

On a observé sur deux marqueurs SNP, dix descendants d'un croisement back-cross.

- **Le back-cross correspond à quel type de croisement génétique ?**

Les données observées sont les suivantes :

	SNP1	SNP2
ind1	AA	GG
ind2	AA	GT
ind3	AT	GT
ind4	AT	GT
ind5	AA	GG
ind6	AA	GG
ind7	AA	GG
ind8	AT	GT
ind9	AT	GG
ind10	AT	GT

- **Quels étaient les génotypes aux marqueurs des deux parents du back-cross ?**

- **Calculer le taux de recombinaison entre les deux marqueurs.**

- **Calculer le déséquilibre de liaison (DL) entre les deux marqueurs, à l'aide de la mesure r^2 .**

- **Quelles autres mesures existent pour calculer le DL, quelles sont leur inconvénients et/ou avantages respectifs ?**

- **Calculer la mesure AIS obtenue avec ces deux marqueurs pour certains couples d'individus ?**

- **Deux marqueurs : est-ce suffisant pour obtenir une bonne mesure d'apparentement ?**

On a observé sur ces dix individus un caractère quantitatif dont les valeurs sont les suivantes :

	SNP1	SNP2	TRAIT
ind1	AA	GG	4.2
ind2	AA	GT	5.8
ind3	AT	GT	0.1
ind4	AT	GT	-1.9
ind5	AA	GG	2.3
ind6	AA	GG	1.3
ind7	AA	GG	-1.1
ind8	AT	GT	-2.5
ind9	AT	GG	-2.2
ind10	AT	GT	-6

- **Dessinez, grossièrement, la valeur du caractère en fonction des 4 classes de génotypes aux marqueurs, Que constatez-vous ?**

- **On veut tester si un QTL est en déséquilibre total avec le SNP2, quel test préconisez-vous ?**

On obtient à l'aide de la statistique de Fisher à (1,8) ddl, une valeur de 0.63 qui conduit à une p-value de 0.44.

- **Discuter les degrés de libertés (1,8).**

- **Quelle conclusion pour la présence d'un QTL sur le SNP2 ?**

On fait le même test sur le SNP1, on obtient pour la statistique de Fischer à (1,8) ddl, une valeur de 10.49 conduisant à une p-value de 0.01.

- **Quelle conclusion pour la présence d'un QTL sur le SNP1 ? Où se trouve probablement le QTL ?**

- **Les tests qui ont été faits sont-ils des tests de liaison ou d'association ?**