

La cartographie du centromère

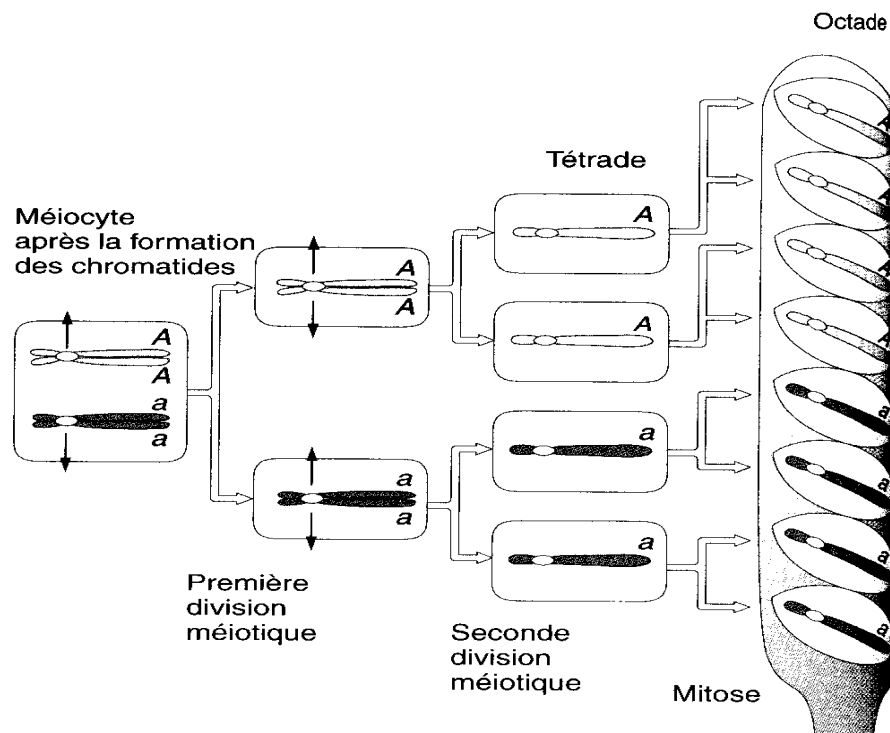
Permet de déterminer la distance génétique entre un locus et son centromère.

Exemple : Cartographie du locus du type sexuel chez *Neurospora crassa*.

Le déterminisme sexuel est sous le control d'un gène à deux allèles *A* et *a*.

La reproduction sexuée met en jeu la fusion de deux noyaux issus de deux mycéliums de sexes opposés (+ et -). Le noyau diploïde résultant va subir la méiose : Une première division réductionnelle (MI) et une deuxième division équationnelle MII.

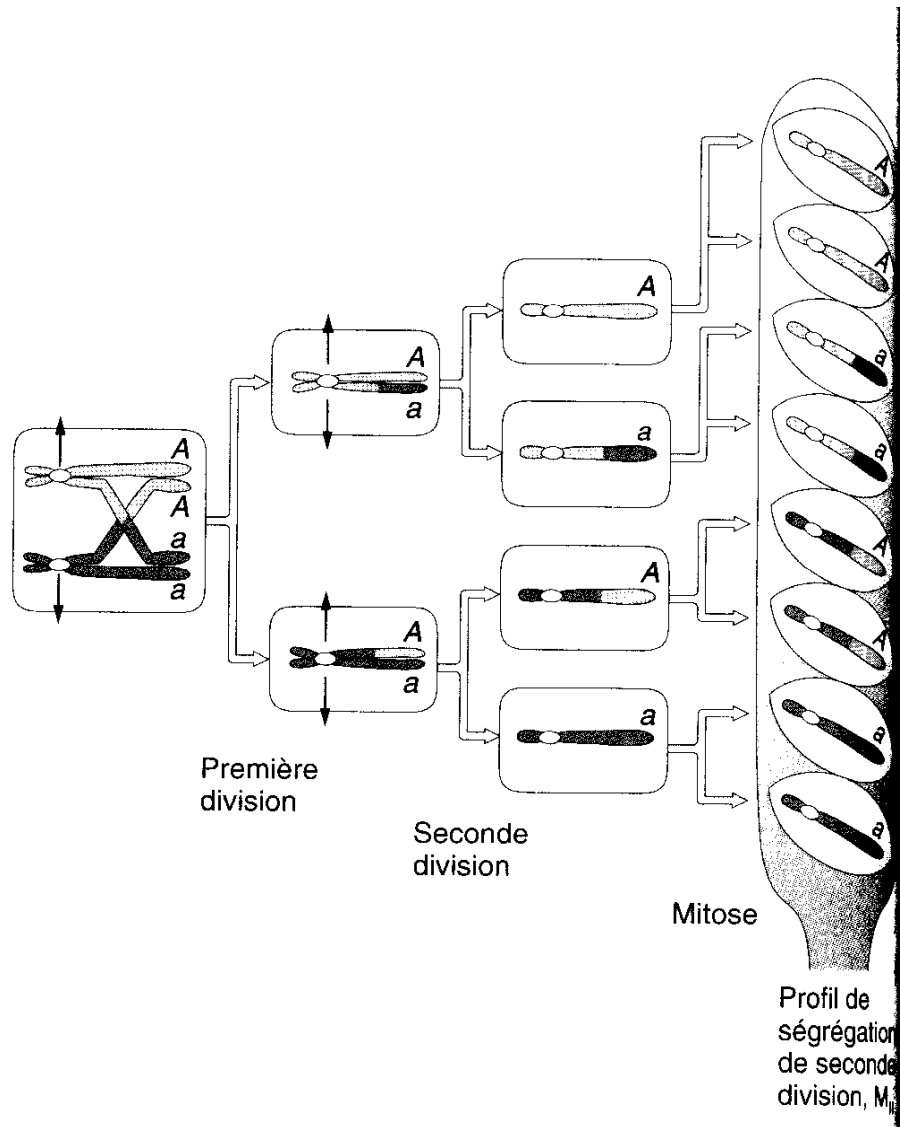
a- Ségrégation de première division :



