

Filière SVI: Semestre 4, Module M22

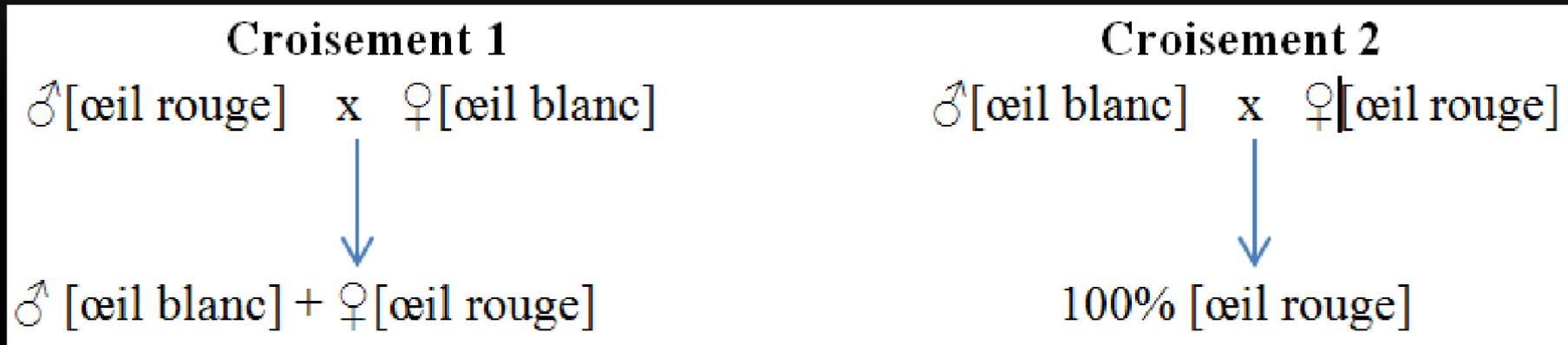
Travaux dirigés de GENETIQUE TD 3

Pr. SAID BELLAHCEN

Année universitaire: 2019/2020

Exercice 1

Interprétation des résultats



Le croisement direct (1) et le croisement réciproque (2) ne donnent pas le même résultat, donc le gène qui contrôle la couleur des yeux dans ce cas est situé sur un hétéronome (gène lié au sexe).

Le gène est situé sur le chromosome X

On ne peut pas dire que le gène est porté par le chromosome Y car la couleur des yeux est une caractéristique des deux sexes

Croisement 1

$X^+ Y$ x $X^b X^b$

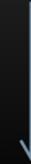


	X^+	Y
X^b	$X^+ X^b$ ♀[Rouge]	$X^b Y$ ♂[Blanc]

F1: ♂ [œil blanc] + ♀[œil rouge]

Croisement 1

$X^b Y$ x $X^+ X^+$



	X^b	Y
X^+	$X^+ X^b$ ♀[Rouge]	$X^+ Y$ ♂[Rouge]

F1: 100% [œil rouge]

Exercice 2

♂A [blanc, poil ras] x ♀B [brun, poil long]



F1: 100% [brun, poil long]

♀A [blanc, poil ras] x ♂B [brun, poil long]



F1: ♂[blanc, poil long] et ♀[brun, poil long].

1.

Les caractères étudiés

- Couleur des poils
- Longueur des poils

2.

On considère le caractère: longueur des poils

Le croisement 1 et le croisement 2 (réciproque) ont donné les mêmes résultats: tous les individus possèdent un poil long, on conclut que:

L'allèle poil long est dominant

Le gène qui contrôle ce caractère n'est pas lié au sexe, (situé sur un autosome)

Pour le caractère couleur des poils

Le croisement 1 et le croisement 2 (réciproque) ont donné des résultats différents, on conclut que:

Le gène qui contrôle ce caractère est lié au sexe, (situé sur un hétéronome X).

L'allèle: couleur brun est dominant (tous les individus de F1 du croisement 1 sont bruns).

3.

Il s'agit de 2 souches pures

On note

P: poil long et p: poil ras

B: couleur brune et b: couleur blanche

le génotype de chaque parent A et B

- Croisement 1: ♂ A X^b/Y p/p x ♀ B X^B/X^B P/P
- Croisement 2: ♀ A X^b/X^b p/p x ♂ B X^B/Y P/P

4. Interprétation des résultats

- **Croisement 1:**

♂A X^b/Y p/p x ♀B X^B/X^B P/P

	♂	X^b p	Y p
♀	X^B P	X^B/X^b P/p ♀[brun, poil long]	X^B/Y P/p ♂[brun, poil long]

F1: 100% [brun, poil long]

- **Croisement 2:**

♀A X^b/X^b p/p x ♂B X^B/Y P/P

	♂	X^B P	Y P
♀	X^b p	X^B/X^b P/p ♀[brun, poil long]	X^b/Y P/p ♂[blanc, poil long]

F1: ♂[blanc, poil long] et ♀[brun, poil long].

