

## SOLUTIONS TD DE GÉNÉTIQUE GÈNES LIÉS

### EXO 1:

#### Dominance – récessivité

Les caractères angora (C) et uniforme (U) sont **récessifs** → ils sont présents chez les parents, mais sont masqués chez la descendance (F1) par les caractères dominants court (C+) et panaché (U+).

Panaché U+ > U uniforme

Court C+ > C angora

#### Liaison des gènes

La F1 issue de parents pures est double hétérozygote, son croisement avec une souche récessive à pelage uniforme et angora constitue un **test cross** dont les résultats devraient normalement présenter 4 phénotypes différents aux proportions égales de: 1/4; 1/4; 1/4; 1/4. Les proportions observées sont différentes de 1/4; 1/4; 1/4; 1/4 = les deux gènes étudiés sont donc liés une **liaison partielle**.

#### Calcul des distances

Phénotypes parentaux → **P**

(court uniforme) + (angora panaché)

$$P = 194 + 190 = 384$$

Phénotypes recombinés → **R**

(court panaché) + (angora uniforme)

$$R = 7 + 9 = 16$$

**P > R → liaison partielle**

$$D = \frac{\text{Nombre de recombinés}}{\text{Nombre Total}} \times 100$$

$$= \frac{16}{400} = 4 \text{ UM}$$

#### Représentation du croisement

Parents

Court uniforme x Angora panaché

Phénotype (C+ U) x (C U+)

Génotype  $\frac{C+ U}{C+ U} \times \frac{C U+}{C U+}$

Gamètes 100% C+ U 100% C U+

F1 100%  $\frac{C+ U+}{C U}$  (C+ U+)

Test cross F1 (C+ U+) x (C U)

Génotype  $\frac{C+ U+}{C U} \times \frac{C U}{C U}$

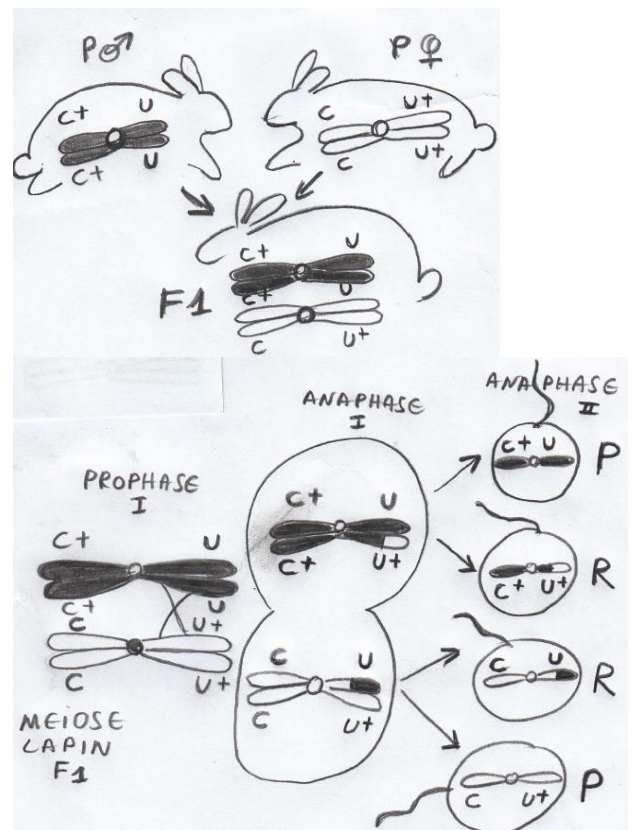
Gamètes **P** C+ U+ x C U

**P** C U x C U

**R** C+ U x C U

**R** C U+ x C U

	C+ U+	C U	C+ U	C U+
C U	C+ U+	C U	C+ U	C U+
C U	C U	C U	C U	C U
C U	C+ U+	C U	C+ U	C U+
C U	C U	C U	C U	C U
C U	C+ U+	C U	C+ U	C U+
C U	C U	C U	C U	C U
	7	9	194	190



### EXO 2:

1) On étudie la transmission de deux caractères chacun déterminé par un gène à deux allèles  
1<sup>er</sup> caractère → présence (s) ou absence (s+) de tache foncée sur les ailes avec s+ > s  
2<sup>ème</sup> caractère → forme des ailes sauvage (c+) ou courbé (c) avec c+ > c

