

# SV-F-4 BRASSAGE GÉNÉTIQUE ET DIVERSIFICATION DU GÉNOME

À partir de l'étude de différents croisements (lien partie « Reproduction ») :

- identifier les caractères indépendants ou liés des gènes ;
- déterminer les caractères récessif, dominant ou codominant des allèles ;
- montrer la diversité génétique créée ;
- illustrer des pratiques de sélection agronomique sur un exemple.

# I. Étude de croisements et identification du déterminisme génétique des caractères

## 1. Couleur du pelage chez la Souris

- En croisant des souris à pelage uniforme et gris avec d'autres souris à pelage noir et panaché de blanc, on obtient en F1 des individus à pelage uniforme et gris.
- En croisant les F1 entre eux, on obtient une descendance composée de :
  - 559 souris à pelage uniforme et gris,
  - 187 souris à pelage gris panaché de blanc,
  - 188 souris à pelage noir uniforme,
  - 63 souris à pelage noir panaché de blanc.

**Question 1** : *Identifiez le déterminisme génétique de ces caractères.*

# I. Étude de croisements et identification du déterminisme génétique des caractères

## 1. Couleur du pelage chez la Souris

Identifiez le déterminisme génétique de ces caractères.

L'uniformité des F1 permet d'affirmer :

- que les parents étaient de **souche pure**,
- que les caractères **gris G et uniforme U sont dominants** par rapport aux caractères noir n et panaché de blanc p.

Les proportions obtenues pour les phénotypes correspondent aux **proportions 9,3,3,1** attendues dans le cas de 2 **caractères indépendants**.

♀ \ ♂	GU	Gp	nU	np
GU	$\frac{G}{G} \frac{U}{U}$	$\frac{G}{G} \frac{p}{U}$	$\frac{n}{G} \frac{U}{U}$	$\frac{n}{G} \frac{p}{U}$
Gp	$\frac{G}{G} \frac{U}{p}$	$\frac{G}{G} \frac{p}{p}$	$\frac{n}{G} \frac{U}{p}$	$\frac{n}{G} \frac{p}{p}$
nU	$\frac{G}{n} \frac{U}{U}$	$\frac{G}{n} \frac{p}{U}$	$\frac{n}{n} \frac{U}{U}$	$\frac{n}{n} \frac{p}{U}$
np	$\frac{G}{n} \frac{U}{p}$	$\frac{G}{n} \frac{p}{p}$	$\frac{n}{n} \frac{U}{p}$	$\frac{n}{n} \frac{p}{p}$

## 2. Anomalie des doigts et pelage ébouriffé des cobayes

Chez le cobaye existent deux gènes dominants notés *pollex* (P) et *rough* (R). La présence de *pollex* est responsable d'une anomalie des doigts et *rough* ébouriffe le pelage.

Des croisements entre des doubles hétérozygotes *pollex rough* et des individus homozygotes normaux produit quatre types de descendants avec les effectifs suivants :

79 rough

103 normaux

95 rough pollex

75 pollex

**Question 2** : *Après avoir déterminé le génotype des parents, proposez une interprétation génétique des résultats obtenus*

## 2. Anomalie des doigts et pelage ébouriffé des cobayes

*Après avoir déterminé le génotype des parents, proposez une interprétation génétique des résultats obtenus.*

- Ce test cross ne donne pas les proportions  $1/4$ ,  $1/4$ ,  $1/4$ ,  $1/4$

→ **Les gènes sont liés.**

- Les gamètes parentaux ont une fréquence plus importante que celle des gamètes recombinés

→ **Les allèles P et R sont liés, les allèles p et r sont liés.**

→ **Les parents ont pour génotype PR//pr et les individus normaux pr//pr.**

- Il y a  $79 + 103 + 95 + 75 = 352$  descendants au total, parmi lesquels les recombinants représentent  $79 + 75 = 154$  descendants.

**Le taux de recombinaison est donc de  $154 / 352 = 43,8 \%$ .**

### 3. Les chats sans queue de l'île de Man

On trouve sur l'île de Man des chats dépourvus de queue. Lorsque l'on croise un chat sans queue avec un chat pourvu de queue, on observe que la moitié des chatons est dépourvue de queue. Lorsque l'on croise entre eux des chats sans queue, on observe que  $2/3$  des chatons sont dépourvus de queue.

**Question 3 :** *Proposez une interprétation génétique à ces constats (on fera l'hypothèse minimaliste que le phénotype mutant résulte de la mutation d'un seul gène).*

### 3. Les chats sans queue de l'île de Man

Proposez une interprétation génétique à ces constats (on fera l'hypothèse minimaliste que le phénotype mutant résulte de la mutation d'un seul gène).

$[sq] \times [q] \rightarrow 50\% [sq] + 50\% [q]$  → l'un d'eux est hétérozygote (pas les deux, sinon on aurait des résultats en 1/4).  $[sq] \times [sq] \rightarrow 2/3 [sq] + 1/3 [q]$  → sq est dominant sur l'allèle sauvage q et parents hétérozygotes ?

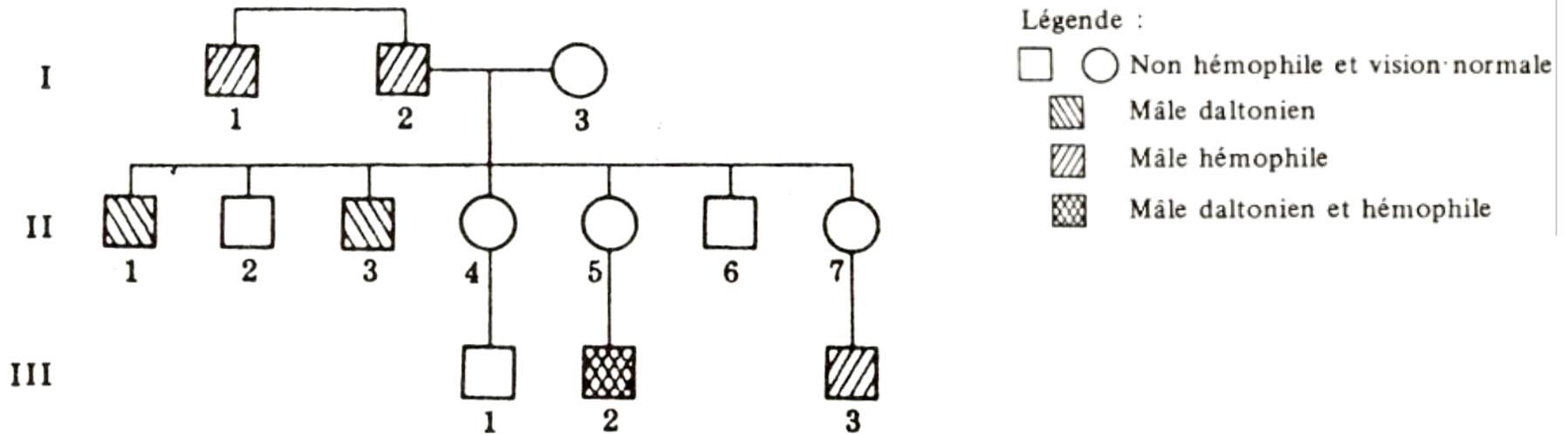
	q	sq
q	q//q	sq//q
sq	sq//q	sq//sq

On devrait obtenir des résultats en 1/4, ce qui n'est pas le cas : il manque une des combinaisons, ce qui explique les résultats en 1/3. Cela indique **qu'une des combinaisons homozygotes est létale, c'est sq//sq.**

Il s'agit d'une mutation **pléiotrope** : elle a plusieurs effets phénotypiques, le premier concerne la morphologie (absence de queue) et le deuxième la viabilité.

## 4. Hémophilie et daltonisme dans l'espèce humaine

Sur l'arbre généalogique humain ci-contre tous les individus mâles non représentés sont supposés phénotypiquement normaux. On étudie la transmission des caractères hémophilie et daltonisme dans cette famille.



