

D- Gènes létaux

Définition : Ce sont des allèles de gènes, qui entravent le développement normal des individus et provoquent sa mort, ils sont transmis, d'une génération à une autre.

1 - Mutations létales récessives :

L'allèle sauvage peut assurer la fabrication d'un produit essentiel pour la survie d'un organisme, mais lorsqu'un tel gène est présent à l'état homozygote, il est léthal et entraîne la mort de l'individu.

Exemple d'application : Chez la souris, on réalise un croisement entre deux individus différents par la couleur du pelage :

Parents : [Pelage agouti] X [pelage jaune]

On obtient les résultats suivant :

1/3 des individus à [Pelage agoutis] ;

et 2/3 des souris avec [Pelage jaune].

Un examen des utérus des femelles porteuses de souriceaux a été réalisé, et on a constaté la présence des individus morts.

L'allèle A^Y agit sur deux caractères : la couleur jaune du pelage et la viabilité. L'allèle A donne un pelage agouti, alors que l'allèle A^Y donne un pelage jaune.

A^y est un allèle dominant vis à vis de l'allèle normal A dans le contrôle de la couleur du pelage. A^Y domine A, [jaune] domine [agouti]. Le génotype $A^Y // A$ est responsable du phénotype jaune.

* Croisement 1 : Parents : [**agouti**] X [**agouti**]

Génotype : A//A X A//A

Gamètes A/ 100% pour chacun des deux parents

F1 100% [agouti] A//A

Conclusion : [Agouti] est une lignée pure à pelage agouti (gris)

Croisement 2: Parents : [**agouti**] X [**jaune**]

Génotype : A//A X A// A^Y

Gamètes : A/ $\frac{1}{2}$ A/ et $\frac{1}{2}$ A^Y /

Les individus atteints sont hétérozygotes H//h.

H//h X H//H à 50% de descendants malades, 50% sains.

III – Monohybridisme : Hérité lié au sexe

Chez de nombreuses espèces animales et certains rares végétaux, l'un des deux sexes porte une paire de chromosomes différents, impliquée dans la détermination sexuelle.

Il y a certains gènes spécifiques du sexe masculin qui sont sur Y, comme SRY (Sex determin Region of Y) le gène de la masculinité chez l'homme. Y est dépourvu des copies de beaucoup de gènes portés par X, par conséquent, les gènes présents sur le X auront un profil de transmission différents des gènes autosomiques.

Ainsi chez l'homme et la drosophile le caryotype d'une femelle est 2A+ XX, et d'un mâle 2A + XY. Dans ce cas la femelle est homogamétique, elle fournit un seul type de gamètes : 100% de A + X (A désigne les chromosomes autosomes). Le mâle est hétérogamétique et fournit 2 types de gamètes: $\frac{1}{2}$ A + X et $\frac{1}{2}$ A + Y.

- Les gènes localisés sur le chromosome X (ou Z chez les oiseaux) sont dits liés au sexe ou liés à X. La présence de ce type de liaison est souvent mise en évidence lors de croisements réciproques: on n'obtient pas les mêmes ratios phénotypiques entre les deux croisements entre les mâles et les femelles. Contrairement aux caractères dont les gènes sont situés sur des chromosomes autosomes pour lesquels le même ratio phénotypique est obtenu entre les mâles et femelles et entre les eux croisements réciproques.

Qu'est ce qui fait que la transmission des gènes sur les chromosomes sexuels est différente de la transmission autosomale?

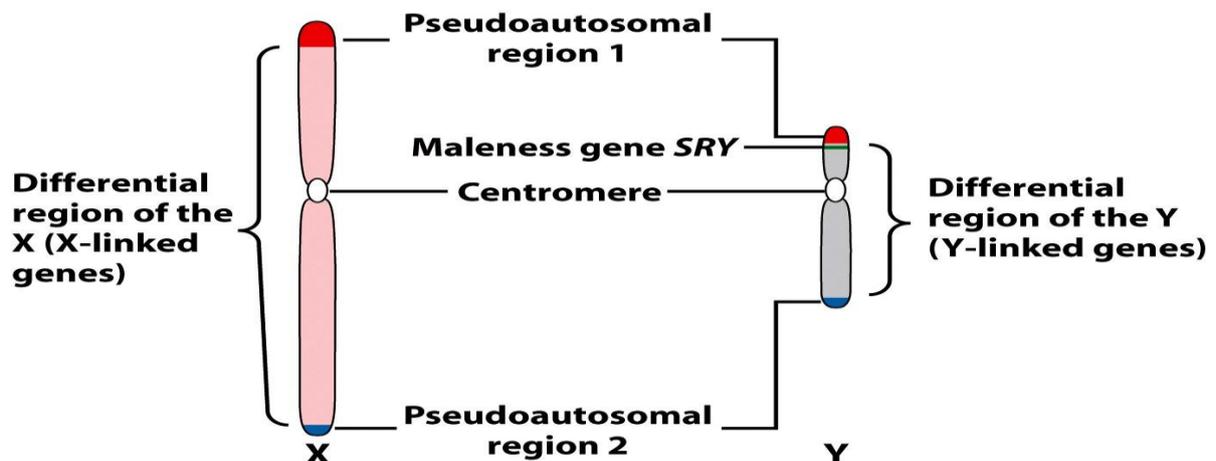
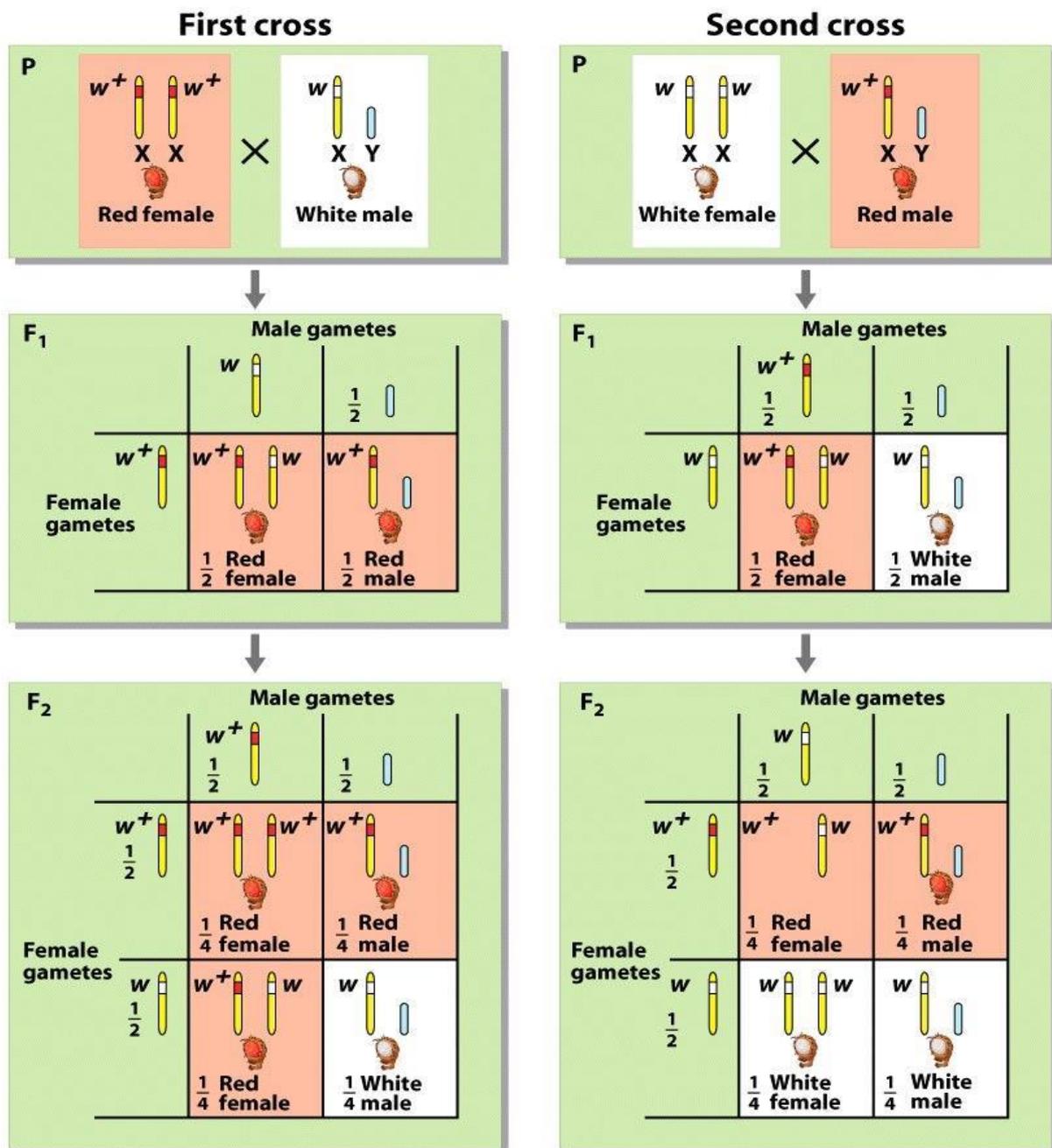


