

# Génétique des Populations & Adaptation des Plantes

Julie Fievet – MC AgroParisTech

IDEEV / GQE Le Moulon

[julie.fievet@agroparistech.fr](mailto:julie.fievet@agroparistech.fr)

(si vous me contactez par email => merci d'indiquer L2Villebon en objet du message)

# Emploi du temps

---

## 1/ Remise en jambe en génétique – mardi 29 mars 10h30-12h

- ⇒ Définitions gènes, allèles fréquence
- ⇒ Homozygotes/hétérozygotes/dominance/récessivité/additivité
- ⇒ Lois de Mendel

DM1 à envoyer le 3 avril

## 2/ Principaux régimes de reproduction sexuée – mardi 5 avril 10h30-12h

- ⇒ allogamie/autogamie
- ⇒ Homogamie/hétérogamie

DM2 à envoyer le 10 avril

## 3/ Pressions évolutives dans les populations – mardi 12 avril 11h-12h30

- ⇒ Mutation / dérive / sélection

DM3 à envoyer le 17 avril

Cours de Loïc Rajjou  
Mercredi 13 avril 9h-12h30

## 4/ Polymorphisme, Domestication et Sélection – mardi 19 avril 10h30-12h

- ⇒ Le polymorphisme comme moteur de sélection
- ⇒ Domestication des plantes cultivées
- ⇒ Introduction à la génétique quantitative

## 5/ Adaptation des plantes à l'environnement – mardi 26 avril 10h30-12h

- ⇒ Interaction plantes / microbiome
- ⇒ Dépollution des sols par les plantes

### EXAMEN écrit le 10 mai à 10h30

1h – Génétique Julie Fievet  
30min – Biologie Loïc Rajjou

Note finale =  $\frac{1}{3}$  Loïc +  $\frac{2}{3}$  Julie

Julie =  $0,2$  DM1 +  $0,15$  DM2 +  $0,15$  DM3 +  $0,5$  EE

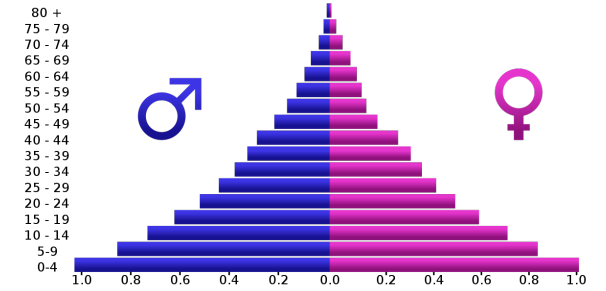
Loïc =  $1$  EE

# Attendus du cours 1 - Notions élémentaires de génétique des populations

---

- **Connaissances** : définitions des notions élémentaires de génétique (gène, allèle, fréquence, génotype, phénotype, homozygote, hétérozygote, additivité, dominance, épistasie, lignées, hybrides, populations, haploïde, gamète), la recombinaison gamétique, les 3 lois de Mendel
  
- **Compétences** : savoir lire un énoncé de génétique des populations, savoir calculer les fréquences alléliques et génotypiques dans une population

# De quoi va-t-on parler ?



1 descendant =  
1 gamète male + 1 gamète femelle

Pourquoi sommes nous tous différents ..... Tout en ressemblant à nos parents ?



Un même génotype ?

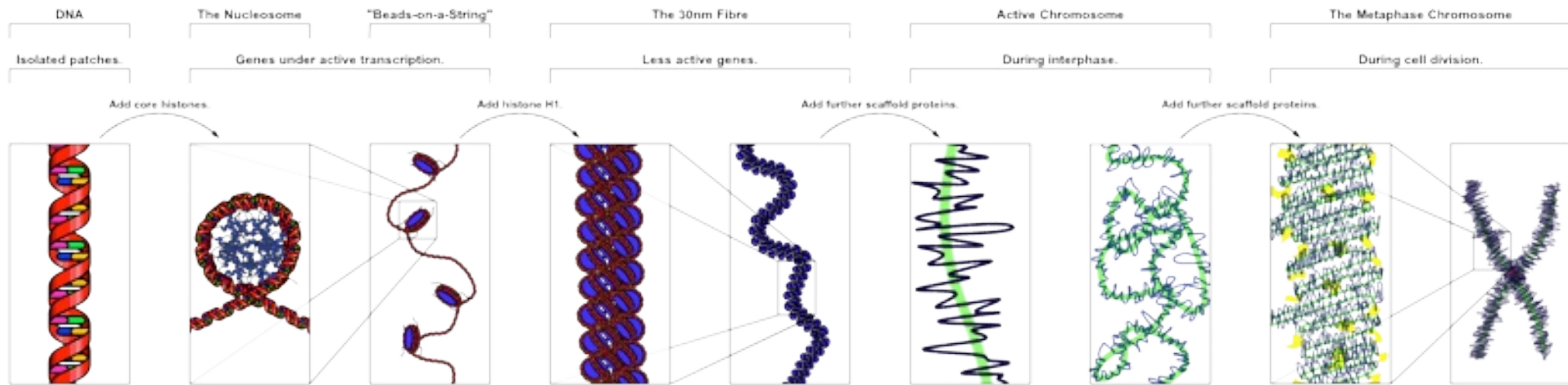


Un même environnement ?