**Question 4a :** *Peut-on à partir de cette généalogie déterminer la localisation (autosome ou chromosome sexuel) des gènes impliqués ?*

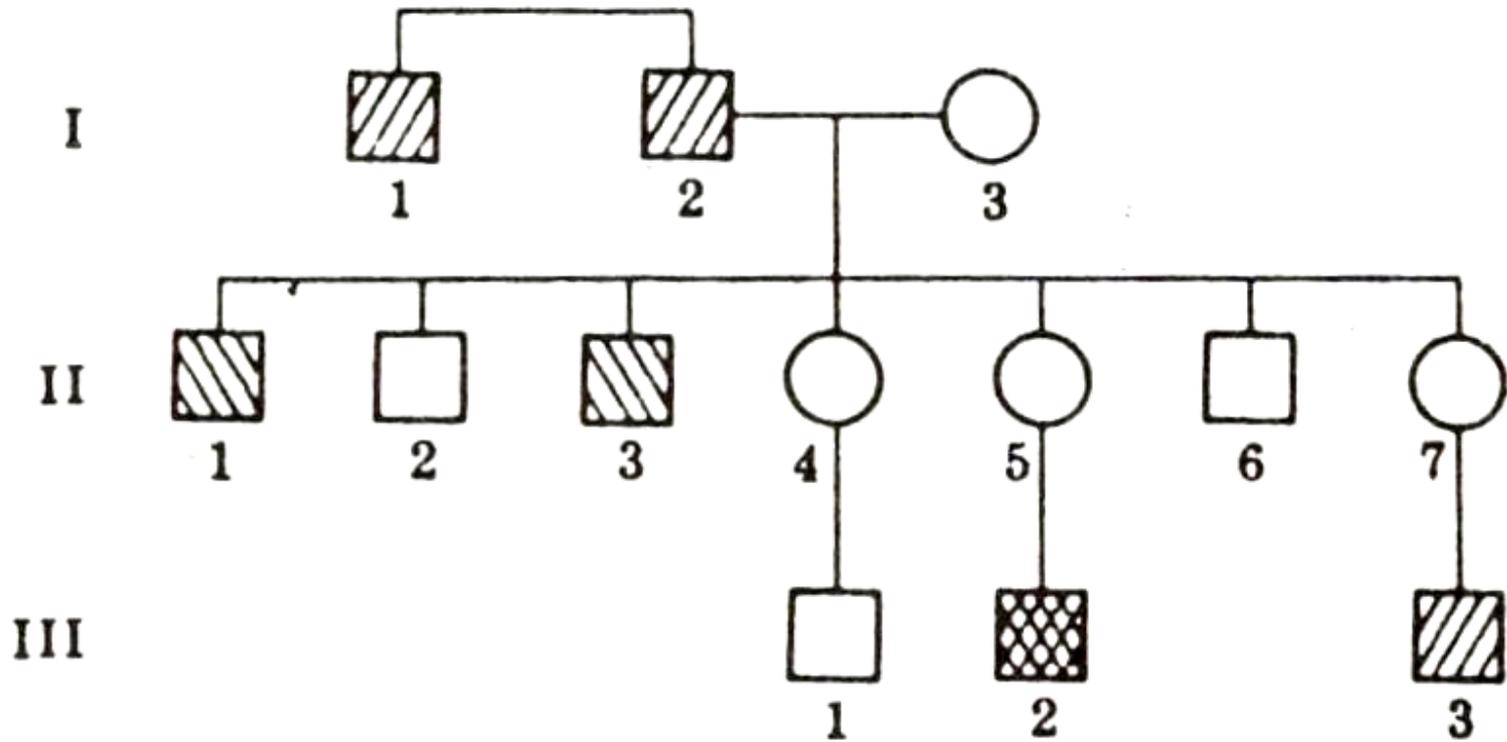
**Question 4b :** *Déterminez si les deux caractères hémophilie et daltonisme sont dominants ou récessifs.*

**Question 4c :** *Déterminez le génotype des individus représentés en lien avec votre réponse b.*

**Question 4c :** Déterminez le génotype des individus représentés en lien avec votre réponse b.

Légende :

- ○ Non hémophile et vision normale
- ▨ Mâle daltonien
- ▧ Mâle hémophile
- ▩ Mâle daltonien et hémophile



## 4. Hémophilie et daltonisme dans l'espèce humaine

**a- Peut-on à partir de cette généalogie déterminer la localisation (autosome ou chromosome sexuel) des gènes impliqués ?**

Seuls les garçons (XY) sont affectés ce qui suggère une localisation sur un chromosome X des gènes concernés.

**b- Déterminez si les deux caractères hémophilie et daltonisme sont dominants ou récessifs.**

Les filles (XX) II4, II5 et II7 ne sont pas affectées alors qu'elles ont nécessairement le X du père porteur du gène de l'hémophilie. Cet allèle est donc récessif.

Le garçon II1 est daltonien alors ni son père I2, ni sa mère I3 ne le sont. Cela signifie que le X reçu de sa mère I3 porte l'allèle responsable du daltonisme. Celle-ci étant normale, cela signifie que cet allèle est récessif.

**c- Déterminez le génotype des individus représentés en lien avec votre réponse b**

Les garçons possèdent un seul chromosome X, forcément porteur de la ou les anomalies s'ils sont affectés par le daltonisme et/ou l'hémophilie.

Les garçons I1, I2 et III3 sont hémophiles et à vision normale : ils sont donc hD//Y.

Les garçons II1 et II3 sont daltoniens et non hémophiles : ils sont donc Hd//Y.

Le garçons III2 présente les deux anomalies : il est hd//Y.

Les garçons II2, II6 et III1 n'ont aucune anomalie : ils sont HD//Y.

L'apparition du caractère daltonien dans la génération II indique qu'il a été transmis par la mère I3 qui est donc hétérozygote pour d. Comme il existe parmi ses enfants des garçons dépourvus d'anomalie, elle possède également les allèles H et D. Comme II1 est daltonien et non hémophile, la mère a seulement transmis l'allèle d.

Elle a donc pour génotype HD//Hd.

II4 / II5 / II7 ont reçu de leur père un chromosome X porteur des allèles hD.

Elles ont reçu de leur mère soit le chromosome X porteur de HD, soit le chromosome X porteur de Hd.

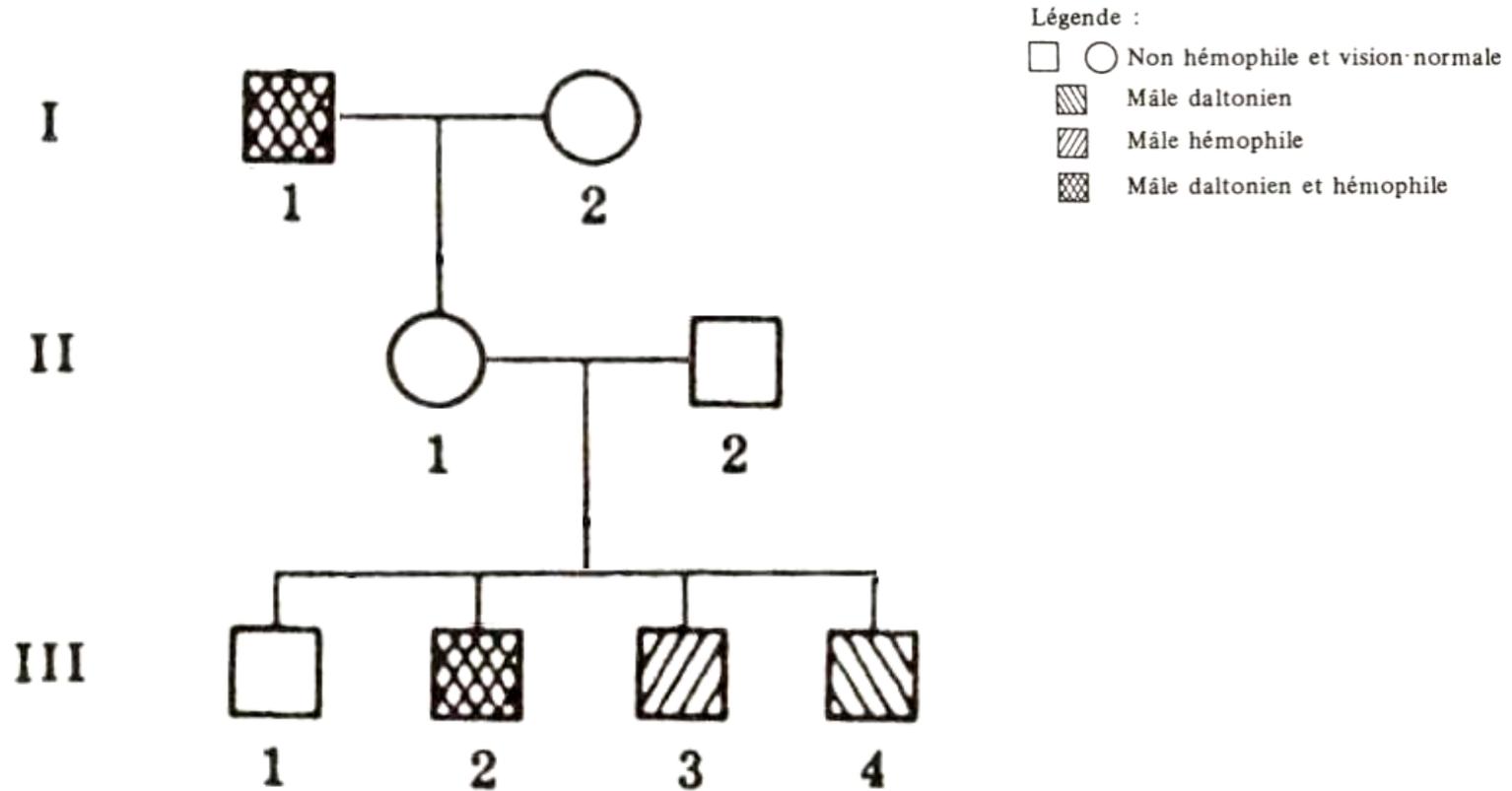
II4 a un garçon ne présentant aucune anomalie : elle lui a transmis XHD donc son génotype est probablement HD//hD.

II7 a un garçon daltonien : elle lui a transmis XHd, qu'elle a hérité de son père. On ne sait pas si l'autre chromosome X qu'elle possède est XHD ou XHd.

II5 a un garçon présentant les deux anomalies : elle lui a transmis un chromosome Xhd : cette combinaison est **nouvelle**, elle doit **résulter d'un crossing-over entre les chromosomes X de la mère** dont le génotype doit être Hd//hD.

