

Conséquences de la méiose chez les champignons ascomycètes

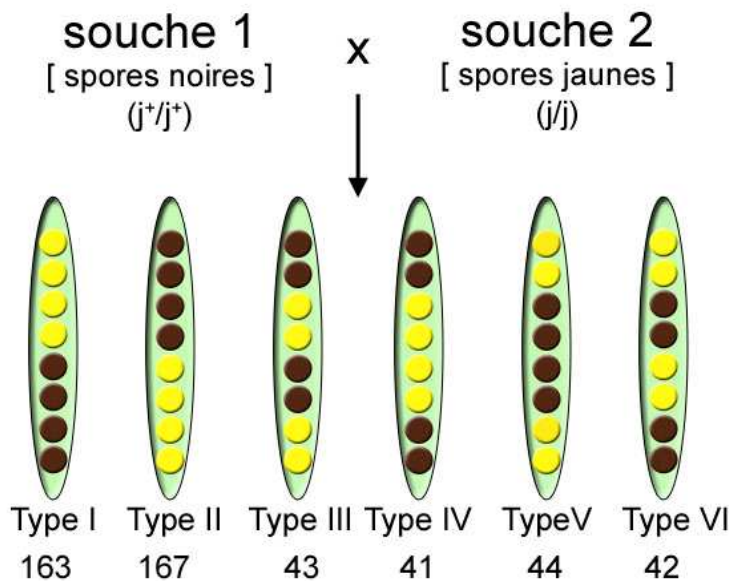
L'analyse de la ségrégation des chromosomes et des gènes permet de :
 → Dénombrer les gènes intervenant dans un caractère
 → Cartographier les gènes identifiés

On peut observer les caractères suivants : couleur des spores, auxotrophe / prototrophe, signe sexuel ...

On appelle un phénotype ou un génotype **sauvage** lorsqu'il est commun à la majorité des souches d'une espèce isolées dans la nature ; parfois cette référence est arbitraire.

I Ségrégation monogénique chez un ascomycète à spores ordonnées

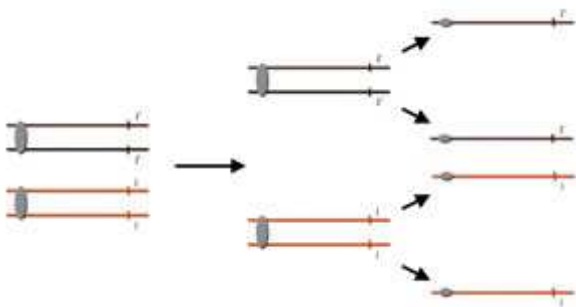
Soit l'hybridation suivante :



On observe une **ségrégation** $\frac{1}{2}$, c'est-à-dire que seuls les phénotypes parentaux sont observés et en proportions égales. On peut alors interpréter ces résultats :

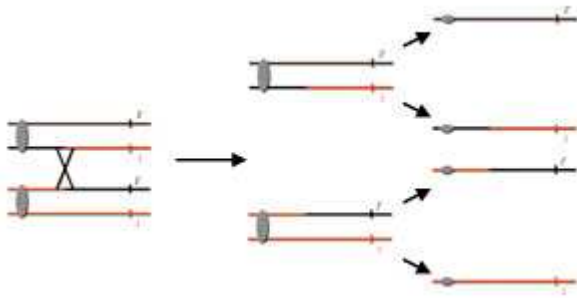
➡ $\frac{1}{2}$ asques homogènes (types I et II) :

Un simple croisement de mitose peut expliquer l'apparition des types I et II.



➡ $\frac{1}{2}$ asques hétérogènes (types III, IV, V, VI) :

Ceux-ci résultent d'un crossing-over qui s'est effectué entre le centromère et le gène.



Les ségrégations $\frac{1}{2}$ résultent donc du croisement entre deux souches ne différant que par un seul gène (et un seul couple d'allèles).

Pour obtenir des $\frac{1}{2}$ asques hétérogènes, il faut que le crossing-over se fasse entre le centromère et le gène. Ainsi, plus le gène est éloigné du centromère, et plus il y a de chances qu'un crossing-over y ait lieu.

