

Gènes liés

Les gènes situés sur des chromosomes différents ségrègent indépendamment l'un de l'autre au cours de la méiose. Cependant, des gènes portés par un même chromosome sont dits liés, et ne peuvent être remaniés grâce à un mécanisme appelé crossing-over. La base cytologique de ce mécanisme est fournie par le cytologiste Janssen. Au début de la méiose, les chromosomes homologues s'associent longitudinalement formant une synapse. Janssens a postulé que du fait des tensions résultant de l'enroulement des chromatides non sœurs, elles peuvent parfois se briser et leurs extrémités seront ressoudées de façon croisée. Ainsi, il en résulte des chromatides recombinés constitués par deux segments d'origine différente.

Par ailleurs, Thomas Hunt Morgan et son équipe ont pu montrer en étudiant le phénomène de liaison génétique chez la drosophile, que les gènes ségrègent moins lorsqu'ils sont étroitement liés que des gènes éloignés l'un de l'autre sur le même chromosome. Cette expérience a permis à Morgan de postuler que les gènes sont répartis dans un ordre linéaire bien défini sur chaque chromosome et d'établir la carte génétique chez la drosophile.

I-Linkage complet et incomplet

On désigne sous le nom de linkage, le phénomène qui détermine la localisation des gènes sur le même chromosome. Le linkage est dit complet lorsque des gènes liés ne se séparent pas.

Par contre, le linkage est dit incomplet, quand des gènes liés se séparent moins fréquemment que les gènes indépendants.

I.1- Test-cross 1

Parents: AB/ab x ab/ab
 Gamètes: 1/2 AB ↓ ab
 1/2 ab
 F1: 1/2 AB/ab 5 [A] ; 1/2 ab/ab [a]

Un individu hétérozygote pour deux gènes liés en combinaison cis (AB/ab) ou en trans (Ab/aB) ne produit que 2 types de gamètes lorsqu'il y a absence totale du crossing-over (figure 1), et sa descendance est constituée de 2 classes phénotypiques.

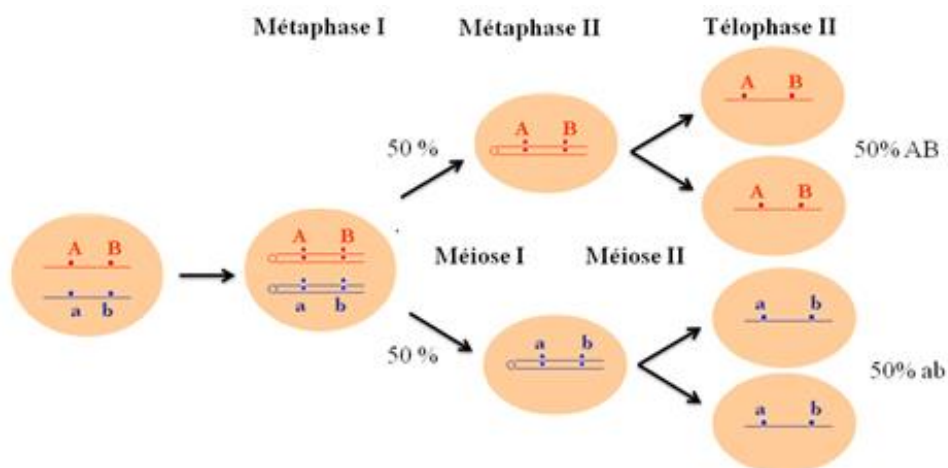


Figure 1: Schéma illustrant les gamètes formés par un individu hétérozygote quant à deux gènes liés

I.2- Test-cross 2

Lorsque deux gènes liés sont séparés partiellement par le crossing-over, il y a formation de nouvelles associations des facteurs héréditaires (Ab, aB).

Par conséquent, il y a production des mêmes classes phénotypiques obtenues dans un test-cross impliquant deux gènes indépendants mais les proportions sont différentes.

