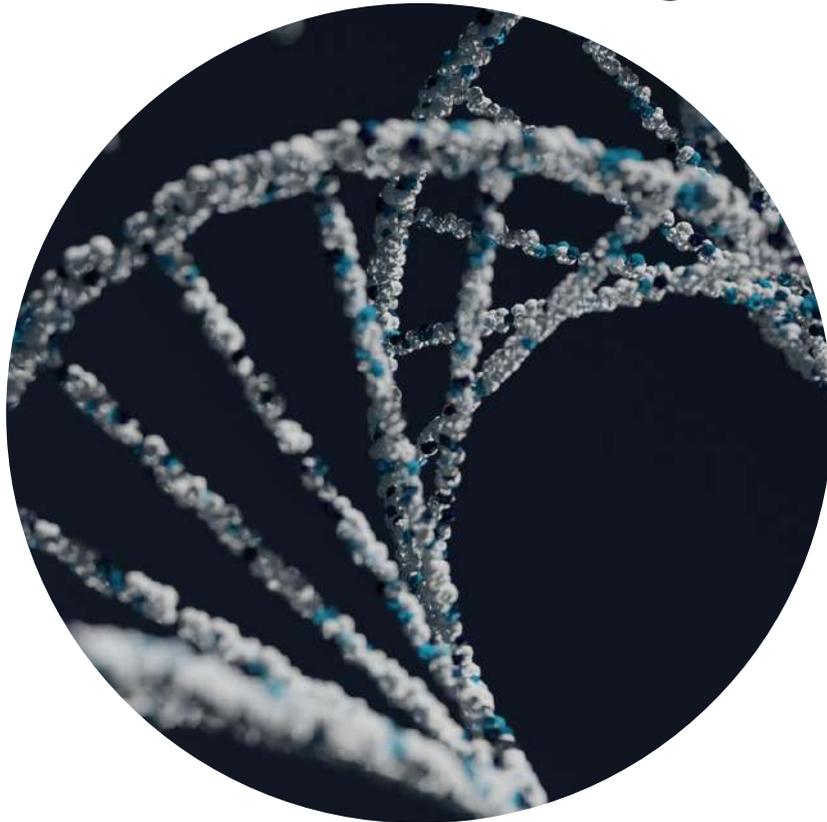


# Génétique



## SCIENCES DE LA VIE



### Shop



- Cahiers de Biologie + Lexique
- Accessoires de Biologie



### Etudier



Visiter [Biologie Maroc](http://www.biologie-maroc.com) pour étudier et passer des QUIZ et QCM en ligne et Télécharger TD, TP et Examens résolus.



### Emploi



- CV • Lettres de motivation • Demandes...
- Offres d'emploi
- Offres de stage & PFE



*UNIVERSITE ABDE LMAEK ESSADI*  
*FACULTE DES SCIENCES*  
*DEPARTEMENT DE BIOLOGIE*



# GENETIQUE FORMELLE

SUITE (3)

Pr. BENIOURI R.  
2016

# Quelques rappels importants

1) Un organisme diploïde possède deux allèles d'un gène dans toutes ses cellules.

2) Ces deux allèles sont identiques si l'organisme est de lignée pure (= homozygote) différents s'il est hétérozygote.

3) Un gamète ne renferme qu'un seul allèle de chaque gène.

4) Un individu **récessif** pour un caractère déterminé est obligatoirement **homozygote** pour ce caractère et ne fabrique qu'un **seul** type de gamètes.

5) Lorsque les résultats du **test-cross** donnent **quatre phénotypes** avec des proportions de **4 fois 25%** les gènes sont **indépendants** c'est-à-dire portés par deux paires de chromosomes différents ; il y a eu **brassage interchromosomique** soit une répartition aléatoire et indépendante des paires de chromosomes à l'anaphase de première division de méiose .

# LES DEVELOPPEMENTS DE L'ANALYSE MENDELIENNE

L'hérédité n'est pas toujours aussi clair que les résultats de Mendel ....

## .1 Différents cas de dominance

### . \*- **Dominance et récessivité**

Soit un locus à 2 allèles **A** et **a** :

**A dominant** sur **a** : **A/A ou A/a = phénotype A [A]**

**a récessif** sur **A** : **a** ne s'exprime que si l'individu est «**homozygote**»

### . \*- **Codominance et dominance incomplète**

A et B **semi-dominants**: [AB] intermédiaire entre [A] et [B]

### **Effet additif (quantitatif)**

A et B **codominants** : [AB] exprime [A] et [B]

### **Simultanément détectables (qualitatif)**

## **2 Allèles multiples**

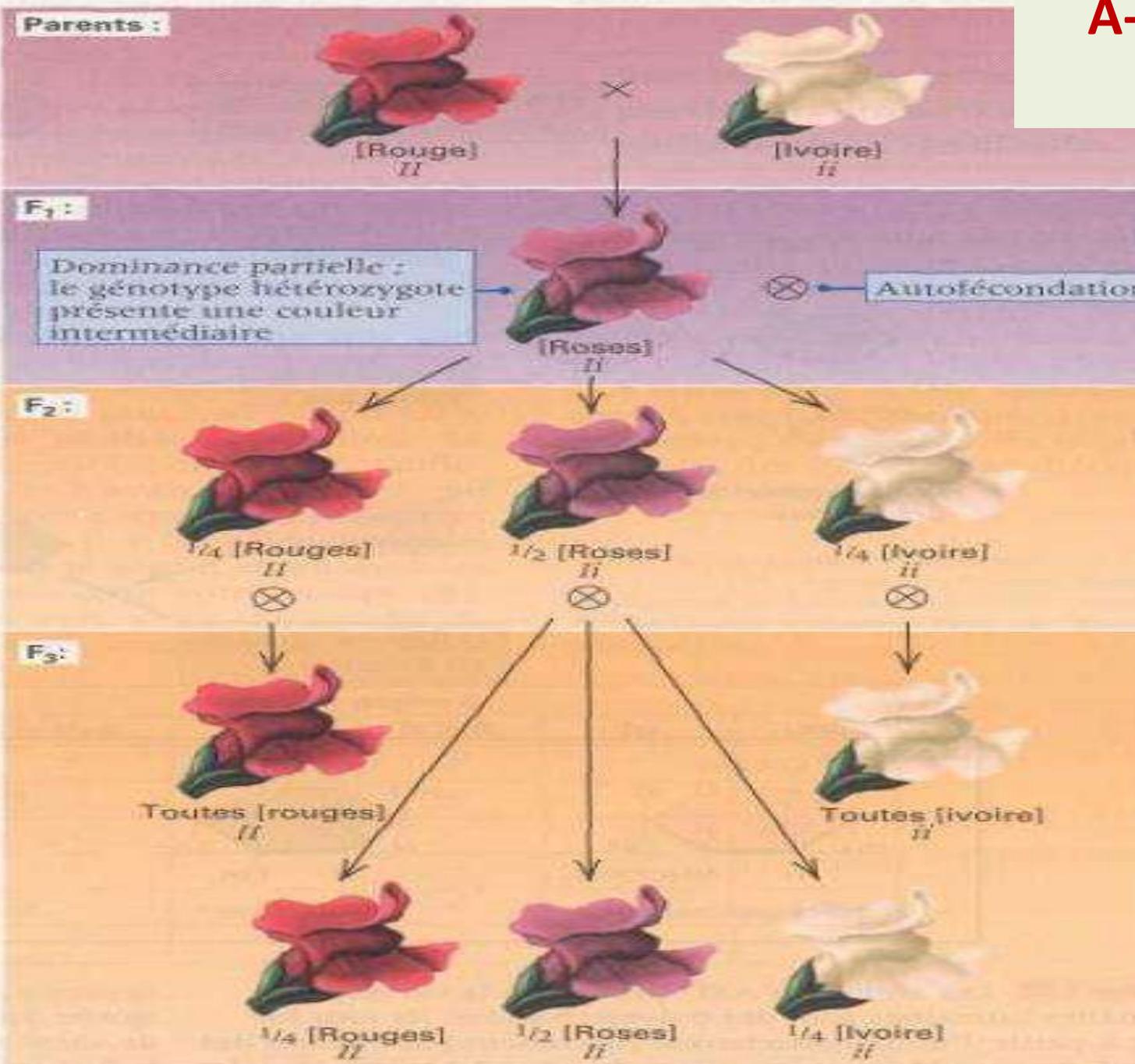
### **3 Pléiotropie**

### **.4 Pénétrance**

### **5 Expressivité**

### **6 Epistasie...**

# A- La dominance incomplète

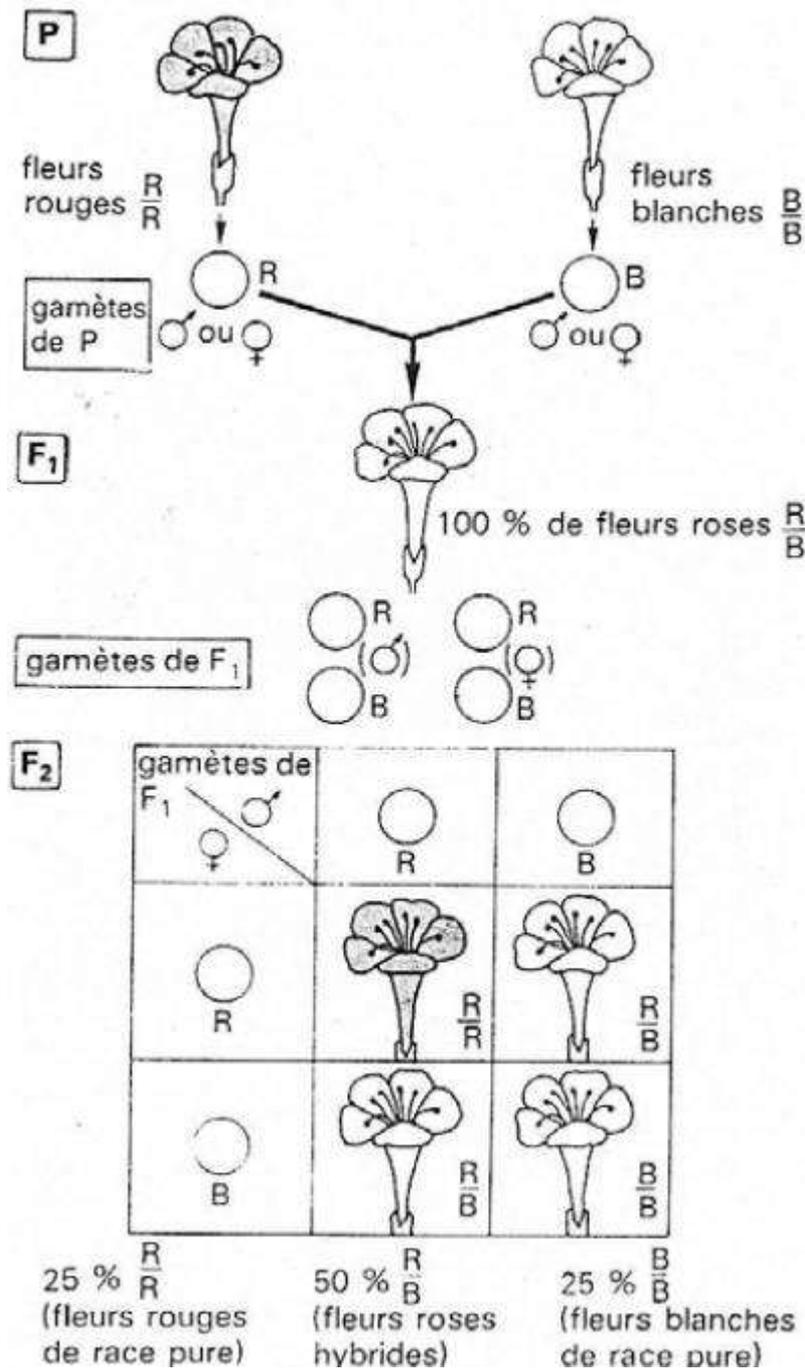


La **dominance incomplète** décrit la situation dans laquelle le phénotype d'un **hétérozygote** est **intermédiaire** entre ceux des deux **homozygotes**,

Si dans la descendance d'un croisement où est impliqué un caractère avec trois phénotypes on observe une ségrégation **1/4 – 1/2 – 1/4 pour ces phénotypes**, on conclut que :

- Le caractère étudié est gouverné par un couple d'allèles (**semi-dominants**) avec une dominance incomplète

- **Les parents croisés sont hétérozygotes**
- Les fréquences 1/4 correspondent aux deux phénotypes homozygotes et la fréquence 1/2 correspond au phénotype hétérozygote



## **Au niveau moléculaire,**

la dominance incomplète est généralement provoquée par un effet quantitatif du nombre de « doses » d'un allèle de type sauvage :

- \*- **deux doses** produisent davantage de transcrit fonctionnel et donc de protéine fonctionnelle ;
- \*- **une dose** produit moins de transcrit et de produit tandis qu'aucune dose ne débouche sur aucun transcrit ni protéine fonctionnels.