Pourquoi suis – je plus grand  
que mes parents ?

# L'ADN support de l'hérédité



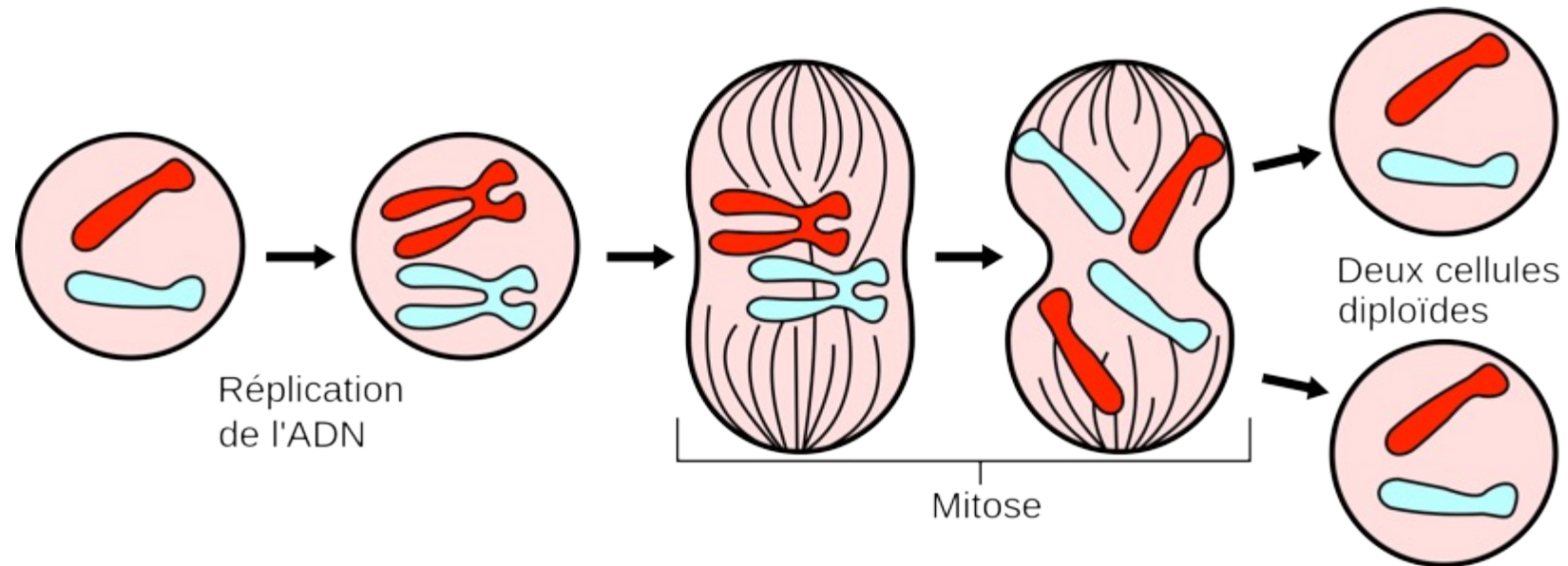
Structure en double hélice -> forte condensation en chromosomes au moment de la méiose

