



# TP 2 et 3 Brassage génétique chez un organisme diploïde : la Drosophile

Comment mettre en évidence un brassage génétique lors de la reproduction sexuée chez un organisme diploïde ?



# Rappels sur la reproduction sexuée:

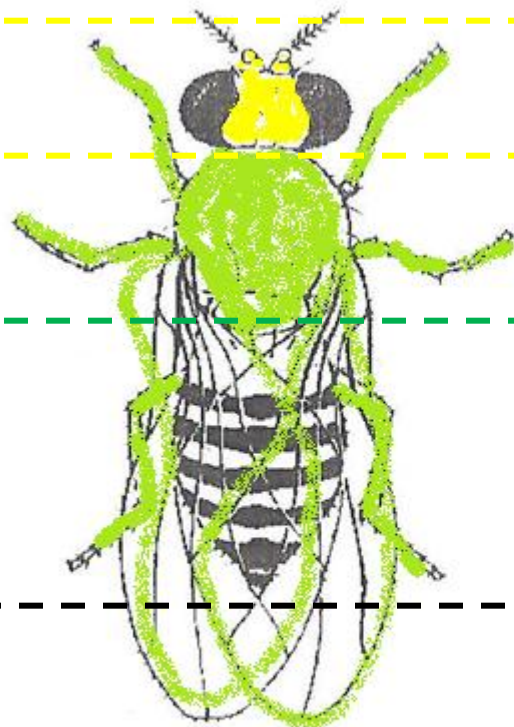
- La reproduction sexuée combine deux mécanismes complémentaires:
- La méiose
- La fécondation
- Ces deux étapes présentent des brassages de l'information génétique

# Morphologie de la Drosophile

Tête: yeux +  
antennes +  
peigne sexuel

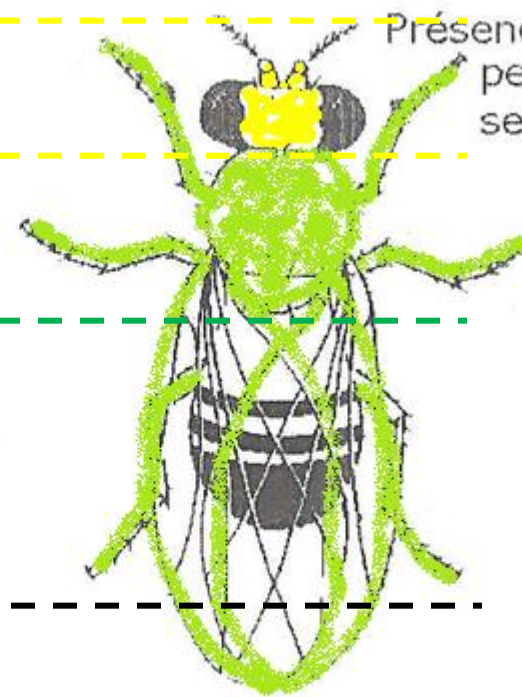
Thorax: 3 paires  
de pattes + 1  
paire d'ailes

Abdomen



Abdomen pointu rayé

FEMELLE



Présence d'un  
peigne  
sexuel

Abdomen arrondi à extrémité noire

MALE

Taille de la drosophile

Cas 1. Etude de deux caractères : longueur de l'aile (longue vs vestigiale) et couleur du corps (clair vs noir).

- pour la forme des ailes : allèle sauvage : A+  
allèle muté : A
- pour la couleur du corps : allèle sauvage : b+  
allèle muté : b

**Problème: comment connaître les relations de dominance-récessivité entre A et A+ et b et b+?**

- Pour savoir si  $A^+$  est dominant ou récessif par rapport à  $A$ , il faut faire en sorte que les allèles  $A$  et  $A^+$  se retrouvent ensemble chez un même individu. Autrement dit, il faut créer des **individus hétérozygotes** pour le gène codant la forme de l'aile (gène  $a$ ) et celui codant la couleur du corps (gène  $b$ ).
- Pour ce faire, il faut croiser des individus homozygotes pour ces deux gènes => leur descendance sera 100% hétérozygote

On distingue la souche sauvage\* aux ailes longues et au corps clair, de la souche double mutée\* aux ailes vestigiales et au corps noir

