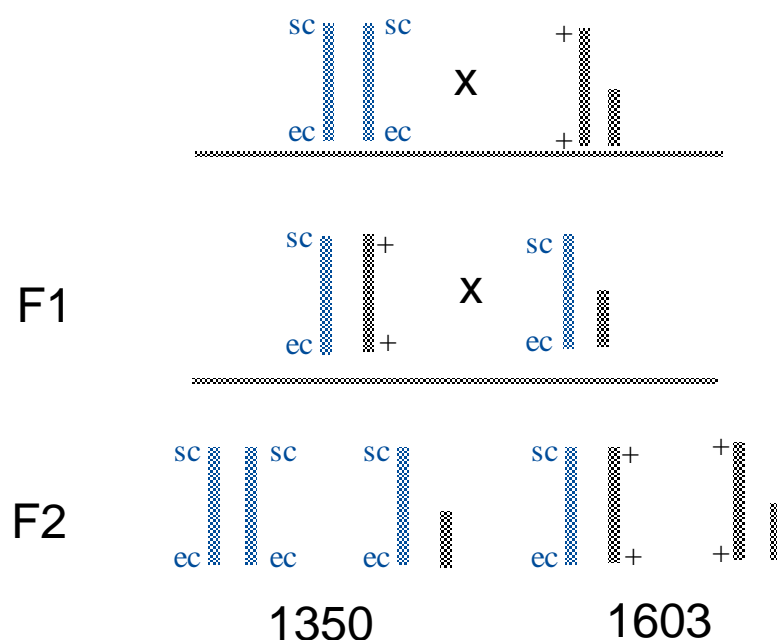


## Solution des problèmes sur le crossing-over

1. Première question à se poser : quels sont les gamètes produits par les parents. On arrive alors à la progéniture indiquée en F1, ç-à-d., des femelles hétérozygotes et des mâles homozygotes (Y ne contenant pas les gènes sc et ec, on n'en tiendra pas compte dans le problème).

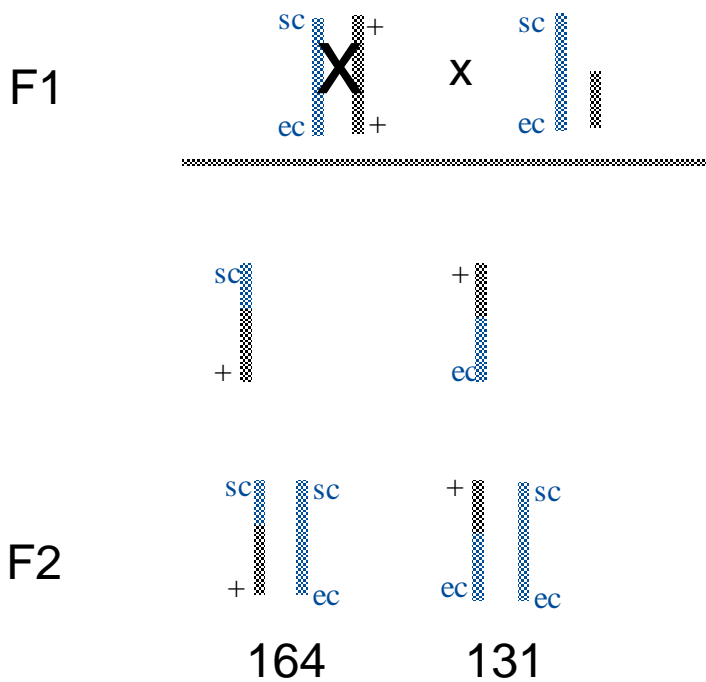
Ensuite, on examine les gamètes produits quand les individus de F1 sont croisés entre eux. On s'attend à obtenir en F2 50% de scute echinus (mâles et femelles) et 50 % de type sauvage (mâles et femelles). Mais, le total ne fait que 2953 mouches alors qu'on en a 3248. La différence vient de la recombinaison (crossing-over).



Pour comprendre le crossing-over, on détermine d'abord où il s'est produit et ensuite les gamètes qui en résultent. Le crossing-over se produit lors de la prophase tardive de la première division méiotique. Ici, il a eu lieu entre les gènes sc et ec des femelles hétérozygotes en F1. Il est bon de l'indiquer par une croix pour suivre l'ordre des gènes. Les chromosomes produits par les femelles hétérozygotes sont donc (sc +) et (+ ec) qui seront chacun appariés au chromosome (sc ec) du mâle. Il y aura également appariement au chromosome Y mais cela ne changera rien aux phénotypes.

Fréquence de recombinaison :  $164 \text{ scute} + 131 \text{ echinus} = 295/3248 = 0.0908$

Donc, 9.1 centimorgans. C'est la distance entre les gènes sc et ec.