5. F1 x F1 du deuxième croisement.

F1 x F1: ♂ [blanc, poil long] x ♀ [brun, poil long].

X^b/Y P/p x X^B/X^b P/p



	X^b P	X^b p	Y P	Y p
X^B P	X^B/X^b P/P ♀ [brun, poil long]	X^B/X^b P/p ♀ [brun, poil long]	X^B/Y P/P ♂ [brun, poil long]	X^B/Y P/p ♂ [brun, poil long]
X^B p	X^B/X^b P/p ♀ [brun, poil long]	X^B/X^b p/p ♀ [brun, poil ras]	X^B/Y P/p ♂ [brun, poil long]	X^B/Y p/p ♂ [brun, poil ras]
X^b P	X^b/X^b P/P ♀ [blanc, poil long]	X^b/X^b P/p ♀ [blanc, poil long]	X^b/Y P/P ♂ [blanc, poil long]	X^b/Y P/p ♂ [blanc, poil long]
X^b p	X^b/X^b P/p ♀ [blanc, poil long]	X^b/X^b p/p ♀ [blanc, poil ras]	X^b/y P/p ♂ [blanc, poil long]	X^b/Y p/p ♂ [blanc, poil ras]

Femelles:

3/8 [brun, poil long]

3/8 [blanc, poil long]

1/8 [brun, poil ras]

1/8 [blanc, poil ras]

Males:

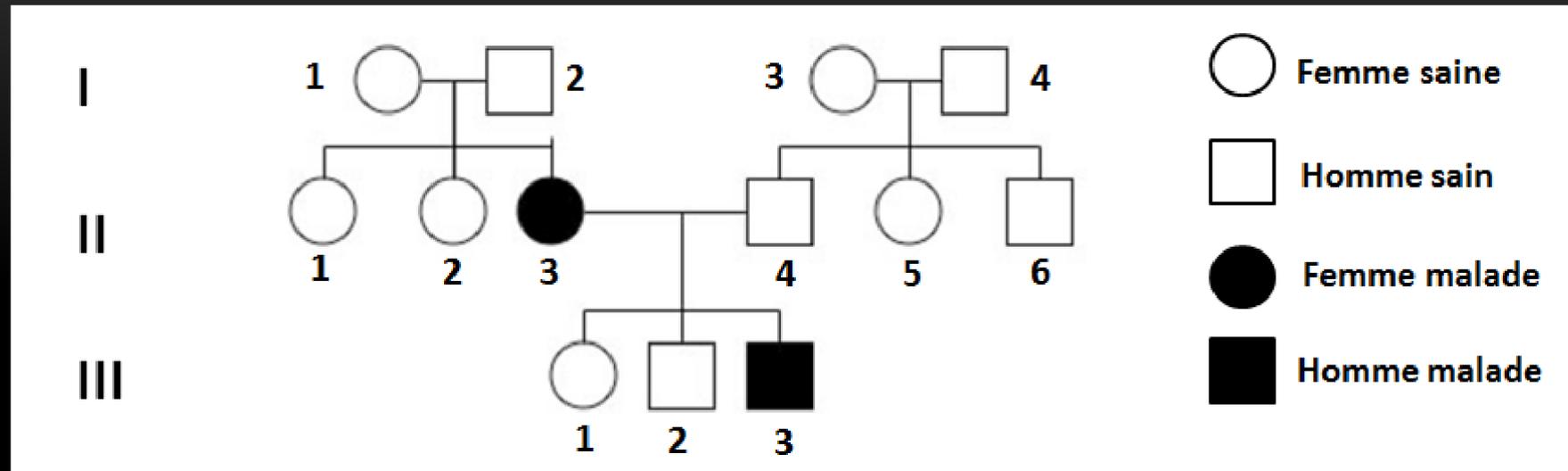
3/8 [brun, poil long]

3/8 [blanc, poil long]

1/8 [brun, poil ras]

1/8 [blanc, poil ras]

Exercice 3



1.

