

# Modèle de Hardy-Weinberg (génétique)

## Introduction

La diversité génétique des individus d'une population fait partie de la biodiversité. Les individus transmettent seulement une partie de leur information génétique lors de la reproduction **sexuée**. La biodiversité peut donc évoluer au cours des générations.

Des modèles mathématiques probabilistes et des outils statistiques permettent d'étudier les mécanismes évolutifs impliqués.

## I Évolution de la composition génétique des populations.

Le modèle de Hardy-Weinberg permet de prévoir sous des hypothèses prédéfinies la transmission des gènes de génération en génération. Ainsi un écart de la situation évolutive réelle au modèle de Hardy-Weinberg mettra en évidence la présence d'autres forces évolutives agissant sur l'espèce étudiée.

### I.1 Notions en jeu

Un **gène** est une petite portion d'ADN grâce à laquelle se transmet un caractère héréditaire. Chaque gène occupe une place déterminée sur des chromosomes. Si la cellule est diploïde (elle possède un nombre pair de chromosomes) les gènes sont réunis en paires homologues. Chacun de ces deux exemplaires du gène s'appelle un **allèle**.

Nous nous plaçons dans le cas où le gène étudié possède deux types d'allèles notés  $A$  et  $a$ . Lors de la conception, l'organisme reçoit deux allèles : un de chacun de ses parents. Ces deux allèles constituent son génotype qui peut être  $AA$ ,  $Aa$  ou  $aa$ .

Les génotypes  $AA$  et  $aa$  sont dits **homozygotes** et le génotype  $Aa$  est dit **hétérozygote**.

### I.2 Présentation du modèle de Hardy-Weinberg

Godfrey Harold Hardy : mathématicien anglais (1877-1947)  
Wilhelm Weinberg : médecin allemand (1862-1937) Le **modèle de Hardy-Weinberg** utilise la théorie des probabilités pour décrire le phénomène aléatoire de transmission des allèles dans une population. En assimilant les probabilités à des fréquences pour des effectifs de grande taille, le modèle prédit que la structure génétique d'une population de grand effectif sera **stable** d'une génération à l'autre sous certaines conditions (absence de migration, de mutation, de sélection). Cette stabilité théorique s'appelle **l'équilibre de Hardy-Weinberg** ou **modèle de Hardy-Weinberg**.

### I.3 Étude mathématique

On considère qu'à un instant donné un parent transmet l'allèle  $A$  avec probabilité  $p$  et l'allèle  $a$  avec une probabilité  $q = 1 - p$ .

La transmission des gènes se fera donc de la manière suivante :

	Allèle transmis par la mère	
Allèle transmis par le père	$A$ (avec probabilité $p$ )	$a$ (avec probabilité $q$ )
$A$ avec probabilité $p$	$AA$ (avec probabilité $p^2$ )	$Aa$ (avec probabilité $pq$ )
$a$ avec probabilité $q$	$aA$ (avec probabilité $pq$ )	$aa$ (avec probabilité $q^2$ )

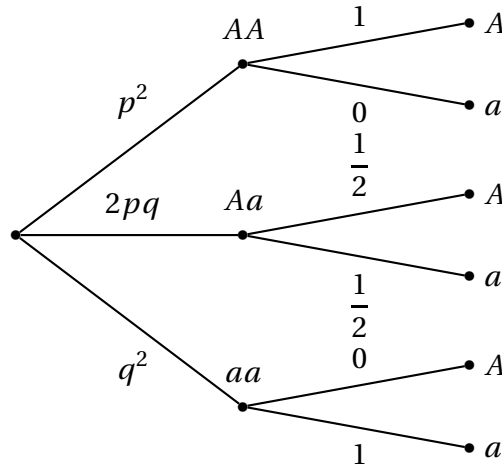
On obtient donc pour l'enfant les probabilités génotypiques suivantes :

- Génotype homozygote  $AA$  avec probabilité  $p^2$
- Génotype homozygote  $aa$  avec probabilité  $q^2$
- Génotype hétérozygote  $Aa$  avec probabilité  $2pq$ .

