

GENETIQUE

LA RECOMBINAISON INTRACHROMOSOMIQUE

Référence 575 472

REPRODUCTION SEXUEE ET BRASSAGE GENETIQUE CHEZ UN DIPLOIDE : LA DROSOPHILE

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 intrachromosomique.
- 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 au cours de la reproduction sexuée et d'expliquer le mécanisme par lequel de nouvelles combinaisons peuvent apparaître grâce au 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 coloration du corps : corps "black" b.
Mutation portant sur la morphogénèse de l'aile : aile "vestigiale" vg

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

- Premier couple :
 allèle b+ souche sauvage : corps clair
 allèle b souche mutée : corps noir
- Second couple :
 allèle vg+ souche sauvage : aile normale (longue)
 allèle vg souche mutée : aile vestigiale (atrophie)

Remarque : la mutation "black" porte sur un gène distinct du gène "ébène" (voir série 2).

Les gènes b et eb induisent tous deux une coloration sombre du corps mais ne sont pas allèles. Ils interviennent sur des sites différents des processus qui gouvernent la pigmentation du corps. Le gène b est localisé sur le chromosome 2 et le gène eb sur le chromosome 3 ; ils ne sont donc pas liés. Le croisement entre un individu de souche pure b et un individu de souche pure eb donne

un hybride $\left[\begin{array}{cc} b+ & eb+ \\ \hline b & eb \end{array} \right]$ de phénotype sauvage.

22. HYBRIDATION

Souches parentales (fig. p 5)

- P1 souche sauvage :

corps clair | phénotype [$b+$, $vg+$] , génotype $\left[\begin{array}{cc} b+ & vg+ \\ \hline b+ & vg+ \end{array} \right]$

- P2 souche portant :

corps noir | phénotype [b , vg] , génotype $\left[\begin{array}{cc} b & vg \\ \hline b & vg \end{array} \right]$

La descendance constitue la première opération ou F₁. Elle est constituée par 100 % d'individus de phénotypes "sauvages" [$b+$, $vg+$]. Ces individus sont hybrides, double hétérozygotes, de génotype :

$$\left[\begin{array}{cc} b+ & vg+ \\ \hline b & vg \end{array} \right]$$

23. ANALYSE DE LA CONSTITUTION GENETIQUE DES GAMETES DES HYBRIDES : LE CROISEMENT TEST :

On croise une femelle de F₁ avec un mâle de la souche P₂ birécessive. Les gamètes du parent récessif ne peuvent porter que les allèles récessifs vg , eb . Ce sont donc les allèles apportés par le gamète 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 comptage des mouches de différents phénotypes peut se faire selon la méthode suivante : on considère d'abord un couple d'allèles, par exemple b^+ et b et l'on porte sur un tableau les effectifs des phénotypes b^+ et b . On considère ensuite le deuxième couple d'allèles vg^+ et vg et l'on dénombre dans le groupe des individus b^+ ceux qui ont le phénotype vg^+ et ceux qui ont le phénotype vg . On fait de même avec le groupe des individus b . Les effectifs sont successivement portés sur un tableau comme celui présenté ci dessous, qui correspond à un dénombrement sur une plaque.

b^+		b	
		26	24
vg^+	vg	vg^+	vg
22	4	5	19
b^+vg^+	b^+vg	bvg^+	bvg

On peut évidemment commencer par le couple vg^+vg . Pour faciliter le dénombrement on comptera les individus de chaque type dans chacune des quatre cases délimitées sur la plaque et l'on totalisera. Pour l'ensemble de la série de 6 plaques, l'addition des effectifs relevés sur chacune donne un effectif total de 300 environ, qui correspond aux résultats d'un croisement réel. Cet effectif est suffisant pour déterminer la probabilité d'apparition de chaque combinaison. Les fluctuations observées sur chaque plaque sont normales ; chacune de ces plaques correspond en effet à un "tirage" sur un effectif limité à 50 individus.

Lorsque l'effectif s'élève, les fréquences statistiques se rapprochent des probabilités théoriques ("loi des grands nombres")

Le résultat fait apparaître 4 phénotypes qui correspondent aux 4 combinaisons possibles entre les caractères considérés.