Remarque : pour II4 une autre possibilité est que le chromosome porteur de HD qu'elle transmet soit issu lui aussi d'un crossing-over, si son génotype est le même que II5.

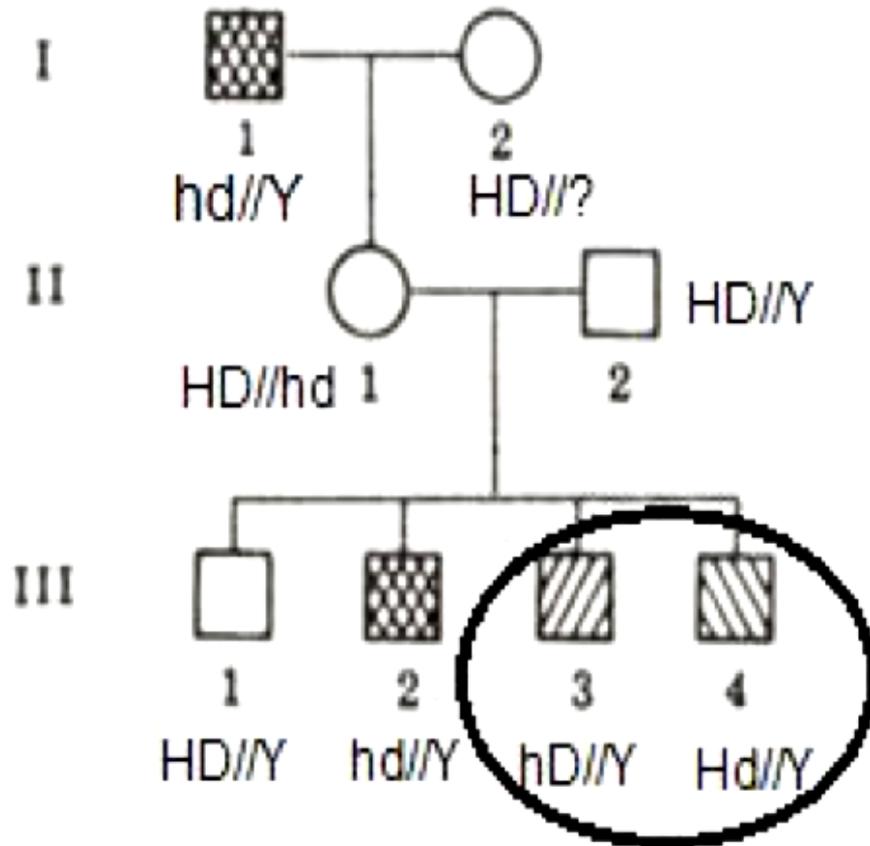
Ci-dessous est présenté la généalogie d'une autre famille dans laquelle les mêmes anomalies ont été diagnostiquées. Les figurés sont les mêmes que précédemment.



**Question 4d :** Déterminez le génotype des individus représentés.

**d- Déterminez le génotype des individus représentés**

On constate chez II3 et III4 que des allèles qui étaient jusque là transmis ensemble et responsables de l'hémophilie et du daltonisme ont été séparés par un crossing-over : il s'agit d'une rupture de liaison entre gènes.



un crossing-over a  
séparé les deux  
allèles responsables  
des anomalies

## II- Des plantes sauvages aux plantes domestiquées : exemple des céréales cultivées

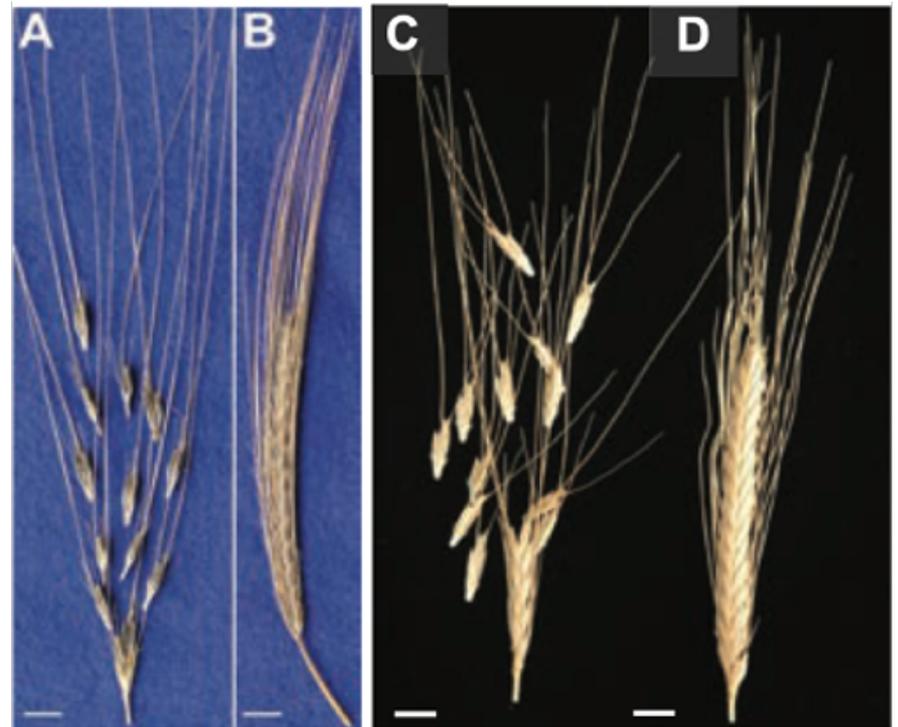
Document 1 : Comparaison des épis à maturité chez une variété sauvage et une variété cultivée pour deux espèces de céréales, l'orge *Hordeum vulgare* (A-B) et l'engrain *Triticum monococcum* (C-D).

- (A) Orge sauvage *H. vulgare spontaneum* ;
- (B) Orge cultivée *H. vulgare vulgare* ;
- (C) Engrain sauvage *T. monococcum aegilopoides*
- (D) Engrain cultivé *T. monococcum monococcum*.

Chez les variétés sauvages, les épillets contenant les semences sont libérés par désarticulation (ou déhiscence) de l'axe de l'épi à maturité.

Barres d'échelle = 1 cm.

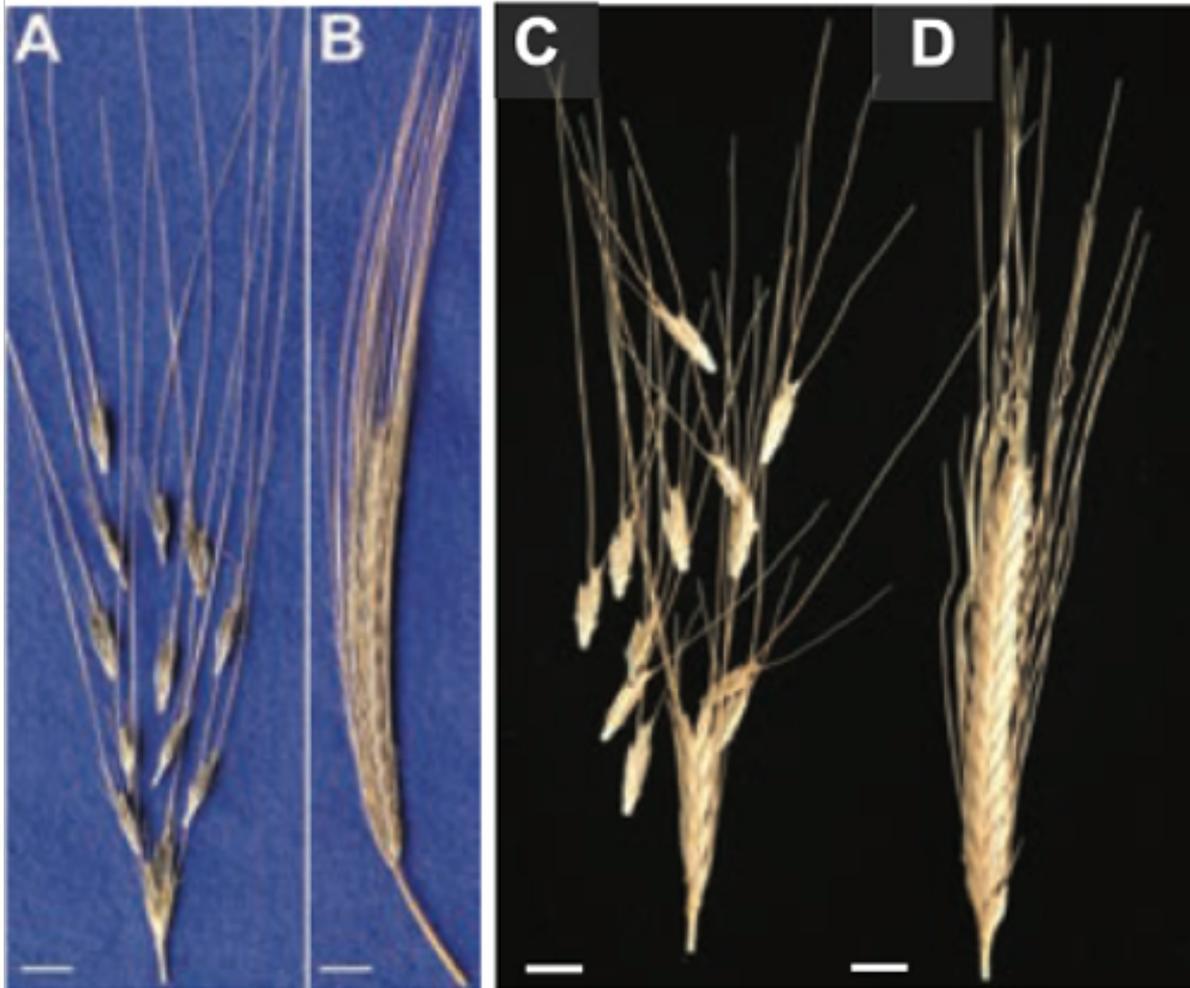
Sources : Fuller et al. 2011, *Journal of Experimental Botany* 63: 617-633 ; Pourkheirandish et al. 2015, *Cell* 162: 527-539; Pourkheirandish et al. 2018, *Frontiers in Plant Science* 8: 2031



**Question 5a :** Déterminez les caractères phénotypiques qui différencient ces variétés cultivées de la plante sauvage.

**Question 5b :** Proposez des propriétés remarquables des caractères phénotypiques qui différencient la variété domestiquée de son progéniteur sauvage.

