler les individus des classes extrêmes (par exemple de plus petite taille et de grande taille), de les laisser se reproduire, de faire une distribution de fréquence de la descendance et déterminer un nouveau mode et tracer le polygone de fréquence. On répète la même opération jusqu'à ce que le mode et le polygone de fréquence ne varient plus, à ce moment on a une population appartenant à une lignée pure, la sélection n'est plus efficace.

✳ La sélection est dite **efficace** lorsqu'elle permet d'identifier deux ou plus d'une race pure au sein de la population d'origine.

La sélection est dite **inefficace** lorsqu'elle ne permet pas d'identifier plus d'une race pure au sein de la population d'origine.

✳ **Une race pure pour un caractère quantitatif** : est un ensemble d'individus de même génotype et donc très proches de point de vue phénotype, l'étude statistique de ces populations donne un polygone unimodal avec une dispersion faible la sélection au sein de cette population est inefficace, puisqu'on obtient chez la descendance après chaque croisement la même distribution des fréquences caractérisée par un mode constant, ce qui traduit son homogénéité.

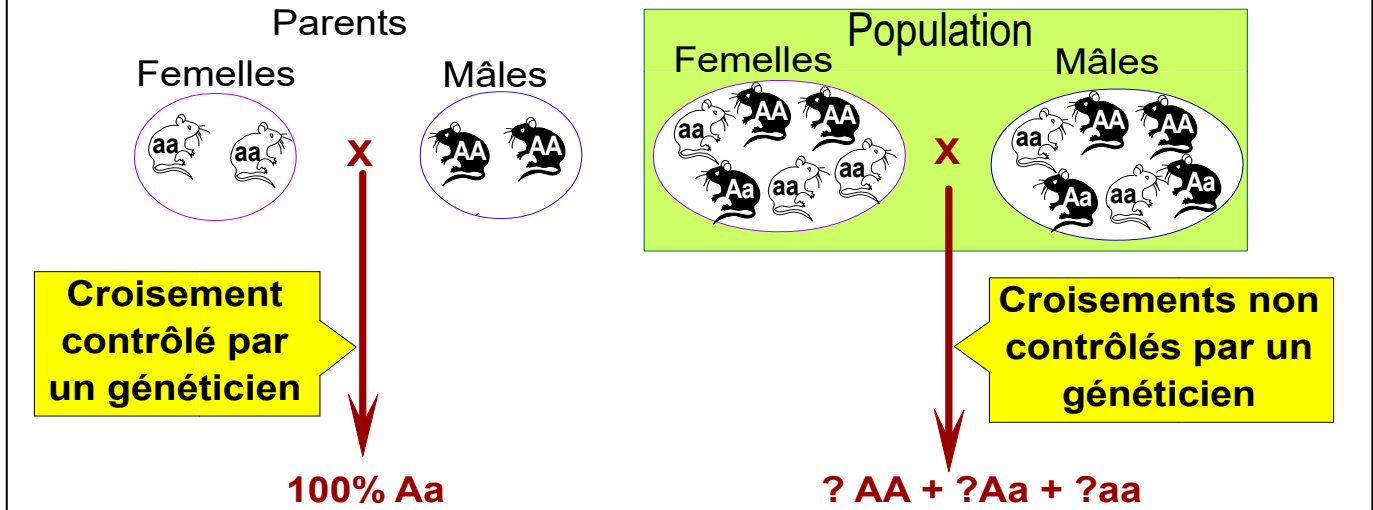
✳ **Une population hétérogène pour un caractère quantitatif** : est un ensemble d'individus de génotype et de phénotype différents, elle comprend plus d'une lignée pure. Sa distribution présente souvent plus d'un mode pour le caractère quantitatif étudié, mais parfois sa courbe de fréquence peut être unimodale avec une grande dispersion autour de la moyenne.

Chapitre 2 : La génétique des populations

Document 1 : Notion de génétique des populations

Génétique Mendélienne

Génétique des populations



- La génétique mendélienne s'occupe de l'étude de la transmission des caractères héréditaires chez des individus à partir de croisements contrôlés par l'expérimentateur.
- La génétique des populations s'intéresse de la transmission des caractères héréditaires à partir de croisements non contrôlés, qui surgissent entre de nombreux parents au sein d'une même population.

La génétique des populations vise les objectifs suivants

- Le calcul des fréquences des allèles, des génotypes et des phénotypes pour constituer une idée claire sur la structure génétique d'une population.
- Prévoir théoriquement la structure d'une population au fil des générations.
- L'étude des facteurs qui modifient la structure génique d'une population.

Questions posées :

✳ Qu'est-ce qu'une population, et comment on définit une espèce ? Comment peut-on calculer les fréquences alléliques, génotypiques et phénotypiques au sein d'une population naturelle ?

↳ **Activité 1**

✳ Comment peut-on prévoir théoriquement la structure génétique d'une population au fil des temps et quelles sont les conditions de ces prévisions ?

↳ **Activité 2**

✳ Quelles sont les applications de la loi de Hardy-Weinberg ?

↳ **Activité 3**

✳ Quels sont les facteurs influençant la variabilité génétique des populations ?

↳ **Activité 4, 5, 6, 7**

Activité 1 : Notion de population naturelle, d'espèce et de pool génétique

Les individus de la même espèce vivent généralement sous forme de groupes plus ou moins cohérents, au sein du biotope qui leur procure les sources de nutrition et les conditions de reproduction. Ces groupes constituent des populations locales.

- Comment se définit la population en biologie et quelles sont ses caractéristiques ?
- Comment se définit l'espèce en biologie et quels sont les critères de sa détermination ?
- Comment calculer les fréquences alléliques et génotypiques d'une population ?

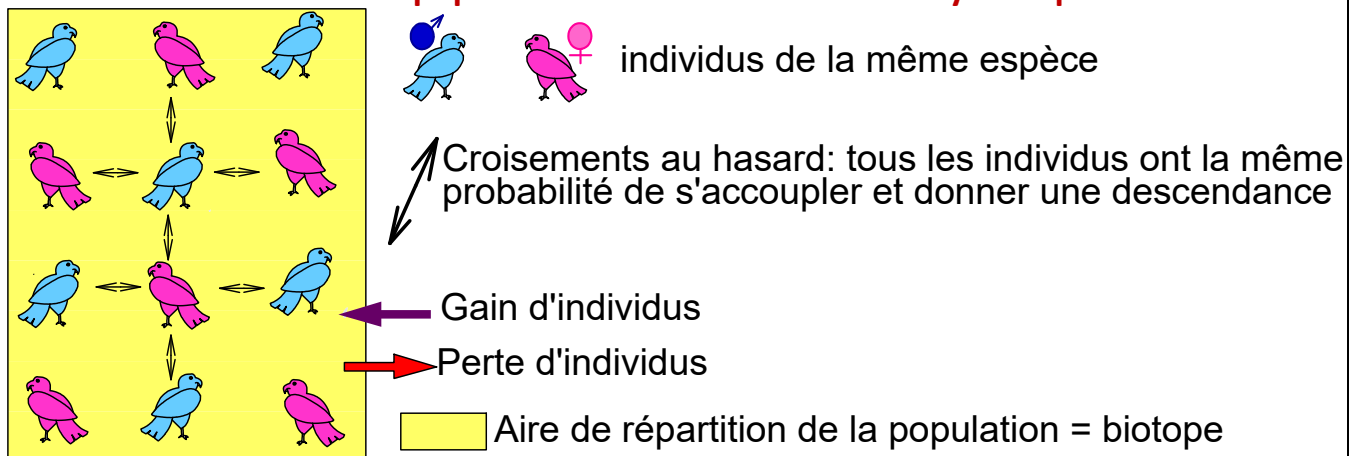
I/ Notion de population naturelle

Document 1 : le macaque berbère

Le macaque berbère (*Macaca sylvanus*) est un singe sans queue. La population compte environ 10 000 individus vivant au Maroc et en Algérie. Il mesure environ 60 cm et peut peser jusqu'à 20 kg chez les mâles. Il vit principalement dans les forêts de cèdres du Moyen Atlas entre 1200 et 2000 m d'altitude. Cette espèce est adaptée à des conditions climatiques extrêmes, avec des étés chauds et des hivers très froids.



Document 2 : Modèle d'une population naturelle et ses côtés dynamiques



➤ En exploitant les documents 1 et 2, **définir** une population naturelle et **relever** quelques facteurs pouvant affecter son équilibre.

Réponses :

- Une population est l'ensemble des individus d'une même espèce qui vivent dans une zone géographique précise à un moment donné, et qui peuvent se reproduire entre eux.
- Elle se caractérise par des éléments comme sa taille (nombre d'individus), sa répartition dans l'espace.
- La population est une structure dynamique caractérisée par :
 - Un flux des individus : entrée de nouveaux individus (naissances, migration d'individus de la même espèce vers la population concernée), perte d'individus: mortalité, migration de certains individus de la population vers d'autres territoires.

- Des mutations, une sélection naturelle, une dérive génétique (voir plus loin ces facteurs).

II/ Comment définir une espèce

1/ Critères de détermination de l'espèce :

Document 3 : Quelques Cirières de détermination de l'espèce

Exemple 1 : le tigre (*Panthera tigris*) est une espèce de mammifères de la famille des « félidés », du genre « Panthera », espèce « tigris ». Facilement reconnaissable à sa fourrure rousse rayée de noir, il est le plus grand félin sauvage et l'un des plus grands carnivores terrestres. Cette espèce est répartie en cinq populations : le tigre du Bengale, le tigre de Sumatra, le tigre de Sibérie Le tigre d'Indochine et le tigre de Chine.



Exemple 2 : Malgré leurs apparences très différentes, tous les chiens domestiques sont de la même espèce : *Canis familiaris*.

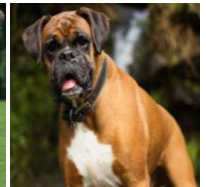
Les analyses génétiques affirment que tous les Chiens domestiques partagent les mêmes gènes, un autre indice rigoureux, toutes ces races, peuvent se reproduire les unes avec les autres et donner une progéniture fertile.



chien berger



Sloughi



Boxer

خلف خصيب

Document 4 : hybrides stériles issus d'espèces voisines.

Les individus de deux espèces voisines peuvent parfois s'accoupler تتزاوج, mais la descendance est généralement stérile.



Un mulet



Tigresse

le ligre

Le mulet البغل est un hybride engendré par un âne et une jument. أنثى الفرس

Le ligre النمر الغل est un hybride issu du croisement d'un lion et d'une tigresse. أنثى النمر

1/ En utilisant les acquis des années précédents, **rappeler** la notion de l'espèce selon la classification du chercheur Carl Linné (critère de ressemblance)

2/ A partir des deux exemples d'espèces cités dans le document 3 et du document 4, **dresser** les critères utilisés pour identifier une espèce et **déduire** le critère le plus fort de détermination de cette notion.