La fibrose kystique dépend d'un allèle récessif. En effet, l'arbre généalogique montre, un enfants malade (II-3) issus de parents sains (I-1;I-2). Les parents n'expriment pas la maladie mais ils portent l'allèle de celle-ci de façon cachée, c'est-à-dire sous la forme d'un allèle récessif, qu'ils transmettent chacun à leur enfant de génotype homozygote.

2. Le gène ne situé pas sur le chromosome Y, on trouve des hommes et des femmes qui sont malades

L'homme III-2 reçoit un chromosome X de sa mère II-3 qui est malade, mais III- 2 est sain, donc le gène ne situe pas sur le chromosome X.

Donc, la mutation provoquant la maladie n'est pas lié au sexe

3. le génotype des personnes suivantes :

On note F: allèle dominant et f: allèle récessif

I-1: Cette femme est normale: elle possède donc au moins un allèle F. Son fils est malade, de génotype homozygote récessif; ce dernier a donc reçu de sa mère (I-1) un allèle f.

Donc le génotype de I-1 est F/f.

II-3: femme malade, elle porte deux allèles récessifs, donc son génotype est f/f.

II-4: Cet homme est normale: elle possède donc au moins un allèle F. Son fils est malade, de génotype homozygote récessif; ce dernier a donc reçu de son père un allèle f.

Donc le génotype de II-4 est F/f

III-1: Cette femme est normale: elle possède donc au moins un allèle F. So mère (II-3) est malade, de génotype homozygote récessif, donc III-1 a reçu de sa mère un allèle f

Son génotype est: F/f

4.

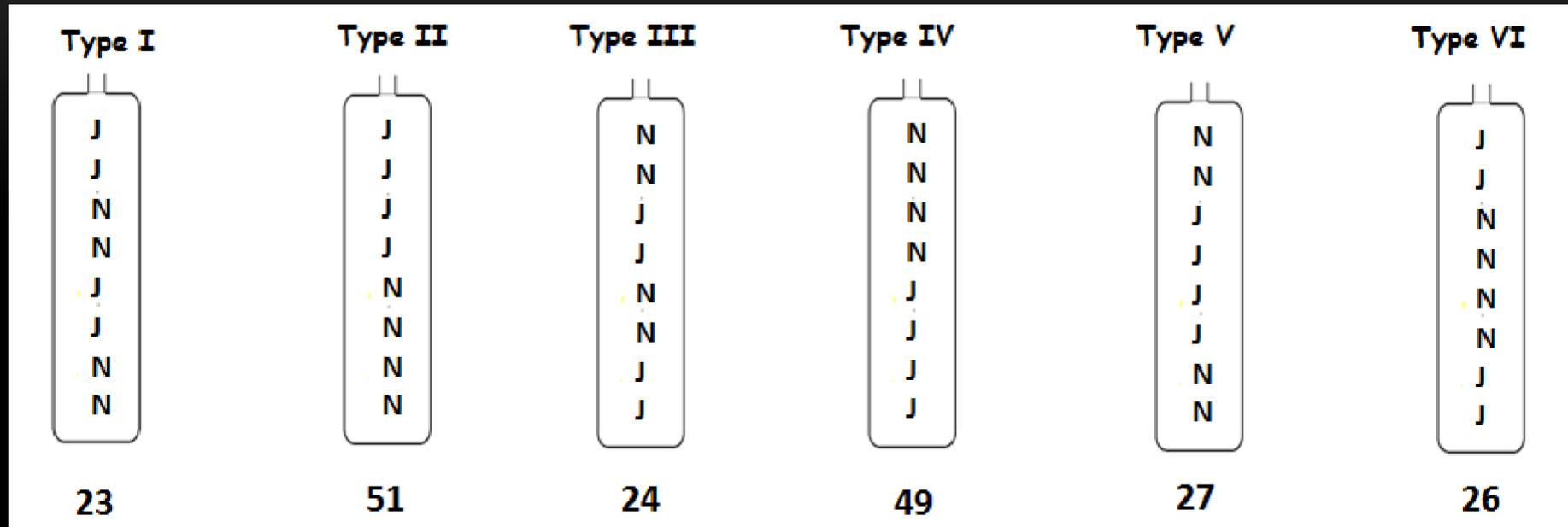
La femme II-3 est malade (f/f), elle produit seulement des gamètes f (100% f)

Le génotype de II-4 est F/f, il produit 50% F et 50% f

La probabilité d'avoir un enfant souffrant de cette maladie pour le couple (II-3 ; II-4) est égale $\frac{1}{2}$ ou (50%)

II-3	II-4	F	f
f		F /f Normal	f/f Malade

Exercice 4



1.