Figure 2-25
Introduction to Genetic Analysis, Ninth Edition
© 2008 W.H. Freeman and Company

Tableau : autres cas d'hétérosomes:

	gamètes femelles	gamètes mâles
Mécanisme XO (insectes)	$\frac{1}{2} 2A + XX$	$\frac{1}{2} 2A + X0$
Mécanisme ZO (poulet)	$\frac{1}{2} 2A + Z0$	$\frac{1}{2} 2A + ZZ$
Mécanisme ZW (papillon)	$\frac{1}{2} 2A + ZW$	$\frac{1}{2} 2A + ZZ$
Mécanisme XY (homme, drosophile)	$\frac{1}{2} 2A + XX$	$\frac{1}{2} 2A + XY$

Exemple d'hérédité liée à l' X chez la drosophile



En F2: Sex-ratio: 1:1; ratio phénotypique: 1:1 chez les mâles et 1:1 chez les femelles

Conclusion : En cas de liaison au sexe, les mâles ont un phénotype différent des femelles soit en F1, soit en F2 pour un caractère donné. Si la mère F0 porte la mutation, elle la transmet aux mâles F1 et ils l'exprimeront. La F2, fait office de test cross car Y ne portant pas de gènes, seules les mutations sur X seront exprimées chez les mâles de la génération suivante.

L'hérédité liée à l'Y

Les gènes situés dans la région différentielle du chromosome Y sont transmis uniquement aux garçons de père en fils. Le gène SRY, qui code le facteur de détermination testiculaire est primordial à la masculinité. SRY est situé dans cette région différentielle du chromosome Y. Certains cas de stérilité masculine sont causés par des délétions sur le chromosome Y. Comme la stérilité n'est pas héréditaire, il est souvent constaté que, ces délétions se sont produites nouvellement chez le père d'un homme stérile.

IV- Interactions géniques

A- La pléiotropie (gène pléiotropique)

- 1) Un gène situé à un locus influence plusieurs caractères. De tels gènes impliquent une voie biochimique commune dans plusieurs organes.
- 2) Presque tous les gènes sont pléiotropes car chaque gène codant pour la synthèse d'un polypeptide, il influence le déroulement d'une chaîne métabolique et donc, la physiologie globale.

Un simple allèle peut induire plusieurs effets phénotypiques apparemment indépendants. On parle dans ce cas de **pléiotropie**. Par exemple, chez les chats siamois, l'allèle responsable des dégradés de couleur (corps clair là où il est chaud et extrémités froides foncées) est également responsable du strabisme convergent. Ces deux effets proviennent d'une même protéine.

Trois exemples

- 1) La drosophile possède un gène responsable de : tête aplatie, petits yeux, thorax et abdomen tordus, ailes chiffonnées
- 2) Une race de chat possède un gène responsable de : yeux bleus et surdité
- 3) Gène de la fibrilline 1 : La **fibrilline** est une protéine qui fait partie de la matrice des tissus de soutien, les tissus les plus abondants de l'organisme. Le gène de la fibrilline subit parfois des mutations qui ont pour conséquence d'affaiblir le tissu conjonctif (syndrome de Marfan).

Cette mutation d'un seul gène entraîne de graves conséquences pour le squelette, le cœur et les vaisseaux sanguins, les poumons, les yeux et la peau. Par

exemple, l'aorte peut se rompre suite à une activité physique exigeante. Avant des récents progrès, les gens mourraient avant l'âge de 50 ans.