# Les divisions cellulaires : la mitose

---

**La mitose** : une cellule diploïde => 2 cellules diploïdes

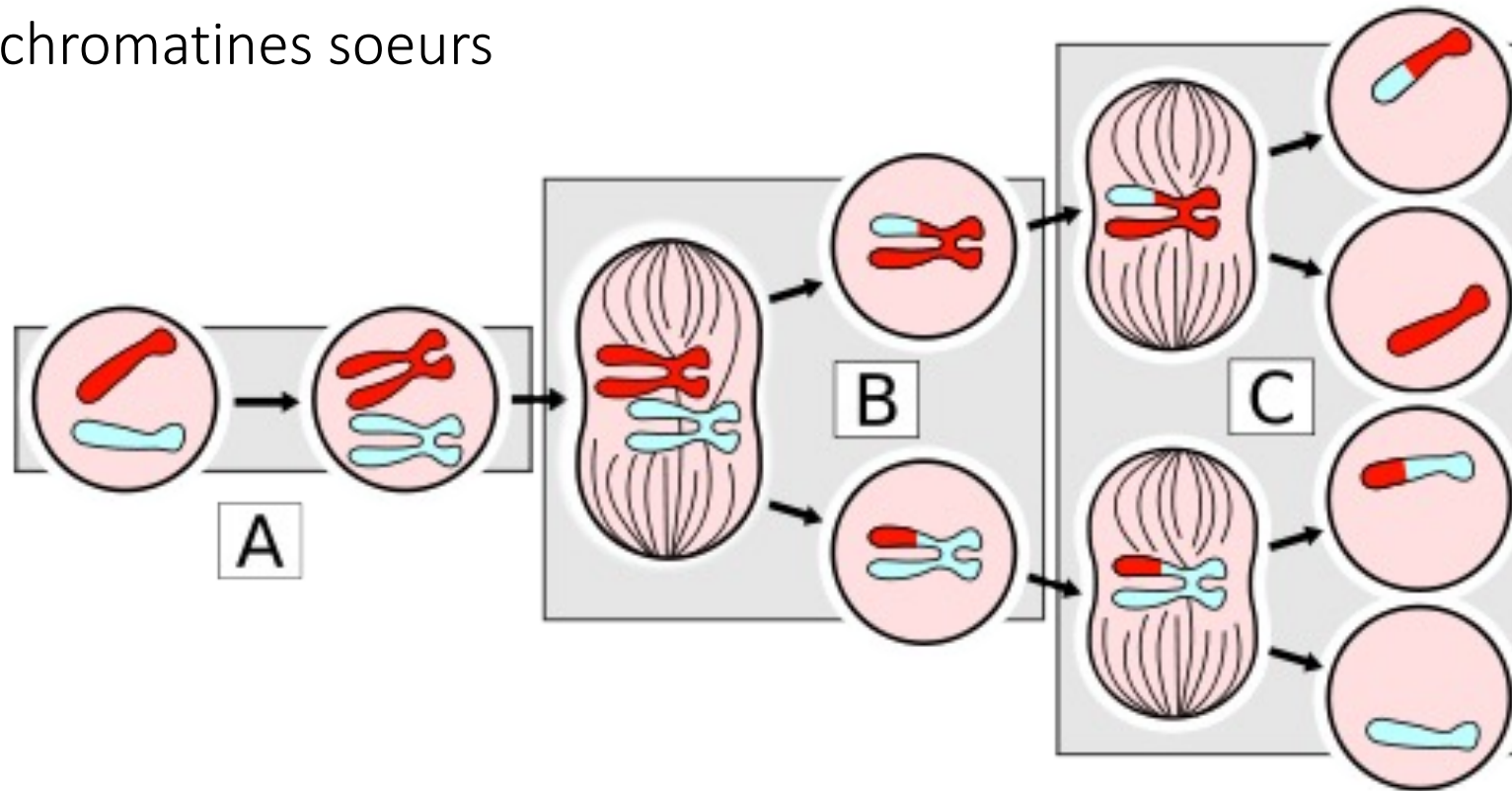
- doublement de la quantité d'ADN
- réplication *conforme* de la séquence



# Les divisions cellulaires : la méiose

La méiose : une cellule diploïde => 4 gamètes haploïdes

- doublement de la quantité d'ADN (réplication *conforme* de la séquence)
- association des chromosomes homologues dans le plan => **crossing-over**
- séparation des homologues
- séparation des chromatines soeurs



