Feuilles d’exercice WIMS en Biologie

Florence Mougel-Imbert

Deux unités d'enseignements

Biol102 : Diversité du vivant (travail autour des arbres phylogénétiques)
Biol103 : Génétique et écologie (estimation de fréquences alléliques)

Niveau : L1S1

Pour chaque UE :

- Une séance de 1h30 en salle informatique avec l'enseignant
- Puis la feuille d'exercice reste ouverte plusieurs semaines
- Séances en salle informatique précédée et suivie de TD « classique »

Note obtenue prise en compte dans le contrôle continu pour Biol102 uniquement

Biol102 : 2 feuilles de travail

12 exercices différents – 29 exercices à faire

BCSTS2-Biol102 - Licence STS Université Paris Sud 11 2009

Feuille de travail numéro 1

La phylogénie et son interprétation

Cette feuille vous propose une série d'exercices permettant de vous familiariser avec la structure et l'interprétation d'un **arbre phylogénétique**.
Vous trouverez des exercices permettant :

- de vous familiariser avec la notion de topologie
- de reconnaitre un groupe monophylétique
- de retrouver les ancêtres communs à deux espèces
- de comparer des phylogénies...

Vous pouvez travailler sur cette feuille jusqu'au 15 juin 2010.

L'enregistrement des notes est ouvert. Suspendre l'enregistrement.

1. Comparaison de topologies, Retrouver les rotations effectuées entre topologies. 20 des 20 points requis, qualité 10/10.
2. Comparaison de topologies, Retrouver les rotations effectuées entre topologies. 10 des 20 points requis, qualité 5.41/10.
3. Ancêtres communs, Retrouver tous les ancêtres communs à deux taxons. 30 des 30 points requis, qualité 8.3/10.
4. Apparentement, Retrouver dans l'arbre les taxons apparentés à d'autres taxons. 20 des 20 points requis, qualité 9.82/10.
5. Groupe monophylétique, Reconnaître un groupe monophylétique dans un arbre. 20 des 20 points requis, qualité 10/10.
6. Homologie convergence et réversion, Reconnaître les différents phénomènes expliquant l'état de caractères 30 des 30 points requis, qualité 8.52/10.

Biol102 : 2 feuilles de travail

BCSTS2-Biol102 - Licence STS Université Paris Sud 11 2009

Feuille de travail numéro 2

Construction d'arbre phylogénétique

Cette feuille d'exercice est destinée à vous familiariser avec deux méthodes simples de **reconstruction phylogénétique** :

- Méthode du maximum de parcimonie.
- Méthode de distances UPGMA.

Vous pouvez travailler sur cette feuille jusqu'au 15 juin 2010.

L'enregistrement des notes est ouvert. Suspendre l'enregistrement.

1. Notion de site informatif, Comprendre la notion de site informatif en recherchant le nombre de transitions sur un arbre. 50 des 50 points requis, qualité 10/10.
2. Maximum de parcimonie sur un site, Trouver l'hypothèse la plus parcimonieuse pour reconstruire les états ancestraux d'un site. 50 des 50 points requis, qualité 8.43/10.
3. Méthode de parcimonie, Retrouver l'arbre le plus parcimonieux deduit d'après un alignement de séquences nucléotidiques. 10 des 10 points requis, qualité 8.63/10.
4. Méthode UPGMA, Construction d'un arbre à partir d'une matrice de distance par la méthode UPGMA. 10 des 10 points requis, qualité 2.6/10.
5. Méthode UPGMA : distances, A partir d'un arbre construit par la méthode UPGMA, retrouver les distances entre taxons dans la matrice correspondante. 20 des 20 points requis, qualité 8.23/10.
6. Méthode UPGMA : topologie, Retrouver la topologie correspondant à une matrice de distance 10 des 10 points requis, qualité 5.41/10.

Biol102 : feuille de travail numéro 1

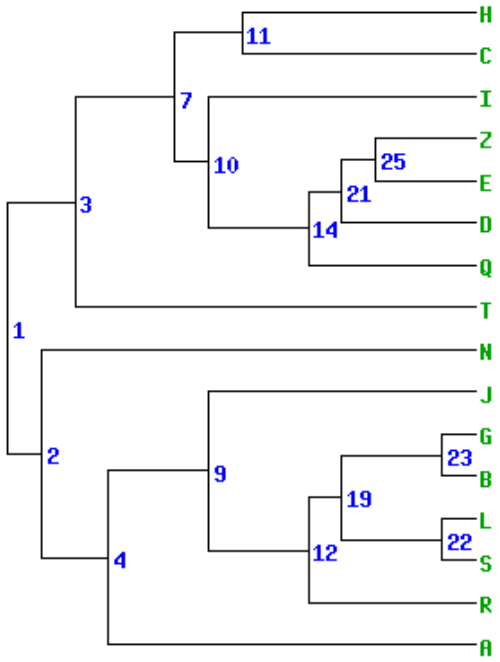
La phylogénie et son interprétation

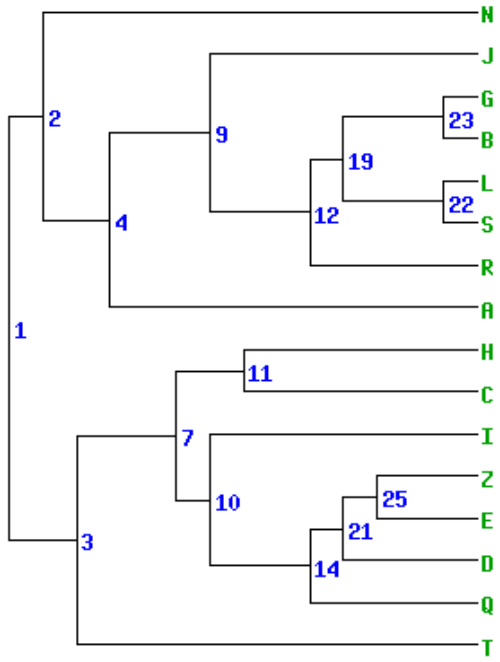
Exercice.