B- L'épistasie : 2 gènes indépendants codent pour le même caractère

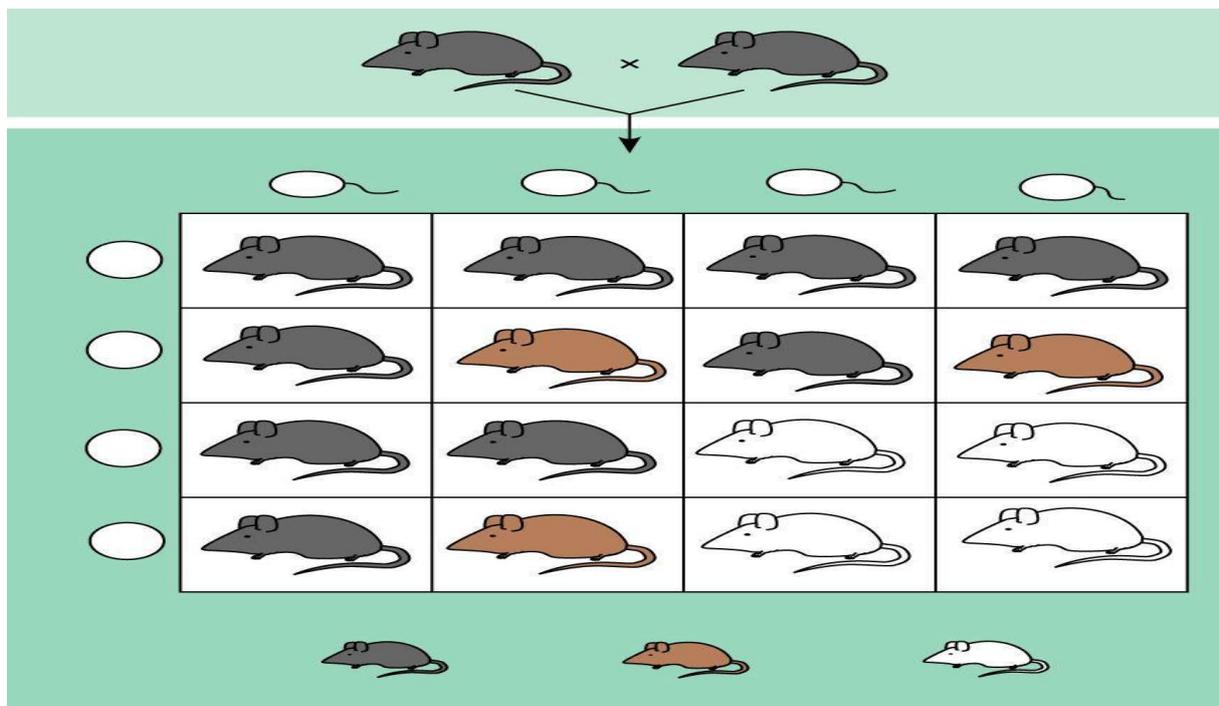
Définition : le mot "épistasie" implique la dominance ou la récessivité d'un gène par rapport à un autre, et non d'un allèle par rapport à un autre. C'est quand l'effet d'un gène masque ou modifie l'effet d'un autre gène impliqué. Le gène épistatique sera celui qui impose son effet et le gène hypostatique sera celui qui se trouve inactif.

L'épistasie, entraîne une diminution des classes phénotypiques attendues dans un cas de F2 ou de FT d'indépendance.

- 1) Un gène à un locus masque l'expression d'un autre gène à un locus.
- 2) S'il faut 2 gènes épistatiques pour masquer l'autre gène c'est une épistasie récessive.
- 3) S'il faut 1 gène épistatique pour masquer l'autre gène c'est une épistasie dominante.

Dans les exemples qui vont suivre, les souris sont normalement noires ou brunes mais le gène épistatique les rend albinos car il empêche le dépôt du pigment dans le poil.

B-1- Cas 1 : Épistasie récessive



Soit les gènes : N = noir, n = brun, C = dépôt du pigment, c = pas de dépôt de pigment.

Croisement : Parents : **souris noire** X **souris noire**
 Phénotype [N, C] X [N, C]
 Génotype : Nn Cc X Nn Cc

Génotype des gamètes : 4 types chacun

	NC	nC	Nc	nc
NC	Noire	Noire	Noire	Noire
nC	Noire	Marron	Noire	Marron
Nc	Noire	Noire	Blanc	Blanc
nc	Noire	Marron	Blanc	Blanc

Les proportions phénotypiques à la F2 sont : 9/16 (noire), 3/16 (marron) et 4/16 (blanc).

Les génotypes sont : (voir tableau)

B-2- Cas 2 : Un cas d'épistasie «récessive» complexe

Deux gènes épistatiques différents peuvent masquer la couleur de la peau.



Voir l'arbre généalogique en cours

Explication :

B-3- Cas 3 : Effet cumulatif de deux gènes: épistasie complémentaire 9/16, 7/16 (ex : Maïs)

Le pigment pourpre est le produit d'une chaîne de biosynthèse faisant intervenir deux enzymes, chacune codée par un gène différent.

$A//.$ $C//.$
 Un substrat \longrightarrow produit \longrightarrow Coloration du grain en noir (anthocyane)

Soit le croisement :

	F1	X	F1	\longrightarrow	F2
Génotype :	$A//a$		$C//c$		$A//a$ $C//c$

On obtient :

$A//.$ $C//.$ 9/16	[Noir]
$a//a$ $C//.$ 3/16	[jaune]
$A//.$ $c//c$ 3/16	[jaune]
$a//a$ $c//c$ 1/16	[jaune]

Donc les fréquences des phénotypes changent (différent de 9 :3 :3 :1:), et on a 9/16 [noir] et 7/16 [jaune]. F2 : F1 X F1.

/	A / C /	A / c /	A / C /	a / c /
A / C /				
A / c /				
A / C /				
a / c /				

B-4- Cas 4- épistasie dominante 12/16, 3/16, 1/16 (ex : La couleur des pétales) substrat, rose pâle \longrightarrow rose foncé

A//.

- **b//b** permet le dépôt du pigment dans les pétales.
- **B//.** pas de dépôt, les pétales restent blanches.
- Le gène *A/a* ne peut pas donc s'exprimer en présence de l'allèle dominant **B**

Soit le croisement F1 X F1 \longrightarrow F2
 A/a B//b X *A/a B//b*

On obtient :

A//. B//. 9/16 [blanches]

a//a B//. 3/16 [blanches]

A//. b//b 3/16 [rose foncé]

a//a b//b 1/16 [rose pâle]

B /b est épistatique et A/a est hypostatique

Phénotype & génotype	Nombre de descendants	
	Observé	Attendu d'après le rapport 9 :3 :3 :1
[pourpre, long] P / - L / -	4831	3911
[pourpre, rond] P / - l / l	390	1303
[rouge, long] p / p L / -	393	1303
[rouge, rond] p / p l / l	1338	435
Total	6952	6952

Il semblerait que les individus de la F1 ont produit d'avantage de gamètes P, L et p, l que ne l'aurait produit un assortiment Mendélien indépendant : **1 P, L : 1 P, l : 1 p, L : 1 p, l**

Conclusion : Il existe un couplage physique entre les allèles P et L dans les lignées parentales.