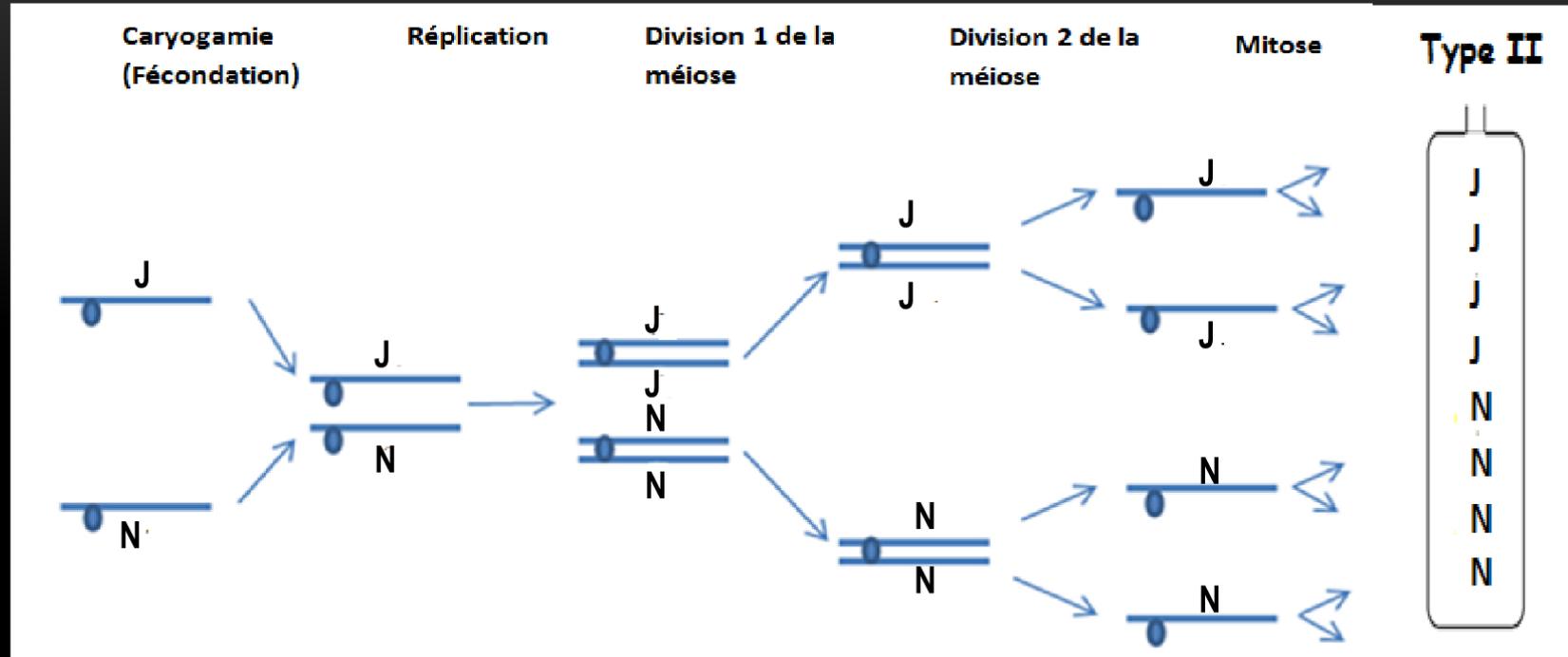
On trouve 8 spores à l'intérieur de chaque asque car la méiose chez les ascomycètes est suivie d'une simple mitose, donc les 4 spores issues de la méiose vont donner 8 après la mitose

2.