Réponses :

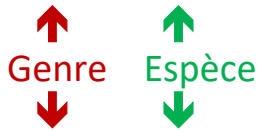
1/ La notion d'espèce selon la classification du chercheur Carl Linné

Carl Linné, cherchait l'ordre de la nature. Pour Linné, une espèce se définit par un ensemble d'individus semblables morphologiquement : deux individus de la

même espèce ont des caractéristiques physiques semblables, c'est le critère de ressemblance.

Linné met au point son système de nomenclature binominale, qui permet de désigner avec précision toutes les espèces animales et végétales à une combinaison de deux noms latins : le premier nom désigne le genre, et le second désigne l'espèce, par exemple :

Homo sapiens : pour désigner l'espèce humaine



Pinus halepensis pour désigner le pin d'Alep صنوبر حلب

2/ Les critères utilisés pour identifier une espèce et déduction du critère le plus fort de détermination de cette notion.

Une espèce se définit par plusieurs critères :

- La ressemblance morphologique (malgré certaines différences),
- Les caractéristiques écologiques (habitat, alimentation),
- Les critères génétiques et biochimiques,
- La capacité des individus à se reproduire entre eux et à avoir une descendance viable et fertile.

La définition la plus admise aujourd'hui est cette dernière (interfécondité), basée sur le concept biologique, proposée pour la première fois par Ernst en 1942.

2/ Définition de l'espèce :

La définition de l'espèce a évolué au fil du temps. Aujourd'hui, la plus utilisée est celle d'Ernst Mayr (1942), qui définit une espèce comme « des groupes de populations naturelles **interfécondes** : des individus capables de se reproduire entre eux et de donner une descendance viable et fertile ».

III/ Notion du pool génique et calcul des fréquences alléliques et génotypiques d'une population

Document 5 : Pool génique d'une population

Le schéma de la figure (a), représente le pool génique d'une population P composé de $N=10$ individus de rats. Ce pool correspond à un gène diallélique porté par un autosome : l'allèle (A) est dominant alors que l'allèle (a) est récessif.

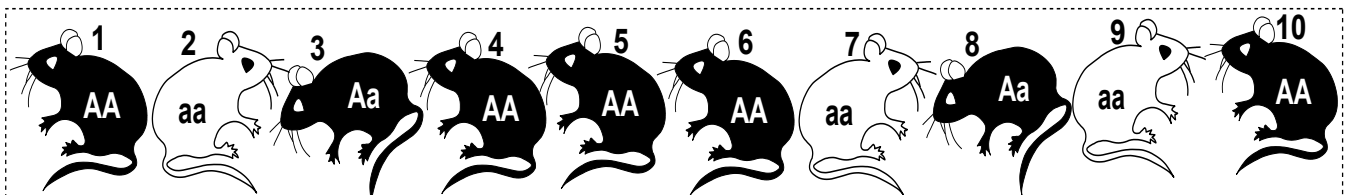


Figure (a): Pool génique d'une population de rats

1/ Définir la notion du pool génique.

2/ En se basant sur les données du document 5, calculez les fréquences phénotypiques et génotypiques et allélique la population P des rats du document 1

Réponses :

1/ Notion de pool génique

Le pool génique est l'ensemble des gènes et des différentes versions de ces gènes (allèles) présents dans une population à un moment donné.

2/ Comment Calculer les fréquences phénotypiques, génotypiques et alléliques ?

✳ On symbolise la fréquence par la lettre **f**. la valeur de f est comprise entre 0 et 1.

✳ On calcule la fréquence des différents phénotypes par la relation suivante :

$$f[A] = \frac{\text{Nombre d'individus porteurs du phénotype [A]}}{\text{Effectif total de la population N}}$$

f[A] : désigne la fréquence du phénotype [A]

Rappel : Si l'allèle A est dominant : nombre[A] = nombre (AA) + nombre (Aa)

$$f[A] + f[a] = 1$$

✳ On calcule la fréquence des génotypes par la relation suivante :

$$f(AA) = \frac{\text{Nombre d'individus porteurs du génotype (AA)}}{\text{Effectif total de la population N}}$$

f(AA) : désigne la fréquence du génotype AA.

On note f(AA) = **D** (individus homozygotes porteur du caractère dominant)

f(aa) = **R** (individus homozygotes porteur du caractère récessif)

f(Aa) = **H** (individus hétérozygotes)

$$D + H + R = 1$$

✳ On calcule la fréquence des allèles : par l'application du théorème des probabilités composées. La fréquence de l'allèle A peut être définie comme la probabilité de tirer cet allèle au hasard dans la population, ce qui suppose d'abord de tirer un individu, puis l'un de ses deux allèles :

➤ L'individu tiré peut être AA, avec une probabilité D ; dans ce cas la probabilité de tirer au hasard l'allèle A de cet individu est égale à 1.

➤ L'individu tiré peut être Aa, avec une probabilité H ; dans ce cas la probabilité de tirer au hasard l'allèle A de cet individu est égale à $\frac{1}{2}$ car l'individu est aussi porteur de l'allèle a.

➤ L'individu tiré peut être aa, avec une probabilité R ; dans ce cas la probabilité de tirer au hasard l'allèle A de cet individu est égale à 0 car l'individu tiré ne contient pas l'allèle A.

➤ Par conséquent, on peut calculer la fréquence de l'allèle A et celle de l'allèle a de la façon suivante:

$$f(A) = p = (D \times 1) + (H \times \frac{1}{2}) + (R \times 0) = D + H/2$$

$$f(a) = q = (D \times 0) + (H \times \frac{1}{2}) + (R \times 1) = R + H/2$$

avec : $f(A)$: fréquence de l'allèle dominant A, on note cette fréquence p

$f(a)$: fréquence de l'allèle récessif a, on note cette fréquence q

$$p + q = 1$$

En règle générale :

$$\text{Fréquence d'un allèle} = \frac{\text{Effectifs d'individus homozygotes pour cet allèle}}{\text{Effectif total des individus}} + \frac{1}{2} \times \frac{\text{Effectifs d'individus hétérozygotes pour cet allèle}}{\text{Effectif total des individus}}$$

2/ Application numérique et Calcule des fréquences de la population P de la figure (b) du doc 5 :

* Fréquences phénotypiques :

$$f[A] = \frac{\text{nombre (AA)} + \text{nombre (Aa)}}{N} = \frac{5 + 2}{10} = 0.7 = 70\%$$

$$f[a] = \frac{\text{nombre (aa)}}{N} = \frac{03}{10} = 0.3 = 30\%$$

* Fréquences génotypiques :

$$D = f(AA) = \frac{\text{nombre (AA)}}{N} = \frac{05}{10} = 0.5 = 50\%$$

$$H = f(Aa) = \frac{\text{nombre (Aa)}}{N} = \frac{02}{10} = 0.2 = 20\%$$

$$R = f(aa) = \frac{\text{nombre (aa)}}{N} = \frac{03}{10} = 0.3 = 30\%$$

$$D + H + R = 0.5 + 0.2 + 0.3 = 1$$

* Fréquences alléliques :

$$p = f(A) = D + H/2 = 0.5 + 0.2/2 = 0.6 = 60\%$$

$$q = f(a) = R + H/2 = 0.3 + 0.2/2 = 0.4 = 40\%$$

Activité 2 : Prévoir théoriquement la structure d'une population au fil des générations : Loi de Hardy-Weinberg

Les fréquences alléliques et génotypiques d'une population naturelle sont difficiles à prévoir au fil des générations du fait de sa structure dynamique. Cependant l'expression mathématique de la loi formulée en 1908 par le mathématicien anglais Hardy et le médecin allemand Weinberg permet de suivre l'évolution de ces fréquences à travers les générations dans une population idéale équilibrée.

- Quelles sont les caractéristiques de la population idéale ?
- Que signifie la loi de Hardy-Weinberg ?

I/ Population idéale équilibrée

Document 1 : Caractéristiques d'une population idéale équilibrée ساكنة مثالية متوازنة

La population théorique-idéale est équilibrée, elle se définit par les caractéristiques suivantes :

- Population d'organismes diploïdes à reproduction sexuée et sans chevauchement entre les générations (pas de croisements entre individus de générations différentes).
- Effectif de la population infini (très grand nombre).
- Rencontre aléatoire entre les mâles et les femelles (**Panmixie**) et rencontre aléatoire entre les gamètes mâles et les gamètes femelles lors de la fécondation (**Pangamie**)
- Absence des facteurs d'évolution de la population : migration, sélection et mutations.

II/ La loi de Hardy-Weinberg

1/ Enoncé de la loi de Hardy- Weinberg

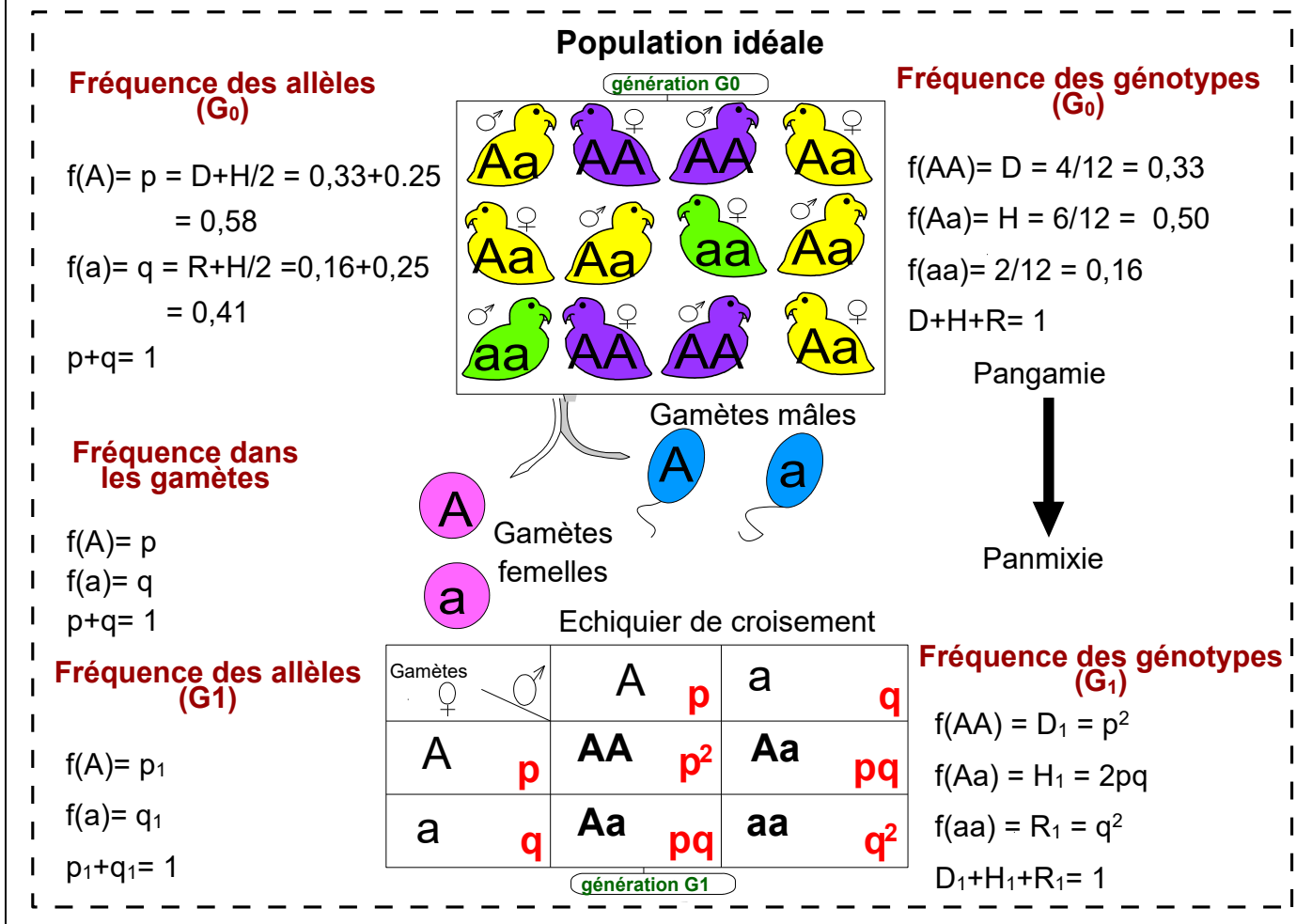
Document 2 : Enoncé de la loi de Hardy-Weinberg