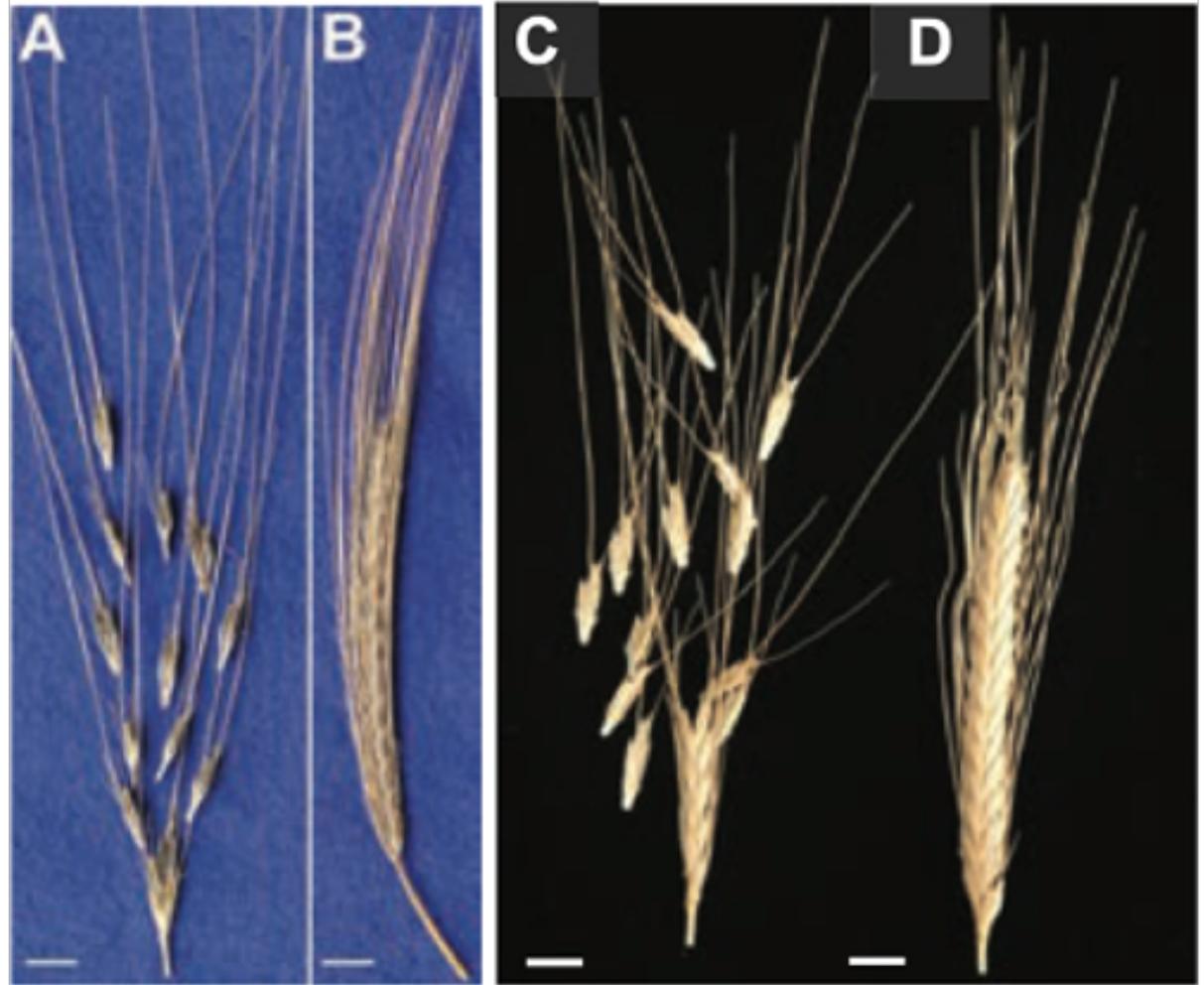
**Question 5c :** Définissez la domestication



**Question 5a :** Déterminez les caractères phénotypiques qui différencient ces variétés cultivées de la plante sauvage.

Épillets tombant au sol à maturité :  
L'axe de l'épi se désarticule (déhiscence) à maturité.

Épillets demeurant fixés sur l'épi à maturité :  
perte des mécanismes de déhiscence de l'axe de l'épi chez les céréales.



## II. Des plantes sauvages aux plantes domestiquées

*b- Proposez des propriétés remarquables des caractères phénotypiques qui différencient la variété domestiquée de son progéniteur sauvage*

Les caractères phénotypiques qui différencient ces variétés domestiquées de son progéniteur sauvage présentent des propriétés remarquables :

**Caractères héritables** qui diminuent, voire annulent le succès reproducteur (donc la fitness) de la plante qui les porte par la perte des mécanismes naturels de dispersion de semences → en contexte naturel, les individus portant ces caractères défavorables seraient éliminés par sélection naturelle.

**Caractères sélectionnés** chez les plantes cultivées, sous l'effet des interventions humaines → plantes entièrement dépendantes de l'être humain pour leur reproduction.

**Caractères fixés de nombreuses fois indépendamment** chez différentes espèces soumises à la domestication.

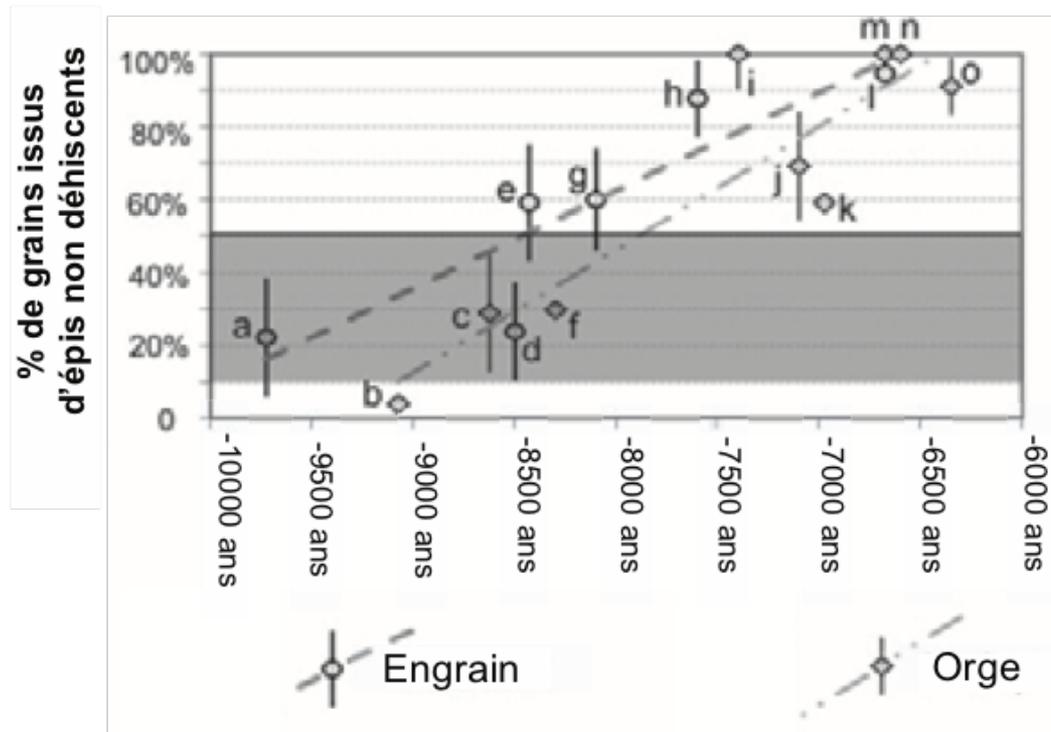
Solidité de l'axe de l'épi est **convergente** chez l'orge et l'en grain

*c- Définissez la domestication*

Ensemble des processus par lesquels une espèce sauvage subit des transformations de caractères phénotypiques en réponse à une interaction humaine prolongée, qui exercent sur les populations de l'espèce considérée une forte pression de sélection sur ces caractères. Ces processus sélectifs conduisent à l'apparition d'espèces dites domestiquées à partir d'espèces sauvages.