Dans le cas **de la dominance complète**,  
chez un hétérozygote sauvage/mutant,

\*-**soit la moitié** de la quantité normale du transcrit et du produit permettent d'assurer une fonction cellulaire normale (le gène est dit **haplo-suffisant**,

\*-**soit l'allèle de type sauvage** est « régulé en amont » pour augmenter la concentration du transcrit jusqu'à un niveau normal.

**La dominance ou la récessivité s'exprime toujours par rapport à un autre allèle.**

**B- La codominance:** Situation dans laquelle un hétérozygote présente les effets phénotypiques des deux allèles, de manière équivalente.

**Exemple 1:** Groupes sanguins humains ABO,

qui sont déterminés par trois allèles d'un gène qui montrent plusieurs types d'interaction pour produire les 4 types sanguins du système ABO.

Les séries alléliques comprennent trois allèles principaux,  $i$ ,  $I^A$  et  $I^B$  mais une personne ne peut posséder que deux des trois allèles (ou deux copies d'un même allèle).

Il y a **six génotypes différents**, les trois homozygotes et trois types distincts d'hétérozygotes

**Les groupes sanguins humains du système ABO illustrent à la fois la dominance et la codominance.**

# Il y a six génotypes différents

« I » est le nom du locus

$I^A I^A$

ou

$I^A i$

A

$I^A I^B$

AB

$I^B I^B$

ou

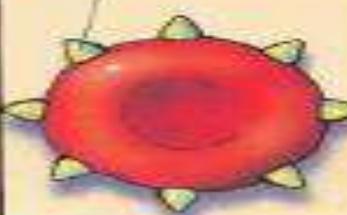
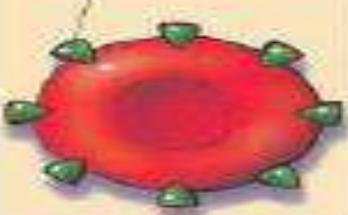
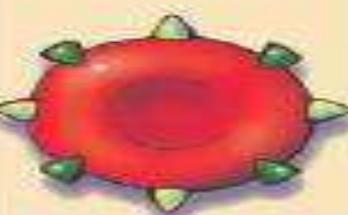
$I^B i$

B

$ii$

O

Types sanguins (phénotype)

groupes	A	B	AB	O
hématies	 <p>molécule A.</p>	 <p>molécule B.</p>		

*Les allèles (A ou B) déterminent le type d'antigène présent à la surface des globules rouges tandis que i indique l'absence de tels antigènes.*

Les antigènes A et B sont présents à la surface du groupe AB.

## Exemple 2: système de groupes sanguins MN

Considérons chez l'homme un caractère comme le système de groupes sanguins MN.

Par rapport à ce système, on distingue **trois groupes sanguins** dans les populations humaines: le **groupe M**, le **groupe MN**, le **groupe N**.

Il s'agit donc ici d'un caractère avec trois phénotypes.

Les croisements qui ont lieu dans une population humaine n'impliquent que ces groupes :

1- Groupe M x groupe M  $\longrightarrow$  100% groupe M

2- Groupe N x groupe N  $\longrightarrow$  100% groupe N

3- Groupe MN x groupe MN  $\longrightarrow$

1/4 groupe M + 1/4 groupe N + 1/2 groupe MN

4- Groupe M x groupe N  $\longrightarrow$   
100% groupe MN

Groupe sanguin (phénotype)	Génotype
M	MM
MN	MN
N	NN

**les rapports phénotypiques =  
rapports génotypique  
1/4 – 1/2 – 1/4**

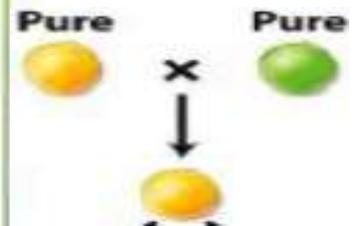
# Différence entre dominance, dominance incomplète, et codominance

Type  
de dominance

Définition

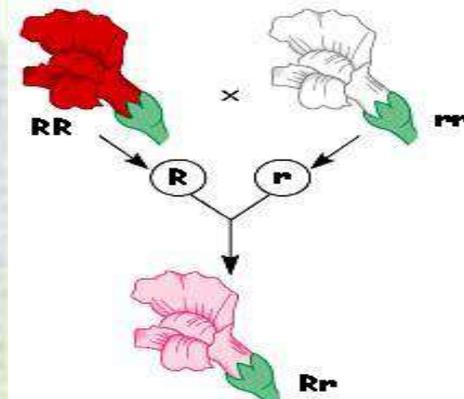
Dominance

Le phénotype de l'hétérozygote est le même que celui d'un des homozygotes.



Dominance  
incomplète

Le phénotype de l'hétérozygote est intermédiaire (pas nécessairement médian) entre celui des deux homozygotes.



Codominance

Le phénotype de l'hétérozygote combine les phénotypes des deux homozygotes.



**C- La létalité:** Un gène dominant ou récessif est dit **léta** lorsque sa présence dans le génotype entraîne tôt ou tard **la mort de l'individu qui possède ce gène.**

On parle de **gènes létaux conditionnels** pour ceux qui le sont dans certaines conditions (gènes thermosensibles par exemple).

**La présence d'allèles létaux modifie généralement les rapports phénotypiques Mendéliens attendus: 2/3; 1/3.**



La descendance de deux souris hétérozygotes pour l'allèle de la couleur jaune du pelage  $A^y/A$ , qui est léta en dose double. Tous les descendants  $A^y/A^y$  ne sont pas visibles.

$A^y/A \times A^y/A$  jaune X jaune

Descendants:  $1/4 A^y/A^y$  léta

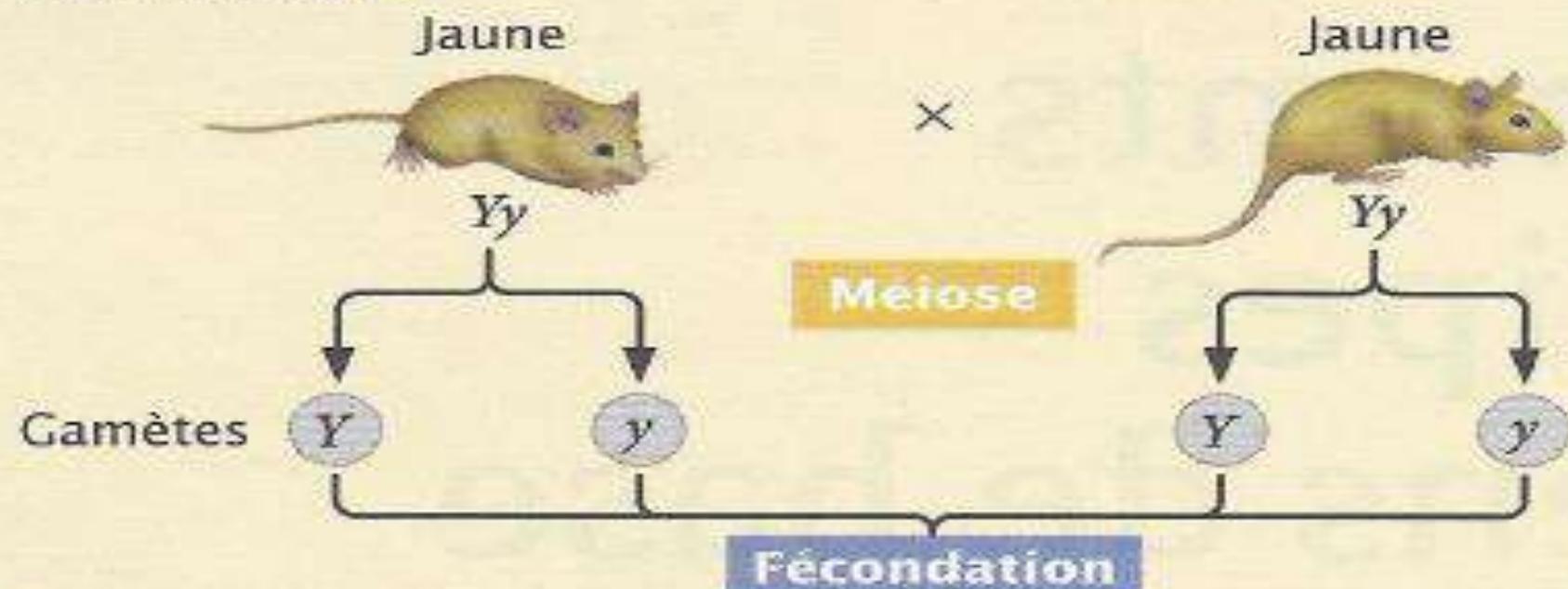
$1/2 A^y/A$  jaune

$1/4 A/A$  type sauvage

$2/3 A^y/A$

$1/3 A/A$

## Génération P



## Génération F<sub>1</sub>



**Conclusion :** Les souris YY meurent, donc  
2/3 de la descendance est  $Yy$ , jaune  
1/3 de la descendance est  $yy$ , non jaune



## Un chat de Elle de Man.

Tous les chats de ce genre sont hétérozygotes pour un allèle dominant qui empêche la formation de la queue.

L'allèle est létal dans sa forme homozygote.

- **Si allèle dominant** : mort rapide de l'individu hétérozygote et **disparition de l'allèle létal de la population** (pas d'individus porteurs)
- **Si allèle récessif** : mort rapide des individus homozygotes mais **maintien des individus hétérozygotes « porteurs »** (peuvent présenter des altérations par rapport au « sauvage »)

**D- Des allèles multiples : est une série allélique.**

Plusieurs gènes ont plus qu'un allèle.



**Pour un gène donné,  
il existe plusieurs versions de ce gène (allèles).**

**Un individu ne possède pas plus que 2 allèles pour le trait** mais, on peut avoir des différents paires d'allèles lorsqu'il existe des allèles multiples.

Ce sont les mutations qui sont à l'origine de la création des allèles et donc du polyallélisme

**Exemple:**

Les groupes sanguins sont contrôlés par 3 allèles:  $I^A$ ,  $I^B$  et  $i$ .

Allèles  $I^A$  et  $I^B$  sont dominants à  $i$ .

$I^A$  et  $I^B$  sont codominants.

## REMARQUE

### La polygénie

On dit qu'il y a **polygénie** ou **effet polygénique** lorsqu'un même caractère est gouverné par plusieurs gènes différents.

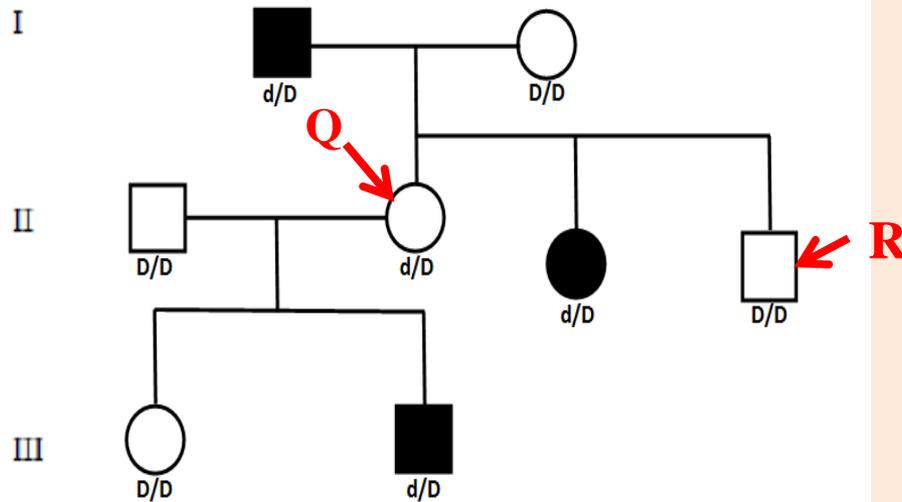
C'est par exemple le cas de l'intelligence, de la taille et du poids des individus chez l'homme.

