

## Denis Morency

---

**De:** no-reply@www.usherbrooke.ca  
**Envoyé:** 1 avril 2015 11:12  
**À:** Sciences-CentreImpression@USherbrooke.ca  
**Objet:** COMMANDE EXAMENS  
**Pièces jointes:** GNT704\_H15\_Test 3.pdf

TYPE-EXAMEN	FINAL
SIGLE-COURS	GNT704
TITRE-COURS	Génétique
PROFESSEUR	Ryszard Brzezinski
DATE-HEURE	MARDI 7 avril 2015; 13h30 - 15h30
AUTORISE-PAR	Annie Carbonneau pour Claude Déry
NOMBRE-PAGES	6
NOMBRE-COPIE-PROF	14
IMPRESSION-QUESTIONNAIRE	Recto-verso broché
NOMBRE-FEUILLES-BLANCHES	3
NOMBRE-PAPIER-GRAPHIQUE	
NOMBRE-CAHIERS	
CONSETEMENT-AGES	1
REMARQUES	Troisième test d'une série de trois.
E-MAIL	
FIRST-NAME	
LAST-NAME	
NICK-NAME	
SPAMSHIELD	true



2. Deux sélectionneurs veulent améliorer la qualité d'une variété de tomates. Le premier vise l'augmentation du poids moyen des fruits, le second la diminution de l'acidité.

Des expériences préliminaires menées en champ ouvert ont permis d'estimer la variance phénotypique totale pour chacun de ces deux caractères ainsi que ses composantes.

Acidité :  $V_x = 45$   $V_a = 6$   $V_d = 25$

Poids moyen des fruits :  $V_x = 75$   $V_a = 8$   $V_d = 22$

Démontrez que l'un de ces sélectionneurs obtiendra des résultats plus rapides que l'autre lorsque les cultures vont se faire en champ, mais c'est l'autre qui progressera le plus vite des deux si les cultures vont se faire en serre. Pour cette démonstration, répondez aux points suivants : (4 points)

- a) Calculez l'héritabilité au sens étroit ( $h^2$ ) pour les deux phénotypes lorsque les cultures vont être menées à ciel ouvert.

.....

- b) Lorsque les cultures seront menées en serre, certaines valeurs des variances énoncées ci-haut vont changer. Dites lesquelles et écrivez quelles seront leurs nouvelles valeurs.

.....

- c) Calculez l'héritabilité au sens étroit pour les deux phénotypes lorsque les cultures seront menées en serre.

.....

- d) Répondez maintenant à la question principale (soulignée dans l'énoncé). Fournissez une brève justification.

.....

- e) Expliquez pourquoi la création d'hybrides entre les plantes cultivées et les espèces sauvages apparentées facilite la découverte de QTLs contrôlant des caractéristiques comme celles visées par nos sélectionneurs. (2 points)

.....

.....

.....

.....

.....

.....

3. Suite à la destruction d'un écosystème, seul un petit nombre d'individus appartenant à une espèce de reptile a survécu. Les survivants ne présentaient aucune anomalie phénotypique. Ces individus deviendront les fondateurs d'une nouvelle colonie.

Cette espèce se reproduit rapidement. Après quelques cycles de reproduction, on constate qu'une anomalie héréditaire bénigne de nature récessive est présente chez 0.25% des individus. À partir de ces données, estimez le nombre de fondateurs de cette colonie en assumant qu'un seul fondateur y a introduit l'allèle récessif. Ne tenez pas compte des phénomènes éventuels causés par la dérive génétique. Pour fournir la réponse, voici la marche à suivre :

a) Calculez la fréquence de l'allèle récessif impliqué dans cette anomalie. **(2 points)**

.....

b) Vu que cette anomalie est bénigne, assumez que la fréquence que vous venez de calculer était la même chez le groupe fondateur de la colonie. Dites quel était le nombre d'individus qui ont fondé la colonie sachant qu'un seul allèle récessif était présent dans le pool génique des fondateurs. Fournissez une brève explication de votre réponse. **(2 points)**

.....