Le croisement :

femelle **Sauvage** ( $s^+ c^+$ ) x mâle **mutant** ( $s c$ )  
donne une F1 hétérogène formé de 4  
phénotypes différents. Et puisque le mâle est  
mutant (récessif) il ne fournit qu'un seul type de  
gamètes, c'est donc la femelle sauvage qui a  
fournit 4 types de gamètes différents:

La femelle est donc double hétérozygote

Femelle  $\frac{s^+}{s} \frac{c^+}{c}$  x mâle  $\frac{s}{s} \frac{c}{c}$

2) La femelle double hétérozygote fournit 4  
types de gamètes responsables des phénotypes  
observés

- **62** ( $s c^+$ )
- **58** ( $s^+ c$ )
- **136** ( $s^+ c^+$ )
- **144** ( $s c$ )

Les proportions du test cross des femelles F1  
ne correspondent pas aux résultats d'un test  
cross, dui aurait normalement donné 4  
phénotypes aux proportions égales  $\frac{1}{4} : \frac{1}{4} : \frac{1}{4} : \frac{1}{4}$   
Ainsi nous avons obtenue  
2 classe majoritaires > 2 classes minoritaires  
Les gènes (**s**) et (**c**) sont donc liés une **liaison**  
**partielle**.

- **Les classes majoritaires** représentent les  
individus ayant les phénotypes parentaux  
 $P = 136 + 144 = 280 \rightarrow$  soit 70% du total de la  
descendance

$400 \Rightarrow 100\%$

$280 \Rightarrow 70\%$

- **Les classes minoritaires** représentent les  
individus ayant les phénotypes recombinés  
 $R = 62 + 58 = 120 \rightarrow$  soit 30% du total de la  
descendance.

Ainsi parmi les gamètes produits par les parents  
 $\rightarrow 70\%$  ont donné des phénotypes parentaux  
donc ces gamètes sont issus de chromatides qui  
n'ont pas subi de crossing-over  
soit théoriquement

35% de gamètes ( $s^+ c^+$ )

35% de gamète ( $s c$ )

$\rightarrow 30\%$  ont donné des phénotypes recombinés  
donc ces gamètes sont issus de chromatides qui  
ont subi un crossing-over.

soit théoriquement

15% de gamètes ( $s^+ c$ ).

15% de gamète ( $s c^+$ ).

3) le croisement mâle sauvage double  
hétérozygote ( $s^+ c^+$ ) avec femelle mutante  
( $s c$ ) ne donnerait que 2 phénotypes différents  
aux proportions égales 50% ( $s^+ c$ ) et 50% ( $s c^+$ )  
Car chez la drosophile la liaison est totale chez  
le mâle (mais partielle chez la femelle). Le  
mâle de la drosophile ne fait pas de crossing-  
over

### EXO 3:

$sh \rightarrow$  grain rétracté  $sh^+ > sh$

$sh^+ \rightarrow$  grain plein

$c \rightarrow$  absence de couleur  $c^+ > c$

$c^+ \rightarrow$  albumen coloré

la F1 est double hétérozygotes, elle a donné  
par test cross 4 phénotypes différents.

Cependant les proportions des phénotypes  
observés sont différentes de  $\frac{1}{4} : \frac{1}{4} : \frac{1}{4} : \frac{1}{4}$ .  
On conclut que les deux gènes transmis dans ce  
croisement sont liés une **liaison partielle**

Parmi les résultats de ce test cross  $\rightarrow$

Les classes majoritaires correspondent donc  
aux phénotypes parentaux **P** qui sont:

- Grains rétractés non colorés ( $sh c$ ).
- Grains pleins colorés ( $sh^+ c^+$ ).

