

Leçon 2 : Le brassage des génomes à chaque génération, la reproduction sexuée des eucaryotes

III. Interprétation d'une expérience de dihybridisme avec gènes indépendants suivie d'un test-cross :

Le dihybridisme désigne une expérience de croisement entre 2 populations qui diffèrent de 2 caractères. C'est le cas entre nos P1 et nos P2 qui sont 2 populations doubles homozygotes.

D'après ce que l'on sait de la méiose, chaque P ne produit qu'un seul type de gamètes. Après fécondation, on obtient donc en F1 100% d'individus doubles hétérozygotes mais présentant le phénotype [vg+ ; eb+].

Lors du test-cross F1/P2, on obtient 25% de [vg+ ; eb+], 25% de [vg ; eb], 25% de [vg ; eb+] et 25% de [vg+ ; eb] en F2. En effet, les F1 produisent 4 types de gamètes différents et les P2 un seul ce qui conduit donc à 4 types de zygotes après fécondation.

Tout se joue en métaphase et en anaphase de première division de méiose car les chromosomes homologues se répartissent de manière aléatoire et équiprobable de part et d'autre du plan équatorial de la cellule. Ainsi, les allèles de deux gènes indépendants peuvent se retrouver associés de quatre façons différentes. Parmi les 4 types de gamètes possibles, deux présentent un phénotype dit parental et les 2 autres un phénotype dit recombiné.

On parle de brassage interchromosomique.

Tout ceci est cohérent avec les résultats réels que nous avons vus et/ou simulés sur Netbiodyn.

CONCLUSION : Les phénomènes caractéristiques de la reproduction sexuée, à savoir la méiose avec son brassage interchromosomique et la fécondation, expliquent les résultats des expériences de dihybridisme avec gènes indépendants et les tests-cross associés. Ces phénomènes produisent de la diversification génétique.

IV. Interprétation des expériences de dihybridisme avec gènes liés suivie d'un test-cross :

Le dihybridisme entre une population P1 double homozygote au phénotype ailes normales et yeux rouges et une population P2 double homozygote au phénotype ailes vestigiales et yeux pourpres produit, en F1, 100% d'individus doubles hétérozygotes mais présentant le phénotype [vg+ ; pr+] car chaque parent ne produit qu'un seul type de gamètes. Par contre, ce n'est pas le cas des F1 qui en produisent 4 bien que les gènes soient liés. En effet, lors de la prophase I de méiose, des fragments de chromatides et donc les allèles qu'ils portent, peuvent être échangés entre chromosomes homologues. On nomme crossing-over ou enjambements cet échange de matériel génétique et les chromatides ainsi obtenues sont dites recombinées. A l'issue de la méiose, les allèles de gènes liés peuvent donc être réassociés différemment mais ce n'est pas systématique car ces recombinaisons sont aléatoires et leur fréquence dépend de la distance chromosomique entre les gènes (plus cette distance est grande plus la fréquence de recombinaison augmente).

Aussi, lors du test-cross F1/P2, on obtient toujours en F2 plus de 25% de [vg+pr+], ainsi que de [vg ; pr] mais moins de 25% de [vg ; pr+] ainsi que de [vg+ pr].

On parle de brassage intrachromosomique dont les effets s'ajoutent à ceux du brassage inter et de la fécondation pour créer une très grande diversité de zygotes.

Tout ceci est cohérent avec les résultats réels que nous avons vus et/ou simulés sur Netbiodyn.

CONCLUSION : Les phénomènes caractéristiques de la reproduction sexuée, à savoir la méiose avec son brassage intrachromosomique puis interchromosomique et la fécondation, expliquent les résultats des expériences de dihybridisme avec gènes liés et les tests-cross associés. Cela explique en particulier l'apparition de phénotypes recombinés inattendus qui ne sont autres que de la diversification génétique.

V. Interprétation des expériences de monohybridisme avec gène situé sur la paire de chromosomes sexuels :

Les chromosomes sexuels X et Y ne sont pas des chromosomes homologues car ils ne possèdent pas les mêmes gènes. Chez les femelles, les 2 ch X par contre sont bels et bien homologues. Seule une petite partie des chromosomes X et Y porte des gènes identiques : on parle de région homologue. La majeure partie du chromosome X est dite spécifique ou différentielle c'est-à-dire qu'elle n'a pas son équivalent sur Y qui lui-même a sa propre région spécifique ou différentielle. Si un gène est situé sur la région homologue alors les lois que nous avons vues précédemment sur le monohybridisme sont valables. Par contre, si le gène est situé sur la région différentielle de X alors il n'y aura qu'un allèle de ce gène chez les mâles contre 2 chez les femelles. C'est le cas d'un des gènes qui déterminent la couleur des yeux chez la drosophile.

D'autres cas auraient montré l'existence de gènes uniquement présents sur la région différentielle de Y.

Ces particularités compliquent aussi la compréhension de la transmission des caractères héréditaires en cas de dihybridisme quand un des gènes est sur une des parties différentielles des chromosomes sexuels.

CONCLUSION : Les phénomènes caractéristiques de la reproduction sexuée suffisent à expliquer les résultats des monohybridismes même quand les gènes sont situés sur les régions différentielles des chromosomes sexuels.

VI. Evaluation de la diversité génétique des gamètes et des zygotes :

En tenant compte des brassages intra et interchromosomiques, chaque individu humain est potentiellement capable de produire 2^{60} types de gamètes génétiquement différents.

En tenant compte maintenant de la fécondation, le nombre de zygotes possibles s'élève à $2^{60} \times 2^{60} = 1,32 \cdot 10^{36}$ soit potentiellement quasi-infini.

Autrement dit, chaque couple, grâce à la reproduction sexuée peut avoir un nombre astronomique d'enfants différents et chacun de ces enfants est une combinaison unique des allèles de ses parents (sauf les vrais jumeaux=jumeaux homozygotes).

Il faut multiplier cela par le nombre de couples possible pour envisager la diversité potentielle de l'espèce humaine en tenant compte aussi des mutations.

Ce calcul tient compte en particulier du taux d'hétérozygotie c'est-à-dire du nombre de gène à l'état hétérozygote chez les individus par rapport au nombre total de gène. Si ce taux est de 6.7% en moyenne, chez les êtres humains, il n'en reste pas moins très variable d'un individu à l'autre. Ainsi, le nombre de combinaisons génétiques possibles dans les gamètes est d'autant plus élevé que le nombre de gènes à l'état hétérozygote est grand chez les parents.

CONCLUSION : La reproduction sexuée est source d'une diversité génétique qui flirte avec l'infini.

BILAN : La reproduction sexuée comprend 2 types de brassages :

- Le brassage intrachromosomique avec ses crossing-over en prophase 1.
- Le brassage interchromosomique avec sa répartition aléatoire et indépendante des chromosomes homologues en anaphase 1.

Si le hasard est roi, lors de ces brassages, c'est encore lui qui est à la manœuvre lors de la fécondation.

Il en résulte des zygotes au patrimoine génétique unique et très divers et ce à chaque génération.