les asques pré-réduits: Type II et type IV

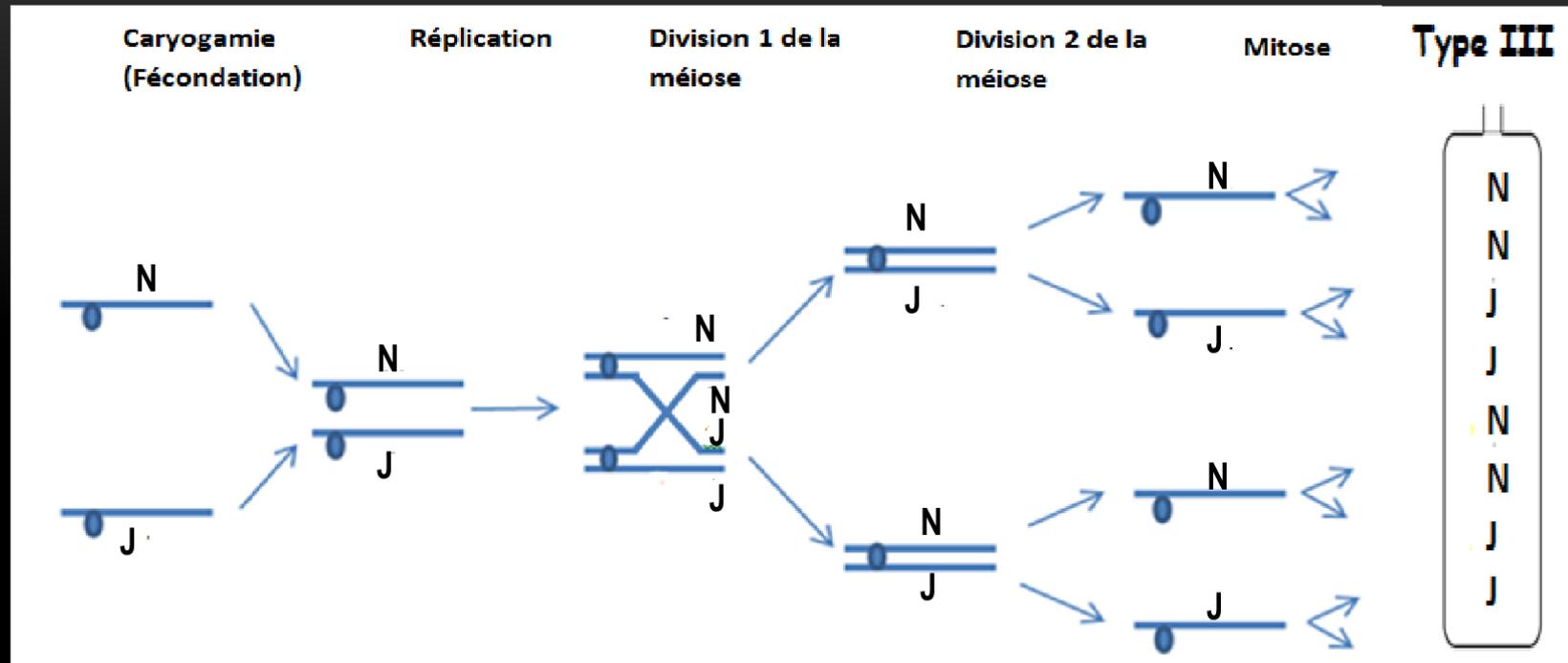
les asques post-réduits: type I, III, V, VI

3.



Formation de l'asque de type II

La forme prééduite est obtenue quand on n'a pas du Crossing Over durant la méiose, (ou avec un crossing-over qui a lieu en dehors de la région qui sépare le centromère du locus du gène).



Formation de l'asque de type III

La forme postréduite est obtenue quand on a un événement de crossing-over qui a lieu entre le centromère du chromosome et le locus du gène déterminant la couleur des spores.

4.

