

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

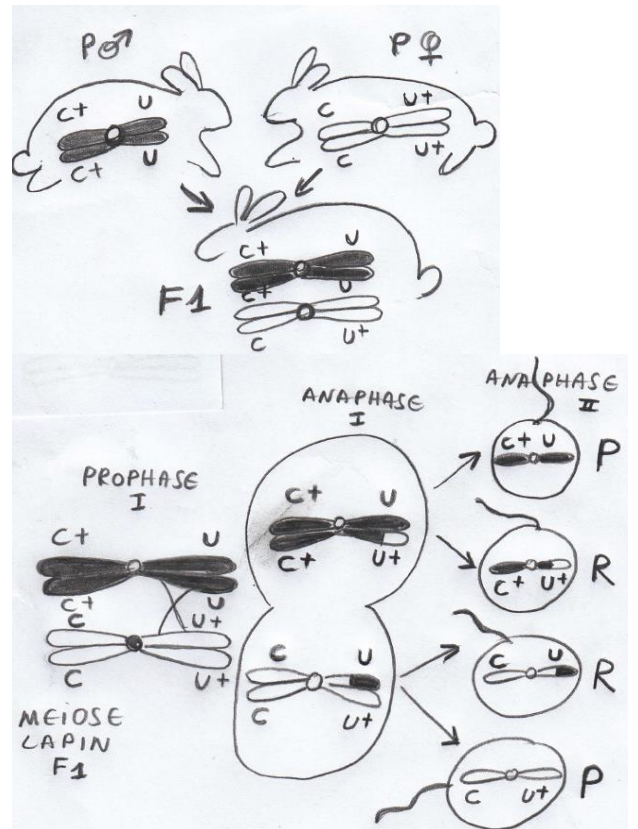
Gamètes **P** C+ U+ x C U

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^{er} caractère → présence (s) ou absence (s+) de tache foncée sur les ailes avec s+ > s
2^{ème} 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 $\frac{s^+ c^+}{s c}$ x mâle $\frac{s c}{s c}$

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

$400 \implies 100\%$

$280 \implies 70\%$

- **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 ($sh^+ c^+$).

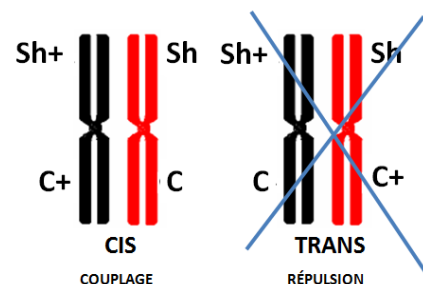
Les parents étaient donc de phénotype :

$(sh^+ c^+) \times (sh c)$

et puisque ils étaient purs, ils étaient de
 génotype :

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

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)

P 2104	(vg pr) → 963 + 87 (vg+ pr+) → 989 + 65
R vg-pr 336	(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)

P 2266	(pr e) → 963 + 156 (pr+ e+) → 989 + 161
R pr-e 171	(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)

P 1971	(vg e) → 963 + 8 (vg+ e+) → 989 + 11
R vg-e 469	(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 pr e	vg pr+ e
Parent 2	double recombiné
vg+ pr+ e+	vg pr 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 :

a) La plus grande distance sépare les deux gènes distaux : P et Rc → 32

P Rc

b) On choisit l'un des deux gènes extrêmes, puis à partir de celui-ci on ajoute les gènes depuis le plus proche jusqu'au gène le plus loin, par rapport au gène extrême qu'on a choisi.

P S Gr Y Oa Rc