2- Etude de Morgan sur l'hérédité chez la drosophile

- Caractères étudiés :

+ Couleur des yeux, contrôlée par un gène pr à deux allèles :

pr [pourpre] et **pr +** [rouge]

- Longueur des ailes, contrôlée par un gène vg à deux allèles :

vg [vestigial] et **vg +** [long]

- **Croisement 1:** Parents pr / pr vg / vg x pr + / pr + vg + / vg +

- [pourpre, vestigial] x [rouge, long]

- F₁ [rouge, long] pr + / pr vg + / vg

-

- **Croisement 2: Test-cross des individus F 1**

F₁ x double homozygote

[rouge, long] x [pourpre, vestigial]

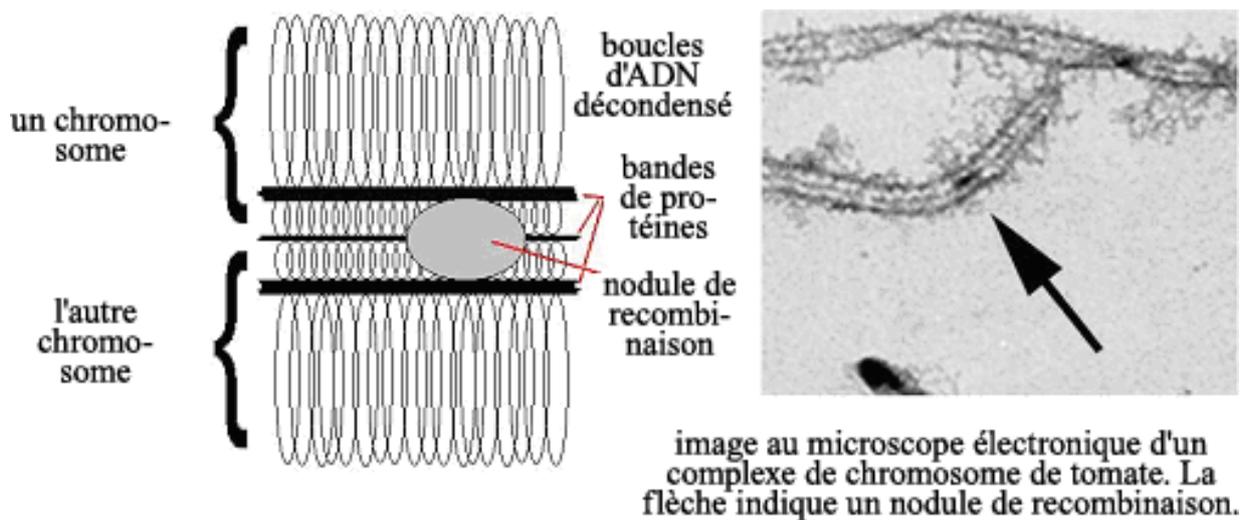
pr + / pr vg + / vg x pr / pr vg / vg

Résultats du croisement :

Phénotype	Nombre
pr + , vg +	1339
pr , vg	1195
pr + , vg	151
pr , vg +	154
Total	2839

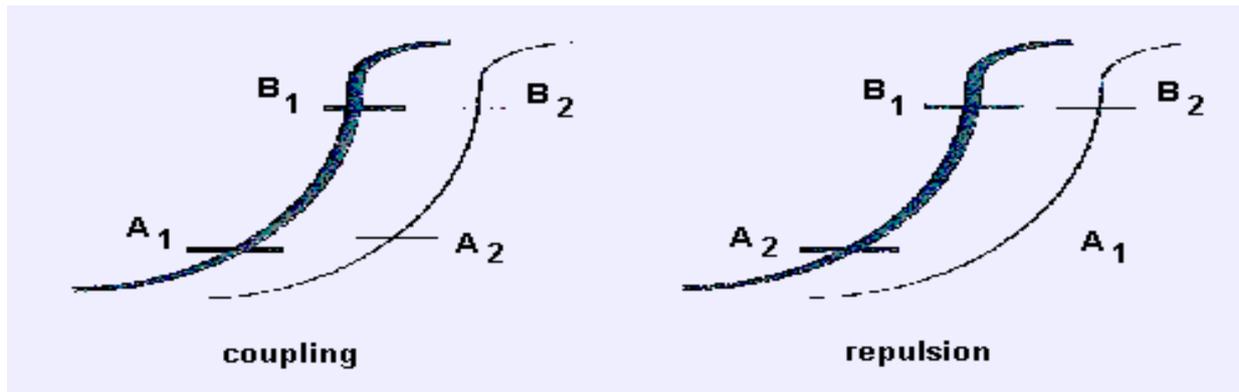
Conclusion :

Les rapports entre phénotype F 2 s'écartent fortement du rapport 9 : 3 : 3 : 1 attendus. On a une situation de Couplage entre les allèles pr + et vg + (figure ci-dessous).

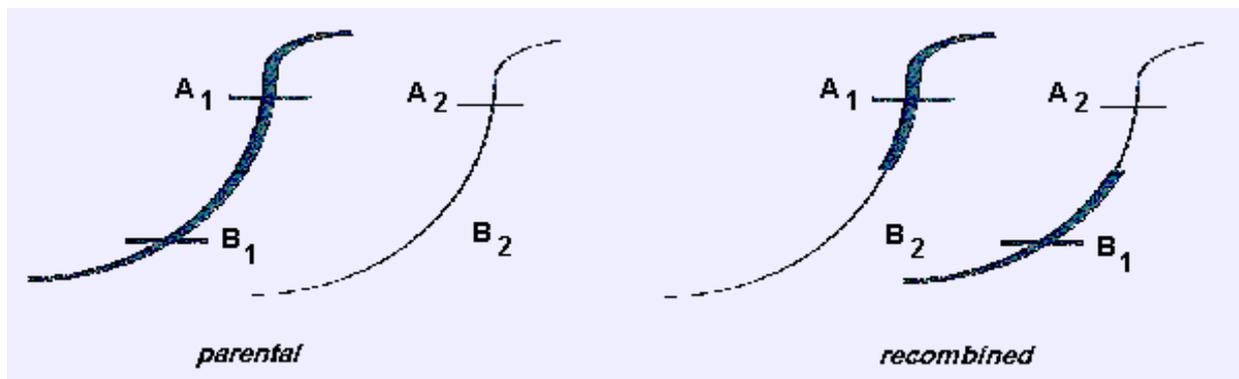


Les loci A et B sont sur la même paire de chromosomes. Deux cas :

- les allèles A 1 et B 1 sont sur le même chromosome de la paire, on dit que A 1 et B 1 sont en " couplage " ;
- Ils sont chacun sur un chromosome différent A 1 et B 1 sont alors en " répulsion ".



Supposons, par exemple, que A₁ et B₁ soient en "coupling". Il y a toujours production de quatre types de gamètes.



