

Exo 23.

A partir d'un couple de cobayes gris à pelage lisse, un éleveur obtient en 4 ans 128 petits :

- 78 gris à pelage lisse,
- 19 gris à pelage rude,
- 26 blancs à pelage lisse
- 5 blancs à pelage rude.

1. Quel était le génotype des parents

La descendance fait apparaître de nouveaux phénotypes, on peut penser que les allèles correspondants appartenaient au patrimoine génétique des parents mais qu'étant récessifs, ils ne s'exprimaient pas. Nous pouvons donc en déduire que chaque parent était hétérozygote pour les deux couples de caractère (G//b ; L//r) en posant G pour gris dominant, b pour blanc récessif, L pour lisse dominant et r pour rude récessif.

2. En supposant que la transmission des caractères gris, blanc, lisse et rude est conforme aux lois de Mendel, quelle aurait dû être la composition de la descendance ?

Les parents étant tous deux hétérozygotes, ils vont former chacun quatre types de gamètes (G/ ; L/), (G/ ; r/), (b/ ; L/), (b/ ; r/). En réalisant un échiquier de croisement, nous obtiendrons donc quatre phénotypes distincts.

Gamètes Gamètes	(G/ ; L/)	(G/ ; r/)	(b/ ; L/)	(b/ ; r/)
(G/ ; L/)	(G//G ; L//L)	(G//G ; L//r)	(G//b ; L//L)	(G//b ; L//r)
(G/ ; r/)	(G//G ; L//r)	(G//G ; r//r)	(G//b ; L//r)	(G//b ; r//r)
(b/ ; L/)	(G//b ; L//L)	(G//b ; L//r)	(b//b ; L//L)	(b//b ; L//r)
(b/ ; r/)	(G//b ; L//r)	(G//b ; r//r)	(b//b ; L//r)	(b//b ; r//r)

L'éleveur aurait dû obtenir :

- 72 (9/16 de 128) cobayes gris à pelage lisse,
- 24 (3/16 de 128) cobayes gris à pelage rude,
- 24 (3/16 de 128) cobayes blancs à pelage lisse,
- 8 (1/16 de 128) cobayes blancs à pelage rude.

3. Vérifiez si cette hypothèse est exacte en utilisant le test du χ^2 .

Si la distribution observée est conforme à la distribution théorique que nous venons de calculer (distribution attendue), nous pourrions en conclure que l'hypothèse est exacte, à savoir que les deux couples de caractère se transmettent bien sur un mode mendélien et que les critères de dominance et de récessivité que nous leur avons attribués sont exacts. Appliquons le test du chi deux :

$$\chi^2 = \frac{(O_{gris/lisse} - A_{gris/lisse})^2}{A_{gris/lisse}} + \frac{(O_{gris/rude} - A_{gris/rude})^2}{A_{gris/rude}} + \frac{(O_{blanc/lisse} - A_{blanc/lisse})^2}{A_{blanc/lisse}} + \frac{(O_{blanc/rude} - A_{blanc/rude})^2}{A_{blanc/rude}}$$

$$= \frac{(78-72)^2}{72} + \frac{(19-24)^2}{24} + \frac{(26-24)^2}{24} + \frac{(5-8)^2}{8} = 2,833$$

Cette valeur étant très inférieure à 7,815 (valeur seuil du χ^2 pour l'étude de quatre caractères), la différence entre les valeurs observées et les valeurs attendues n'est pas significative. L'hypothèse est donc vérifiée.

4. Comment l'éleveur pourra-t-il obtenir une lignée pure de cobayes blancs à pelage rude ?

Les deux caractères étant récessifs, tous les cobayes blancs à pelage rude seront homozygotes pour les deux caractères ($b//b ; r//r$). Il suffira donc à l'éleveur de les croiser entre eux pour conserver une lignée pure.

5. Qu'obtiendrait-on en croisant entre eux des cobayes blancs à pelage lisse ?

Le caractère blanc étant récessif et le caractère lisse dominant, les animaux peuvent présenter le génotype ($b//b ; L//L$) ou le génotype ($b//b ; L//r$).

Trois cas sont donc à envisager, les résultats s'obtenant en construisant à chaque fois l'échiquier de croisement :

$-(b//b ; L//L) \times (b//b ; L//L) \rightarrow 100\%$ de cobayes blancs au pelage lisse possédant le même génotype que les parents ;

$-(b//b ; L//L) \times (b//b ; L//r) \rightarrow 100\%$ de cobayes blancs au pelage lisse, la moitié possédant le même génotype que le premier des parents, l'autre moitié celui du second ;

$-(b//b ; L//r) \times (b//b ; L//r) \rightarrow 75\%$ de cobayes blancs au pelage lisse (25% de génotype ($b//b ; L//L$) et 50 % de génotype ($b//b ; L//r$) et 25 % de cobayes blancs au pelage rude de génotype ($b//b ; r//r$).

