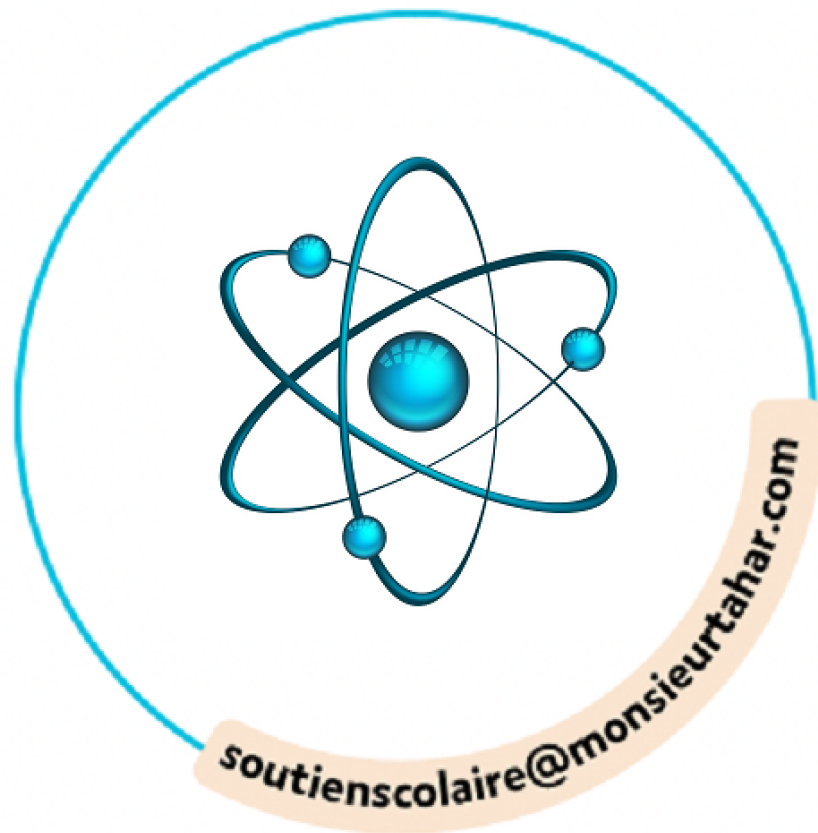
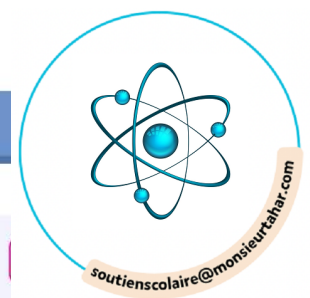


ENSEIGNEMENT SCIENTIFIQUE



SVT

CHAPITRE 4



QCM

CORRIGÉ p. 246

Pour chaque question, indiquer la (ou les) bonne(s) réponse(s).

	a	b	c	d
1 L'estimation de la richesse spécifique :	nécessite de dénombrer les individus.	peut se réaliser à partir d'ADN.	peut utiliser des indices indirects de présence.	utilise des techniques différentes selon les milieux analysés.
2 La dérive génétique :	peut être due à une fragmentation de la population.	conduit à un appauvrissement génétique de la population.	diminue avec la taille de la population.	est négligée dans le modèle de Hardy-Weinberg.
3 Pour estimer une proportion à 10^{-2} près, à l'aide d'un l'intervalle de confiance à 95 %, il faut étudier un échantillon :	représentatif de la population.	d'au moins 100 individus.	d'au moins 10 000 individus.	d'au moins 40 000 individus.

4 Image à commenter



Échantillon prélevé dans une mare, dont on extrait ensuite l'ADN environnemental

Commenter cette image à l'aide des termes suivants :
analyse - ADN environnemental - échantillon - richesse spécifique - biodiversité

5 Définitions inversées

Retrouver à quels termes correspondent ces définitions.

- Fréquences des différents allèles au sein d'une population.
- Diversité du vivant à toutes les échelles d'organisation.
- Stabilité théorique de la composition génétique au cours des générations.
- Intervalle construit à partir d'un seul échantillon afin d'estimer la proportion d'un caractère dans toute la population.
- Variations de mesure d'une fréquence, liées à la diversité des échantillons possibles.

6 Limites de validité de la méthode capture-marquage-recapture

CORRIGÉ p. 246

Dans le document 3 de l'activité 1, la valeur N de l'effectif calculée par la méthode de capture-marquage-recapture n'est pas exactement égale à la valeur réelle. On cherche à comprendre cette différence.