L'arbre ci-dessous représente les relations entre différents taxons.

Les arbres ont la même *topologie* : on est passé de l'un à l'autre en faisant des rotations autour de certains *noeuds* . Donner le numéro de ces noeuds en les séparant par des virgules :

{ }





Biol102 : feuille de travail numéro 1

La phylogénie et son interprétation

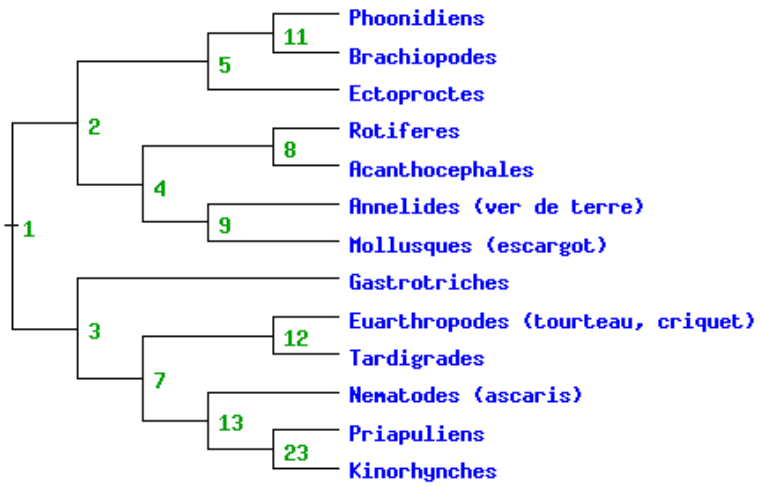
Ancêtres communs (phylo)

Exercice.

L'arbre ci-dessous représente les relations entre différents taxons de **Protostomiens**.

Donner tous les ancêtres communs des *taxons* **Rotifères** , **Acanthocéphales** et **Mollusques**.

{ }



Envoyer la réponse

Biol102 : feuille de travail numéro 1

La phylogénie et son interprétation

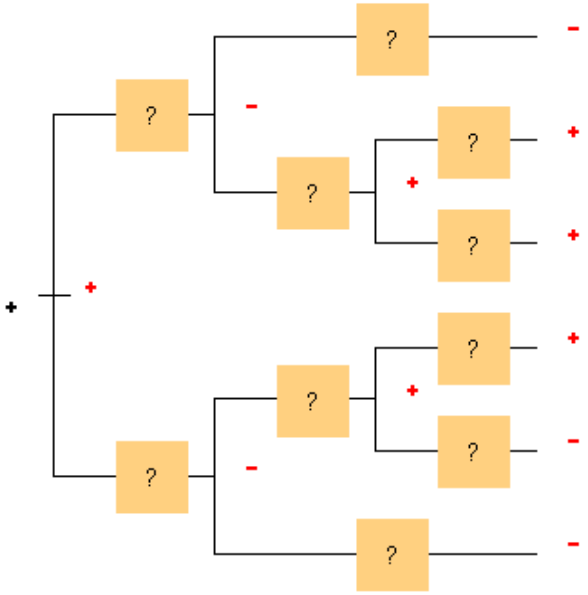
Conv., homol., révers. (construction)

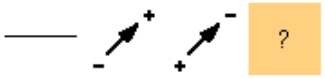
Exercice.

Pour un caractère donné, on a placé les états pour l'ensemble des taxons (ancêtres compris) pour un caractère morphologique ou anatomique. Ils sont représentés par un signe **+** ou **-**. Pour cette hypothèse (qui n'est peut-être pas la plus parcimonieuse), on désire savoir de quel phénomène (*convergence* , *homologie* ou *réversion*) résulte la présence de taxons à l'état final possédant l'état de caractère **-**.

On commence par placer les transitions.

Utiliser l'image ——— *pour indiquer qu'il n'y a aucun changement d'état sur une branche. Utiliser les images du type* X → Y *pour indiquer une transition d'un état ancestral X vers un état ancestral Y.*





Envoyer la réponse

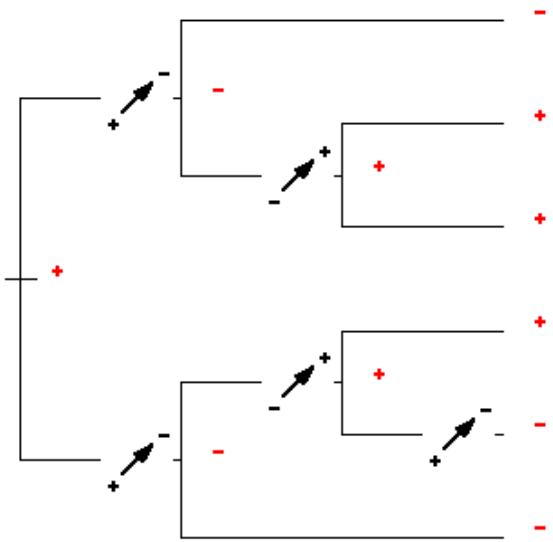
Biol102 : feuille de travail numéro 1

La phylogénie et son interprétation

Conv., homol., révers. (construction)

Exercice.

Pour un caractère donné, on a placé les états pour l'ensemble des taxons (ancêtres compris) pour un caractère morphologique ou anatomique. Ils sont représentés par un signe **+** ou **-**. Pour cette hypothèse (qui n'est peut-être pas la plus parcimonieuse), on désire savoir de quel phénomène (*convergence* , *homologie* ou *réversion*) résulte la présence de taxons à l'état final possédant l'état de caractère **-**.



