

Chapitre 4 : Génétique des Haploïdes

1. Introduction

Une cellule ou organisme haploïde possède un seul jeu chromosomique. Le nombre de chromosome est donc **haploïde** (n).

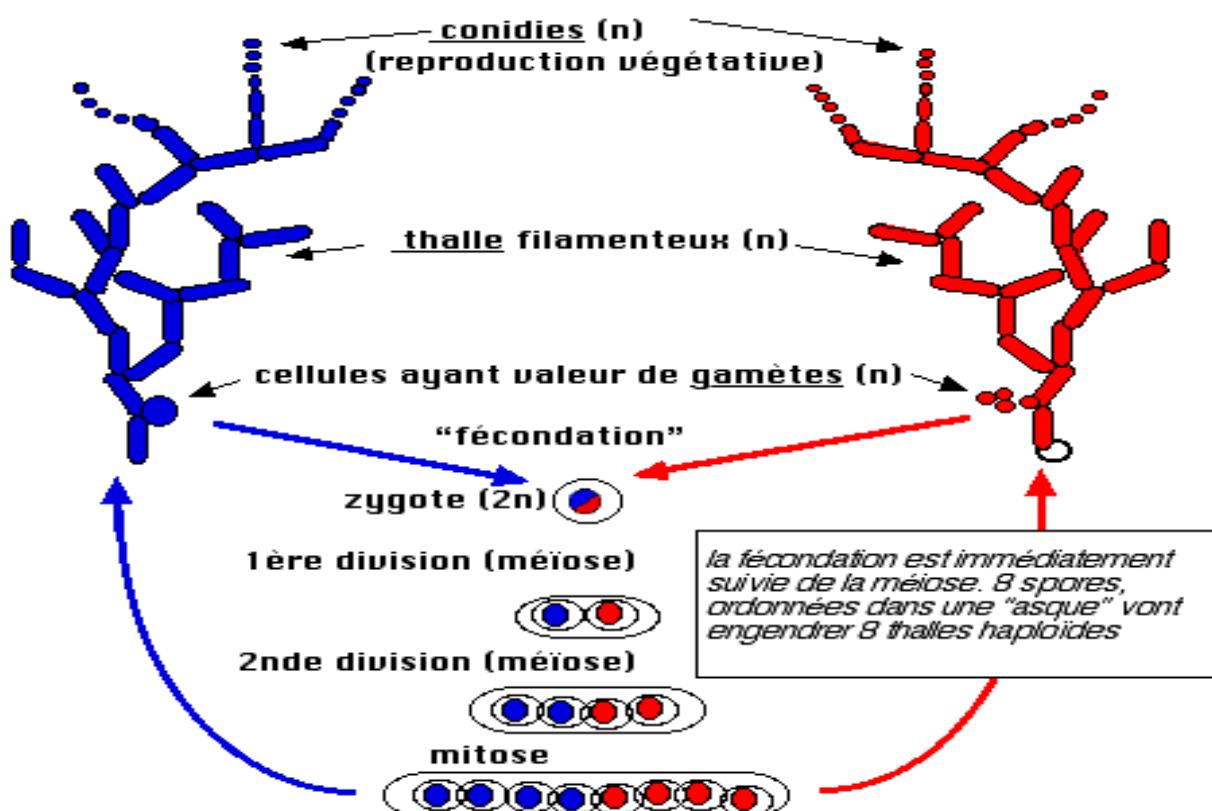
Neurospora crassa est un champignon(Ascomycètes) haploïde ($n = 7$). Les allèles du génotype sont toujours exprimés directement au niveau du phénotype.

N. crassa possède deux façons de reproduction différentes :

-Une reproduction asexuée par **bourgeonnement** des spores pour donner un **thalle**.

-Une reproduction sexuée par fusion de deux types de deux spores de signes opposés (a^+) et (a) en formant un **zygote diploïde transitoire** qui va passer par **division méiotique** en donnant lieu à **4 cellules à (n)** appelées **ascospores**. Ces dernières sont disposées linéairement dans un sac appelé **asque** formant ainsi une **tétrade ordonnée**. Les ascospores subissent **une mitose supplémentaire** et chaque spore à (n) donne 2 spores identiques à (n). Le tout aboutit à la formation de **8 ascospores haploïdes** (8 spores). Au cours des divisions, les 8 noyaux ne changent pas d'ordre : *Neurospora* est un **champignon à asque ordonné**.

- ✓ L'ordre de spores dans l'asque, reflète l'organisation des bivalents à la méiose.