Il est alors possible d'obtenir la **distance génétique** qui s'obtient par la relation suivante. Le résultat est en **centi-Morgan (cM)**.

$$d = \text{pourcentage de post-réduits} / 2$$

Remarque : _ Un **post-réduit** est un asque dont les chromosomes ont subi un crossing-over, par opposition aux **pré-réduits**.

_ Lorsque le gène est très proche du centromère, la distance peut être de 0 cM, et on n'observe alors que des pré-réduits.

➡ Dans l'exemple, il y a 17 % de post-réduits, la distance génétique est donc de 17 cM.

II Ségrégation bigénique

A. Définitions

On dit que deux gènes ont :

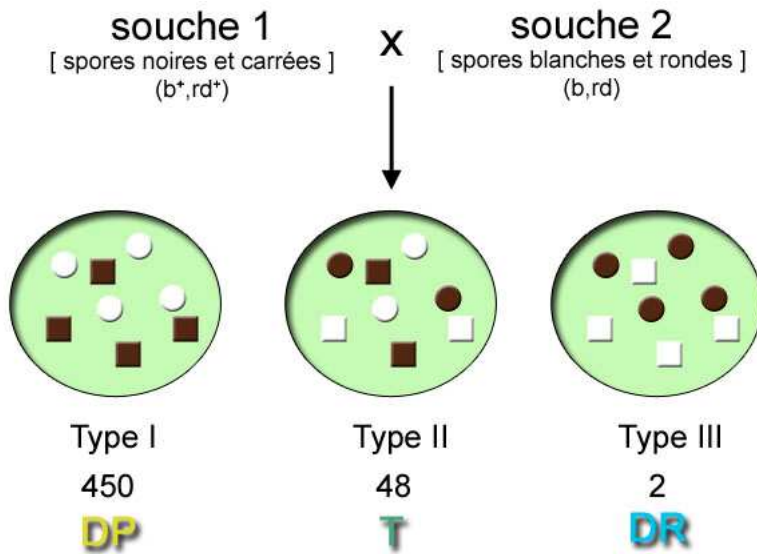
- ➡ **Liaison physique** : sur le même chromosome
- ➡ **Indépendance physique** : chromosomes différents
- ➡ **Liaison génétique** : ne se réassocient pas aléatoirement l'un de l'autre lors d'une mitose
- ➡ **Indépendance génétique** : se réassocient aléatoirement l'un de l'autre lors d'une mitose

On peut distinguer parmi les asques :

- ➡ **Ditype parental (DP)** : on observe deux types de phénotypes, qui sont ceux des parents
- ➡ **Ditype recombiné (DR)** : on observe deux types de phénotypes mais différents de ceux des parents
- ➡ **Tétratype (T)** : quatre type de phénotypes.

B. Étude d'un croisement

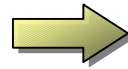
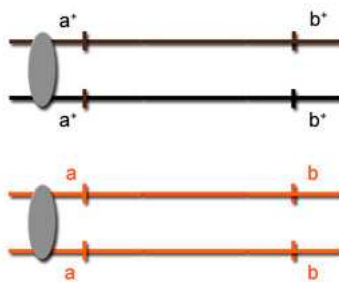
Soit le croisement suivant :



Plusieurs interprétations peuvent être effectuées :

► Les gènes sont liés physiquement

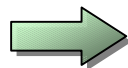
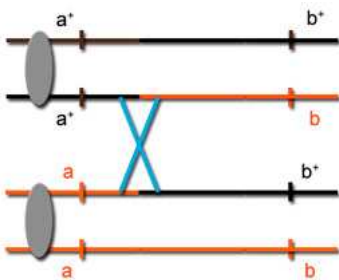
➡ Aucun crossing-over entre les gènes :



On obtient un ditype parental :

DP₀

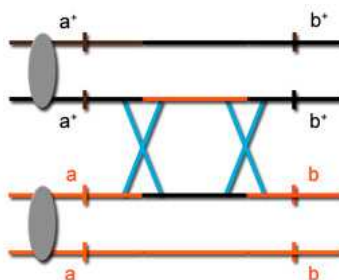
➡ Un crossing-over entre les gènes :