**Document 2 :** Pourcentage de grains issus d'épis non déhiscents dans quinze lots de grains subfossiles de deux espèces de céréales, l'en grain (*Triticum monococcum*) et l'orge (*Hordeum vulgare*), en fonction de l'âge de ces lots.

Les lots de grains subfossiles étudiés ont été exhumés de quinze sites archéologiques néolithiques situés au Proche-Orient (Israël, Palestine, Turquie, Syrie, Irak et Iran), et désignés par les lettres « a » à « o ». Ces lots de grains ont été datés avec précision par la méthode au Carbone 14 (âges en abscisse).



**Question 5d :** Discutez de l'origine géographique et temporelle de la domestication dans l'exemple proposé

*d- Discutez de l'origine géographique et temporelle de la domestication dans l'exemple proposé*

### **Le contexte géographique : les foyers de domestication**

Faisceau d'arguments botaniques et archéologiques suggère que le centre d'origine d'un grand nombre de céréales cultivées (blés, seigle, orge et avoine notamment) est un aire géographique du Proche-Orient surnommée **Croissant Fertile**, qui correspondant grossièrement à l'**ancienne Mésopotamie**, et s'étendant du delta du Nil et du Sinaï à l'Ouest jusqu'à l'Irak et à l'Iran à l'Est, en passant par les actuels Israël, Palestine, Liban et Syrie.

### **Le contexte temporel : une « Révolution Néolithique » ?**

Le document 2 présente des données archéo-botaniques sur l'évolution du pourcentage de grains issus d'épis solides/non déhiscents dans 15 lots de grains d'orge et d'engrain subfossiles du Proche Orient.

**Épi solide = caractère-clé du syndrome de domestication** chez les différentes espèces de céréales : ce pourcentage permet donc d'estimer le degré d'avancement du processus de domestication pour une espèce donnée à un instant donné.

Pour l'engrain comme pour l'orge, on constate une augmentation constante du pourcentage de grains issus d'épis solides au cours du temps, atteignant des valeurs proches de 100% sur un intervalle de temps compris entre -10000 ans et -6500 ans environ, coïncidant donc avec la période Néolithique. Au terme de cet intervalle de 3500 ans environ, les domestications de l'orge et de l'engrain peuvent être considérées comme achevées.

Des arguments archéologiques prouvent que le début de la période Néolithique (entre -12000 ans et - 9000 ans environ) est marqué dans de nombreuses régions du monde par une **sédentarisation rapide** des populations humaines à partir d'un mode de vie ancestral de chasseurs-cueilleurs nomades. Cette transition est en particulier marquée par l'**émergence de l'agriculture** : au lieu d'être consommés directement, au moins une partie des grains récoltés a été semée afin d'en stabiliser la production et la récolte.

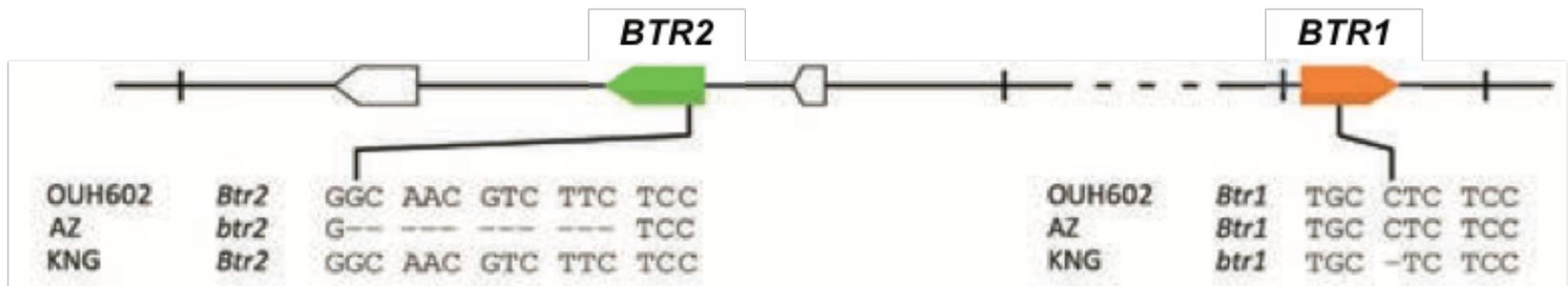
Remarque : L'idée sous-jacente est celle d'une chaîne causale contingente et "autocatalytique" entre déstabilisation du climat enregistrée à cette période, accroissement démographique lié à la sédentarisation, fragmentation et modification des habitats naturels mettant progressivement en échec la cueillette vivrière, et émergence de l'agriculture.

**Document 3** : Carte schématique de la région du génome de l'orge (*Hordeum vulgare*) impliquée dans le mécanisme de déhiscence de l'axe de l'épi.

L'analyse du génome de l'orge sauvage montre que le mécanisme de déhiscence de l'axe de l'épi est gouverné par deux gènes, BRITTLE RACHIS-1 (BTR1) et BRITTLE RACHIS-2 (BTR2). Ces deux gènes interviennent ensemble dans la réalisation du mécanisme de déhiscence de l'axe de l'épi.

Les gènes BTR1 et BTR2 ont été séquencés chez une variété d'orge sauvage (*H. vulgare spontaneum*) notée OUH602, ainsi que chez deux variétés anciennes d'orge cultivée (*H. vulgare vulgare*) notées AZ et KNG.

On présente les alignements de portions de séquences nucléotidiques des gènes BTR1 et BTR2 pour les trois variétés étudiées.



**Question 5e** : Précisez le déterminisme génétique de la modification de l'épi.

e- Précisez le déterminisme génétique de la modification de l'épi.

Perte des mécanismes de déhiscence de l'épi = caractère-clé fixé de façon convergente chez la plupart des céréales domestiquées.

Par rapport aux séquences des deux loci BTR1 et BTR2 chez l'orge sauvage (que l'on considèrera donc comme les allèles sauvages/WT au sens génétique, ici notés Btr1 et Btr2) :

- Le génome de la variété AZ d'orge cultivée présente une **délétion de 11 nucléotides** dans la séquence du gène BTR2 (allèle muté, ici noté btr2) ;
- Le génome de la variété KNG d'orge cultivée présente une **délétion de 1 nucléotide** dans la séquence du locus BTR1 (allèle muté, ici note btr1).

Délétions → décalage du cadre de lecture qui conduisent à une altération des mécanismes naturels de déhiscence de l'épi, soit par perte de fonction de la protéine correspondante (si la mutation affecte un exon du gène correspondant), soit par altération de son niveau d'expression (si la mutation affecte une séquence régulatrice type promoteur).

Les deux allèles sauvages intervenant ensemble dans la réalisation des mécanismes de déhiscence de l'épi, les deux variétés d'orge cultivée considérées ici ont des épis solides, chacune étant porteuse d'une mutation différente avec un même effet phénotypique.

Dans le génome des variétés cultivées, les gènes BTR1 et BTR2 sont affectés par une mutation sélectionnée positivement (car fixée dans les populations cultivées) et impliquée dans l'expression d'un caractère-clé du syndrome de domestication : de tels gènes sont appelés **gènes de domestication**.

## Remarques

- Attention au contresens d'une vision déterministe : la cueillette vivrière de plantes sauvages alimentaires reste un processus efficace ; en outre les avantages de l'agriculture dans un contexte donné ne peuvent s'apprécier qu'une fois qu'elle est effectivement pratiquée. Or au début du Néolithique il n'y a pas de modèle agricole préalable auquel se référer. L'émergence de l'agriculture n'a donc vraisemblablement jamais constitué une nécessité.

- La métaphore souvent employée de la « révolution néolithique » doit donc être nuancée. Comme le montre le document 2 du sujet, la fixation des caractères-clés des syndromes de domestication est un processus progressif (3500 ans environ), même s'il reste très rapide en tant que processus évolutif.

### III. La diversification artificielle lors de la domestication des organismes

La diversification forcée des génotypes des végétaux d'intérêt est une pratique courante en agronomie, lorsque l'Homme cherche à réunir dans une même variété des allèles qui confèrent des caractères d'intérêt agronomique (forte productivité, tolérance à la sécheresse, résistance aux maladies et aux phytophages, etc.).

Cette démarche a permis de sélectionner parmi toutes la diversité créée des **variétés à forte productivité** capables de nourrir les populations. Cette pratique se poursuit actuellement avec les mêmes préoccupations mais aussi de trouver des variétés adaptées aux changements climatiques.

En agriculture, les différents organismes créés sont des **variétés** ; c'est-à-dire des **populations** de plantes d'une **espèce donnée** qui a été **sélectionnée** et cultivée souvent depuis des millénaires **pour des caractères** répondant aux **besoins des hommes**. Le tableau ci-dessous liste quelques espèces majeures issues de diversification génétique.

