

Problème 1: Evolution génétique d'une population

$$1) \quad \begin{array}{lll} p^2 & 2pq & q^2 \\ \text{adhF-adhF} = 77 & \text{adhF-adhS} = 230 & \text{adhS-adhS} = 173 \end{array}$$

$$\begin{aligned} f(\text{adhF}) &= p^2 + 1/2(2pq) \\ &= 77/480 + 1/2 * 230/480 \\ &= 0.16 + 0.24 \\ &= 0.4 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} f(\text{adhS}) &= 1 - f(\text{adhF}) \\ &= 0.6 \end{aligned}$$

sous H0 (panmixie) =	p^2	$2pq$	q^2
	0.16	0.48	0.36
effectifs :	77	230	173

$$\begin{aligned} X^2 &= (77-77)^2/77 + (230-230)^2/230 + (173-173)^2/173 \\ X^2 &= 0 \end{aligned}$$

$X^2 < \text{au seuil } 3.84$ donc population panmictique au seuil $\alpha = 5 \%$ de se tromper.

2) i) population dans les mêmes conditions :

Système de reproduction par autogamie, fleurs mâles et femelles sur le même pied. On observera une réduction de l'hétérozygotie de 50% à chaque génération, jusqu'à disparition de celle-ci.

t0	FF		FS		SS
t1	FF	FF	FS	SS	SS
	1	0,25	0,5	0,25	1

ii) gaze sur les inflorescences :

Conservation des fréquences car sortie du système de reproduction d'autogamie, comme équilibre de HW, pas d'évolution car panmixie.

fréquences alléliques :

$$\begin{aligned} f(\text{adhF}) &= 0.4 \\ f(\text{adhS}) &= 0.6 \end{aligned}$$

fréquences génotypiques :

$$\begin{aligned} p^2 &= 0.4^2 = 0.16 \\ 2pq &= 0.48 \\ q^2 &= 0.36 \end{aligned}$$

Comme panmixie, pas d'évolution des fréquences génotypiques au cours des générations.

iii) population dans milieu différent :

$$W1 = W(\text{adhF}/\text{adhF}) = 1 - 0.2 = 0.8$$

$$W2 = W(\text{adhF}/\text{adhS}) = 1$$

$$W3 = W(\text{adhS}/\text{adhS}) = 1 - 0.8 = 0.2$$

$$\bar{w} = w1p + w2 \cdot 2pq + w3q = 0.8 \cdot 0.4 + 1 \cdot 2 \cdot 0.4 \cdot 0.6 + 0.2 \cdot 0.6 = 0.32 + 0.48 + 0.12 = 0.92$$

fréquences alléliques :

$$\begin{aligned} f(\text{adhF}) &= (w1 \cdot p + 0.5 \cdot w2 \cdot 2pq) / \bar{w} \\ &= (0.8 \cdot 0.4 + 0.5 \cdot 1 \cdot 0.48) / 0.92 \\ &= 0.61 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} f(\text{adhS}) &= 1 - p \\ &= 1 - 0.61 \\ &= 0.39 \end{aligned}$$

fréquences génotypiques :

$$f(\text{FF}) = p^2 = 0.37$$

$$f(\text{FS}) = 2pq = 2 \cdot 0.61 \cdot 0.39 = 0.48$$

$$f(\text{SS}) = q^2 = 0.15$$

à l'équilibre :

$$P_e = w3 - w2 / (w1 - 2w2 + w3) = 0.2 - 1 / (0.8 - 2 \cdot 1 + 0.2) = 0.8$$

Avantage pour l'allèle adhF car P_e proche de 1.

Problème 2: Consanguinité

3) Le coefficient de consanguinité est la probabilité que 2 gènes homologues d'un individu soient identiques.

4) individu consanguins : P2, P3, M2, M3 et I.

On ne connaît pas les coefs de consanguinité de M1 et P1 et A, f_A sera fixé à 0. (J'ai fait comme dans le TD, même si cela me paraît bizarre de ne pas réutiliser les coefficients (f_a) calculés des parents pour leur descendants. ex : celui de P2 pour son descendant P3)

Pour P2 :

$$f(P2) = (1/2)^{2+1}(1+0) = 0.125$$

Pour M2 :

$$f(M2) = (1/2)^{2+1}(1+0) = 0.125$$

Pour P3 :

chaîne P2-P1-A-M1-M2 et chaîne P2-M1-M2

$$f(P3) = (1/2)^{4+1}(1+0) + (1/2)^{2+1}(1+0) = 0.156$$

Pour M3 :

chaîne P2-P1-A-M1-M2 et chaîne P2-M1-M2

$$f(M3) = (1/2)^{4+1}(1+0) + (1/2)^{2+1}(1+0) = 0.156$$

Pour I :

chaîne P3-P2-P1-A-M1-M2-M3, chaîne P3-P2-M1-M2-M3, chaîne P3-P2-P1-M2-M3, chaîne P3,M2,M3 et chaîne P3-P2-M3

$$f(I) = (1/2)^{6+1}(1+0) + (1/2)^{4+1}(1+0) + (1/2)^{4+1}(1+0) + (1/2)^{2+1}(1+0) + (1/2)^{2+1}(1+0) = 0,1953$$