PARENTS F0	<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="text-align: center;"> <p>P1</p> <p>Drosophile sauvage</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>X</p> </div> <div style="text-align: center;"> <p>P2</p> <p>Drosophile double mutée</p> </div> </div>	
Phénotype des parents F0		
Génotype des parents F0		
Génotype des gamètes produits par les parents		
Génotype des descendants F1		
Phénotype des descendants F1 (à lire sur les plaques fournies)		
Génotype des gamètes produits par F1		

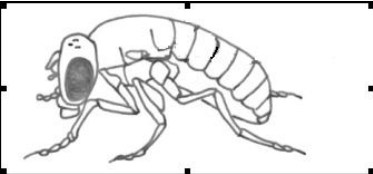
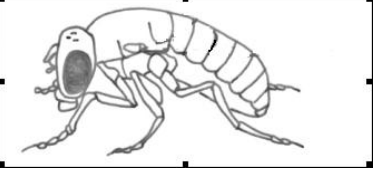
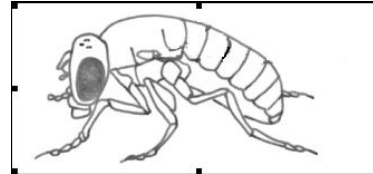
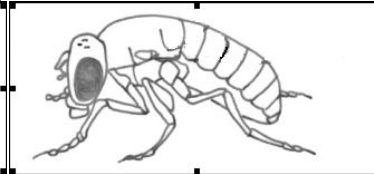
- Quand on croise une femelle hétérozygote F1 avec un mâle double récessif on obtient, pour la génération F'1, 4 phénotypes différents dans des proportions variables.

**Comment expliquer les fréquences des phénotypes de F'1?**

- Le mâle étant double récessif il ne produit qu'un seul type de gamète: (A/; b/)
- En revanche la femelle F1 produit 4 types de gamètes dont les proportions dépendent de la liaison ou non des deux gènes sur le chromosome.
- Génotypes des gamètes produits par F1: (A/; b/), (A+;/b/), (A/; b+), (A+;/ b+)

- Le croisement initial a permis de connaître les relations de dominance-récessivité entre les gènes. Ainsi, la lecture des phénotypes des individus F'1 permettra d'en déduire leur phénotype. **En effet le mâle du test-cross ne produisant que des gamètes (A/; b/) leur génotype « ne s'exprimera pas dans la descendance F'1 ».**

# Tableau2 de croisement-test des gamètes de la femelle F1 avec les gamètes d'un mâle double récessif (homozygote):

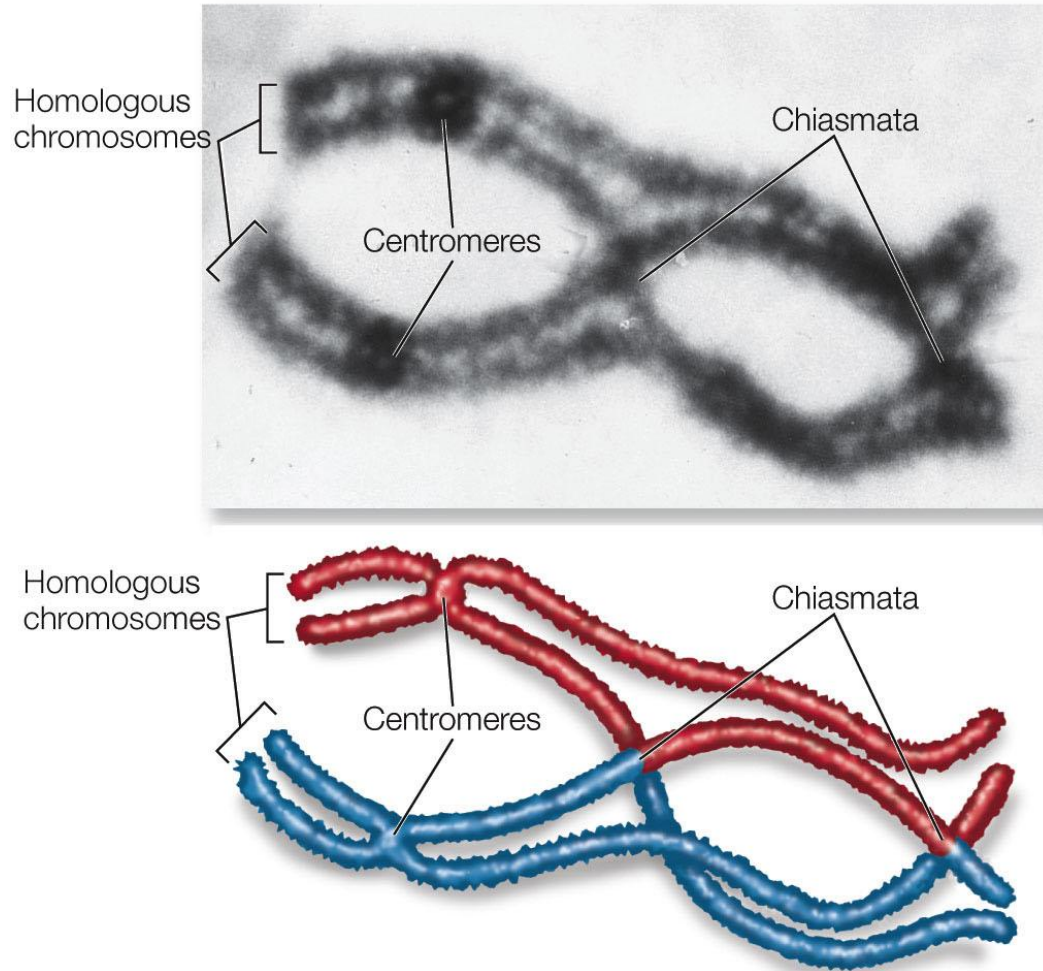
Phénotype des descendants F1 (à lire sur les plaques fournies)				
%				

