Fiche TD 4
Génétique des populations

Exercice1

En considérant un taux de mutation de 10^{-5} par gamète et par génération, quel sera le changement de fréquence observé: a) au terme de 1000 générations, pour un allèle A1 fixé au départ b) au terme de 2000 générations, pour une fréquence initiale de A1 de 0,5 c) au terme de 10000 générations, pour une fréquence initiale de A1 de 0,1. Qu'en concluez-vous

SOLUTION

$$p_{n+x} = p_n(1-\mu)^x$$

- A la génération 1000 pour p_n =1 ; $p_{1000} = 1(1-10^{-5})^{1000} = 0.99$
- A la génération 2000 pour p_n =0.5 ; $p_{2000} = 0.5\ (1-10^{-5})^{2000} = 0.49$
- A la génération 10000 pour p_n =0.1 ; $p_{1000} = 0.1\ (1-10^{-5})^{10000} = 0.099$

Conséquences: La mutation seule aura un faible impact sur les populations car il faut un grand nombre de générations pour que les changements soient détectables, Cependant, les mutations sont un facteur important car elles créent de la variabilité En combinaison avec un autre facteur (comme la sélection), la fréquence de l'allèle muté peut se maintenir (voire s'accroître ! cas des résistances aux insecticides)

Exercice 2 Soit un locus polymorphe à deux allèles. En considérant des taux de mutation de l'ordre de 10^{-5} et 10^{-6} (mutation réverse), quelles seront les fréquences d'équilibre de ces deux allèles ?

$$A1 \underset{v}{\overset{\mu}{\rightleftarrows}} A2$$

$u = 10^{-5}$, $v=10^{-6}$

$$p_{i+1} = (1-u)\ pi + v\ qi \text{ et } q_{i+1} = (1-v)\ qi + u\ pi.$$

$$\Delta p = p_{i+1} - pi = (1-u)\ pi + v\ qi - pi \text{ d'où } \Delta p = v - (u+v)\ pi$$

$$\text{A l'équilibre } \Delta p = 0 \text{ et } p_e = v/(u+v)$$

pe = $10^{-6} / 10^{-5} + 10^{-6}$ = 0,9 0

Exercice 3 Supposons qu'à chaque génération, une population comporte 5% d'immigrants. La fréquence initiale p_n d'un gène est égale à 0,3 avant l'immigration. La fréquence de ce gène parmi les immigrants est 0,7. Déterminer la fréquence génique p de ce gène dans la population mélangée après immigration. Si la fréquence chez les immigrants était de 0,4, quelle pression d'immigration déterminerait la même valeur p que précédemment ?

SOLUTION

$$p_{n+1} = (1-m)p_n + mP = p_n + m\,(P- p_n)$$

pour p= 0.3, P= 0.7 et m= 0.05

$$p_{n+1}= 0.3+ 0.05\,(0.7- 0.3) = 0.32$$

$$\Delta p = p_{n+1}- p_n = m\,(P- p_n) = 0.05\,(0.4)= 0.02$$

Si la fréquence chez les immigrant = 0.4

$$p_{n+1}= 0.3+ 0.05\,(0.4- 0.3) = 0.305$$

$$\Delta p = 0.305-0.3 =0.05\,(0.1) = 0.005$$

Exercice 4 Quelle est la probabilité de perte d'un allèle de fréquence 0,05 en une seule génération, pour une population ayant pour effectif 50 individus ?

Solution

La probabilité qu'un échantillon contienne i allèles de type A est donnée par l'équation dite de la loi binomiale:

$$P\,(i) = \frac{(2N)!}{i!(2N-i)!}p^i q^{2N-i}$$

$$P\,(i=0) = \frac{(100)!}{0!(100-0)!}0.05^0 0.95^{100} =$$

$$P\,(i=o) = (0.95)^{100} = 0.00592 = 5.92.\ 10^{-3}$$

Exercice 5

Dans une population de plante *(P. cuspidata*), deux allèles sont identifiés pour le gène de la phosphoglucomutase-2 (Pgm-2^a) et (Pgm-2^b). Dans un échantillon de 35 individus consanguins, le chercheur (Levin 1978) a trouvé: 15 individus Pgm-2^aPgm-2^a, 6 Pgm-2^a Pgm-2^b et 14 Pgm-2^bPgm-2^b. Le chercheur a estimé le coefficient de consanguinité à 0,64

