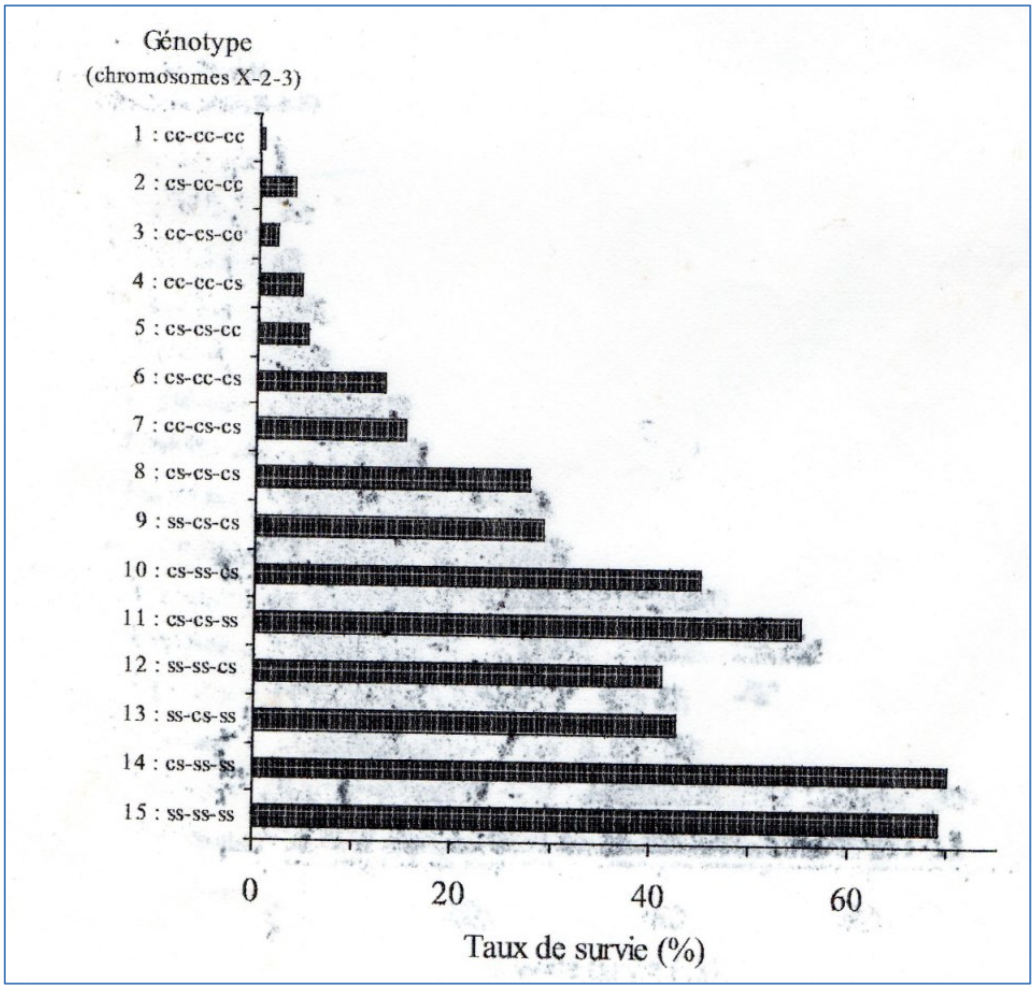
TD 2 partie GQ

Exercice 1

Analyser les résultats d'une expérience réalisée sur la drosophile (Crow 1957). Le caractère étudié est le taux de survie à une certaine dose de DTT. Les individus observés sont ceux de la F2 obtenue après le croisement de parents issus de deux lignées divergeantes, une lignée sélectionnée pendant plusieurs générations pour la résistance au DTT (s) et une lignée de contrôle (c). Dans ces lignées, les chromosomes comportent des suppresseurs de recombinaison et sont porteurs de marqueurs génétiques qui permettent d'identifier la provenance de chaque chromosome chez les individus de la F2.



Solution

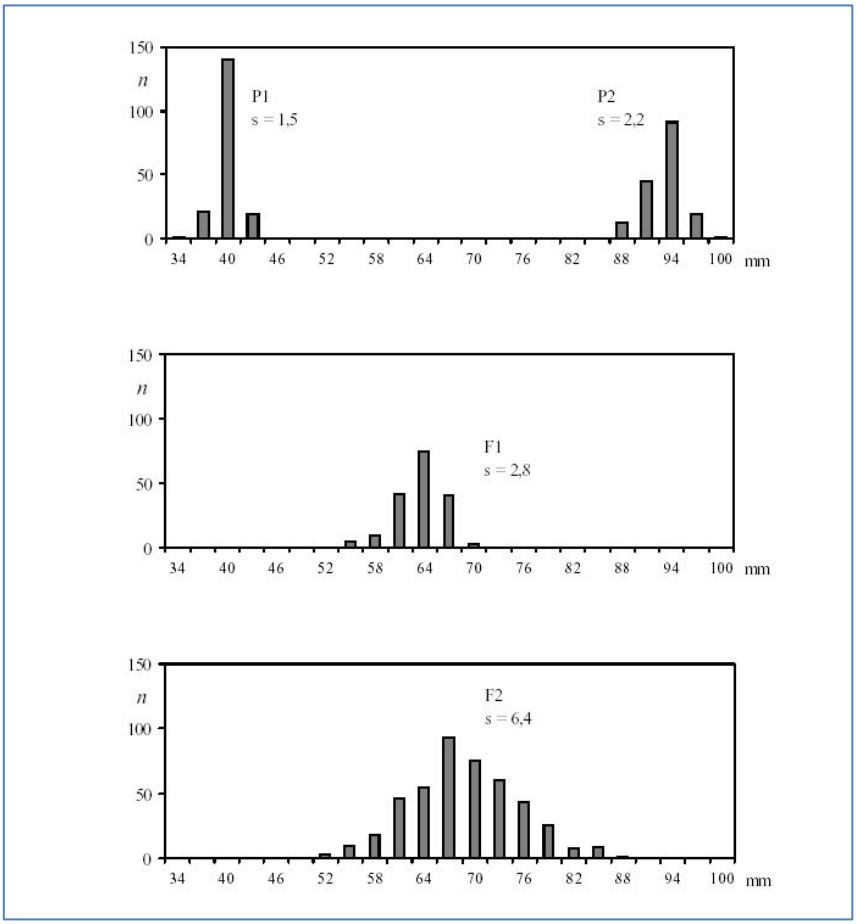
Objectif de l'exo/ **Mise en évidence des facteurs de variation génétique**