Problème 3 : Génétique des populations structurées

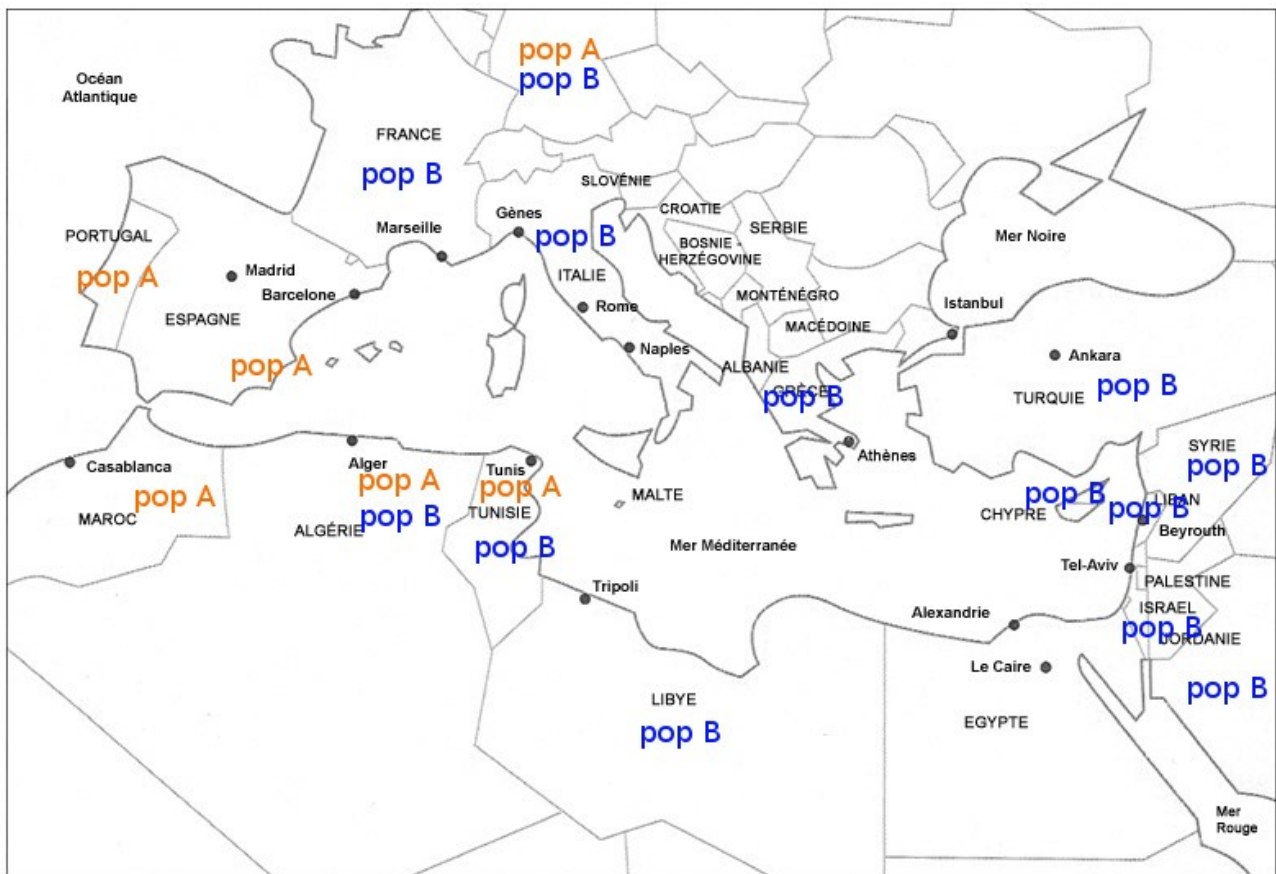
5) La structuration génétique est la classification des populations en fonction de leurs génotypes et de leur fréquences alléliques. Cette classification se fait en clusters.

L'abondance de marqueurs permet une meilleure classification dans les clusters dû à une quantité d'informations plus importante.

La migration influence cette structuration par l'apport d'allèles nouveaux.

6) On ne peut pas être certain de la convergence des chaînes, en revanche il semble que le nombre de clusters ($k=2$) choisis soit celui qui ne présente aucun problème détectable.

7)



On observe une forte présence de la population B dans le Nord et l'Est du bassin méditerranéen. La population A est présente dans l'Ouest méditerranéen.

Un mélange des 2 populations est observable en Algérie, Tunisie et Allemagne, il semble que ce soit une migration de la population A vers ces zones car les proportions de population B sont plus importantes.

Malgré la très forte présence de la population B dans l'Est, on peut voir une pénétrance assez faible de la population A sur cette zone.

8) Le F_{st} est le degré de structuration, il mesure l'écart relatif de l'hétérozygotie des populations à l'équilibre de Hardy-Weinberg. Le F_{st} est à son maximum si diversité dans les populations.

9) Les marqueurs sur la région 150 à 200 pb du chromosome 1 est de l'ordre de 0,6.

$$F_{st} = 1 - H_{obs} / H_{exp}$$

Donc sur cette zone, nous observons une réduction de l'hétérozygotie soit une structuration en sous populations.