2. Solution immédiate. Remplacez les chiffres et les symboles dans l'exercice précédent.

3. Calcul de la fréquence de recombinaison entre *sc* et *ec* : Le CO entre *sc* et *ec* chez la femelle hétérozygote produit 2 chromosomes recombinants qui sont à l'origine, une fois appariés au chromosome du mâle, de 163 scute et de 130 echinus, crossveinless (voir schéma). Toutefois, il faut également faire intervenir le nombre de double CO, puisque ceux-ci comprennent aussi un CO entre *sc* et *ec*. Il y en a deux : scute, crossveinless et echinus.

Dès lors, la fréquence est  $163 + 130 + 2 = 295$  sur un total de 3248 mouches = 9.1 cM.

Pour le CO entre *ec* et *cv*, on a  $192 + 148 + 2 = 342/3248 = 10.5$  cM.

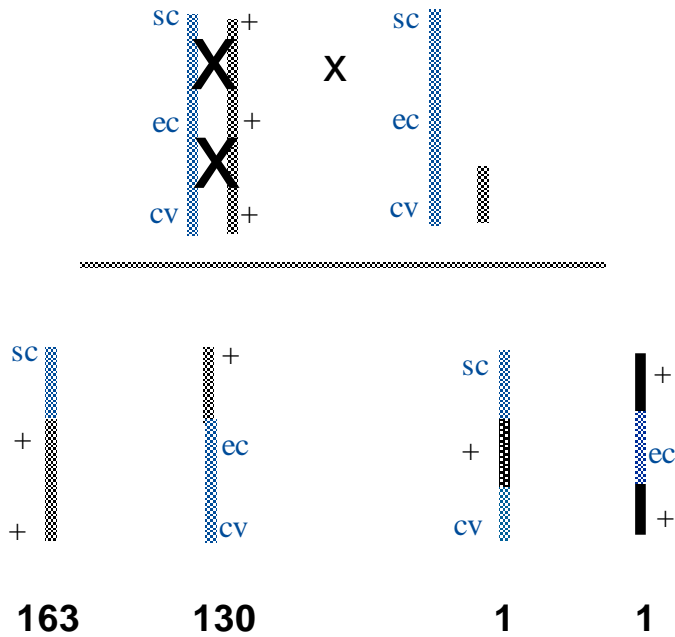
Calcul de l'interférence :      Nb de CO observé =  $2/3248 = 0.00061$  divisé par

$$\text{Nb de CO attendu} = 0.091 \times 0.105 = 0.00955$$

Soit 0.063, valeur très petite par rapport à 1. Donc, beaucoup d'interférence, ç-à-d., le premier CO empêche le deuxième de se produire.

Remarquez que si vous appariez le chromosome X du mâle ou son Y, cela ne change en rien les rapports phénotypiques.

F1



4. 1. Phénotypes: femelles: type sauvage;  
males: corps jaune (y), aile coupée (ct), aile miniature (m)

2. Doubles CO: y m et ct, ce qui indique que

3. ct est entre les deux autres gènes y et m.

4. Génotype des femelles: y ct m / + + +

y    ct    m    x    y    ct    m  
+    +    +

y    ct    m    +    y    ct    m  
y    ct    m       +    +    +

30

33

la classe parentale est prédominante

5. Distance entre y et ct :  $10 + 12 + 2 = 24/100 = 0.24$  (fréquence) (ou 24 cM)

Distance entre ct et m :  $5 + 8 + 2 = 15/100 = 0.15$  (fréquence) (ou 15 cM)

Double CO :  $1 + 1 = 2/100 = 0.02$  (fréquence)

6. Sans interférence, on s'attendrait à une fréquence de  $0.24 \times 0.15 = 0.036$

0.020 étant assez proche de 0.036, on dit qu'il y a un peu d'interférence.

5. (a) Si les gènes *st*, *e* et *ss* étaient sur un chromosome et les gènes sauvages correspondants + + + sur l'autre, la majorité de la progéniture serait de phénotype *st*, *e*, *ss* ou bien de type sauvage. Comme les non-recombinants sont *st e* (360) ou *ss* (383), on conclut que les gènes *st* et *e* sont sur un chromosome et *ss* sur l'autre. Pour déterminer l'ordre des gènes, il faut regarder le produit du double crossing-over. Pour avoir *ss* avec *st* et *e*, il faut qu'il soit entre les deux. On a donc les génotypes suivants:

femelles: *st + e / + ss +*

males: *st ss e / st ss e*

(b) Recombinaison entre *st* et *ss*:  $65 + 72 + 3$  (inclure le double CO) =  $140/1000 = 0.14$   
donc, 14 CM

Recombinaison entre *ss* et *e*:  $56 + 61 + 3 = 120/1000 = 0.12$ , donc 12 CM

(c) Interférence: double CO observé =  $3/1000 = 0.0030$   
double CO attendu:  $0.14 \times 0.12 = 0.0168$   
observé / attendu =  $0.17$  donc interférence assez forte.

