Exercice 1.

1. On considère un gène possédant deux allèles A et $\Delta 32$, avec f(A) = 0.89. Compléter le tableau suivant et vérifier que la structure génétique de la population est conforme aux prédictions du modèle Hardy-Weinberg.

Génotype	(A//A)	$(A//\Delta 32)$	$(\Delta 32//\Delta 32)$	Total
Nombre observé	795	190	15	1000
Nombre théorique				

2. On considère le même gêne que précédemment mais chez des individus infectés avec f(A) = 0,909. Compléter le tableau suivant et vérifier que la structure génétique de la population n'est pas conforme aux prédictions du modèle Hardy-Weinberg.

Génotype	(A//A)	$(A//\Delta 32)$	$(\Delta 32//\Delta 32)$	Total
Nombre observé	1988	440	1	2429
Nombre théorique				

Exerice 2. La drépanocytose est une maladie génétique résultant d'une mutation d'un gène de l'hémoglobine. L'allèle A code pour une hémoglobine saine HbA, tandis que l'allèle S code pour une hémoglobine mutée HbS. Les individus (A//A) et (A//S) ne souffrent pas de la maladie. En revanche, les individus (S//S) sont malades.

Il a été montré que les individus (A//S) présentent une résistance accrue au paludisme. Cela explique que S soit répandu en Afrique, en Inde et dans la péninsule arabique, où le paludisme est lui aussi présent.

Répartition des génotypes en République démocratique du Congo

Génotype	(A//A)	(A//S)	(S//S)	Total
Nombre d'individus	3182	838	96	
Fréquences				

Répartition des génotypes chez les nouveaux nés

Génotype	(A//A)	(A//S)	(S//S)	Total
Nombre de naissances observées	270550	71400	8050	
Nombre de naissances prévu par la modèle				

- 1. Calculer la fréquence de l'allèle S et de l'allèle A en République démocratique du Congo.
- 2. Utiliser l'équilibre de Hardy-Weinberg pour prédire le nombre d'enfants de chaque naissances par an.

Il faut multiplier les fréquences obtenues par 350000 pour obtenir le nombre de naissances par modèle.

3. Comparer le nombre d'enfants réellement malades à la prédiction calculée précédemment.

Exercice 3. Pour lutter contre les moustiques, des insecticides à base de carbamates sont répandus depuis les années 70. Ces insecticides inhibent l'activité d'une enzyme produite par le moustique : l'acétylcholinestérase.

Le gène codant pour cette enzyme existe sous deux formes : les allèles R et S. Des scientifiques supposent que les individus portant l'allèle R sont plus résistants aux carbamates.

En 1980, un échantillonnage a été réalisé dans une population de moustiques exposés à ces insecticides afin d'étudier la structure génétique de cette population. Les résultats de cette étude sont résumés dans le tableau ci-dessous.

Vérifier que la structure génétique de la population n'est pas conforme aux prédictions du modèle de Hardy-Weinberg et expliquer cet écart.

Génotype	(R//R)	(R//S)	(S//S)	Total
Occurences	90	284	70	444

Il faut appliquer une méthode analogue à l'exercice précédent. Calculer les fréquences des génotypes puis la fréquence des allèles puis calculer ce qui se passe à la génération suivante.

Exercice 4. La phénylcétonurie est une maladie génétique rare. Elle est due à un défaut porté par un allèle a récessif (c'est-à-dire que cet allèle ne s'exprime pas si l'autre chromosome homologue possède le caractère A dit dominant).

La maladie apparaît uniquement à l'état homozygote (a//a), mais un sujet non malade hétérozygote (c'est-à-dire ayant pour génotype (A//a) peut être porteur du gène défectueux.

Dans la population, la fréquence de l'allèle a est $\frac{1}{100}$.

En supposant que la population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg pour ce gène,

- 1. Calculer la proportion de sujets atteints par la phénylcétonurie;
- 2. Calculer la proportion de porteurs de l'allèle défectueux mais non atteints par la maladie.

Exerice 5. La mucoviscidose est une maladie qui frappe 1 enfant sur 2500.

L'étude de sa transmission a montré qu'elle est due à l'état homozygote (a//a) d'un certain gène. Les individus hétérozygotes (A//a) sont sains et il est même impossible de détecter chez eux l'allèle pathogène. On suppose que la population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg pour ce gène.

- 1. Calculer la fréquence de l'allèle pathogène.
- 2. Calculer la proportion de personnes qui portent un allèle a sans être atteintes par la maladie.