جامعة مولاي إسماعيل
UNIVERSITÉ MOULAY ISMAÏL
كلية العلوم
FACULTÉ DES SCIENCES

Département de Biologie

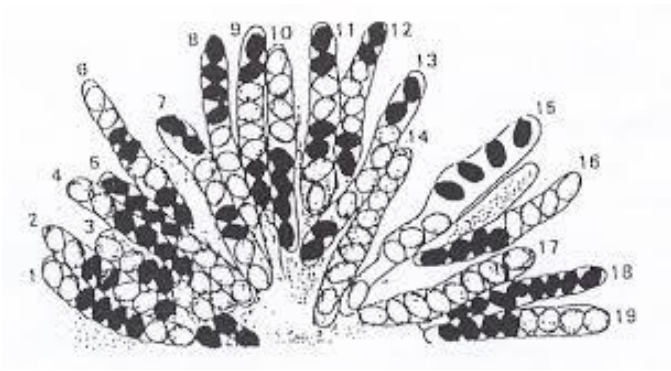
Filière SVI

Semestre IV

Module : Génétique 1

Travaux Dirigés

Partie Génétique des Haploïdes





Par Pr. Hamid MAZOUZ

Année Universitaire 2021/2022

جامعة مولاي إسماعيل
UNIVERSITÉ MOULAY ISMAÏL
كلية العلوم
FACULTÉ DES SCIENCES

Sommaire

TD1 de Génétique des Haploïdes 1
___Problème N°1 1
___Problème N°2 1
___Problème N°3 1
___Problème N°4 1
___Problème N°5 2
___Problème N°6 2
___Problème N°7 2
Solutions des TD1 de Génétique des Haploïdes 3
___Problème N°1 3
___Problème N°2 5
___Problème N°3 5
___Problème N°4 6
___Problème N°5 7
___Problème N°6 8
___Problème N°7 9
TD2 de Génétique des Haploïdes 10
___Problème N°8 10
___Problème N°9 10
___Problème N°10 10
___Problème N°11 10
Solutions des TD2 de Génétique des Haploïdes 11
___Problème N°8 11
___Problème N°9 11
___Problème N°10 13
___Problème N°11 13

TD1 DE GENETIQUE DES HAPLOÏDES

Problème N°1

Une souche (m) de *Neurospora*, exigeante en méthionine est croisée par une souche sauvage (m^+). Les résultats sont indiqués dans le tableau ci-dessous.

a) Donner par un schéma l'interprétation la plus simple qui permette d'expliquer l'origine des différentes tétrades.
b) A quelle distance de son centromère se situe le gène m ?

Nombre d'asques	Spores			
	1 et 2	3 et 4	5 et 6	7 et 8
6	+	m	+	m
5	m	+	+	m
6	m	+	m	+
7	+	m	m	+
40	m	m	+	+
36	+	+	m	m

Problème N°2

Chez *Neurospora* on fait le croisement ab^+ x a^+b. a et b sont deux gènes liés. a est celui qui, des deux, est le plus proche du centromère.
Donner par un schéma l'interprétation la plus simple qui permette d'expliquer l'origine des tétrades suivante :

a- (ab)(+b)(a+)(++)
b- (+b)(a+)(+b)(a+)
c- (a+)(+b)(ab)(++)

Problème N°3

On croise une souche de *Neurospora crassa*, dénommée *thy*, incapable de synthétiser la thymine, avec une autre, appelée *arg*, incapable de croître en l'absence d'arginine dans le milieu de culture. Les résultats suivants ont été obtenus pour 140 tétrades analysées :

Nombre de tétrades	Paires de spores			
	arg thy	arg thy	arg thy	arg thy
37	+ +	+ +	- -	- -
33	+ -	+ -	- +	- +
34	- -	- -	+ +	+ +
36	- +	- +	+ -	+ -

Déduire de ces résultats toutes les informations sur la localisation de ces deux couples de gènes (arg^+/arg^- et thy^+/thy^-).

Problème N°4

Chez *Neurospora crassa* le locus du gène *a* se trouve à 5 cM du centromère sur le chromosome I et celui du gène *b* à 10 cM du centromère sur le chromosome VII. On réalise le croisement $a^- b^+ \times a^+ b^-$.

a- Quels seront les pourcentages des tétrades DP, DR et TT ?
b- Quel sera le pourcentage de spores recombinantes ?

c- Si les mutations a^- et b^- représentent des exigences nutritionnelles pour les substances A et B, respectivement, quel sera le pourcentage des spores de la descendance qui pousseront sur milieu minimum (ne contenant ni A, ni B) ?

Problème N°5

On croise deux souches de *Neurospora* l'une mutée pour le gène a et l'autre pour le gène b. Les résultats sont indiqués ci-dessous. Déterminer la liaison éventuelle entre. a et b.

