

Exercice 1 p 86:

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

2) 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**. En effet la comparaison du nombre des phénotypes parentaux (P) et celui des phénotypes recombinés (R) montre que P>R

Phénotypes parentaux → P (court uniforme) + (angora panaché) P = 194 + 190 = 384	P > R Liaison partielle
Phénotypes recombinés → R (court panaché) + (angora uniforme) R = 7 + 9 = 16	

3) Calcul de la distance entre les gènes C U

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

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

Représentation du croisement

Parents

Court uniforme (x) Angora panaché

Phénotype (C+ U) (x) (C U+)

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

Gamètes 100% C+ U 100% C U+

F 1 100 % $\frac{C+ U}{C U+}$

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

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

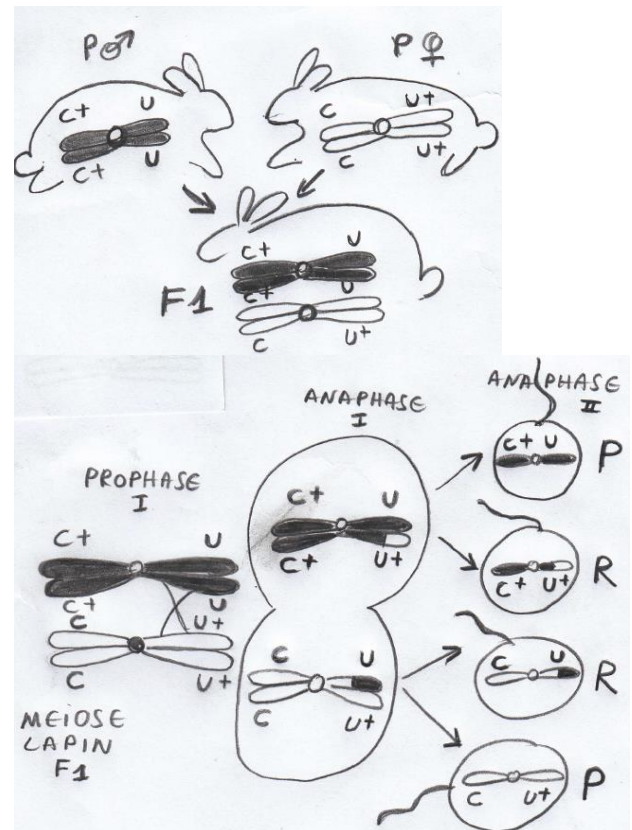
Gamètes P C+ U

R C+ U+ 100% CU

R C U

P 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
	Court Uniforme 194	court panaché 7	angora uniforme 9	Angora Panaché 190



Exercice 2 p 86:

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
 responsables des 4 phénotypes observés
 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 a fourni 4
 types de gamètes correspondant aux 4
 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 à 1/4: 1/4: 1/4: 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 → soit 70% du total de la
 descendance

400 ==> 100%

280 ==> 70%

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

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

70 % P	35% de gamètes (s+ c+)
	35% de gamète (s c)

→ 30% ont donné des phénotypes recombinés
 donc ces gamètes sont issus de chromatides qui
 ont subi un crossing-over.
 soit théoriquement

30 % R	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)
 (→ seulement des gamètes **P**)
 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 (→ pas de gamètes **R**)

Exercice 3 p 87:

sh → grain rétracté sh+ > sh

sh+ → grain plein

c → absence de couleur c+ > c

c+ → 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 1/4 : 1/4 : 1/4 : 1/4.

On conclut que les deux gènes transmis dans ce
 croisement sont liés une **liaison partielle**

Parmi les résultats de ce test cross →

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

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

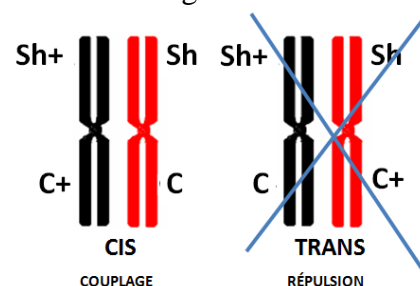
Les parents étaient donc de phénotype :

(sh+ c+) x (sh c)

et puisque les parents étaient purs, ils étaient de
 génotype :