En absence d'un C.O. entre le locus et son centromère, nous obtenons une disposition des ascospores A.A.A.A.a.a.a.a ou disposition 4 : 4. Ce profil est appelé profil de ségrégation de première division (profil MI) ou pré-réduction (asque pré-réduit).

b- Ségrégation de seconde division :

Lorsque les chromatides non sœurs subissent un C.O. entre le centromère et le locus étudié nous obtenons un profil de ségrégation de seconde division (profil III) ou asque post-réduit avec une disposition des ascospores de type 2 :2 :2 :2.



L'attachement aléatoire des centromères aux fuseaux lors de la seconde division va donner naissance à quatre profils de ségrégation de seconde division avec une fréquence égale dans les asques linéaires : (*A.a.A.a*) ; (*a.A.a.A*) ; (*A.a.a.A*) ; (*a.A.A.a*).

c- Résultats obtenus :

Lors du croisement $A \times a$, nous obtenons les résultats suivants :

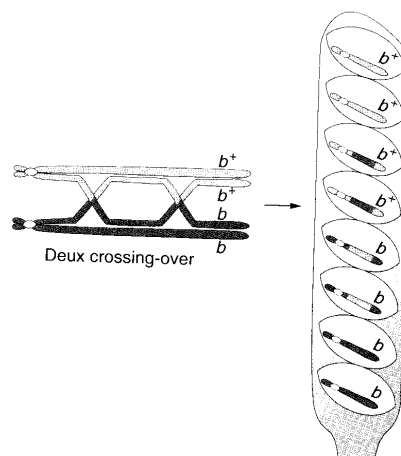
Asques pré-réduits (MI)		Asques post-réduits (MII)			
<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>
<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>
<i>A</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>
<i>A</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>
<i>a</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>A</i>
<i>a</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>a</i>	<i>A</i>
<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>a</i>
<i>a</i>	<i>A</i>	<i>a</i>	<i>A</i>	<i>A</i>	<i>a</i>
126	132	9	11	10	12
Total MI = 258		Total MII = 42			
Total = 300					

Dans 86% (258/300) des méioses il n'y a pas eu de C.O. entre le locus (*A/a*) et son centromère. Seulement, 14% des méioses ont subi un C.O. entre le gène et le centromère. Sachant que chaque C.O. donne 2 chromatides recombinantes sur 4, alors la distance gène- centromère est :

$$d = \frac{1}{2} \times \text{Fréquence (\%)} \text{ Asques MII} = \frac{1}{2} \times 14 = 7 \text{ u.g.}$$

N.B.

Plus un locus est éloigné du centromère, plus la fréquence de MII sera élevée. Cependant, la fréquence des profils MII n'atteindra jamais 100% à cause des doubles C.O. (donnant lieu à des profils MI). La fréquence maximale que puissent atteindre les profils de ségrégation MII est de 66,7% (2/3).



