# Corrigé et barème – Évolution des génomes : Hardy-Weinberg, sélection et dérive

Modèle de Hardy-Weinberg et ses conditions, test de l'équilibre, unions non aléatoires, mutation, sélection naturelle et préférences sexuelles, dérive génétique et migrations dans des populations finies, différenciation des populations, spéciation et notion d'espèce questionnée par le séquençage de l'ADN.

Durée : 120 min – Calculatrice interdite – Sur 20 points · Spécialité SVT Terminale

## Exercice 1 – Mobiliser ses connaissances ★★ *(6 pts)*

a) Introduction : une **population** évolue quand les fréquences de ses allèles changent ; il faut une référence pour repérer ce changement. **Conditions** : population de reproduction sexuée d'effectif infini, panmixie (unions et rencontre des gamètes au hasard), ni mutation, ni migration, ni sélection. **Prévision** : une part p des gamètes porte A, une part q porte a ; la rencontre au hasard donne AA avec la probabilité $p^2$, Aa avec 2pq (A venant de l'un ou de l'autre parent), aa avec $q^2$ ; la génération suivante produit des gamètes A avec la fréquence $p^2 + pq = p(p + q) = p$ : les fréquences alléliques restent constantes et les génotypes valent $p^2$, 2pq, $q^2$. **Intérêt** : on compare effectifs observés et attendus ($p^2N$, 2pqN, $q^2N$) ; un écart net désigne un facteur qui éloigne de l'équilibre (unions non aléatoires, sélection, dérive, migration, mutation) ; le modèle permet aussi d'estimer $q = \sqrt{f(aa)}$ pour un caractère récessif. Conclusion : aucune population réelle ne remplit ces conditions, d'où l'évolution inéluctable des génomes ; et une conformité au modèle montre seulement qu'aucun écart n'est détecté. (3)

b) Introduction : aucune population réelle ne remplit les conditions du modèle ; les facteurs qui l'en écartent n'agissent pas tous au même niveau. **Facteurs qui modifient les fréquences alléliques** : la **mutation**, seule source d'allèles nouveaux, aléatoire et rare (de l'ordre de $10^{-8}$ par nucléotide et par génération chez l'humain), effet direct très lent ; la **sélection naturelle**, tri orienté selon la valeur sélective dans un milieu donné (allèle de résistance favorisé par un herbicide ; avantage des hétérozygotes HbA/HbS là où sévit le paludisme), qui agit sur les phénotypes et donc mal sur un allèle récessif rare ; les **préférences sexuelles**, qui donnent plus de descendants aux porteurs d'un caractère choisi ; la **dérive génétique**, variation aléatoire due à l'échantillonnage des gamètes dans une population finie, d'autant plus forte que l'effectif est petit, jusqu'à la fixation ou la perte d'allèles (effet fondateur, goulot d'étranglement) ; la **migration**, qui rapproche les fréquences des populations qui échangent des individus ($q' = (1 - m)\,q + m\,q_M$). **Facteurs qui ne modifient que les fréquences génotypiques** : l'**appariement non aléatoire** — unions entre semblables, entre apparentés, autofécondation (qui divise par deux la part des hétérozygotes à chaque génération) — crée un déficit d'hétérozygotes sans changer p et q ; à l'inverse, des unions entre individus différents créent un excès d'hétérozygotes. Conclusion : un test de Hardy-Weinberg détecte des écarts, mais il faut d'autres données (fréquences d'une génération à l'autre, effectif, milieu, migrations) pour identifier le facteur ; plusieurs facteurs se combinent souvent. (3)

**Piège** — Écrire que la sélection « crée » des allèles ou que les individus « mutent pour s'adapter » : les mutations sont aléatoires et préexistent, la sélection ne fait que trier.

