

XVII- Monohybridisme chez les haploïdes

1- Organisme modèle : *Neurospora*

Neurospora crassa est un champignon haploïde ($n = 7$). Les allèles du génotype sont toujours exprimés directement au niveau du phénotype. Il existe deux types sexuels MAT-A et MAT-a. L'autofécondation n'est pas possible chez *Neurospora crassa*. Un croisement réussira seulement s'il est A x a.

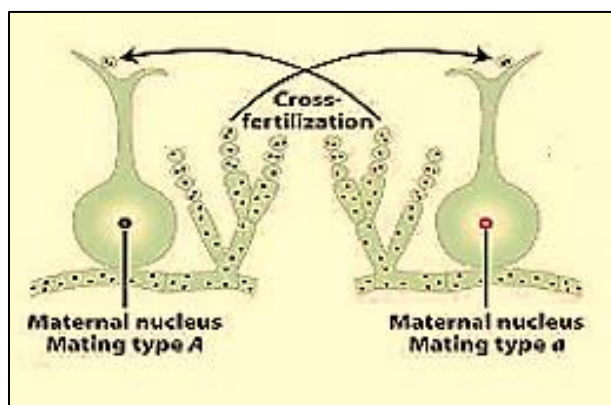


Figure 1 : Fécondation croisée chez *Neurospora crassa*

Lorsque des colonies de types sexuels différents entrent en contact, les noyaux mâle et femelle fusionnent et la méiose commence. Le jeune asque s'allonge pour constituer un sac étroit et très allongé. Au cours des divisions, les fuseaux ne se chevauchent pas. On obtient ainsi 4 noyaux haploïdes disposés linéairement. Il se produit ensuite une **mitose supplémentaire** qui donnera 8 spores. Au cours des divisions, les 8 noyaux ne changent pas d'ordre : *Neurospora* est un **champignon à asque ordonné**.

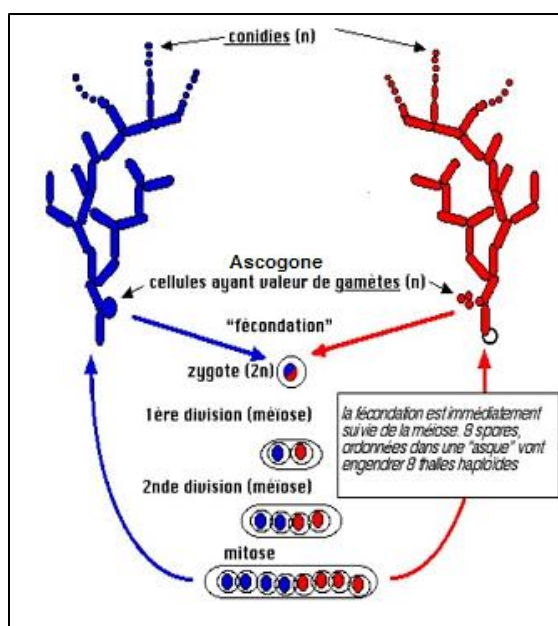


Figure 2 : Formation de l'asque chez *Neurospora crassa*

2- L'algue verte *Chlamydomonas*

Les gamètes de *Chlamydomonas* peuvent être séparés en deux types sexuels : mt^+ ou mt^- . Les cellules de type (plus) ne s'associent qu'avec des cellules de type (moins) et *vice versa*. A l'issue de la fécondation et de la méiose, les quatre cellules haploïdes (zoospores) produites comprennent deux types (plus) et deux types (moins). Les quatre produits de la méiose ne subissent pas une mitose supplémentaire et ne sont pas ordonnés : *Chlamydomonas* est une **algue à asque non-ordonné**.