- Calculer l'intervalle de confiance associé à la proportion de papillons marqués lors de la recapture.
- Énoncer les précautions à prendre ou à vérifier pour que la proportionnalité sur laquelle repose cette méthode soit réellement réalisée.

7 Calculs de fréquences alléliques à partir des fréquences génotypiques

Soit une population à l'équilibre de Hardy-Weinberg pour un locus à deux allèles A et B .

Calculer les fréquences alléliques telles que :

- les individus porteurs des deux allèles A et B représentent la moitié des individus de la population ;
- les individus AA soient deux fois plus nombreux que les individus porteurs des deux allèles A et B .

8 Affirmations à corriger

Corriger les affirmations suivantes.

- « Au cours de l'évolution, la composition génétique des individus change de génération en génération ».
- « La structure génétique d'une population reste stable quand l'effectif est réduit ».
- « La méthode dite de capture-marquage-recapture permet une estimation de la richesse spécifique ».

Exercice résolu



9 Les yeux des Drosophiles

La couleur des yeux des mouches *Drosophiles* est due à la présence de pigments. La synthèse de ces pigments est sous contrôle d'un gène possédant deux allèles. L'allèle *A* confère une couleur rouge vif, l'allèle *B* une couleur brune. La couleur rouge sombre est due à la présence simultanée des deux pigments.

Soit p la fréquence de l'allèle *A* et q la fréquence de l'allèle *B* dans une population ne possédant que ces deux allèles, avec $p + q = 1$. Le piégeage de drosophiles a permis de dénombrer la répartition des différents phénotypes dans une population.

Dénombrement des *Drosophiles* de l'échantillon

Nombre total de drosophiles analysées	Nombre de drosophiles aux yeux rouge vif	Nombre de drosophiles aux yeux bruns	Nombre de drosophiles aux yeux rouge sombre
4 365	2 801	560	1 004



1. **Déterminer** le génotype des différents types de mouches.
2. **Calculer** la fréquence du génotype (*A//B*) au sein de la population et en déduire un intervalle de confiance au seuil de 95 %.
3. **Déterminer** p et q d'après les effectifs observés.
4. **En déduire** les fréquences génotypiques attendues dans le modèle de Hardy-Weinberg.
5. **Déterminer** si la population observée est à l'équilibre Hardy-Weinberg. Interpréter.

Conseils

Relier chaque phénotype à un génotype.

L'intervalle de confiance est

$$\left[f - \frac{1}{\sqrt{n}} ; f + \frac{1}{\sqrt{n}} \right]$$

avec f la fréquence d'hétérozygotes (*A//B*) et n la taille de l'échantillon, correspondant au nombre total de drosophiles analysées.

$$p = f(A//A) + \frac{f(A//B)}{2}$$

$$\begin{aligned} f(A//A) &= p^2 \\ f(A//B) &= 2pq \\ f(B//B) &= q^2 \end{aligned}$$

Nombre attendu d'individus d'un certain génotype = Effectif total $\times$ fréquence de ce génotype dans le modèle de Hardy-Weinberg

Un écart à l'équilibre de Hardy-Weinberg s'explique par une ou plusieurs conditions du modèle qui ne sont pas réalisées.

Solution

1. Les drosophiles aux yeux rouge vif ont un génotype (*A//A*), celles aux yeux bruns ont un génotype (*B//B*) et celles aux yeux rouge sombre ont un génotype (*A//B*).

2. On calcule la fréquence (*A//B*), avec $n = 4\,365$: $f(A//B) = \frac{1\,004}{4\,365} = 0,23$

Puis on calcule l'intervalle de confiance, avec $\frac{1}{\sqrt{4\,365}} = 0,015$:

$[0,23 - 0,015 ; 0,23 + 0,015]$; l'intervalle de confiance est donc : $[0,215 ; 0,245]$

3. $p = \frac{2\,801}{4\,365} + \frac{1}{2} \times \frac{1\,004}{4\,365} = 0,76$

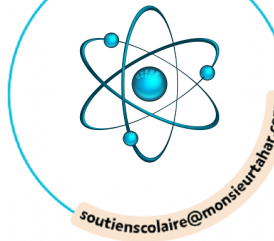
$$q = 1 - p = 0,24$$

4. Dans le modèle de Hardy-Weinberg

$$\begin{aligned} f(A//A) &= 0,76^2 = 0,58 \\ f(A//B) &= 2 \times 0,76 \times 0,24 = 0,36 \\ f(B//B) &= 0,24^2 = 0,06 \end{aligned}$$