Exo 24.

Chez le Rat, les yeux noirs sont dus à l'interaction de deux gènes R et P. Ces gènes sont sur le même chromosome. Des rats homozygotes à yeux noirs (+, +//+, +) sont croisés avec des doubles récessifs (r, p//r, p) et la première génération recroisée avec les doubles récessifs ; on a obtenu : 1255 yeux noirs et 1777 yeux clairs.

Lorsque les individus (+, p//+, p) sont croisés avec des individus (r, +//r, +), et la première génération recroisée avec des doubles récessifs, on obtient 174 yeux noirs et 1540 yeux clairs.

Calculer la fréquence de crossing over entre r et p.

Rappel :

La distance génétique est estimée par le taux de recombinaison qui est égal par définition à la proportion de chromatides recombinés.

La fréquence de recombinaison est un indice de la distance entre les loci.

-Fréquence de recombinaison = % chromatides recombinés = distance

-1% de recombinaison = 1 unité de distance = 1 centiMorgan

Cas d'un caractère « couleur des yeux » contrôlés par deux gènes R et P liés.

La première génération obtenue par croisement entre (+, +//+, +) et (r, p//r, p) donne une F1 homogène hétérozygote (+, +//r, p). Cette F1 est croisée avec des doubles récessifs (=test-cross).

Gamètes Gamètes	(+, +/)	(r, p/)	(+, p/) (recombiné)	(r, +/) (recombiné)
(r, p/)	(+, +//r, p) [noir]	(r, p//r, p) [clair]	(+, p//r, p) [clair]	(r, +//r, p) [clair]

On obtient 1255 yeux noirs ; sur 3032 gamètes produits, il y a donc 1255 x 2 gamètes non-recombinés (1255 [+ , +] et 1255 [r, p]) et 3032 – (1255 x 2) = 522 gamètes recombinés (261 [+ , p] et donc 261 [r, +]).

Fréquence de recombinaison = % chromatides recombinés = 522 / 3032 ~ 0,172 = 17,2% de recombinaison = 17,2 centimorgans (cM).

On vérifie avec le croisement suivant : (+, p//+, p) avec (r, +//r, +) donne (+, p//r, +). Ce dernier croisé avec un double récessif donne :

Gamètes Gamètes	(+, p/)	(r, +/)	(r, p/) (recombiné)	(+, +/) (recombiné)
(r, p/)	(+, p//r, p) [clair]	(r, +//r, p) [clair]	(r, p//r, p) [clair]	(+, +//r, p) [noir]

On observe 174 yeux noirs (+, +//r, p); il y a donc 174 x 2 gamètes recombinés de produits (174 (+, +//r, p) [noir] et donc 174 (r, p//r, p) [clair]) sur 1714 gamètes produits.

Le % de recombinaison est donc (174x2) /1714 = 0,203 = **20,3% de recombinaison**, soit une distance de 20.3 centimorgans (cM).

On estime donc la distance entre **R et P** de **17,2 à 20,3 cM**.

Exo 25.

Le croisement d'une drosophile hétérozygote pour les trois gènes : vg « ailes vestigiales », cn « œil cinnabar », eb « corps ebony » par une souche homozygote récessive pour ces 3 gènes, donne les résultats suivants :

405 (vg cn eb//vg cn eb)

414 (vg+ cn+ eb+//vg cn eb)

51 (vg+ cn eb//vg cn eb)

45 (vg cn+ eb+//vg cn eb)

44 (vg+ cn+ eb//vg cn eb)

31 (vg cn eb+//vg cn eb)

Déterminer la carte factorielle de ces 3 gènes.

Liaison et distances :

vg-cn

P : (vg+, cn+/) et (vg, cn/) = 894

R : (vg+, cn/) et (vg, cn+/) = 96

P > R. Les deux gènes sont liés

d=%R = 51+45 / 990 x 100 = 9,69c.M ~ 9,70 c.M

cn-eb

P : (cn+, eb+/) et (cn, eb/) = 915

R : (cn+, eb/) et (cn, eb+/) = 75

P > R. Les deux gènes sont liés

$d = \%R = \frac{31+44}{990} \times 100 = 7,57 \text{ c.M}$

vg-eb ?