# Gène Génotype Allèles Polymorphe Homozygote Hétérozygote

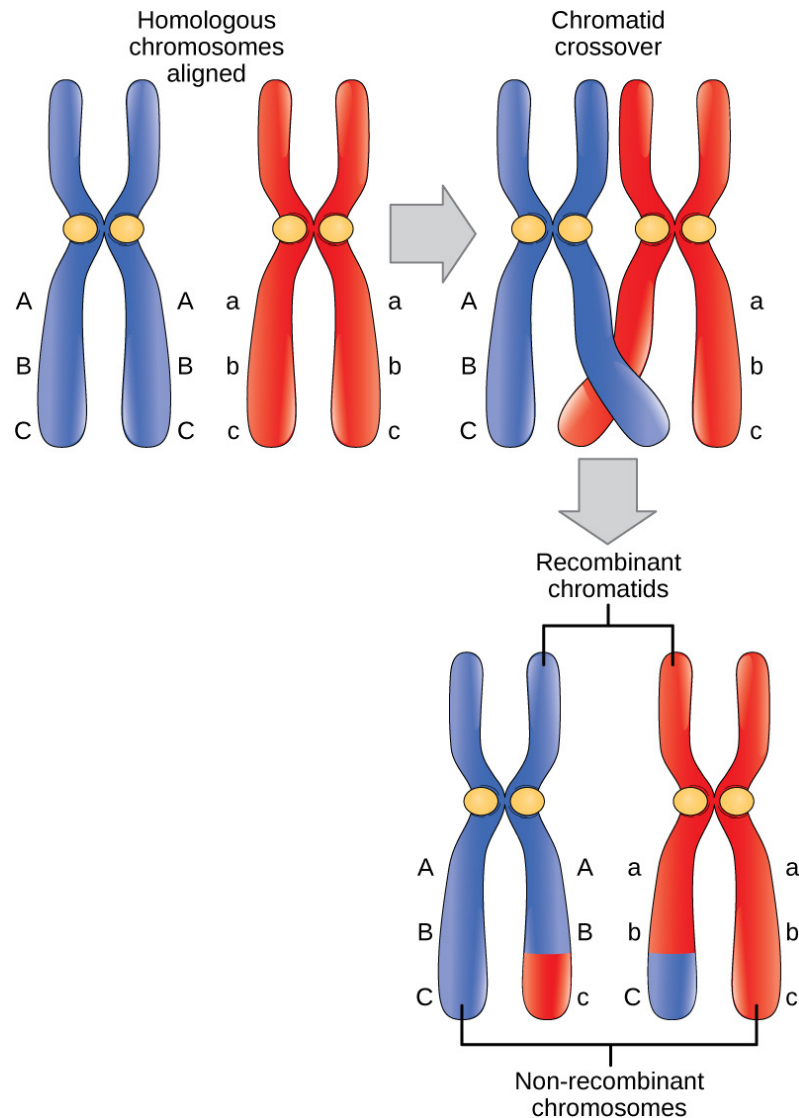
---

- **un locus** : une position sur la molécule d'ADN que ce soit une base ou un gène
  - par exemple: le gène A
- **un gène** : une position sur la molécule d'ADN que ce soit une base ou un gène
  - par exemple: le gène A
- **un allèle** : la forme d'un gène ou plus généralement d'un locus
  - par exemple: les allèles A1 et A2 du gène A
  - Si il existe plusieurs allèles pour un locus, on dit que c'est un **locus polymorphe**
- **le génotype d'un individu** : ensemble des informations génétique d'un individu
  - le génotype à un locus = les allèles portés par cet individus au locus considéré

Pour les organismes diploïdes, chaque locus va être présent en 2 copies qui peuvent être identiques (**homozygote**, A1A1 ou A2A2) à ou différentes (**hétérozygote**, A1A2)



# Transmission entre génération : les gamètes => recombinaison



On oublie le terme *Brassage*,  
on parle de **Recombinaison**

- ❖ La recombinaison n'est visible que si les deux chromosomes portent des allèles différents (A / B et a/b par exemple)
- ❖ Plus des locus sont éloignés, plus il y a des chances d'avoir une recombinaison
- ⇒ La probabilité de recombinaison est une mesure de la distance entre deux locus
- ⇒ C'est la **distance génétique**

# Fréquences alléliques et génotypiques

---

Structure génotypique en un locus :

Énumération et proportions relatives des différents génotypes possibles en un locus

Génotypes	<i>AA</i>	<i>Aa</i>	<i>aa</i>	Total
Effectifs	25	12	17	54

# Calcul de la fréquence génotypique

---

$$f(G_{A_iA_j}) = \frac{n_{A_iA_j}}{N}$$

avec :  $f(G_{A_iA_j})$  : fréquence des individus ayant le génotype  $A_iA_j$

$n_{A_iA_j}$  : nombre d'individus ayant ce génotype

$N$  : nombre total d'individus de la population

# Calcul de la fréquence génotypique

---

Génotypes	AA	Aa	aa	Total
Effectifs	25	12	17	54

Fréquence du génotype AA dans la pop. =  $f(AA) = 25/54 = 0.462963$

Fréquence du génotype Aa dans la pop. =  $f(Aa) = 12/54 = 0.222222$

Fréquence du génotype aa dans la pop. =  $f(aa) = 17/54 = 0.314815$

$$\left. \begin{array}{l} \\ \\ \end{array} \right\} \sum = 1$$

$$f(AA) = 25/54 = 0.463$$

$$f(Aa) = 12/54 = 0.222$$

$$f(aa) = 17/54 = 0.315$$

$$\left. \begin{array}{l} \\ \\ \end{array} \right\} \sum = 1$$

# Calcul de la fréquence allélique

Structure allélique en un locus :

Enumération et proportions relatives des différents allèles possibles en un locus

Allèles :  $A_1, A_2, \dots, A_i, \dots, A_k$

Fréquences alléliques :  $p_1, p_2, \dots, p_i, \dots, p_k$

$$\sum_{i=1}^k p_i = 1$$

$$f(A_i) = p_i = \frac{2n_{A_i A_i} + \sum_{j \neq i} n_{A_i A_j}}{2N} = \underbrace{f(G_{A_i A_i})}_{\substack{\text{fréq.} \\ \text{homozygotes} \\ A_i A_i}} + \underbrace{\frac{1}{2} \sum_{j \neq i} (G_{A_i A_j})}_{\substack{+ \quad \frac{1}{2} \text{ fréq. des} \\ \text{hétérozygotes ayant} \\ \text{l'allèle } A_i}}$$