5. Nombre de (*A//A*) attendus = $0,58 \times 4\,365 = 2\,521$
 Nombre de (*A//B*) attendus = $0,36 \times 4\,365 = 1\,592$
 Nombre de (*B//B*) attendus = $0,06 \times 4\,365 = 261$

Ces valeurs attendues sont très différentes des valeurs observées et ne peuvent s'expliquer par une simple fluctuation d'échantillonnage car l'échantillon est grand. Cela s'interprète par le fait que les conditions du modèle de Hardy-Weinberg ne sont pas respectées : des forces évolutives (mutations, dérive, sélection naturelle, sélection sexuelle) ou des migrations récentes influencent la composition génétique de la population.



10 Représentation mathématique du modèle de Hardy-Weinberg



On considère une population présentant 2 allèles A et B de fréquences respectives p et q avec $p + q = 1$. On suppose que les génotypes à une génération donnée sont répartis selon les proportions du modèle de Hardy-Weinberg.

1. En distinguant les différents cas, **calculer** la probabilité pour un descendant de recevoir l'allèle A de son parent femelle. **Calculer** de même la probabilité pour un descendant de recevoir l'allèle B .
2. **Représenter** ensuite les deux étapes de la reproduction sexuée (transmission de l'allèle par le parent femelle puis par le parent mâle) à l'aide d'un arbre de probabilité.
3. **En déduire** la probabilité pour un descendant d'avoir le génotype ($A//A$) ; le génotype ($B//B$). Redémontrer ainsi la stabilité des fréquences génotypiques d'une génération à l'autre dans le modèle de Hardy-Weinberg.

Un écologue faisant des relevés de différentes espèces aux Seychelles

11 Modèle de Hardy-Weinberg

Numérique

Considérons une population dont un gène possède deux allèles A et B . La fréquence de l'allèle A est $p = 0,4$ et celle de l'allèle B est $q = 0,6$. Sous les hypothèses du modèle de Hardy-Weinberg, on a $p^2 = 0,16$, $q^2 = 0,36$ et $2pq = 0,48$, ce qui signifie qu'à une génération donnée, la population est formée

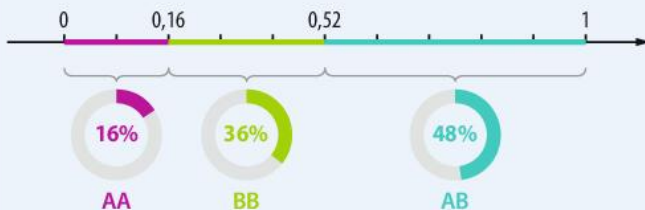
de 16 % d'individus de génotypes ($A//A$), 36 % d'individus de génotypes ($B//B$) et 48 % d'individus de génotypes ($A//B$). On souhaite alors modéliser informatiquement la reproduction sexuée au sein de cette population et évaluer les fréquences génotypiques pour la nouvelle génération :

Modélisation informatique

1. On choisit un nombre aléatoire de $[0 ; 1[$ pour simuler le tirage aléatoire d'une personne dans la population.

La probabilité que ce nombre soit dans l'intervalle $[a;b]$ est égale à $b-a$, c'est-à-dire l'amplitude de l'intervalle.

Ainsi la probabilité de choisir une personne de génotype ($B//B$) correspond ici à celle de choisir un nombre aléatoire entre 0,16 et 0,52.



Représentation de la répartition génotypique au sein de l'intervalle $[0 ; 1]$

2. En simulant avec cette méthode le tirage de deux individus (un mâle et une femelle) dans cette population de départ et en choisissant pour chacun d'eux un allèle à transmettre, on obtient le génotype de leur descendant.

3. Si on souhaite simuler une nouvelle génération de 1 000 descendants, il suffit alors de répéter 1 000 fois ces opérations.

4. Enfin, pour déterminer par exemple la proportion de descendants de génotype ($A//A$) dans cette nouvelle génération, il faut utiliser un compteur qui augmente au fur et à mesure de la simulation à chaque fois qu'un enfant de génotype ($A//A$) est créé. Le programme obtenu en Python est alors de la forme suivante :

```
from random import*
def tirageindividu():
    r=...
    if r<0.16: return ['A','A']
    elif ...<r<...: return ['B','B']
    else: return ['A','B']

def proportionAA():
    compteurAA=0
    for i in range(...):
        femelle,male=tirageindividu(),tirageindividu()
        descendant=[choice(femelle),choice(male)]
        if descendant==['A','A']: .....
    print ("la proportion de AA est", compteurAA/...)
```

➤ Dans la pratique, l'écart au modèle de Hardy-Weinberg est généralement analysé en comparant la fréquence d'hétérozygotie attendue ($2pq$) et la valeur mesurée dans la population.

