Méthode d'Hardy-Weinberg

I. Notions de génétique à connaître

L'ADN est le support de l'information génétique, il porte les gènes qui sont des fragments d'ADN. Chaque gène existe sous plusieurs versions appelées allèles. On dit qu'un allèle est dominant s'il n'a besoin que d'un seul exemplaire pour s'exprimer. Au contraire, un allèle récessif a besoin d'apparaître deux fois pour être exprimé. Par convention on écrit en majuscule, A, l'allèle dominant et en minuscule, a, l'allèle récessif.

Il ne faut pas confondre le génome d'une espèce avec le génotype d'un individu ou encore son phénotype.

Donnons une définition simple à ces trois termes :

- Le **génome** d'une **espèce** est l'ensemble de son matériel génétique, **l'ensemble de ces gènes**. Il est le **même** pour tous les individus de l'espèce.
- Le **génotype** est propre d'un **individu**, il correspond à **l'ensemble des allèles** que possède un individu. Par exemple, Coura et Isaure ont le même génome mais possèdent des génotypes différents, elles ont <u>les mêmes gènes dans leurs cellules mais pas les mêmes allèles</u>. C'est ce qui permet à l'espèce de contenir des individus différents. En génétique on note le génotype entre parenthèses, les deux allèles sont séparés par un /. Un individu est dit **homozygote** s'il possède les deux mêmes allèles (A/A) et **hétérozygote** s'il possède deux allèles différents (A/a).
- Le phénotype est propre d'un individu et correspond à l'ensemble des caractères apparents de l'individu, autrement dit, les allèles qui s'expriment au sein de cet individu. Par exemple pour le gène "cheveux bouclés" un individu pourra voir comme génotype (I/B) avec l'allèle "lisse" récessif et B l'allèle "bouclé" dominant. Son génotype sera alors [B]. On note le phénotype entre crochet.

Les **mutations** sont des **modifications** aléatoires des **gènes** qui sont à l'origine de **nouveaux allèles**.

La sélection naturelle est un phénomène d'évolution qui permet aux phénotypes les plus avantageux dans un milieu donné d'être transmis aux générations suivantes de manière plus conséquente que les autres phénotypes et donc d'apparaître chez un nombre important d'individus d'une espèce.

II. <u>Méthode d'Hardy-Weinberg comprendre la théorie</u>

La génétique des populations évalue la **fréquence** des **allèles** dans une population et son **évolution** au cours du temps.

Hardy et Weinberg ont établi un **modèle de transmission des allèles** au sein d'une population qui permet d'évaluer leur fréquence.

Attention Leur modèle est établi pour une population isolée de très grande taille qui ne migre pas, qui n'est pas soumise à la sélection naturelle, dont les gènes ne subissent pas de mutations et qui se reproduisent de manière aléatoire et sexuée. Autant dire que ce modèle ne fonctionnera que pour des cas très précis!

Si la population étudiée répond aux conditions, alors le modèle Hardy-Weinberg permet de tirer deux conclusions. L'une concerne les allèles, l'autre les génotypes.

Un **allèle**, a, possède une **fréquence**, p, qui **reste la même** de génération en génération. De même, la fréquence d'un allèle, A, possède un fréquence, q, qui reste la même de génération en génération

Les fréquences des génotypes de la **deuxième génération** d'une population se **déduit** des fréquences des génotypes **de la première génération** (génération des parents).

Mathématiquement parlant on a :

Concernant les allèles

 $f_A = q$ et $f_a = p$ pour toutes les générations

p + q = 1

Concernant les génotypes

Pour deux allèles d'un gène A (dominant) et a (récessif) il existe dans une population trois génotypes possibles : (A/A), (a/a) ou (A/a).