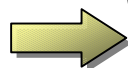
On obtient un tétratype :

T₁

➡ Deux crossing-over entre les gènes :



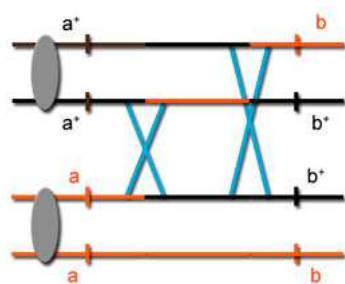
→ Entre deux chromatides



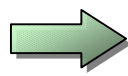
On obtient un ditype parental :

DP₂

25 %



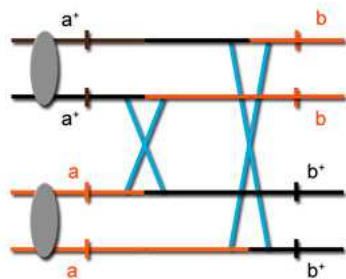
→ Entre trois chromatides



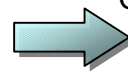
On obtient un tétratype :

T_2

50 %



→ Entre quatre chromatides



On obtient un ditype recombiné :

DR_2

25 %

On a donc les équations suivantes :

$$DP = DP_0 + DP_2$$

$$T = T_1 + T_2$$

$$DR = DR_2$$

$$DR_2 = DP_2 = 2 T_2$$

On peut remarquer que :

- Gènes génétiquement indépendants : $DP = DR$
- Gènes génétiquement liés : $DP > DR$

Alors on a :

$$d = \text{chromatides remaniés} / \text{chromatides totaux} * 100$$

$$= [2 T_1 + 4 (DR + DP_2 + 2 T_2)] / 4 \Sigma * 100$$

$$= (T + 6 DR) / 2 \Sigma \times 100$$

Dans notre cas $DP > DR$, on conclut donc que b et rd sont génétiquement liés et que leur distance génétique vaut : $d = (48 + 6*2) / 2*500 * 100 = 6 \text{ cM}$.

► Les gènes sont liés physiquement mais génétiquement indépendants :

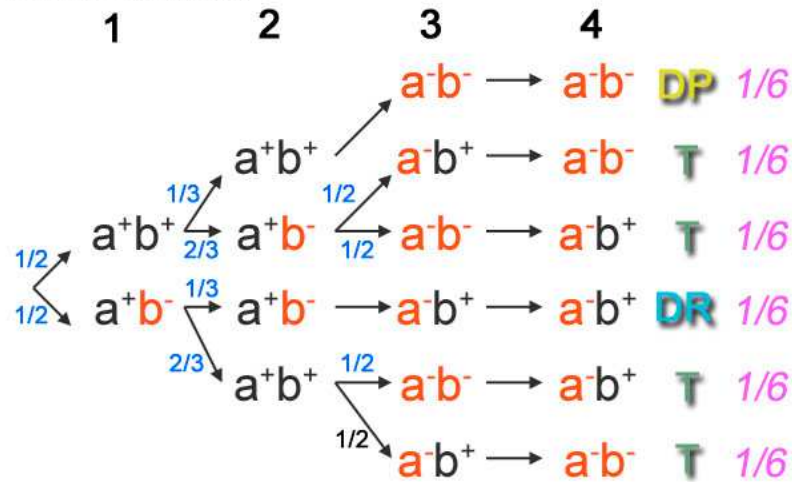
On observe que :