d (gène-centromère) = % de recombinaison

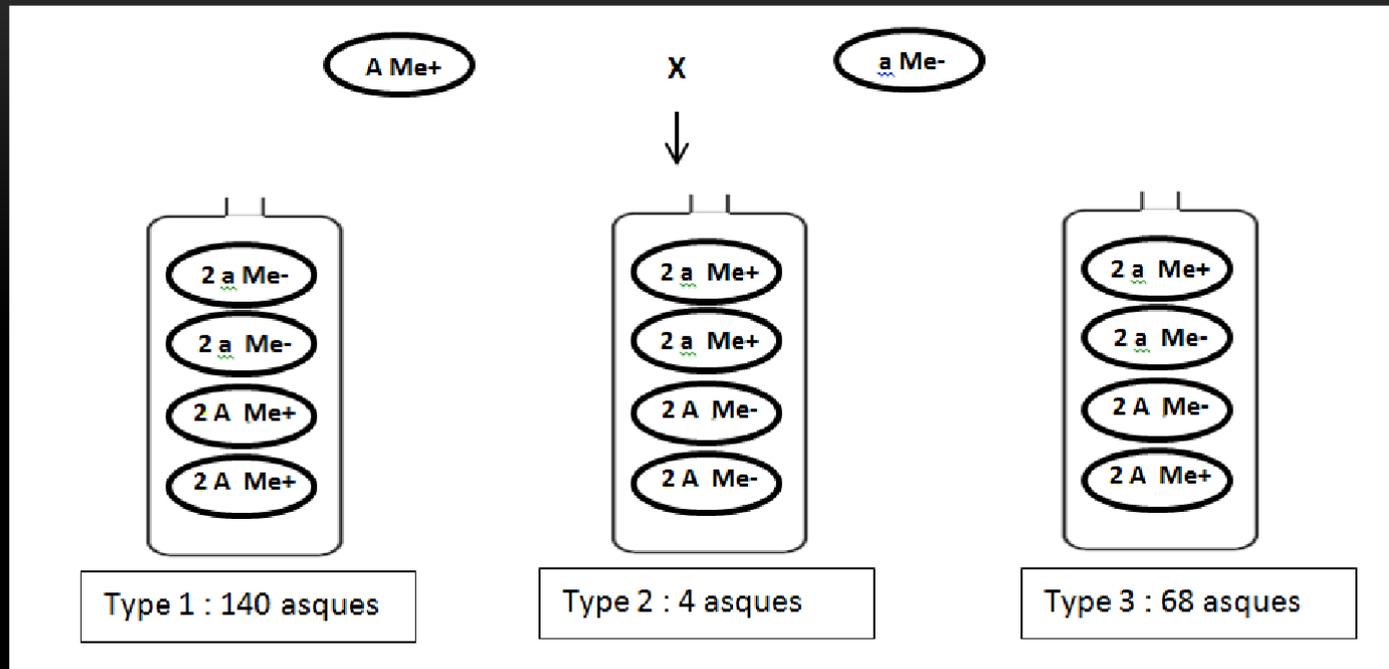
= [nombre des spores recombinées / nombre totale des spores] x 100

= 1/2 nombre des asques postréduits / nombre totale des asques x 100

Donc la distance qui sépare ente le gène responsable de la couleur des spores et son centromère est égale :

$$\begin{aligned} & \left[\frac{1}{2} \times (23 + 24 + 27 + 26) / (23 + 51 + 24 + 49 + 27 + 26) \right] \times 100 \\ & = 25 \text{ cM ou } 25 \text{ ur} \end{aligned}$$

Exercice 5



1.

Type 1: ditypes parentaux (DP), sa fréquence = $140 / 212 = 0,66$ ou 67 %

Type 2: ditypes recombinés (DR), sa fréquence = $4 / 212 = 0,018$ ou 1,8 %

Type 3: tétratype sa fréquence (T) = $68 / 212 = 0,32$ ou 32 %

2.

On voit que la fréquence des DP \gg la fréquence des DR, donc les gènes ne sont pas indépendants, mais ils sont liés.

3.

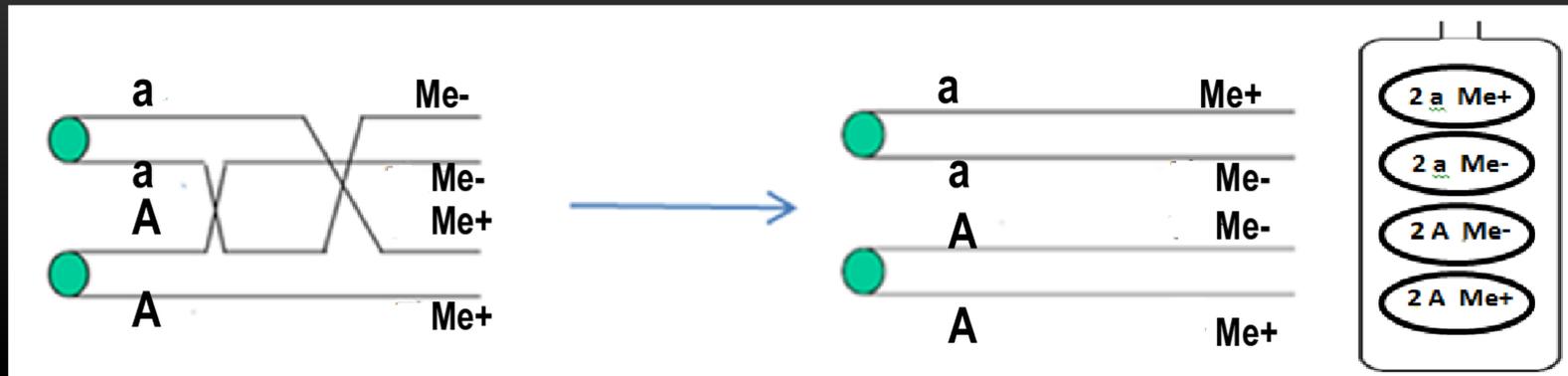
Distance génétique entre les 2 gènes A et Me

On va utiliser le % de recombinaison pour évaluer la distance entre les 2 gènes.