1. **Compléter** le programme informatique présenté ci-dessus, pour simuler la fréquence du génotype ($A//A$) obtenue après reproduction sexuée dans les conditions du modèle de Hardy-Weinberg.

2. **Adapter** ce programme pour qu'il permette, toujours avec ces valeurs particulières, de faire le même constat pour les génotypes ($A//B$) puis simultanément pour les trois génotypes ($A//A$), ($B//B$) et ($A//B$).

3. **Transformer** les fonctions de la question 2. en une fonction $\text{Hardy}(p,q,n)$ qui prendra en arguments les fréquences des allèles A et B à une génération donnée ainsi que le nombre d'individus souhaités dans la nouvelle génération. Cette fonction affichera les fréquences des génotypes ($A//A$), ($B//B$) et ($A//B$) dans cette nouvelle génération.

4. **Comparer** les résultats avec les valeurs p^2 , q^2 et $2pq$ correspondants aux fréquences génotypiques de la première génération.

12 Les Diamants mandarins

CORRIGÉ p. 246



Les Diamants mandarins ont habituellement un bec et les pattes rouges. Une mutation récessive notée bj est à l'origine d'un bec et de pattes jaunes. Cet allèle a une fréquence de 12 % dans une population échantillonnée à l'équilibre de Hardy-Weinberg.

Si on croise deux individus au bec rouge pris au hasard dans cette population, **calculer** la probabilité d'avoir des descendants à becs jaunes.

13 Modélisation mathématique d'une évolution génétique

Spé Maths

Considérons un allèle présent initialement dans une population à une fréquence p_0 . Cet allèle mute à chaque génération avec une probabilité u .

On note p_n la fréquence de l'allèle à la génération n .

1. **Exprimer** p_n en fonction de p_{n-1} et de u .
2. **En déduire** la fréquence de l'allèle à la génération n en fonction de la fréquence initiale.
3. Pour $u = 0,05$, **calculer** le nombre de générations nécessaires pour que la fréquence de l'allèle diminue de moitié sous le seul effet de la mutation.

14 Deux populations de grenouilles sur deux îles voisines

Prépa E3C

Considérons deux populations d'une même espèce sur deux îles voisines. On a déterminé, sur des échantillons de chacune des populations, le génotype des individus sur un locus à 2 allèles :

- sur la première île, pour 200 individus, 128 sont ($A//A$), 8 sont ($A//B$) et 64 sont ($B//B$) ;
- sur la seconde île, pour 200 individus, 60 sont ($A//A$), 40 sont ($A//B$) et 100 sont ($B//B$).

1. **Calculer** les fréquences alléliques et **tester** l'équilibre de Hardy-Weinberg pour chaque sous-population. **Conclure**.
2. **Calculer** les fréquences alléliques dans cette population globale où les 400 individus sont réunis, et tester l'équilibre de Hardy-Weinberg à ce gène. **Expliquer** le résultat observé.

15 Polymorphisme chez un Papillon

Spé SVT

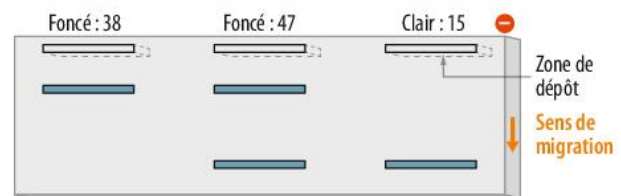
Chez une espèce de Papillon, le phénotype de pigmentation des ailes est gouverné par un gène existant sous deux formes alléliques, notées A et a , dont les fréquences sont respectivement p et q avec $p + q = 1$. Une première étude a montré que le phénotype clair est récessif et correspond au génotype ($a//a$).

1 Échantillonnage de cette espèce de papillon

Le piégeage, en milieu naturel, de 1 600 papillons a permis de dénombrer 1 340 phénotypes foncés et 260 clairs.

2 Étude du gène impliqué dans la pigmentation des ailes

Cette étude porte sur un échantillon de 100 papillons. Le gène étudié code pour une enzyme de la chaîne de biosynthèse du pigment qu'il est possible d'étudier. L'électrophorèse sépare les protéines de cette enzyme selon leur poids moléculaire. Seules les protéines codées par le gène étudié sont détectées sur l'électrophorèse, grâce à un anticorps spécifique.