Type de variétés	Type de reproduction	Type de culture	Espèces
Hybrides	Allogame	GC	Betterave, maïs, seigle, tournesol
		CM	Artichaut, carotte, choux, concombre, courgette, épinard, melon, navet, oignon, pastèque, radis
	Semi-allogame	GC	Colza
	Autogame	GC	Riz, sorgho, tabac, blé, orge
CM		Piment, tomate	
Lignées	Autogame	GC	Avoine, blé, lin, orge, pois, riz, soja, triticales, lentille, pois-chiche
		CM	Haricot, laitue, pois
	Semi-allogame	GC	Colza

GC : grande culture et CM : culture maraichère

## 1. Le forçage de la diversification par l'autofécondation : les variétés « lignées »

Les populations naturelles constituent des réservoirs de diversité génétique où le sélectionneur repère des phénotypes d'intérêt. Une pratique agronomique consiste à **forcer l'autopollinisation (fécondation autogame)** de ces plantes « élites » de sorte à augmenter le niveau d'homozygotie des allèles dans la descendance. Ainsi il est possible de réunir dans un même génotype, **à l'état homozygote, le maximum de gènes favorables** initialement présents chez l'un ou l'autre parent. Ensuite il faut isoler ces lignées transgressives, c'est-à-dire qui ont plus de gènes favorables que le meilleur parent.

Ces souches sont alors qualifiées de **variétés « lignées »** avec des caractères fixés, c'est-à-dire très stables ne disparaissant pas au fil des générations. Mais dans ce cas **il n'y a pas d'hétérosis**.

L'effet d'hétérosis désigne l'accroissement de la performance des individus hybrides. Cet effet est exploité en sélection animale et en sélection végétale.

Les hybrides formés entre des individus de la même espèce ou d'une espèce étroitement apparentée sont plus robustes ou vigoureux que leurs parents. Ainsi, les termes **hétérosis** et **vigueur hybride** sont souvent utilisés de manière interchangeable.

Hétérosis moyenne =  $[(F1-MP)/MP] \times 100$  où F1 est la valeur moyenne de F1 et MP est la valeur moyenne des deux parents impliqués dans le croisement

Les hypothèses classiques sur les mécanismes génétiques de l'hétérosis incluent les hypothèses de dominance et de surdominance, qui sont basées sur des interactions alléliques, et l'épistasie, qui est basée sur des interactions non alléliques .

**Question 6a :** Faire les tableaux de croisement pour F2 et F3 afin d'expliquer la baisse de la fréquence du génotype hétérozygote au fil des reproductions autogames.

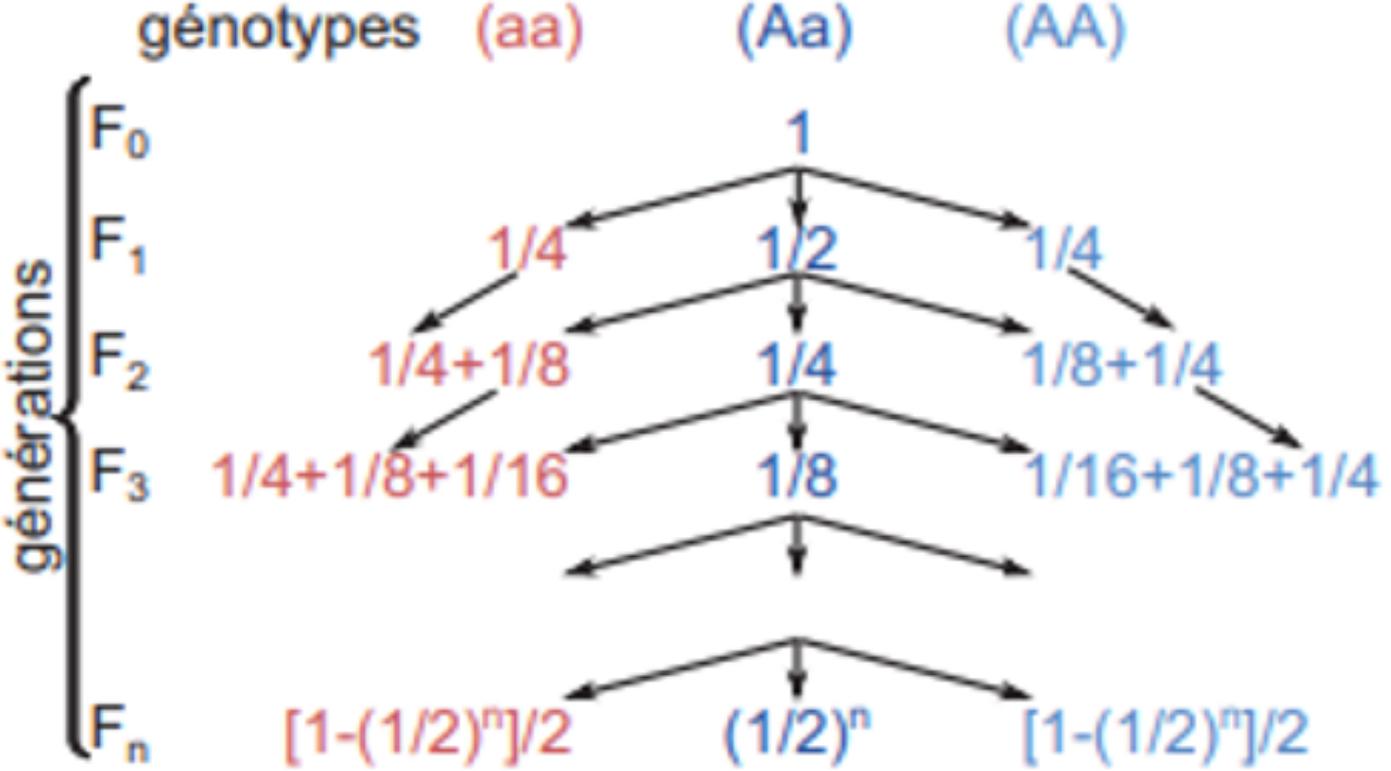
**Question 6b :** Justifiez par la même occasion l'augmentation du taux des homozygotes.

**Question 6c :** Ces homozygotes présentent parfois des dépressions phénotypiques, c'est-à-dire des tares non observées chez les parents, comment l'expliquer ?

**Question 6d :** Pour quelle raison, ces variétés lignées ne présentent-elles pas d'hétérosis ?

**1. Le forçage de la diversification par l'autofécondation : les variétés « lignées »**

**6a et 6b.** Le tableau de croisement montre les modifications des rapports dans ce sens.

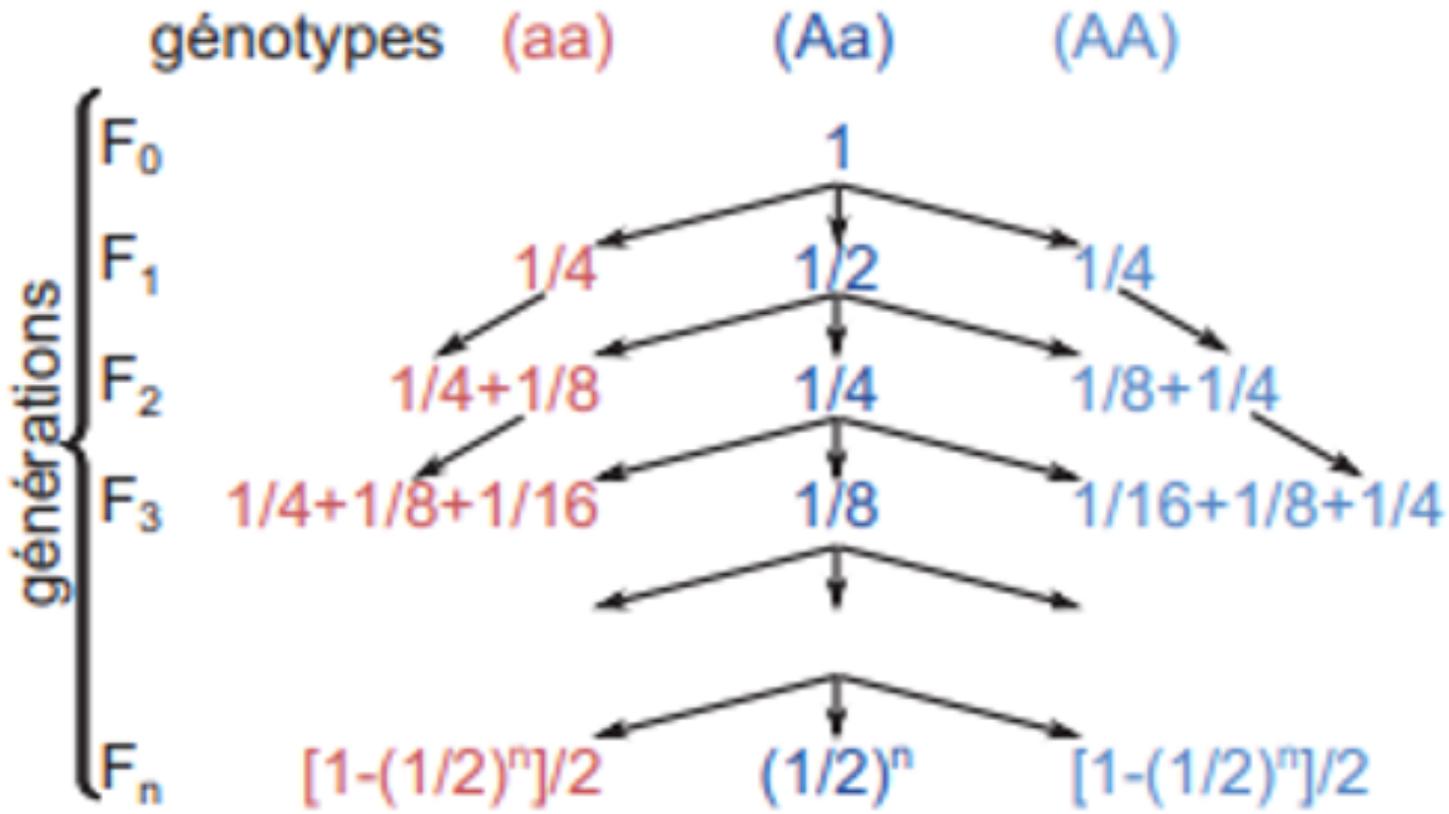


**Question 6c :** Ces homozygotes présentent parfois des dépressions phénotypiques, c'est-à-dire des tares non observées chez les parents, comment l'expliquer ?