Déduisez de ce que vous avez trouvé de quel phénomène (*convergence* , *homologie* ou *réversion*) résulte la présence de taxons à l'état final possédant l'état de caractère **-**

☐ homologie, ☐ convergence, ☐ réversion

Envoyer la réponse

Problème de notions « floues »

Biol102 : feuille de travail numéro 2

Construction d'arbre phylogénétique

Méthode de parcimonie: Sites informatifs

Exercice.

On recherche les relations de parentés entre les quatre taxons **LL,MM,NN,OO**.

Question 1/2 : Marquez les *sites informatifs*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
MM	A	A	T	G	C	G	A	C	T	G	A	G	C	G	G	C	T	T	A	T	G
OO	A	T	A	G	A	C	C	T	T	G	A	A	C	G	G	C	T	T	A	T	G
NN	A	T	T	G	A	G	C	T	T	G	A	G	C	G	C	A	T	T	A	A	C
LL	T	A	T	G	A	G	C	C	T	A	A	G	C	G	C	A	A	T	A	A	G

Envoyer la réponse

Méthode de parcimonie: Sites informatifs

Exercice.

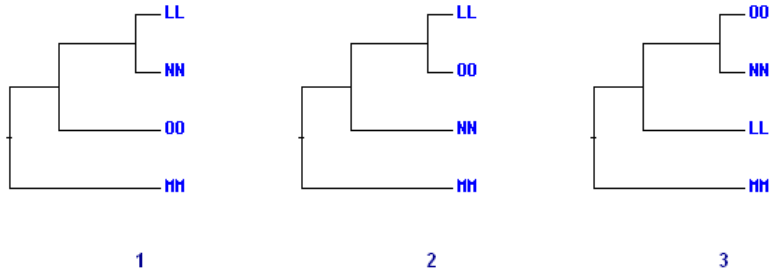
On recherche les relations de parentés entre les quatre taxons **LL,MM,NN,OO**.

Question 2/2 : Sachant que MM est *groupe extérieur* , seuls trois arbres différents sont envisageables. Ils sont présentés ci-dessous.

Donner le nombre de mutations pour chaque site informatif et pour dans chacun des arbres ci-dessous ainsi que le nombre total de mutations.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	Nb. mutations
MM	A	A	T	G	C	G	A	C	T	G	A	G	C	G	G	C	T	T	A	T	G	
OO	A	T	A	G	A	C	C	T	T	G	A	A	C	G	G	C	T	T	A	T	G	
NN	A	T	T	G	A	G	C	T	T	G	A	G	C	G	C	A	T	T	A	A	C	
LL	T	A	T	G	A	G	C	C	T	A	A	G	C	G	C	A	A	T	A	A	G	
Arbre 1																						
Arbre 2																						
Arbre 3																						

Finalement, cliquez sur l'arbre enraciné obtenu en appliquant la métode de la méthode consistant à construire - à partir d'observations sur des caractères homologues - l'arbre phylogénétique qui implique le minimum de mutations pour expliquer les différents états des caractères étudiés. maximum.



Biol102 : feuille de travail numéro 2

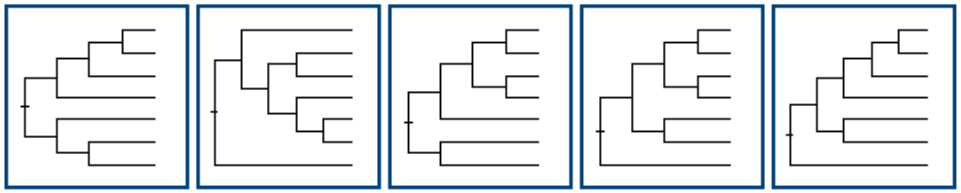
Construction d'arbre phylogénétique

UPGMA : 7 taxons

Exercice.

On utilise la méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages) pour construire un arbre à partir de la matrice de distance génétique entre 7 taxons. Parmi les arbres topologiques suivants, lequel peut correspondre à cette matrice (l'échelle n'est pas respectée) :

	A	B	C	D	H	I
B	2					
C	6	6				
D	6	6	2			
H	10	10	10	10		
I	10	10	10	10	4	
L	16	16	16	16	16	16



Biol102 : feuille de travail numéro 2

Construction d'arbre phylogénétique

Aide associée

UPGMA : 7 taxons

Utiliser l'algorithme UPGMA :

La méthode UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages)

La méthode UPGMA procède de la manière suivante :

- On prend la distance la plus faible, par exemple entre *A* et *B* et on crée le groupe *AB*.
- On calcule alors une nouvelle matrice de distance en enlevant les lignes et colonnes correspondant à A et B et en insérant la distance du groupe AB aux autres groupes, ceci en moyennant : par exemple

$$dist(AB,C) = (dist(A,C) + dist(B,C)) / 2$$

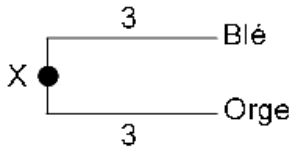
- La distance entre A et B qui disparaît de la matrice sert à déterminer la longueur des branches du noeud regroupant A et B à ces deux taxons (A et B).
- On recommence.

Exemple

La matrice de distances ci-contre a été obtenue, à partir de la comparaison de leur séquences nucléotidiques, pour 4 espèces végétales (le blé, l'orge, l'avoine et le bambou). Avec la méthode UPGMA, on regroupe dans un premier temps les deux taxons les plus proches. Dans le cas ci-dessus, il s'agit du blé et de l'orge. Cette méthode repose sur l'hypothèse d'horloge moléculaire : l'accumulation de mutations dépend uniquement du temps de divergence entre les taxons. Donc si l'on remonte à l'ancêtre commun le plus proche, il y aura eu autant de mutations accumulées sur chacune des deux branches menant aux taxons actuels. Comme on compte 6 mutations entre le blé et l'orge, cela implique qu'il y a eu 3 mutations accumulées entre leur ancêtre commun le plus proche (que l'on appellera X) et le blé et 3 mutations accumulées entre X et l'orge.