Les gamètes A₁ B₁ et A₂ B₂ sont dits "parentaux". On retrouve chez l'enfant A₁ en "coupling" avec B₁ (ou A₂ en "coupling" avec B₂) comme chez les parents.

Les gamètes A₁ B₂ et A₂ B₁ sont dits "recombinés". Il s'est passé entre les loci A et B des phénomènes de recombinaison ou "crossing-over" en nombre impair.

Définition :

On appelle « taux de recombinaison » la proportion de gamètes recombinés sur l'ensemble des gamètes transmis.

$$T = \text{nb de gamètes recombinés} / \text{nb de gamètes transmis}$$

Crossing-over : Pendant la méiose (prophase I), les chromosomes homologues s'apparient (bivalents) et on peut observer des formes en croix impliquant des chromatides non sœurs (Chiasma). Les nodules de recombinaisons sont des complexes multienzymatiques qui vont assurer l'échange physique des segments d'ADN entre les chromatides non sœurs.

- Fréquence de Chiasma

La fréquence des chiasmata (C.O) entre deux loci est proportionnelle à la distance qui les sépare. La fréquence des gamètes recombinés et parentaux dépend donc de la distance séparant les loci des gènes étudiés

Fréquence des chiasmats = 2 x fréquence des produits recombinés

La F1 du croisement 1 de Morgan: fréquence de recombinaison = $(151 + 154) / 2839 = 11\%$. On a dans 22% des bivalents un chiasma a eu lieu entre les gènes pr et vg.

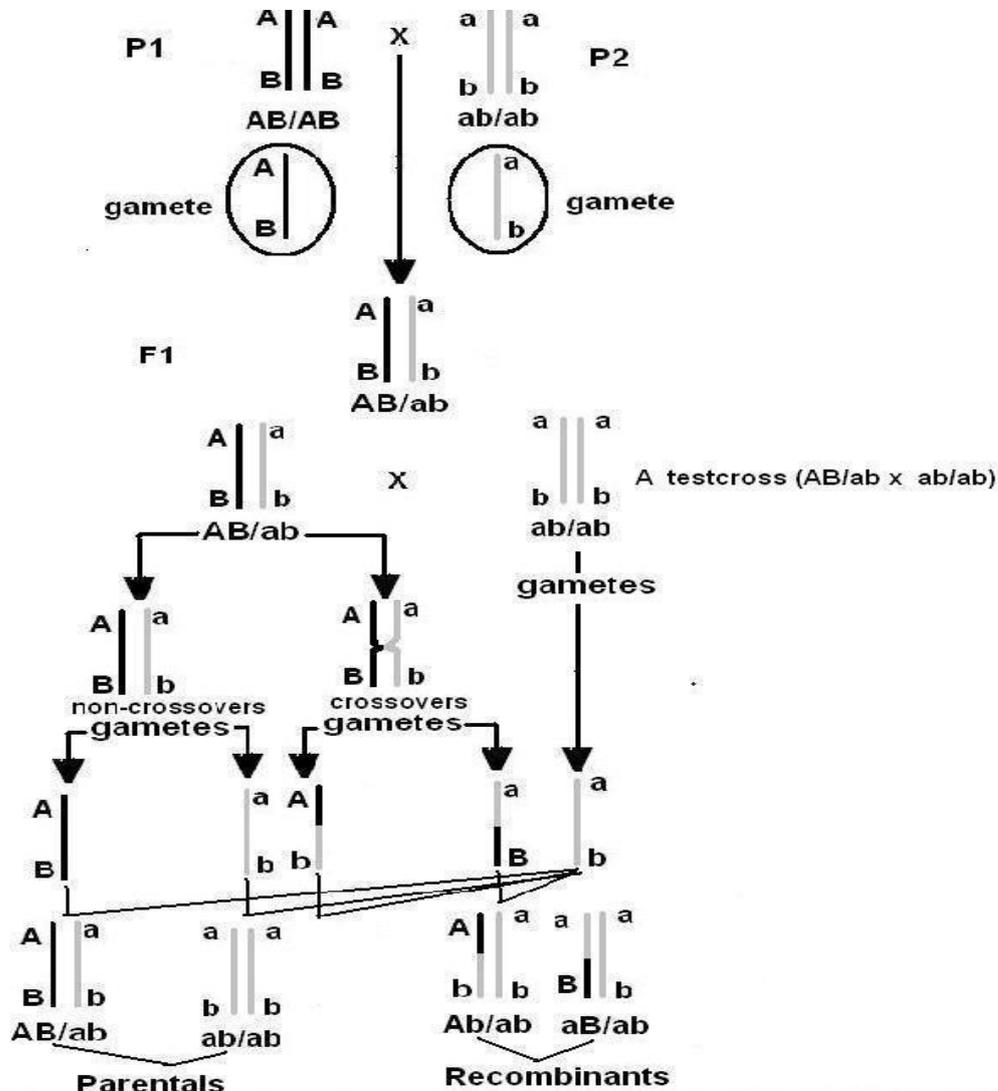


Fig 11 showing crossover and non crossover gametes(AB/ab) and progenies after test cross

NB : Les doubles C.O ne sont pas détectés : ils donnent naissance à des gamètes de type parentaux. Pour les observer, un 3^{ème} gène (marqueur génétique) situés entre les deux gènes doubles C.O ne sont pas détectés : ils donnent naissance à des gamètes de type parentaux. Pour les observer, un 3^{ème} gène (marqueur génétique) situés entre les deux gènes étudiés sera nécessaire.