Cela est dû à l'apparition de caractères homozygotes qui n'étaient pas visibles chez les hétérozygotes et qui ici génèrent des tares.

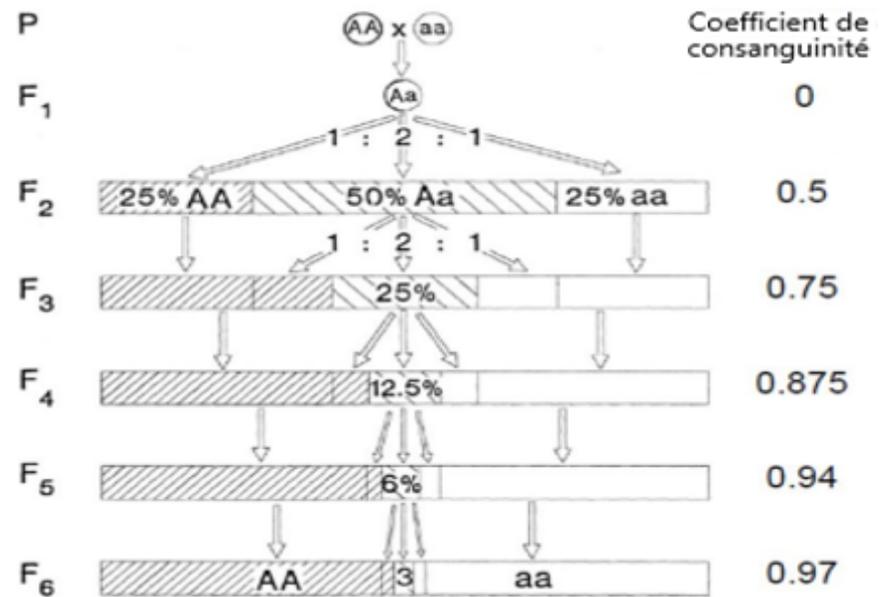
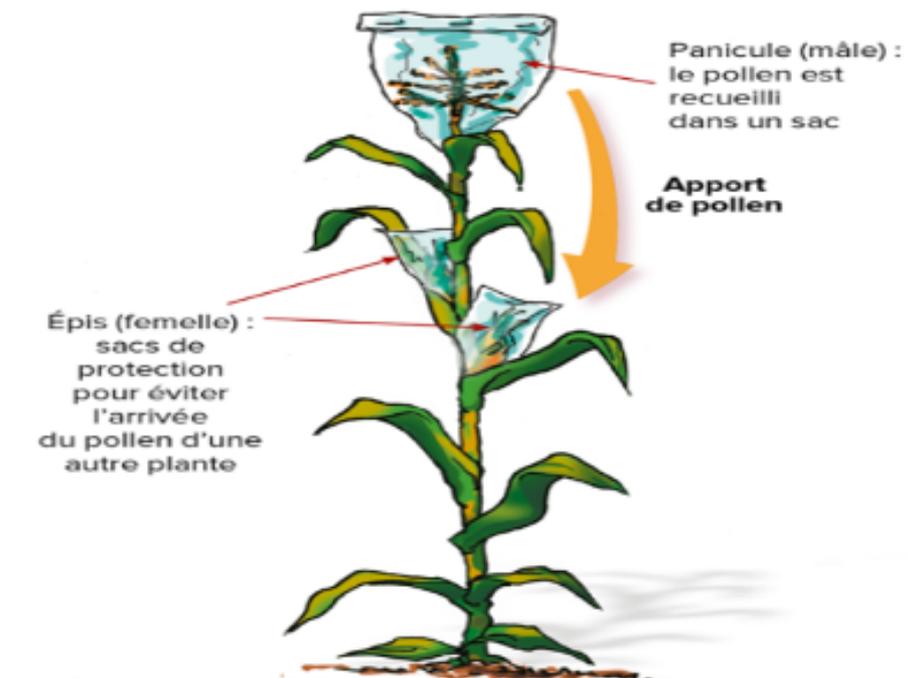
**1. Le forçage de la diversification par l'autofécondation : les variétés « lignées »**

6a et 6b. Le tableau de croisement montre les modifications des rapports dans ce sens.



**Question 6d :** Pour quelle raison, ces variétés lignées ne présentent-elles pas d'hétérosis ?

Il n'y a pas hétérosis car au sein des descendants ne se retrouvent combinés que des caractères avantageux, parfois amplifiés lorsqu'ils sont sous forme homozygotes.



### Forçage de l'autopollinisation du maïs

Les plantes allogames s'autofécondent rarement. Cependant, le sélectionneur peut souhaiter provoquer l'autofécondation.

Pour le maïs, cette pratique est facile, car les fleurs mâles et femelles sont séparées. Les inflorescences femelles sont placées sous sachet pour éviter toute fécondation par du pollen étranger. Sur l'inflorescence mâle du même pied, le pollen est recueilli par la pose d'un sachet. Il est ensuite apporté sur les fleurs femelles.

### Forçage de l'homozygotie lors de l'autopollinisation

On constate ainsi qu'à chaque génération, la fréquence des hétérozygotes Aa est réduite de moitié. Après 3 générations, la fréquence des hétérozygotes Aa n'est plus que de 1/8 de la fréquence initiale. En revanche la fréquence des AA et aa augmente.

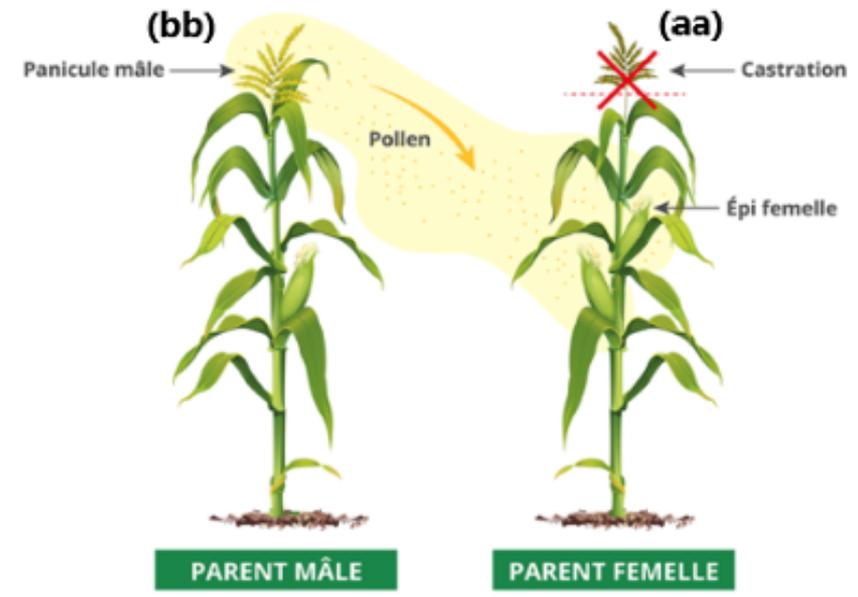
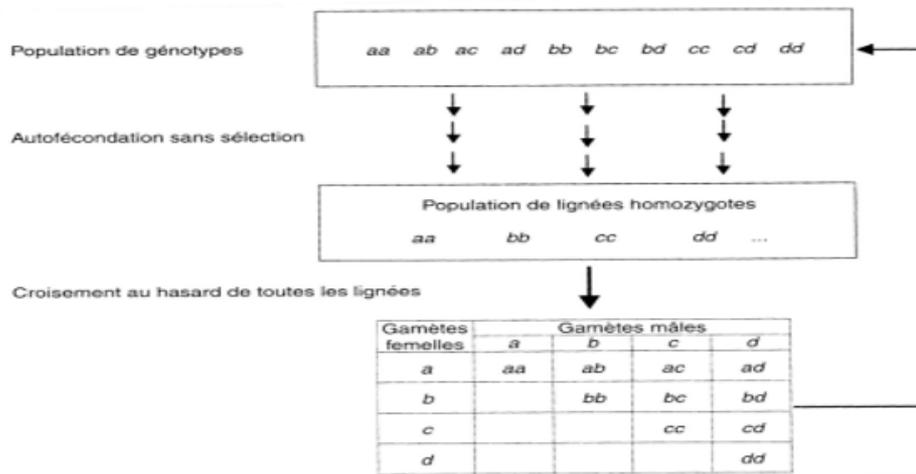
Si la population initiale est hétérozygote pour 2 gènes cette fois-ci (AaBb), de phénotype [AB], au bout d'un nombre suffisant de générations, la population sera constituée de 4 lignées homozygotes de phénotypes/génotypes respectifs [AB] (AABB), [Ab] (AAbb), [aB] (aaBB), [ab] (aabb). Pour une population hétérozygote pour n gènes, il se formera 2n lignées homozygotes différentes.