Dans une population théorique idéale la fréquence des allèles et des génotypes reste stable d'une génération à la suivante, on dit alors que la population est en équilibre.

2/ Démonstration de la validité de la loi de Hardy- Weinberg dans le cas d'un gène non lié au sexe

Document 3 : Démonstration de la loi de Hardy-Weinberg dans le cas d'un gène non lié au sexe.

Dans une population théorique-idéale, on considère un gène non lié au sexe, représenté par deux allèles : l'allèle A dominant et l'allèle a récessif. Essayons de poursuivre l'évolution des fréquences alléliques et génotypique au fil de deux générations successives G0 et G1.



3/ Démonstration de la validité de la loi de Hardy-Weinberg en montrant que la fréquence des allèles dans la génération G1 ne change pas par rapport à la génération G0.

Fréquence des allèles dans la génération G1 :

$$\begin{aligned}
 f(A) &= p_1 \\
 &= D_1 + H_1/2 \\
 &= p^2 + (2pq)/2 \\
 &= p^2 + pq \\
 &= p(p+q) \\
 f(a) &= q_1 \\
 &= R_1 + H_1/2 \\
 &= q^2 + (2pq)/2 \\
 &= q^2 + pq \\
 &= q(p+q)
 \end{aligned}$$

et puisque $p+q = 1$ alors :

$$f(A) = p_1 = p \quad \text{et} \quad f(a) = q_1 = q$$

Donc la fréquence des allèles est constante au fil des générations dans une population théorique idéale.

3/ Démonstration de la validité de la loi de Hardy-Weinberg dans le cas d'un gène lié au sexe

Document 4 : Exemple le daltonisme

Le daltonisme est une anomalie génétique, l'allèle de l'anomalie est récessif et porté par le chromosome X.

Dans une population Humaine constituée de 1000 personnes, la fréquence de l'allèle du daltonisme est évaluée à $f(a) = q = 0,08$.

Si on considère que cette population est idéale théorique :

1/ **Déterminer** les différents génotypes et leur fréquence dans la génération G₀ d'origine et dans la génération des descendants G₁.

2/ **Conclure** comment on calcule la fréquence des génotypes dans le cas de la transmission d'un gène porté par le chromosome sexuel X.

Exploitation du document :

1/ Les différents génotypes et leur fréquence dans la génération G₀ et dans sa descendance :

* Désignons l'allèle récessif du daltonisme par a : $f(a) = q$ et l'allèle normal par A : $f(A) = p$

A : $f(A) = p$

* Les différents génotypes dans la génération G₀ et les différents gamètes produits par cette génération

Les mâles		Les femelles	
Les génotypes possibles	Les gamètes possibles	Les génotypes possibles	Les gamètes possibles
X _A Y	X _A f(X _A) = p	X _A X _A	X _A f(X _A) = p
X _a Y	X _a f(X _a) = q	X _A X _a	X _a f(X _a) = q
	Y f(Y) = 1	X _a X _a	

* Les différents génotypes dans la génération G₁ et les leur fréquence :

Echiquier de croisement :

Gamètes ♂	X_A	X_a	Y
Gamètes ♀	p	q	1
X_A p	$X_A X_A$ ♀ [A] p^2	$X_A X_a$ ♀ [A] pq	$X_A Y$ ♂ [A] p
X_a q	$X_A X_a$ ♀ [A] pq	$X_a X_a$ ♀ [a] q^2	$X_a Y$ ♂ [a] q

* Fréquence des génotypes dans la génération G1 :

- **Chez les femelles :**

$$f(X_A X_A) = p^2 ; \quad f(X_A X_a) = 2pq ; \quad f(X_a X_a) = q^2$$

- **Chez les mâles :**

$$f(X_A Y) = p ; \quad f(X_a Y) = q$$

2/ Conclusion :

Dans le cas d'un gène di-allélique porté par le chromosome X, où p est la fréquence de l'allèle dominant A et q la fréquence de l'allèle récessif a, la fréquence théorique (attendue) des génotypes se calcule comme suit:

☞ **Chez les femelles** : la fréquence des génotypes correspond au développement du binôme $(p+q)^2$.

$$f(X_A X_A) = p^2 \quad f(X_A X_a) = 2pq \quad f(X_a X_a) = q^2$$

☞ **Chez les mâles**, la fréquence des génotypes est égale à la fréquence des allèles :

$$f(X_A Y) = p ; \quad f(X_a Y) = q$$

Bilan de l'activité 2

La théorie de la loi de Hardy – weinbeg s'applique sur les populations théoriques idéales qui n'évoluent pas. Selon cette loi :

- Les fréquences alléliques et génotypiques ne changent pas avec le temps.
- On détermine les fréquences théoriques des génotypes à partir des fréquences des allèles. Dans le cas d'un gène di-allélique, où p est la fréquence de l'allèle dominant A et q la fréquence de l'allèle récessif a,

☞ Si le gène est autosomal, on adopte une relation simple qui correspond au développement du binôme $(p+q)^2$:

$$\begin{aligned} f(AA) + f(Aa) + f(aa) &= (p+q)^2 = 1 \\ &= p^2 + 2pq + q^2 = 1 \end{aligned} \quad \rightarrow \begin{aligned} f(AA) &= p^2 \\ f(Aa) &= 2pq \\ f(aa) &= q^2 \end{aligned}$$

☞ Si le gène est lié au sexe,

↳ On adopte la même relation précédente chez les femelles

$$\begin{aligned} f(X_A X_A) + f(X_A X_a) + f(X_a X_a) &= (p+q)^2 = 1 \\ &= p^2 + 2pq + q^2 = 1 \end{aligned} \quad \rightarrow \begin{aligned} f(X_A X_A) &= p^2 \\ f(X_A X_a) &= 2pq \\ f(X_a X_a) &= q^2 \end{aligned}$$

↳ Chez les mâles, la fréquence des génotypes est égale à la fréquence des allèles :

$$\begin{aligned} f(X_A Y) &= p \\ f(X_a Y) &= q \end{aligned}$$

Remarque :

La loi de Hardy -Weinberg est également appliquée aux gènes multialléliques, de sorte que si les fréquences des allèles sont respectivement p, q, r, \dots et n , alors les fréquences des différents génotypes correspondent au développement du polynôme $(p+q+r+\dots+n)^2$.

Par exemple, dans le cas des groupes sanguins ayant 3 allèles (A, B, O) :

$$\begin{aligned} f(A) &= p \\ f(B) &= q \\ f(O) &= r \end{aligned} \quad \rightarrow \quad (p+q+r)^2 = \underbrace{p^2}_{f(AA)} + \underbrace{2pq}_{f(AB)} + \underbrace{2pr}_{f(AO)} + \underbrace{q^2}_{f(BB)} + \underbrace{2qr}_{f(BO)} + \underbrace{r^2}_{f(OO)}$$

Activité 3 : Equilibre d'une population et applications de la loi de Hardy-Weinberg dans quelques cas de transmission d'un couple d'allèles

Données observées

Document 1 : Dans une région tropicale, les autorités sanitaires luttent contre le moustique Anophele gambiae, principal vecteur du parasite responsable de la maladie du Paludisme chez l'Homme. Pour lutter contre ces moustiques, on utilise un insecticide puissant, cependant, quelques années après l'introduction de cet insecticide, les chercheurs constatent que les moustiques semblent de moins en moins sensibles au produit



Problème posé :

« Comment vérifier, à l'aide de la loi de Hardy-Weinberg, si la population de moustiques évolue ou reste en équilibre au cours du temps face à l'insecticide ? »

Objectif de la séance : Appliquer la loi de Hardy-Weinberg pour vérifier si la population est en équilibre ou en évolution. »

I/ Application de la loi de Hardy-weinberg dans le cas d'un gène autosomal:

Exemple 1 : un gène à deux allèles codominants

Document 2 : « Pour lutter contre le paludisme transmis par le moustique Anopheles gambiae, on utilise des insecticides, mais après quelques années, certains moustiques deviennent résistants».

Chez ces moustiques, la sensibilité et la résistance aux insecticides est contrôlée par un gène autosomal diallélique:

S : allèle sensible aux insecticides ; R : allèle résistant (insensible) aux insecticides

Dans une population de **N = 400 moustiques**, on a recensé :

RR : 240 individus ; RS : 40 individus ; SS : 120 individus

👉 La population des moustiques est-elle en équilibre génétique ou en évolution sous l'effet de l'insecticide ?

👉 Si la population n'est pas en équilibre, quelles pourraient être les causes ?