Détection du pigment par électrophorèse pour 100 individus

1. **Calculer** les fréquences alléliques du doc 1.
2. **Indiquer** s'il est possible de tester l'équilibre de Hardy-Weinberg de cette population avec ces premières données.

3. **Montrer** que l'étude complémentaire du doc 2 permet de tester si la population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg.

Le modèle de Hardy-Weinberg est valide sous l'hypothèse d'une population de grande taille. Mais qu'en est-il pour des populations de petite taille ?

Modélisation informatique

On considère une population (génération) de 12 individus répartis avec des fréquences alléliques de 50 % pour l'allèle A et 50 % pour l'allèle B, c'est-à-dire 6 individus de génotype (A//B), 3 individus de génotype (A//A) et 3 individus de génotype (B//B) si la structure respecte

l'équilibre de Hardy-Weinberg. Nous avons donc 12 allèles A et 12 allèles B. Le programme ci-dessous permet de simuler, sur cinq générations, l'évolution des proportions des allèles A et B en supposant que chaque génération comporte 12 individus.

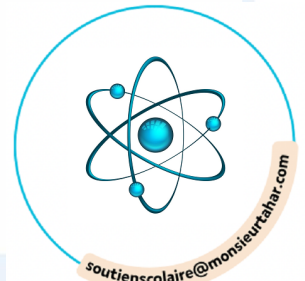
En langage courant :

- Initialiser le numéro de la génération à 0.
- Initialiser la liste *L* des individus
- Initialiser les compteurs des allèles A et B
- Répéter 5 fois :
 - *L* devient la nouvelle génération
 - Augmenter le numéro de la génération
 - Compter les allèles de la nouvelle génération
 - Afficher le numéro de la génération
 - Afficher les proportions des allèles A et B.

En langage Python :

```
from random import *
n=0
L=6*[['A', 'B']] + 3*[['A', 'A']] + 3*[['B', 'B']]
comptA, comptB=12,12

for k in range(5):
    L=Nouvelle_generation(L)
    n=n+1
    comptA,comptB=comptage_allèles(L)
    print("Génération:",n)
    print("Fréq allèle A:",comptA/24)
    print("Fréq allèle B:",comptB/24)
```



Dans cet algorithme, on utilise trois fonctions qu'il faut écrire au préalable :

```
def tirage2individus(L):
    n=len(L)
    a=randint(0,n-1)
    b=randint(0,n-1)
    while a==b:
        a=randint(0,n-1)
        b=randint(0,n-1)
    return L[a],L[b]
```

Dans une liste *L* qui représente une génération, pour choisir au hasard deux individus distincts, on choisit d'abord 2 indices (à condition qu'ils soient différents) puis on renvoie les individus de la liste correspondant à ces indices.

```
def Nouvelle_generation(L):
    n=len(L)
    Nvll_gene=[]
    for i in range(n):
        femelle,mâle=tirage2individus(L)
        descendant=[choice(femelle),choice(mâle)]
        Nvll_gene=Nvll_gene+[descendant]
    return Nvll_gene
```

On part d'une liste vide. On répète autant de fois que nécessaire le choix de deux individus dans la génération précédente et pour chacun d'eux, on choisit un allèle pour créer le génotype du descendant. On rajoute ce descendant à la nouvelle génération.

```
def comptage_allèles(L):
    n=len(L)
    comptA,comptB=0,0
    for k in range(n):
        if L[k]==['A', 'A']:comptA=comptA+2
        elif L[k]==['B', 'B']:comptB=comptB+2
        else: comptA,comptB=comptA+1,comptB+1
    return comptA,comptB
```

On initialise deux compteurs d'allèles. On parcourt toute la liste *L* qui représente une génération. Pour chaque élément, on modifie les compteurs d'allèles selon le génotype de l'individu étudié.

1. **Modifier** le programme ci-dessus pour qu'il s'arrête seulement lorsqu'un des allèles aura disparu.
Exécuter plusieurs fois ce programme.
Conclure.

2. **Adapter** ce nouveau programme à un effectif de 40 individus dont les génotypes sont répartis dans les mêmes proportions que l'exemple montré.
Exécuter plusieurs fois ce programme.
Comparer au modèle d'Hardy-Weinberg et **conclure.**

Le Chat, un ami encombrant...