## Exercice 2 – Des œillets sur une colline ★★ *(6 pts)*

a) 2 000 copies du gène. Copies de A : $2 \times 380 + 440 = 1\,200$, donc $f(A) = 1\,200 \div 2\,000 = \mathbf{0{,}6}$ ; copies de a : $2 \times 180 + 440 = 800$, donc $f(a) = \mathbf{0{,}4}$ ; contrôle : $0{,}6 + 0{,}4 = 1$. (1,5)

b) AA : $p^2 \times N$, avec $p^2 = 0{,}36$, soit $0{,}36 \times 1\,000 = \mathbf{360}$ ; Aa : $2pq \times N = 0{,}48 \times 1\,000 = \mathbf{480}$ ; aa : $q^2 \times N$, avec $q^2 = 0{,}16$, soit $0{,}16 \times 1\,000 = \mathbf{160}$ ; total 1 000. (1,5)

c) On observe 440 hétérozygotes au lieu de 480 (déficit de 40, soit un douzième) et un excès des deux homozygotes (380 au lieu de 360, 180 au lieu de 160) : les écarts vont dans le même sens, la population ne semble pas à l'équilibre. Un **déficit d'hétérozygotes** signale des unions non aléatoires : l'**autofécondation**, possible chez cet œillet, divise par deux la part des hétérozygotes à chaque génération, sans changer les fréquences alléliques. (Un mélange de deux populations aux fréquences différentes donnerait le même effet.) (1,5)

d) C'est une migration : une part $m = 0{,}25$ des jeunes vient de la colline ($q = 0{,}4$). $q\prime = (1 - m) \times q + m \times q_M = 0{,}75 \times 0{,}2 + 0{,}25 \times 0{,}4 = 0{,}15 + 0{,}1 = \mathbf{0{,}25}$. La fréquence du pré se rapproche de celle de la colline : le flux de gènes rapproche les populations qui échangent des individus. (1,5)

**Méthode** — Fréquences sur 2N copies, attendus $p^2N$, $2pqN$, $q^2N$, puis le sens des écarts : un déficit d'hétérozygotes oriente vers des unions non aléatoires.

## Exercice 3 – Deux formes d'un poisson dans un même lac ★★★ *(8 pts)*

a) L et P se reproduisent à des **saisons** différentes (printemps, automne) et dans des **lieux** différents (rives, eau profonde) : leurs gamètes ne se rencontrent pas. C'est une barrière temporelle et écologique, donc **prézygotique** : elle agit avant la fécondation. (2)

b) En 1970, l'écart de fréquence de E1 entre L et P est de $0{,}55 - 0{,}45 = \mathbf{0{,}10}$ ; en 2020, de $0{,}85 - 0{,}15 = \mathbf{0{,}70}$ : les deux formes s'éloignent, dans des sens opposés. Si elles échangeaient beaucoup de gènes, la migration rapprocherait leurs fréquences ; leur divergence montre que les flux de gènes sont **très faibles ou nuls** dans le lac, ce que confirme le document 1. (2)

c) Sans flux de gènes, chaque forme évolue indépendamment : des **mutations** différentes y apparaissent au hasard ; la **sélection**, liée à son milieu de reproduction (eau peu profonde ou profonde, saison), trie des allèles différents ; la **dérive** agit séparément dans chacune. Les génomes divergent et des incompatibilités peuvent s'accumuler jusqu'à un isolement reproducteur complet, même si les deux formes se retrouvaient au même moment au même endroit : c'est une **spéciation sympatrique**. (2)

d) Arguments pour deux espèces : dans la nature, L et P n'échangent presque plus de gènes (documents 1 et 3) ; or le programme définit l'espèce comme une population **suffisamment isolée génétiquement**. Argument contre : en élevage, elles restent interfécondes, avec une descendance fertile (document 2) ; le critère d'interfécondité ne suffit donc pas à trancher. Conclusion : L et P sont à une étape intermédiaire d'un processus continu de spéciation ; selon le critère retenu, on parlera de deux formes d'une même espèce ou de deux espèces naissantes. (2)

**Méthode** — Dire d'abord où et quand agit la barrière (avant ou après la fécondation), puis vérifier dans les données si des gènes passent encore d'une population à l'autre.

*Ce document est la propriété intellectuelle de Ben, professeur particulier (benprofparticulier.fr), protégée par le Code de la propriété intellectuelle (art. L. 111-1 et L. 122-4). Il est mis à disposition pour un usage personnel de révision. Toute reproduction, diffusion, mise en ligne ou revente, totale ou partielle, sans autorisation écrite est interdite et constitue une contrefaçon (art. L. 335-2).*