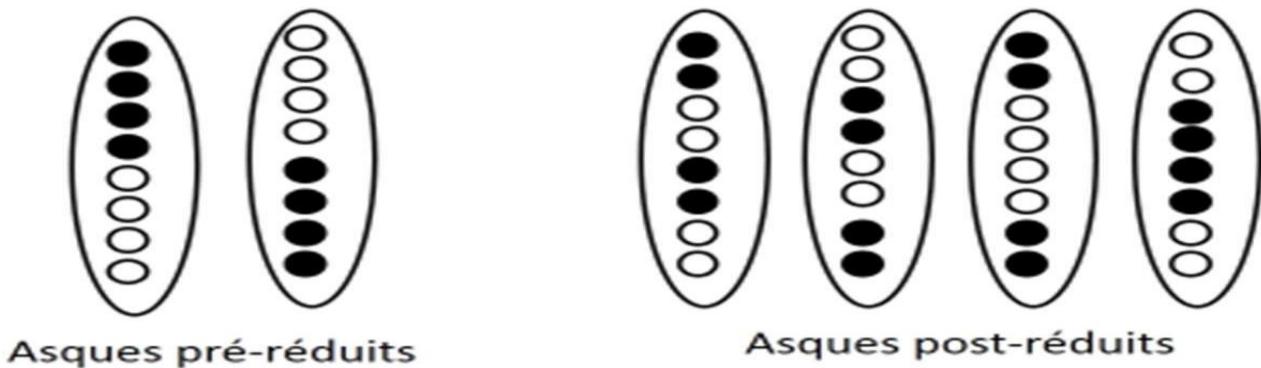
Cycle de croissance de *Neurospora crassa*

2. Monohybridisme (notions de préréduction et de postréduction) Un ascomycète à asques ordonnés hétérozygote ($a^+ a$) va donner autant de gamètes (spores) (a^+) que de gamètes (a). Le zygote ainsi formé ($a^+ a$) se divise par méiose et donne 2 types de spores : spores (a^+) et spores (a) contenant dans l'asque. C'est le principe de ségrégation d'un couple d'allèles.

Mais donne 6 types d'asques selon qu'un crossing-over est survenu ou non entre le locus du gène et son centromère :

-2 asques **pré-réduits** : issus de méioses sans C.O.

-4 asques **post-réduits** : issus de méioses avec C.O.



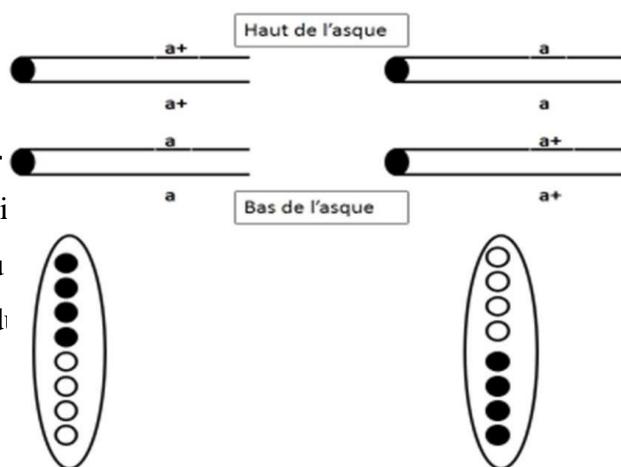
2.1. Analyse de la ségrégation

Chaque asque est issu d'une cellule diploïde provenant de la réunion d'un noyau de la souche (a^+) et d'un noyau de la souche (a). La cellule $a+/a$ subit la méiose et on obtient 2 types de produits : **2 spores(a^+) (50% ou ½) et 2 spores(a) (50% ou ½)**. C'est le résultat attendu dans le cas où le caractère est contrôlé par un seul gène. **La ségrégation est monogénique**.

