

Rappel :

Le brassage intrachromosomique est un brassage des gènes résultant d'un échange de segments chromosomiques entre chromatides homologues, ou « crossing-over », se produisant lors de la prophase I de la méiose.

Le brassage intrachromosomique est un événement rare qui dépend de la distance entre les gènes situés sur un même chromosome. Plus la distance entre les gènes est courte et plus la probabilité d'observer un double phénotype issu d'un événement de brassage est faible.

Du fait de sa rareté, le double phénotype ne pourra donc pas être observé dans tous les tubes lorsque la distance est courte. Il est donc fortement recommandé de comparer plusieurs tubes de naissances.

Exploitation génétique :

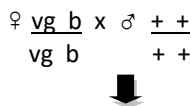
1) Observer les 2 parents P1 (souche Vestigial back : vg b) et P2 (souche Sauvage : +)

Noter les différences : ailes courtes et corps noir chez Vestigial back, ailes longues et corps jaune chez la sauvage.

Poser des questions telles que :

- Les allèles Vestigial et back sont-ils sur le même chromosome ?
- Les allèles Vestigial et back sont-ils proches ou éloignés ?
- Ce ou ces mutations sont-elles récessives ou dominantes par rapport à l'allèle(s) sauvage ?
- Les individus de P1 et P2 sont-ils homo ou hétérozygotes ?

2) Les individus F1 correspondent au croisement d'individu P1 par des P2 qui sont des souches pures



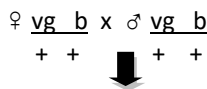
En F1 on obtient donc 100% $\underline{vg} \ \underline{b}$
+ +

♀ \ ♂	+ +	+ +
vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +
vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +

Tous les individus sont donc de phénotype sauvage [+] car

les mutations vg et b sont récessives par rapport à leurs allèles sauvages.

3) Les individus F2 correspondent au croisement d'individu F1 par F1



En F2 on obtient donc à partir de gamètes non recombinés :

1/4 [vg b] ; 3/4 [+]

A partir de gamètes recombinés : 3/12 [vg] ; 3/12 [b] ; 6/12 [+]

Pas de différence entre ♀ et ♂

Sachant que la distance entre les gènes portant les mutations Vestigial et back est de 18.5 centiMorgan, on obtient en réalité dans une même génération les pourcentages d'individus suivant :

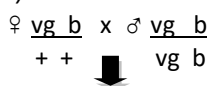
51% [+] ; 1% [vg b] ; 24% [vg] ; 24% [b].

♀ \ ♂	vg b	+ +	vg +	+ b
vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b
+ +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +	+ + + +	+ + vg +	+ + + b
vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg +	+ + vg +	vg + vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b
+ b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b	+ + + b	+ b vg +	+ b + b

3) Les individus B.C. (back cross) sont issus du croisement d'un individu F1 par le parent récessif Vestigial back

C'est ce croisement qui permet de déterminer la distance entre les gènes portant les mutations Vestigial et black :

distance (cM) = somme des % de phénotypes recombinés



En Fbc on obtient donc :

9.25% [vg] } Individus recombinés

9.25% [b] }

40.75% [vg b] } Individus non recombinés

40.75% [+]

♀ \ ♂	vg b	vg b	vg b	vg b
vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg b
+ +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +	+ + + +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + +
vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg +	$\underline{vg} \ \underline{b}$ vg +
+ b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b	$\underline{vg} \ \underline{b}$ + b