

# La Reproduction sexuée, source de diversité

Tous semblables, tous différents



Plus d'informations sur : [www.ladeveloppementdurable.fr](http://www.ladeveloppementdurable.fr)

Roquerie de manchots royaux (*Aptenodytes patagonicus*), Géorgie du Sud, Royaume-Uni.

Photo © Peter Davenport/Agfca



Malgré leur ressemblance, ces jeunes manchots sont tous différents.  
Les parents qui les nourrissent les distinguent et les reconnaissent grâce à leur cri.



Chaque individu d'une même espèce est unique. Pourquoi ? Parce qu'il y a probablement 1,5 milliard d'années est apparue la reproduction sexuée. Avec elle, commence la grande aventure de la sexualité : pour pouvoir se reproduire, les cellules reproductrices des individus doivent désormais se rencontrer. Chez les végétaux, le pollen mûrit part à l'aventure pour rencontrer le geste femelle. Chez les animaux, le mâle quitte souvent son groupe pour rencontrer une femelle la plus éloignée possible de sa propre famille. Grâce à la reproduction sexuée, les nouveaux êtres naissants sont tous différents : ils résultent du mélange hasardeux de certains caractères de leur père et de leur mère. De la différence naît l'innovation.

# La Reproduction sexuée, source de diversité



Souriceaux d'une même portée



Vache ferrandaise faisant téter son veau.



de droite à gauche : Besné Buck, son fils Jocko Besné, son petit-fils Stol Joc

# Rappels du lycée

SCHÉMA BILAN

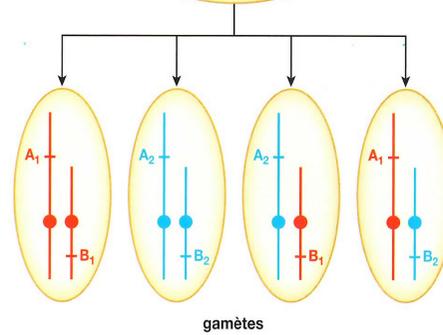
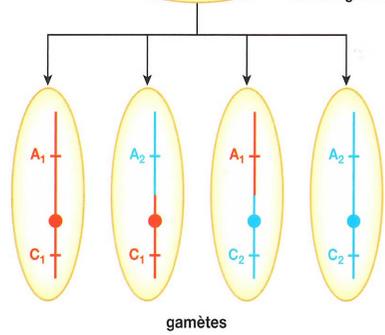
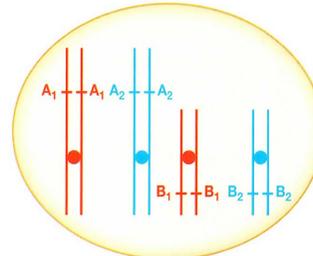
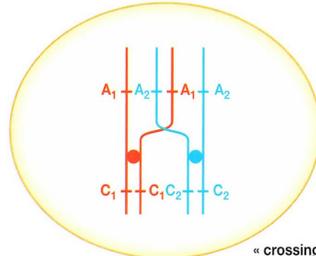
LE BRASSAGE GÉNÉTIQUE ET LA DIVERSITÉ DES GÉNOMES



## La méiose assure un brassage génétique

Brassage intrachromosomique

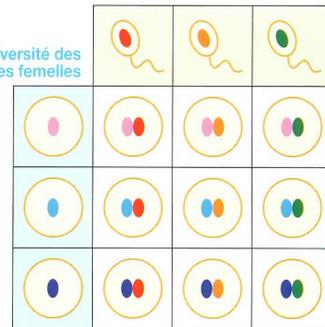
Brassage interchromosomique



## La fécondation amplifie le brassage génétique

diversité des gamètes mâles

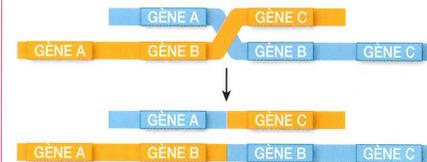
diversité des gamètes femelles



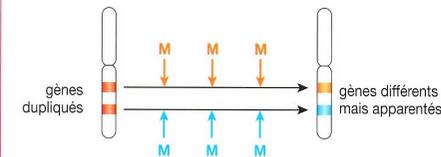
diversité des cellules-œufs  
=  
diversité des gamètes mâles  
x  
diversité des gamètes femelles