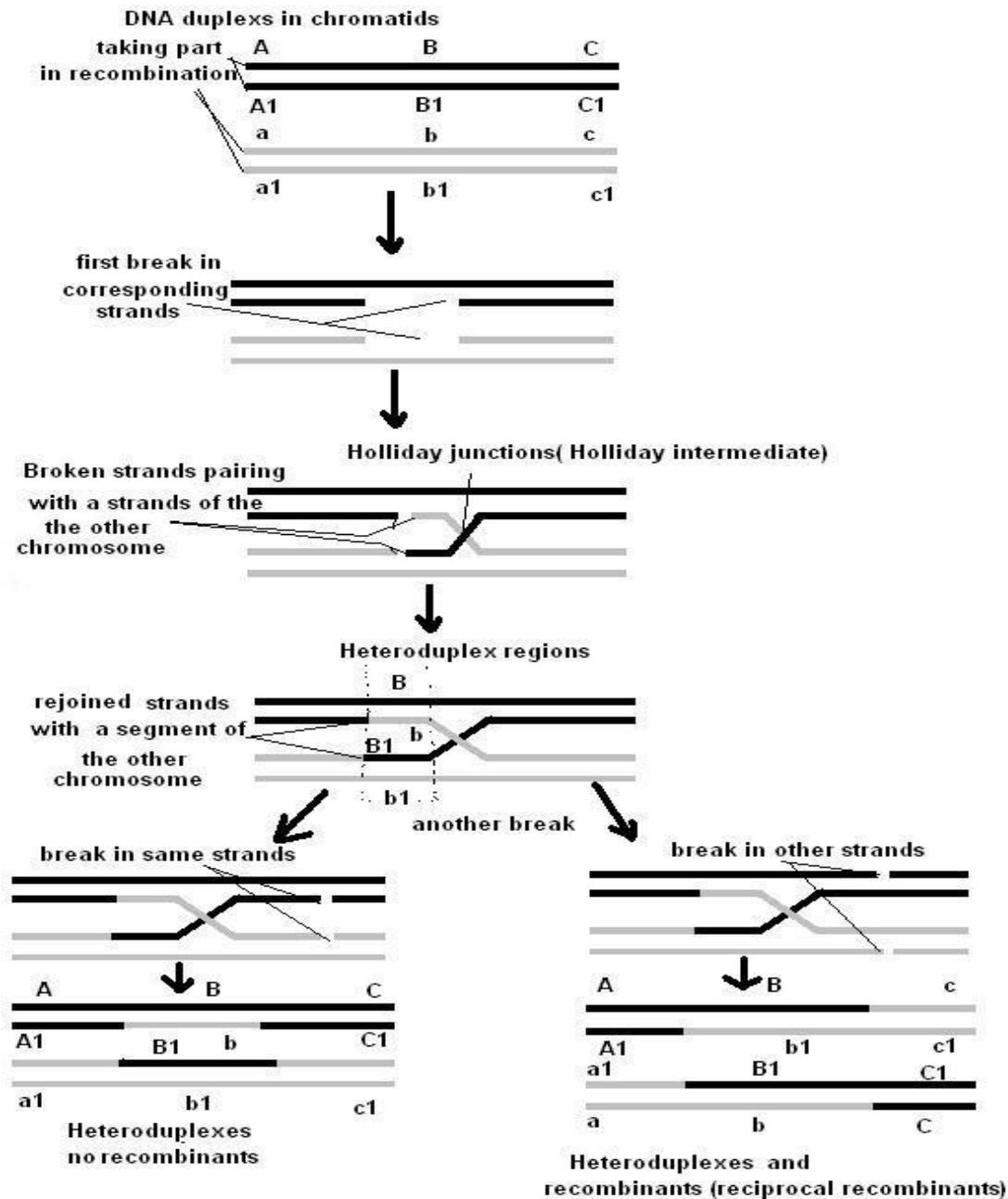


Fig 14 Holliday model of DNA cross over

Limite de la recombinaison

- Quant deux loci sont très éloignés sur un même chromosome, alors la probabilité qu'un chiasma se forme entre eux sera de 100%. Donc, la fréquence des gamètes recombinés est de 50%. La recombinaison entre deux gènes liés ne peut donc dépasser 50%.

- Exemple:

Si les loci sont très éloignés, un double hétérozygote $A/a \cdot B/b$ ($A B / a b$) produira des gamètes dans les proportions suivantes: 1 (A.B): 1 (a.b) : 1 (A.b):

1(a.B). Ces deux gènes liés se comportent comme s'ils indépendants (situés sur des chromosomes différents).

Cartographie génétique

1. Cartes de liaison génétique

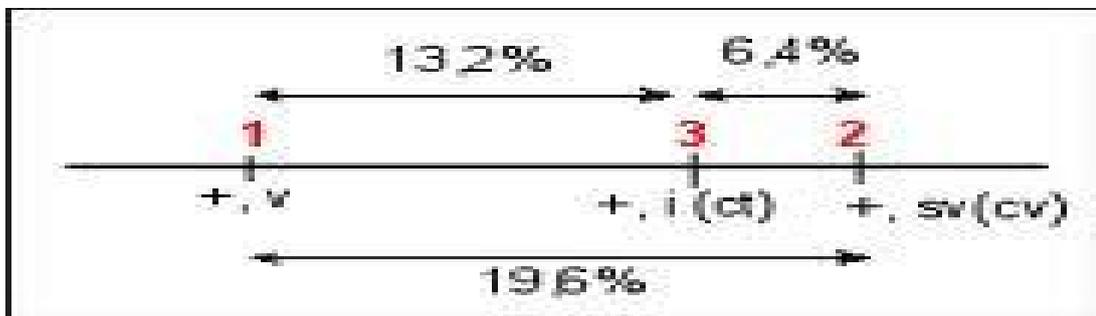
En étudiant différentes paires de gènes liés, Morgan constata que la proportion de recombinants dans la descendance était variable (ce qui indique le nombre de crossing-over entre les différentes paires de gènes liés est variable). Ces variations de fréquence de C.O seraient corrélées aux distances réelles séparant les gènes sur les chromosomes.

1.1. Distance génétique

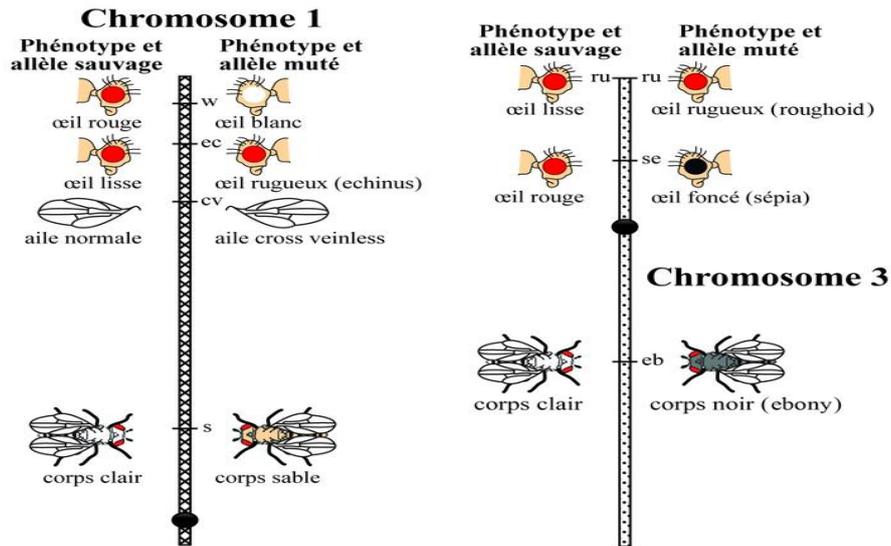
L'unité de distance génétique (u.g) est définie comme étant la distance entre deux gènes, telle qu'un produit de méiose sur 100 est un recombinant.

