

# Exercices gènes liés (avec corrigé)

Exercice :	Corrigé :
<p>6 – Chez la souris, on connaît trois gènes liés sur un même chromosome dont les allèles récessifs sont <i>obq7</i> et <i>eya1</i> et l'allèle dominant est <i>Dbf</i>. Ces allèles sont responsables des caractères obésité (<i>obq7</i>), surdité (<i>eya1</i>) et orteils surnuméraires à l'état hétérozygote, et aussi létalité à l'état homozygote (<i>Dbf</i>).</p> <p>Divers croisements tests ont été réalisés sur des souris hétérozygotes et ont donné les résultats suivants :</p> <p>a) Souris normales X souris obèses et sourdes 27 souris obèses, 26 souris sourdes, 5 souris sourdes et obèses, 7 souris sauvages</p> <p>b) Souris aux orteils surnuméraires X souris obèses 88 souris aux orteils surnuméraires, 85 souris obèses, 10 souris obèses aux orteils surnuméraires, 12 souris sauvages</p> <p>c) Souris aux orteils surnuméraires X souris sourdes 25 souris sourdes aux orteils surnuméraires, 29 souris sauvages 10 souris sourdes 11 souris aux orteils surnuméraires</p> <p>1. Donnez le génotype des types parentaux (afin de vous faciliter la tâche, utilisez un + pour désigner le caractère sauvage).</p> <p>2. Construisez la carte génétique de cette région du chromosome. Arrondir tous les résultats en ne conservant qu'un seul chiffre significatif après la virgule.</p>	<p>6 – 1.</p> <p>a) Parent hétérozygote</p> $\begin{array}{cc} \underline{eya1} & + \\ + & obq7 \end{array}$ <p>Parent testeur : <i>eya1 obq7</i>// <i>eya1 obq7</i></p> <p>b) Parent hétérozygote</p> $\begin{array}{cc} + & \underline{Dbf} \\ obq7 & + \end{array}$ <p>Parent testeur : <i>obq7 +</i> // <i>obq7+</i></p> <p>c) Parent hétérozygote</p> $\begin{array}{cc} \underline{eya1} & \underline{Dbf} \\ + & + \end{array}$ <p>Parent testeur : <i>eya1 +</i> // <i>eya1 +</i></p> <p>2.</p> <p>a) La distance entre <i>eya1</i> et <i>obq7</i> est de 18,5 cM</p> <p>b) La distance entre <i>obq7</i> et <i>Dbf</i> est de 11,3 cM</p> <p>c) La distance entre <i>eya1</i> et <i>Dbf</i> est de 28 cM</p> <p>L'ordre de ces gènes sur le chromosome est donc le suivant : <i>eya1, obq7, Dbf</i></p> <p>On a donc la carte :</p> <p><i>eya1</i> – 18,5 cM – <i>obq7</i> – 11,3 cM – <i>Dbf</i>.</p> <p>Remarque : Si on calcule la distance entre <i>eya1</i> et <i>Dbf</i>, on trouve 28 cM, soit moins que la somme des deux distances qui est de 29,8 cM. Ceci est dû au fait que l'on n'a pas tenu compte des doubles crossing-over.</p>

Attention !! Quand on dit qu'un allèle pour une maladie est dominant signifie que pour avoir le caractère sauvage il faut avoir 2 allèles + (non mutés) !!! (Exemple : l'allèle *Dbf* de cet exercice ou B du suivant : les individus hétérozygotes ont la maladie, pour être « sauvage » il faut avoir ++)

Les individus testeur sont toujours **homozygotes récessifs**.

Dans ces exercices les individus F1 sont toujours doubles hétérozygotes, mais il faut faire attention à écrire les allèles correctement sur les chromosomes.

Exemple : un individu *AaBb* peut être cis = *AB//ab* ou trans = *Ab//aB* : les recombinants ne seront pas donc les mêmes !!! Pour savoir si un individu est cis ou trans il faut regarder le P : si on a *AABB* x *aabb* les F1 sont cis, si on a *AAbb* x *aabb* les F1 sont trans (il faut bien lire le texte et écrire correctement tous les croisements...)

Exercice :	Corrigé :
<p>7 – Chez le maïs, on connaît trois gènes liés sur un même chromosome dont les allèles récessifs sont <i>lgl</i> et <i>tsi</i> et l'allèle dominant est <i>B</i>. L'allèle <i>B</i> (<i>booster</i>) intensifie la couleur des plantes, l'allèle <i>lgl</i> (<i>liguleless</i>) donne des feuilles sans ligule et l'allèle <i>tsi</i> (<i>tassel seed</i>) donne des grains à aigrettes.</p> <p>L'ordre de ces gènes sur le chromosome est le suivant : <i>lgl B tsi</i></p> <p>Divers croisements ont été réalisés :</p> <p>a) Une plante homozygote [<i>tassel seed</i>] est croisée avec une plante homozygote [<i>booster</i>]. La F1 a fait l'objet d'un croisement test et on a obtenu les résultats suivants : 59 [<i>tassel seed</i>] ; 61 [<i>booster</i>] ; 25 [sauvages] ; 27 [<i>tassel seed, booster</i>]</p> <p>b) Une plante homozygote [<i>liguleless</i>] est croisée avec une plante homozygote [<i>booster</i>]. La F1 a fait l'objet d'un test cross et on a obtenu les résultats suivants : 106 [<i>liguleless</i>] ; 111 [<i>booster</i>] ; 37 [sauvages] ; 36 [<i>liguleless, booster</i>]</p> <p>1. Faites un schéma des croisements tests en donnant le génotype des deux plantes (F<sub>1</sub> et testeur) (afin de vous faciliter la tâche, utilisez un + pour désigner le caractère sauvage).</p> <p>2. Etablissez la carte génétique de cette région du chromosome (arrondir tous les résultats en ne conservant qu'un seul chiffre significatif après la virgule).</p>	<p>7-</p> <p>1. a) F<sub>1</sub></p> $\begin{array}{cc} tsi & + \\ \hline + & B \end{array}$ <p>Testeur : <i>tsi</i> + // <i>tsi</i> +</p> <p>b) F<sub>1</sub></p> $\begin{array}{cc} lgl & + \\ \hline + & B \end{array}$ <p>Testeur : <i>lgl</i> + // <i>lgl</i> +</p> <p>2. a) La distance entre <i>tsi</i> et <i>B</i> est de 30,2 cM  b) La distance entre <i>lgl</i> et <i>B</i> est de 25,2 cM  On a donc la carte :  <i>lgl</i> – 25,2 cM – <i>B</i> – 30,2 cM – <i>tsi</i></p>