

Echiquier de croisement du Test Cross et résultats expérimentaux

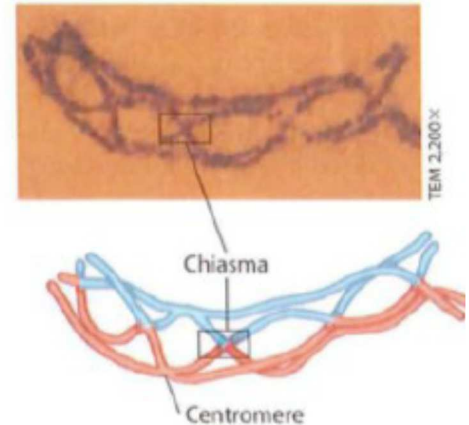
Les différentes combinaisons des allèles dans les gamètes de F1	Combinaison des allèles dans les gamètes de P3	Génotype de la F2	Fréquence et effectif attendu spar Mendel	Résultat du croisement (1448 mouches)	Calcul des proportions en %
v sv ⁻ i ⁻	v sv i	v sv ⁻ i ⁻ / v sv i	1/8 (181)	580	40,1
v ⁻ sv i		v ⁻ sv i / v sv i	1/8 (181)	592	40,9
v sv i ⁺		v sv i ⁺ / v sv i	1/8 (181)	45	3,1
v ⁺ sv ⁺ i		v ⁺ sv ⁺ i / v sv i	1/8 (181)	40	2,8
v sv i		v sv i / v sv i	1/8 (181)	89	6,1
v ⁺ sv ⁺ i ⁺		v ⁺ sv ⁺ i ⁺ / v sv i	1/8 (181)	94	6,5
v sv ⁺ i		v sv ⁺ i / v sv i	1/8 (181)	3	0,2
v ⁺ sv i ⁺		v ⁺ sv i ⁺ / v sv i	1/8 (181)	5	0,3

2. Montrer que les résultats expérimentaux sont en contradiction avec la loi de Mendel de la ségrégation indépendante des caractères. En vous appuyant sur les proportions des phénotypes parentaux (P1 et P2) présent au second croisement montrer que l'hypothèse de 3 gènes liés rend (en partie) les résultats expérimentaux explicables.

Si la loi de Mendel de ségrégation indépendante des caractères était vérifiée, nous devrions obtenir une fréquence identique entre tous les phénotypes de la F2 : les phénotypes recombinés comme les phénotypes parentaux devraient se retrouver avec une fréquence d'environ 1/8. Or on remarque que les phénotypes parentaux sont très largement plus fréquents (autour de 40%) que les phénotypes recombinés. Ceci s'explique assez bien si on fait l'hypothèse que les 3 gènes sont placé sur un même chromosome. Les 3 caractères ainsi ne peuvent pas se transmettre de façon indépendante puisqu'ils sont liés physiquement sur un même chromosome.

3. Les phénotypes différents des phénotypes parentaux sont appelés phénotypes recombinés. Montrer que l'observation microscopique (voir ci-contre) de chiasma (crossing over) entre des chromosomes homologues lors de la première division de méiose rend compréhensible l'existence de phénotypes recombinés lors du croisement n°2.

L'observation de chiasma sur des chromosomes à la méiose montre que les chromatides des chromosomes homologues peuvent s'échanger certains fragments lors de la métaphase de la méiose 1. Cette observation permet de comprendre que des gènes liés peuvent parfois se délier à la méiose suite à un crossing over, même si cet évènement n'est pas du tout systématique.



4. Déterminer les recombinaisons entre les gènes 2 à deux :

"Couleur de l'oeil" et "Forme du bout des ailes"	"Structure de l'aile" et "Forme du bout des ailes"	"Structure de l'aile" et "Couleur de l'oeil"
Combinaisons parentales :	Combinaisons parentales :	Combinaisons parentales :
Nombre de recombinaisons	Nombre de recombinaisons	Nombre de recombinaisons
%	%	%

4. Déterminer les recombinaisons entre les gènes 2 à deux :

"Couleur de l'oeil" et "Forme du bout des ailes"	"Structure de l'aile" et "Forme du bout des ailes"	"Structure de l'aile" et "Couleur de l'oeil"
Les 2 combinaisons parentales :	Les 2 combinaisons parentales :	Les 2 combinaisons parentales :
$v^+ i$ $v i^+$	$sv i$ $sv^+ i^+$	$v^+ sv$ $v v^+$
Nombre de recombinaisons	Nombre de recombinaisons	Nombre de recombinaisons
$89 + 94 + 3 + 5 = 191$	$45 + 40 + 3 + 5 = 93$	$45 + 40 + 89 + 94 = 268$
$191 * 100 / 1448 = 13,2 \%$	$93 * 100 / 1448 = 6,4 \%$	$268 * 100 / 1448 = 18,5 \%$

5. En supposant que les recombinaisons (crossing over) sont des évènements aléatoires, comment expliquer que les % de recombinaison soit différents entre les paires de gènes. En déduire comment les gènes sont répartis sur le chromosome.

On remarque qu'il y a 6,4% de recombinaisons entre les caractères "**Structure de l'aile**" / "**Forme du bout des ailes**" tandis que la fréquence de recombinaisons entre les caractères "**Structure de l'aile**" et "**Couleur de l'oeil**" est de 18,5%. En supposant que les recombinaisons sont aléatoires, on peut en déduire que les gènes "**Structure de l'aile**" et "**Couleur de l'oeil**" sont plus éloignés l'un de l'autre que les gènes "**Structure de l'aile**" / "**Forme du bout des ailes**".

On peut alors établir une carte génétique, la distance entre deux gènes étant alors proportionnelle au % de recombinaison :