2.2. Analyse des types d'asques

2.2.1. Asques pré-réduits

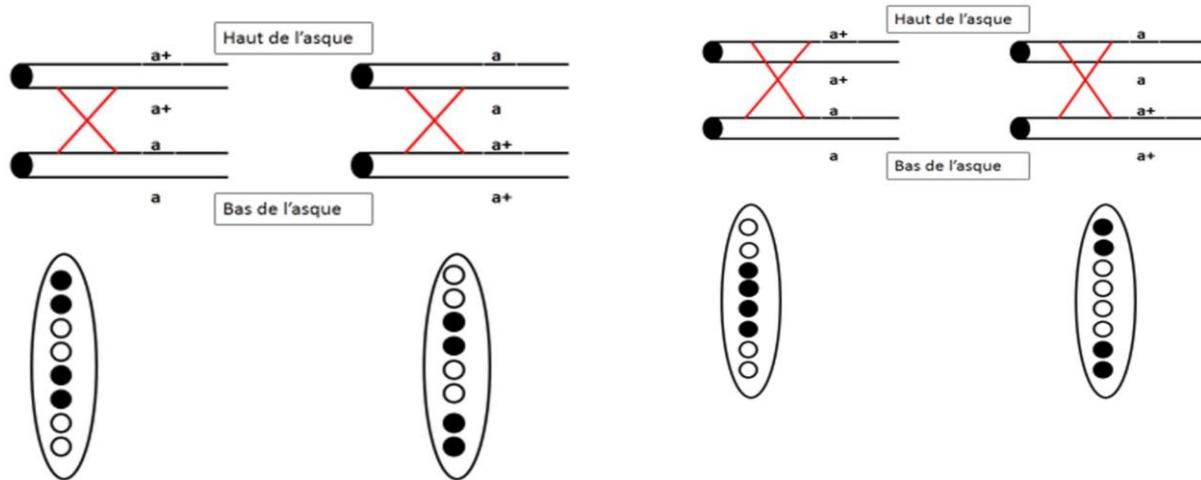
Les deux allèles (a^+) et (a) ont été séparés **première division méiotique et sans crossing-over** entre le gène et le centromère, ce qui se traduit l'observation d'asques où les quatre spores du sont identiques entre elles et les quatre spores d'également : **demi-asques homogènes**.



2.2.2. Asques post-réduits

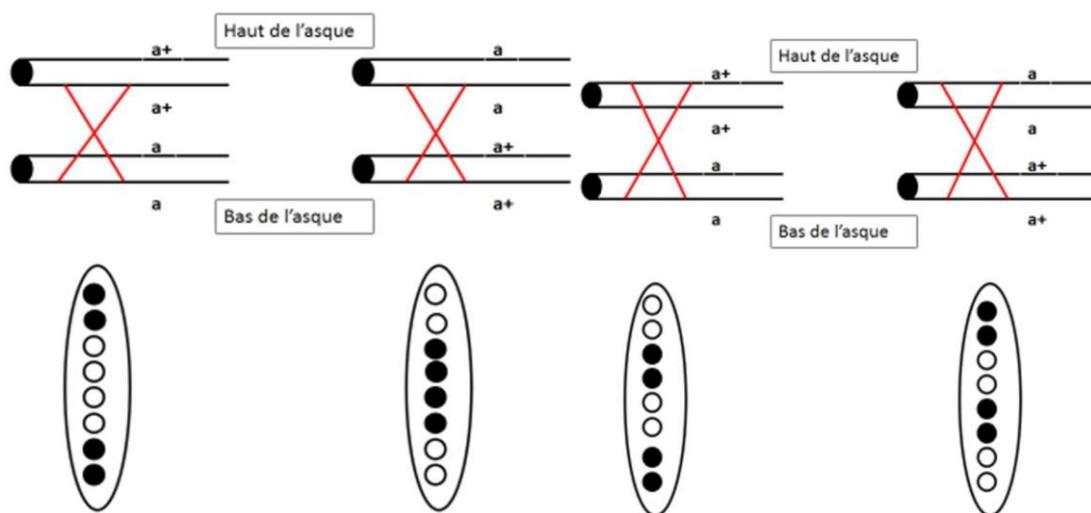
Il y a unique crossing-over entre le gène et le centromère. Les deux allèles (a^+) et (a) sont séparés **à la deuxième division méiotique** ce qui se traduit par l'observation d'asques où les

quatre spores du haut sont différents entre elles et les quatre spores du bas également : **demi-asques hétérogènes**.



Crossing-over entre chromatides 2 et 3

Crossing-over entre chromatides 1 et 3



Crossing-over entre chromatides 2 et 4

Crossing-over entre chromatides 1 et 4

2.3. Notions de liaison et de distance génétique

La liaison entre le gène et son centromère est confirmée par les asques 3, 4, 5 et 6 qui sont produits à chaque fois qu'un crossing over a lieu dans l'intervalle qui sépare le gène du centromère. Si l'on considère les asques post réduits, leur fréquence correspond à la fréquence des C.O. Les C.O étant répartis au hasard sur l'intervalle qui sépare le gène de son centromère, on peut donc évaluer la distance qui les sépare.