Pour répondre à cette question, poursuit la démarche suivante :

1/ **calculer** les fréquences observées (réelles) de chaque génotype

$$D = f(RR) = \frac{\text{nombre du génotype (RR)}}{N} = \frac{240}{400} = 0,6$$

$$H = f(RS) = \frac{\text{nombre du génotype (RS)}}{N} = \frac{40}{400} = 0,1$$

$$R = f(SS) = \frac{\text{nombre du génotype (SS)}}{N} = \frac{120}{400} = 0,3$$

$$D + H + R = 1$$

2/ **calculer** les fréquences alléliques :

$$p = f(R) = D + H/2 = 0,6 + 0,1/2 = 0,65$$

$$q = f(S) = R + H/2 = 0,3 + 0,1/2 = 0,35$$

$$p + q = 0,65 + 0,35 = 1$$

3/ calculer les fréquences théoriques de chaque génotype selon la loi de HW

Si la population est en équilibre, on adopte une relation simple qui correspond au développement du binôme $(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$

- $f(RR) = p^2 = (0,65)^2 = 0,422$

- $f(RS) = 2pq = 2 \times 0,65 \times 0,35 = 0,455$

- $f(SS) = q^2 = (0,35)^2 = 0,122$

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

4/ Calculer les effectifs (les nombres) théoriques de chaque génotype :

On calcule les nombres théoriques à partir des génotypes correspondants :

Puisque: $f(RR) = \frac{\text{Nombre des individus de (RR)}}{N}$ N = Effectif total de la population

\Rightarrow Nombre (RR) = $f(RR) \times N = (0,65)^2 \times 400 = (0,16)^2 = 169$

De la même manière :

\Rightarrow Nombre (RS) = $f(RS) \times N = 2 \times 0,65 \times 0,35 \times 400 = 182$

\Rightarrow Nombre (SS) = $f(SS) \times N = (0,35)^2 \times 400 = 49$

5/ comparer les valeurs génotypiques théoriques et les valeurs observées

Génotype	Nombre observé	Nombre théorique
RR	240	169
RS	40	182
SS	120	49

Il y'a un écart important entre Les effectifs théoriques et les effectifs observés des différents génotypes

6/ Que peut-on conclure à partir de cette comparaison ?

Cette population de moustique n'est pas en équilibre, elle évolue et elle n'obéit pas à la loi de Hardy- Weinberg

7/ Si la population des moustiques n'est pas en équilibre, quelles pourraient être les causes ?

- Mutations,
- migrations au sein de la population
- mariages non aléatoires: présence d'une sélection naturelle
- taille de la population réduite

Exemple 2 : un gène autosomal à deux allèles à dominance absolue

Document 3 : Dans un champ expérimental, on a recensé **400** plantes, dont la couleur des fleurs est représentée par le rouge et le blanc, les résultats de cette étude sont représentés dans le tableau ci-dessous. Le gène qui dirige la couleur de ces fleurs est porté par un autosome avec une dominance de l'allèle responsable de la couleur rouge R sur l'allèle responsable de la couleur blanche b.



Phénotypes	[R]		[b]
Génotypes	RR	Rb	bb
Effectif réel des phénotypes	335		65
Effectif réel des génotypes	Non envisagé	Non envisagé	65

1/ **Calculer** la fréquence observée du génotype bb.

$$f[b] = f(bb) = R = 65/400 = 0,16$$

2/ Si on considère cette population en équilibre, **Calculer** la fréquence des allèles R et b :

● **On pose** $f(R) = p$ **et** $f(b) = q$

● Puisqu'on admet que la population est en équilibre, on peut calculer la fréquence des allèles à partir de la fréquence des génotypes

$$f(RR) = p^2 \quad f(Rb) = 2pq \quad f(bb) = q^2$$

On commence par la fréquence de l'allèle q :

$$q^2 = f(bb) = 0,16 \quad \Rightarrow \quad q = \sqrt{0,16} = 0,4 \quad \text{on retient la valeur positive seule}$$

$$f(R) = p = ? \quad \text{on sait que } p+q = 1 \quad p = 1 - q = 1 - 0,4 = 0,6$$

$$\text{donc } f(R) = p = 0,6$$

3/ **Calculez** la fréquence théorique des génotypes RR et Rb dans cette population.

$$f(RR) = p^2 = (0,6)^2 = 0,36 \quad f(Rb) = 2pq = 2 \times 0,6 \times 0,4 = 0,48$$

4/ **Calculez** l'effectif théorique des génotypes RR et Rb dans cette population :

$$\text{Nombre des fleurs } RR = P^2 \times N = 0,36 \times 400 = 144$$

$$\text{Nombre des fleurs } Rb = 2pq \times N = 0,48 \times 400 = 192$$

Récapitulation : Quelles sont les étapes à suivre pour vérifier si une population est en équilibre :

les étapes à suivre pour vérifier si une population est en équilibre

1) Calculer les fréquences génotypiques réelles et les fréquences alléliques (p et q).

2) Appliquer la loi de Hardy-Weinberg et calculer les fréquences et les effectifs théoriques des différents génotypes

3) Comparer les valeurs observées et les valeurs théoriques, puis conclure:

→ Si les valeurs sont proches : la population est en équilibre génétique

→ Si les valeurs sont différentes : la population évolue

II/ Application de la loi de Hardy-weinberg dans le cas d'un gène gonosomal :

Rappel : Si le gène étudié est gonosomal porté par le chromosome X:

✱ Chez les femelles, on adopte toujours le développement du binôme $(p+q)^2$:

$$(p+q)^2 = p^2 + 2pq + q^2$$
$$f(X_A X_A) + f(X_A X_a) + f(X_a X_a)$$

✱ Chez les mâles: la fréquence des génotypes est égale à la fréquence des allèles :

$$f(X_A Y) + f(X_A) = p \quad ; \quad f(X_a Y) + f(X_a) = q$$

Exemple 1

Document 4 : L'hémophilie est une anomalie de la coagulation sanguine en rapport avec un déficit d'un des facteurs de la coagulation. L'allèle responsable de la maladie est récessif porté par le gonosome X. la maladie atteint **1%** du sexe masculin.

1/ Calculer la fréquence q de l'allèle de l'hémophilie (h) et la fréquence p de l'allèle normal (N).

On pose $f(h) = q$ et $f(N) = p$

Selon les données : $f(XhY) = 1\% = 0,01$

Dans le cas d'un gène porté par X, la fréquence des allèles = fréquence des génotypes correspondants chez les mâles : $f(XhY) = f(Xh) = 0,01$

Et puisque $p + q = 1$, alors $p = 1 - q = 1 - 0,01 = 0,99$

$$q = f(h) = 0,01 \quad \text{et} \quad p = f(N) = 0,99$$

2/ Calculer la fréquence attendue des femmes malades et des femmes conductrices

✱ Fréquence attendue (théorique) des femmes malades

Le génotype des femmes malades: $XhXh$

D'autre part, pour calculer la fréquence des génotypes chez les femmes, on développe le binôme $(p + q)^2$ dont q^2 représente $f(XhXh)$

$$f(XhXh) = q^2 = (0,01)^2 = 0,0001 = 0,01\%$$

NB : Chez les hommes la maladie est beaucoup plus abondante (1%) que chez les femmes (0,01%)

✱ Fréquence attendue des femmes conductrices (hétérozygotes) :

$$f(XNXh) = 2pq = 2 \times 0,99 \times 0,01 = 0,02$$

Exemple 2

Document 5 : Dans une population humaine, une maladie récessive liée au chromosome X est déterminée par l'allèle m. La fréquence de l'allèle morbide dans cette population est de **2%**,
- XN : allèle normal - Xm : allèle morbide

La population est supposée en équilibre de Hardy-Weinberg.

1/ Calculer la fréquence de l'allèle normal (p) dans la population :

$$f(Xm) = q = 2\% = 0,02$$

On sait que: $p + q = 1$ $p = 1 - q = 1 - 0,02 = 0,98$

2/ Déterminer chez les femmes les fréquences génotypiques attendues :

- Femmes saines homozygotes : $f(XNXN) = p^2 = (0,98)^2 = 0,96 = 96\%$
- Femmes porteuses saines : $f(XNXm) = 2pq = 2 \times 0,98 \times 0,02 = 0,04 = 4\%$
- Femmes malades : $f(XmXm) = q^2 = (0,02)^2 = 0,0004 = 0,04\%$

Activité 4 : Facteurs de variabilité de la population : La mutation.

La loi de Hardy Weinberg décrit une population qui n'évolue pas. Or dans la population réelle, l'action des mutations, de la sélection naturelle, de la dérive génique et de la migration provoquent le changement de la fréquence des allèles et par conséquent l'évolution de la population.

- Quelles conséquences peuvent avoir les mutations sur le pool génique au fil des générations.

I/ Les types de mutation :

La mutation est un changement brusque au sein d'un ou de plusieurs gènes, ce qui affecte la fonction du gène et peut induire la modification du caractère correspondant. Ces modifications sont soit spontanées soit sous l'influence de facteurs dit facteurs mutagènes. On distingue les mutations ponctuelles et les mutations chromosomiques.

1/ Les mutations ponctuelles

Document 1 : Exemple de mutations ponctuelles du gène de la β globuline.

La β -globuline est un polypeptide qui entre dans la composition de l'hémoglobine. Chez l'Homme la synthèse du β -globuline est gouvernée par un gène polyallélique : un allèle sauvage nommé HbA et plusieurs allèles mutés responsables de certaines anémies, tel l'anémie falciforme et la thalassémie.

La figure ci-dessous représente des séquences de nucléotides des différents allèles (brins non transcrit) du gène β globuline, ainsi que les protéines qui résultent de l'expression de ces allèles

	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
Allèle sauvage HbA	CAC	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT	GCC	CTG	TGG	GGC	AAG	GTG
Protéine HbA	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	Trp	Gly	Lys	Val
Allèle muté HbS	CAC	CTG	ACT	CCT	GTG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT	GCC	CTG	TGG	GGC	AAG	GTG
Protéine HbS	His	Leu	Thr	Pro	Val	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	Trp	Gly	Lys	Val
Allèle muté Tha2	CAT	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	TCT	GCC	GTT	ACT	GCC	CTG	TAG	GGC	AAG	GTG
Protéine Tha2	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Ser	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	↑ potS	قف		
Allèle muté Tha3	CAC	CTG	ACT	CCT	GGG	AGA	AGT	CTG	CCG	TTA	CTG	CCC	TGT	GGG	GCA	AGG	TGA
Protéine Tha3	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Arg	Ser	Leu	Pro	Leu	Leu	Pro	Cys	Gly	Ala	Arg	
Allèle muté Tha4	CAC	CTG	ACT	CCT	GAG	GAG	AAG	CTC	TGC	CGT	TAC	TGC	CCT	GTG	GGG	CAA	GGT
Protéine Tha5	His	Leu	Thr	Pro	Glu	Glu	Lys	Leu	Cys	Arg	Tyr	Cys	Pro	Val	Gly	Gln	Gly

Piste d'exploitation :

1/ **Coloriez** en rose les nucléotides et en vert les acides aminés touchés par le changement. **Identifier** les différents types de mutations et **compléter** le tableau en dessous :

2/ En utilisant les données de cet exemple, **définir** le terme mutation ponctuelle.

Réponses :

1/ voir le document 1 et le tableau suivant.