## 2. Le forçage de la diversification par l'hybridation : les variétés « hybrides »

Dans ce cas le sélectionneur repère des plantes « élites » qui présentent des caractères d'intérêt différents et par un croisement dirigé obtient des descendants avec de nouvelles combinaisons génétiques issus de la recombinaison des allèles comme vue au-dessus.

Les hybrides F1 sont issus de parents de lignée pure si possible et sont homogènes comme le prédit la première loi de Mendel. Ces hybrides F1 peuvent alors regrouper plusieurs caractères d'intérêt provenant des plants parentaux « élites ».

Les **hybrides les plus performants** exprimant le **maximum d'effet d'hétérosis** seront retenus. Cette phase de conception dure en moyenne 10 ans, elle est très variable selon les espèces et les techniques utilisées.



### Obtention des hybrides primaires

Shull en 1908 propose une méthode permettant de reproduire à grande échelle le plus bel épi de maïs d'une population. Sa méthode s'inspire beaucoup de celle de Mendel et de Morgan. Cette méthode est à la base de la sélection des hybrides entre lignées. Son principe est simple :

- 1) Il part d'une population maintenue par fécondation croisée avec des génotypes différents
- 2) Par autofécondation il obtient des lignées homozygotes qui seront des sources de gamètes constants
- 2) Il croise entre elles ces lignées, en espérant que dans la descendance F1 se trouve des combinaisons associant les caractères des parents « élites »
- 3) Il évalue les caractères des F1 et sélectionne le meilleur génotype qui pourra être reproduit à partir des lignées parentales homozygotes.

### Modalité du croisement entre parents « élites » (aa) et (bb)

Pour la production de ces hybrides F1 expérimentaux, qui se fait en isolement (plusieurs lignées femelles et une lignée pollinisatrice), la lignée pure (ex. aa) qui sert de géniteur femelle est préalablement androcastrée, avant l'émission du pollen par la lignée mâle retenue (bb).

Les fleurs femelles seront fécondées par le pollen (bb) de la lignée pure choisie comme géniteur mâle. Après évaluation des hybrides produits, la meilleure combinaison sera retenue.

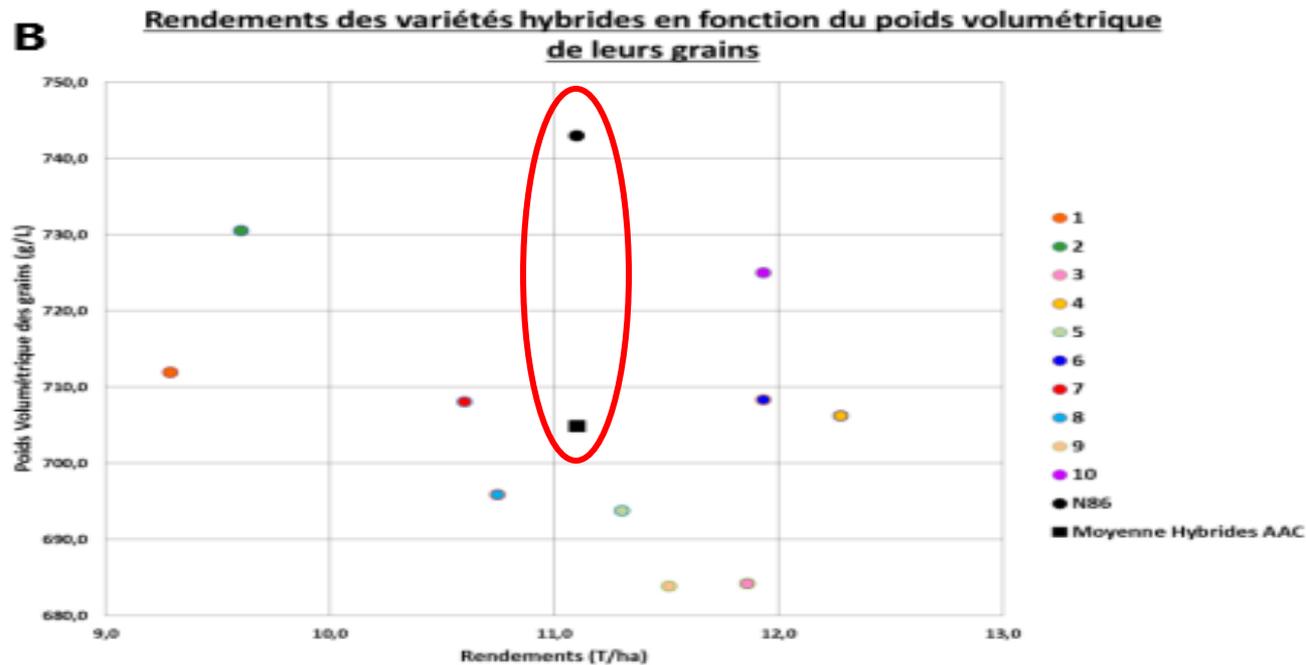
A Non des variétés de maïs croisés	Nombre de grains produits		
	par la plante mère	par la plante père	par l'hybride F1
TomThumb x Quenaltezango	45	45	189
Hopi x Chinese	333	175	566
Maryland x Hopi	535	333	560

**Document 4 : A.** Résultats de croisements pour obtenir des hybrides F1.

**Question 7a :** Interprétez les résultats des 3 croisements du document A et dégagez la notion d'hétérosis ou vigueur des hybrides F1, dans ce cas.

Les croisements montrent que les descendants F1 présentent des rendements bien supérieurs à ceux des parents, il y a donc hétérosis pour ce caractère. Les croisements montrent des taux d'amélioration des rendements différents. Ces critères seront pris en compte pour la sélection des croisements à généraliser pour les semis.

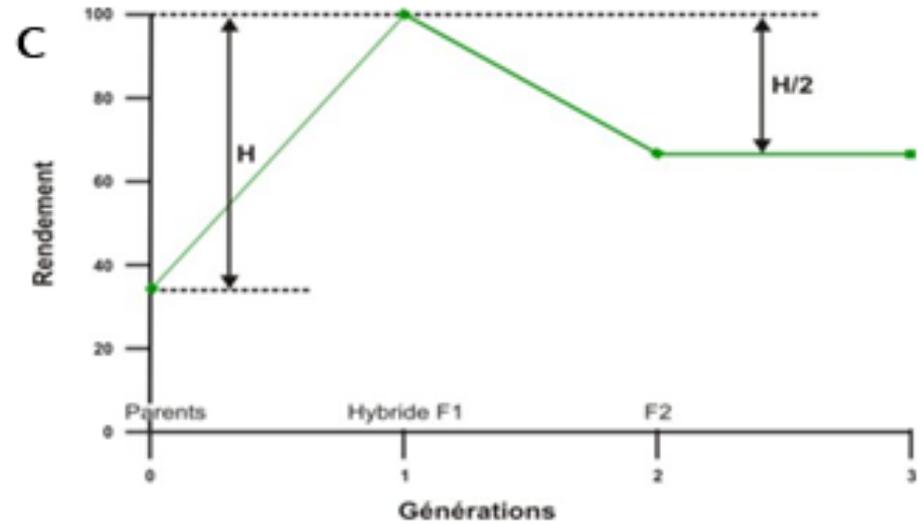
**B.** Le poids volumétrique des hybrides en fonction de leurs rendements. Sur le graphique, chaque variété hybride est représentée par un cercle de couleur, un hybride commercial (N86 de Pioneer) est représenté par un cercle noir et la moyenne par un carré noir.



**Question 7b :** Comparez les caractères des hybrides et expliquez les raisons qui déterminent la commercialisation d'une des formes hybrides F1.

Le caractère poids volumétrique a été retenu plus que celui du rendement. En effet commercialement ce paramètre semble être plus important et agronomiquement cela détermine la richesse des grains de maïs et leurs propriétés de digestibilité par les bovins par exemple.

**Document 4 : C.** Expression du rendement de production de grains de maïs (en q/ha) des parents « élites », des hybrides F1 et des hybrides F2 (issus du croisement F1xF1 sur les parcelles où sont cultivés les F1).



**Question 7c :** Analysez les rendements des plants de maïs au fil des générations du document C et présentez les contraintes que génère l'utilisation des hybrides F1 commercialisés sur des parcelles pour l'agriculteur.

Les hybrides F1 présentent bien une nette hétérosis. Mais en F2 elle est diminuée de 50%. Le producteur ne peut donc plus utiliser les grains produits sur la parcelle pour ressemer l'année d'après, il est obligé d'acheter de nouveaux grains, ce qui pose le problème de la **dépendance vis-à-vis des céréaliers qui les commercialisent**.

**Question 7d :** Comment pourrait-on expliquer la baisse de rendement en F2 ?

La baisse de rendement peut s'expliquer par la perte du caractère lors des croisements libres dans la parcelle mais aussi par une hétérogénéité des génotypes dans la descendance, amenant à une moins grande productivité moyenne.