	Pourcentage d'asque	Spores			
		1 et 2	3 et 4	5 et 6	7 et 8
(1)	79	*a*+	*a*+	+*b*	+*b*
(2)	14	*a*+	++	*ab*	+*b*
(3)	6	*a*+	*ab*	++	+*b*
(4)	1	*a*+	+*b*	*a*+	+*b*

Problème N°6

Le croisement de deux souches mutantes de *Neurospora crassa*, dénommées respectivement *x* et *y* a donné les résultats suivants pour 100 asques analysés :

Nombre de tétrades	Paires de spores			
	x y	x y	x y	x y
52	+ -	+ -	- +	- +
2	+ +	- -	+ -	- +
17	- +	+ -	- +	+ -
1	- -	- +	+ +	+ -
6	+ -	- -	+ +	- +
1	+ -	- +	+ +	- -
15	- +	+ -	+ -	- +
1	+ +	+ -	- -	- +
5	- -	+ -	+ +	- +

Ces deux couples de gènes sont-ils liés ? Si oui, quelle est la distance qui les sépare ? Peut-on savoir leur distance au centromère ?

Problème N°7

Chez un ascomycète aux tétrades non ordonnées on réalise le croisement abc x +++. A partir de l'analyse des 100 asques décrits ci-dessous, déterminer les relations d'indépendance ou de liaison entre les différents gènes.

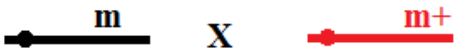
(1) 40 *(a b c) (a b c) (*+ + +) (+ + +)
(2) 42 (a b +) (a b +) (+ + c) (+ + c)
(3) 10 (a + c) (+ + c) (a b +) (+ b +)
(4) 8 (a + +) (+ + +) (a b c) (+ b c)

SOLUTIONS DES TD1 DE GENETIQUE DES HAPLOÏDES

Problème N°1

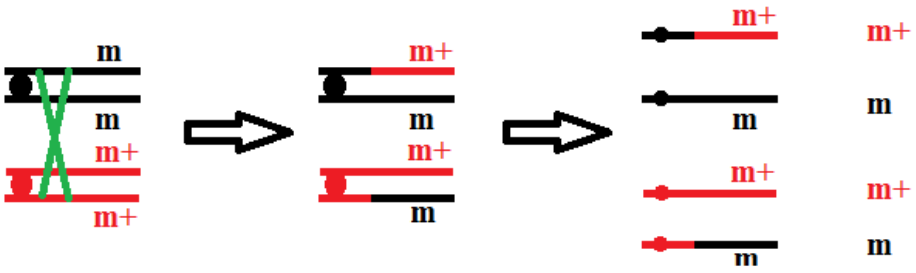
Croisement :