Exemple : si la fréquence de recombinaison (FR) est de 0.01 (1%); alors la distance est de 1 u.g. (1 cM; centiMorgan). Il est donc possible grâce au calcul de distance génétique d'établir des cartes de liaison génétique : ordre des gènes et les distances séparant ces gènes les uns des autres.

Exemple de carte factorielle :



NB : Les distances génétiques sont additives



Exercice d'application

On croise deux Drosophiles : une femelle de phénotype sauvage et un mâle aux soies courtes (mutation « spineless » : ss) et au corps noir (mutation « ebony » : e). Les (F₁) ont le phénotype sauvage.

Le croisement de retour ♀ F₁ × ♂ soies courtes, corps noir fournit

- 440 Drosophiles de phénotype sauvage,**
- 60 Drosophiles aux soies courtes et au corps normal,**
- 60 Drosophiles aux soies normales et au corps noir,**
- 440 Drosophiles aux soies courtes et au corps noir.**

1° Interprétez ces résultats.

2° Sachant que le pourcentage des recombinaisons entre les gènes soies courtes et œil sépia (se) est 23,5 %, entre les gènes corps noir et œil sépia 35,5 %, que peut-on dire des trois gènes ss, e et se ?

Voir solution en cours

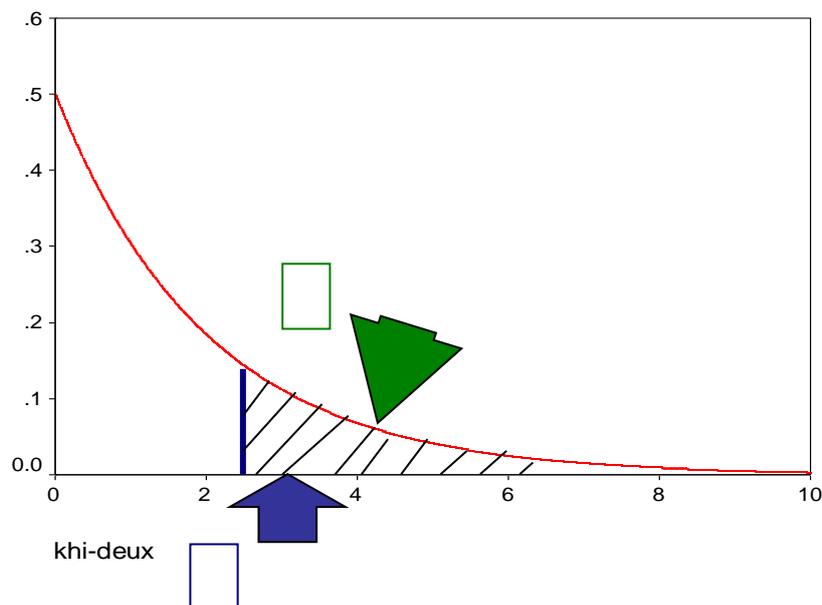
IV- Test de khi-deux (χ^2)

- Le test du χ^2 est un test statistique permettant de tester l'adéquation d'une série de données à une famille de lois de probabilités ou de tester l'indépendance entre deux variables aléatoires.
- Il a été proposé par le statisticien Karl Pearson en 1900.

Principe

- Formulation d'une hypothèse appelée *hypothèse nulle* (ou *hypothèse zéro*), notée H_0 .
- Dans le cas présent, elle suppose que les données considérées proviennent de variables aléatoires suivant une loi de probabilité donnée, et l'on souhaite tester la validité de cette hypothèse.
- Calculer algébriquement la distance entre les **données observées** et les **données théoriques attendues**.
- Fixer *a priori* **un risque d'erreur**, celle consistant à **rejeter l'hypothèse, alors qu'elle est vraie** (la valeur 5 % est souvent choisie par défaut).
- Déterminer **le nombre de degrés de liberté** du problème à partir du nombre de classes, et à l'aide d'une **table de χ^2** , déduire en tenant compte du nombre de degrés de liberté la distance critique qui a une probabilité de dépassement égale à ce risque.
- 1^{er} cas : si la distance calculée entre les données observées et théoriques est **supérieure à la distance critique**, on conclut que le résultat n'est pas dû seulement aux **fluctuations d'échantillonnage** et que l'hypothèse nulle H_0 doit donc être rejetée.

Loi du khi-deux à 2 degrés de liberté



Application en génétique :

- Sachant le nombre d'allèles dans un croisement et le type de ségrégation de ses allèles, on peut prévoir le résultat d'un tel croisement. Ainsi pour vérifier nos hypothèses si elles sont en accord ou non avec les résultats obtenus lors d'un croisement, on applique le test de Khi-deux.
- Cette méthode permet de juger la validité d'une hypothèse préalablement émise à la suite des résultats d'un croisement.

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^J \frac{(O_i - E_i)^2}{E_i}$$

$E_i = C_i =$ effectif théorique

$O_i =$ effectif observé.

- Soit un couple d'allèles A / a avec A domine a.

- Croisement : Parents [A] x [a]
A//A x a//a

F₁ : A//a [A]

F₁ X F₁ : A//a x A//a
[A] x [A]

[A] = 340 O_i

[a] = 160 O_i

Hypothèse :

- On a un seul caractère dont diffère les deux races, il s'agit du monohybridisme. Si les proportions du monohybridisme sont respectées on aura à la F₂ 3/4 [A] et 1/4 [a].

- Les effectifs théoriques :

[A] = 500 x 3/4 = 375 Ci

[a] = 500 x 1/4 = 125 Ci

Total effectif théorique = 500

NB : total effectifs observés = total effectifs théoriques

Calcul de khi-deux χ^2

$$\chi^2 = \frac{(375 - 340)^2}{375} + \frac{(125 - 160)^2}{125}$$

$\chi^2_{cal} = 13.08$

Exemple 2 :

- Croisement : Parents [A] x [a]
A//A x a//a

F₁ : A//a [A]

F₁ X F₁ : A//a x A//a

$$[A] \times [A]$$

$$[A] = 332 \quad O_i$$

$$[a] = 148 \quad O_i$$

$$\text{Total} = 480$$

$$\text{Effectifs théoriques } [A] = 480 \times \frac{3}{4} = 360$$

$$[a] = 480 \times \frac{1}{4} = 120$$

$$\chi^2 = \frac{(360 - 332)^2}{360} + \frac{(120 - 148)^2}{120}$$

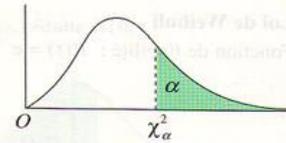
$$\chi^2_{\text{cal}} = 8.71$$

- Le khi-deux calculé exprime d'une façon particulière l'ampleur de la différence entre les résultats expérimentaux et ceux théoriques.
- Plus la différence est importante et plus le khi-deux est grand.
- Plus la différence est insignifiante et plus le khi-deux est faible.