Bambou				
Blé	17			
Avoine	12	9		
Orge	15	6	11	
	Bambou	Blé	Avoine	Orge

Nous allons maintenant considérer l'ensemble (blé + orge) comme un unique taxon et calculer la distance moyenne de ce taxon par rapport aux autres.



Par exemple la distance du groupe (blé + orge) par rapport au bammbou est égal à (17 + 15)/2 soit 16 changements en moyenne. On obtient donc la nouvelle matrice. Les deux taxons les plus proches sont désormais l'avoine et le taxon (blé + orge). En faisant le même raisonnement que précédemment, il y a eu 5 mutations accumulées entre leur ancêtre commun le plus proches (Y) et l'avoine et également 5 mutations entre Y et l'ensemble (blé + orge). Sachant qu'il y a 3 mutations entre X et le blé et entre X et l'orge, on en déduit qu'il y a eu deux changements entre Y et X.

Bambou		
(Blé + Orge)	16	
Avoine	12	10

On procède de la même manière en constituant le nouveau taxon

Biol103 : 1 feuille de travail

11 exercices différents – 29 exercices à faire

Feuille de travail numéro 1

Introduction à la génétique des populations

La feuille d'exercice proposée vous permet de vous familiariser avec les exercices de génétique des populations.

Un premier exercice très simple vous permet de vous rappeler comment on passe du génotype au phénotype.

Plusieurs exercices vous proposent ensuite d'estimer les fréquences alléliques dans une population à partir des fréquences génotypiques. Diverses situations sont envisagées : allèles dominant ou codominants, plus de 2 allèles, gène lié au sexe.

Vous ferez ensuite le chemin inverse, à savoir utiliser les fréquences alléliques pour calculer les fréquences génotypiques.

Enfin vous étudierez la formation des couples au sein d'une population.

Vous pouvez travailler sur cette feuille jusqu'au 15 juin 2010.

L'enregistrement des notes est ouvert. Suspendre l'enregistrement.

1. Du génotype au phénotypes, Exercice d'interprétation d'un génotype. 50 des 50 points requis, qualité 9.02/10.
2. Extraction de fréquences alléliques, Nécessité ou non de faire des hypothèses pour extraire les fréquences alléliques. 50 des 50 points requis, qualité 8.68/10.
3. Calcul de fréquences, Calcul de fréquence allélique dans une situation biallélique. 30 des 30 points requis, qualité 7.29/10.
4. Fréquences cas réels, Calcul de fréquence allélique dans des situations biallélique (cas biologiques). 30 des 30 points requis, qualité 5.81/10.
5. Fréquences 3 allèles ou plus, Calcul des fréquences alléliques dans des situations à 3 allèles ou plus. 10 des 10 points requis, qualité 4.13/10.
6. Fréquences 3 allèles ou plus, Calcul des fréquences alléliques dans des situations à 3 allèles ou plus. 10 des 10 points requis, qualité 2.86/10.
7. Fréquences 3 allèles ou plus, Calcul des fréquences alléliques dans des situations à 3 allèles ou plus. 4 des 10 points requis, qualité 1/10.
8. Gène lié au sexe, Calcul de fréquence allélique dans le cas d'un gène biallélique porté par un chromosome sexuel. 40 des 40 points requis, qualité 4.36/10.
9. Descendance, Calcul des fréquences génotypique dans la descendance d'un individu. 20 des 20 points requis, qualité 6.04/10.
10. Allèle à génotype, Recherche des fréquences génotypiques qui ont permis de calculer des fréquences alléliques. 20 des 20 points requis, qualité 4.78/10.
11. Couples, Etude de l'association des individus en couple. 20 des 20 points requis, qualité 5.68/10.

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Relation génotypes phénotype

Phénotypes cas réels

Exercice.

Chez les moutons, la longueur de la laine est déterminée par un locus autosomique présentant deux allèles B et b. L'allèle B est dominant et responsable d'un pelage court.

Associez les phénotypes et les génotypes correspondants :

bb : ?

Bb : ?

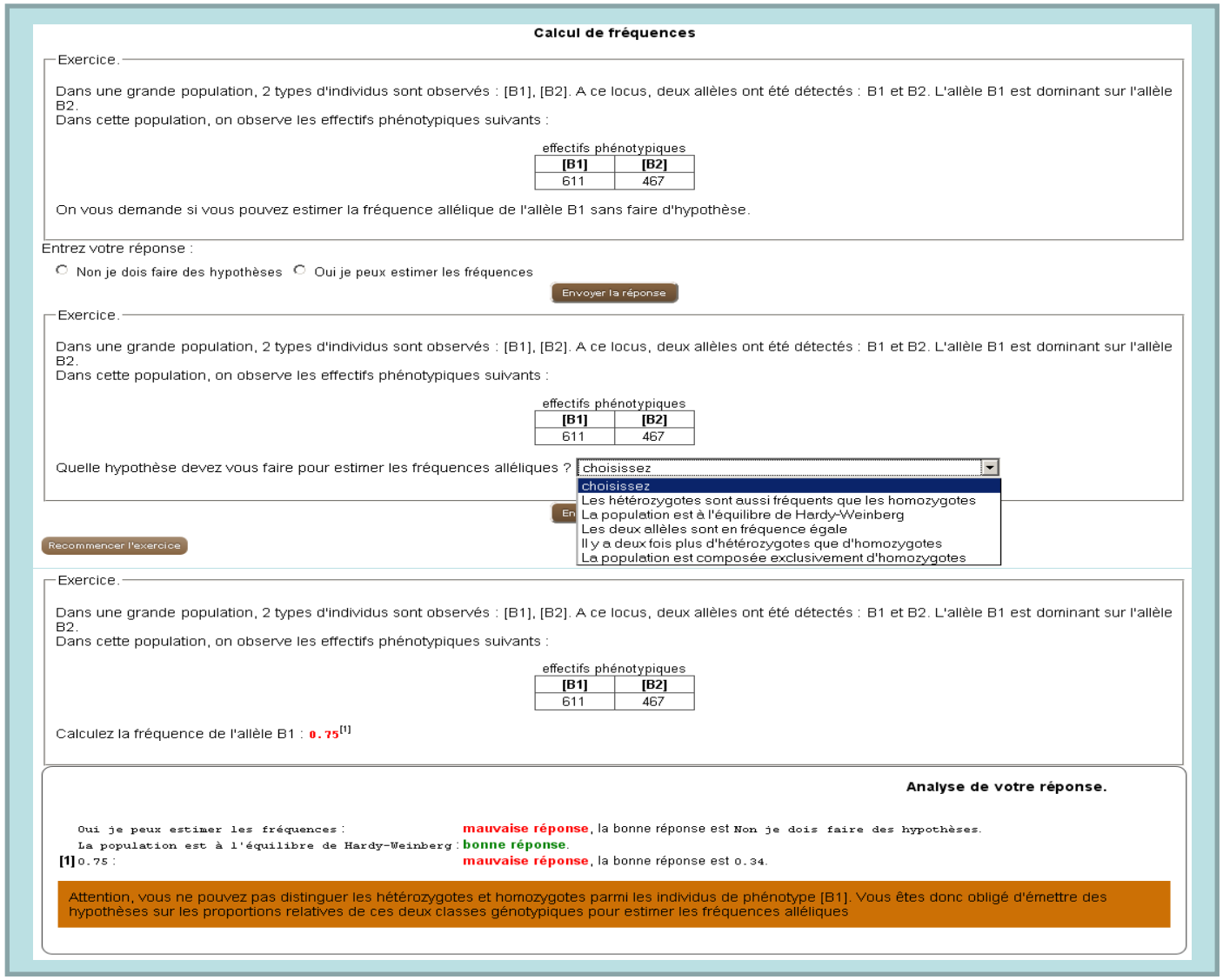
BB : ?