L'allèle	Nucléotides touchés par la mutation	Acides aminés touchés par la mutation et incidences sur le phénotype	Type de la mutation
HBS	substitution du nucléotide A par T dans la position 6.	Substitution de la glutamine par la valine ⇒ anémie falciforme	Substitution faux sens
Tha 2	1) substitution du nucléotide C par T dans la position 2. 2) substitution du nucléotide G par A dans la position 15.	1) aucun changement ⇒ effet nul 2) Arrêt de la lecture suite à l'apparition d'un codon non-sens ⇒ thalassémie de type 2	1) substitution silencieuse 2) Substitution non-sens
Tha 3	Suppression du nucléotide A dans la position 6	Changement de tous les acides aminés à partir du lieu de la mutation ⇒ thalassémie de type 3	Mutation par délétion
Tha 4	Ajout du nucléotide C dans la position 9	Changement de tous les acides aminés à partir du lieu de la mutation ⇒ thalassémie de type 4	Mutation par addition

2/ Définition d'une mutation ponctuelle :

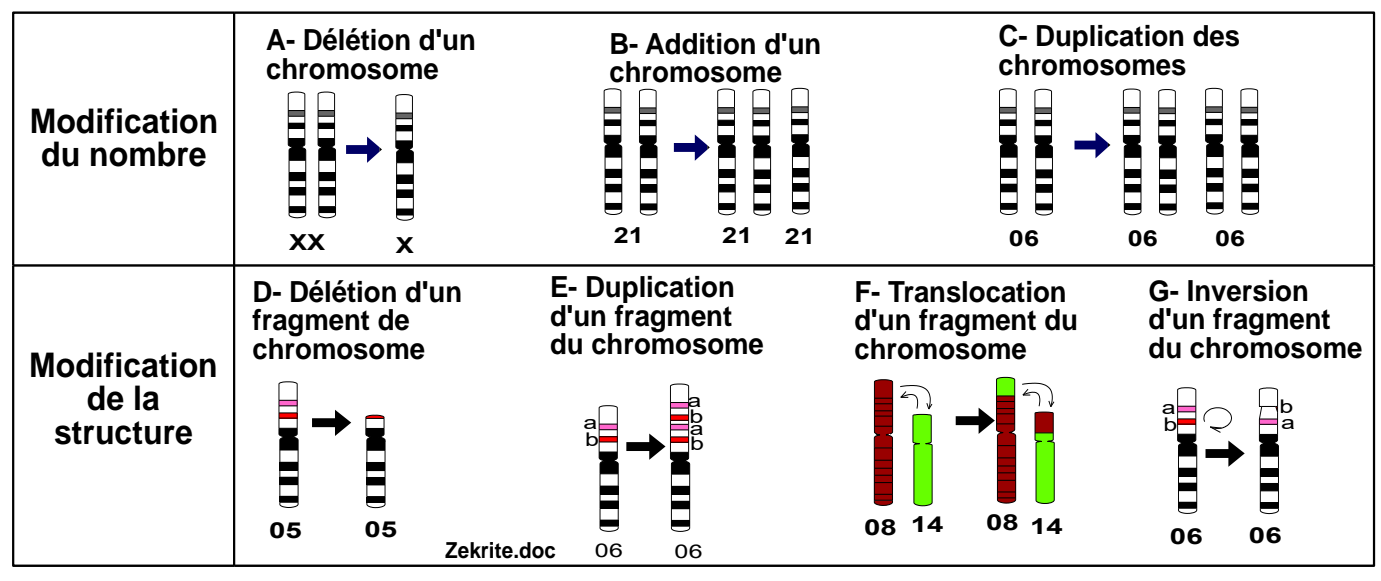
Une mutation ponctuelle ou génique est une modification de la structure d'un gène, affectant un à plusieurs nucléotides (entre 01 et 10), ainsi elle peut causer le changement d'un caractère héréditaire. On distingue :

- Les mutations ponctuelles par substitution : remplacement d'un nucléotide par un autre, entraînant une mutation non-sens, faux sens, comme elle peut être silencieuse.
- Les mutations ponctuelles par délétion : suppression d'un nucléotide dans la séquence d'un gène.
- Les mutations ponctuelles par addition : ajout d'un nucléotide dans la séquence d'un gène.

2/ Les mutations chromosomiques

Document 2 : Quelques types de mutations chromosomiques

Le schéma suivant représente quelques types de mutations dites chromosomiques



1/ En utilisant les nominations des différentes mutations chromosomiques suivantes (Duplication, translocation, inversion, Délétion), **correspondre** le nom de chaque type de mutation avec sa définition convenable et avec la représentation correspondante du document 2:

a----- : Perte d'un fragment de chromosome ou d'un chromosome complet.

b----- : Echange de morceaux entre deux chromosomes non homologues.

b----- : Présence en double d'un fragment de chromosome ou d'un chromosome complet.

c----- : Cassure sur le même chromosome et recollement après inversion du fragment.

2/ En se basant sur le schéma et les définitions précédente, **définir** le terme mutation chromosomique.

Réponses :

1/ Voir le schéma et le texte.

2/ Définition d'une mutation chromosomique :

Les mutations chromosomiques sont des remaniements qui affectent le nombre ou la structure des chromosomes. Elles se manifestent soit par addition, délétion ou translocation d'un fragment de chromosome ou d'un chromosome entier, soit par duplication ou inversion d'un fragment de chromosome ou même par duplication du nombre de chromosomes.

Remarque : les mutations peuvent toucher aussi bien les cellules germinales que les cellules somatiques. Les mutations somatiques ne sont pas transmissibles par la reproduction sexuée aux générations suivantes.

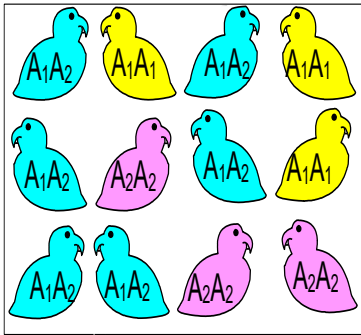
II/ Conséquences des mutations sur la structure génique des populations :

Document 3 : Modèle explicatif de l'effet des mutations sur le pool génique d'une population

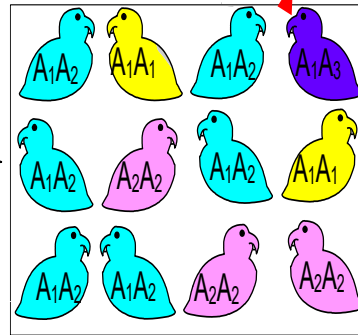
Apparition de l'allèle A3 suite à une mutation

$$f(A_1) = p = 0,5$$
$$f(A_2) = q = 0,5$$

$$f(A_1A_1) = 3/12$$
$$f(A_1A_2) = 6/12$$
$$f(A_2A_2) = 3/12$$



Mutation touchant un seul individu



$$f(A_1) = p = 0,45$$
$$f(A_2) = q = 0,5$$
$$f(A_3) = r = 0,05$$

$$f(A_1A_1) = 2/12$$
$$f(A_1A_2) = 6/12$$
$$f(A_2A_2) = 3/12$$
$$f(A_1A_3) = 1/12$$

➤ **Relever** à partir du document 3 l'effet des mutations sur la structure génétique des populations.

Réponses

Les mutations sont des changements dans les gènes qui créent de nouveaux allèles à partir de ceux qui existent déjà. Elles provoquent le changement des fréquences allélique, génotypique et celles des phénotypes. Ainsi, elles sont à l'origine de la diversité et de l'évolution des populations مصدر التنوع والتطور الوراثي للسكان

Bilan

- Les mutations peuvent toucher soit les gènes (mutations ponctuelles comme la substitution, l'addition ou la délétion), soit les chromosomes (modifications de fragments ou du nombre de chromosomes).
- Elles créent de nouveaux allèles et augmentent la diversité au sein des populations.

Activité 5 : Facteurs de variabilité de la population: La sélection naturelle.

La polyallélie est le résultat des mutations. Les allèles diffusent dans la population à travers la reproduction sexuée.

- Comment les facteurs du milieu agissent-ils sur les fréquences alléliques à travers les générations ?

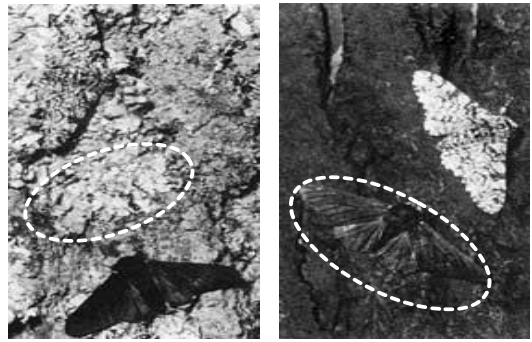
I/ Etude d'un exemple de sélection naturelle

Document 1 : Phalène sur des troncs d'arbres clairs et sombres

La phalène du bouleau ou *Biston betularia* est un papillon nocturne ليلى qui passe la journée sur les troncs d'arbres.

En Angleterre, et jusqu'à 1848, on a enregistré l'absence des papillons de couleur noire et la dominance des papillons de couleur claire. Au milieu du 20^{ème} siècle on a enregistré une augmentation du pourcentage des individus de couleur noire dans les zones industrielles, en effet cette variété a dépassé 90% de la population. En revanche, dans les zones rurales la variété claire demeure dominante. Il faut noter que, la pollution qui a accompagné le développement industriel dans certaines régions, a détruit les lichens qui vivaient sur les troncs d'arbres entraînant leur noircissement.

Les formes sombres et claires de la phalène du bouleau:
a/ sur un tronc clair b/ sur un tronc sombre



1/ Proposer une hypothèse pouvant expliquer

la répartition géographique des deux types de phalène sur les troncs d'arbres.

Pour expliquer la répartition des phalènes, on a réalisé en 1955 l'expérience suivante : on a piégé اصطيدافخاخ des papillons d'une population naturelle. Les papillons sombres et claires sont marqués puis relâchés en nombre égal et suffisant dans la nature tout en les plaçant sur des troncs d'arbres claires et des troncs d'arbres sombres. Quelques jours plus tard, on suit leur prédation éventuelle par les oiseaux et on a recapturé et dénombré les papillons restants et calculé le pourcentage des variétés claires et sombres consommés. Les résultats obtenus sont consignés dans le tableau suivant :

Variété	Région rurale		Région industrielle	
	claire	sombre	claire	sombre
% de papillons consommés par les oiseaux	14%	86%	74%	26%

2/ Expliquer les résultats de ce recensement et déduire le facteur responsable de cette répartition.

Réponses :

1/ Hypothèse : Dans les milieux pollués à arbres sombres dominent les phénotypes sombres alors que dans les milieux non pollués à arbres claires dominent les formes claires, il se peut que cette différence d'abondance est dû au fait que les formes sombres ont une forte chance de survivre sur les arbres sombres et que l'environnement clair offre des chances élevées à la survie des phénotypes clairs, ceci peut être en relation avec le degré de consommation par des prédateurs.

