

GENETIQUE

SERIE 2 - BRASSAGE INTERCHROMOSOMIQUE

Référence 575 471

REPRODUCTION SEXUEE ET BRASSAGE GENETIQUE CHEZ UN DIPLOIDE : LA DROSOPHILE

LE BRASSAGE INTERCHROMOSOMIQUE

1. BUTS PEDAGOGIQUES

- Appréhender de manière concrète l'aspect fondamental de la sexualité : le brassage génétique opéré par la méiose et la fécondation. Etudier le brassage interchromosomique.
- Observer des mutations.

2. CONTENU SCIENTIFIQUE

Le problème est de savoir comment se comportent deux couples d'allèles l'un par rapport à l'autre et d'expliquer le mécanisme par lequel de nouvelles combinaisons peuvent apparaître par le brassage des gènes. On pratique à cet effet un croisement entre 2 souches pures qui présentent deux différences alléliques (dihybridisme) et l'on recherche par la méthode du croisement test, la répartition des différents allèles dans les gamètes de l'hybride.

21. MUTATIONS ET FORMES ALLELIQUES

Mutation portant sur la morphogénèse de l'aile : aile vestigiale vg
Mutation portant sur la coloration du corps : corps ébène eb.

Les formes alléliques des gènes ou couples d'allèles sont donc :

- Premier couple :
 - allèle vg+ souche sauvage : aile normale (longue)
 - allèle vg souche mutée : aile vestigiale (atrophiée)
- Second couple :
 - allèle eb+ souche sauvage : corps normal (jaune clair)
 - allèle eb souche mutée : corps ébène (gris foncé)

22. HYBRIDATION : DOMINANCE, RECESSIVITE

Souches parentales :

P₁ : souche sauvage :

aile longue		génotype	vg+	eb+	phénotype	[Vg+ eb+]
corps clair			(— , —)	vg+		

P₂ : souche portant les 2 mutations récessives :

aile vestigiale		génotype	vg	eb	phénotype	[Vg eb]
corps ébène			(— , —)	vg		

La descendance constitue la première génération ou F₁. Elle est constituée par 100 % d'individus de phénotype sauvage [vg+ , eb+] ; ces individus sont hybrides : double hétérozygote de génotype :

$$\begin{array}{cc} \text{vg+} & \text{eb+} \\ \text{(— , —)} & \\ \text{vg} & \text{eb} \end{array}$$