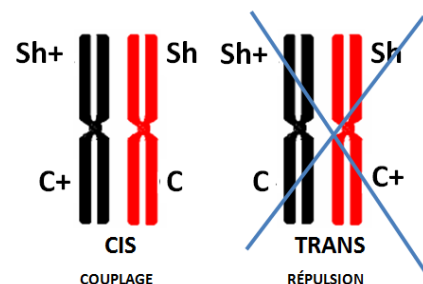
Les parents étaient donc de phénotype :

**( $sh^+ c^+$ ) x ( $sh c$ )**

et puisque ils étaient purs, ils étaient de  
génotype :

$\frac{sh^+}{sh^+} \frac{c^+}{c^+} \quad \frac{sh}{sh} \frac{c}{c}$

2) **Les deux gènes présentent une liaison en**  
**cis (couplage)** les deux allèles dominants sont  
sur un même chromosome et les deux allèles  
récessifs sont sur le chromosome homologue



3) la distance séparant **sh** de **c**

$$D = \frac{\text{Nombre de recombinés}}{\text{Nombre Total}} \times 100$$
$$= \frac{301}{8368} = 3.6 \text{ UM}$$

#### EXO 4 :

On étudie la transmission de trois gènes (**vg**) (**pr**) et (**e**) dont chacun présente 2 allèles  
vg+/vg pr+/pr e+/e

##### 1) Etude de la liaison entre les gènes:

Il faut étudier la liaison de chaque gène par rapport aux deux autres gènes

→ **La liaison entre les gènes (vg) et (pr)**

<b>P</b> <b>2104</b>	(vg pr) → 963 + 87 (vg+ pr+) → 989 + 65
<b>R vg-pr</b> <b>336</b>	(vg pr+) → 161 + 8 (vg+ pr) → 156 + 11

**P>R** → les gènes (**vg**) et (**pr**) sont liés

→ **La liaison entre les gènes (pr) et (e)**

<b>P</b> <b>2266</b>	(pr e) → 963 + 156 (pr+ e+) → 989 + 161
<b>R pr-e</b> <b>171</b>	(pr e+) → 87 + 11 (pr+ e) → 65 + 8

**P>R** → les gènes (**pr**) et (**e**) sont liés

→ **La liaison entre les gènes (vg) et (e)**

<b>P</b> <b>1971</b>	(vg e) → 963 + 8 (vg+ e+) → 989 + 11
<b>R vg-e</b> <b>469</b>	(vg e+) → 161 + 87 (vg+ e) → 156 + 65

**P>R** → les gènes (**vg**) et (**e**) sont liés

Les 3 gènes transmis dans ce croisement sont liés.

##### **2) Ordre des gènes:**

La localisation des gènes les uns par rapport aux autres s'effectue en comparant les catégories majoritaires (parentale) et les catégories minoritaires (doubles recombinés)

Le gène qui permute est le gène central.

Les classes majoritaires de 963 et 989 correspondent aux **classes parentales**

Les classes de 11 et 8 sont les plus rares elles doivent résulter d'un double crossing-over  
Puisque dans ces classes les gènes (vg) et (e) restent en association parentale, alors que le gène (pr) change d'allèle, c'est donc lui le gène central.

Parent 1	double recombiné
vg <b>pr</b> e	vg <b>pr+</b> e
Parent 2	double recombiné
vg+ <b>pr+</b> e+	vg+ <b>pr</b> e+

L'ordre des gènes est donc

**vg pr e**

##### **b) Calcul des distances**

Distance (vg) (pr)

$$D_{vg-pr} = \frac{\text{nombre de recombinés } R_{vg-pr}}{\text{Nombre total}} \times 100$$

**R vg-pr recombinés entre vg et pr = 336**

$$D_{vg-pr} = \frac{336}{2440} \times 100 = 13.77 \text{ UM}$$

Distance (pr) (e)

$$D_{pr-e} = \frac{R_{pr-e}}{\text{Nombre total}} \times 100$$

**R pr - e recombinés entre pr et e = 171**

$$D_{pr-e} = \frac{171}{2440} \times 100 = 7 \text{ UM}$$

Distance (vg) (e)

$$D_{vg-e} = D_{vg-pr} + D_{pr-e}$$
$$= 13.77 + 7 = 20.77 \text{ UM}$$

Puisque il s'agit des deux gènes extrêmes, on peut également appliquer la formule

$$D_{vg-e} = \frac{SR_{vg-pr} + SR_{pr-e} + 2DR}{\text{Total}} \times 100$$
$$= \frac{(161+156) + (65+87) + 2(11+8)}{2440} \times 100$$
$$= 20.77 \text{ UM}$$

**vg pr e**  
**13.77 7**

#### EXO 6 :