- Ainsi la **proportion des phénotypes des individus F'1 reflète la proportion des génotypes des gamètes produits par la femelle F1.**
- Dans le cas étudié, on constate une majorité d'individus [ailes longues, corps clair] et [ailes vestigiales, corps noir].
- On peut donc dire que la femelle F1 produit davantage de gamètes (A+ / ; b+ /) et (A / ; b /). On parle de **gamètes de types parentaux** (ils sont identiques à ceux produits par les parents de F1).

- Ainsi l'allèle A a plus de chance de rester avec l'allèle b qu'avec l'allèle b<sup>+</sup>. Les gènes « a » et « b » sont donc **physiquement liés** sur le même chromosome.
- Le **test-cross** permet de révéler la dépendance (liaison) ou non des gènes étudiés et ainsi de comprendre la fréquence de la diversité des générations obtenues.

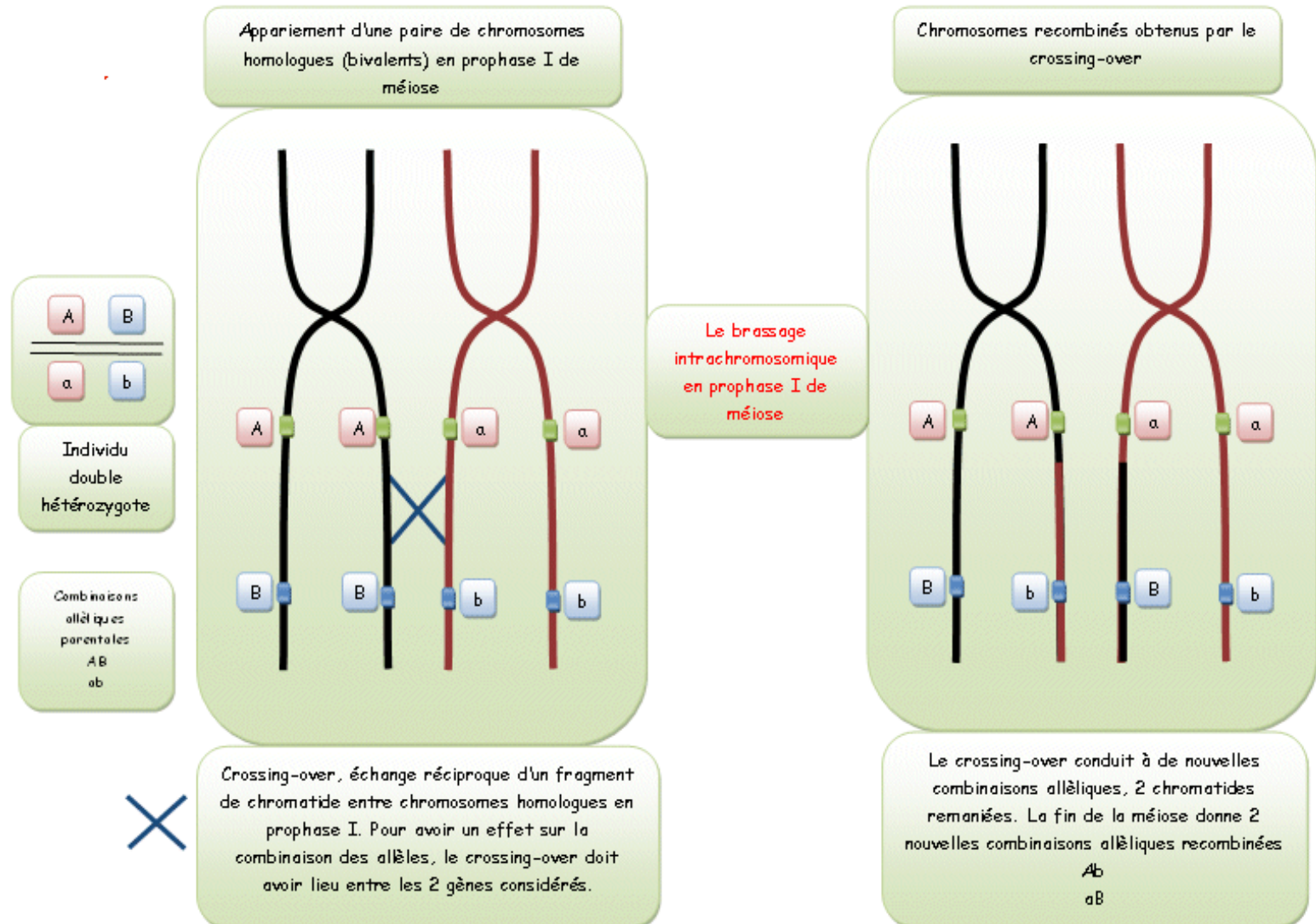
- Les phénotypes **nouveaux** [ailes longues, corps noir] et [ailes vestigiales, corps clair] s'expliquent pas la production par la femelle F1 de gamètes au **génotype recombiné**:  $(A/; b+)$  et  $(A+; b/)$ . Ces génotypes peu fréquents s'expliquent par des **crossing-overs** permettant l'échange de portions de chromatides entre les chromosomes homologues.