# Calcul de la fréquence allélique

---

$$f(A_i) = p_i = \frac{2n_{A_iA_i} + \sum_{j \neq i} n_{A_iA_j}}{2N} = \underbrace{f(G_{A_iA_i})}_{\text{fréq. homozygotes}} + \frac{1}{2} \sum_{j \neq i} \underbrace{(G_{A_iA_j})}_{\frac{1}{2} \text{ fréq. des hétérozygotes}}$$

Génotypes	AA	Aa	aa	Total
Effectifs	25	12	17	54

# Calcul de la fréquence allélique

$$f(A_i) = p_i = \frac{2n_{A_iA_i} + \sum_{j \neq i} n_{A_iA_j}}{2N} = \underbrace{f(G_{A_iA_i})}_{\text{fréq. homozygotes}} + \frac{1}{2} \sum_{j \neq i} \underbrace{(G_{A_iA_j})}_{\frac{1}{2} \text{ fréq. des hétérozygotes}}$$

Génotypes	AA	Aa	aa	Total
Effectifs	25	12	17	54

Fréquence de l'allèle A =  $f(A) = (2 \cdot 25 + 12) / 2 \cdot 54 = 62 / 108 = 0,574074$

Fréquence de l'allèle A =  $f(A) = 0,463 + \frac{1}{2} \cdot 0,222 = \underline{0,574}$

Fréquence de l'allèle a =  $f(a) = (2 \cdot 17 + 12) / 2 \cdot 54 = 46 / 108 = 0,425814$

Fréquence de l'allèle a =  $f(a) = 0,315 + \frac{1}{2} \cdot 0,222 = \underline{0,426}$

$$\sum = 1$$

# Exercice – Calcul des fréquences génotypiques et alléliques

*Decodon verticillatus* (Lythraceae) est une plante aquatique d'Amérique du nord.

Eckert & Barrett (1993) ont étudié sa structure génétique (dans plusieurs populations) pour le locus *Acp* (phosphatase acide), qui comporte 3 allèles dans la population considérée :



Génotypes	<i>AA</i>	<i>AB</i>	<i>BB</i>	<i>AC</i>	<i>BC</i>	<i>CC</i>	Total
Effectifs	5	22	24	9	16	7	83

Source: Eckert, C.G., & S.C.H. Barrett, 1993. *Am. J. Bot.* 80(10): 1175-1182.

*Calculez les fréquences alléliques et génotypiques*



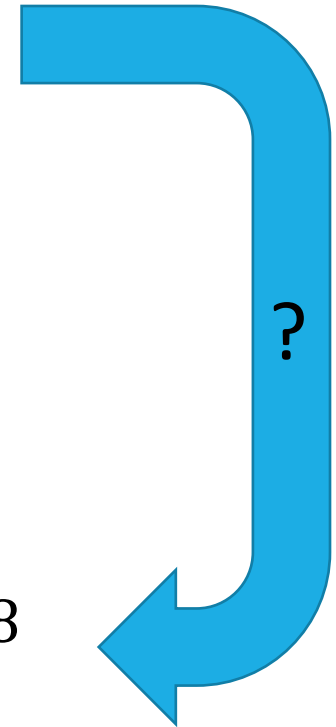
# Exercice – Calcul des fréquences génotypiques et alléliques

Génotypes	<b>AA</b>	<b>AB</b>	<b>BB</b>	<b>AC</b>	<b>BC</b>	<b>CC</b>	<b>Total</b>
Effectifs	5	22	24	9	16	7	83
Fréquences génotypiques	5/83	22/83	24/83	9/83	16/83	7/83	83/83
Fréquences génotypiques	0.06	0.265	0.289	0.108	0.193	0.084	1

$$f(A) = \frac{\text{nombre allèles } A}{\text{nombre total d'allèles}} = \frac{2 \times 5 + 22 + 9}{2 \times 83} = \frac{41}{166} \approx 0,247$$

$$f(B) = \frac{\text{nombre allèles } B}{\text{nombre total d'allèles}} = \frac{2 \times 24 + 22 + 16}{2 \times 83} = \frac{86}{166} \approx 0,518$$

$$f(C) = \frac{\text{nombre allèles } C}{\text{nombre total d'allèles}} = \frac{2 \times 7 + 9 + 16}{2 \times 83} = \frac{39}{166} \approx 0,235$$