### La pléiotropie

**C'est l'action d'un gène dont la présence dans le génotype se traduit par la modification de plusieurs caractères distincts.**

Si nous considérons le cas du gène de la drépanocytose chez l'homme, ce gène entraîne non seulement une modification de la forme des globules rouges, mais aussi des anomalies cardiaque, rénale, pulmonaire, musculaire.

## E- Pénétrance incomplète



Dominant : visible sur l'arbre  
(saut de génération)

Q: Pénétrance = ?

3/4

- La **pénétrance** fait référence à la proportion d'organismes dont le phénotype correspond au génotype pour un caractère donné.

Un génotype qui est toujours exprimé a

une **pénétrance de 100 %**.

Une **pénétrance de moins de 100 % (= pénétrance**

***incomplète***) constitue un cas extrême d'expressivité variable, dans lequel, chez certains individus, le génotype n'est pas exprimé à un degré détectable.

L'individu **Q** doit avoir l'allèle (car il l'a transmis à sa descendance) mais ne l'a pas exprimé dans son phénotype.

Un individu tel que **R** ne peut être sûr de ne pas avoir cet allèle dans son génotype.

**F- L'expressivité variable** se réfère à des gènes qui sont exprimés à différents degrés dans différents organismes.

Lorsqu'un gène produit des variations dans un même phénotype, on dit que ce gène a une **expressivité variable**.

**L'expressivité d'un gène est donc l'intensité avec laquelle le gène s'exprime au niveau du phénotype.**

C'est l'exemple du gène dominant responsable de **la polydactylie** (apparition de doigts surnuméraires ou supplémentaires) chez l'homme. Ce gène a **une expressivité variable** dans la mesure où le nombre de doigts surnuméraires et la taille de ces doigts varient d'un membre à l'autre et d'un individu à un autre.



**la polydactylie  
(doigts surnuméraires)**

# LIAISON GENETIQUE. (Linkage)

## Étude du cas de l'hérédité autosomique pour les deux gènes liés

la découverte du linkage: chez le pois de senteur,  
on étudiait un croisement dihybride entre deux variétés :

<b>P :</b>	une pourpre long	X	rouge rond	
	PPLL [PL]		ppll [pl]	
<b>Gamètes</b>	<b>PL</b>		<b>pl</b>	
<b>F1:</b>		PpLl	[PL]	
				<b>9: 3: 3: 1.</b>
<b>F2:</b>	<b>F1 X F1</b>	<b>284</b>	<b>215</b>	[PL]
		<b>21</b>	<b>71</b>	[Pl]
		<b>21</b>	<b>71</b>	[pL]
		<b>55</b>	<b>24</b>	[pl].
<b>Total</b>		<b>381</b>	<b>381</b>	

Les **rappports entre les phénotypes F2** s'écartent fortement du rapport **9:3:3:1** attendu.  
Il y a **deux classes phénotypiques** qui sont beaucoup **plus représentées** que prévues.  
**Ces deux classes correspondent aux catégories gamétiques parentales**

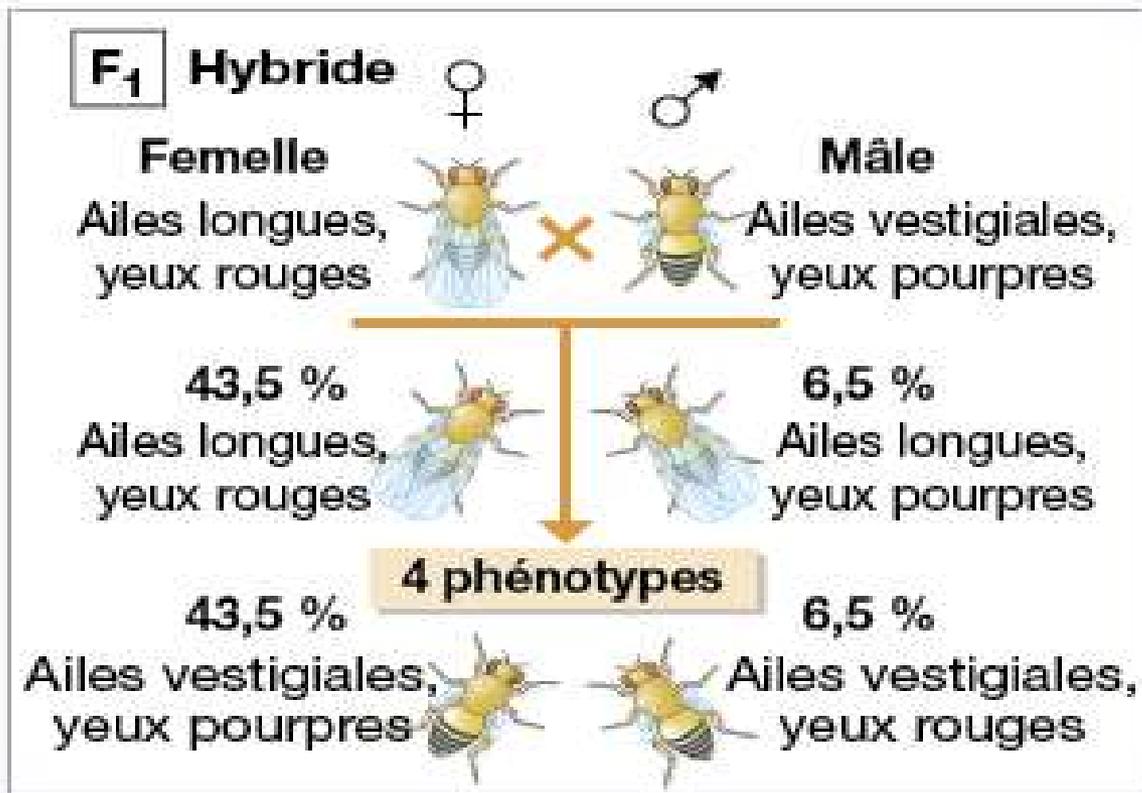
- Il faut souligner que deux classes phénotypiques sont plus représentées que prévu :  
celle du phénotype pourpre long [PL]  
et celle du phénotype rouge et rond [pl].
- La taille de ces deux classes serait due à un excès des deux types gamétiques **PL** et **pl**  
(ceux-ci sont les types gamétiques parentaux de départ).
- Morgan a expliqué ces résultats en étudiant deux paires de gènes autosomiques chez la Drosophile ;  
une de ces paires affecte la couleur des yeux  
(pr : pourpre, pr+ : rouge),  
l'autre affecte la longueur des ailes  
(vg : vestigiale, vg+ : normale)

# Morgan a croisé des mouches: **croisement test** :

**pr pr vg vg** X **pr+ pr+ vg+ vg+**

Test-cross : ♀ **pr pr+ vg+vg** X ♂ **pr pr vg vg**

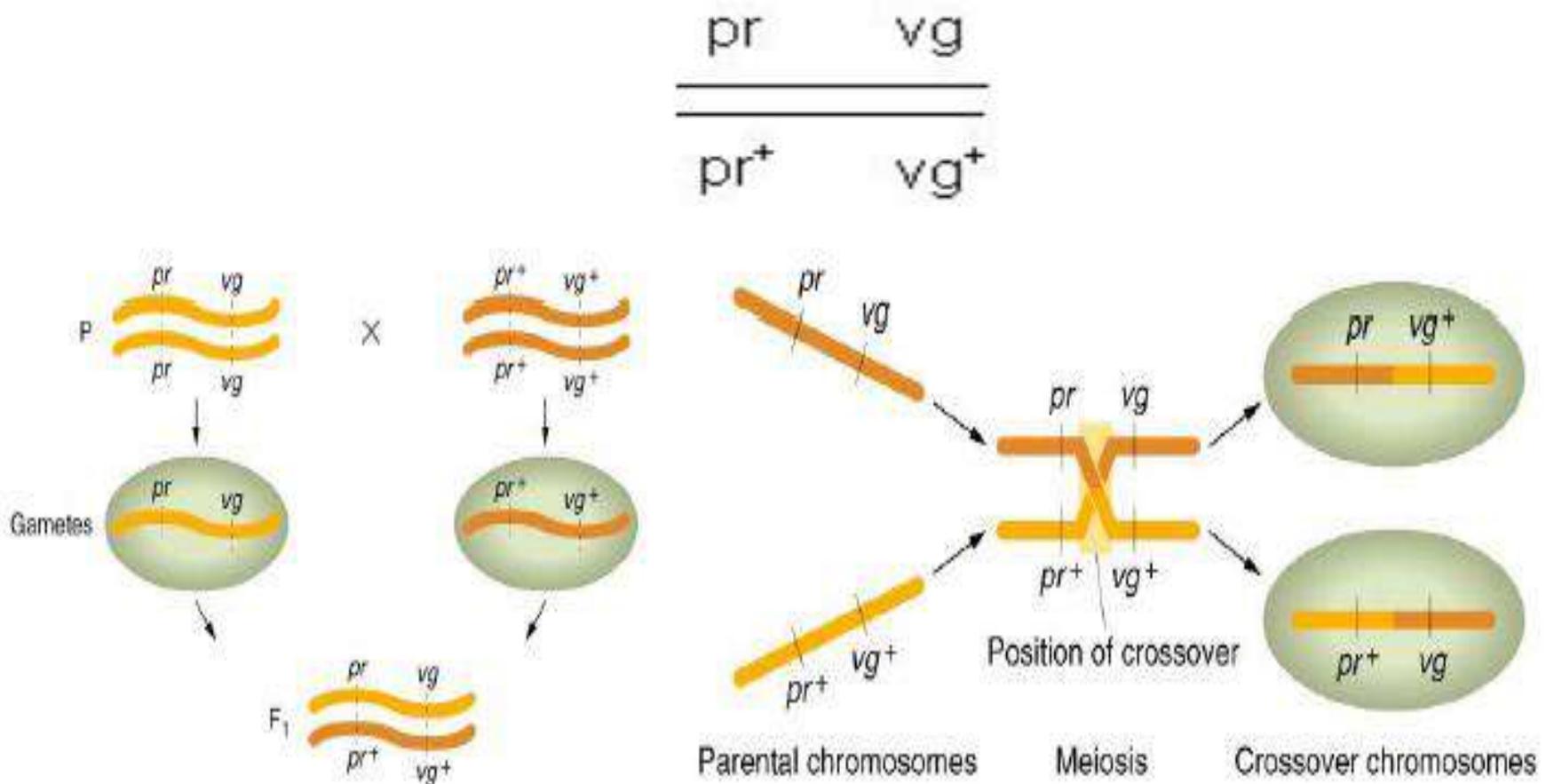
<b>F2 :</b>	pr pr vg vg	<b>pourpre vestigiale</b>	<b>1195</b>
	pr+ pr vg vg	<b>vestigiale</b>	<b>151</b>
	pr+ pr vg+ vg	<b>sauvage</b>	<b>1339</b>
	pr pr vg+ vg	<b>pourpre</b>	<b>154</b>
			<hr/>
			<b>= 2839</b>



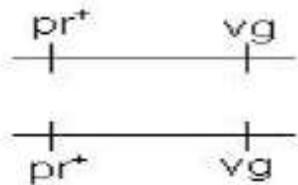
Les résultats ne sont donc pas ceux de ce qu'on connaît,  
c.à.d 4 fois 25% = 1/4, 1/4, 1/4, 1/4.

- MAIS:** - une majorité de phénotype « parental »  
- une minorité de phénotype « recombiné »

## La liaison est dite en cis ou en couplage

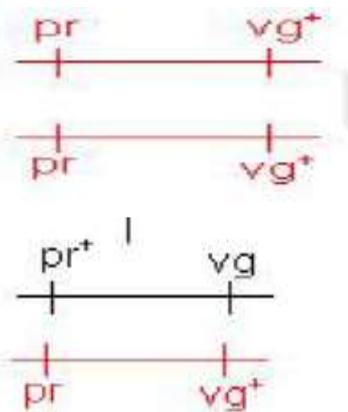


P pr+ pr+ vg vg



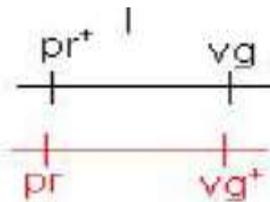
X

pr pr vg+ vg+



F1

pr+ pr vg+vg.