$$P(DP) = P(DR) = 1/6$$

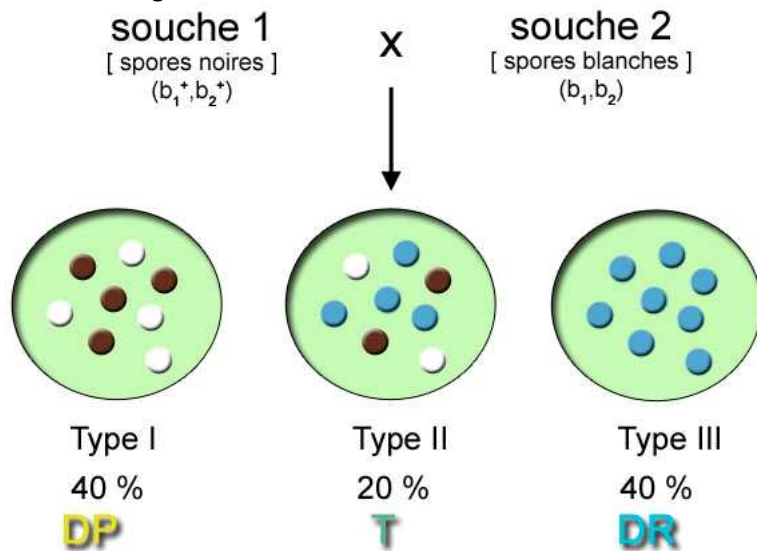
$$P(T) = 2/3$$

Arbre de probabilités
d'emplacement des gènes

Chromatides

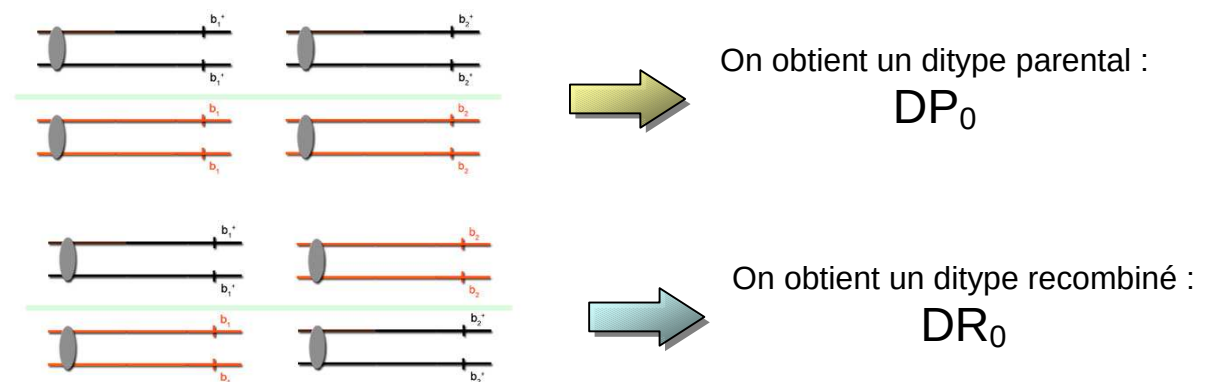


Les gènes sont sur des chromosomes différents :

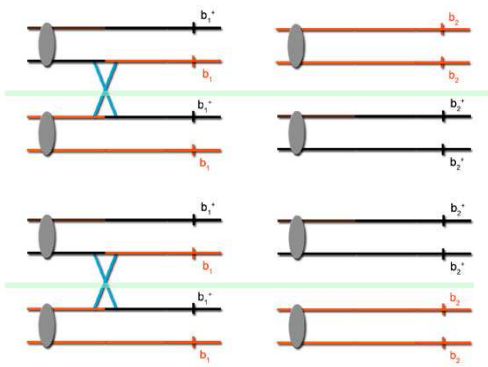


On observe que DP = DR $\rightarrow$ les gènes sont bien génétiquement indépendants.
Or $P(T) \neq 2/3 \rightarrow$ les gènes ne sont pas physiquement liés.