Les fréquences statistiques des 4 combinaisons sont inégales. Les combinaisons parentales sont largement prépondérantes par rapport aux combinaisons nouvelles, ce qui indique une liaison entre les loci des gènes considérés, b^+ et vg^+ d'une part, b et vg d'autre part. Ceci s'explique par le fait que les loci des gènes considérés sont situés sur le même chromosome et ne peuvent être séparés et recombinés que par des échanges de segments entre les chromosomes homologues : c'est le crossing over (fig.p 5).

Plus les loci sont éloignés sur les chromosomes et plus la probabilité d'un crossing over est élevée. Le taux de recombinaison est donc une expression de la distance de 2 loci considérés. Il est ici de 17 %, soit pour la F₂BC :

$$\frac{\text{nombre d'individus de type recombinés}}{\text{nombre total d'individus}} \times 100$$

Si l'on considère les gamètes de l'hybride de F₁ qui ont été fécondé par les gamètes du parent birécessif, ce taux de recombinaison s'exprime par :

$$\frac{\text{nombre de gamètes recombinés}}{\text{nombre total de gamètes}} \times 100$$

C'est sur ce principe que Morgan et ses collaborateurs ont élaboré des "cartes factorielles" qui situent les loci des différents gènes connus par leurs mutations sur les chromosomes de la Drosophile.

REMARQUE IMPORTANTE

Le croisement test inverse ; mâle Hybride de F₁ x femelle de souche P₂ birécessive, donne un résultat différent. On observe deux phénotypes seulement, qui sont les phénotypes parentaux : 50 % d'individus [b⁺, vg⁺] et 50 % d'individus [b, vg] soit 100 % de types parentaux. La liaison entre les gènes est absolue. Les loci sont sur le même chromosome et, chez le mâle, aucun crossing over n'intervient, il n'y a donc pas de recombinaison intrachromosomique (ceci est une particularité de la Drosophile)

3. ACTIVITES POSSIBLES

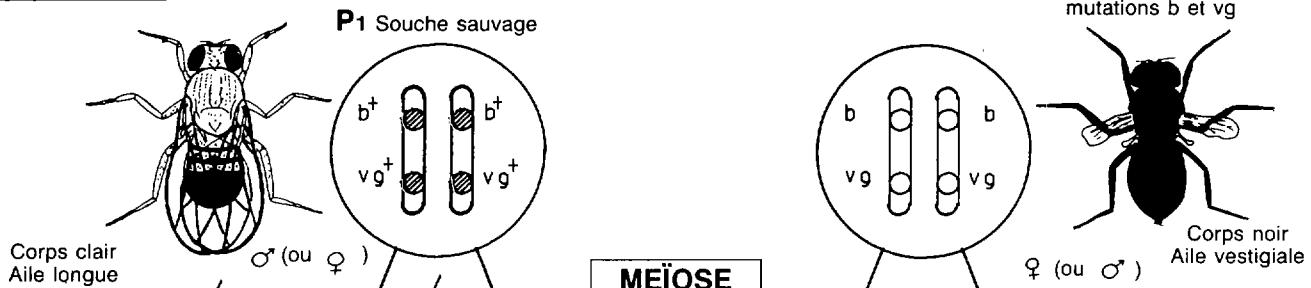
- Observation des mutations se et eb par rapport aux caractères de la souche sauvage.
- Dénombrement de la F₂BC en vue d'expliquer le mécanisme de la recombinaison intrachromosomique.

N.B. :

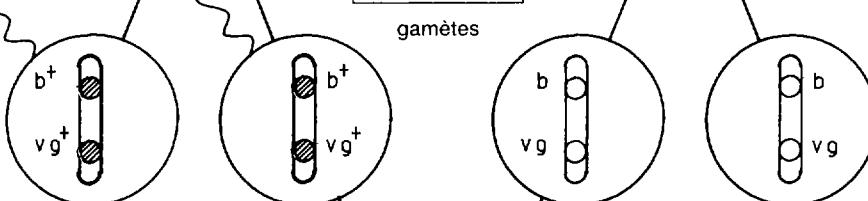
- Il est possible de faire étudier simultanément la série 3 qui montre le brassage interchromosomique.
- Chaque élève ou groupe d'élèves pourra travailler sur une plaque. La totalisation des résultats pour les 6 plaques donnera la répartition statistique des différents phénotypes pour un effectif total d'environ 300.