Domestiqué au Proche-Orient il y a plus de 9 000 ans, le Chat a depuis été introduit par les humains sur tous les continents, à l'exception de l'Antarctique. Initialement employé comme prédateur assurant la protection des réserves de nourriture, le Chat est aujourd'hui un animal de compagnie très apprécié. Lorsqu'il est en surnombre cependant, il constitue une menace pour la biodiversité de la faune de petite taille. Ce problème se pose encore plus avec les Chats haret, qui sont retournés à un mode de vie sauvage et chassent pour se nourrir.

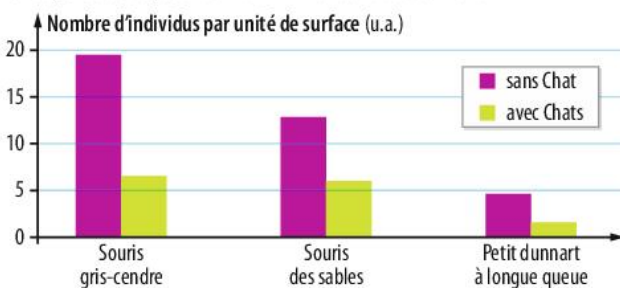


Chat attrapant un oiseau – Casa del Fauno, Pompéi, an 79 – Musée Archéologique National de Naples

1 L'impact du chat sur la faune australienne

Une expérience grandeur nature a été réalisée, comparant l'abondance en petits mammifères entre zones où le Chat haret était présent et zones où il avait été éliminé (graphique ci-contre).

Le Chat aurait participé à la disparition d'une vingtaine d'espèces de petits mammifères australiens.



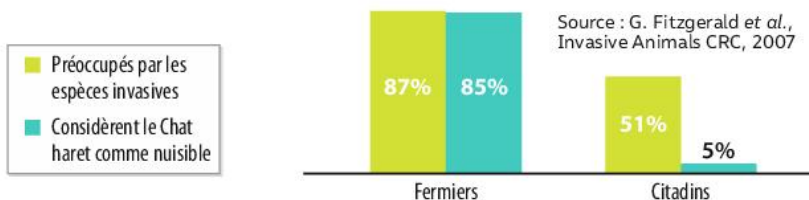
Source : Report of Australian Government, 2015

2 En Australie : des mesures radicales contre les Chats haret

Des chats ont été introduits en Australie à partir de 1804, afin de lutter contre la prolifération excessive des lapins. S'étant multipliés, ils ont colonisé le pays et ils sont aujourd'hui au nombre de 2 à 18 millions. En 2015, le gouvernement australien a déclaré le Chat haret nuisible, et a mis en place des mesures pour limiter sa population par abattage au fusil, piégeage et lâcher d'appâts empoisonnés par avion. En 2016, plus de 200 000 chats ont ainsi été éliminés.

3 La polémique suite aux décisions de l'Australie

Une enquête a été réalisée sur le ressenti des australiens vis à vis du Chat haret et de la protection de la biodiversité.



Source : G. Fitzgerald et al., Invasive Animals CRC, 2007

Résultats d'enquêtes menées auprès d'habitants de l'état du Queensland en 2004

À l'étranger, des protestations se sont élevées contre les actions australiennes :

- Plus de 160 000 personnes ont signé une demi-douzaine de pétitions appelant à cesser les abattages.
- Plusieurs associations militant pour la cause animale ont interpellé l'Australie, l'appelant à stopper un « génocide animalier cruel et inutile » et à pratiquer la castration des Chats plutôt que leur élimination.
- Sur les réseaux sociaux, les réactions ont été vives.

Voici quelques commentaires parus sur Facebook :



Nathalie Horrible horrible vous êtes monstrueux j'adore les chats etc... j'ai honte pour vous



Sophie mais c'est quoi ce monde cruel dans lequel 😞 nous vivons désolant 😞



Léo C'est vraiment une poutriture l'homme il n'y a pas à dire... pauvre petit chat

En 2015, le gouvernement australien a déclaré le Chat haret nuisible, et a mis en place des mesures pour limiter sa population par abattage au fusil, piégeage et lâcher d'appâts empoisonnés par avion. En 2016, plus de 200 000 Chats ont ainsi été éliminés.

À VOTRE
AVIS

➤ Comment expliquer cette opposition entre le gouvernement australien et les défenseurs de la cause animale, alors que leur objectif commun est la sauvegarde des animaux ?

Voir Esprit scientifique
➤ esprit critique p. 6-11