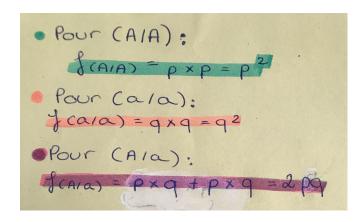
En connaissant les fréquences génotypiques de la première génération (G1) nous pouvons calculer les fréquences génotypiques de la génération suivante (G2) de la manière suivante :

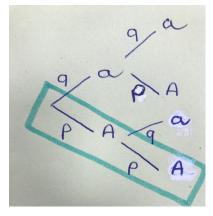
$$f_{(A/A)} = p^2$$

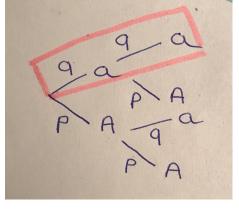
$$f_{(a/a)} = q^2$$

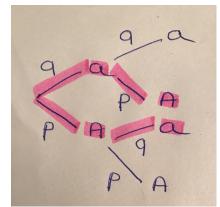
$$f_{(A/a)} = 2pq$$

N-B: Ces formules peuvent s'expliquer mathématiquement grâce à un arbre de probabilités.









Park cel earnell on se place dans eine paristion de penensis. On enviles les genes ses ponsibles de le carloir de leus petales. On consider que les continon de la loi Hardey-Weinberg sont respectées.

Dans cette represation le gene cadant par le carloir des petales est cale par aleux alleles R et B. Il existe ainsi trais phenotypes différents ([RIIE] [BIIB] et (RIB]) Nous assurances de cette population man verifier la theorie de l'equilibre de Hardy-Weinberg.

 $J(R) = \frac{J(q)}{20} \qquad J(R) = \frac{6}{20}$

(CR)+ (CB)=1

- equilibre respecte

alletique à la prochaine generation.

A la premiere génération

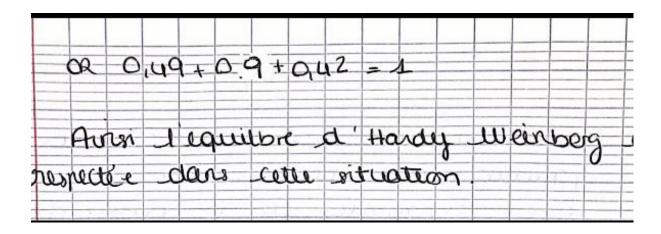
 $f(R) = \frac{10}{20} = \frac{1}{10} = P \qquad f(8) = \frac{6}{20} = \frac{3}{10} = 9$

Ja dell'eme generation en aus;

-1 (RIIR) = $\rho^2 = 0, 7^2 = 0, 49$

(BIIB) = 92 = 0,32 = 0,9

J(RIB) = 2pg = 2x0,7 xQ3 =0,42



IV. CONTRE EXEMPLE

Comme dit précédemment, le modèle Hardy-Weinberg fonctionne uniquement avec des conditions très précises et restreintes.

Il existe des exemples de population où la méthode Hardy-Weinberg n'est pas respectée.

Prenons l'exemple des vaches laitières Voderwald. On observe au sein de cette population un taux de descendance viable anormalement faible. Cela signifie que beaucoup de grossesses n'arrivent pas à terme car le fœtus n'est pas viable. On s'est donc intéressé à fœtus veau issu d'une fausse couche spontanée. Son génotype est noté(m//m). m étant un allèle muté. À cause de cette mutation sur l'allèle m, le fœtus (m//m) n'est pas viable, on dit que son génotype est morbide. On ne retrouve par conséquent aucune vache de génotype (m//m).

Sur les 341 vaches laitières, on trouve les 2 génotypes suivants: (m//+) et (+//+). L'allèle + correspond à l'allèle dominant. On sait que l'allèle dominant est + et que l'allèle récessif responsable de la morbidité est m car une vache ayant le génotype (m//+) est capable de vivre. Seule la présence du génotype (m//m) peut causer la non viabilité d'un foetus.

Sur 341 vaches, 27 % soit 92 vaches sont hétérozygotes de génotype (m//+). Les 73% restants soit 249 vaches sont homozygotes de génotype (+//+).

En voyant qu'il n'y a que deux génotypes viables et que 0 % des vaches possèdent le génotype (m//m), on comprend que le modèle Hardy-Weinberg n'est pas respecté. On vérifie tout de même par calcul. Dans les calculs qui suivent on détermine la fréquence allélique si la loi et Hardy-Weinberg était respectée:

f(m)=92/2x341=0.73

f(+)=249x2/2x341=0,135

f(m)+f(+)=0.87 on remarque que ce n'est pas égal à 1.

Les résultats obtenus par ces calculs permettent d'affirmer que la loi Hardy-Weinberg n'est pas respectée. Une mutation peut en effet chambouler les prédictions génétiques d'une population.