

MODÈLE DE HARDY-WEINBERG

Le modèle de Hardy-Weinberg (développé en 1908) décrit la diversité (plutôt que l'évolution) du vivant dans le sens de la génétique des populations. Cependant, ce modèle permet quand même de comprendre l'impact d'un agent de mutation sur une population d'individus et ainsi de résoudre les problèmes liés au refus de modèle de la sélection (évolution) naturelle de Darwin. Effectivement, les travaux de Darwin portaient sur des caractères qui variaient de façon continue. Or, il ne pouvait expliquer comment les individus se transmettent ces variations (c'est effectivement gênant). La génétique de Mendel, quant à elle imposait que seuls les caractères discontinus étaient héréditaires.

Il y avait donc conflit entre le modèle continu (de Darwin) et discontinu (de Mendel) et ce fut la génétique qui au vingtième siècle permis d'établir qu'au fait c'est le mélange de gènes qui crée la diversité et in extenso la sélection naturelle.

Conclusion : l'évolution ne se fait pas à l'échelle de l'individu mais de la population (c'est une bonne leçon à retenir ça...)

Quelques définitions avant de continuer :

D1. Un gène ou "génotype" est composé "d'allèles" (deux habituellement, donc nous considérerons les individus comme "diploïdes")

D2. Un "pool génique" est un ensemble de gènes présents dans une population

D3. Une "micro-évolution" est un changement de la fréquence des allèles d'un pool génétique d'une population.

D4. Un allèle est dit "fixe" lorsque tous les membres d'une population portent deux allèles identiques.

D5. Une "spéciation" est l'apparition à long terme d'une micro-évolution faisant apparaître une nouvelle espèce.

D6. Une "espèce" est un ensemble de populations dont tous les membres ont le potentiel de se reproduire entre eux dans un environnement naturel (nous supposons dans ce modèle que les individus se reproduisent selon un mode sexué).

D6. La "mutation" est un agent évolutif qui modifie le pool génique d'une population en produisant de nouveaux gènes (nous considérons donc qu'il n'y a pas d'agents évolutifs à l'œuvre dans la population dans ce modèle).

Remarque : la mutation est un événement rare et le plus souvent néfaste. Ces effets quantitatifs sont plus importants chez les organismes à temps de génération court (bactéries et virus), l'effet étant nettement moins marqué chez les organismes à temps de génération plus long (animaux et végétaux).

Enonçons maintenant le postulat du "néo-darwinisme" :

Une population évolue suite à des petites modifications de son pool génétique (modification de la fréquence de ses allèles) ainsi que sous l'effet de la sélection naturelle (principal mécanisme de l'évolution) mais aussi sous l'effet d'autres agents de l'évolution : dérive génétique, mutation, accouplements non aléatoires et flux génétique. Ainsi, de grands changements résultent de l'accumulation de ces petites modifications étalées sur de longues périodes.

Considérons maintenant une population composée de 13 individus (1 gène, chacun composé de deux allèles pris parmi 3) :

$$P = \left\{ \begin{array}{l} X1X1, X2X1, X3X2, X1X1, X1X1, X1X1, X2X3 \\ X1X3, X3X2, X1X1, X1X3, X3X3, X3X3 \end{array} \right\}$$

La fréquence de l'allèle $X1$ est :

$$p_{X1} = 13/26 = 0.5$$

La fréquence de l'allèle $X2$ est :

$$p_{X2} = 4/26 = 0.154$$

Enfin, la fréquence de l'allèle $X3$ est :

$$p_{X3} = 9/26 = 0.346$$

Et bien évidemment :

$$p_{X1} + p_{X2} + p_{X3} = 1$$

Pour résumer, si nous considérons maintenant une population d'individus possédant des gènes composés de seulement deux type d'allèle différents, nous avons dès lors (cas plus concret par rapport à la biologie du vivant sur notre Terre) :

$$BB, Bb, bb$$

Nous avons donc pour la fréquence du nombre d'allèles B :

$$p = \frac{2 \cdot (\text{nombre d'individus } BB) + 1 \cdot (\text{nombre d'individus } Bb)}{\text{nombre d'individus total}}$$

et pour la fréquence d'allèles b :

$$q = \frac{2 \cdot (\text{nombre d'individus } bb) + 1 \cdot (\text{nombre d'individus } Bb)}{\text{nombre d'individus total}}$$

Avec donc :

$$p + q = 1$$

Nous pouvons faire quelques observations suite à la manière de construire ce modèle. Effectivement, la fréquence des allèles dans une population demeure approximativement constante génération après génération si :

1. La population est de très grande taille (une perturbation infime ne change que très peu la fréquence des types génotypes)
2. Pas d'émigration ou d'immigration (il n'y pas de nouveaux type d'allèles dans la population)
3. Pas de mutations modifiant les allèles (cela contient le point 2)
4. Accouplements au hasard (non influencés par le type d'allèle étudié)
5. Pas de sélection naturelle (cela contient le point 4)

Il peut être pertinent (pour la culture générale) de mettre en évidence le fait que nous distinguons deux types d'accouplements non-aléatoires :

1. L'endogamie : croisement entre individus du voisinage, donc ayant des liens de parenté ; chez les espèces se dispersant peu, particulièrement dans le règne végétal.
2. L'homogamie : choix des partenaires qui se ressemblent pour certains caractères ; répandu chez les animaux.