.....

.....

4. Deux forêts sont localisées dans la même région géographique mais de manière suffisamment isolée pour qu'il n'y ait pas de migrations d'organismes entre-elles. À cause de la disposition des lacs et d'autres sources d'humidité, la forêt A est sujette à des feux beaucoup plus fréquemment que la forêt B.

Laquelle des deux forêts aura un polymorphisme génétique plus grand parmi ses populations d'insectes? Expliquez votre point de vue. **(3 points)**

.....

.....

.....

.....

.....

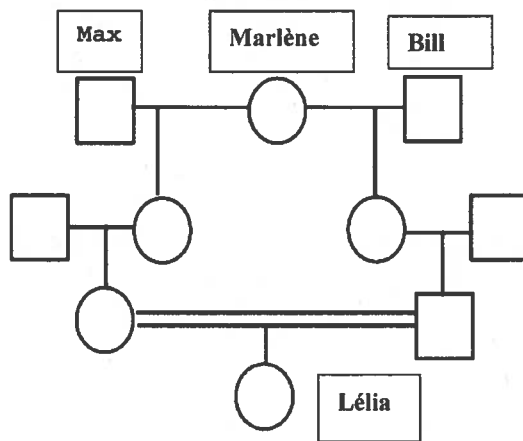
.....

.....

.....

5. Dans une population humaine, la fréquence des allèles  $i^A$  et  $i^B$  déterminant les groupes sanguins est de 0.3 et 0.4 respectivement. Dans une population de 1 million d'individus, déterminez le nombre de personnes qui ont le groupe sanguin A tout en étant hétérozygotes (génotype  $i^A i$ ). (2 points)
- .....
- .....
- .....

6. Examinez l'arbre généalogique représenté ci-dessous.



Fi = .....

- a) Une des méthodes de calcul du coefficient de consanguinité utilise la représentation de « chaînes de parenté » sur l'arbre généalogique. Redessinez l'arbre généalogique ci-dessous en adoptant ce mode de représentation. Placez votre dessin dans l'espace à droite de l'arbre et calculez le coefficient de consanguinité de Lélia. (2 points)
- b) Est-ce que Lélia a les mêmes haplotypes mitochondriaux que Marlène? Justifiez votre réponse. (1 point)
- .....
- .....

- c) Le couple consanguin va avoir un autre enfant et ce sera un garçon. Est-ce qu'il aura les haplotypes du chromosome Y comme ceux de Max ou de Bill? Justifiez votre réponse. (1 point)
- .....
- .....
- .....

7. Suite à la découverte d'un remède contre une maladie héréditaire grave causée par un allèle récessif, les individus qui en seront touchés pourront fonder une famille et avoir des enfants, ce qui n'est pas le cas aujourd'hui. Deux opinions s'affrontent quant aux conséquences :

- A) La fréquence de l'allèle récessif va demeurer constante et garder, chez les générations futures, la valeur qu'elle avait au moment de la découverte du traitement.
- B) La fréquence de l'allèle récessif va augmenter de génération en génération vu que la sélection n'agit plus contre les homozygotes récessifs malades. Il y aura donc de plus en plus de personnes touchées par cette maladie et les coûts des traitements vont augmenter.

La génétique des populations ne soutient qu'une seule de ces deux opinions. Indiquez laquelle et expliquez votre choix. **(2 points)**

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

8. Un laboratoire procède à un test d'ADN sur un échantillon biologique trouvé sur une scène de crime. Suite à l'étude des loci CODIS, un résultat inhabituel est observé : pour plusieurs loci, on trouve quatre ou trois allèles différents. Pour le locus AMEL il n'y a qu'un seul allèle. Évaluez la validité des trois hypothèses suivantes. Expliquez votre point de vue. **(3 points)**

a) C'est l'ADN d'une femme contaminé par l'ADN de sa mère :

.....

.....

b) C'est l'ADN d'une femme contaminé par l'ADN d'une autre femme sans aucun

lien de parenté : .....

.....

.....

*(la question se poursuit sur la page suivante)*