- Les tétratypes contiennent $\frac{1}{2}$ de spores recombinantes et $\frac{1}{2}$ de spores parentales
- Les DR ne contiennent que des spores recombinées
- Les DP ne contiennent que des spores parentales

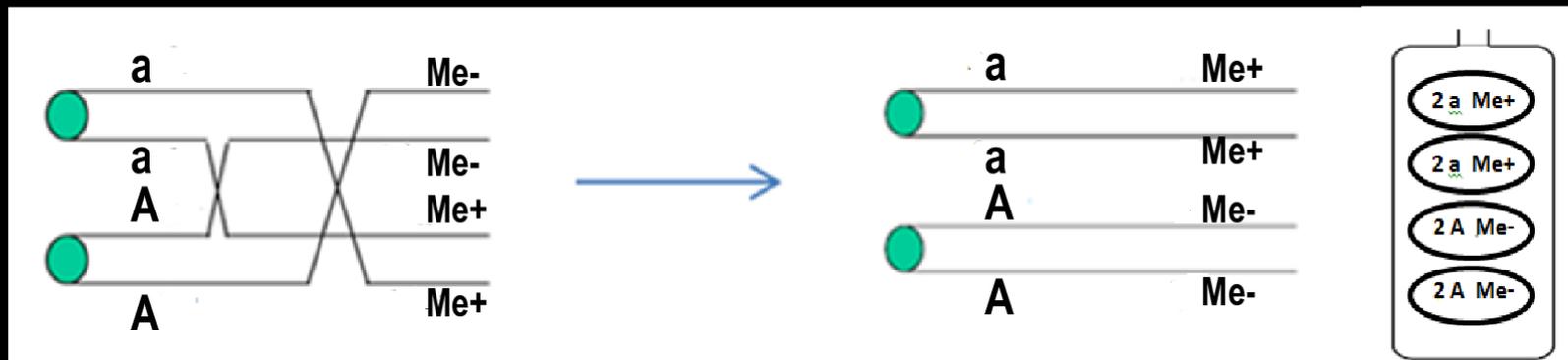
$$\begin{aligned}\text{Donc la distance séparant A et Me} &= \left(\frac{1}{2}T + DR\right) / (DP + T + DR) \times 100 \\ &= \left(\frac{1}{2} \times 68 + 4\right) / (140 + 68 + 4) \times 100 \\ &= 17,9 \text{ cM} = 17,9 \text{ ur}\end{aligned}$$

4.



Formation de l'asque de type 3

Les Tétratypes (T) proviennent de simples crossing over ou de double crossing over touchant 3 chromatides



Formation de l'asque de type 2

Les DR proviennent de double crossing over touchant les 4 chromatides

5.

Si les 2 gènes sont très proches l'un de l'autre (pas de Crossing over), On obtiendra les asques ditypes parentaux seulement (DP).

Exercice 6

On compare le nombre de spores parentales et celui de spores recombinées

Les spores parentales: $Leu^+ Arg^+$ et $Leu^- Arg^-$

$$\text{Fréquence} = (550 + 554) / (550 + 548 + 554 + 552) = 0,5$$

Les spores recombinées: $Leu^+ Arg^-$ et $Leu^- Arg^+$

$$\text{Fréquence} = (548 + 552) / (550 + 548 + 554 + 552) = 0,5$$

Fréquence des spores parentales = Fréquence des spores recombinées

Donc les gènes *Leu* et *Arg* sont indépendants.

Exercice 7

2 Thi⁺ Arg⁺
2 Thi⁺ Arg⁺
2 Thi⁻ Arg⁻
2 Thi⁻ Arg⁻

Type A : 43

2 Thi⁺ Arg⁻
2 Thi⁺ Arg⁻
2 Thi⁻ Arg⁺
2 Thi⁻ Arg⁺

Type B : 39

2 Thi⁺ Arg⁺
2 Thi⁺ Arg⁻
2 Thi⁻ Arg⁺
2 Thi⁻ Arg⁻

Type C : 18

2 Thi⁺ Arg⁺
2 Thi⁻ Arg⁺
2 Thi⁺ Arg⁻
2 Thi⁻ Arg⁻

Type D : 10

1.

le génotype des souches parentales

souche auxotrophe pour la thiamine et l'arginine: Thi⁻ Arg⁻

souche prototrophe pour la thiamine et l'arginine: Thi⁺ Arg⁺

2.