# Le crossing over en prophase I

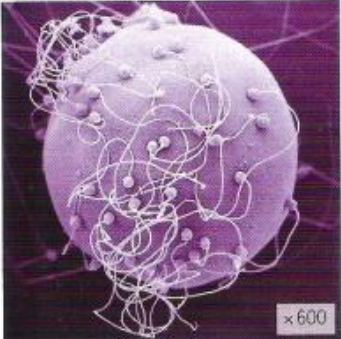
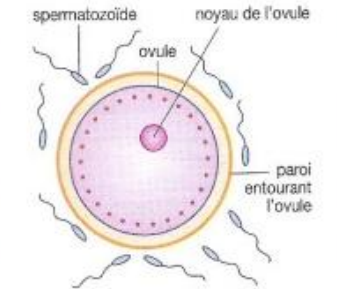

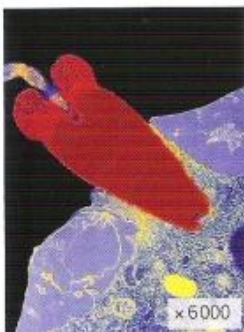
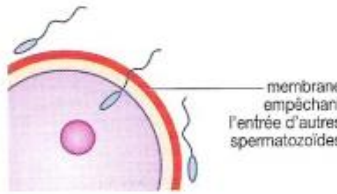


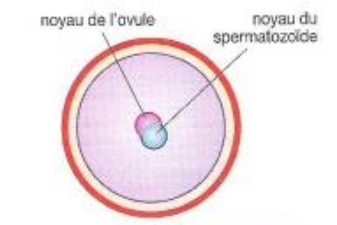
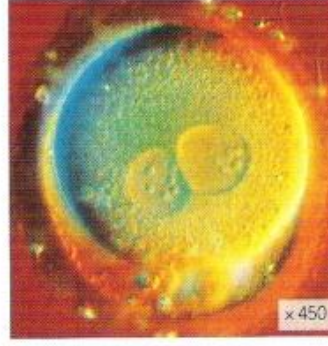


**LIFE 8e, Figure 9.17**

# Les conséquences du crossing over (cas de gènes liés)



# Les étapes de la fécondation

<p><b>OURSIN</b></p>  <p>x 600</p>	 <p>Ovule entouré de nombreux spermatozoïdes.</p>	<p><b>HOMME</b></p>  <p>x 790</p>
 <p>x 6000</p>	 <p>Entrée d'un seul spermatozôme dans le cytoplasme de l'ovule. Le noyau du spermatozôme se décondense ensuite et devient comparable à celui de l'ovule.</p>	 <p>x 4000</p>
 <p>x 400</p> <p>Cellule-œuf d'oursin</p>	 <p>Les deux noyaux (ou pronucléus) se rapprochent et fusionnent : la cellule-œuf est constituée.</p>	 <p>x 450</p> <p>Cellule-œuf humaine</p>

# Fécondation et diversité génétique





Chez la souris commune, le pelage est uni mais la pointe des poils est noire tandis que la base est de couleur fauve (caractère qualifié d'agouti).