Aucun crossing-over :



Avec une recombinaison entre b_1 et le centromère :

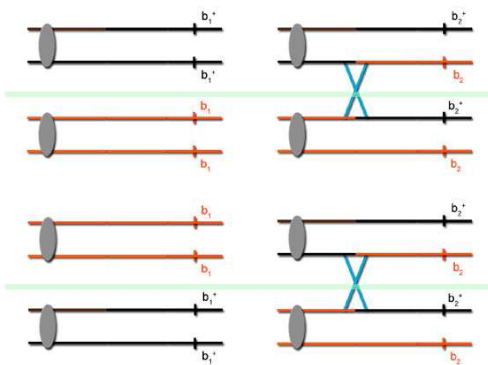


On obtient un tétratype :

$$T_{1x}$$

$$P(T_{1x}) = x - xy$$

➡ Avec une recombinaison entre b_2 et le centromère :

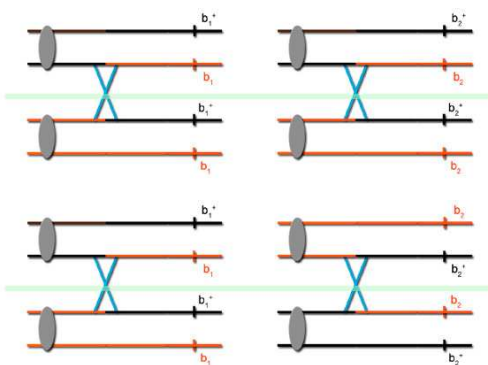


On obtient un tétratype :

$$T_{1y}$$

$$P(T_{1y}) = y - xy$$

➡ Avec deux crossing-over au niveau de b_1 et b_2 :



On obtient dans chaque cas deux tétratypes, un ditype recombiné et un ditype parental :

$$DP_2 \text{ 25\% } DR_2 \text{ 25\% } T_2 \text{ 50\%}$$

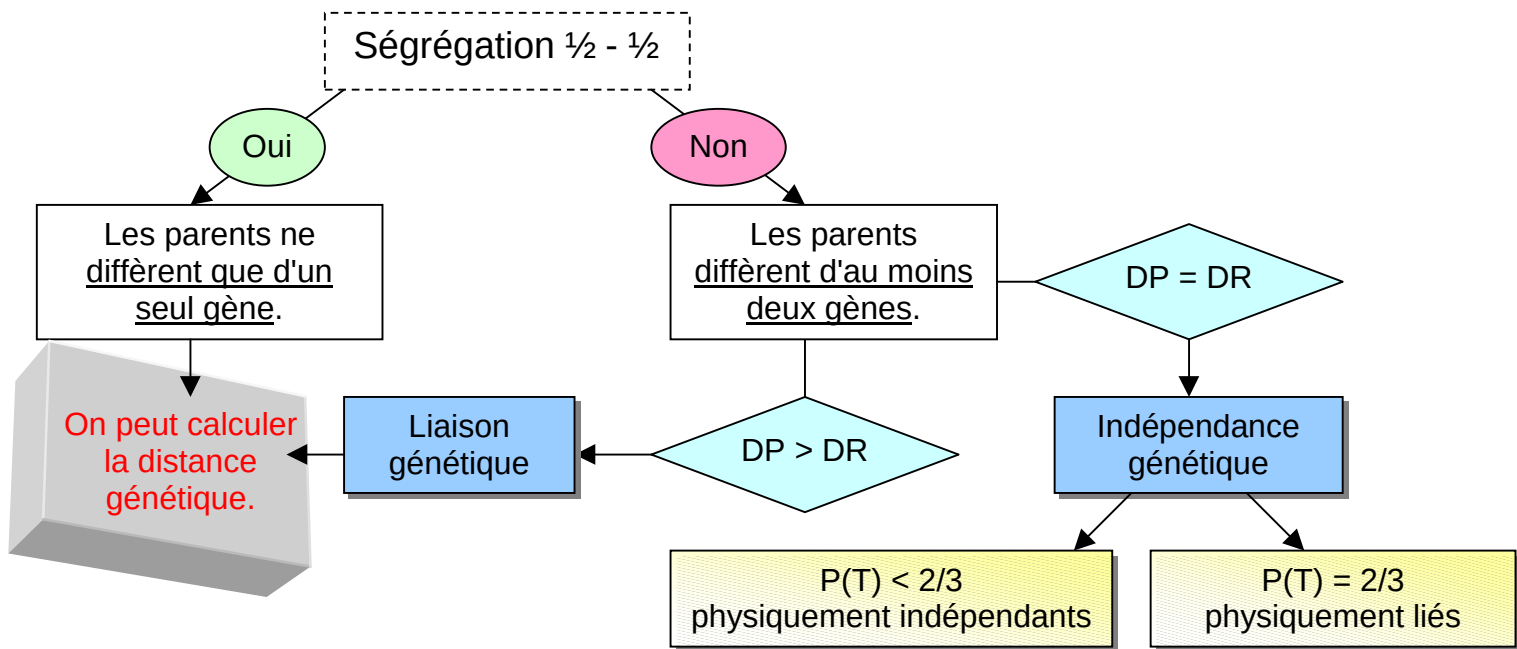
$$\text{Et } P(DP_2 + DR_2 + T_2) = xy$$