Souche (m) Exigeante en méthionine x Souche (m^+) Sauvage

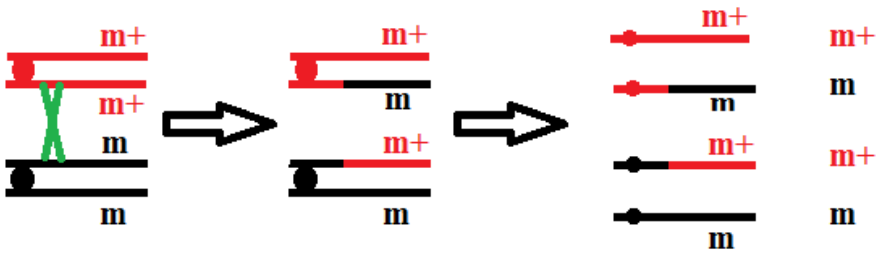


a) Explication de l'origine des asques

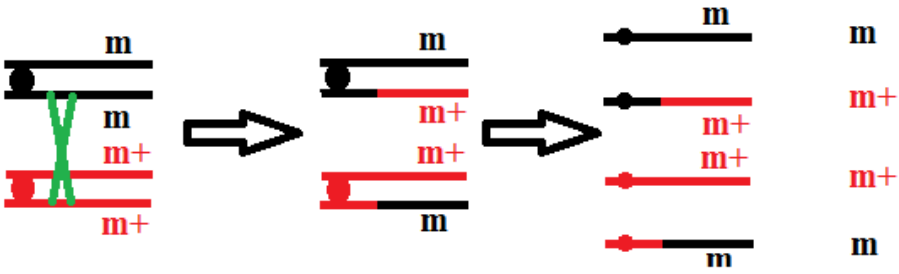
- **Type 1 : + m + m**



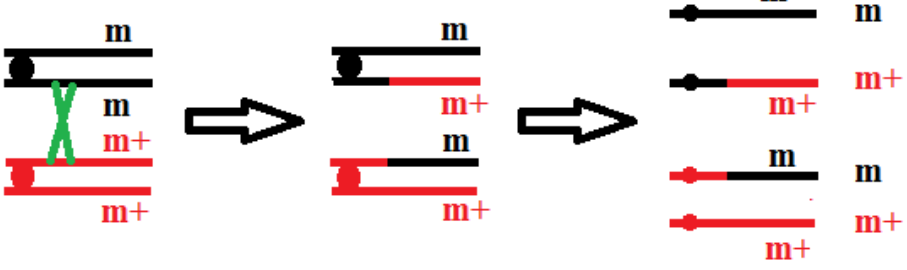
Ou



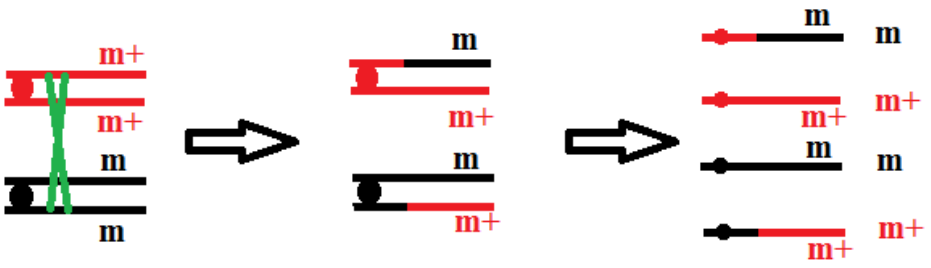
- **Type 2 : m + + m**



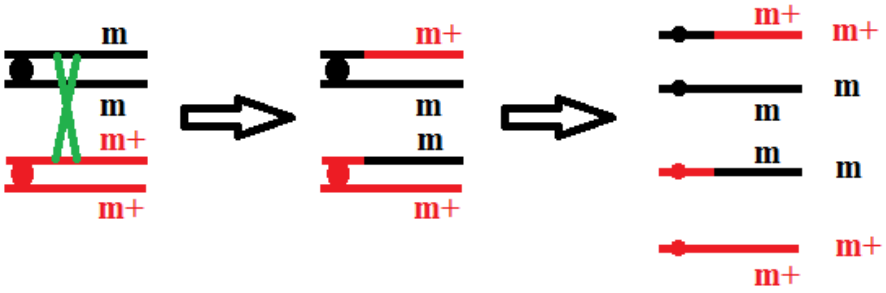
- **Type 3 : m + m +**



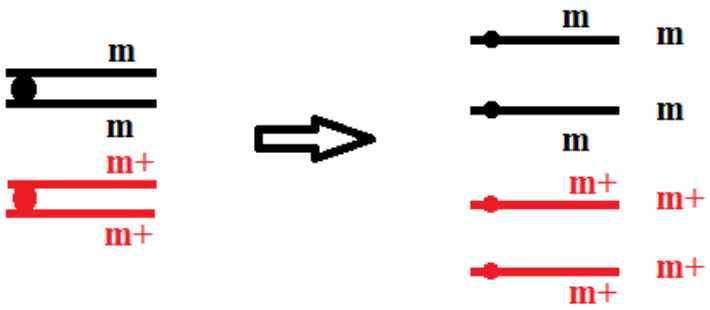
Ou



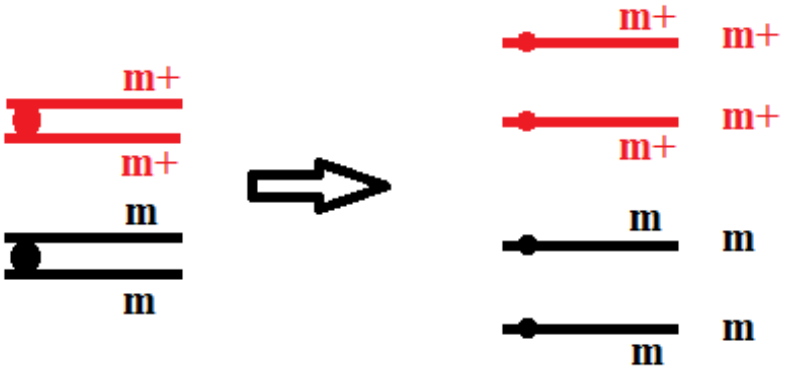
- **Type 4 : + m m +**



- **Type 5 : m m + +**



- **Type 6 : + + m m**



b) Distance entre le gène m et son centromère.

$$d\ (m - \text{centromère}) = \tfrac{1}{2} * \%\ \text{de postréduction de m} = \frac{6 + 5 + 6 + 7}{6 + 5 + 6 + 7 + 40 + 36} \times 100$$

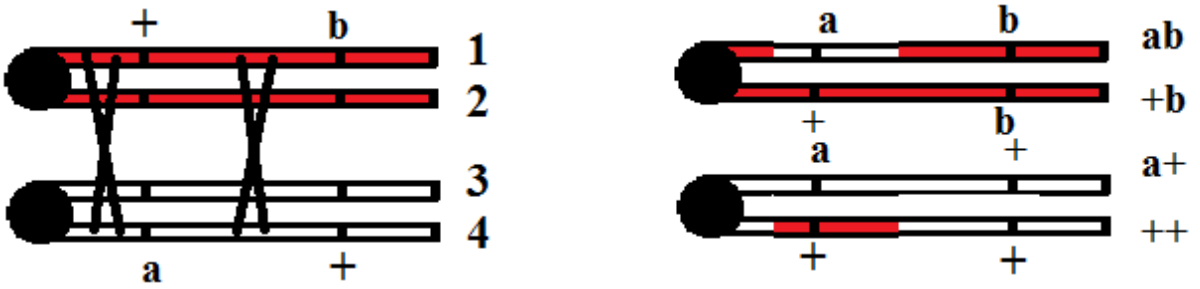
d (m – centromère) = ½ * 24 = 12 UR

Problème N°2

Croisement : ab^+ x a^+b. a et b sont deux gènes liés. a est celui qui, des deux, est le plus proche du centromère.

