# GENETIQUE QUANTITATIVE – Chapitre II – Exercices et solutions

**Exercice n°1**

On mesure le poids de grain par plante chez le maïs (g). L'écart-type phénotypique dans une grande population est de 15. L'écart-type phénotypique dans une lignée pure (consanguine) est de 12. Calculer l'héritabilité au sens large du poids de grain par plante, (1) dans la lignée consanguine et (2) dans la grande population. Expliciter votre raisonnement et souligner les réserves que ce dernier peut susciter.

**Exercice n°2**

Dans une espèce de plante cultivée, on mesure le rendement moyen sur des ensembles de nombreuses répétitions du même génotype. L'emplacement de chaque plante sur la parcelle expérimentale est choisi au hasard. Soit $P_{ij}$ la valeur mesurée sur la $j$ème répétition du génotype $i$. Le modèle d'analyse à l'échelon individuel est le suivant :

$$P_{ij} = \mu + G_i + E_{ij}$$

avec $\mu$ la moyenne générale, $G$ la valeur génétique et $E$ la résiduelle environnementale. Pour chaque génotype, on dispose de $n$ répétitions dont la moyenne ( $P_{i\bullet}$ ) s'écrit :

$$P_{i\bullet} = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n} P_{ij}$$

En écrivant le modèle d'analyse pour les valeurs phénotypiques moyennes ( $P_{i\bullet}$ ), montrer que l'héritabilité au sens large calculée à l'échelle de moyennes de génotypes tend vers 1 quand $n$ devient très grand.

**Exercice n°3**

Un échantillon de 10 brebis a fourni les valeurs suivantes de production laitière (kg) au cours de leurs première et deuxième lactations :

| Individu | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1ère lactation | 150 | 121 | 183 | 144 | 178 | 116 | 154 | 163 | 125 | 196 |
| 2ème lactation | 217 | 143 | 262 | 170 | 215 | 144 | 191 | 180 | 181 | 172 |

1) Comparer les moyennes des valeurs pour les deux rangs de lactation considérés. Qu'en concluez-vous quant à l'effet du rang de lactation sur la production laitière et quelles observations complémentaires devrait-on faire afin de mieux affermir les conclusions ?

2) Par définition, ***la répétabilité*** d'un caractère ($r$) est égale à la corrélation entre deux mesures de ce caractère chez le même individu. Calculer, sur cet échantillon, la répétabilité de la production laitière chez la brebis. Quelles sont les limites de validité du résultat obtenu ?

3) Une brebis (non présente dans l'échantillon) a produit 130 kg de lait en première lactation. Quelle prédiction peut-on faire quant à sa production en deuxième lactation ?

## Solution de l'exercice n°1

1) Au sein de la lignée pure, tous les individus ont exactement le même génotype. La variance observée est donc d'origine exclusivement environnementale. L'héritabilité au sens large du caractère est donc nulle (pas de variation de nature génétique).

2) Au sein de la grande population, tous les individus n'ont pas le même génotype. La variance observée ($V_P$) est donc la somme d'une variance génétique ($V_G$) et d'une variance environnementale ($V_E$) :

$$V_P = V_G + V_E$$

La variance observée ($V_P$) dans la grande population vaut 225 (= $15^2$). La variance observée au sein de la lignée pure n'étant que d'origine environnementale, elle nous permet d'estimer $V_E$ (= $12^2$ = 144). Par différence, nous en déduisons la valeur de la variance génétique : $V_G = 225 - 144 = 81$. L'héritabilité au sens large dans cette population vaut donc 81/144, soit 0,36.

Ce raisonnement est abusif car on admet implicitement que les individus d'une lignée pure de maïs sont également sensibles aux variations du milieu que les individus de la grande population (non consanguine). Le maïs étant une plante allogame, il est vraisemblable que les individus consanguins (non rencontrés naturellement) sont plus sensibles que les autres : la variance environnementale de la lignée pure surestime sans doute celle de la grande population.