2/ Explication des résultats du recensement :

Dans les régions polluées :

- les papillons clairs sont facilement repérables par les oiseaux prédateurs et donc plus exposés à la prédation ce qui provoque la diminution de leur effectif.
- Les variétés sombres sont moins visibles et échappent aux prédateurs, ainsi leur effectif reste plus élevé.
- Inversement dans l'environnement rural non pollué.

Les papillons ont donc subi une **sélection naturelle** exercée par les oiseaux prédateurs qui arrivent de les distinguer grâce à leur phénotype et selon l'environnement (couleur des troncs d'arbres). On dit que les papillons sombres subissent **une sélection positive** dans la région polluée et **une sélection négative** dans la zone non polluée.

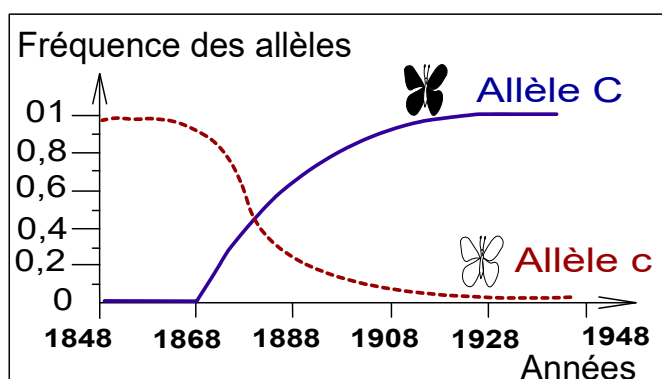
La sélection naturelle : Tri effectué par les conditions de l'environnement en faveur des formes les plus aptes à survivre et à se reproduire. Les formes qui ne s'adaptent pas sont éliminées.

II/ Effet de la sélection naturelle sur le pool génétique

Document 2 : Effet de la sélection naturelle sur la fréquence des allèles :

La couleur de la phalène du bouleau est due à un gène autosomique se présentant sous forme de deux allèles : un allèle sauvage dominant (C) responsable de la variété sombre et un allèle mutant récessif (c) responsable de la forme claire. Le graphique suivant traduit la fréquence des deux allèles au fil des générations dans une zone industrielle.

↳ **Décrire le graphique et déduire l'effet de la sélection naturelle sur la fréquence des allèles C et c dans la population.**



Réponses :

● Description du graphique :

Avant 1868, la fréquence de l'allèle (c) était maximale et égale à 1, alors que celle de l'allèle (C) était nulle. A partir de 1868, la fréquence de l'allèle (c) diminue

progressivement jusqu'à atteindre une valeur proche de 0 en 1948, alors que la fréquence de l'allèle (C) augmente progressivement jusqu'à atteindre sa valeur maximale $p=1$.

● **Déduction :**

La sélection naturelle conduit à une augmentation de la fréquence des allèles qui donnent aux individus qui les portent une sélection positive, tandis que les allèles qui donnent à leurs porteurs une sélection négative diminuent et s'éteignent **تندثر** de la population. La sélection naturelle provoque donc une diminution de la variabilité génétique populations.

III/ Les types de sélection naturelle

Document 3 : Les types de sélection naturelle

Population d'origine	Sélection directionnelle	Sélection stabilisante	Sélection divergente
La courbe en pointillée représente la population d'origine avant la sélection	Elimination des phénotypes qui se trouvent à l'une des extrémités	Elimination des phénotypes qui se trouvent aux deux extrémités	Elimination des phénotypes qui se trouvent au centre

👉 **Identifier** les types de sélection naturelle et les caractéristiques de chaque type.

Bilan

- La sélection naturelle agit sur les populations, pas sur les individus.
- Elle favorise les individus ayant des caractéristiques (phénotypes) mieux adaptées à leur environnement (nourriture disponible, prédateurs, compétiteurs, climat, pollutions, relief, etc.), leur donnant plus de chances de survivre et se reproduire. Ces individus transmettent davantage leurs allèles, ce qui modifie progressivement la structure génétique de la population favorisant le maintien du phénotype le mieux adapté à l'environnement.
- Elle entraîne la diminution du polymorphisme (variabilité).
- On distingue trois types de sélection naturelle : directionnelle, stabilisante et divergente.

Activité 6 : Facteurs de variabilité de la population : La migration ou flux génique

Les populations d'une espèce donnée ne sont pas totalement isolées les unes des autres, en effet il y'a des migrations d'une population vers une autre.

- Comment évolue la structure génétique des populations sous l'effet de la migration.

I/ Modèle de la migration unidirectionnelle.

Document 1 : Influence de la migration unidirectionnelle sur la structure génétique de la population noire aux états unis.

Aux États-Unis, pour des raisons sociales, les personnes issues de couples noir-blanc sont considérées comme noires, ce qui entraîne un transfert d'allèles uniquement de la population blanche vers la population noire (migration unidirectionnelle).

Pour étudier les effets de cette migration sur la structure génétique de la population noire des Etats-Unis, Glass et Li ont étudié l'évolution de la fréquence de l'allèle R0 (système Rhésus) chez cette population. Le schéma suivant présente le résultat de cette étude.

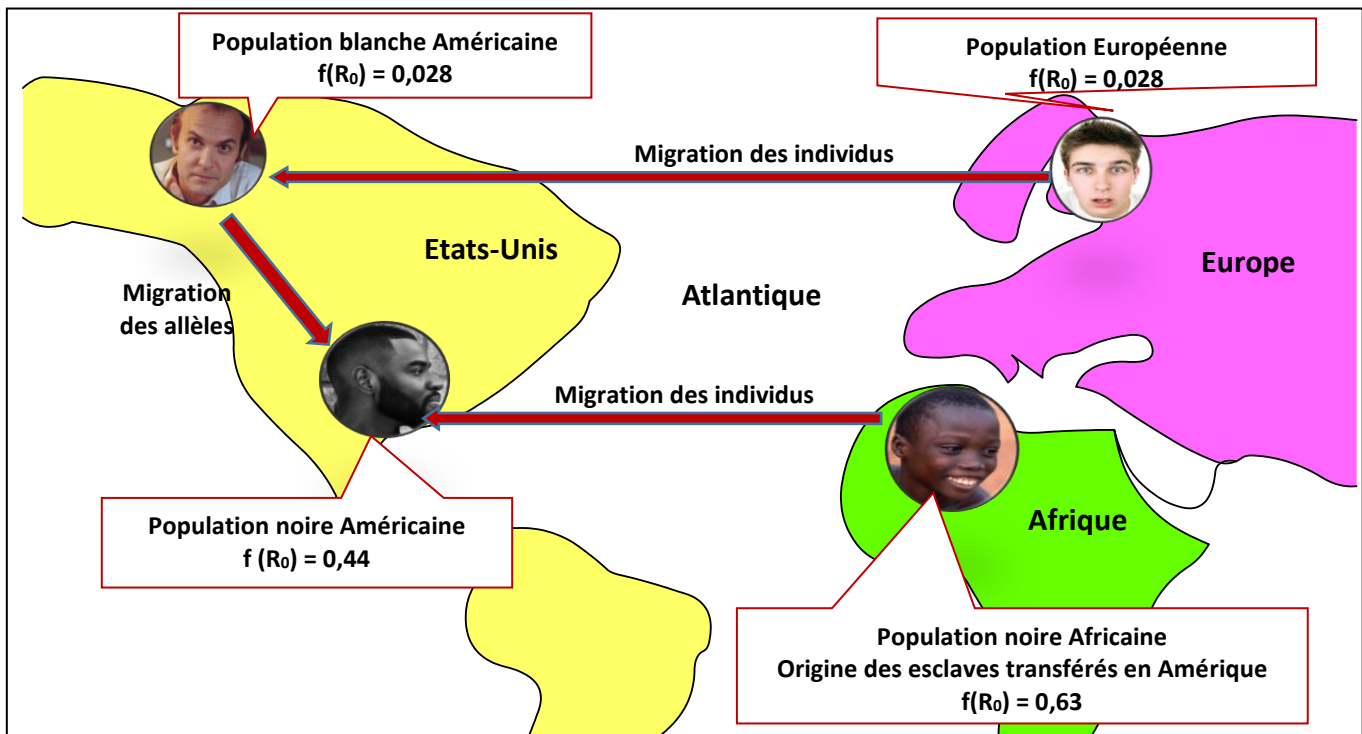
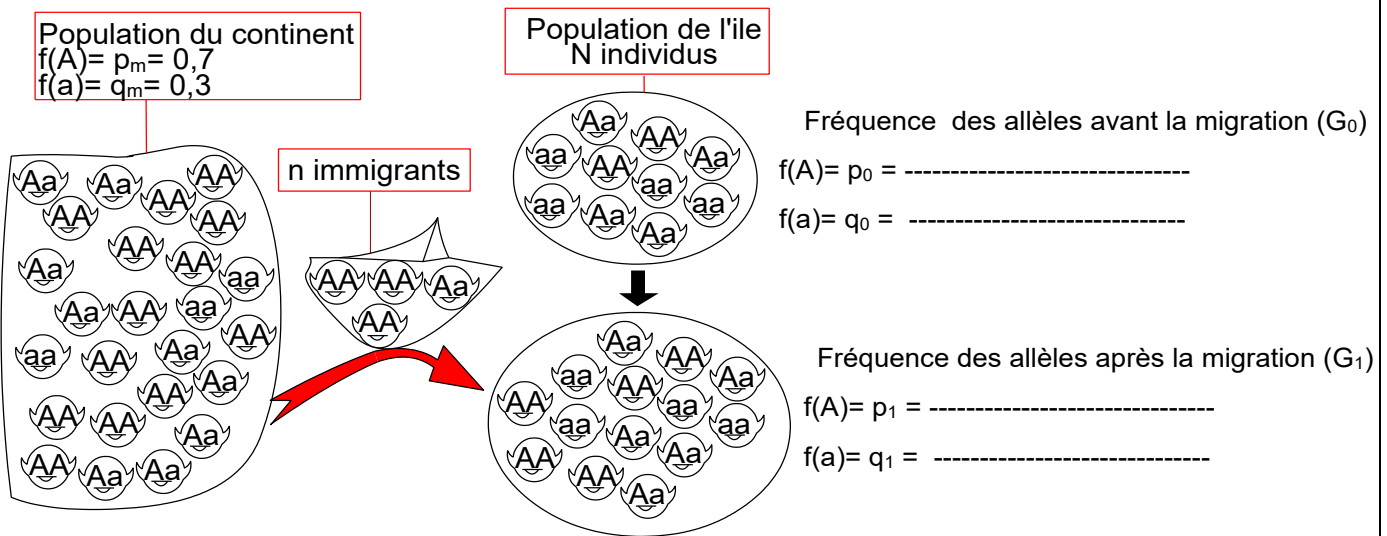


Figure (b) : Influence de la migration sur la structure génétique de la population noire des États-Unis

Document 2 : La migration selon le modèle unidirectionnel continent-île

Pour expliquer l'évolution de la structure génétique de la communauté noire des Etats-Unis, on propose le modèle de migration unidirectionnelle entre une population 1 de grande taille (le continent) vers une population 2 de petite taille (l'île), la figure suivante représente ce modèle.