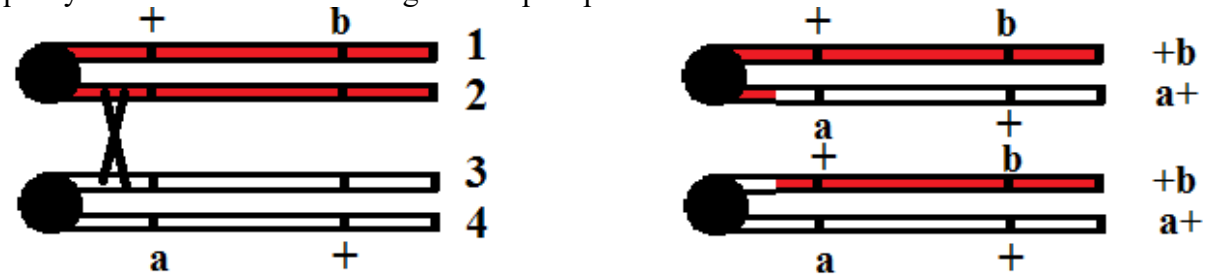
a- (ab)(+b)(a+)(++)

La tétrade est un TT, ce qui montre qu'il y a eu un crossing over (CO) entre les deux gènes. En plus, a est post-réduit, donc un autre CO a eu lieu entre le gène a et le centromère. Deux CO ont eu lieu entre b et le centromère et en plus ce gène est pré-réduit ; ce qui montre que les deux CO ont impliqué les mêmes chromatides.



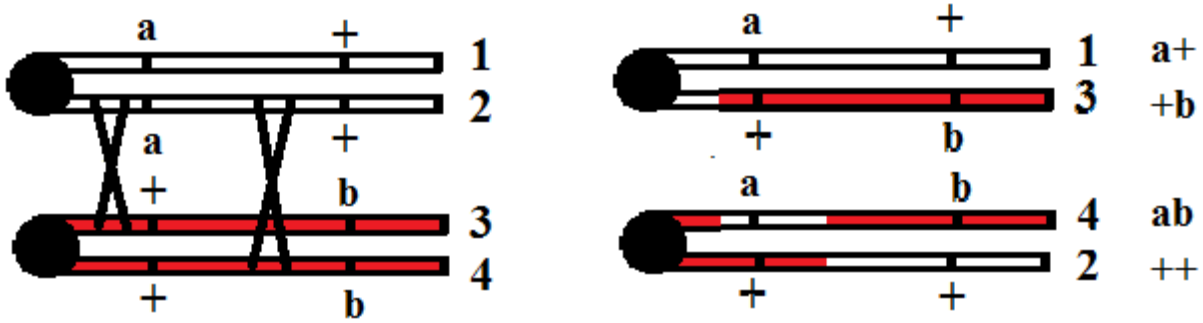
b- (+b)(a+)(+b)(a+)

La tétrade est de type parentales en plus les deux gènes a et b sont post-réduits, ce qui montre qu'il y a eu un seul CO entre le gène les plus proche du centromère et ce dernier.



c- (a+)(+b)(ab)(++)

La tétrade est un TT, ce qui montre qu'il y a eu un CO entre les deux gènes. En plus, le gène a est post-réduit, donc un autre CO a eu lieu entre ce gène et le centromère. Deux CO ont eu lieu entre le gène b et le centromère et en plus ce gène est post-réduit ; ce qui montre que les deux CO ont impliqué trois chromatides.



Problème N°3

Le génotype de la souche *thy* incapable de synthétiser la thymine est : arg^+ thy^- (+ -).
Celui de la souche *arg* incapable de croître en l'absence d'arginine est : arg^- thy^+ (- +).
Le croisement effectué est : arg^+ thy^- x arg^- thy^+ c'est-à-dire + - **x** - +.

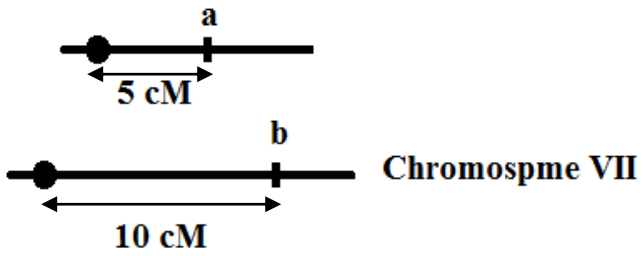
Descendance du croisement :

Nombre de tétrades	Paires de spores				Types	Arg	thy
	arg thy	arg thy	arg thy	arg thy			
37	+ +	+ +	- -	- -	DR	Pré-réduit	Pré-réduit
33	+ -	+ -	- +	- +	DP	Pré-réduit	Pré-réduit
34	- -	- -	+ +	+ +	DR	Pré-réduit	Pré-réduit
36	- +	- +	+ -	+ -	DP	Pré-réduit	Pré-réduit

Pourcentage des DP = [(33 +36)/140] x 100 = 49,29%
Pourcentage des DR = [(37 +34)/140] x 100 = 50,71%
Le pourcentage des DP est égale au pourcentage des DR : les deux couples de gènes (arg^+/arg^- et thy^+/thy^-) sont indépendants.

Pour chaque couple d'allèles le pourcentage de post-réduction = 0 : chaque gène est très proche de son centromère.