Rappelons que x est la probabilité d'avoir un crossing-over affectant b_1 tandis que y est celle d'affecter b_2 .

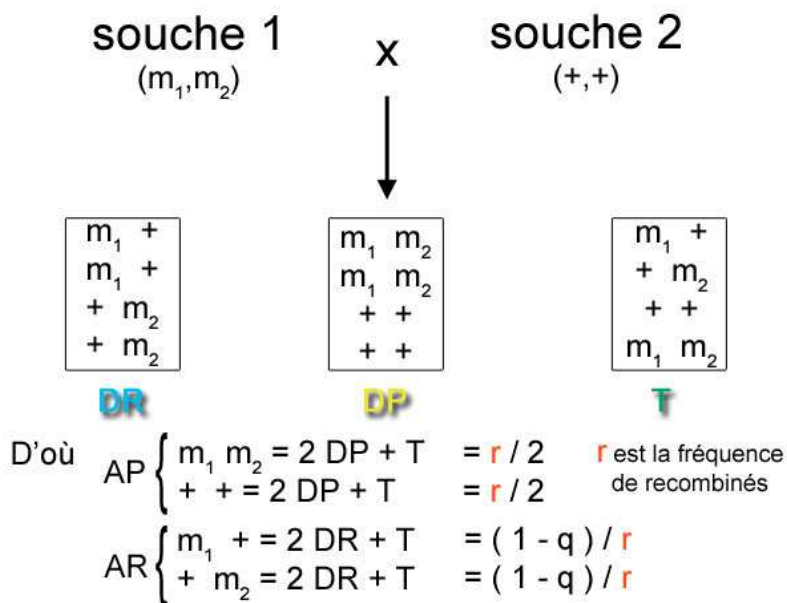
D'où : $DP = DR$

$$P(T) = x - xy + y - xy + \frac{1}{2} xy = x + y - \frac{3}{2} xy$$

C. Conséquences de la ségrégation $\frac{1}{2} - \frac{1}{2}$:



D. Observation de sporées (ce sont des spores en vrac) :



► **Les gènes sont génétiquement indépendants :**

Alors $DP = DR$ et $AP = AR$.

→ Si l'on peut distinguer les quatre génotypes, on aura une ségrégation $\frac{1}{4}-\frac{1}{4}-\frac{1}{4}-\frac{1}{4}$.

→ Si les allèles sauvages sont dominants, on aura une ségrégation $\frac{3}{4}$ sauvage et $\frac{1}{4}$ mutante.

→ Si les allèles mutants sont dominants, on aura une ségrégation $\frac{3}{4}$ mutante et $\frac{1}{4}$ sauvage.