L'endogamie et l'homogamie ne sont pas une cause directe de microévolution puisqu'ils ne modifient pas le pool génique d'une population. Cependant, si certains des individus issus de ces croisements non aléatoires ont plus de chance de s'accoupler que d'autres (par sélection naturelle), il s'ensuivra une modification de la fréquence allélique dans la population descendante et par conséquent, de la microévolution. En conséquence, les accouplements non aléatoires sont un facteur potentiel de microévolution.

Finalement, pour en revenir à notre modèle, la probabilité qu'un individu possède l'un des trois génotypes possibles (relativement à un génotype) dans la population (relativement à notre exemple) est :

- Probabilité qu'un individu soit BB :

$$BB = p \cdot p = p^2$$

- Probabilité qu'un individu soit bb :

$$bb = q \cdot q = q^2$$

- Probabilité qu'un individu soit Bb ou bB :

$$(bB, Bb) = pq + qp = 2pq$$

Finalement, nous obtenons l'équation d'Hardy-Weinberg :

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

Après cette étude, nous pouvons enfin (re)définir la loi de Darwin de manière à ce qu'elle se soustraie à la grande question (problématique) de la modification continue ou discrète :

La sélection naturelle est un agent évolutif qui modifie le pool génique d'une population en augmentant la fréquence des allèles produisant les phénotypes (génotypes définissant le comportement d'un individu) les mieux adaptés au milieu. Ainsi, les individus les mieux adaptés à leur environnement se reproduisent plus que les autres et contribuent davantage au patrimoine génétique de la descendance. La fréquence des bons gènes augmente graduellement dans la population, de génération en génération. Ainsi, la sélection naturelle dirige l'adaptation d'une population à son milieu en accumulant les génotypes qui favorisent la survie dans le milieu.

Remarques :

R1. Le modèle d'Hardy-Weinberg n'existe pas dans la nature. Effectivement, il est impossible que toutes les conditions nécessaires soient présentes en même temps. Cependant, c'est un modèle théorique qui permet d'évaluer s'il y a de la microévolution dans une population. Ainsi, on mesure la fréquence des allèles dans la population mère et l'on applique l'équation. Si la structure génétique de la population fille s'écarte de celle prédite par la loi, alors on sait qu'au moins un agent de l'évolution est à l'œuvre.

R2. Ce modèle théorique permet de prédire les coûts sociaux des maladies génétiques. Effectivement, si on connaît le pourcentage d'individus qui présentent une maladie récessive dans une population, on peut appliquer l'équation et évaluer le nombre de transmetteurs sains puis prévoir la probabilité d'apparition de la maladie dans les générations futures. Si celle-ci est grande (ce raisonnement n'est valable que dans un cadre libéral et capitaliste), on peut décider d'investir dans la recherche ou prévoir des budgets pour soigner les malades.

Exemples :

E1. Soit une génotype de séquence possible $\{BB, bb, Bb\}$ et considérons que $p_B = 0.6, p_b = 0.4$. Nous aurons alors :

$$p^2 = 0.36 \quad 2pq = 0.48 \quad q^2 = 0.16$$

Ainsi, dans une population de 1'000'000 d'individus, nous devrions avoir :

$$0.36 \cdot 1 \cdot 10^6 = 360'000 BB$$

$$0.48 \cdot 1 \cdot 10^6 = 480'000 Bb$$

$$0.16 \cdot 1 \cdot 10^6 = 160'000 bb$$

E2. Si au Québec (6 millions d'habitant), une personne sur cinq à les yeux bleus ($bb \rightarrow q^2 = 1/5$), combien de personnes sont de génotype BB et combien sont Bb ?

$$q = \sqrt{1/5} = 0.44721$$

$$p = (1 - q) = 0.5528$$

Donc :

$$p^2 = 0.3056 \quad 2pq = 0.4944 \quad q^2 = 0.2$$

Ainsi nous avons :

$$0.3056 \cdot 6 \cdot 10^6 = 1'833'600BB$$

$$0.48 \cdot 6 \cdot 10^6 = 2'966'400Bb$$

$$0.2 \cdot 6 \cdot 10^6 = 1'200'000bb = \frac{1}{5} \cdot 6 \cdot 10^6$$

E3. Nous introduisons dans un étang 1'000 grenouilles tachetées, homozygotes pour ce caractère (TT) et 250 grenouilles sans taches également homozygotes pour ce caractère (tt). Si nous laissons les grenouilles se reproduire pendant quelques années, en supposant que la population demeure stable, quel nombre de grenouilles TT, Tt, tt devrait-on alors observer ?

Nous avons donc une population de 1'250 individus dans laquelle nous avons 1'000 TT (2'000 allèles T) et 250 tt (500 allèles t). Donc :

$$\left. \begin{array}{l} p(T) = \frac{2'000}{2'500} = 0.8 \\ q(t) = \frac{500}{2'500} = 0.2 \end{array} \right\} \Rightarrow \begin{cases} p^2 = 0.64 \\ 2pq = 0.32 \\ q^2 = 0.04 \end{cases}$$

Si la population est de 1'250 individus, nous aurons donc :

$$0.64 \cdot 1'250 = 800 \text{ individus } TT$$

$$0.32 \cdot 1'250 = 400 \text{ individus } Tt$$

$$0.04 \cdot 1'250 = 50 \text{ individus } tt$$