Croisement-test :

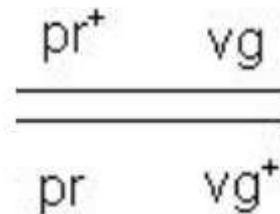
♀ pr+ pr vg+ vg

X

♂ pr pr vg vg

**Les gamètes et leur fréquence:**

	<b>pr+ vg+,</b>	<b>pr vg,</b>	<b>pr vg+,</b>	<b>pr+ vg</b>
[pr+ vg+]	sauvage		<b>157</b>	
[pr vg ]	pourpre vestigiale		<b>146</b>	
[pr+ vg ]	vestigiale		<b>965</b>	
[pr vg+]	pourpre		<b>1067</b>	
			<hr/>	
			<b>2335</b>	

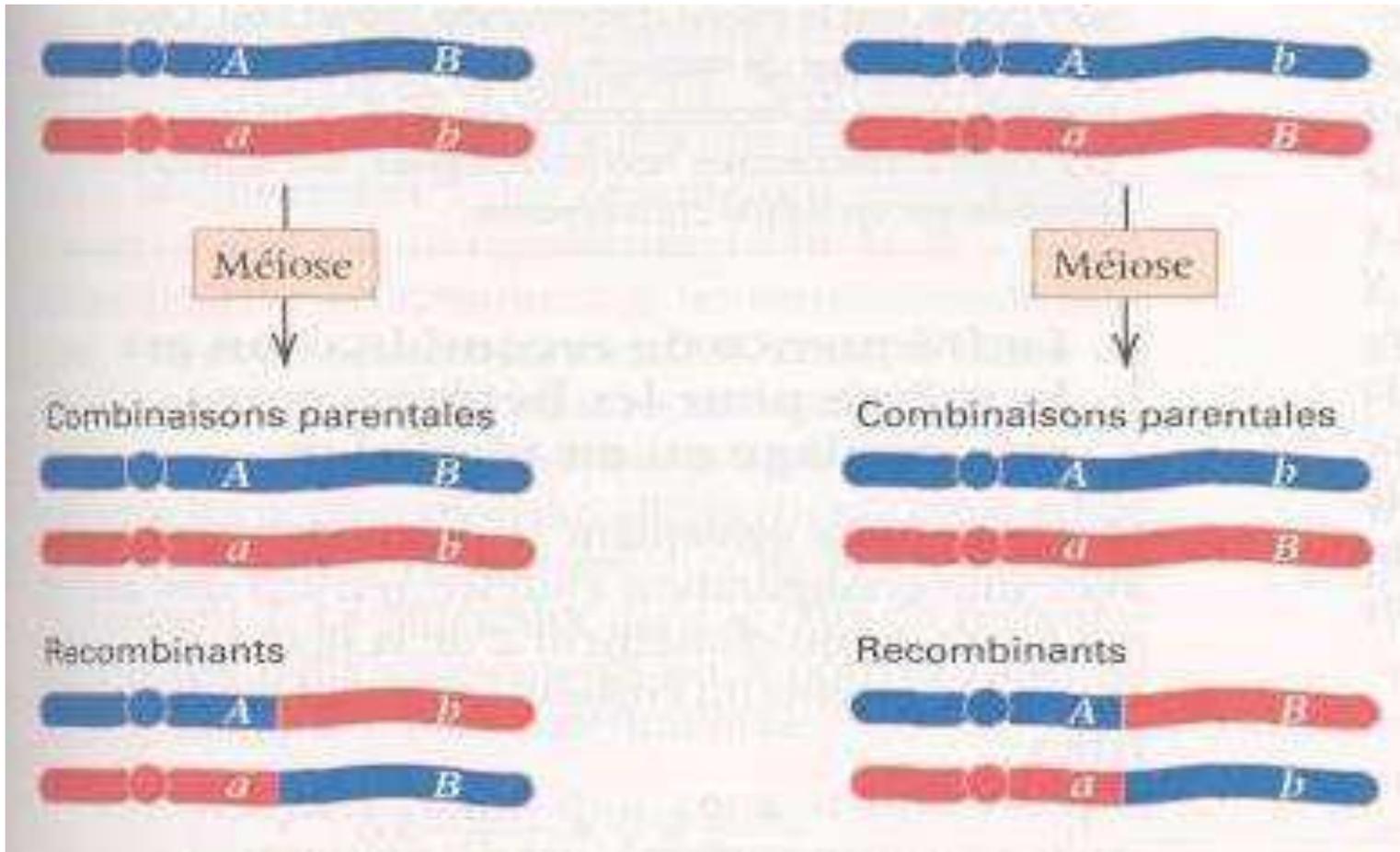


**La liaison est dite en trans = répulsion.**

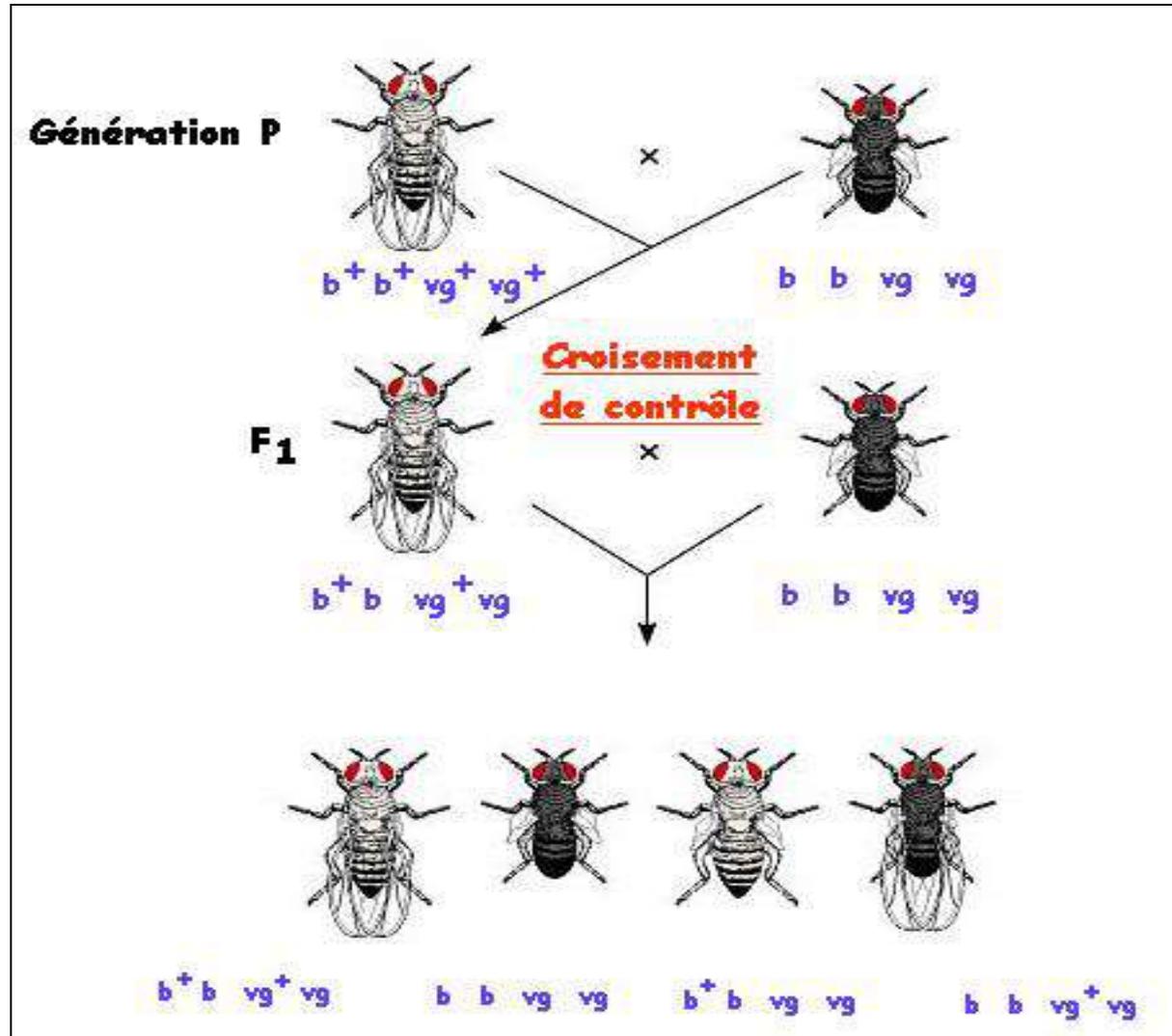
# Les allèles liés ont tendance à rester ensemble lors de la méiose.

(A) Allèles parentaux en **couplage**,  
ou configuration *cis*

(B) Allèles parentaux en **répulsion**,  
ou configuration *trans*



# Croisement dihybride de Morgan



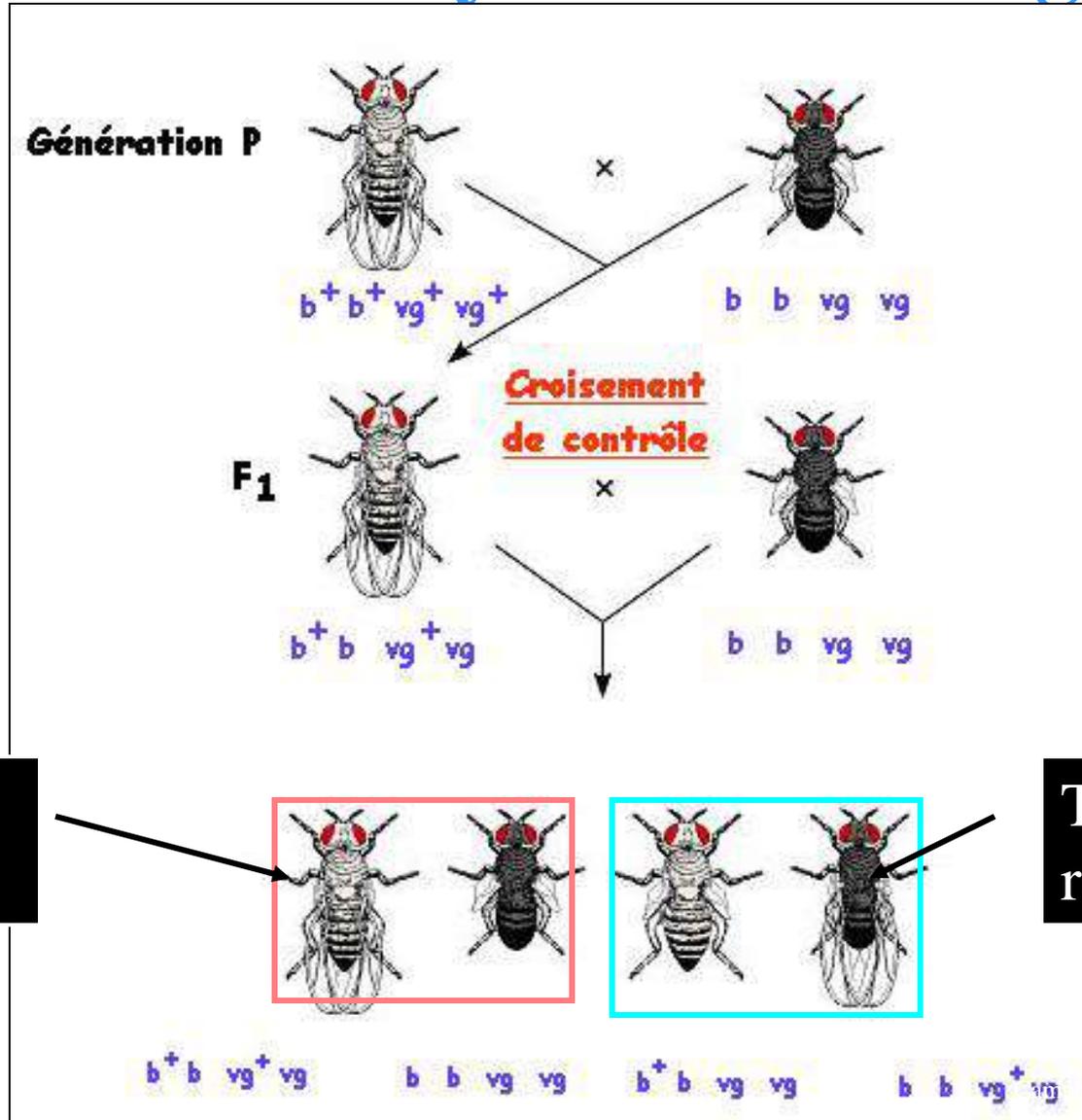
Résultats prévus:

575                      575                      575                      575

Résultats obtenus:

965                      944                      206                      185

# Croisement dihybride de Morgan



Types parentaux

Types recombinants

Résultats obtenus:

965

944

206

185

**Les 2 caractères étudiés dans le croisement dihybride de Morgan n'ont pas subi l'assortiment indépendant des chromosomes puisque**

**les 4 phénotypes ne sont pas en proportion égale**

**Les gamètes standards (majoritaires) ont la combinaison allélique parentale**

**Les descendants de type parental sont issus des gamètes standards**

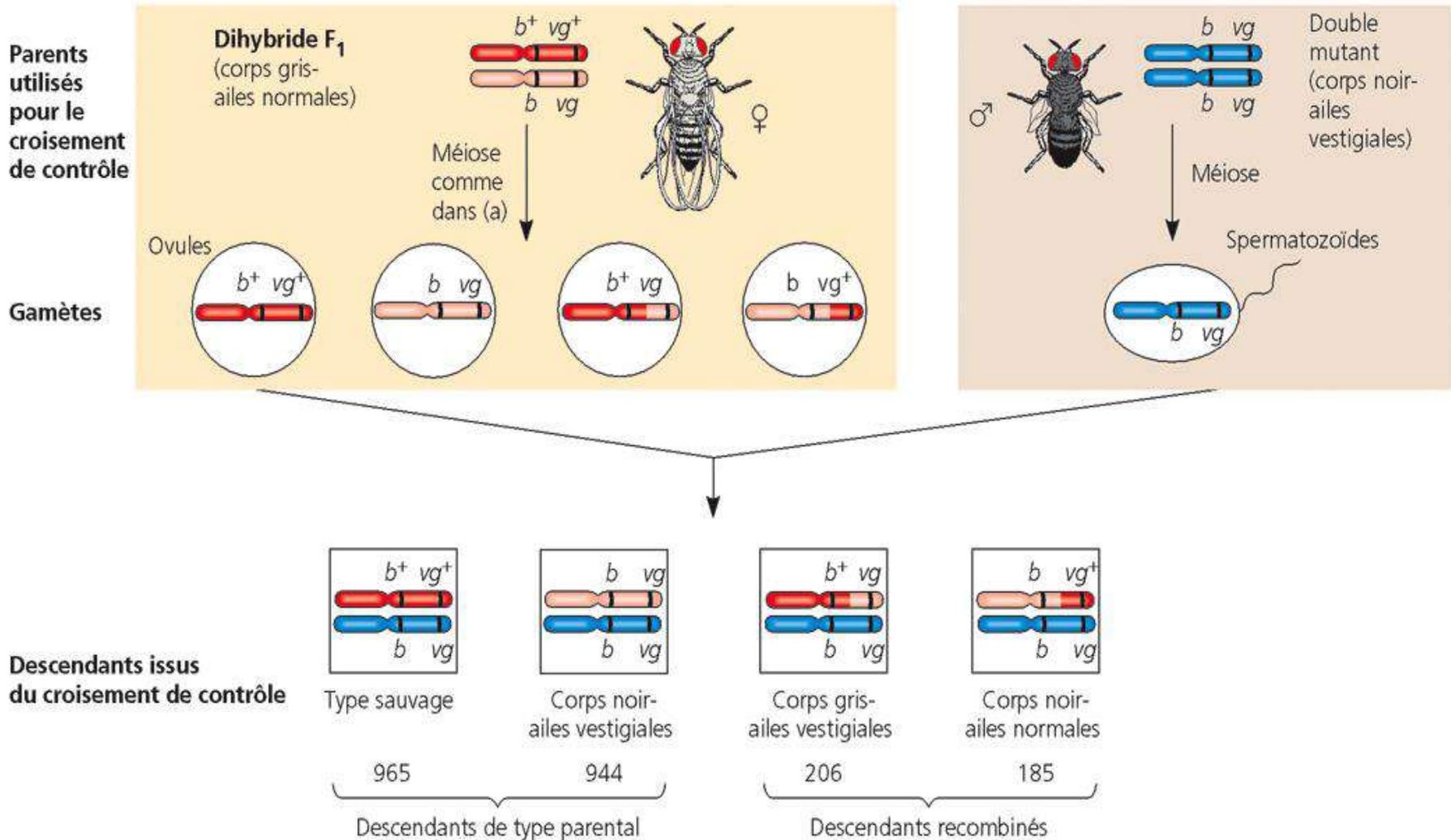


**Les gènes étudiés (corps/ailes) sont portés par le même chromosome et**

**se transmettent ensemble (le plus souvent) dans un gamète.**

# Les hypothèses de Morgan

1. Les gènes sont liés entre eux.
2. Il s'est produit des enjambements.



$$\text{Fréquence de recombinaison} = \frac{391 \text{ individus recombinés}}{2\,300 \text{ descendants au total}} \times 100 = 17\%$$

**P Generation**  
(homozygous)

Wild type  
(gray with  
normal wings)

$b^+ b^+ vg^+ vg^+$



x



Double mutant  
(black with  
vestigial wings)

$b b vg vg$

**F<sub>1</sub> dihybrid**  
(wild type)  
(gray with  
normal wings)

$b^+ b vg^+ vg$

♀



**TESTCROSS**

x



Double mutant  
(black with  
vestigial wings)

$b b vg vg$

♂

**Offspring of testcross**

Wild type	Black-vestigial	Gray-vestigial	Black-normal
$b^+ b vg^+ vg$	$b b vg vg$	$b^+ b vg vg$	$b b vg^+ vg$
575	575	575	575
Parental phenotypes		Recombinant phenotypes	
965	944	206	185

**Expected**  
(independent  
assortment)

**Observed**

**Proportion inégale**  
des 4 phénotypes.

**Ne correspond pas**  
à la loi de  
**ségrégation**  
**indépendante** de  
**Mendel.**

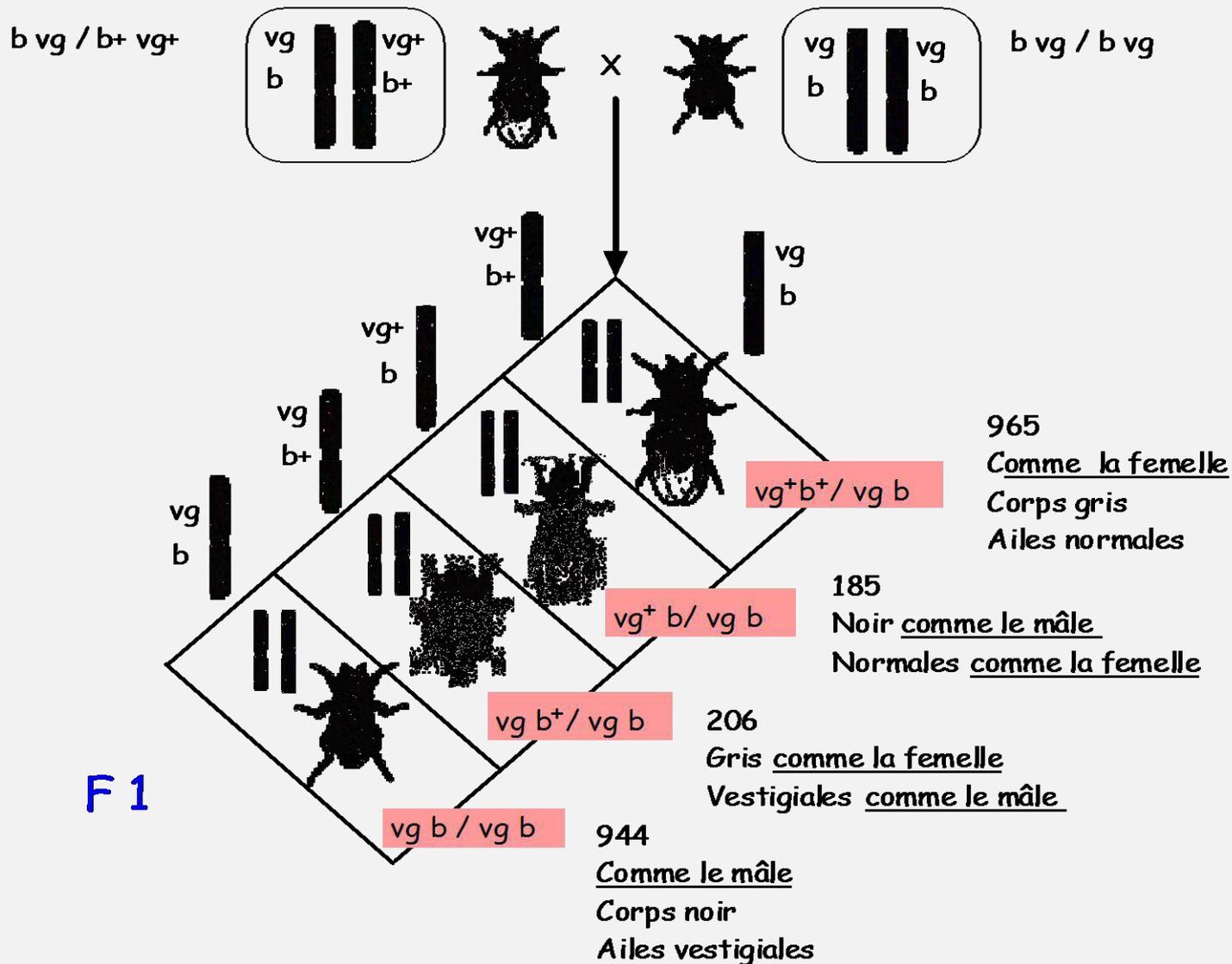
83 % des mouches sont comme les parents

17% des mouches sont « un mélange des parents »

$b^+$  = corps gris ou  $b$  = corps noir       $vg^+$  = ailes normales ou  $vg$  = ailes vestigiales

Femelle au corps gris  
et aux ailes normales

Mâle au corps noir  
et aux ailes vestigiales



Les descendants de type parental sont issus des gamètes standards

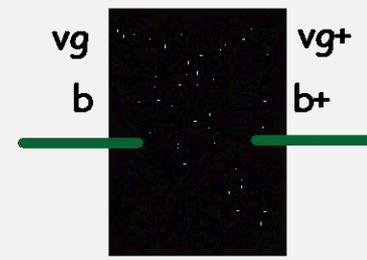
Les descendants de type recombinant sont issus des gamètes recombinants

Le mécanisme d'échange est le processus de l'enjambement qui se produit en prophase 1 de la méiose.