Remarque : Vue sa grande taille, on considère que la population du continent obéit à la loi de Hardy-Weinberg, ainsi la fréquence de ses allèles ne change pas même après la migration.

- 1/ En utilisant les données de la figure (b) du doc 1, **décrire** l'évolution de la structure génétique de la population des États-Unis, **que peut-on déduire** quant à la structure génétique de la population américaine.
- 2/ En utilisant les données du document 2, **calculer** et **comparer** la fréquence des allèles dans la population de l'île avant et après la migration, **que peut-on conclure** en ce qui concerne la structure génétique de la population de l'île ?
- 3/ A partir du modèle unidirectionnel de la migration du document 2, **expliquer** l'évolution de la structure génétique de la population noire Américaine (doc 1).
- 4/ **Montrer** que la migration s'accompagne d'un flux génétique.

Réponses :

1/ **Description de l'évolution de la structure génétique de la population des États-Unis et conclusion :**

- * La population noire des États-Unis est d'origine Africaine (esclaves qui ont été déplacés de l'Afrique vers l'Amérique), tandis que sa population blanche est d'origine Européenne.
- * La fréquence de l'allèle R_0 dans la population noire Américaine est faible en comparaison à celle de leurs origines (population noire Africaine).
- * La fréquence de l'allèle R_0 est faible dans la population blanche Américaine et elle est la même que celle de leurs origines (population Européenne), elle présente une valeur très faible.
- * Donc la structure génétique de la population noire américaine a changé, alors que la structure génétique de sa population blanche a resté constante.

2/ ● Calcul de la fréquence des allèles dans la population de l'île :

On pose : $D = f(AA)$ $H = f(Aa)$ $R = f(aa)$

Avant la migration	Après la migration

● **Comparaison** : après la migration, la fréquence de l'allèle (A) augmente chez la population de l'île alors que celle de l'allèle (a) diminue, si la migration se poursuit de la même manière, la structure génétique de l'île deviendra semblable à celle du continent.

● **Conclusion** : La migration unidirectionnelle entraîne la modification de la structure génétique de la population réceptrice (île) tout en conservant la structure génétique de la population mère (continent).

3/ Explication de l'évolution de la structure génétique de la population noire américaine :

On explique le changement de la structure génétique de la population noire d'Amérique par un flux unidirectionnel des allèles des blancs vers les noirs sans migration opposée. Sur cette base, la structure génétique de la population noire d'accueil (comparable à l'île) change sans changement de la structure génétique de la population blanche (comparable au continent).

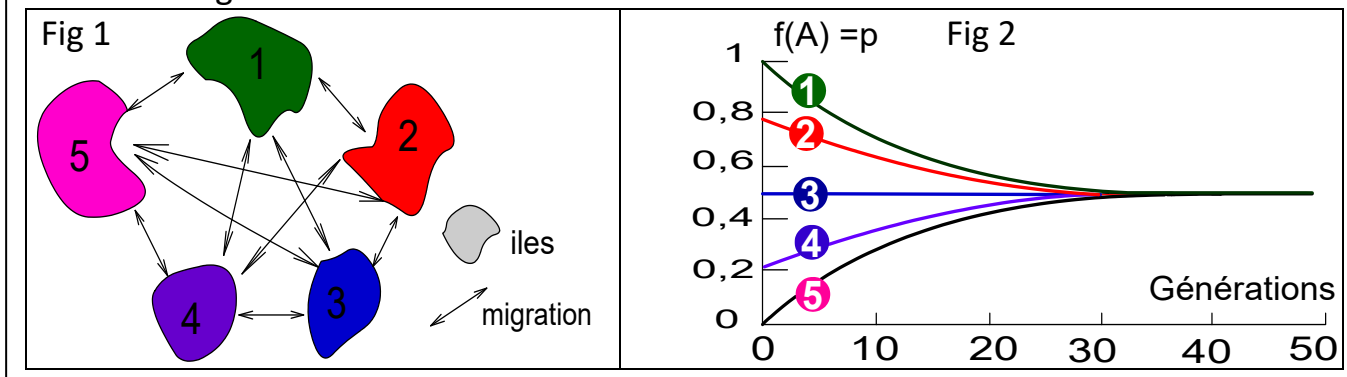
4/ La migration s'accompagne d'un flux génétique ?

La migration ne se limite pas aux déplacements des êtres vivants d'une localité géographique à une autre, mais concerne surtout le flux génétique entre les individus soumis à cette migration.

I/ Modèle de la migration multidirectionnelle.

Document 1 : Migration multidirectionnelle entre les îles d'un archipel أرخبيل

Selon ce modèle on considère que les mouvements des individus sont possibles dans tous les sens (figure 1). La figure 2 représente l'évolution de la fréquence d'un allèle (A) chez 5 populations soumises à l'effet de la migration multidirectionnelle en fonction des générations.



Question : **Décrire** l'évolution de la fréquence de l'allèle (A) dans ces cinq populations en fonction des générations et **en déduire** l'effet de la migration multidirectionnelle sur le contenu génétique des populations qui lui sont soumises.

Réponse :

Description :

- Au début, on constate une différence de la fréquence de l'allèle A entre les cinq populations, par exemple, la fréquence de l'allèle A était : $f(A) = 1$ dans la population 1, et $f(A) = 0,5$ dans la population 3, et $f(A) = 0$ dans la population 5.
- Au fil des générations, les différences des fréquences alléliques ont diminué progressivement et les populations convergent vers une fréquence allélique commune qui correspond à la moyenne des fréquences alléliques dans ces populations.

Conclusion :

Donc le flux génétique multidirectionnel provoque un brassage génétique entraînant l'enrichissement des populations en allèles (polymorphisme) et leur homogénéité génétique : diminution de la diversité génétique entre les populations soumises à ce type de migration.

Bilan

- * La migration d'individus entre les populations crée un échange d'allèles entre elles, ce qui entraîne une modification des fréquences alléliques et par conséquent le pool génique des populations se trouve enrichi ou appauvri.
- * Le modèle de la migration unidirectionnelle conduit à la modification de la structure génique de la population d'accueil qui évolue vers la structure génétique de la population mère, alors que cette dernière reste en équilibre, protégée par son grand effectif.
- * Le modèle de la migration multidirectionnelle : les différences alléliques entre les populations en échange diminuent et tendent vers une structure génétique commune, le polymorphisme génique augmente et la variabilité génétique entre les populations disparaît.

Activité 7 : Facteurs de variabilité de la population : La dérive génétique

En plus de l'action des mutations, de la sélection naturelle et des migrations, les fréquences alléliques et génotypiques peuvent varier sous l'effet de la dérive génétique.

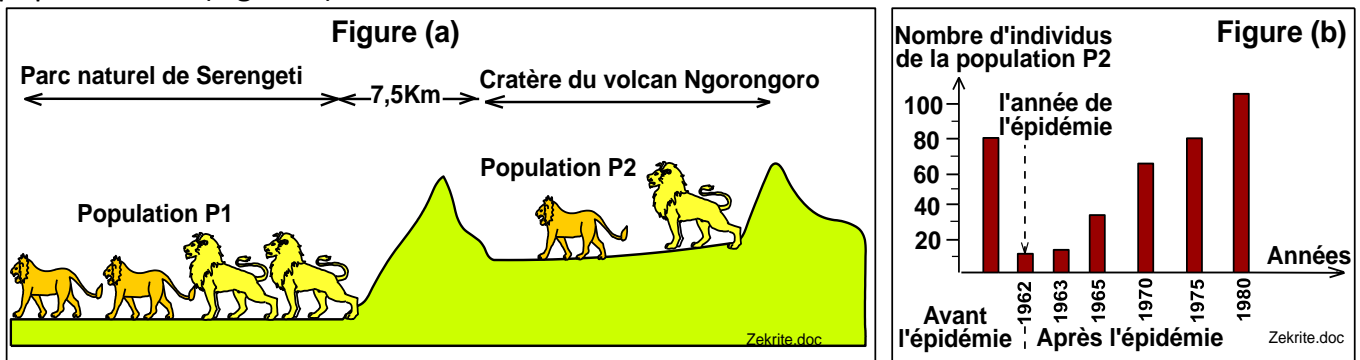
↳ **Que signifie-t-on par la dérive génétique et quelles sont ses conséquences sur la structure génétique des populations ?**

I/ Etude d'un exemple de la dérive génétique

Document 1 : Etude d'un exemple de dérive génétique

Pour mettre en évidence quelques facteurs de la variation génétique à l'origine de la structure génétique de la population des lions du cratère de Ngorongoro فوهة بركان, en Tanzanie, on propose les données suivantes:

* **Données 1 :** Actuellement en Tanzanie, on distingue deux populations de lions: La population P1, du parc Serengeti, constituée de 2000 individus et la population P2, du cratère de Ngorongoro, constituée d'un nombre restreint d'individus. La population P2 est issue de la population P1 (Figure a).



* **Données 2 :** En 1962 la population P2 a subi d'énormes pertes causées par une épidémie due à une mouche piqueuse. Seulement 11 lions ont survécu (7 mâles et 4 femelles). Ces lions survivants se sont reproduits exclusivement entre eux. La population a retrouvé son effectif initial (80 individus). L'histogramme (figure b) représente l'évolution du nombre de lions du cratère après l'épidémie de 1962. La plupart des lions actuels descendent de cette évolution.

* **Données 3 :** À partir de 1990, des chercheurs ont étudié les fréquences de deux allèles d'un gène A chez les deux populations (P1 et P2) de lions : ce gène est présenté par deux allèles neutres A1 et A2. Les résultats de cette étude sont résumés dans le tableau de la figure (c).

Figure (c)	Fréquence de l'allèle A1	Fréquence de l'allèle A2
Population P1 d'origine : lions de Serengeti Effectif supérieur à 2000 individus	$f(A1) = 0,20$	$f(A2) = 0,80$
Population actuelle (P2): lions du cratère de Ngorongoro : Effectif ne dépassant pas 100 individus	$f(A1) = 0,85$	$f(A2) = 0,15$

Un allèle neutre est un allèle qui ne donne au phénotype codé ni avantage, ni désavantage

1/ En exploitant les données 1 et 2 du document 1 et l'histogramme de la figure (b), **décrivez et expliquez** l'évolution, dans le temps, du nombre global d'individus de la population P2.

2/ En exploitant les données de la figure (c) du document 1, **comparez** les fréquences des allèles A1 et A2 dans les deux populations de lions, **que peut –on conclure** en ce qui concerne l'évolution du pool génétique de la population P2 actuelle du cratère qui est issue de la population P1?