[court] [long] ?

Envoyer la réponse

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Estimation de fréquences alléliques avec 2 allèles dont un est dominant



Calcul de fréquences

Exercice.

Dans une grande population, 2 types d'individus sont observés : [B1], [B2]. A ce locus, deux allèles ont été détectés : B1 et B2. L'allèle B1 est dominant sur l'allèle B2.
Dans cette population, on observe les effectifs phénotypiques suivants :

effectifs phénotypiques

[B1]	[B2]
611	467

On vous demande si vous pouvez estimer la fréquence allélique de l'allèle B1 sans faire d'hypothèse.

Entrez votre réponse :

○ Non je dois faire des hypothèses ○ Oui je peux estimer les fréquences

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une grande population, 2 types d'individus sont observés : [B1], [B2]. A ce locus, deux allèles ont été détectés : B1 et B2. L'allèle B1 est dominant sur l'allèle B2.
Dans cette population, on observe les effectifs phénotypiques suivants :

effectifs phénotypiques

[B1]	[B2]
611	467

Quelle hypothèse devez vous faire pour estimer les fréquences alléliques ? choisissez

- choisissez
- Les hétérozygotes sont aussi fréquents que les homozygotes
- La population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg
- Les deux allèles sont en fréquence égale
- Il y a deux fois plus d'hétérozygotes que d'homozygotes
- La population est composée exclusivement d'homozygotes

En

Recommencer l'exercice

Exercice.

Dans une grande population, 2 types d'individus sont observés : [B1], [B2]. A ce locus, deux allèles ont été détectés : B1 et B2. L'allèle B1 est dominant sur l'allèle B2.
Dans cette population, on observe les effectifs phénotypiques suivants :

effectifs phénotypiques

[B1]	[B2]
611	467

Calculez la fréquence de l'allèle B1 : 0.75[1]

Analyse de votre réponse.

Oui je peux estimer les fréquences : **mauvaise réponse**, la bonne réponse est Non je dois faire des hypothèses.
La population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg : **bonne réponse**.
[1] 0.75 : **mauvaise réponse**, la bonne réponse est 0.34.

Attention, vous ne pouvez pas distinguer les hétérozygotes et homozygotes parmi les individus de phénotype [B1]. Vous êtes donc obligé d'émettre des hypothèses sur les proportions relatives de ces deux classes génotypiques pour estimer les fréquences alléliques

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Estimation de fréquences alléliques avec 2 allèles codominants

Calcul de fréquences

Exercice.

Dans une grande population, 3 types d'individus sont observés : [Z1], [Z1Z2], [Z2]. A ce locus, deux allèles ont été détectés : Z1 et Z2. Les deux allèles sont codominants.
Dans cette population, on observe les effectifs phénotypiques suivants :

effectifs phénotypiques

[Z1]	[Z1Z2]	[Z2]
494	377	245

On vous demande si vous pouvez estimer la fréquence allélique de l'allèle Z1 sans faire d'hypothèse.

Entrez votre réponse :

○ Non je dois faire des hypothèses ○ Oui je peux estimer les fréquences

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une grande population, 3 types d'individus sont observés : [Z1], [Z1Z2], [Z2]. A ce locus, deux allèles ont été détectés : Z1 et Z2. Les deux allèles sont codominants.
Dans cette population, on observe les effectifs phénotypiques suivants :

effectifs phénotypiques

[Z1]	[Z1Z2]	[Z2]
494	377	245

Calculez la fréquence de l'allèle Z1 :

Envoyer la réponse

Fréquences cas réels

Exercice.

Chez la vache, la coloration du pelage est entre autre déterminée par un locus B, présentant deux allèles codominants B1 (couleur rousse) et B2 (couleur blanche).
Dans cette population, on observe les effectifs phénotypiques suivants.

effectifs phénotypiques

[rousse]	[rouanne]	[blanche]
37	54	27

On vous demande si vous pouvez estimer la fréquence allélique de l'allèle B1 sans faire d'hypothèse.