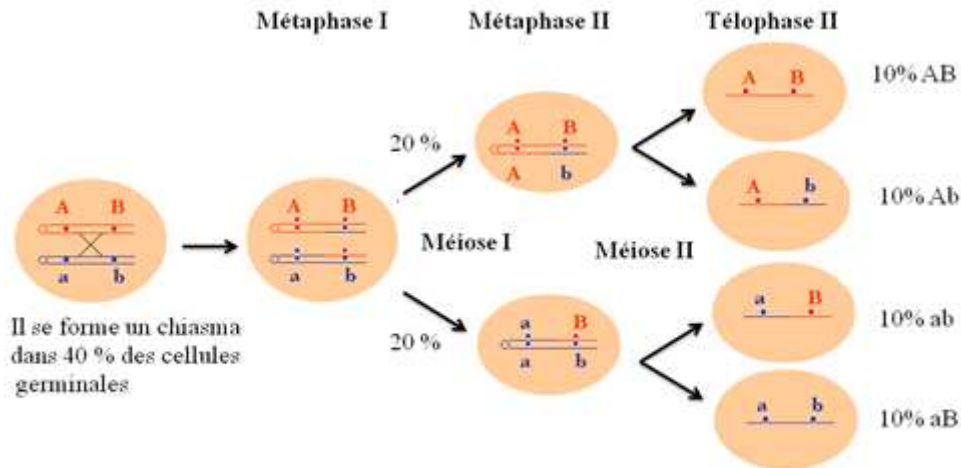


Figure 2: Schéma illustrant les gamètes formés par un individu hétérozygote quant à deux gènes liés

Dans 40 % des cellules germinales, il y a une recombinaison des gènes, et les gamètes formés sont : 10% AB, 10% ab, 10% Ab et 10% aB.

Par ailleurs, 60% des cellules germinales produisent deux types de gamètes (30% AB et 30% ab), car il y a absence de crossing-over.

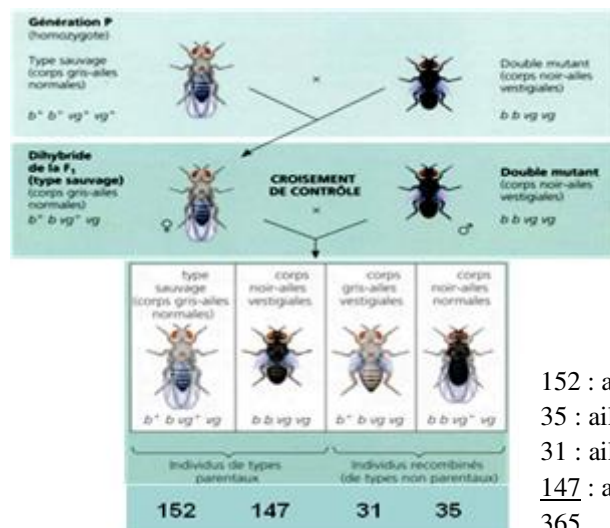
Un individu hétérozygote pour les deux gènes liés, produit donc 4 types de gamètes comme dans le cas des gènes indépendants mais avec des proportions différentes : 40% AB, 40% ab, 10% Ab et 10% aB.

II- Fréquence de recombinaison

Deux test-cross ont été réalisés chez la drosophile :

- Le premier impliquant le gène *vg* et le gène *cinnabar* (*cn* : œil cinabre).
- Le second impliquant le gène *vg* et le gène *black* (*b* : corps noir).

A- 1^{er} test-cross :



152 : ailes logues- corps gris ($vg+b+$)

35 : ailes longues- corps noir ($vg+b$)

31 : ailes vestigiales- corps gris ($vg b+$)

147 : ailes vestigiales- corps noir ($vg b$)

365

Interprétation cytologique des résultats

Les résultats obtenus du test-cross montrent qu'il y a linkage incomplet, puisque la progéniture est constituée de 4 classes phénotypiques dont 2 sont représentés par un plus grand nombre d'individus que les autres : 2 combinaisons parentales et 2 de type recombinant (figure 2).