Problème N°4



Soit x le pourcentage de post-réduction du gène a et y le pourcentage de post-réduction du gène b.
$d_{a\text{-centromère}}$ = ½ * x = 5 cM donc x = 2 * 5 = 10%.
$d_{b\text{-centromère}}$ = ½ * y = 10 cM donc x = 2 * 10 = 20%.
Le croisement réalisé est : $a^- b^+ \times a^+ b^-$.
On a la ségrégation de deux couples d'allèles indépendants.

a) Pourcentages des tétrades DP, DR et TT

- fr DP = 1/2 (1-x) (1-y) + 1/4 xy = 1/2 (1-0,10) (1-0,2) + 1/4 (0,1*0,2) = 0,365 = 36,5%
- fr DR = 1/2 (1-x) (1-y) + 1/4 xy = 1/2 (1-0,10) (1-0,2) + 1/4 (0,1*0,2) = 0,365 = 36,5%
- fr TT = x(1-y) + y(1-x) + 1/2 xy = 0,1 (1-0,2) + 0,2 (1-0,1) + 1/2 (0,1*0,2) = 0,27 = 27%

b) Pourcentage de spores recombinantes

Les spores recombinantes sont les spores de génotype a^-b^- et celle de génotype a^+b^+.
Les tétrades de type DR contiennent chacune 4 spores recombinantes.
Les tétrades de type TT contiennent chacune 2 spores recombinantes.
% des spores recombinantes = % des DR + (1/2 * % des TT) = 36,5% + (1/2 * 27%) = 50%.

c) Les mutations a^- et b^- représentent des exigences nutritionnelles pour les substances A et B, respectivement. Pourcentage des spores de la descendance qui pousseront sur milieu minimum (ne contenant ni A, ni B) :

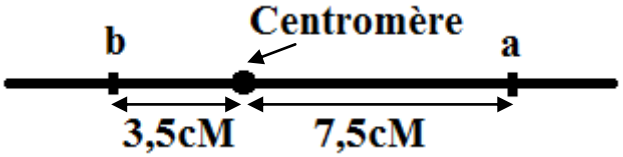
Les spores qui pousseront sur milieu minimum (ne contenant ni A, ni B) sont les spores a^+b^+. Elles représentent la moitié des spores recombinantes. Leur pourcentage dans la descendance est donc de 25%.

Problème N°5

Croisement a+ x +b

	Pourcentage d'asque	Spores				Type d'asque	A	B	Evénements
		1 et 2	3 et 4	5 et 6	7 et 8				
(1)	79%	*a+*	*a+*	*+b*	*+b*	DP	Pré-réduit	Pré-réduit	0 CO
(2)	14%	*a+*	*++*	*ab*	*+b*	TT	Post-réduit	Pré-réduit	1 CO a-centromère
(3)	6%	*a+*	*ab*	*++*	*+b*	TT	Pré-réduit	Post-réduit	1 CO b-centromère
(4)	1%	*a+*	*+b*	*a+*	*+b*	DP	Post-réduit	Post-réduit	1 CO a-centromère et 1 CO b-centromère

%DP = 79 + 1 = 80%.
%TT = 14 + 6 = 20%.
%DR = 0%.
Le % DP > %DR, les deux gènes sont donc liés.
En analysant les asques : %Post-réduction pour a = 14 + 1 = 15% et %Post-réduction pour b = 6 + 1 = 7%.
Donc $d_{a\text{-centromère}}$ = 1/2 % Post-réduction pour a = 7,5cM
et $d_{b\text{-centromère}}$ = 1/2 %Post-réduction pour b = 3,5cM.
$d_{a\text{-}b}$ = (1/2 x % TT) + (3 x %DR) = 1/2 x 20 = 10cM.
Les deux gènes sont situés de part et d'autre du centromère :

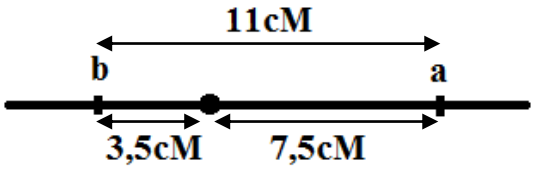


Les distances ne sont pas additives. La $d_{a\text{-}b}$ est sous estimée à cause de certains remaniements qui ne sont pas pris en considération en se basant sur les types de tétrades. En effet, Les remaniements dans l'espace a-b donnant le type d'asque (4) ne sont pas pris en considération dans la formule $d_{a\text{-}b}$ = (1/2 x % TT) + (3 x %DR).
En se basant sur les remaniements chromatidiques :

$$d_{a\text{-}b} = \frac{\text{Nombre de remaniements chromatidiques entre a et b}}{\text{Nombre total des chromatides}} \times 100$$

$$d_{a\text{-}b} = \frac{(2 \times 14) + (2 \times 6) + (4 \times 1)}{4 \times (79 + 14 + 6 + 1)} \times 100$$

$d_{a\text{-}b}$ = 44/4 = 11 cM



Problème N°6

Nombre de tétrades	Tétrade x y	Type	x	Y	Evénements
52	+ - + - - + - +	DP	Pré-réduit	Pré-réduit	Pas de CO
2	+ + - - + - - +	TT	Post-réduit	Post-réduit	1CO x-y 1CO y-cent
17	- + + - - + + -	DP	Post-réduit	Post-réduit	1CO y-cent
1	- - - + + + + -	TT	Pré-réduit	Post-réduit	1CO x-y 1CO y-cent
6	+ - - - + + - +	TT	Post-réduit	Pré-réduit	1CO x-y
1	+ - - + + + - -	TT	Post-réduit	Post-réduit	1CO x-y 1CO y-cent
15	- + + - + - - +	DP	Post-réduit	Post-réduit	1CO y-cent
1	+ + + - - - - +	TT	Pré-réduit	Post-réduit	1CO x-y 1CO y-cent
5	- - + - + + - +	TT	Post-réduit	Pré-réduit	1CO x-y

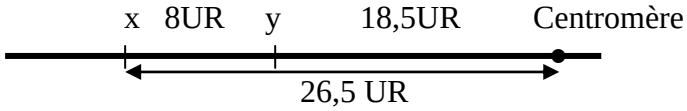
%DP = [(52 + 17 + 15) / 100] x 100 = 84%.
%TT = [(2 + 1 + 6 + 1 + 1 + 5) / 100] x 100 = 16%.
%DR = 0%.