3-Monohybridisme (notions de pré-réduction et de post-réduction)

3-1-Exemple : couleur des spores chez *Neurospora*

On considère deux souches de *Neurospora* :

- La souche sauvage à spores colorées (b^+)
- La souche mutante à spores blanches (b)

Le croisement de ces deux souches donne des asques que l'on peut distinguer selon l'ordre des spores et dénombrer. On observe 6 types :

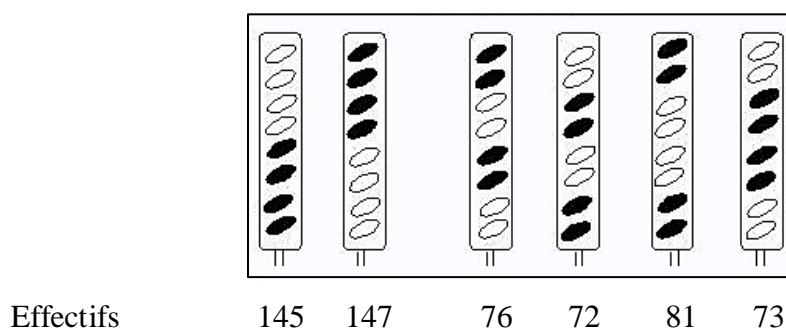


Figure 3 : Types d'asques produits dans un croisement monohybride impliquant le gène de la couleur des spores chez *Neurospora crassa*

3-2- Analyse de la ségrégation

Chaque asque est issu d'une cellule diploïde provenant de la réunion d'un noyau de la souche b^+ et d'un noyau de la souche b . La cellule b^+/b subit la méiose et on obtient 2 types de produits : **2 spores b^+ (50% ou $1/2$) et 2 spores b (50% ou $1/2$)**. C'est le résultat attendu dans le cas où le caractère est contrôlé par un seul gène. **La ségrégation est monogénique.**

3-3- Analyse des types d'asques

Au moment de la méiose, les quatre produits sont répartis en deux chromosomes homologues, dont chacun est constitué de 2 chromatides sœurs. Les chromatides sœurs portent la même forme allélique b^+ ou b . Lorsqu'on trouve ensemble les spores de même couleur, c'est qu'il n'y a pas eu de crossing-over entre le gène de la couleur des spores et le centromère. Cette figure est appelée **ségrégation à la première division méiotique**, parce que les deux phénotypes sont

physiquement séparés à la première division méiotique. On obtient des **asques pré-réduits** : asques de types 1 et 2. Les fréquences des deux types d'asques sont équivalentes (équiprobables).

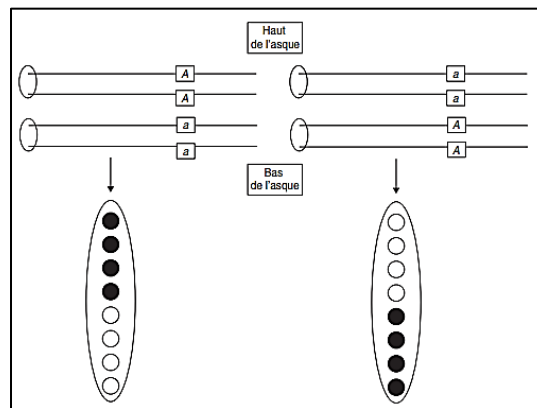


Figure 4 : Les deux types d'asques obtenus lors d'une méiose sans crossing over

Dans la 2^{ème} catégorie d'asques (3, 4, 5, 6), chaque demi asque est hétérogène (2 noires, 2 blanches). Pour expliquer ces 4 types, on introduit l'hypothèse de crossing over, entre chromatides non-sœurs et dans l'intervalle qui sépare le gène de son centromère.

Le C.O intéresse n'importe quelle paire de chromatides non-sœurs (1-3, 1-4, 2-3, 2-4). Ils se répartissent au hasard. Leurs fréquences sont équivalentes : la séparation des caractères se fait à la **seconde division méiotique**. On obtient des **asques post réduits (recombinés)**.