## Solution de l'exercice n°2

Le modèle d'analyse pour les valeurs phénotypiques moyennes ( $P_{i\bullet}$ ) est le suivant :

$$P_{i\bullet} = \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n}\left(\mu + G_i + E_{ij}\right) = \mu + G_i + \frac{1}{n}\sum_{j=1}^{n} E_{ij} = \mu + G_i + E_{i\bullet}$$

puisque la moyenne générale (μ) et la valeur d'un génotype donné ($G_i$) sont des constantes par rapport à l'indice de répétition (*j*). La variance qui nous intéresse est celle définie entre les génotypes (*i*) pour les moyennes phénotypiques :

$$\mathrm{Var}_i\left(P_{i\bullet}\right) = \mathrm{Var}_i\left(\mu + G_i + E_{i\bullet}\right) = \mathrm{Var}_i\left(G_i\right) + \mathrm{Var}_i\left(E_{i\bullet}\right) + 2\mathrm{Cov}_i\left(G_i, E_{i\bullet}\right)$$

Par construction et car les plantes sont disposées au hasard, le terme de covariance est nul. Par définition, le premier terme de variance est égal à la variance génétique ($V_G$) du caractère. Le second terme de variance fait intervenir la variance d'une somme :

$$\mathrm{Var}_i\left(E_{i\bullet}\right) = \mathrm{Var}_i\left(\frac{1}{n}\sum_j E_{ij}\right) = \frac{1}{n^2}\mathrm{Var}_i\left(\sum_j E_{ij}\right)$$

La variance de la somme fait tout d'abord intervenir *n* fois la variance environnementale ($V_E$). Elle fait ensuite intervenir des termes de covariance du type $\mathrm{cov}\left(E_{ij}, E_{ij'}\right)$, qui sont tous nuls dans le cadre de nos hypothèses (indépendance des effets environnementaux d'un individu à l'autre. La variance des moyennes environnementales s'écrit donc :

$$\mathrm{Var}_i\left(E_{i\bullet}\right) = \frac{1}{n^2}\sum_j \mathrm{Var}_i\left(E_{ij}\right) = \frac{1}{n^2} \times n \times V_E = \frac{1}{n}V_E$$

On retrouve là l'expression classique de la variance de moyennes de variables indépendantes et de même loi. En définitive, la variance des moyennes phénotypiques s'écrit :

$$\mathrm{Var}_i\left(P_{i\bullet}\right) = V_G + \frac{1}{n}V_E$$

Lorsque le nombre d'individus caractérisant un génotype donné (*n*) devient très grand, la composante environnementale de cette variance tend vers zéro : l'héritabilité au sens large définie à l'échelle de la parcelle tend donc vers 1.

## Solution de l'exercice n°3

1) L'analyse des données donne les résultats suivants :

| Rang de lactation | Moyenne (kg) | Ecart-type (kg) |
|---|---|---|
| 1ère lactation | 153,0 | 27,4 |
| 2ème lactation | 187,5 | 36,1 |

Il semble que la moyenne et la variance du caractère mesuré sont différentes en 1ère et en 2ème lactations. Néanmoins, les effectifs considérés (10) sont très faibles et les tests statistiques appropriés ne révéleraient pas ici de différence significative. Pour avoir une vision fiable des choses, il faudrait faire des mesures sur un plus grand nombre d'individus.

2) Sur l'échantillon considéré, on peut estimer la répétabilité ($r$) du caractère, définie comme la corrélation entre les performances réalisées au cours de deux lactations différentes :

$$\hat{r} = 0,62$$

Il faut néamoins émettre pour ce résultat la même réserve que pour les résultats précédents : la faible taille de l'échantillon ne permet pas d'estimer correctement cette corrélation.

3) Si l'on peut admettre que les deux variables ont une liaison linéaire, la prédiction de la performance d'un individu en deuxième lactation ($y_2$) peut être prédite à partir de celle en première ($y_1$) :

$$\hat{y}_2 = \mu_2 + b(y_1 - \mu_1)$$

$\mu_1$ et $\mu_2$ désignant les moyennes respectives en 1ère et 2ème lactation et $b$ le coefficient de régresison linéaire correspondant, dont l'estimation sur cet échantillon est (avec toujours les mêmes réserves) :

$$\hat{b} = 0,81$$

Nous pouvons donc prédire la 2ème lactation d'une brebis ayant eu une 1ère lactation de 130 kg :

$$\hat{y}_2 = 187,5 + 0,81 \times (130 - 153) = 168,8 \text{ kg}$$

La brebis ayant eu une 1ère lactation inférieure à la moyenne des 1ères lactations, on s'attend à ce qu'elle effectue une 2ème lactation inférieure à la moyenne des 2èmes lactations (cf. l'équation de régression).