Table de distribution de χ^2 (loi de K. Pearson)

La table donne la probabilité α , en fonction du nombre de degrés de liberté ν , pour que χ^2 égale ou dépasse une valeur donnée χ^2_α .

$$\alpha = P(\chi^2 \geq \chi^2_\alpha)$$



ν	$\alpha = 0,990$	$\alpha = 0,975$	$\alpha = 0,950$	$\alpha = 0,900$	$\alpha = 0,100$	$\alpha = 0,050$	$\alpha = 0,025$	$\alpha = 0,010$	$\alpha = 0,001$
1	0,0002	0,0010	0,0039	0,0158	2,71	3,84	5,02	6,63	10,83
2	0,02	0,05	0,10	0,21	4,61	5,99	7,38	9,21	13,82
3	0,12	0,22	0,35	0,58	6,25	7,81	9,35	11,34	16,27
4	0,30	0,48	0,71	1,06	7,78	9,49	11,14	13,28	18,47
5	0,55	0,83	1,15	1,61	9,24	11,07	12,83	15,09	20,52
6	0,87	1,24	1,64	2,20	10,64	12,59	14,45	16,81	22,46
7	1,24	1,69	2,17	2,83	12,02	14,07	16,01	18,47	24,32
8	1,65	2,18	2,73	3,49	13,36	15,51	17,53	20,09	26,13
9	2,09	2,70	3,33	4,17	14,68	16,92	19,02	21,67	27,88
10	2,56	3,25	3,94	4,87	15,99	18,31	20,48	23,21	29,59
11	3,05	3,82	4,57	5,58	17,27	19,67	21,92	24,72	31,26
12	3,57	4,40	5,23	6,30	18,55	21,03	23,34	26,22	32,91
13	4,11	5,01	5,89	7,04	19,81	22,36	24,74	27,69	34,53
14	4,66	5,63	6,57	7,79	21,06	23,68	26,12	29,14	36,12
15	5,23	6,26	7,26	8,55	22,31	25,00	27,49	30,58	37,70
16	5,81	6,91	7,96	9,31	23,54	26,30	28,84	32,00	39,25
17	6,41	7,56	8,67	10,08	24,77	27,59	30,19	33,41	40,79
18	7,01	8,23	9,39	10,86	25,99	28,87	31,53	34,80	42,31
19	7,63	8,91	10,12	11,65	27,20	30,14	32,85	36,19	43,82
20	8,26	9,59	10,85	12,44	28,41	31,41	34,17	37,57	45,32
21	8,90	10,28	11,59	13,24	29,61	32,67	35,48	38,93	46,80
22	9,54	10,98	12,34	14,04	30,81	33,92	36,78	40,29	48,27
23	10,20	11,69	13,09	14,85	32,01	35,17	38,08	41,64	49,73
24	10,86	12,40	13,85	15,66	33,20	36,41	39,37	42,98	51,18
25	11,52	13,12	14,61	16,47	34,38	37,65	40,65	44,31	52,62
26	12,20	13,84	15,38	17,29	35,56	38,88	41,92	45,64	54,05
27	12,88	14,57	16,15	18,11	36,74	40,11	43,19	46,96	55,48
28	13,57	15,31	16,93	18,94	37,92	41,34	44,46	48,28	56,89
29	14,26	16,05	17,71	19,77	39,09	42,56	45,72	49,59	58,30
30	14,95	16,79	18,49	20,60	40,26	43,77	46,98	50,89	59,70

Quand ν est supérieur à 30, on utilise la table de la loi normale (table de l'écart réduit) avec :

$$t = \sqrt{2\chi^2} - \sqrt{2\nu - 1}$$

Exemple

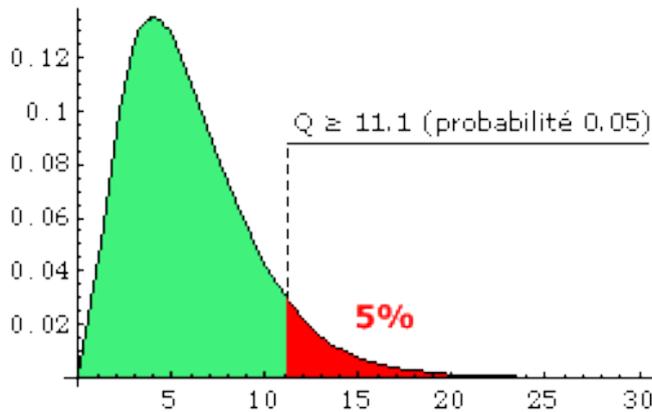
On a lancé un dé 90 fois et on a obtenu les issues 1 à 6 ($k=6$) avec les effectifs suivants: 12, 16, 20, 11, 13, 18 (on a vérifié que 90 lancers sont suffisants: $n(1/6)(5/6)$ 5 implique que $n \geq 36$).

Si le dé n'est pas pipé (notre hypothèse), on attend comme effectifs moyens théoriques 15 pour toutes les issues.

$$Q = \frac{(12-15)^2}{15} + \frac{(16-15)^2}{15} + \frac{(20-15)^2}{15} + \frac{(11-15)^2}{15} + \frac{(13-15)^2}{15} + \frac{(18-15)^2}{15} = \frac{64}{15} = 4.266$$

Pour $k-1=5$ degrés de liberté et un seuil de tolérance de 5%, la valeur du tableau est 11.1. Cela signifie que la probabilité que Q soit supérieur à 11.1 est de

5% (voir figure ci-contre). Comme $4.266 < 11.1$, on accepte l'hypothèse selon laquelle le dé est régulier.



Voir la suite du test de khi-deux

Chez le pois (*Pisum sativum*) ... séance du cours.

Limite du test : Correction de YATES

$$\chi^2 = \sum \frac{(|ni - n'i - 0,5|)^2}{n'i}$$

Lignage ou analyse de pedigree

Définition : Un lignage humain est un regroupement, dans un arbre généalogique, de l'histoire d'un caractère particulier d'une famille

À quoi sert de faire un arbre généalogique ?

Permet de déceler les porteurs d'une maladie dans une famille

Permet de prédire la probabilité d'apparition de cette maladie chez les futurs enfants. En observant un arbre généalogique on peut déduire si le caractère étudié est dominant ou récessif et s'il est lié au chromosome X ou aux autosomes.

Lignage d'un caractère dominant

Les cheveux laineux (voir pedigree)

Parent aux cheveux
laineux

