2eme année pharmacie Année universitaire 2019/2020

**TD Génétique : série 2 génétique formelle.**

**Solution**

**Exercice N°1** :

Un croisement entre deux homozygotes [AB] et [ab] produit en F1 le phénotype [AB]; en F2 on obtient les résultats suivants :

[AB]= 110 ; [Ab]= 16; [aB]=19; [ab]= 15

1. Les gènes des loci A et B sont-ils liés ou indépendants ? Justifiez
2. Quelles proportions seraient attendues dans l'autre cas en F2 ?

**Solution N° 1 :**

*a) le croisement concerne deux heterozygotes, pour savoir si les genes sont lies il faut calculer la frequence des gametes (ab) facile car présentée uniquement par le phénotype [ab], si cette frequence est de 0,25 on parlera de genes independants (déssiner le schéma de la ségrégation des gamettes pour 2 caractères indépendants versus 2 caractères liés), dans le cas où cette fréquence est différente de 25 % , au contraire on parlera de genes liés.*

* *[ab] est représenté uniquement par le génotype aa bb,*
* *Freq de génotype aa bb = freq. Gam. (ab)2 donc :*
* *Freq. Gam. (ab) =* ***√*** *Fr. Individus [ab] =* ***√****15/ (110 + 19 + 16 + 15)* ***=*** *0,30*
* *Les genes sont donc liés.*

*b) dans l’autre cas on obtient les proportions suivantes :*

*[AB]= 9/16 ; [Ab]= 3/16; [aB]=3/16; [ab]= 1/16*

**Exercice N°2** :

Chez le porc, deux allèles dominants, P et R, déterminent respectivement les caractères "pollex" (retournement du pouce) et "rough fur" (pelage ébouriffé).

Des individus de phénotype [P, R] sont croisés avec des individus de phénotype [p,r].

La descendance est constituée de 123 individus [p,r], 95 [P, R], 79[p,R] et 75 [P,r].

(a) Cette distribution répond-elle à un quelconque dihybridisme avec ségrégation indépendante ?

(b) Quels sont les génotypes des parents ?

(c) Calculez la distance qui sépare P de R.

***Solution N° 2 :***

*(a) Ce croisement est un test cross, il s’agit de croiser des individus de phénotype connu mais de génotype inconnu avec des individus de phénotype récessif (donc de génotype certainement récessif). En mono ou en dihybridisme l’objectif de ce croisement est d’identifier le génotype des individus testés. Les fréquences des phénotypes de la descendance correspondent aux fréquences gamétiques des individus testés (car les gamètes du testeur sont récessifs donc les phénotypes dépendent uniquement du testé).*

*Dans ce cas-ci, les individus testés sont de phénotypes dominants, ils peuvent être homo ou hétérozygotes pour les caractères étudiés.*

*Voici les fréquences en cas de dihybridisme avec ségrégation indépendante (illustrer par des échiquiers) :*

*Possibilité 1 : ces individus sont homozygotes pour les deux caractères : PP RR, la descendance sera donc : 100% Pp Pr (PR)*

*Possibilité 2 : ces individus sont hétérozygotes pour les deux caractères : Pp Rr, la descendance sera donc : 25 % pour chacun des génotypes Pp Rr (PR), pp Rr (pR), Pp rr (Pr), pp rr (pr)*

*Possibilité 3/4 : ces individus sont hétérozygotes pour l’un des deux caractères Pp RR ou PP Rr, la descendance sera donc : 50% Pp Rr (PR), 50% pp Rr (pR) ou 50% Pp rr (Pr)*

*Dans ce croisement les fréquences phénotypiques de la descendance sont : 33% (pr), 25% (PR), 21% (pR), 20% (Pr). Des fréquences qui ne correspondent à aucun dihybridisme avec ségrégation indépendante. Les deux loci des caractères P et R sont donc liés.*

*(b) Le génotype des individus testés est Pp Rr, on a conclu ceci à cause de l’apparition de deux nouveaux recombinants (pR) et (Pr) qui indiquent des crossing over entre des loci hétérozygotes.*

*(c) la distance qui sépare P de R = le % des crossing over = le % des nouveaux recombinants issus du test cross = 21+20= 41%*

*La distance génétique entre P et R = 41 UcM*

**Exercice N°3** :

On croise entre elles deux races pures de lapins, différents par deux couples d'allèles, l'un à pelage angora et de couleur uniforme, l'autre à poils courts et dont la robe est panachée de blanc. Les hybrides de 1ere génération (F1) ont tous les poils courts et la robe panachée. Ces hybrides se fécondent entre eux et donnent naissance à une génération F2 qui se répartit ainsi : panachés poils courts=502, panaché angora=16, uniforme angora=166, uniforme poils courts=18.

1. Quels sont les deux couples d'allèles intervenants dans ce croisement ?
2. Quels sont les génotypes des parents de race pure et celui des hybrides de F1 ?
3. Quels sont les gamètes donnés par ces hybrides et dans quelles proportions ? Quelles conclusions en tirez-vous ?

**Solution N°3**

1. Dans ce croisement les individus F1 sont les hybrides de 1 ere génération, ils ont le phénotype des allèles dominants présents chez les parents P1. On conclut donc que le caractère pelage court domine le caractère pelage angora et le caractère robe panachée domine le caractère robe uniforme.

Nous poserons donc pour la suite :

- C pour « pelage court »,

- c pour « pelage angora »,

- P pour « robe panachée »,

- p pour « robe uniforme ».

b) - Les génotypes des parents de race pure sont :

- CC PP pour les parents de phénotype [CP]

- cc pp pour les parents de phénotype [cp]

- Les génotypes des hybrides F1 sont : Cc Pp

c) Les gamètes donnés par ces hybrides F1 sont : CP, Cp, cP, pp, avec une fréquence de ¼ pour chacun des gamètes.

Les conclusions :

Les fréquences F2 théoriques dans le cas d’un dihybridisme pour deux gènes indépendants sont : f [CP] = 9/16, f [cp] = 1/16 et pour les nouveaux recombinants f [Cp] = 3/16 et [cP] = 3/16.

Hors dans notre cas les proportions sont réparties ainsi : f [CP] = 11.44/16, f [cp] = 3.8, et pour les nouveaux recombinants f [Cp] = 0.4/16, f [cP] = 0.36/16 ; (faire le calcul des fréquences : f (/16) = (effectif / total)\* 16).

* Ces résultats indiquent que les deux caractères longueur et couleur des poils sont contrôlés par deux gènes liés, leurs loci sont situés sur un même chromosome.
* Les phénotypes les plus représentés correspondent aux catégories gamétiques des parents P1.
* Il y a Il y a un couplage (liaison en cis) entre les allèles dominants C et P, et entre les allèles récessifs c et p. les nouveaux recombinants sont dus aux crossing-over.
* La distance entre les loci deux ces gènes peut être estimée grâce à un test cross (détaillée dans la prochaine série).