La drosophile femelle hétérozygote utilisée dans ce test-cross a fourni 4 types de gamètes : 2 de type parental et 2 recombinés issus du crossing-over.

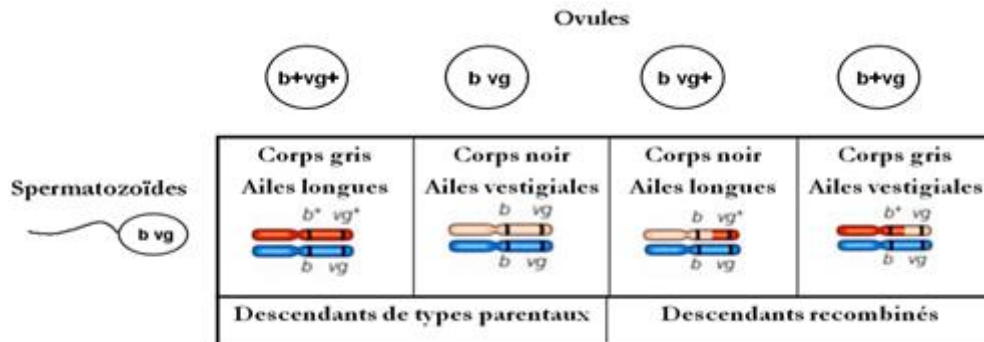


Figure 2 : Descendance issue du test-cross.

B- 2^{ème} test-cross:

Parents: ♀ $vg+cn+ / vg cn$ x ♂ $vg cn / vg cn$

↓
 200 : ailes longues- yeux rouges ($vg+cn+$)
 19 : ailes longues- yeux cinabres ($vg+cn$)
 26 : ailes vestigiales- yeux rouges ($vg cn+$)
206 : ailes vestigiales- yeux cinabres ($vg cn$)
 451

Les résultats du deuxième test-cross montrent également que les gènes vg et cn sont liés et qu'il s'agit d'un linkage incomplet. La progéniture est constituée de 4 classes phénotypiques différentes : 2 combinaisons parentales et 2 de type recombiné. Ceci est dû au fait que chez la drosophile femelle hétérozygote, le crossing-over a permis la formation de 4 types de gamètes différents dont deux recombinés possédant une nouvelle association des gènes.

On conclue que les 3 gènes étudiés sont liés.

Par ailleurs, les croisements réciproques des deux test-cross précédents ont donné une descendance constituée de deux classes phénotypiques seulement. On conclue que chez les drosophiles mâles hétérozygotes, il y a absence de crossing-over.

- Le % de recombinaison entre vg et cn est :

$$(19 + 26) \times 100 / 451 = 9.9 \%$$

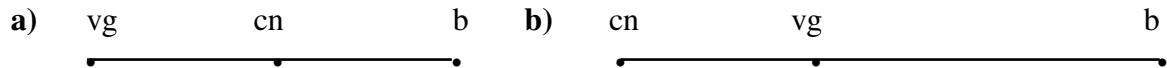
- Le % de recombinaison entre vg et b est :

$$(35 + 31) \times 100 / 365 = 18.1 \%$$
 (2 fois plus important)

La fréquence du crossing-over ou de recombinaison entre deux gènes est d'autant plus élevée que les lieux entre ces gènes sont éloignés. En d'autres termes, la fréquence du crossing-over est proportionnelle à la distance qui sépare les deux gènes.

La fréquence de recombinaison diffère d'un sexe à l'autre chez la drosophile, le crossing-over est fréquent chez la femelle et absent chez le mâle. A l'opposé, chez le ver à soie, il a été montré que la fréquence de recombinaison est plus élevée chez le mâle que chez la femelle.