a) estimez les fréquences alléliques

b) les fréquences attendues des génotypes et les effectifs attendus

c) Faites le test de conformité avec le modèle de consanguinité

Solution

a) Estimation des fréquences alléliques
Pgm-2^{a} = 30+ 6/70 = 0.514
Pgm-2^{b} = 1- 0.514 = 0.486

b) Estimation des fréquences génotypiques attendues

AA (P)= p^2 (1-F) + pF
Q (aa) = q^2 (1-F) + qF
H (Aa) = 2pq – pqF =

Pgm-2^{a}Pgm-2^{a} = $(0.514)^2$ (1-0.64) + (0.514)(0.64) =0.09511056 + 0.32896= 0.424
Pgm-2^{b}Pgm-2^{b} = 2 (0.514) (0.486)- (0.486)(0.514) 0.64 = 0.4996 – 0.1598=0.339
Pgm-2^{a} Pgm-2^{b} = (0.486)(1-0.64) + (0.486)(0.64)= 0.175-0.311= 0.136

Les effectifs attendus

Pgm-2^{a}Pgm-2^{a} $= 0.424 * 35 = 14.84$
Pgm-2^{b}Pgm-2^{b}= 0.339* 35 = 11.89
Pgm-2^{a} Pgm-2^{b}= 0.136* 35= 4.76

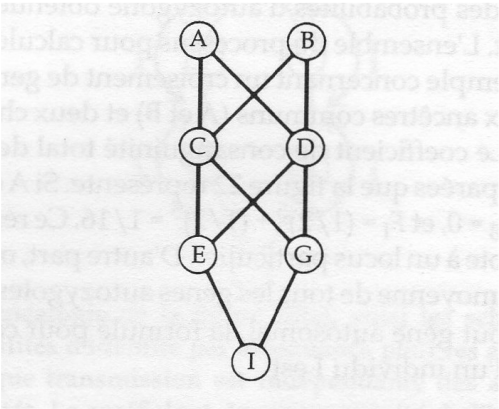
c) Test de conformité

génotype	Effectifs observés	Nombre attendus	$\sum$(o-att)^2/at = X^2
Pgm-2^{a}Pgm-2^{a}	15	14.84	0.00173
Pgm-2^{b}Pgm-2^{b}	14	11.89	0.375
Pgm-2^{a} Pgm-2^{b}	6	4.76	0.3231
total			0.647 = X^2

ddl = 1(nb phénotype- nb allèle) pour p= 0.05 le X^2 = 3.84 ; le X^2 (calculé) = 0.647 très inférieur . On accepte l'hypothèse que la population étudiée est en accord avec le modèle de consanguinité

Exercice 6

La généalogie ci-dessous décrit deux générations de croisements frère-sœur, chez la drosophile. Calculer le coefficient de consanguinité de l'individu I, en supposant qu'aucun des ancêtres communs n'est consanguin



Solution :

1- Le nombre d'ancêtres communs de l'individu I: l'ancêtre D, C, B et A
2- Le nombre de chemins :
   - celui qui mène à l'ancêtre D : G<u>D</u>E.
   - Celui de l'ancêtre C : G<u>C</u>E.
   - Celui de l'ancêtre B en passant par l'ancêtre D : GD<u>B</u>CE.
   - Celui de l'ancêtre B en passant par l'ancêtre C : GC<u>B</u> DE.
   - Celui de l'ancêtre A en passant par l'ancêtre D : GD<u>A</u>CE
   - Celui de l'ancêtre A en passant par l'ancêtre C : GC<u>A</u>CE

Pour 4 ancêtres il y'a 6 chemins

3- calcul du coefficient de consanguinité de l'individu I

$$FI = \sum (1/2)^{i}(1+F_A)$$

- Avec i le nombre d'individu dans cheque chemin
- F_A est l'ancêtre commun dans chaque chemin

$F_I = (1/2)^3(1+F_c) + (1/2)^3(1+F_D) + (1/2)^5(1+F_B) + (1/2)^5(1+F_B)+(1/2)^5(1+F_A)+(1/2)^5(1+F_A)$

Si on suppose que les ancêtres communs ne sont pas consanguins, $F_A = F_D = F_B = F_C = 0$

$F_I = 2\ (1/8) + 4\ (1/32) = 2/8 + 1/8 = 3/8 = 0.37$