(d) Oui, mais on ne peut le détecter car il n'y a pas de changement de phénotype.

6. (a) Si les gènes sont indépendants, il faut d'abord déterminer les gamètes produits.

*CCnn* (bruns homozygotes) x *ccNN* (albinos homozygotes)

F1 *CcNn* x *ccnn* (noirs hétérozygotes x albinos homozygotes récessifs)

*CN*                      *Cn*                      *cN*                      *cn*

*cn*    *CcNn*              *Ccnn*              *ccNn*              *ccnn*

noir 40              brun 74              albinos 114 (57 + 57)

valeurs attendues: noirs 57    bruns 57    albinos 114

$\chi^2 = 10.14$  pour deux degrés de liberté. L'hypothèse est rejetée.

(b) Les gènes *C* et *N* sont liés et les noirs en F2 sont produits par un crossing-over entre les chromosomes des hétérozygotes noirs en F1.

*C*                      *n*

X

*c*                      *N*

Les chromosomes recombinants sont:

C \_\_\_\_\_ N

c \_\_\_\_\_ n

ce qui donnera des noirs (40) et des albinos (on suppose 40) en F2.

(c) Pour la fréquence de recombinaison, on a le choix de considérer ou d'ignorer les albinos. On a: 40 noirs / 74 bruns + 40 = 40 / 114 = 0.35

Donc, distance de 35 CM.

Ou encore, en supposant que les albinos sont répartis en 74 + 40:

$$40 + 40 / 228 = 0.35$$

(d) Etant donné la distance entre C et N, il doit se produire du double crossing-over mais il n'est pas détectable par le phénotype. On retrouve les chromosomes de départ.

7. (a) Mutations récessives sur le chromosome X.

(b) Facteur VIII est sur un chromosome et facteur IX sur l'autre.

VIII \_\_\_\_\_ +

72 vierges

+ \_\_\_\_\_ IX

+ \_\_\_\_\_ +

héro (père)

\_\_\_\_\_ Y

VIII \_\_\_\_\_ +

+ \_\_\_\_\_ IX

+ \_\_\_\_\_ +

+ \_\_\_\_\_ +

filles normales (porteuses) non recombinantes

VIII \_\_\_\_\_ IX

+ \_\_\_\_\_ +

+ \_\_\_\_\_ +                      + \_\_\_\_\_ +

filles normales recombinantes

(c) Les garçons normaux sont produits par crossing-over

VIII \_\_\_\_\_ +                      + \_\_\_\_\_ IX  
 \_\_\_\_\_ Y                                      \_\_\_\_\_ Y

Garçons hémophiles non recombinants

VIII \_\_\_\_\_ IX                      + \_\_\_\_\_ +  
 \_\_\_\_\_ Y                                      \_\_\_\_\_ Y

Garçons hémophiles  
issus d'un CO

garçons normaux  
issus d'un CO

(d) Pour déterminer la fréquence du crossing-over, il faut estimer et inclure la progéniture qui ne peut être identifiée par le phénotype: garçons hémophiles (5) et filles normales (5+5), ce qui donne une fréquence de recombinaison de 20/200 et une distance de 10 CM. On peut aussi ne considérer que les garçons: 10/100.

**8.** IgM et facteur IX sont distants de 7 CM, soit une fréquence de recombinaison de 7/100. Facteur IX et FMR1 sont distants de 3 CM, soit une fréquence de 3/100.

- (a) On s'attend à 50 chances sur 100 d'avoir un garçon normal, sauf s'il y a recombinaison entre l'un ou l'autre des gènes. Comme la fréquence de recombinaison est de 0.1, on aurait 10 recombinants sur 100, ou 5 sur 50, ce qui donne 45 garçons normaux.
- (b) Un garçon atteint uniquement de déficience immunitaire arrivera avec 3.5 chances sur 100 (7/2).
- (c) Un garçon atteint uniquement du X fragile arrivera avec 1.5 chances sur 100 (3/2).
- (d) Un garçon atteint uniquement d'hémophilie arrivera dans le cas d'un double crossing-over.

Si l'interférence est nulle, la fréquence du double crossing-over est  $0.07 \times 0.03 = 0.0021$ , soit avec une probabilité de 0.00105 ou de 0.105 chances sur 100.

Si l'interférence est complète, il n'y aura pas de double crossing-over et la probabilité sera nulle.