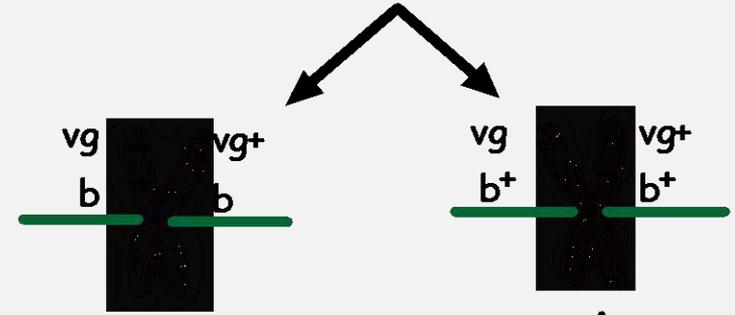
**Les chiasmata sont les manifestations visibles des crossing-over.**

**Les mâles de drosophile ne recombinent pas.**

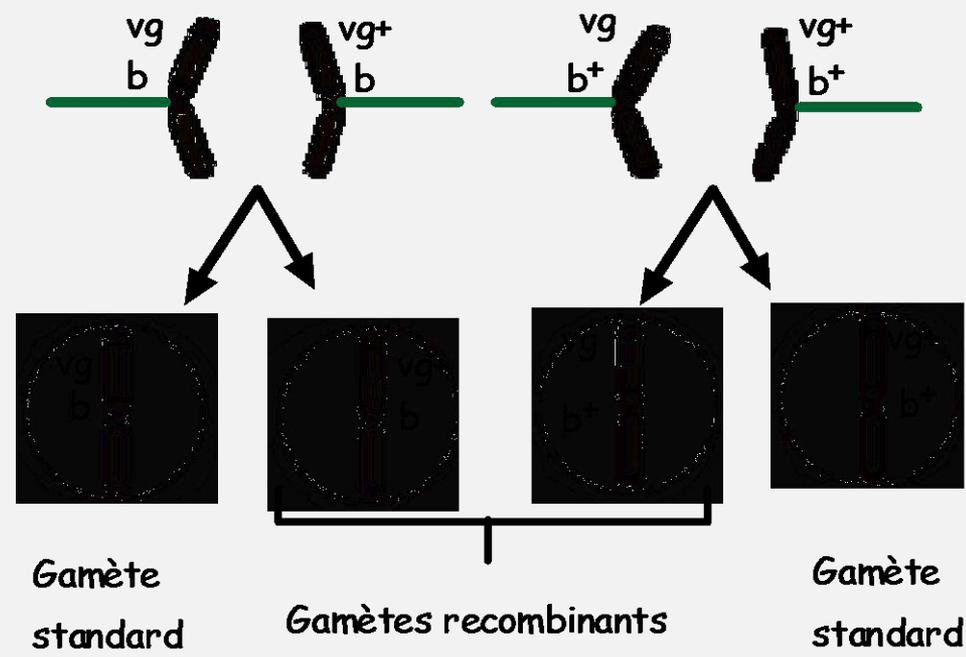
Prophase 1



Métaphase 2



Anaphase 2



## Recombinants génétiques

Descendants qui ont hérité des caractères parentaux, selon des combinaisons alléliques différentes de celles que les parents avaient.

### Fréquence de recombinaison

Rapport entre le nombre de recombinants et le nombre total de descendants

Dans le croisement dihybride de Morgan il y a 17 % d'individus recombinants.

$$\left[ \frac{206 + 185}{2300} \right] \times 100 = 17\%$$

### Unité cartographique

Une unité de distance relative sur un chromosome.

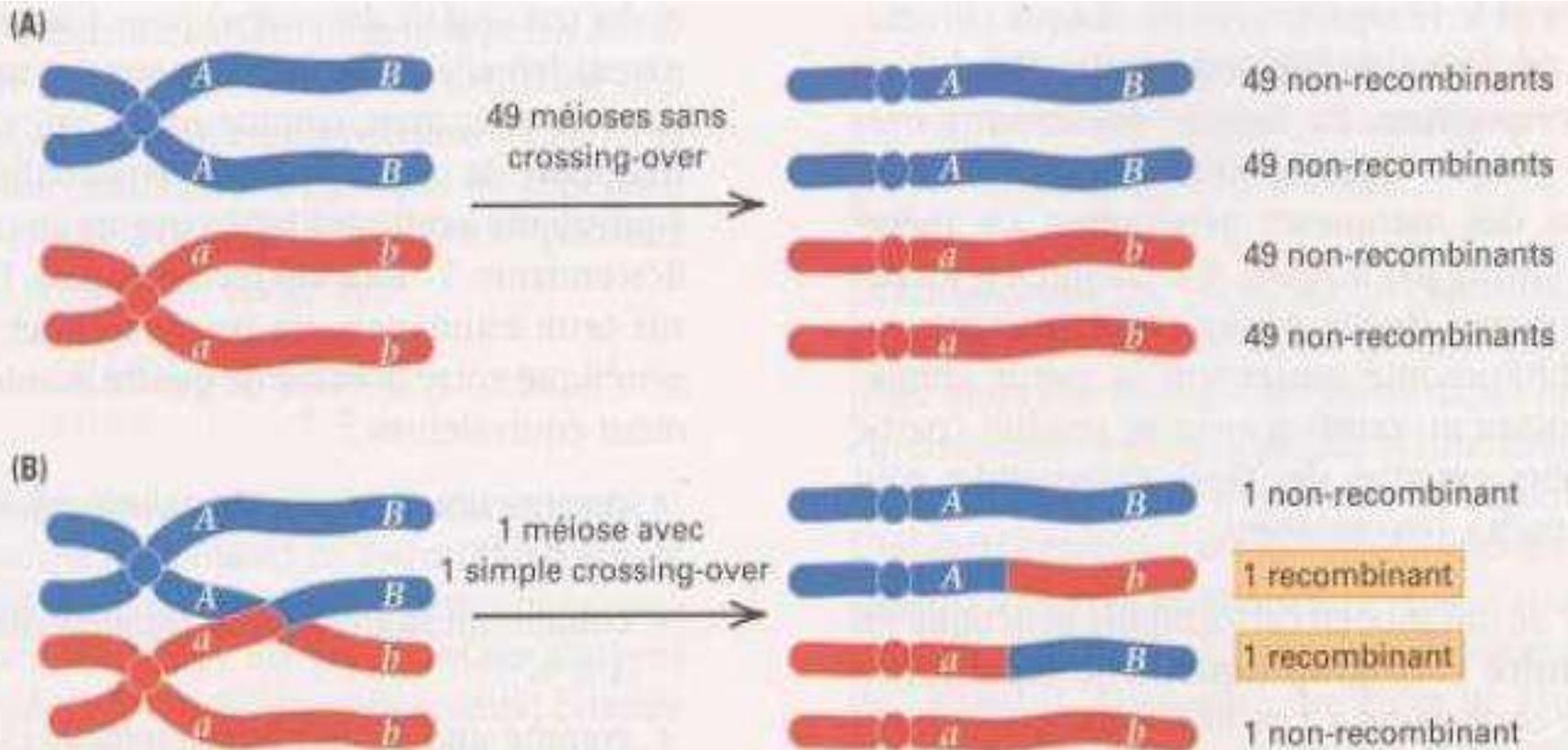
Équivalente à une fréquence de recombinaison de 1%.

Égale à 1 cM (en l'honneur de Morgan).

Dans le croisement dihybride de Morgan il y a 17 % individus recombinants donc, il y a donc 17 cM entre les deux gènes b et vg.

La fréquence de recombinaison est de  $2/200$ , soit 1 %, aussi appelé 1 unité cartographique ou 1 *cM*.

Un taux de recombinaison de 1 % signifie que 1 cellule méiotique sur 50 subi un crossing-over entre les deux marqueurs génétiques.



(C) Fréquence de recombinaison : 
$$r = \frac{1+1}{49+49+49+49+1+1+1+1} = \frac{2}{200}$$

= 1 % = 1 unité cartographique = 1 *cM*

# La cartographie des chromosomes

Les fréquences de recombinaisons servent à établir des cartes génétiques.

Calcul:  $\frac{\text{nombre de recombinants}}{\text{nombre de descendants}} \times 100 = \text{fréq. de recombinaison}$

Ex.:  $\frac{206 + 185}{2300} \times 100 = 17 \%$

**Fréquence de recombinaison =  
distance en cM (centimorgan)**

# Carte génétique

- Séquence relative des gènes le long d'un chromosome
- Carte établie à partir des données d'enjambements  
donc de crossing-over

Construction d'une carte génétique pour les allèles *b*, *vg* et *cn*

Un croisement entre 2 drosophiles pour les caractères *b* et *vg* produit

17% de recombinants → 17 cM entre les gènes *b* et *vg*



Un croisement entre 2 drosophiles pour les caractères *b* et *cn* (yeux vermillons) produit 9% de recombinants → 9 cM entre les gènes *b* et *cn*



## La recombinaison intrachromosomique

Elle est produite par C.O. une recombinaison **intrachromosomique** est reconnue par sa fréquence de recombinaison **< à 50 %** si **> ou = à 50%** c'est la recombinaison **interchromosomique**.

On a jamais observé une fréquence **> à 50%**.

Si le **% de recombinaison = 0** il y a un **linkage absolu**,  
**les 2 gènes sont liés et sont très proches.**

**Aucun CO n'est observé durant les méioses,**  
**les deux caractères sont toujours observés simultanément.**

### DEFINITION :

*Une unité de carte génétique (U.C.) est la distance entre paires de gènes pour laquelle un produit sur 100 de la méiose est un recombinant.*

*Autrement dit, une fréquence de recombinaison (F.R) de 0,01(ou1%) est définie comme 1 U.C. ou 1 C.M.*

# Le brassage de l'information génétique

Deux mécanismes lors de la **première division méiotique**

- Par le mécanisme de la **ségrégation** au hasard lors de l'**anaphase** de la 1ère division méiotique :

- n paires de Chr homologues :  $2^n =$  le Nombre de combinaisons chromosomiques possibles par la répartition au hasard des chr.

- Chez l'homme  $n=23$  donc  $2^{23} = 8,4 \times 10^6$  types de gamètes différents

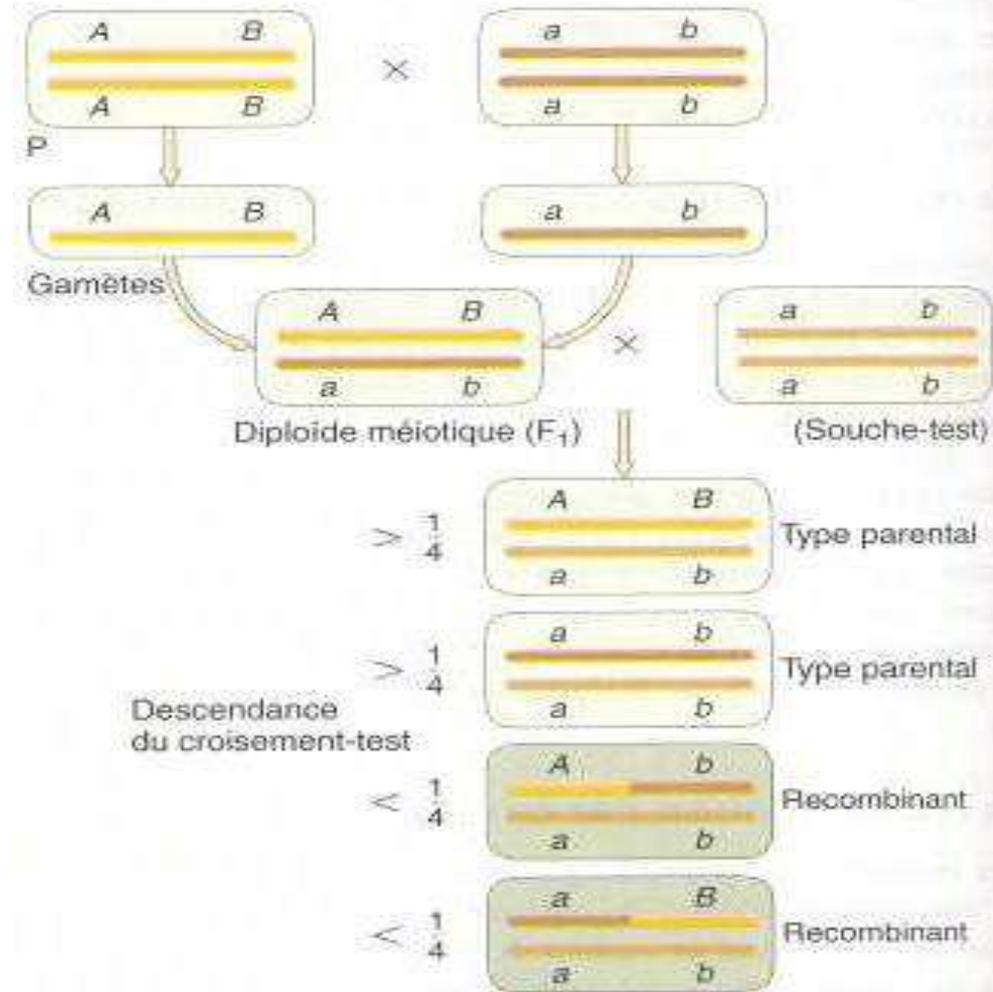
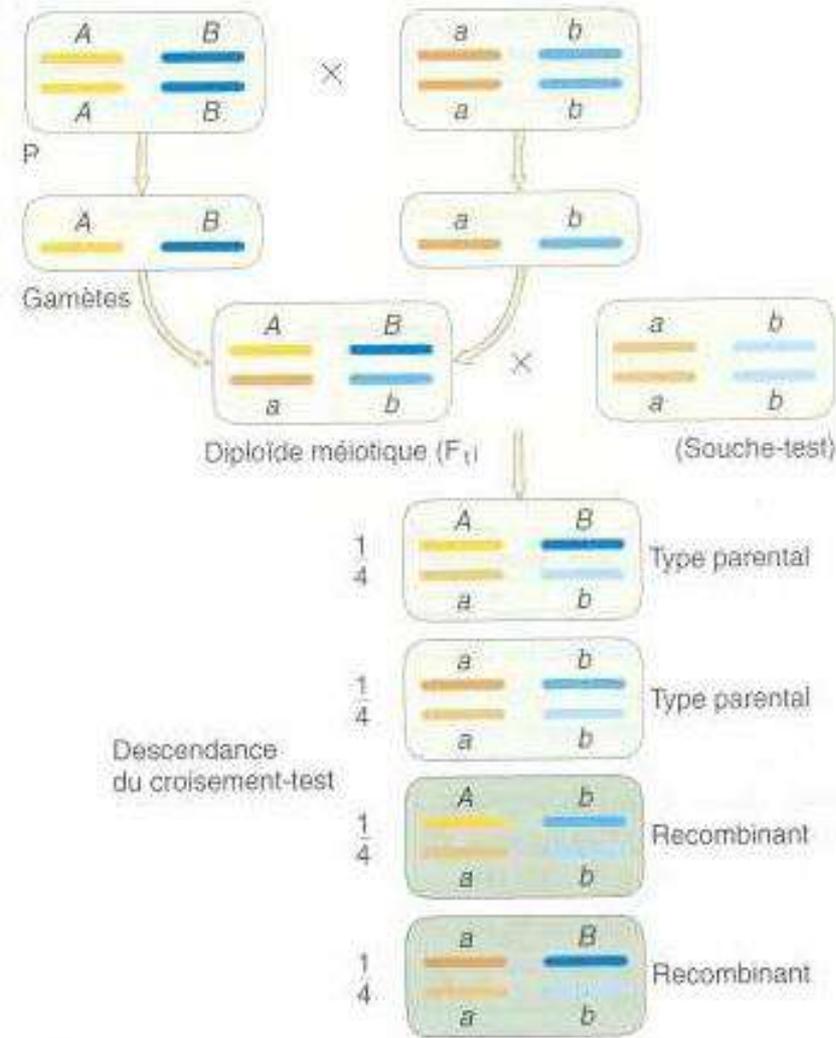
- Par la **recombinaison génétique**