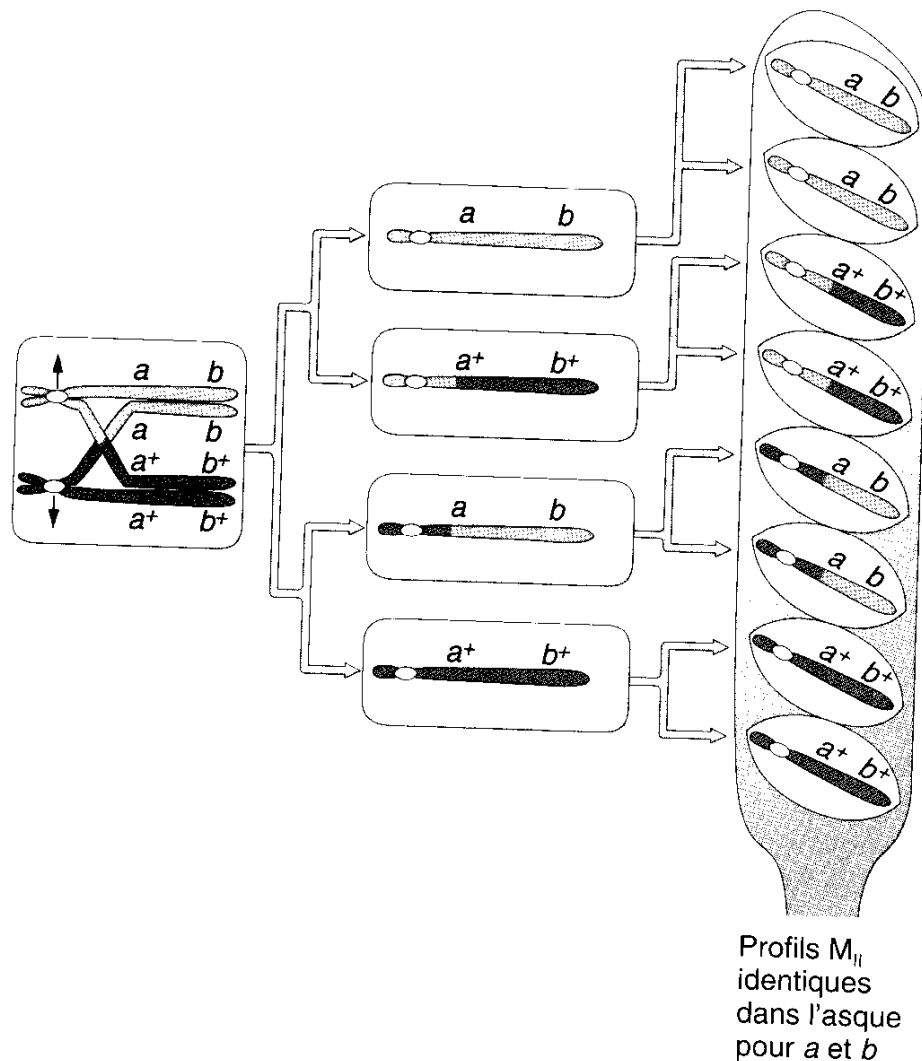
3.2. Cas de deux gènes

Lorsque deux gènes sont présents dans un croisement, nous pouvons avoir les possibilités suivantes :

- Les loci sont sur des chromosomes distincts : (indépendants) ;
- Les loci sont situés de part et d'autre du centromère sur le même chromosome ;
- Les loci sont du même côté du centromère sur le même chromosome.

Les deux premières situations donneront lieu à des schémas de ségrégation MII indépendants pour les deux loci.

La troisième situation donnera lieu dans le cas d'un C.O. entre le gène proximal et le centromère à des profils MII coïncidant pour les deux loci (Si l'asque est post-réduit pour un locus, il est également post-réduit pour le deuxième locus). Cependant, on peut observer des profils MII pour le gène distal (avec un profil MI pour le gène proximal).



4. L'utilisation de l'analyse des tétrades pour corriger des distances génétiques en tenant compte des doubles crossing-over

On peut utiliser les tétrades (octades) linéaires ou non ordonnées pour cartographier les gènes les uns par rapport aux autres.

Pour cela, on classe les tétrades en trois classes :

- Ditype parental (DP) : deux types d'ascospores identiques aux génotypes (phénotypes) parental ;
- Ditype non parental (DNP) : deux types d'ascospores dont les génotypes (phénotypes) sont différents du type parental ;
- Tétratypes (TT) : quatre types d'ascospores (2 types parentaux et 2 types non parentaux).

Exemple : Croisement $a^+ \cdot b^+ \times a \cdot b$.

Les DP sont obtenus en l'absence de C.O. entre les deux gènes.

Les DNP sont obtenus par deux C.O. affectant les quatre chromatides.

Les TT sont obtenus par un C.O. entre deux chromatides ou deux C.O. impliquant trois chromatides.

La distance entre les deux gènes peut être calculée comme suit :

$$\text{FR (\%)} = (1/2\text{TT} + \text{DNP}) / \text{Total asques}$$

Lorsque la distance entre les deux gènes est grande mais inférieure à 50 u.g. la valeur calculée avec la formule précédente sera sous-estimée (à cause des D.C.O.). La distance corrigée sera :

$$\text{Distance génétique} = 50(\text{T} + 6\text{DNP}) \text{ u.g.}$$

A.N.

Dans le croisement précédent nous obtenons les fréquences suivantes : 56% de DP, 41% de TT, et 3% de DNP.

- $\text{FR} = 0,5 \times 0,41 + 0,03 = 0,235$ (23,5%) soit 23,5 u.g.
- La distance corrigée est : $50 \times (0,41 + 6 \times 0,03) = 50 \times 0,59 = 29,5$ u.g.