Le % DP > %DR, les deux gènes sont donc liés.
En analysant les tétrades : %Post-réduction pour x = 46% et %Post-réduction pour y = 37%
donc $d_{x\text{-centromère}}$ = 1/2 % Post-réduction pour x = 23 U
donc $d_{y\text{-centromère}}$ = 1/2 %Post-réduction pour y = 18,5 UR.
$d_{x\text{-}y}$ = (1/2 x % TT) + (3 x %DR) = 1/2 x 16 = 8 UR
Les deux gènes sont situés du même coté du centromère et le gène y est le plus proche du centromère.
La $d_{x\text{-centromère}}$ est sous estimée à cause de certains remaniements qui ne sont pas pris en considération en se basant sur les types de tétrades post-réduites pour x.
En se basant sur les remaniements chromatidiques :

$$d_{x\text{-centromère}} = \frac{\text{Nombre de remaniements chromatidiques}}{\text{Nombre total des chromatides}} \times 100$$

$$d_{x\text{-centromère}} = \frac{(4 \times 2) + (2 \times 17) + (4 \times 1) + (2 \times 6) + (4 \times 1) + (2 \times 15) + (4 \times 1) + (2 \times 5)}{4 \times (52 + 2 + 17 + 1 + 6 + 1 + 15 + 1 + 5)} \times 100$$

$d_{x\text{-centromère}}$ = 106/4 = 26,5 UR



Problème N°7

Croisement : abc x +++.
Pour les gènes a/a^+ et b/b^+, les types d'asques (1) et (2) sont des DP alors que (3) et (4) sont TT. Il n'y a pas de DR. Les gènes a/a^+ et b/b^+ sont donc liés.
Pour les gènes a/a^+ et c/c^+, les asques de type (1) sont des DP ; ceux de type (2) sont des DR alors que les types (3) et (4) sont des TT. Il y a autant de DP que de DR, les gènes a/a^+ et c/c^+ sont donc indépendants.
Pour les gènes b/b^+ et c/c^+, les asques de types (1) et (4) sont des DP et ceux de types (2) et (3) sont des DR. Les gènes b/b^+ et c/c^+ sont indépendants.

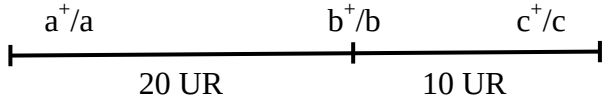
$$d_{a\text{-}b} = 1/2 \times \frac{10 + 8}{100} \times 100 = 9 \text{ UR}$$

L'absence de TT dans les des gènes b/b^+ et c/c^+ montrent que chacun de ces deux gènes est plus proche de son centromère.

TD2 DE GENETIQUE DES HAPLOÏDES

Problème N°8

Soit la carte factorielle suivante :



On considère que sur ce segment de 30 UR l'interférence est de 40 %.
Quelles sont les fréquences des différents génotypes obtenus dans la descendance d'un croisement $a^+b^+c^+$ x abc ?

Problème N°9

Chez *Neurospora*, la souche sauvage de référence est prototrophe à spores noires et ovales. Le croisement entre 2 souches mutantes a donné une descendance composée de :
373 spores noires ovales tyr^-
362 spores blanches rondes tyr^+
83 spores blanches ovales tyr^+
72 spores noires rondes tyr^-
57 spores noires rondes tyr^+
48 spores blanches ovales tyr^-
4 spores noires ovales tyr^+
1 spore blanche rondes tyr^-

a) Comment interpréter ces résultats ?
b) Existe-t-il une interférence chromosomique ?

Problème N°10

Chez *Ascobolus*, on a effectué un croisement entre 2 souches mutantes à spores blanches. Après une analyse en vrac des spores de la descendance on a obtenu : 3/4 de spores blanches 1/4 de spores noires.
Interprétez ces résultats.

Problème N°11

A partir d'une culture sauvage, notée +, de *Sordaria macrospora*, prototrophe, des mutants auxotrophes pour l'uracile ont été isolés. Ces mutants sont notés A, B et C.
Plusieurs croisements ont été réalisés et pour chacun d'entre eux, 100 asques sont analysées. On obtient les résultats suivant :

Asques / Croisement	+ / + / - / -	+ / - / + / -	- / + / + / -	+ / - / - / +	- / - / - / +	- / + / - / -	- / - / - / -
A x +	100						
B x +	80	10	6	4			
C x +	40				10	10	40
A x C							100
B x C							100

Interprétez ces résultats.