- **crossing-over** impliquant la cassure des doubles hélices paternelles et maternelles sur des points homologues lors de la **prophase** de la **première** division méiotique

# MESSAGE

les gènes sont indépendants  
(sur des chromosomes différents)

les gènes sont liés  
(sur le même chromosome)



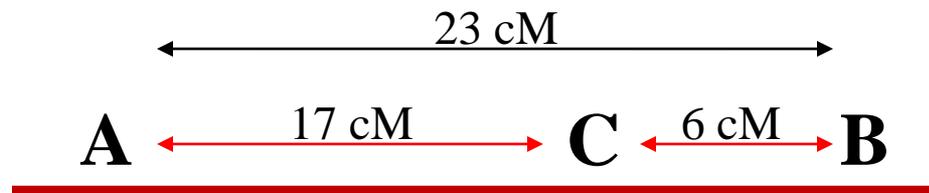
50% recombinants => gènes non-liés

< 50% recombinants => gènes liés

**Une fréquence de recombinaison significativement inférieure à 50%  
montre que les gènes sont liés.**

## La cartographie des chromosomes

Ex. Si la fréquence de recombinaison est:  
entre le gène **A** et **B** = 23%  
entre le gène **A** et **C** = 17%  
entre le gène **B** et **C** = 6%



## **Exemple : test cross faisant intervenir 3 gènes**

chez la Drosophile les allèles non sauvages seront

v (vermillon, couleur des yeux),

cv (absence d'une nervure particulière de l'aile « cross veinless ») et

ct (bord des ailes coupées « cut »).

Cette fois un des parents est l'homozygote double récessif

$+/+$ ,  $v/v$ ,  $cv/cv$ ,

l'autre l'homozygote récessif simple  $ct/ct$ ,  $+/+$ ,  $+/+$ .

Une descendance hétérozygote triple de génotype

$v/+$ ,  $ct/+$ ,  $cv/+$ ,

est issue de ce croisement, et les femelles seront utilisées dans un croisement-test avec un triple récessif de génotype

$v/v$   $ct/ct$   $cv/cv$  et la descendance qui comporte 2994

individus se répartit comme suit :



[+++]

X



[cv et v]

$$\begin{array}{c} + \quad ct \quad + \\ \hline cv \quad + \quad v \end{array}$$

$$\begin{array}{c} cv \quad ct \quad v \\ \hline Y \end{array}$$

Descendance

## Classes phénotypiques

1. [+ ct +] 1145 } **Combinaisons parentales (P)**  
 2. [cv + v] 1172 }

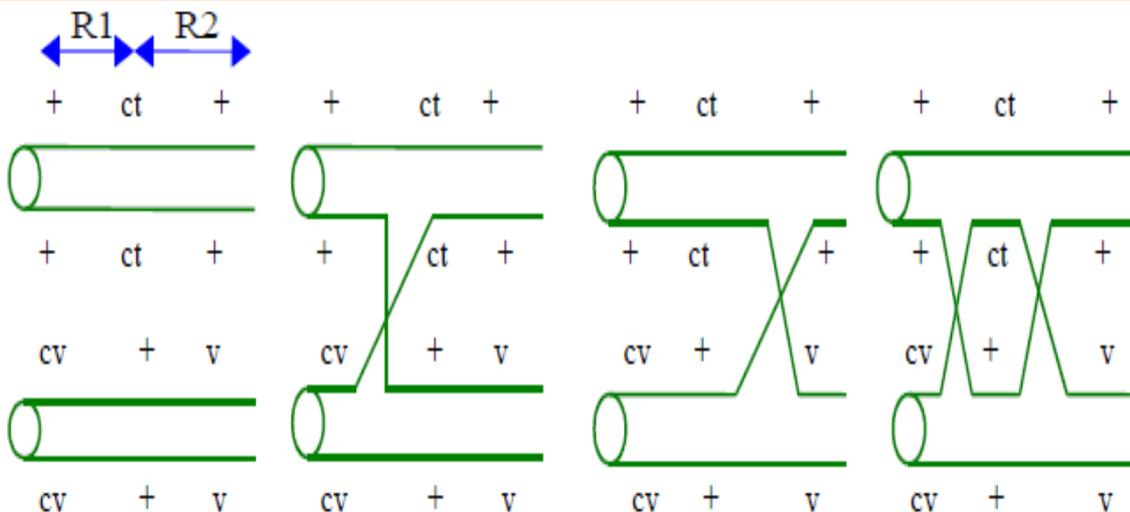
3. [cv ct +] 123 } **Combinaisons recombinant dans la région1**  
 4. [+ + v] 107 }

5. [+ ct v] 205 } **Combinaisons recombinant dans la région2**  
 6. [cv + +] 235 }

7. [+ + +] 3 } **Combinaisons doubles recombinées (DR)**  
 8. [cv ct v] 4 }

2994

**Différents types de méiose chez le parent triple hétérozygote aboutissant aux 8 types de gamètes.**



A

B

C

D



1) + ct +

3) cv ct +

5) + ct v

7) + + +

2) cv + v

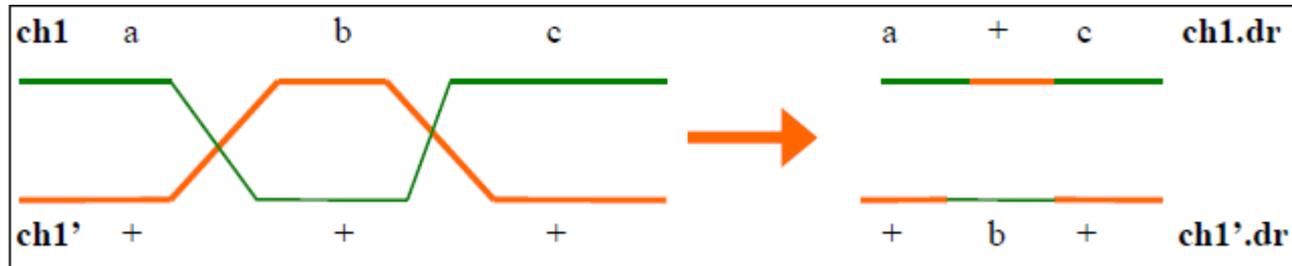
4) + + v

6) cv + +

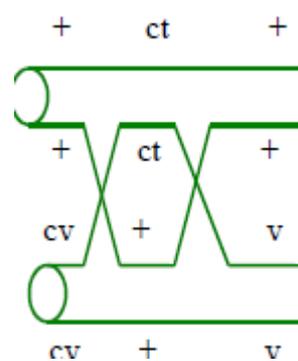
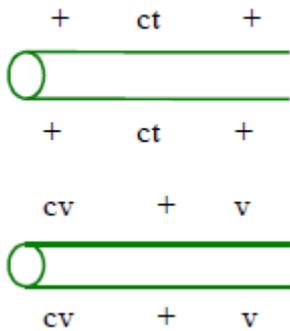
8) cv ct v

**Les trois gènes sont-ils liés ?  
 Pourquoi ? Les 3 gènes sont liés car on a 8 catégories d'effectifs différents**

# La détermination de l'ordre de gènes

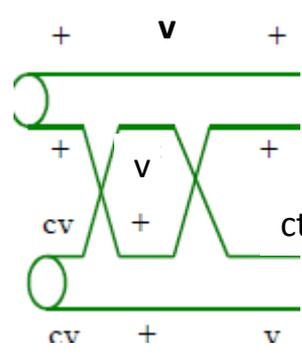


R1 R2



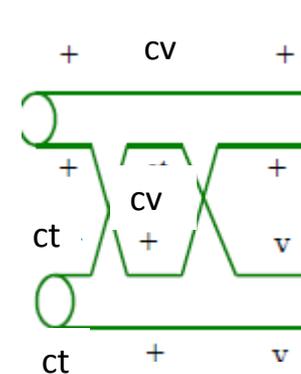
$$[+ + +] = 3$$

$$[cv ct v] = 4$$



$$[cv ct +] = 123$$

$$[+ + v] = 107$$



$$[+ ct v] = 205$$

$$[cv + +] = 235$$

Avec trois gènes seuls trois ordres de gènes sont possibles.

Les double crossing-over créent des génotypes uniques de double recombinants pour chaque ordre de gènes.

Seule la première possibilité est compatible avec les données du texte

Donc l'ordre est **ct** au milieu: **cv ct v** ou **v ct cv**

 	4/2994 cv ct v	1145/2994 + ct +	1172/2994 cv + v	123/2994 cv ct +	107/2994 + + v	205/2994 + ct v	235/294 cv + +	3/2994 + + +
1/2 cv ct	$\frac{cv\ ct\ v}{cv\ ct\ v}$ [cv ct v]	$\frac{+ ct +}{cv\ ct\ v}$ [+ ct +]	$\frac{cv + v}{cv\ ct\ v}$ [cv + v]	$\frac{cv\ ct +}{cv\ ct\ v}$ [cv ct +]	$\frac{+ + v}{cv\ ct\ v}$ [+ + v]	$\frac{+ ct v}{cv\ ct\ v}$ [+ ct v]	$\frac{cv + +}{cv\ ct\ v}$ [cv ++]	$\frac{+ + +}{cv\ ct\ v}$ [+ ++]
1/2 Y	$\frac{cv\ ct\ v}{Y}$ [cv ct v]	$\frac{+ ct +}{Y}$ [+ ct +]	$\frac{cv + v}{Y}$ [cv + v]	$\frac{cv\ ct +}{Y}$ [cv ct +]	$\frac{+ + v}{Y}$ [+ + v]	$\frac{+ ct v}{Y}$ [+ ct v]	$\frac{cv + +}{Y}$ [cv ++]	$\frac{+ + +}{Y}$ [+ ++]

On peut maintenant calculer les distances génétiques dans les régions 1 et 2.

\* la distance dans la région1 (R1):

$$DR1 = d \text{ entre cv et ct} = \frac{123 + 107 + 3 + 4}{2994} \times 100 = 7,91 \text{ cM}$$

\*La distance dans la région 2 (R2):

$$dR2: d \text{ entre ct et v} = \frac{205 + 235 + 4 + 3}{2994} \times 100 = 14,93 \text{ cM}$$

- calcul de la distance entre cv et v.