Cette figure montre que:

- Les chromosomes contribuent aux variations de résistance au DDT.
- Les locus (au moins trois) sont localisés sur les chromosomes X, 2 et 3.
- Plus la proportion de chromosome provenant de la lignée résistante est importante dans le génome des individus, plus ceux-ci sont résistants.
- Un effet cumulatif est observé, chaque chromosome (locus) contribue à augmenter la résistance au DTT et donc le taux de survie.

Exercice 2

Les résultats d'une expérience de croisement réalisée par East (1916) sont résumés sur la figure suivante. Les parents P1 (s= 1.5mm) et P2 (s= 2.2mm) sont deux lignées consanguines différant par la longueur des fleurs d'une espèce ornementale de tabac. Le croisement de P1et P2 donne la génération F1 (s=2.8mm). Les individus de la F1 sont croisés entre eux et donnent la génération F2 (s= 6.4mm). D'après vous à quoi est due la variabilité phénotypique observée chez les parents et dans la génération F1. Déduisez la variance génétique de la F2



Réponse

- La variabilité phénotypique observée chez les parents de lignée pure (P 1 et P2) et de la F1 est due à l'effet du micro-milieu (effets du milieu non contrôlé) car la variabilité génétique est nulle chez P1 (<u>même génotype</u> « homozygote ») et P2 (<u>même génotype</u> homozygote) et F1 (100% de <u>même génotype</u> hétérozygote) donc variance génotypique = 0.
- Déduisez la variance génétique de la F2

$$(s^2{}_p)\ Vp = Vg\ (s^2{}_g) + Ve\ (s^2{}_e)$$

En supposant que les effets du milieu sont aléatoires, la variance environnementale est la même en F1 et en F2.Sachant que Vg de F1 est nulle donc la variance phénotypique est d'origine strictement environnementale Ainsi

En F2

$$Vp_{F2} = Vg_{F2} + V_{E..}$$

$$Vg_{F2} = (6.4)^2 - (2.8)^2$$

$$Vg_{F2} = 40.96 - 7.84$$

$$V\ g_{F2} = 33.12mm^2$$

Exercice 5 Le rendement en grain chez le mais est mesuré en qtx/ha. L'écart-type phénotypique dans une grande population est de 10. L'écart-type phénotypique dans une lignée totalement consanguine est de 6. Calculer l'héritabilité au sens large du rendement en grain dans la population de maïs ? Expliquez votre raisonnement et soulignez les réserves que ce dernier peut susciter.

Solution

- La variance phénotypique dans la grande population est égale à 100
- La variance de la lignée consanguine est 36

Sous réserve que les conditions de milieu sont les mêmes, nous pouvons déduire que la variance phénotypique de la lignée consanguine est due à l'effet environnementale

- Vp = 36= V_E car la variabilité génétique est nulle chez la lignée consanguine.

Avec cette réserve nous pouvons calculer $H^2 = V_G / V_P$= 100-36/100= 0.64= 64%.

Exercice 6 Les races de lapins Flemish et Himalayan ont des poids moyens respectifs de 3600 g et 1875g. Les descendants issus du croisement entre ces deux races ont un poids moyen intermédiaire, dont l'écart-type est de 162g. En F2 la variabilité est plus grande qu'en F1 comme le montre l'écart-type dont la valeur est de 230g. Estimer le nombre de couples d'allèles intervenant dans le déterminisme de la différence des poids des deux races. Estimer la contribution moyenne de chacun des allèles actifs.

Solution

Parents : Poids moyens respectifs de 3600 g (P1 : lapins Flemish) et 1875g (P2 : Himalayan).
Un poids moyen intermédiaire, dont l'écart-type est de 162g de la descendance (P1XP2)
En F2 : l'écart-type est de 230g.
Estimer le nombre de couples d'allèles

$Var_{PF2} - Var_{PF1}$;= Var_{GF2}. $Var_{GF2} = a^2 N/2 = D^2/8N$.

$N = D^2/8(Var_{PF2} - Var_{PF1})$

D est la valeur numérique de la différence entre les moyennes des deux lignées parentales.

$N = (3600 - 1875)^2 / 8\,(52900 - 26244) = (1725)^2 / 213248 = 2975625 / 213248 = 13.95 = 14$

Estimer la contribution moyenne de chacun des allèles actifs
D est la différence due aux 14 paires d'allèles actifs Si chaque gène a deux allèles actifs, la contribution de chaque allèle est

$a = D/2N$. $a = 1725/28 = 61.60$g