SOLUTIONS DES TD2 DE GENETIQUE DES HAPLOÏDES

Problème N°8

L'interférence étant égale à 40 %, cela signifie que 40 % des doubles crossing-over attendus apparaitront sous forme de simples crossing-over. Ainsi 0,20 x 0,10 x 0,40 = 0,008 ou 0,8 % des doubles crossing-over attendus, apparaitront sous forme de simples crossing-over.
Comme l'interférence est égale à 40 % on en déduit que la coïncidence est égale à 1- 0,40 = 0,60 ou 60 %. Cela signifie que 60 % des doubles crossing-over attendus seront observés.

Ainsi 0,20 x 0,10 x 0,60 = 0,012 ou 1,2 % de doubles recombinés, seront observés.

Calculons les fréquences des différents génotypes de la descendance.
- Doubles recombinés a^+bc^+ et ab^+c :
  0,20 x 0,10 x 0,60 = 0,012 ; a^+bc^+ = 0,006 et ab^+c = 0,006.
- Simples recombinés a^+bc et ab^+c^+ :
  0,20 - 0,012 = 0,188 ; a^+bc = 0,094 et ab^+c^+ = 0,094.
- Simples recombinés a^+b^+c et abc^+ :
  0,10 - 0,012 = 0,088 : a^+b^+c = 0,044 et abc^+ = 0,044.
- Parentaux $a^+b^+c^+$ et abc :
  1- (0,188 + 0,088 + 0,012) = 0,712 : $a^+b^+c^+$ = 0,356 et abc = 0,356.

Si l'interférence était nulle c'est à dire que la coïncidence était égale à 1 = 100% on aurait les fréquences suivantes pour les différents génotypes :
- Doubles recombinés a^+bc^+ et ab^+c : 0,20 x 0,10 = 0,020 ; a^+bc^+ = 0,01 et ab^+c = 0,01.
- Simples recombinés a^+bc et ab^+c^+ : 0,20 x 0,90 = 0,180; a^+bc = 0,09 et ab^+c^+ = 0,09.
- Simples recombinés a^+b^+c et abc^+ : 0,80 x 0,10 = 0,080 : a^+b^+c = 0,04 et abc^+ = 0,04.
- Parentaux $a^+b^+c^+$ et abc : 0,80 x 0,90 = 0,720 : $a^+b^+c^+$ = 0,36 et abc = 0,36.

Problème N°9

a) Ce croisement fait intervenir 3 caractères : la coloration de la spore, la forme de la spore et l'auxotrophie par rapport à la tyrosine. L'analyse réalisée est celle des spores en vrac.

Analyse caractère par caractère

Pour le caractère coloration de la spore, la descendance se compose de :
[Blanches] : 362 + 83 + 48 + 1 = 494.
[Noires] : 373 + 72 + 57 + 4 = 506.
II y a autant de spores blanches que de spores noires : ségrégation 1-1. Ce caractère est donc gouverné par un couple d'allèles b^+/b.
Pour le caractère forme de la spore, la descendance se compose de :
[Ovales] : 373 + 83 + 48 + 4 = 508.
[Rondes] : 362 +72+57+1 = 492.
II y a autant de spores ovales que de spores rondes : ségrégation 1-1. Ce-caractère est aussi gouverné par un couple d'allèles r^+/r.
Pour le caractère auxotrophie par rapport à la tyrosine, la descendance se compose de :
[tyr^+] = 362 + 83 + 57 + 4 = 506.
[tyr^-] = 373 +72+ 48 + 1 = 494.
II y a autant de spores tyr^+ que de spores tyr^- : ségrégation 1-1. Ce caractère est également gouverné par un couple d'allèles tyr^+/tyr^-.

Trois couples d'allèles interviennent dans ce croisement. Si ces 3 couples étaient indépendants, nous aurions eu une descendance composée de 8 types de spores ayant la même fréquence 1/8 donc le même effectif c'est à dire 1000 x 1/8 = 125.
Les spores [noires ovales tyr^-] et [blanches rondes tyr^+] présentent les effectifs les plus élevés, 373 et 362 respectivement. Elles représentent donc les spores parentales.
Le croisement réalisé est donc :
Souche à spores noires ovales tyr^- x Souche à spores blanches rondes tyr^+.
$b^+ r^+ tyr^-$ x $b\ r\ tyr^+$
La descendance est la suivante :

373	$b^+ r^+ tyr^-$
362	$b\ r\ tyr^+$
83	$b\ r^+ tyr^+$
72	$b^+ r\ tyr^-$
57	$b^+ r\ tyr^+$
48	$b\ r^+ tyr^-$
4	$b^+ r^+ tyr^+$
1	$b\ r\ tyr^-$

Liaison entre r^+/r et tyr^+/tyr^- :

$$\% \text{ des spores parentales } r^+ tyr^- \text{ et } r\ tyr^+ = \frac{373 + 362 + 57 + 48}{1000} \times 100 = 84\%.$$

$$\% \text{ des spores recombinées } r^+ tyr^+ \text{ et } r\ tyr^- = \frac{83 + 72 + 4 + 1}{1000} \times 100 = 16\%.$$

Les gènes r^+/r et tyr^+/tyr^- sont liés.