D'après les résultats obtenus, l'ordre des 3 gènes est illustré par les 2 figures suivantes :



III- Cartographie des gènes

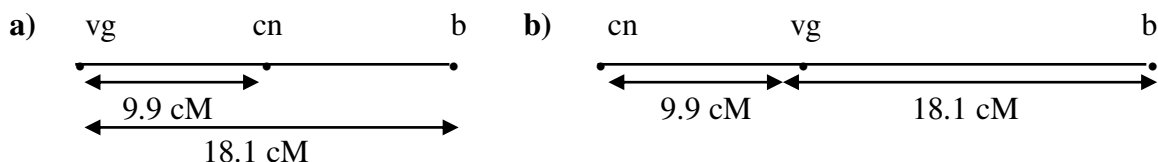
La distance génétique est un paramètre déterminé par la fréquence des recombinaisons méiotiques ou crossing-over. Les recombinaisons étant des événements aléatoires et imprévisibles, elles obéissent à une loi statistique. La probabilité de recombinaison entre deux loci dépend de la distance qui les sépare. Plus cette distance est grande, plus les chances de recombinaison augmentent. Inversement, plus les loci sont rapprochés, plus les chances de recombinaison sont faibles.

Les gènes sont distribués dans un ordre linéaire sur les chromosomes. L'établissement d'une carte génétique a deux aspects : localiser les gènes les uns par rapport aux autres et calculer les distances qui les séparent.

Grâce à ses expériences, Morgan a établi la carte génétique chez la drosophile et mis au point l'unité de distance génétique.

L'unité de distance entre deux gènes liés est le centimorgan qui est défini comme étant la partie d'une chromatide ayant une probabilité de 1 % de subir le crossing-over.

Distance entre les 3 gènes vg, cn et b :



IV- Le crossing-over double (test 3 points)

Lorsque 3 gènes sont liés, le test trilocal permet de connaître les distances qui les séparent et lequel de ces 3 gènes occupe l'emplacement médian.

Considérons les résultats d'un test-cross impliquant 3 gènes chez la drosophile :

cv (crossveinless), ct (cut) et v (vermillon). Ces 3 gènes sont situés sur le chromosome X.

Parents : ♀ ct + +/+cv v x ♂ ct cv v/Y



1980 drosophiles (mâles et femelles)

a) ct + + 759 c) ct cv + 80 e) ct + v 140 g) + + + 2
b) + cv v 766 d) + + v 73 f) + cv + 158 h) ct cv v 2

Interprétation des résultats

- Les deux classes phénotypiques les plus nombreuses dans la progéniture, représentent les combinaisons parentales.

- Les deux classes de double crossing-over sont les moins représentées de toutes les classes. Le double crossing-over permet de modifier les combinaisons parentales, en remplaçant l'un par l'autre les deux allèles qui occupent l'emplacement médian.

Les combinaisons (a) et (b) proviennent de chromatides non cross-over. Ce sont les combinaisons parentales originelles. Les combinaisons (g) et (h) les moins représentées, sont issues de chromatides ayant subi un double crossing-over. En comparant les combinaisons

parentales et les combinaisons doubles cross-over, on conclue que le gène qui occupe l'emplacement médian est le gène ct.

Les données de ce test-cross peuvent être réécrites en tenant compte de l'ordre des 3 gènes comme suit :

- a) + ct + } combinaisons parentales
- b) cv + v }
- c) cv ct + } proviennent de chromatides ayant subi un crossing-over simple entre cv et ct
- d) + + v } (région I)
- e) + ct v } issus de chromatides ayant subi un crossing-over simple entre ct et v
- f) cv + + } (région II)
- g) + + + } double cross-over
- h) cv ct v }

Calcul du pourcentage de recombinaison:

- Région I : $(73 + 80 + 2 + 2) : 1980 = 7.9 \%$
- Région II : $(140 + 158 + 2 + 2) : 1980 = 15.2 \%$
- Pourcentage total de recombinaison entre cv et v : $7.9 + 15.2 = 23.1$

Carte factorielles des 3 gènes cv, ct et v :