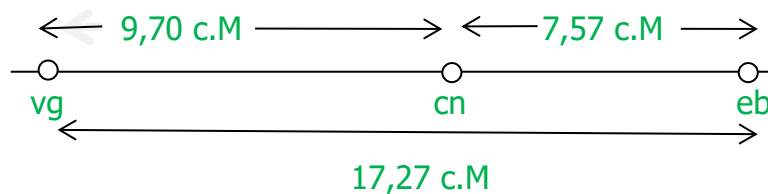
P : (vg+, eb+/) et (vg, eb/) = 819

R : (vg, eb+/) et (vg+, eb/) = 171

P > R. Les deux gènes sont liés

$d = \%R = \frac{44+51+31+45}{990} \times 100 = 17,27 \text{ c.M}$

Carte factorielle



Exo 26.

La biodiversité n'est pas figée dans le temps. L'objectif ici est de savoir si une population évolue ou non. Pour vérifier si une population évolue, il faut déterminer sa composition génétique :

- si la composition génétique change au fil des générations : la population évolue ;
- si elle ne change pas au fil des générations : la population n'évolue pas. On parle alors de l'équilibre Hardy – Weinberg.

Le nom de cette loi (voir doc 3 p 201) vient de :

- Godfrey Harold Hardy (1877 – 1947) : mathématicien anglais
- Wilhelm Weinberg (1862 – 1937) : médecin allemand

Théorie de l'équation Hardy – Weinberg :

Afin de comprendre cette théorie, prenons un exemple : les fleurs pétunias. Ces fleurs sont régulièrement utilisées pour sa facilité de culture et son cycle de vie court. Un gène code pour la couleur des fleurs et possède 2 allèles : R (rouge) et B (blanc). Supposons une population de 500 pétunias répartie comme tel :

- Fleurs à pétales rouges : 320 individus
- Fleurs à pétales roses : 160 individus
- Fleurs à pétales blancs : 20 individus

Cette population est considérée comme la génération parentale, notée F0.

1. Déterminer les 3 génotypes possibles avec ces deux allèles. Pour chaque génotype, indiquer s'il est homozygote ou hétérozygote et indiquer le phénotype associé (*dans ce cas la couleur des fleurs*).

- o (RR) : fleurs rouges : homozygote
- o (BB) : fleurs blanches : homozygote
- o (RB) : fleurs roses : hétérozygote

Fréquence génotypique : fréquence de chaque génotype dans la population.

Ne pas confondre avec : Fréquence allélique : fréquence de chaque allèle dans la population.

$$f(\text{génotype}) = \frac{\text{nombre d'individus de ce génotype}}{\text{nombre total d'individus}}$$

2. Calculer les 3 fréquences génotypiques possibles.

La fréquence de l'allèle R sera noté p \square $f(R) = p$

La fréquence de l'allèle B sera noté q \square $f(B) = q$

$$f(\text{allèle}) = \frac{\text{nombre total de l'allèle donné}}{2 \times \text{nombre total d'individus}}$$

En effet, chaque individu porte 2 allèles.

Ce gène n'ayant que 2 allèles, on sait que **$p + q = 1$**

3. Calculer les fréquences des 2 allèles.

Nous avons déterminé les fréquences génotypiques et alléliques dans la génération parentale (F0), il faut maintenant trouver ces fréquences à la génération suivante (notée F1).

$$f(R) = p = \frac{2 \times 320 + 160}{2 \times 500} = 0.8 \quad f(B) = q = \frac{2 \times 20 + 160}{2 \times 500} = 0.2$$

4. Compléter ce tableau de croisement, en tenant compte des fréquences alléliques :

Chaque gamète a donc 80% de chance de contenir l'allèle R et 20% de chance de contenir l'allèle B.

Gamète femelle Gamète mâle	p (R) = 0.8	q (B) = 0.2
p (R) = 0.8	$f(R//R) = p^2 = 0.8^2 = 0.64$	$f(R//B) = pq = 0.8 \times 0.2 = 0.16$
q (B) = 0.2	$f(R//B) = pq = 0.8 \times 0.2 = 0.16$	$f(B//B) = q^2 = 0.2^2 = 0.04$

5. Indiquer les 3 fréquences génotypiques à la génération F1.

Les fréquences génotypiques obtenues peuvent donc s'écrire ainsi : **$p^2 + q^2 + 2pq = 1$**

- $f(R//R) = p^2 = 0.64$
- $f(B//B) = q^2 = 0.04$
- $f(R//B) = 2 \times pq = 0.32$

6. Vérifier que le total correspond à 1.

$$p^2 + q^2 + 2pq = 0.64 + 0.04 + 0.32 = 1$$

Il faut maintenant calculer les fréquences alléliques à la génération F1.