► **Les gènes sont génétiquement liés :**

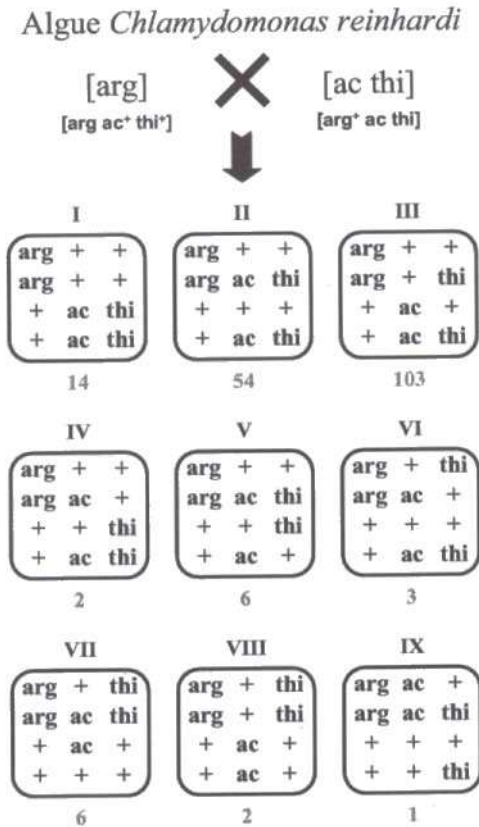
Alors $DP > DR$ et $AP > AR$.

→ On peut alors calculer la distance génétique :

$$d = AR / (AP + AR) * 100$$

III Test 3 points

Soit le croisement suivant avec trois gènes, chacun ayant un allèle mutant nommé + :



► On observe que la ségrégation est ½-½ pour chaque caractère, ce qui signifie qu'il y a trois gènes au maximum, génétiquement indépendants. Il y en a effectivement trois, car si un gène était **pléiotrope**, il y aurait toujours deux allèles liés.

► On compare alors les gènes deux à deux :

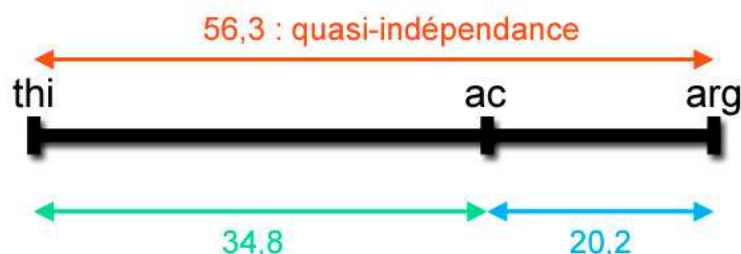
Tétrade	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
arg/ac	DP	T	DP	T	T	T	T	DP	DR
ac/thi	DP	DP	T	T	T	T	T	DR	T
arg/thi	DP	T	T	DP	T	T	DR	DR	T

D'où arg/ac : DP>DR et $d_{arg/ac} = (T + 6DR) / 2\Sigma * 100 = 20,2$ cM

arg/thi : DP>DR et $d_{arg/thi} = 56,3$ cM

ac/thi : DP>DR et $d_{ac/thi} = 34,8$ cM

→ On obtient alors la carte génétique :



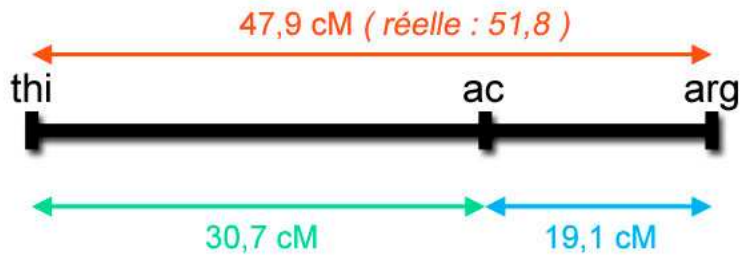
► **Décompte avec les sporées :**

Lorsque l'organisme ne présente pas de spores ordonnées, on ne peut affirmer quels sont les tétratypes et les ditypes. Ce calcul est moins précis et il faut souvent reconsidérer les résultats en prenant compte les crossing-over lorsque la distance génétique est grande.

$AP_{arg/ac} = 618$ et $AR_{arg/ac} = 146$ d'où $d_{arg/ac} = AR / \Sigma * 100 = 19,1 \text{ cM}$

Et de même, on trouve : $d_{ac/thi} = 30,7 \text{ cM}$ $d_{arg/thi} = 47,9 \text{ cM}$

→ Carte génétique des sporées :



Extrapolation en prenant en compte les simples crossing-over (SCO) et les doubles crossing-over (DCO) : $d = (SCO + 2 DCO) / \Sigma = 51,8 \text{ cM}$.