Entrez votre réponse :

○ Non je dois faire des hypothèses ○ Oui je peux estimer les fréquences

Envoyer la réponse

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Estimation de fréquences alléliques avec plus de 2 allèles

Fréquences 3 allèles ou plus

Exercice.

Dans une population, on observe pour un gène C les effectifs génotypiques suivants

Génotypes	C1C4	C3C4	C4C4	C2C2	C2C4	C2C3	C1C2	C1C1	C1C3	C3C3
Effectifs	8	134	194	48	174	181	12	124	49	14

Combien de fréquences alléliques devez vous calculer ? [ ]

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une population, on observe pour un gène C les effectifs génotypiques suivants

Génotypes	C1C4	C3C4	C4C4	C2C2	C2C4	C2C3	C1C2	C1C1	C1C3	C3C3
Effectifs	8	134	194	48	174	181	12	124	49	14

Le nombre de fréquences à calculer est 4. Calculez ces fréquences et indiquez les dans le tableau ci-dessous :

C1	
C2	
C3	
C4	

Envoyer la réponse

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Gène lié au sexe

Exercice.

Dans une population, on s'intéresse à un gène C lié au sexe. A ce locus, deux allèles sont détectés : C1 et C2. L'allèle C1 est dominant sur l'allèle C2.

On observe les effectifs phénotypiques suivant :

Mâles		Femelles	
[C1]	[C2]	[C1]	[C2]
397	242	450	199

Sans faire d'hypothèse, à partir de quel sexe pouvez vous calculer les fréquences allélique ? choisissez

- choisissez
- mâles
- femelles
- les deux

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une population, on s'intéresse à un gène C lié au sexe. A ce locus, deux allèles sont détectés : C1 et C2. L'allèle C1 est dominant sur l'allèle C2.

On observe les effectifs phénotypiques suivant :

Mâles		Femelles	
[C1]	[C2]	[C1]	[C2]
397	242	450	199

Calculez la fréquence de l'allèle C1 à partir des fréquences génotypiques des mâles

Envoyer la réponse

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Pour aller plus loin...

Descendance

Exercice.

Dans une grande population de plantes à sexes séparés, on a observé un locus A ayant deux allèles A1 et A2. L'allèle A1 a une fréquence de 0.8. On suppose que la reproduction se fait de façon panmictique dans cette population.

On s'intéresse aux individus issus du croisement entre un plant femelle A2A2 et un plant mâle A1A2.

Indiquez dans le tableau suivant les fréquences alléliques des gamètes

Gamètes femelles		Gamètes mâles	
A1	A2	A1	A2

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une grande population de plantes à sexes séparés, on a observé un locus A ayant deux allèles A1 et A2. L'allèle A1 a une fréquence de 0.8. On suppose que la reproduction se fait de façon panmictique dans cette population.

On s'intéresse aux individus issus du croisement entre un plant femelle A2A2 et un plant mâle A1A2.

Gamètes femelles		Gamètes mâles	
A1	A2	A1	A2
0	1	0.5	0.5

Calculez les fréquences des génotypes dans la descendance :

A1A1	A1A2	A2A2

Envoyer la réponse

Allèle à génotype

Exercice.

Dans une population naturelle, on s'interesse à un locus biallélique présentant les allèles Z1 et Z2. A partir des fréquences génotypiques observées, on a pu déduire la fréquence allélique de Z1 : 0.45. Sachant que la population est panmictique, déduisez-en quelles étaient les fréquences génotypiques observées.

Fréquences génotypiques

Génotypes	Z1Z1	Z2Z2	Z1Z2
Fréquences			

Envoyer la réponse

Biol103 : Introduction à la génétique des populations

Pour aller plus loin...

Couples

Exercice.

Dans une population naturelle on s'intéresse à la formation des couples. On a échantillonné 2205 couples et regardé le génotype de chacun des deux partenaires au locus H. Les effectifs observés pour les différentes associations sont les suivants :

Couples	Effectifs
H1H1xH1H1	448
H1H2xH1H2	238
H1H2xH2H2	317
H1H1xH1H2	529
H2H2xH2H2	201
H1H1xH2H2	472

Calculez les fréquences génotypiques dans cette population

Génotypes	Fréquences
H1H1	
H1H2	
H2H2	

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une population naturelle on s'intéresse à la formation des couples. On a échantillonné 2205 couples et regardé le génotype de chacun des deux partenaires au locus H. Les effectifs observés pour les différentes associations sont les suivants :

Couples	Effectifs
H1H1xH1H1	448
H1H2xH1H2	238
H1H2xH2H2	317
H1H1xH1H2	529
H2H2xH2H2	201
H1H1xH2H2	472

Génotype	H1H1	H1H2	H2H2
Fréquence	0.43	0.3	0.27

Les couples se forment-ils au hasard dans la population ? ○ oui ○ non

Envoyer la réponse

Exercice.

Dans une population naturelle on s'intéresse à la formation des couples. On a échantillonné 2205 couples et regardé le génotype de chacun des deux partenaires au locus H. Les effectifs observés pour les différentes associations sont les suivants :

Couple	Effectifs observés	Effectifs attendus en panmixie
H1H1xH1H1	448	408
H1H2xH1H2	238	198
H1H2xH2H2	317	357
H1H1xH1H2	529	569
H2H2xH2H2	201	161
H1H1xH2H2	472	512

Quel régime de reproduction pourrait expliquer les effectifs observés ? ○ homogamie ○ hétérogamie