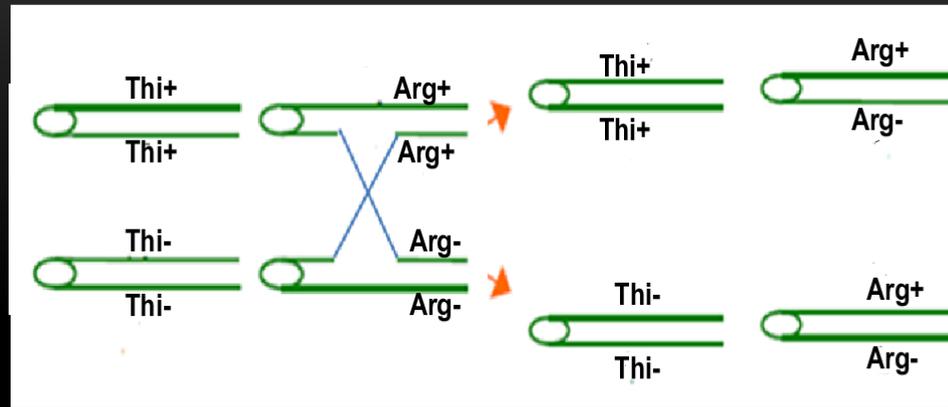
On compare le nombre des asques DP (type A) et celui de asques DR (type B)

$$\text{Fréquence DP} = (43) / (43 + 39 + 18 + 10) = 0,39$$

$$\text{Fréquence DR} = (39) / (43 + 39 + 18 + 10) = 0,35$$

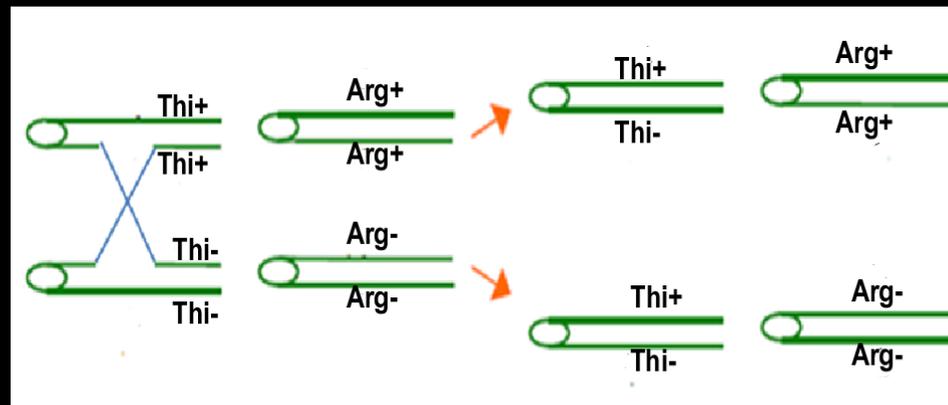
Fréquence DP \approx Fréquence DR, donc les gènes sont indépendants

3.



2 Thi⁺ Arg⁺
2 Thi⁺ Arg⁻
2 Thi⁻ Arg⁺
2 Thi⁻ Arg⁻

Formation de l'asque de type C



2 Thi⁺ Arg⁺
2 Thi⁻ Arg⁺
2 Thi⁺ Arg⁻
2 Thi⁻ Arg⁻

Formation de l'asque de type D

Les asques C et D sont obtenus quand un crossing-over intervient entre l'un des deux gènes et son centromère.

4.

Pour déterminer la distance génétique qui sépare chaque gène de son centromère, il faut déterminer les asques préréduits et postréduits pour chaque gène.

On considère le gène Thi

Les asques préréduits sont A, B et C

Les asques postréduits: D

$$\text{Donc } d(\text{Thi-centromère}) = [(1/2 \times 10) / (43 + 39 + 18 + 10)] \times 100 \\ = 4,5 \text{ cM Ou } 4,5 \text{ ur}$$

On considère le gène Arg

Les asques préréduits sont A, B et D

Les asques postréduits: C

$$\text{Donc } d(\text{Arg-centromère}) = [(1/2 \times 18) / (43 + 39 + 18 + 10)] \times 100 \\ = 8,1 \text{ cM Ou } 8,1 \text{ ur}$$