3/En se basant sur vos connaissances, **peut-on expliquer** l'origine des différences observées dans les fréquences des allèles A1 et A2 des allèles entre la population P1 et P2 par l'action de la sélection naturelle ? **justifier** votre réponse.

Réponses

1/ description et explication de l'évolution, dans le temps, du nombre global d'individus de la population P2.

- Avant l'épidémie de 1962, le nombre global de lions dans le cratère de Ngorongoro, malgré restreint par rapport à la population P1, il était relativement élevé, il est de l'ordre de 80 individus.
- Suit à l'épidémie de 1962, l'effectif global des lions dans le cratère de Ngorongoro a subi une diminution très remarquable, ce nombre passe de 80 lions avant 1962 à 11 lions seulement en 1962. Cette diminution est due à la mort des lions sous l'effet de la maladie causée par une mouche piqueuse en 1962.
- Après l'épidémie de 1962, le nombre total de lions dans le cratère augmente progressivement de 11 lions en 1962 jusqu'à 106 individus en 1980. On explique cette augmentation du nombre comme suit : Les 11 lions qui ont survécu, après l'épidémie, se sont reproduits entre eux (d'une manière aléatoire) permettant à la population de retrouver son effectif initial de 80 lions en 1975, et même dépasser ce nombre en 1980.

2/ Comparaison des fréquences des allèles A1 et A2 dans les deux populations de lions et conclusion.

- La fréquence de l'allèle A1 a nettement augmenté pour les lions de Ngorongoro : elle a passé de 0.20 à 0.85 soit une augmentation de 4,25 fois.
- La fréquence de l'allèle A2 a nettement diminué pour les lions de Ngorongoro : elle a passé de 0.80 à 0.15 soit une diminution de 5,33 fois.
- Conclusion : la différence observée dans la fréquence des allèles montre, chez la population P2, une augmentation de la fréquence de l'allèle A1 qui tend vers une valeur $f(A1) = 1$ et donc sa fixation et une diminution de l'allèle A2 qui tend vers l'élimination $f(A2) = 0$, donc la population actuelle des lions du cratère de Ngorongoro a connu un changement dans sa structure génétique en comparaison avec ses ancêtres (la population P1).

3/ Peut-on expliquer l'origine des différences observées dans les fréquences des allèles A1 et A2 entre la population P1 et P2 par l'action de la sélection naturelle ?

La sélection naturelle a lieu lorsque l'environnement donne pour des individus portants un phénotype donné plus de chance de survie et de succès reproductif par

rapport à un autre phénotype. Dans le cas des lions du cratère, les allèles A1 et A2 sont neutres et ne donne aucune distinction امتياز, donc la variation dans la structure génétique constaté chez la population P2 actuelle du cratère n'est pas due à une sélection naturelle.

II/ Causes et explication de la dérive génétique

Document 2 : les causes de la dérive génétique

Le changement de la structure génétique de la population actuelle des lions du cratère de Ngorongoro, a été expliqué par un facteur de variation des populations appelé : **la dérive génétique** et qui se manifeste lorsque la population comporte un effectif faible d'individus. Deux causes importants provoquent la dérive génétique :

- **L'effet du goulot** (ou goulet) d'étranglement فعل تضيق عنق الزجاجة (figure a)
- **L'effet fondateur** الفعل المؤسس (figure b).

Fig (a): Goulot d'étranglement:

Une population peut traverser occasionnellement des périodes (catastrophe naturelle, maladie, chasse...) durant lesquelles seul un petit nombre d'individus survie. Il se produit un goulot d'étranglement qui est à l'origine d'une nouvelle diversité génétique.

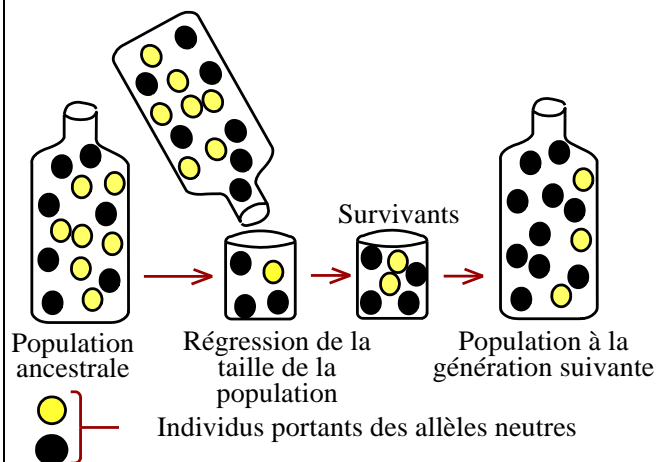
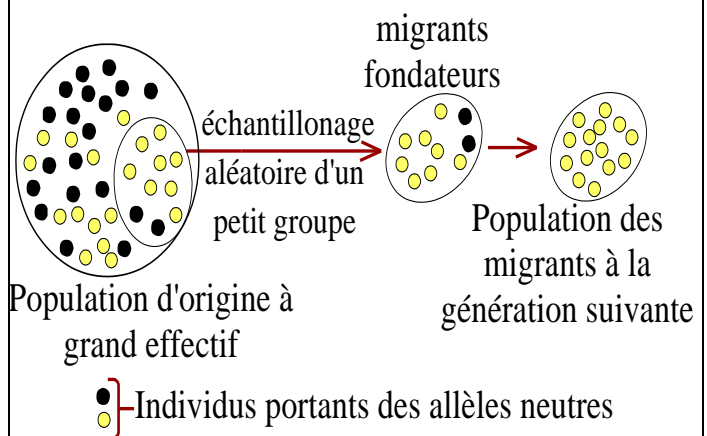


Fig (b): Effet fondateur

Un groupe restreint de migrants d'une population d'origine peut avoir une composition génétique très différente de celle de la composition d'origine malgré son tirage aléatoire. Il en résulte un groupe fondateur qui est à l'origine d'une nouvelle divers



1/ En utilisant les données du document 2, **expliquer** l'origine de la dérive génétique subie par la population des lions du cratère de Ngorongoro décrite dans le document 1.

Réponse :

1/ Explication de l'origine de la dérive génétique qui a causé la modification dans la fréquence des allèles A1 et A2 chez la population des lions du cratère de Ngorongoro

- La population des lions du cratère de Ngorongoro a été soumise à un goulot d'étranglement qui a causé sa dérive génétique.

- En effet, en 1962, la population des lions de Ngorongoro a connu une épidémie qui a causé une régression énorme du nombre de ses individus, seul un petit nombre

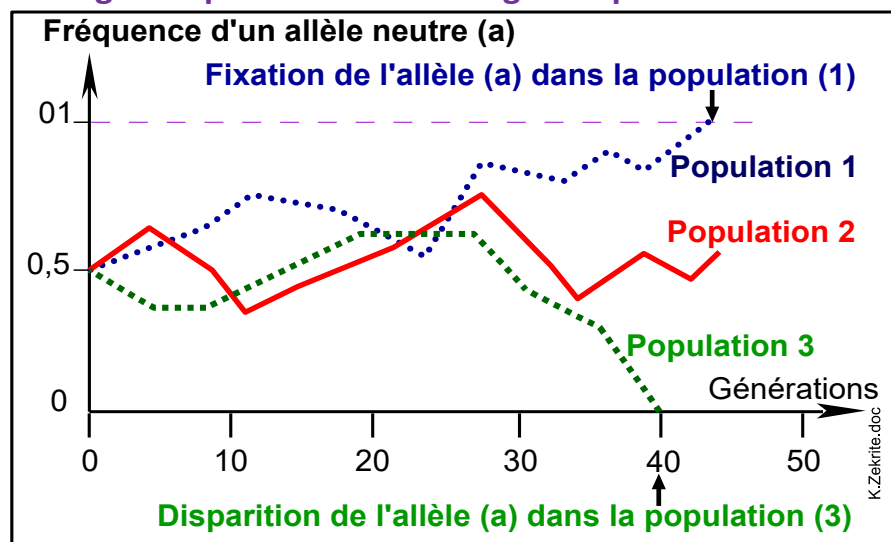
des lions arrive à survivre. La communauté de ces survivants ne possède pas tous les allèles de la population mère (dans ce cas l'allèle A2 avait une fréquence faible et la majorité des individus qui ont survie possédaient l'allèle A1). La survie de ces individus après l'épidémie n'est pas due à un avantage offert par le milieu (les allèles concernés sont neutres), mais c'est juste dû au hasard, c'est ce qu'on appelle effet du goulot.

- Les individus de cette population à nombre restreint se reproduisent entre eux d'une façon aléatoire, ainsi, au fil des générations, la population subit une perte des allèles les moins fréquents (dans ce cas de l'allèle A2) et la modification du pool génétique en comparaison avec la population mère. On parle d'un facteur de **dérive génétique par effet du goulot d'étranglement**.

II/ Effet de la dérive génétique sur le pool génétique des populations

Document 3: Influence de la dérive génétique sur la structure génétique des populations de petite taille.

Le graphique ci-contre représente une simulation informatique de l'influence de la dérive génétique sur la fréquence d'un allèle mutant neutre au fil des générations chez trois populations de petite taille (ne dépassant pas 20 individus) : P1, P2 et P3.



1/ A partir de l'analyse du graphique, **déduire** l'effet de la dérive génétique sur la structure génétique de la population (pool génétique).

2/ En utilisant toutes les données précédentes (doc 1, 2 et 3) **donner une définition** précise de la dérive génétique et son effet sur la structure génétique des populations.

Réponses :

1/ * Analyse du graphique :

- Au début (génération 0), la fréquence de l'allèle (a) était la même chez les trois populations.

- A partir de G0, et au fil des générations, chez les trois populations, la fréquence de l'allèle (a) **fluctue (change aléatoirement)** entre 0 et 1 et qui sont les deux valeurs limites de la fréquence, ainsi, après plusieurs générations, une des deux situations se réalise :

- Augmentation de la fréquence de l'allèle (a) jusqu'à sa fixation [$f(a) = 1$] et élimination des autres allèles du même gène: c'est la cas de la population P1.

- Diminution de l'allèle (a) jusqu'à son élimination [$f(a) = 0$] et par conséquent la disparition du phénotype [a] et l'extinction des individus de ce phénotype: c'est le cas de la population P3.

✳ **Conclusion :**

La dérive génétique affecte le pool génétique des populations de petite taille, elle se traduit par une variation aléatoire de la fréquence des allèles et conduit tôt ou tard à la perte de certains allèles et la fixation d'autres, donc la dérive génétique aboutit à une baisse de la diversité génétique des populations (polymorphisme génétique) انخفاض التنوع الوراثي.

2/ Définition de la dérive génétique : voir le bilan.

Bilan de l'activité 6