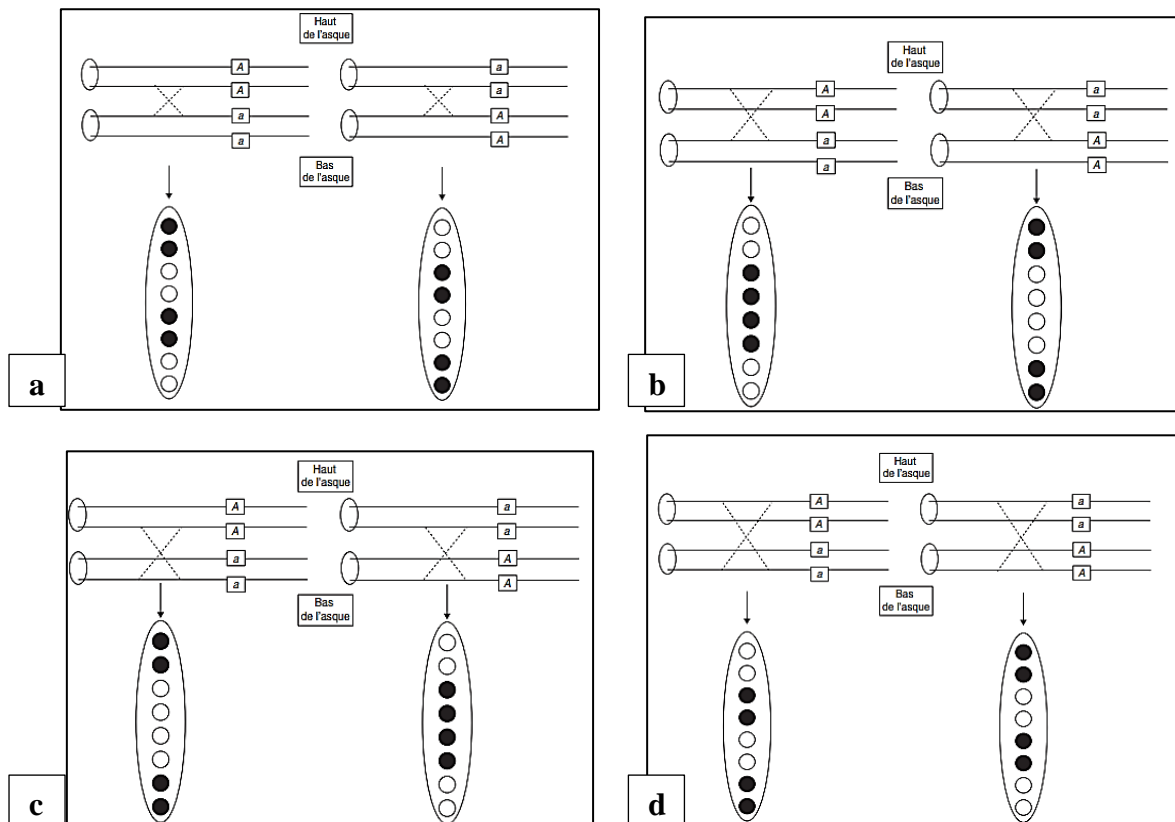


Figure 5 : Asques obtenus dans le cas de crossing-over entre les chromatides a- 2 et 3, b- 1-3, c- 2-4, d- 1-4

3-4- Notions de liaison et de distance génétique

La liaison entre le gène et son centromère est confirmée par les asques 3, 4, 5 et 6 qui sont produits à chaque fois qu'un crossing over a lieu dans l'intervalle qui sépare le gène du centromère. Si l'on considère les asques post réduits, leur fréquence correspond à la fréquence des C.O. Les C.O étant répartis au hasard sur l'intervalle qui sépare le gène de son centromère, on peut donc évaluer la distance qui les sépare

3-5- Calcul de la distance gène-centromère

Chaque asque post réduit est issu de la méiose au cours de laquelle un C.O a lieu entre 2 chromatides non-sœurs sur les quatre existantes. Pour évaluer la distance du gène au centromère, on prendra donc la moitié de la fréquence des asques post réduits, soit :

d = ½ % post réduction

% post réduction = nombre des asques post réduits / nombre total des asques x 100

$d = \frac{1}{2} \frac{72 + 76 + 81 + 73}{72 + 76 + 81 + 73 + 147 + 145} \times 100 = \frac{302}{2} \times 100 = 25 \text{ cM ou } 25 \text{ UR}$

Remarque : seule une analyse de tétrades ordonnées permet de mesurer la distance entre un gène et le centromère.

Les cas suivants peuvent être observés :

- Le cas limite étant le gène confondu avec son centromère ($d=0$, pas de C.O, pas de post-réduits)
- Dans le cas de la limite supérieure, le gène est très éloigné de son centromère. On aboutit à une ségrégation indépendante du centromère : le % des post-réduits = $\frac{1}{6} \times 4 = 66.66\%$. Dans ce cas, on ne peut pas évaluer la distance gène-centromère.