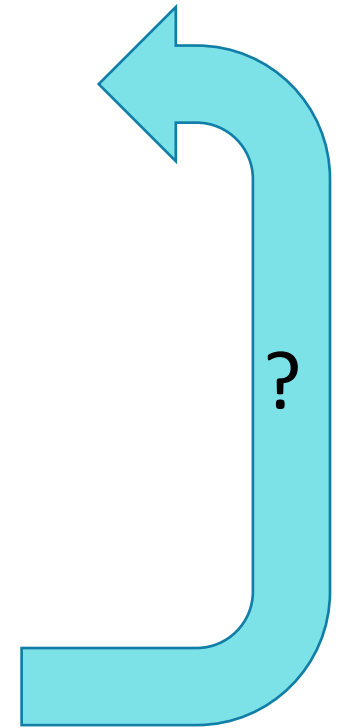
# Exercice – Calcul des fréquences génotypiques et alléliques

Génotypes	<b>AA</b>	<b>AB</b>	<b>BB</b>	<b>AC</b>	<b>BC</b>	<b>CC</b>	<b>Total</b>
Effectifs	5	22	24	9	16	7	83
Fréquences génotypiques	5/83	22/83	24/83	9/83	16/83	7/83	83/83
Fréquences génotypiques	0.06	0.265	0.289	0.109	0.193	0.084	1

$$f(A) = \frac{\text{nombre allèles } A}{\text{nombre total d'allèles}} = \frac{2 \times 5 + 22 + 9}{2 \times 83} = \frac{41}{166} \approx 0,247$$

$$f(B) = \frac{\text{nombre allèles } B}{\text{nombre total d'allèles}} = \frac{2 \times 24 + 22 + 16}{2 \times 83} = \frac{86}{166} \approx 0,518$$

$$f(C) = \frac{\text{nombre allèles } C}{\text{nombre total d'allèles}} = \frac{2 \times 7 + 9 + 16}{2 \times 83} = \frac{39}{166} \approx 0,235$$



# Fréquences alléliques => Fréquences génotypiques ?

---

	<b>AA</b>	<b>Aa</b>	<b>aa</b>	(Effectif total)
Population 1 :	28	24	48	(100)
Population 2 :	16	48	36	(100)
Population 3 :	40	0	60	(100)
Population 4 :	0	80	20	(100)

# Lignées Hybrides Clones Population

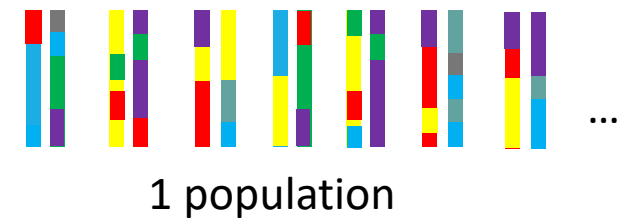
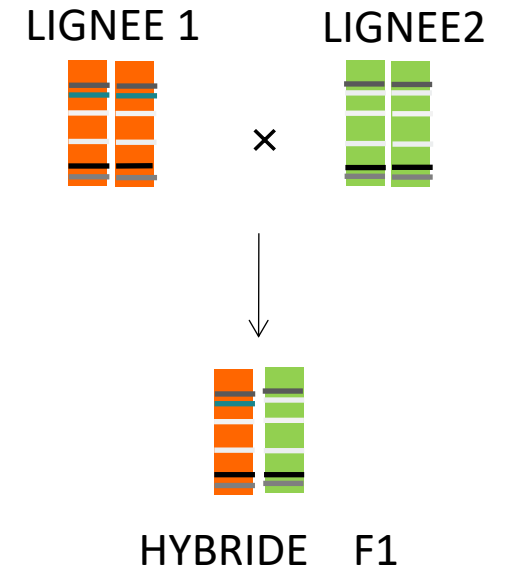
---

Un clone est une type de reproduction qui conduit à des individus **génétiquement identiques** à la plante mère

Une **lignée** (parfois appelée lignée pure) est un individu homozygote à tous les locus, on le dit **100% homozygote**

Un **hybride F1** est un individu issu du croisement entre deux lignées pures, il est donc hétérozygote zygote à tous les locus, on le dit **100% hétérozygote**

Une **population** est un ensemble d'individus qui **partagent un certain nombre d'allèles**, ce sont des mosaïques de différents génomes ancestraux