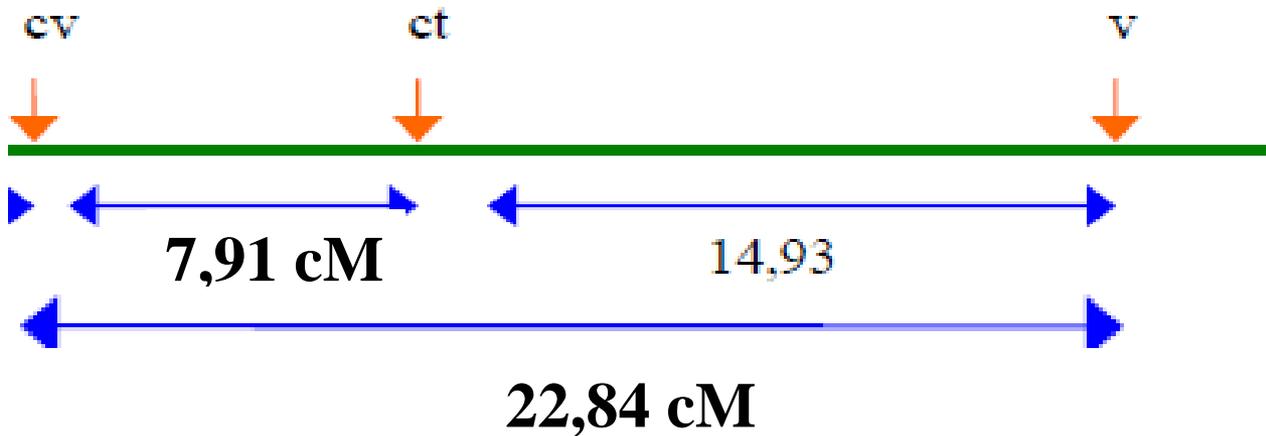
Méthode directe.

$$d \text{ entre cv et v} = \frac{123 + 107 + 205 + 235 + 2(3 + 4)}{2994} \times 100 = 22,84 \text{ cM}$$

Méthode indirecte

$$d \text{ entre cv et v} = 7,91 + 14,93 = 22,84 \text{ cM}$$

**Carte génétique provisoire d'un segment du chromosome X  
de la drosophile,  
établie d'après les données des deux tests cross qu'on a étudié.**



Interférences et coefficients de coïncidence

**Interférence = 1 - coefficients de coïncidence**

Coefficient de coïncidence (Cc) = proportion obtenue des doubles recombines  
proportion prévue des doubles recombines

La réalisation d'un premier crossing over dans une région diminue la probabilité qu'un autre se produise dans la région adjacente, c'est l'interférence.

**La valeur de ce coefficient varie entre 1 et 0.**

Quand le coefficient a une **valeur de 0** on a **une interférence totale** (absence totale des doubles recombines).

Quand il a une **valeur égale à 1** on a **une interférence nulle** (Proportion prévue = proportion obtenue des doubles recombines).

Quand le coefficient a **une valeur entre 0 et 1** on a **une interférence négative partielle.**

L'interférence négative partielle est d'autant plus forte que le Cc tend vers 0.

**Dans notre exemple:  $I = 1 - 7/35 = 4/5$**

Si les C.O. dans ces deux régions v et cv se produisent indépendamment et selon la loi des produits, les doubles recombinants devraient présenter la même fréquence que le produit des fréquences de recombinaisons dans les régions adjacentes. Dans cet exemple :

$$0,149 \times 0,079 = 0,011771 \quad (1.177 \%)$$

S'il y a indépendance :

$$\text{Dans le lot de } 2994 \longrightarrow X$$

$$100 \longrightarrow 1.177$$

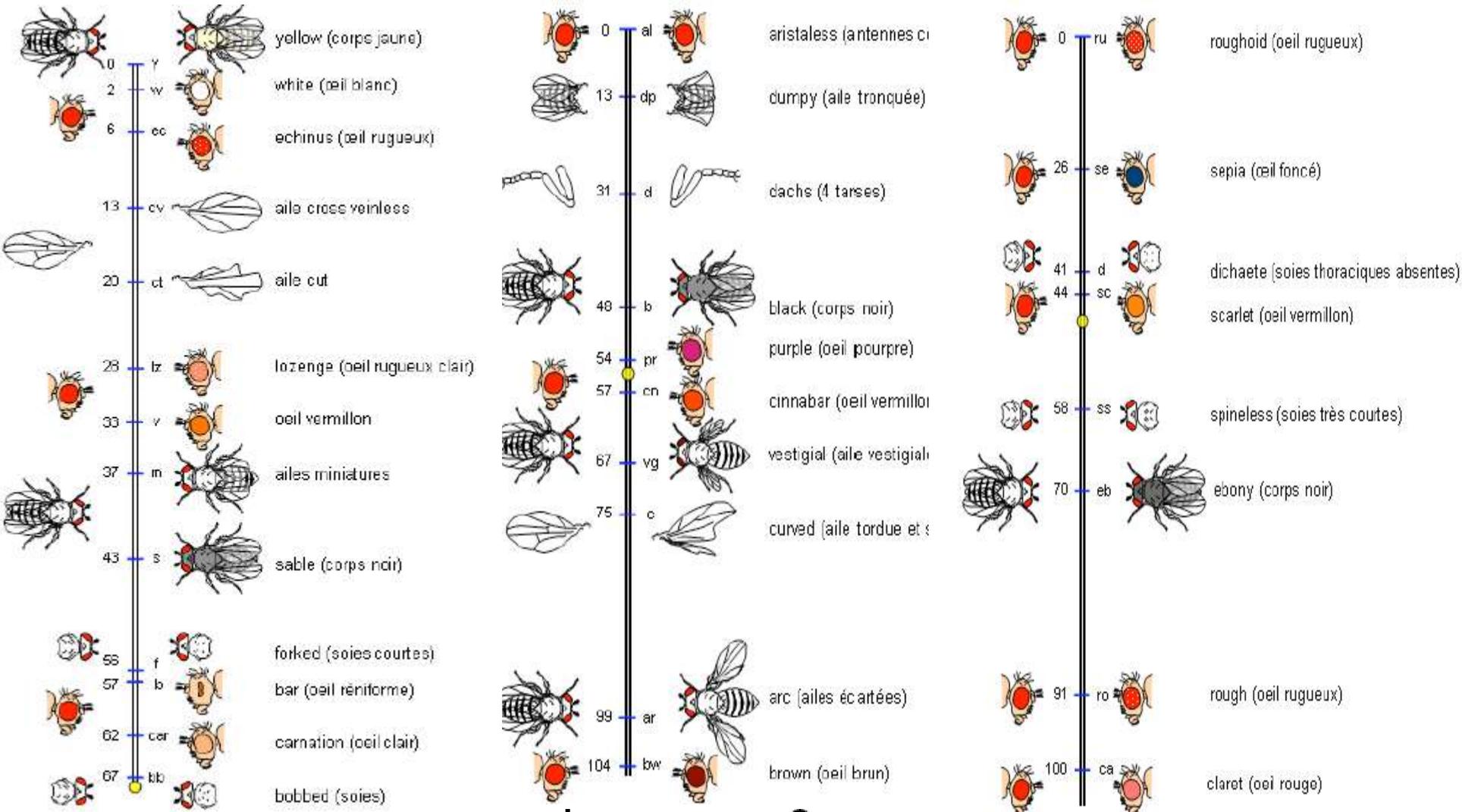
$$x = 1.177 \times 2994 / 100 = 35.23 \sim 35$$

Nous n'en observons que 7 (= 3+4)

2 régions ne sont donc pas indépendantes  
(les C.O. simples sont favorisés / aux doubles).

$$I = 1 - 7/35 = 1 - 1/5 = 5 - 1/5 = 4/5 = 80\%.$$

Il y a une certaine interférence.



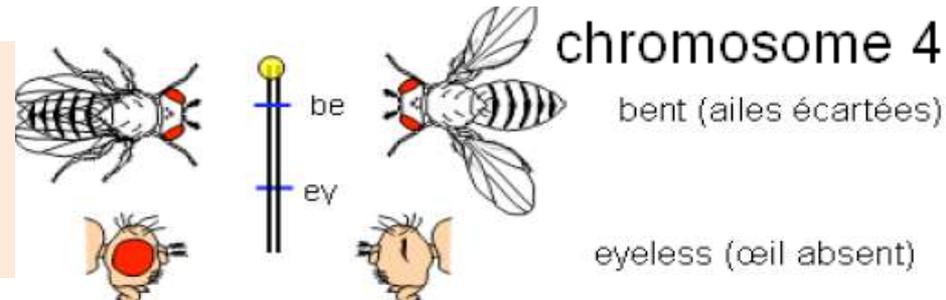
chromosome X

chromosome 2

chromosome 3

chromosome 4

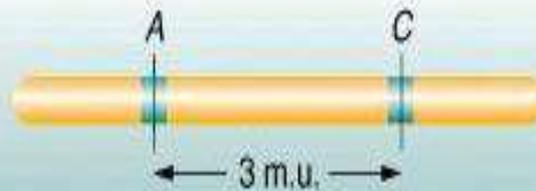
**La cartographie des chromosomes de la drosophile, établie grâce aux travaux de Morgan et de ses étudiants.**



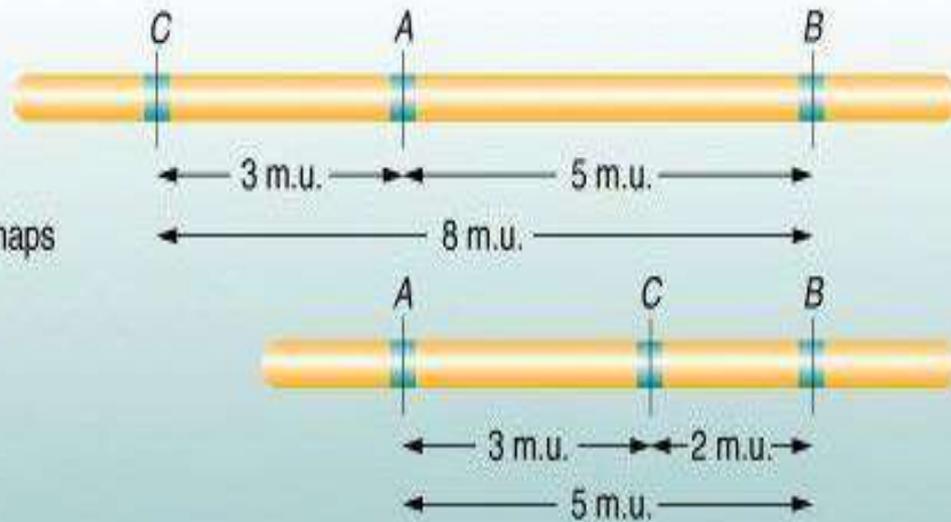
Map based on A-B recombination



Map based on A-C recombination



Possible combined maps



Les gènes de Mendel étaient-ils tous indépendants ?

**NON**

Mendel a travaillé, sans le savoir, sur des gènes liés dans 2 de ses croisements.

**Les gènes « couleur des graines » et « couleur de la fleur » sont liés**

Ces gènes sont si éloignés sur le chromosome qu'ils se comportent comme des gènes indépendants ;

ils se recombinent fréquemment au cours de la méiose.

Mendel a donné les résultats de ce croisement car il n'a pas vu la différence.

**Les gènes « hauteur de la plante » et « forme de la gousse » sont liés**

Ces gènes sont plus étroitement liés que ceux ci-dessus.

Mendel a obtenu des résultats contradictoires par rapport à ce qu'il avait l'habitude d'obtenir.

# Bon courage



## LIENS UTILES 🙌

### Visiter :

1. <https://biologie-maroc.com>

- Télécharger des cours, TD, TP et examens résolus (PDF Gratuit)

2. <https://biologie-maroc.com/shop/>

- Acheter des cahiers personnalisés + Lexiques et notions.
- Trouver des cadeaux et accessoires pour biologistes et géologues.
- Trouver des bourses et des écoles privées

3. <https://biologie-maroc.com/emploi/>

- Télécharger des exemples des CV, lettres de motivation, demandes de ...
- Trouver des offres d'emploi et de stage