23. ANALYSE DE LA CONSTITUTION GENETIQUE DES GAMETES DES HYBRIDES : LE CROISEMENT TEST (Test-cross ou back-cross)

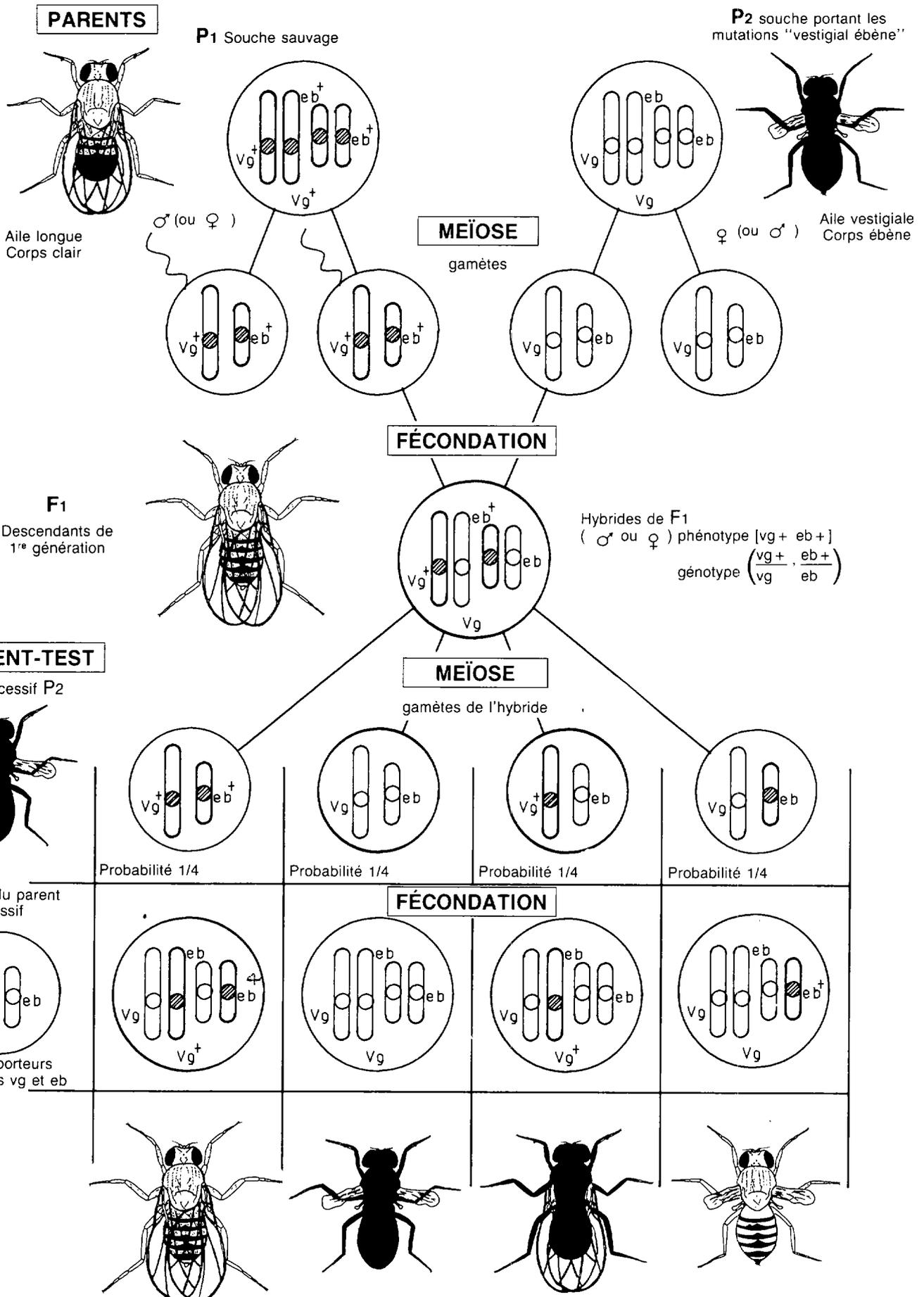
On croise un individu de F₁ avec un individu de la souche parentale bicecive (peu importe le sens du croisement dans ce cas) (Fig. p 3). Les gamètes du parent récessif ne peuvent porter que les allèles récessifs vg et eb. Ce sont les gamètes de l'hybride, dans chaque fécondation, qui déterminent le phénotype. Le dénombrement des phénotypes permet donc de dénombrer les différents types de gamètes produits par l'hybride.

Le résultat fait apparaître 4 phénotypes qui correspondent aux 4 combinaisons possibles entre les caractères considérés. Les fréquences statistiques sont égales à 25 %. Les 4 combinaisons correspondent aux combinaisons géniques dans les gamètes produits par l'hybride. Ceci traduit que chaque combinaison avait la même probabilité de se réaliser. Il y a donc indépendance dans la disjonction des deux couples d'allèles qui se recombinent de manière aléatoire. Ceci indique que les locus des gènes considérés sont situés sur des chromosomes différents (fig. p 3)

On constate que les combinaisons parentales Vg+ eb+ et Vg eb représentent 50 % de l'effectif total et les combinaisons nouvelles ou recombinaisons 50 % également.

Le taux de recombinaison de 50 % est l'expression d'une disjonction ou ségrégation indépendante des 2 couples d'allèles. La disjonction des chromosomes homologues et leur distribution aléatoire dans les cellules sexuelles entraîne celle des allèles qu'ils portent. On parle de brassage interchromosomique.

REPRODUCTION SEXUÉE ET BRASSAGE GÉNÉTIQUE CHEZ UN DIPLOÏDE : LA DROSOPHILE LE BRASSAGE INTERCHROMOSOMIQUE



3. ACTIVITES POSSIBLES

- Observation des mutations vg et eb par rapport aux caractères de la souche sauvage.
- Dénombrement de la F2BC en vue d'expliquer le mécanisme de la recombinaison interchromosomique.

N.B. : Il est souhaitable de faire étudier simultanément la série 3 qui montre le brassage intrachromosomique. L'élève fera un dénombrement des différents phénotypes des 6 plaques. L'effectif total est de 300 individus environ et les fluctuations statistiques sont de 20 individus environ.