Envoyer la réponse

Bilan sur les deux séances

Des étudiants demandeurs de ce type de séance

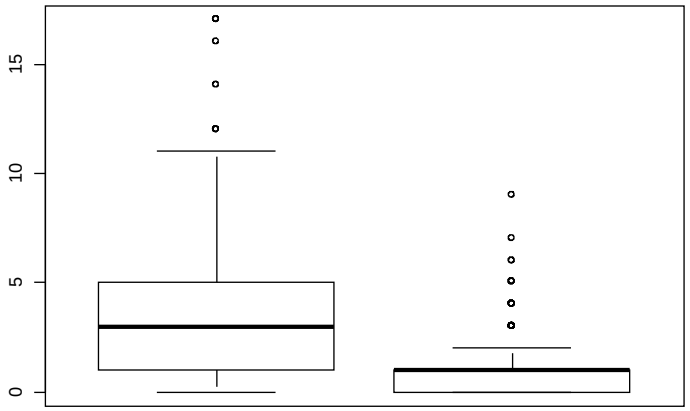
Des étudiants actifs mais qui appellent peu à l'aide

➔ Enseignants à l' « affût »

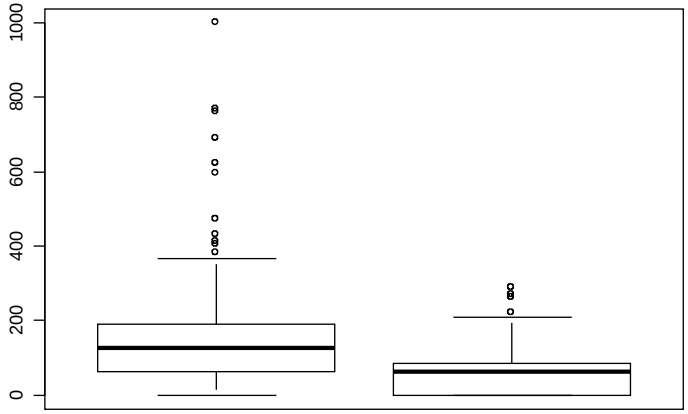
➔Importance des documents d'aide (à rédiger pour Biol103)

Un investissement après la séance très lié à la prise en compte des notes

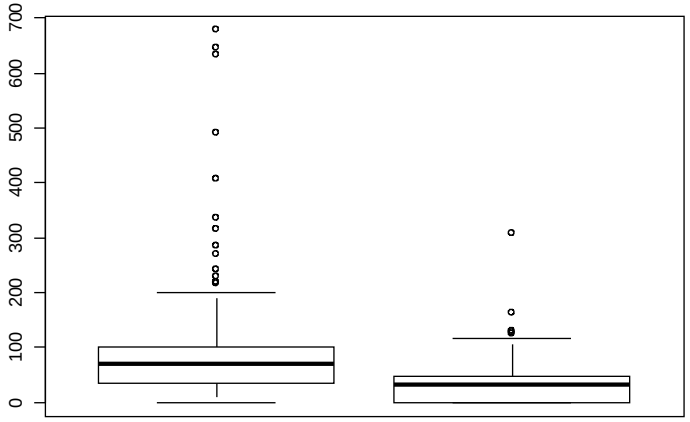
Nombre de session



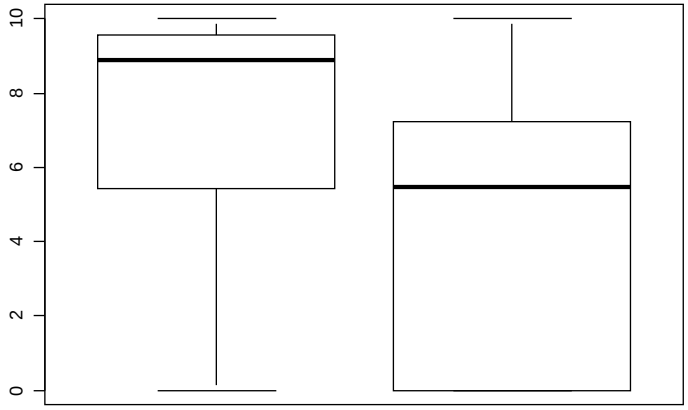
Temps de travail (min)