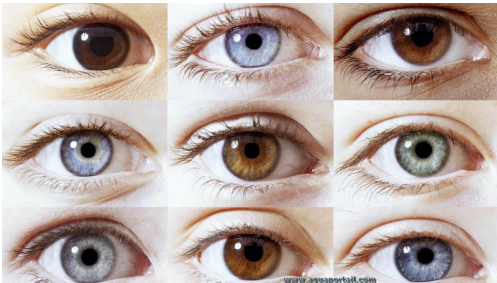


# Phénotype

---

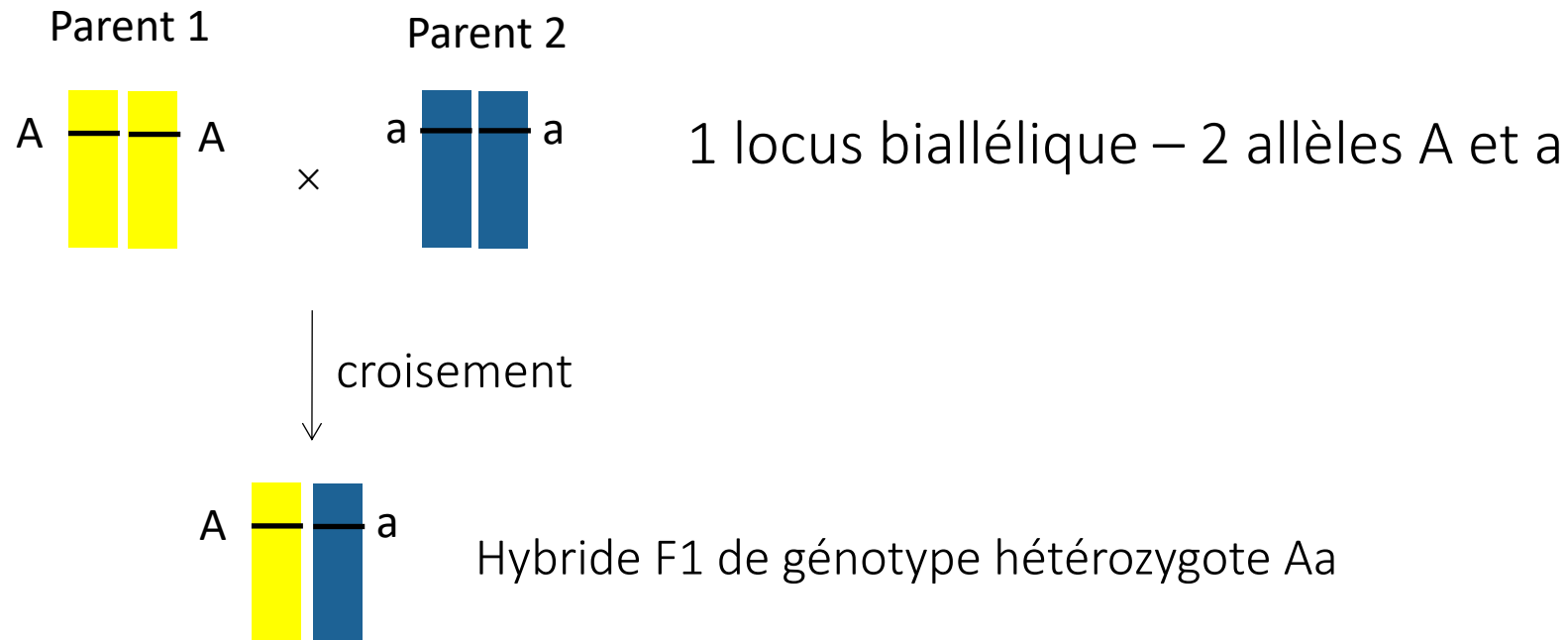
**Le phénotype** : ensemble des caractères observables chez un individu – c'est l'expression du génotype dans un environnement donné. Il peut être **qualitatif** (couleur des yeux, groupe sanguin, résistance à un pathogène, etc.) ou **quantitatif**, c'est-à-dire que je peux le mesurer (la hauteur, le poids, la quantité de lait produite, etc.).

Le phénotype dépend-il de l'environnement dans lequel l'individu se développe ?



# Additivité & Dominance

---



Si le phénotype de l'hybride est **jaune** alors l'allèle **A** est dominant sur l'allèle **a**

Si le phénotype de l'hybride est **bleu** alors l'allèle **a** est dominant sur l'allèle **A**

Si le phénotype de l'hybride est **vert** alors les allèles **A** et **a** sont co-dominants et le phénotype est additif, les 2 allèles s'expriment en proportions égales

# Additivité & Dominances

Pour des **caractères qualitatifs** (pas de mesure)