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

2) chez la F1 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**

$$D_{sh-c} = \frac{\text{Nombre de recombinés}}{\text{Nombre Total}} \times 100$$

$$= \frac{301}{8368} = 3.6 \text{ UM}$$

Exercice 4 p 87:

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 par une **liaison partielle**

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 classe 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**)

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

R vg-pr recombinés entre vg et pr = 336

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

Distance (**pr**) (**e**)

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

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

$$D_{vg-e} = \frac{\mathbf{SR_{vg-pr}} + \mathbf{SR_{pr-e}} + \mathbf{2DR}}{\text{Total}} \times 100$$

$$= \frac{(161+156) + (65 + 87) + 2(11 + 8)}{2440} \times 100$$

$$= 20.77 \text{ UM}$$

vg _____ pr _____ e
13.77 _____ 7

Exercice 5 p 87:

a) Les classes majoritaires apparaissent dans la descendance (2290 p m u+) et (2276 p+ m+ u) présentent les **phénotypes parentaux** : Un parent est de phénotype **p m u+** L'autre parent est de phénotype **p+ m+ u**

b) Génotype des mouches F1 (p+ m+ u+)

parent 1 pure donne 100% gamètes p m u+
parent 2 pure donne 100% gamètes p+ m+ u

Les mouches F1 sont triples hétérozygotes

p m u+
p+ m+ u

(Le test cross des mouches F1 a donné 8 classes phénotypiques ce résultat confirme que les mouches F1 sont triples hétérozygotes)

c) Type d'association entre les allèles p et m chez les mouches F

Les mouches F1 ont reçus du premier parent et sur un même chromosome les deux allèles dominants p+ m+ et ont reçu de l'autre parent (sur le chromosome homologue) les deux allèles récessifs p m
L'association des allèles chez la F1 est donc de type **cis** ou **couplage**

d) Le gène central (le gène situé au milieu)

La localisation des gènes, les uns par rapport aux autres, s'effectue en comparant d'une part, les classes **majoritaires** c'est-à-dire **parentales P** = celles qui n'ont pas subi de crossing over et d'autre part, les classes **minoritaires** c'est-à-dire **les doubles recombinés DR** = celles qui ont subi deux crossing over. Le gène qui permute (change d'allèle) est le gène central
- Les classes de 2290 et 2276 correspondent aux associations parentales pour les trois gènes.
- Les classe de 9 et 7 sont les plus rares elles doivent résulter d'un double crossing over.

P	DR
p m u+	p m u
p+ m+ u	p+ m+ u+

Dans ces classes (DR) les gènes (**p**) et (**m**) restent en association parentale, mais le gène (**u**) **change d'allèle**, ce dernier est donc le gène central

p u m

e) Calcule des distances

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

$$D_{p-u} = \frac{R_{p-u}}{T} \times 100$$

$$D_{p-u} = \frac{145+139+9+7}{5000} \times 100 = 6 \text{ UM}$$

$$D_{u-m} = \frac{R_{u-m}}{T} \times 100$$

$$D_{u-m} = \frac{70+64+9+7}{5000} \times 100 = 3 \text{ UM}$$

$$D_{p-m} = D_{p-u} + D_{u-m} = 6 + 3 = 9 \text{ UM}$$

Ou on utilisant la formule:

$$D_{p-m} = \frac{SR_{p-u} + SR_{u-m} + 2DR}{\text{Total}} \times 100$$

SR : simple recombinée

$$\frac{(145+139) + (70+64) + 2(9+7)}{5000} \times 100$$

$$D_{p-m} = 9 \text{ UM}$$

p 6 u 3 m

f) L'analyse par test cross d'un mâle F1 ne donnerait que 2 phénotypes différents aux proportions égales 50% (p m u+) et 50% (p+ m+ u) Car chez le mâle de la drosophile la liaison est totale → le mâle ne fait pas de crossing-over et donc il ne donne que des gamètes P et jamais de gamètes R

Exercice 6 p 87:

1) On détecte les deux gènes distaux (la plus grande distance les séparent (P- Rc)

P 32 Rc

2) On choisit l'un des deux gènes distaux, et à partir de lui on avance en ajoutant les gènes un après l'autre par ordre de distance décroissante (de proche en proche)

P 6 S Rc

P 6 S Gr Rc

P S Gr Y Oa Rc