**Arbre de probabilité :**

**Première branche :** Génotype de l'individu

**Deuxième branche :** Allèle transmis à son enfant



Pour la génération des enfants, la probabilité de transmettre l'allèle :

- $A$  est :  $p^2 \times 1 + 2pq \times \frac{1}{2} + q^2 \times 0 = p^2 + pq = p(p + q) = \boxed{p}$
- $a$  est :  $p^2 \times 0 + 2pq \times \frac{1}{2} + q^2 \times 1 = pq + q^2 = q(p + q) = \boxed{q}$

(cf. arbre pondéré ci-dessus)

On en déduit que les probabilités d'apparition des génotypes  $AA$ ,  $aa$ , et  $Aa$  pour la génération future (celle des petits enfants) seront encore  $p^2$ ,  $q^2$  et  $2pq$  respectivement.

Ainsi, d'après ce modèle, la probabilité d'apparition des différents allèles, (et donc également les probabilités d'apparition des différents génotypes) est-elle **constante au fil des générations**

On devrait donc observer que les fréquences génotypiques dans la population étudiées restent inchangées d'une génération à l'autre.

On dit alors que la population est à **l'équilibre de Hardy Weinberg**.

**I.4 Conditions d'application du modèle**

Le modèle de Hardy Weinberg se fait dans les hypothèses suivantes :

- - La population, est de grande taille, ce qui nous permet d'assimiler les fréquences observées à des probabilités.
- La population est panmictique (les couples se forment au hasard (panmixie), et leurs gamètes se rencontrent au hasard (pangamie)).
- Il n'y a pas de migration ni de mutation : pas d'apparition d'un nouvel allèle possible.
- Il n'y a pas de sélection (un génotype qui serait plus résistant ou moins résistant qu'un autre)
- Les générations sont séparées (pas d'union possible entre individus de générations différentes).

**I.5 Test de conformité au modèle de Hardy-Weinberg.**

**Exemple 1**

L'araignée paon *Maratus volans* est une espèce endémique de l'Australie. L'abdomen des mâles présente des couleurs très vives : bleu, rouge, orange ou jaune, qui attirent les femelles.

Ces dernières sont davantage camourfées.

En 2019, des chercheurs ont montré que les taches noires sont dues à des structures particulières : les « bumps », plus ou moins développés chez les mâles d'une même population.

Des taches noires plus développées permettent un meilleur contraste des couleurs et confèrent un réel avantage sexuel.

Le gène permettant la formation des bumps possède deux allèles *A* et *a* de fréquences respectives *p* et *q*.

Les individus de génotype *AA* sont plus contrastés que les individus *Aa* eux-mêmes plus contrastés que les individus *aa*.

Lors d'un suivi de population, les chercheurs ont mesuré la fréquence de l'allèle *A* au cours du temps (tableau ci-dessus).

Génération	<i>p</i>
1	0,40
2	0,46
3	9,52
4	0,57
5	0,60
6	0,63
7	0,65
8	9,67
9	0,68
10	0,69

Dans l'exemple fourni, on peut voir que la fréquence d'apparition de l'allèle *A* augmente au fil des générations. Le modèle de Hardy-Weinberg ne s'applique pas : on peut en déduire que la sélection sexuelle agit sur la diversité de l'espèce étudiée.

### Exemple 1 (issu de votre manuel)

Dans le document 5 page 217, on analyse les génotypes de 12 387 personnes au Nigéria, pour observer la fréquence d'apparition des allèles HbS et HbA du gène codant la chaîne  $\beta$  de l'hémoglobine.

L'allèle HbS code une chaîne anormale.

Génotype	Nombre d'individus observés
HbS HbS	29
HbA HbS	2993
HbA HbA	12 387

Calculons les fréquences *p* et *q* des allèles HbA et HbS :

- Fréquence de l'allèle HbA :  $p = \frac{2 \times 9365 + 2993}{2 \times 12387} \approx 0,88$
- Fréquence de l'allèle HbS :  $q = \frac{2 \times 29 + 2993}{2 \times 12387} \approx 0,12$

Calculons les effectifs attendus à la génération suivante :

Génotype	HbA HbA	HbA HbS	HbS HbS
Effectif attendu	$p^2 N$	$2pqN$	$q^2 N$
Application numérique	9592	2611	178

Les effectifs mesurés sont très éloignés des effectifs théoriques attendus. En effet, le document explique que le génotype HbS HbS est responsable de la drépanocytose, une pathologie très souvent mortelle. Une sélection naturelle influence donc l'évolution génétique de la population étudiée.