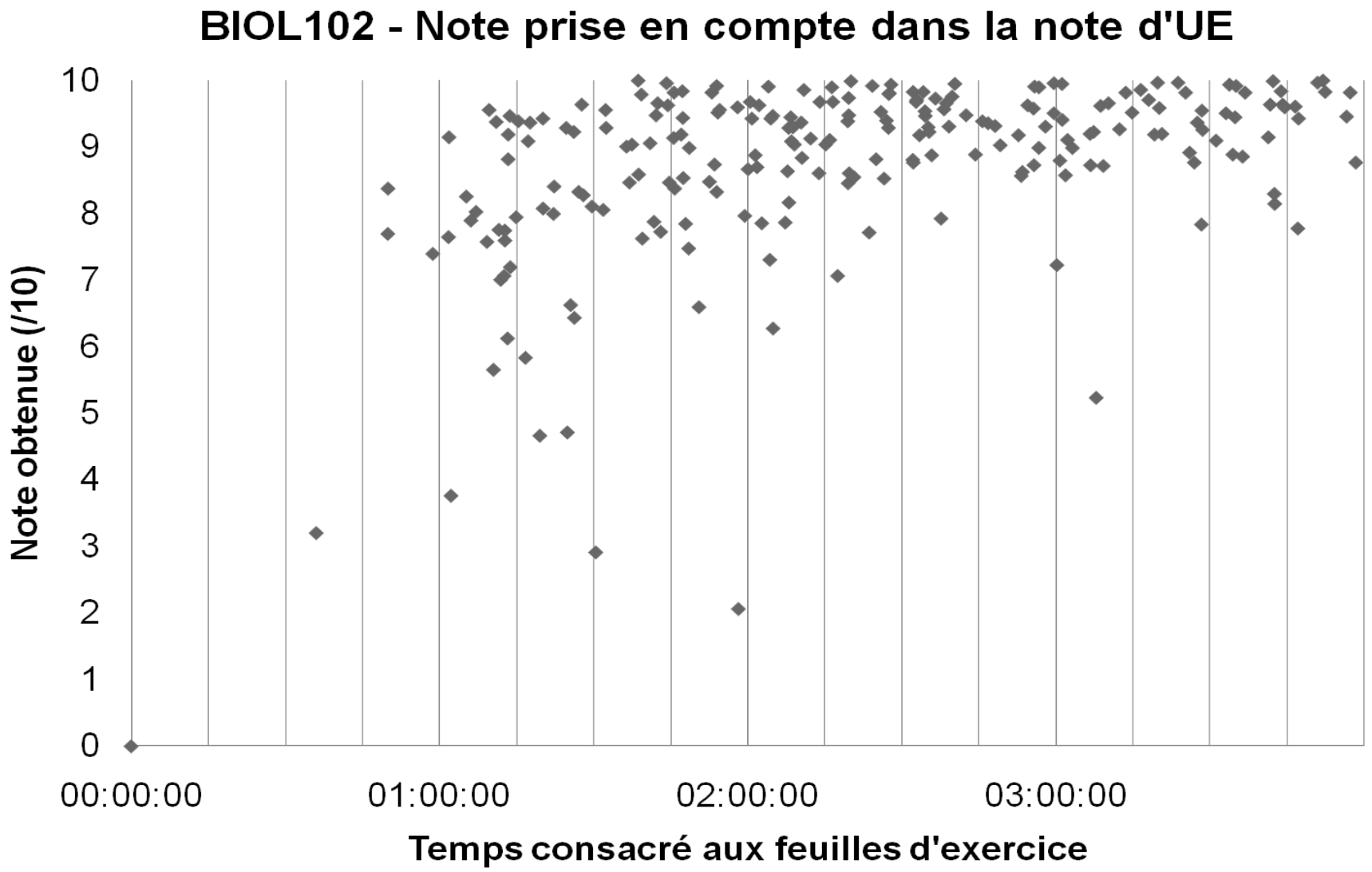
Nombre d’exercices



Note sur 10

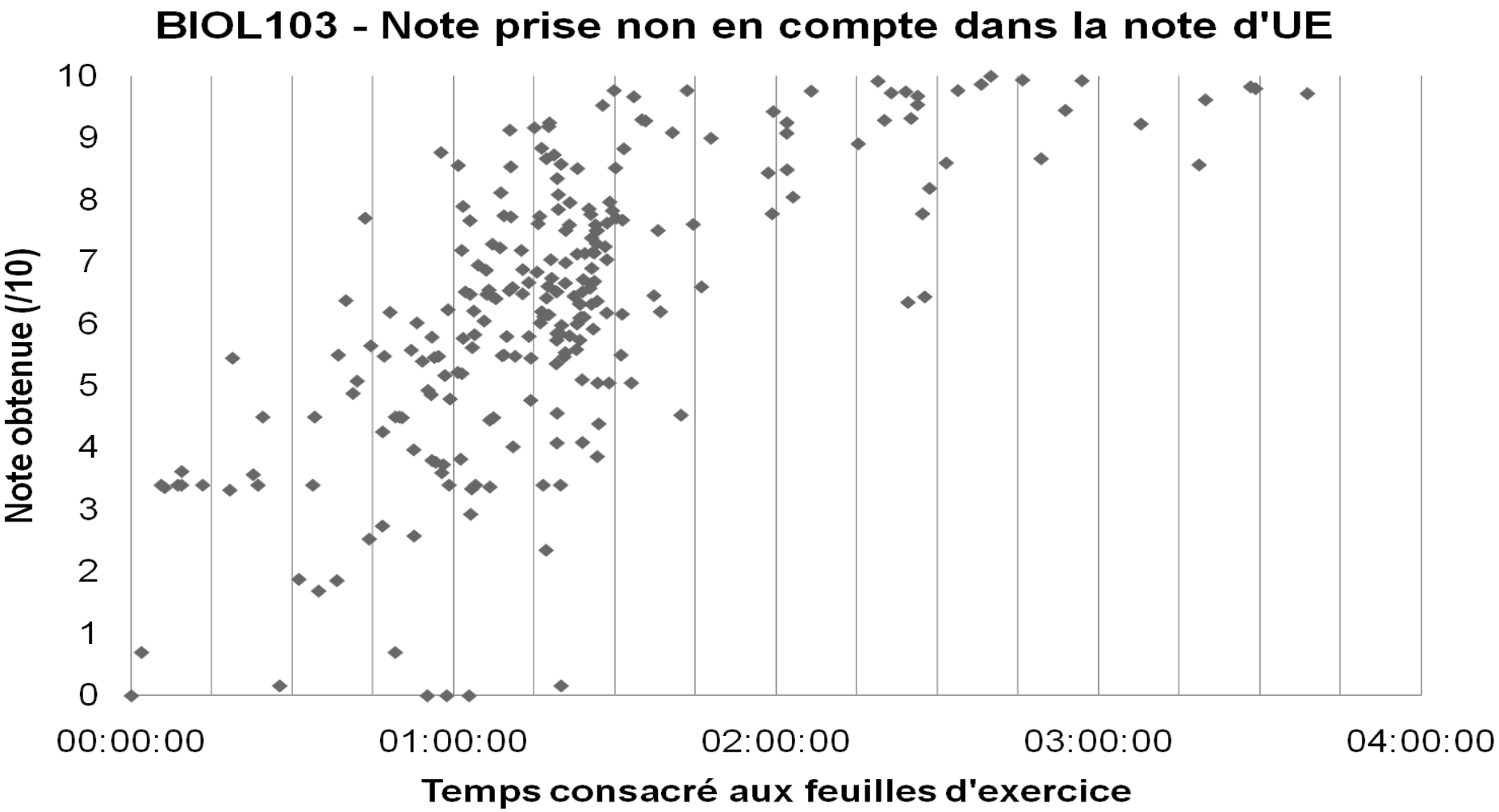


Relation Temps de travail - Note



Les étudiants remplissent globalement le contrat après 1h30 de travail effectif.

Relation Temps de travail - Note



1h30 de travail effectif serait également suffisant mais peu le font.