REPRODUCTION SEXUÉE ET BRASSAGE GÉNÉTIQUE CHEZ UN DIPLOÏDE : LA DROSOPHILE LA RECOMBINAISON INTRACHROMOSOMIQUE

PARENTS

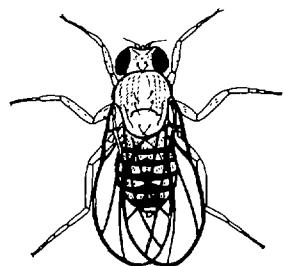


MEIÔSE



FÉCONDATION

F₁
Descendants de 1^{re} génération



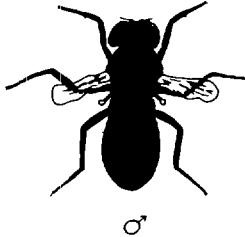
MEIÔSE

gamètes de l'hybride

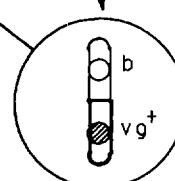
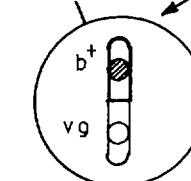
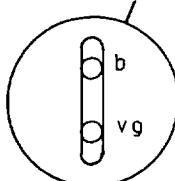
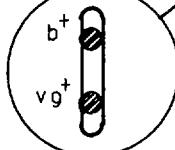
Recombinaison intrachromosomique par crossing-over au cours de la prophase hétérotypique de la méiose

CROISEMENT-TEST

Parents birécessif P₂

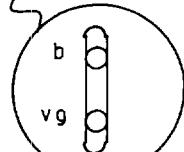


Hybrides de F₁
(♂ ou ♀)
phénotype [vg+ b+]

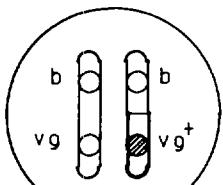
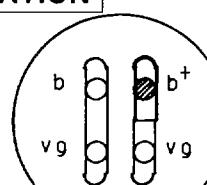
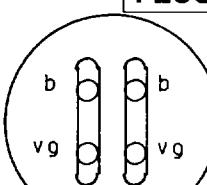
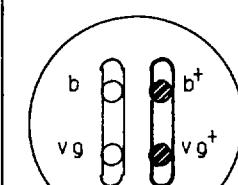


FÉCONDATION

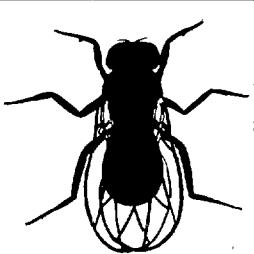
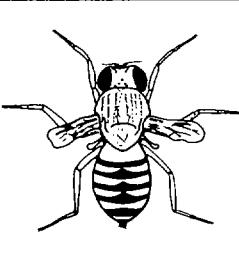
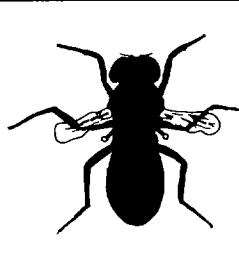
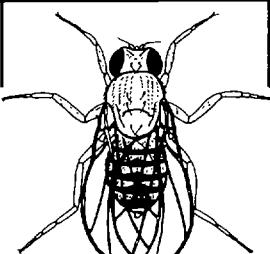
Gamètes du parent récessif



100 % de gamètes porteurs de *b* et *vg*



F₂ BC



41,5 %

41,5 %

8,5 %

8,5 %

P₁

P₂

R₁

R₂

Valeurs moyennes

Types parentaux
83 %

Types recombinés
17 %