2.4. Détermination de la distance (gène-centromère) :

Une formule mathématique permet de calculer cette distance (gène-centromère) qui dépend principalement de la fréquence de Crossing-Over.

$$\text{Fréquence (C.O) entre centromère et gène} = \frac{\text{Nombre d'asques post-réduits}}{\text{Totale des asques}} \times 100$$

$$\text{Distance (gène- centromère)} = \frac{\text{Nb d'asques post-réduits}/2}{\text{Totale des asques}} \times 100$$

On divise le nombre d'asques post-réduits par 02 car seule la moitié des chromatides a subi un C. O (car le C.O touche les 2 chromatides).

Remarque : seule une analyse de tétrades ordonnées permet de mesurer la distance entre un gène et le centromère.

Les cas suivants peuvent être observés :

- Le cas limite étant le gène confondu avec son centromère ($d=0$, pas de C.O, pas de post-réduits)
- Dans le cas de la limite supérieure, le gène est très éloigné de son centromère. On aboutit à une ségrégation indépendante du centromère : le % des post-réduits = $2/3 = 66.66\%$. Dans ce cas, on ne peut pas évaluer la distance gène-centromère.

3. Dihybridisme chez les haploïdes

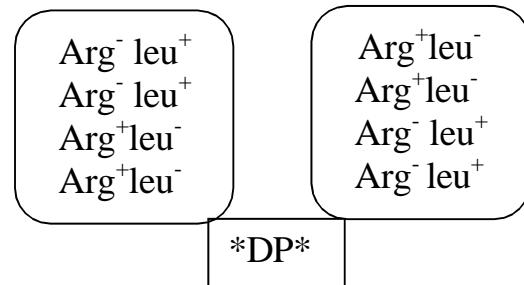
3.1. Analyse des tétrades

Pour les deux caractères génétiques (2 gènes), l'analyse méiotique chez les haploïdes a permis de classer les asques en 3 classes quel que soit le cas des gènes (soit liés ou indépendants)

1^{ier} type d'asque : tous les spores en même phénotype que celui des parents se sont des produits d'une méiose sans crossing-over, on les appelle (**Ditypes parentaux**) (DP)

Exemple : le croisement **Arg⁺ leu⁻ X Arg⁻ leu⁺**

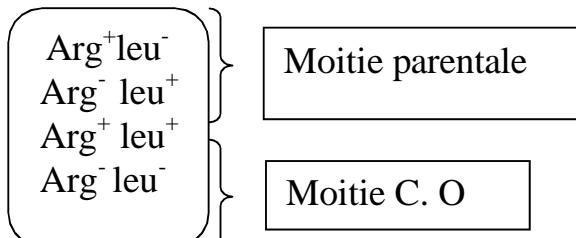
Produit :



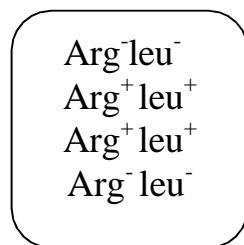
2^{ème} type d'asque : la moitié des spores au même phénotype que celui **des parents** par contre l'autre moitié est **recombinées** c'est-à-dire issue d'un crossing-over, ce type est appelé « **Tétra types** » (**T**).

Exemple : le croisement **Arg⁺ leu⁻** X **Arg⁻ leu⁺**

Produit :



3^{ème} type d'asque : Aucun phénotype parental n'est observé dans les produits de la méiose. Il y a seulement les spores recombinantes. Ils sont subis deux ou plusieurs **C. O.** On les appelle : **Ditypes recombinée (DR)**. Ex. :



3.2. Ségrégation de deux gènes (indépendante ou liés)

L'étude de la transmission de deux caractère chez les haploïdes a permis de trouver des relations mathématiques qui permettent tout d'abord de savoir si les deux gènes sont liés ou non.

1^{ier} cas : les gènes (A/a) et (B/b) sont sur 2 chromosomes différents, **la fréquence de DP égale celle de DR** donc : **les deux gènes sont indépendants**.

2^{ème} cas : les gènes (A/a) et (B/b) sont sur le même chromosome, **la fréquence de DP est trop grande à celle de DR** donc : **les gènes sont liés**.

3.2. Détermination de la distance (gène –gène)

on peut calculer la distance entre gène-gène par la relation suivante :

$$\frac{\Sigma DR + \Sigma T/2}{\text{Totale (DR + DP + T)}} \times 100$$

4. Établissement de la carte génétique

La fréquence de recombinaison peut être utilisée comme mesure de la distance entre 2 gènes sur un chromosome.

01 unité (cM) sur la carte génétique correspond à 1 % de recombinaison ou C. Over et la distance correspond ainsi au pourcentage de la recombinaison Ex : $d/\text{gène-gène} = 10\%$

1 unité = 1%

10 unités = 10%