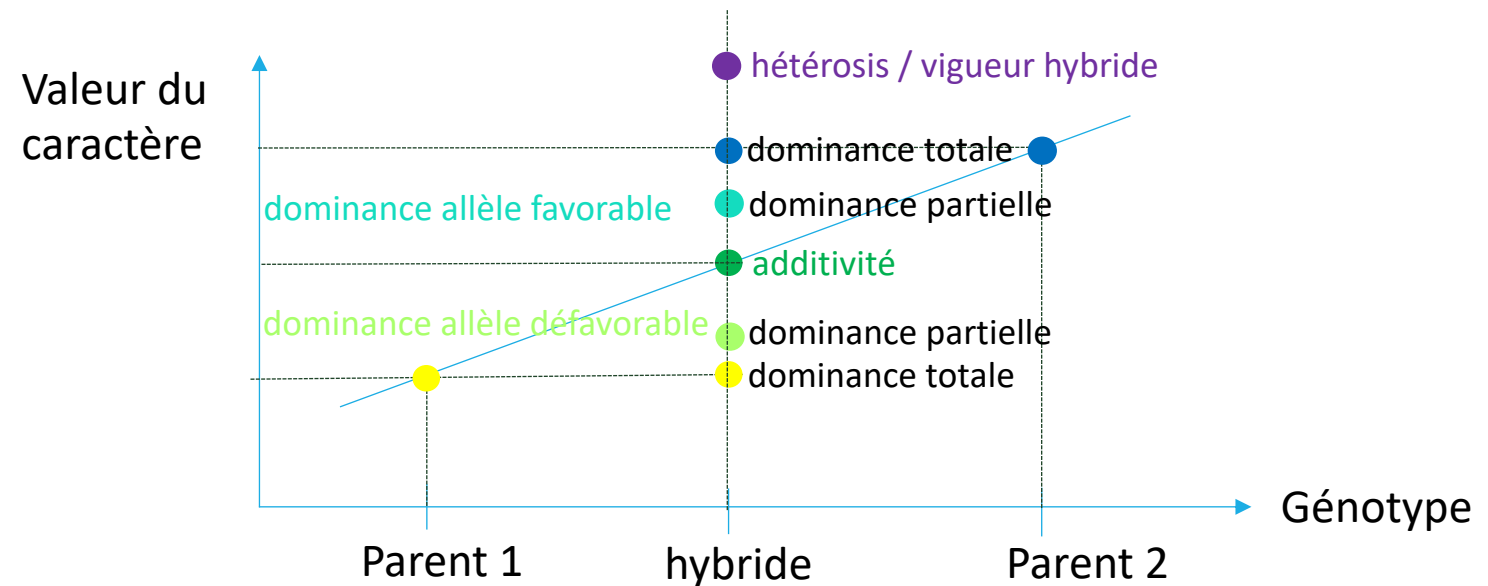
par exemple les groupes sanguins chez l'homme

A et B sont co-dominants et sont tous les deux dominants sur l'allèle O

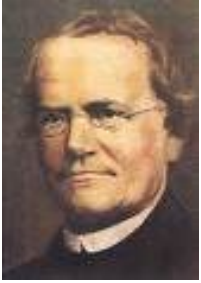
Pour des **caractères quantitatifs** (une valeur)

par exemple la taille chez l'homme, la teneur en huile des graines de colza, etc.

on peut observer de la dominance partielle et de la superdominance



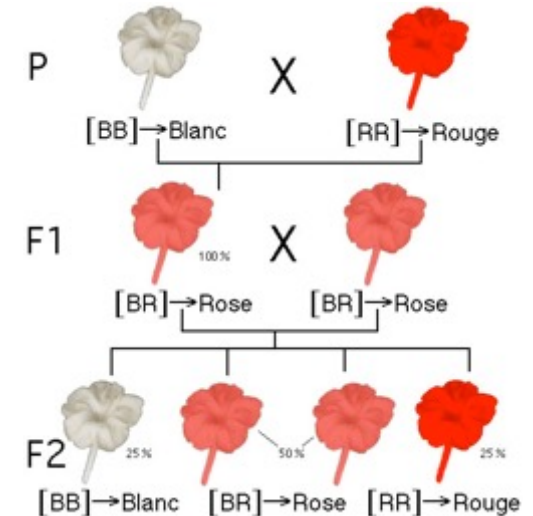
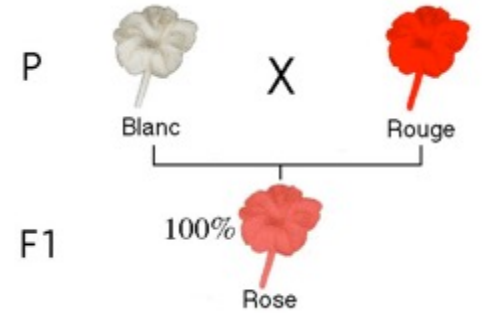
# Les lois de Mendel (1 & 2)



## 1. Expérience d'hybridation

1<sup>ère</sup> loi : **uniformité** de la génération F1  
les hybrides issus du croisement entre deux lignées pures différant pour un caractère sont tous semblables et associent les caractères parentaux

2<sup>ème</sup> loi : les allèles associés à la première génération (hybride F1) sont **disjoints** à la 2<sup>nde</sup> génération avec un retour pour  $\frac{1}{2}$  des individus type des grands-parents





# Les lois de Mendel (2)

## 2. Expérience de di-hybridisme

**3<sup>ème</sup> loi de Mendel:** lorsqu'on croise 2 lignées pures différent par plusieurs caractères, on voit apparaître, à partir de la 2<sup>nd</sup>e génération, des lignées différentes présentant de nouvelles combinaisons par rapport à ce qui existait chez les lignées parentales.

Il y a **ségrégation** des caractères