Liaison entre b^+/b et tyr^+/tyr :

$$\% \text{ des spores parentales } b^+tyr^- \text{ et } b\ tyr^+ = \frac{373 + 362 + 83 + 72}{1000} \times 100 = 89\%.$$

$$\% \text{ des spores recombinées } b^+ tyr^+ \text{ et } b\ tyr^- = \frac{57 + 48 + 4 + 1}{1000} \times 100 = 11\%.$$

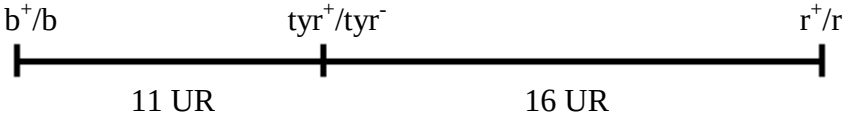
Les gènes b^+/b et tyr^+/tyr^- sont liés.

Les trois couples d'allèles sont donc liés. En effet, sur la base des effectifs, la descendance est composée de 4 classes. Le croisement réalisé est un test à 3 points.
Les effectifs 373 et 362 sont ceux des phénotypes de la classe des parentaux.
Les effectifs 4 et 1 sont ceux des phénotypes de la classe des doubles-recombinés.

Ordre des gènes
L'observation de la classe des parentaux et de celle des doubles recombines montre que les 2 couples d'allèles b^+/b et r^+/r présentent les mêmes associations d'allèles b^+r^+ et br dans les 2 classes (parentaux et doubles recombinés) ; ces 2 couples d'allèles sont donc en positions extrêmes et le couple tyr^+/tyr^- est en position médiane.
L'ordre est donc : b^+/b - tyr^+/tyr^- - r^+/r.

En tenant compte de cet ordre la descendance est la suivante :
373 b^+ tyr^- r^+
362 b tyr^+ r
83 b tyr^+ r^+
72 b^+ tyr^- r
57 b^+ tyr^+ r
48 b tyr^- r^+
4 b^+ tyr^+ r^+
1 b tyr^- r

Distances respectives qui séparent le 3 couples d'allèles :
Distance entre b^+/b et tyr^+/tyr^- : d = [(57+48+4+1)/1000] x 100 (UR) = 11 UR
Distance entre tyr^+/tyr^- et r^+/r : d = [(83+72+4+1)/1000] x 100 (UR) = 16 UR
Distance entre b^+/b et r^+/r : d = [(83+72+57+48+2(4+1))/1000] x100 (UR) = 27 UR
Les 3 couples d'allèles sont donc liés selon la carte factorielle suivante :



b) Interférence
Interférence = 1 – coïncidence

$$\text{Coïncidence} = \frac{\text{\% doubles crossing-over observés}}{\text{\% doubles crossing-over calculés}} = \frac{[(4+1)/1000] \times 100}{11\% \times 16\%} = 0{,}284 = 28{,}4\%.$$

Interférence = 1 – 0,284 = 0,716 = 71,6%.
Ainsi 71,6 % des doubles crossing-over attendus compte tenu des distances génétiques, ne sont pas observés, ils apparaissent sous forme de simples crossing-over.

Problème N°10

La ségrégation 3-1 montre que chez ce champignon, le caractère couleur des spores est gouverné par deux couples d'allèles indépendants. Soient bl_1^+/bl_1 et bl_2^+/bl_2 ces deux gènes.
Les génotypes des deux souches mutantes à spores blanches croisées sont :
Première souche : bl_1 bl_2^+.
Deuxième souche : bl_1^+ bl_2.
Les génotypes des spores de la descendance seront les suivants :
bl_1^+ bl_2^+ : spores noires ;
bl_1^+ bl_2 : spores blanches ;
bl_1 bl_2^+ : spores blanches ;
bl_1 bl_2 : spores blanches.
La descendance sera donc composée de 1/4 de spores noires et 3/4 de spores blanches.

Problème N°11

La souche sauvage de *Sordaria macrospora*, noté +, est prototrophe pour l'uracile.
Les mutants A, B et C sont auxotrophes pour l'uracile.
La descendance du croisement A x + est composée de 50% de spores + et 50% de spores -. Cette ségrégation 1-1 montre la mise en jeux dans ce croisement d'un seul couple d'allèles qui

sera noté ura_1^+/ura_1^-. La souche A auxotrophe a pour génotype ura_1^- et la souche sauvage prototrophe a pour génotype ura_1^+. L'absence d'asques post-réduits pour ce gène montre qu'il est très proche de son centromère.
La descendance du croisement B x + est composée de 50% de spores + et 50% de spores - (ségrégation 1-1). Là aussi on assiste à la mise en jeux d'un seul couple d'allèles. Cependant, on note dans ce cas la présence de 20% d'asques post-réduits. Le couple d'allèles mis en jeux est donc différent du premier. On le notera ura_2^+/ura_2^-. Il est situé à au moins 10 UR de son centromère.
La descendance du croisement C x + est composée de 75% de spores - et 25% de spores + (ségrégation 3-1). Ce qui montre la mise en jeux de deux couples d'allèles indépendants.
La descendance du croisement A x C est composée de 100% de spores -. La souche C est donc ura_1^-.
La descendance du croisement B x C est aussi composée de 100% de spores -. La souche C est donc ura_2^-.
Les deux couples d'allèles indépendants mis en jeux dans le croisement C x + sont donc ura_1^+/ura_1^- et ura_2^+/ura_2^-.
Les génotypes des différentes souches sont donc les suivants :
Souche sauvage + : ura_1^+ ura_2^+.
Souche A : ura_1^- ura_2^+.
Souche B : ura_1^+ ura_2^-.
Souche C : ura_1^- ura_2^-.