

TP révisions 4 correction

IV. Mitose et méiose

2. Génétique formelle et méiose

- Par des observations adéquates, déterminez si les deux gènes de votre série sont liés ou indépendant.

Attention : les résultats sont expérimentaux, et correspondent à un faible échantillonnage ; ils peuvent varier selon les boîtes.

Série 3 : gènes VG et B

- P : phénotypes parentaux (P1 et P2)
- F1 : 100 % [vg+, b+] → vg et b récessifs
- F2 back cross :

	[vg+, b+]	[vg, b+]	[vg+, b]	[vg, b]
comptage	8+11+5+3 = 46 %	0+2+1+1 = 7 %	0+0+1+0 = 2 %	7+6+7+6 = 45 %

Les phénotypes parentaux (double sauvage [vg+, b+] ou double muté [vg, b]) sont très majoritaires et proches de 50 % : on a donc des gènes **liés**, avec un petit pourcentage de crossing over expliquant les rares phénotypes recombinés (7 + 2 = 9% en tout). La distance génétique entre les deux gènes est donc de $9/2 = 4,5$ cM.

Série 2 : gènes VG et EB

- P : phénotypes parentaux (P1 et P2)
- F1 : 100 % [vg+, b+] → vg et eb récessifs
- F2 back cross :

	[vg+, eb+]	[vg, eb+]	[vg+, eb]	[vg, eb]
comptage	13 22 %	17 29 %	14 24 %	14 24 %

Les 4 phénotypes ont des fréquences peu différentes de 25 %, l'interprétation la plus probable est donc que les gènes sont **indépendants**. Cependant, il est également possible qu'ils soient **liés**, mais suffisamment éloignés l'un de l'autre sur le chromosome pour qu'ils soient séparés en moyenne une fois sur deux par des crossing overs multiples.

VI. Construire une phylogénie par phénétique (UPGMA)

- Construisez l'arbre phylogénétique correspondant aux 7 espèces considérées.

On définit le groupe G1 (maïs + blé), correspondant à **la plus petite distance** (10,8%). On construit une nouvelle matrice, où les valeurs de distance sont recalculées par rapport au groupe G1 par moyenne arithmétique des valeurs correspondant à chacun des deux membres du groupe.

	G1	agame	ét. d. mer	humain	poisson	poulet
G1		40,7	37,25	40,35	39,2	41,55
agame			35,8	22,4	26,5	18,3
ét. d. mer				34,1	31	34,6
humain					27,5	21,3
poisson						27,4
poulet						

min = 18,3

G2=poulet+agame

Et ainsi de suite...

	G1	G2	ét. d. mer	humain	poisson
G1		41,13	37,25	40,35	39,2
G2			35,2	21,85	26,95
ét. d. mer				34,1	31
humain					27,5
poisson					

min = 21,85

G3=Humain+G2

	G1	G3	ét. d. mer	poisson
G1		40,74	37,25	39,2
G3			34,65	27,23
ét. d. mer				31
poisson				

min = 27,23

G4=poisson+G3

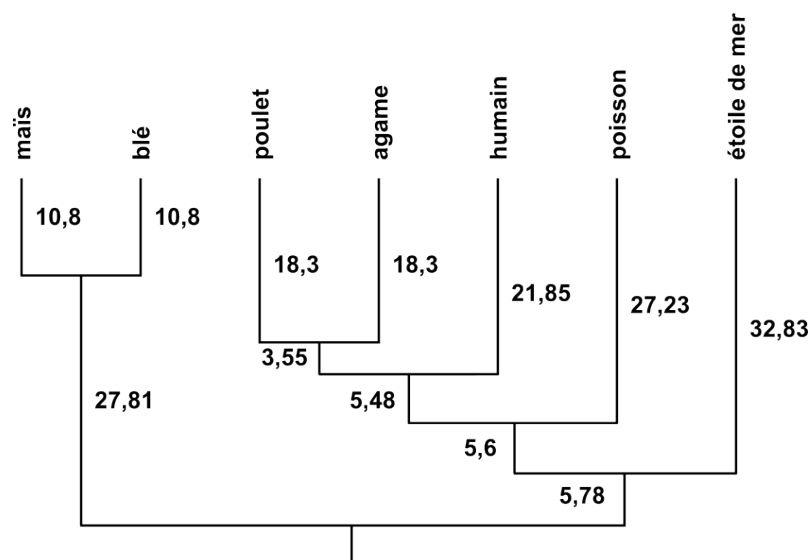
	G1	G4	ét. d. mer
G1		39,97	37,25
G4			32,83
ét. d. mer			

min = 32,83

G5=et. de mer+G4

	G1	G5
G1		38,61
G5		

On en déduit l'arbre phylogénétique, à l'échelle, avec distances génétiques indiquées :



NB : la notion de *distance génétique* désigne ici le taux de différences (exprimé en pourcentage) entre deux séquences, et non l'éloignement entre deux gènes (exprimé en cM) sur un chromosome (cf. IV.).

➤ Critiquez l'arbre obtenu.

Cette méthode part du principe que les vitesses d'évolution sont linéaires (i.e. sont les mêmes chez tous les groupes), ce qui n'est pas forcément vrai. De plus, elle ne peut pas détecter les réversions ($A \rightarrow T \rightarrow A$), qui passent pour une conservation, et on minimise donc les distances.