N'ayant pas le nombre d'individus à la génération F1, on ne peut pas utiliser la formule donnée précédemment (Q3). On peut toutefois déduire les fréquences alléliques à partir des fréquences génotypiques.

Ici, la fréquence de trouver l'allèle R dans la population correspond à la fréquence des individus (RR) et à la moitié des individus (RB).

Ainsi : $f(\mathbf{R})_{F1} = f(\mathbf{RR}) + \frac{1}{2} f(\mathbf{RB})$, de même $f(\mathbf{B})_{F1} = f(\mathbf{BB}) + \frac{1}{2} f(\mathbf{RB})$

7. Calculer les fréquences alléliques de la génération F1.

$$f(\mathbf{R}) = 0.64 + \frac{1}{2} \times 0.32 = 0.8 \qquad f(\mathbf{B}) = 0.04 + \frac{1}{2} \times 0.32 = 0.2$$

8. Comparer les fréquences alléliques et génotypiques de la génération F0 et de la génération F1.

Les fréquences alléliques et génotypiques sont identiques entre les générations F0 et F1.

9. Conclusion : indiquer si cette population évolue pour ce gène.

On peut en conclure que cette population n'évolue pas pour le gène « couleur des pétales ».

Rappel : si les fréquences alléliques sont différentes d'une génération à une autre, la population est en train d'évoluer ; si les fréquences alléliques sont identiques alors la population n'évolue pas.

Conclusion :

Une population qui n'évolue pas respecte l'équilibre de Hardy – Weinberg si :

- la fréquence d'un homozygote est p^2 ;
- la fréquence de l'autre homozygote est q^2 ;
- la fréquence de l'hétérozygote est $2pq$.

Autrement dit, l'équilibre de Hardy – Weinberg est atteint si $p^2 + q^2 + 2pq = 1$.

Une population ne respectant pas cet équilibre est une population qui évolue. Plusieurs mécanismes possibles :

- elle subit des mutations ;
- sélection sexuelle : l'accouplement ne se fait pas au hasard ;
- sélection naturelle : certains allèles sont favorisés par rapport à d'autres ;
- dérive génétique : variation aléatoire de la fréquence allélique, plus la population est petite plus la dérive génétique aura de l'effet ;
- migrations : cela augmente donc les flux génétiques entre populations.

Exo 27.

Un gène qui modifie la vulnérabilité d'une maladie dégénérative du cerveau a deux allèles : A et a. Dans une population, on compte :

- 16 individus avec le génotype (A//A) ;
- 92 individus avec le génotype (A//a) ;

- 12 individus avec le génotype (a//a).

Source : Campbell, 9^{ème} édition, p551

En expliquant et en détaillant votre raisonnement, indiquer si cette population est en évolution.

-Calculer la fréquence de chaque génotype :

Population totale : $16 + 92 + 12 = 120$

$$f(A//A) = 16/120 = 0.13$$

$$f(A//a) = 92/120 = 0.77$$

$$f(a//a) = 12/120 = 0.1$$

Vérification : $0.13 + 0.77 + 0.1 = 1$

Les fréquences génotypiques semblent cohérentes.

-Calculer les fréquences alléliques :

$$f(A) = p = (2 \times 16 + 92) / (2 \times 120) = 0.52 \quad f(a) = q = (2 \times 12 + 92) / (2 \times 120) = 0.48$$

-Calculer les fréquences génotypiques attendues si la population respectait l'équilibre de Hardy – Weinberg (fréquences génotypiques théoriques) :

Une population qui respecte l'équilibre Hardy – Weinberg doit avoir des fréquences génotypiques de la forme : $p^2 + q^2 + 2pq = 1$

- $p^2 = 0.52^2 = 0.27$
- $q^2 = 0.48^2 = 0.23$
- $2pq = 2 \times 0.52 \times 0.48 = 0.50$

-Comparer la fréquence génotypique de la population et la fréquence génotypique théorique :

Les fréquences génotypiques entre la population réelle et les fréquences génotypiques théoriques sont différentes.

-Répondre à la question initiale :

Cette population ne respecte donc pas l'équilibre de Hardy – Weinberg. On peut donc conclure qu'elle est en évolution pour ce gène.