On effectue un croisement de deux souches pures de souris (*photographies ci-contre*) : l'une est une souris commune tandis que l'autre présente un pelage tacheté (caractère appelé « piebald ») et non agouti (les poils colorés sont uniformément noirs).

La génération F1 donne 100 % d'individus au pelage uni et agouti.

Le *tableau ci-contre* donne les résultats cumulés de générations F2, issues de croisements de souris F1 entre elles.



agouti / uni	agouti / piebald	noir / piebald	noir / uni
			
134	41	14	44

**Doc. 2** Une étude statistique d'un croisement.

# Analyse des croisements

Les résultats du croisement aboutissant à la génération F1 permet de connaître les relations de dominance/récessivité des allèles agouti et piebald. En effet, les deux parents étant de lignées pures, ils sont donc homozygotes pour les 2 gènes considérés, soit (A+//A+; U+//U+) et (A//A; U//U). Ils ne produisent qu'un seul type de gamètes, resp (A+; U+), et (A; U).

La génération F1 sera donc 100% hétérozygote (A+//A; U+//U). Or le phénotype de F1 est [agouti, uni]. On en déduit l'allèle A+ codant le pelage agouti est dominant sur l'allèle A codant le pelage noir, et l'allèle U+ codant le pelage uni est dominant sur l'allèle U codant le pelage piebald.

Analysons en suite le croisement de souris F1 entre elles, on ignore si les deux gènes étudiés sont liés ou indépendants.

	(A+;/; U+//)	(A//; U//)	(A+//; U//)	(A//; U+//)
(A+//; U+//)	(A+//A+; U+//U+) [agouti, uni]	(A+//A; U+//U) [agouti; uni]	(A+//A+; U+//U) [agouti; uni]	(A+//A; U+//U+) [agouti; uni]
(A//; U//)	(A+//A; U+//U) [agouti; uni]	(A//A; U//U) [noir; piebald]	(A+//A; U//U) [agouti, piebald]	(A//A; U+//U) [noir, uni]
(A+//; U//)	(A+//A+; U+//U) [agouti; uni]	(A+//A; U//U) [agouti, piebald]	(A+//A+; U//U) [agouti, pieblad]	(A+//A; U+//U) [agouti; uni]
(A//; U+//)	(A+//A; U+//U+) [agouti, uni]	(A//A; U+//U) [noir, uni]	(A+//A; U+//U) [agouti, uni]	(A//A; U+//U+) [noir, uni]

- Si les 2 gènes sont indépendants, on obtient les proportions de phénotypes à la génération F2 suivants:
  - 9/16 [agouti; uni]
  - 3/16 [agouti; piebald]
  - 3/16 [noir, uni]
  - 1/16 [noir; piebald]
- Ces résultats attendus coïncident avec les résultats obtenus. Ainsi, on en déduit que les deux gènes étudiés sont situés sur des chromosomes indépendants.
- Le croisement de deux individus au phénotype identique, donne 4 phénotypes différents dans la descendance: **la fécondation est donc bien source de diversification génétique.**

Dans les conditions naturelles (en dehors d'une sélection génétique), les individus ne sont en général pas de souche pure. Chaque parent est hétérozygote pour de nombreux gènes.

Le seul brassage interchromosomique de  $n$  paires de chromosomes permet à chaque parent de produire  $2^n$  gamètes différents (plus de 8 000 000 dans le cas de l'espèce humaine). Par fécondation, le nombre de zygotes potentiels est alors de  $(2^n)^2$ . Mais ce nombre est largement sous-estimé puisqu'il existe également un brassage intrachromosomique qui augmente considérablement cette diversité.

La probabilité qu'un couple ait deux fois un descendant héritant d'un même patrimoine génétique (hormis le cas particulier des vrais jumeaux) est donc... nulle !



Cinq chatons d'une même portée

**Doc. 3** Une diversité génétique potentielle quasiment infinie.