## Des anomalies sont source de diversification

Un « crossing-over » inégal à l'origine...  
... d'une duplication de gène

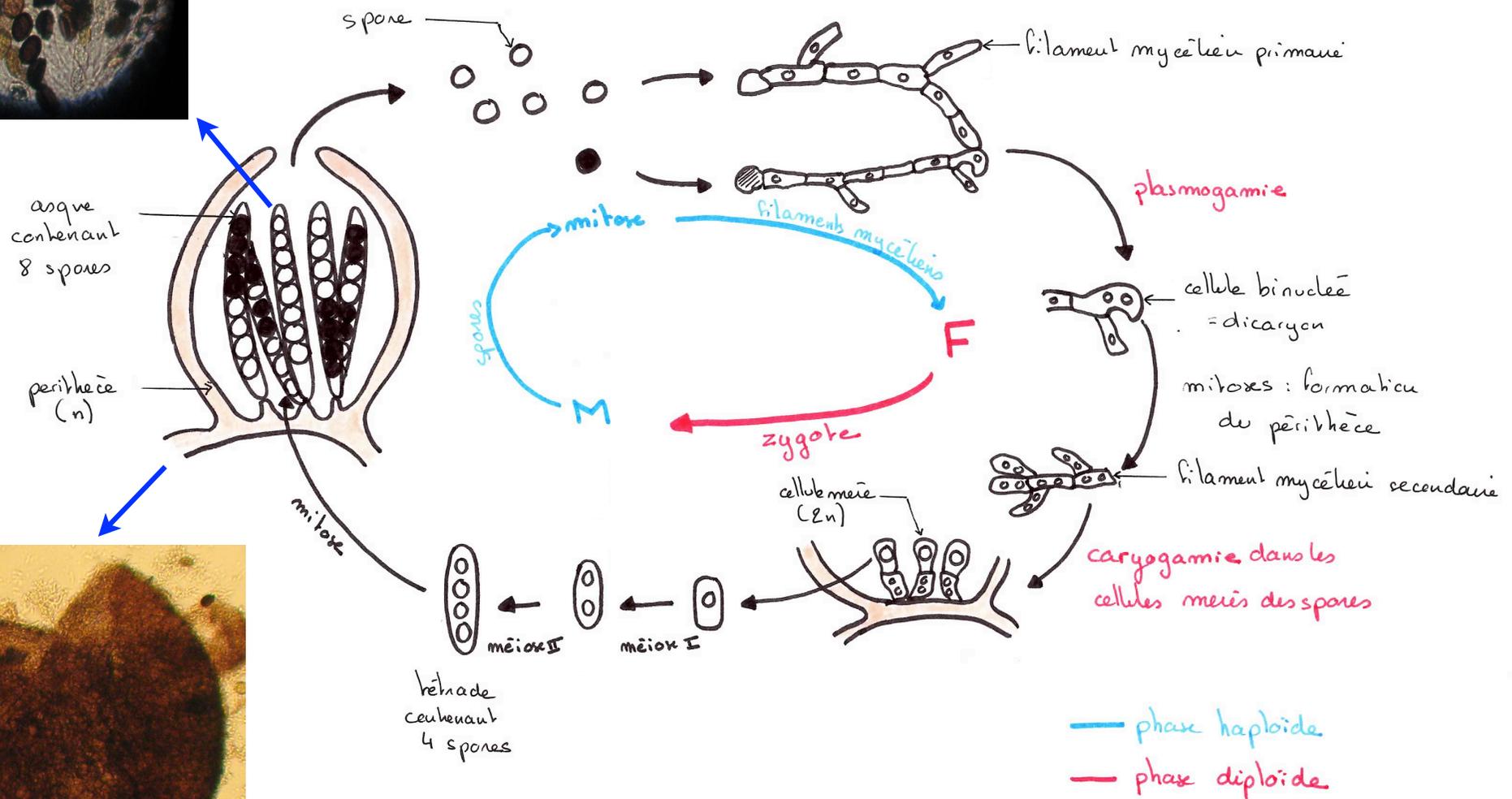
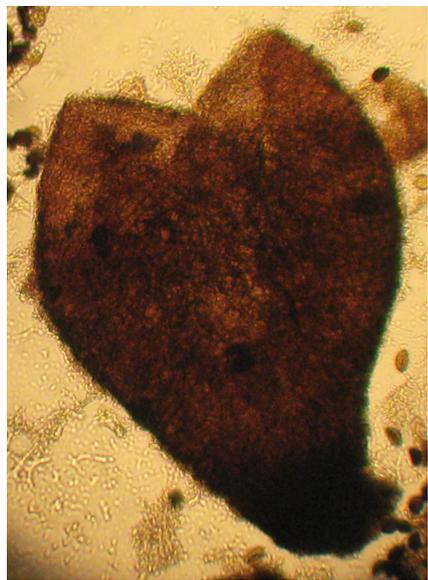
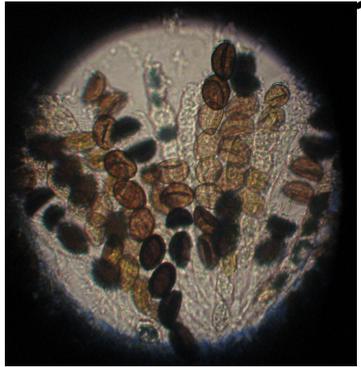


Des gènes dupliqués à l'origine...  
... d'une famille multigénique

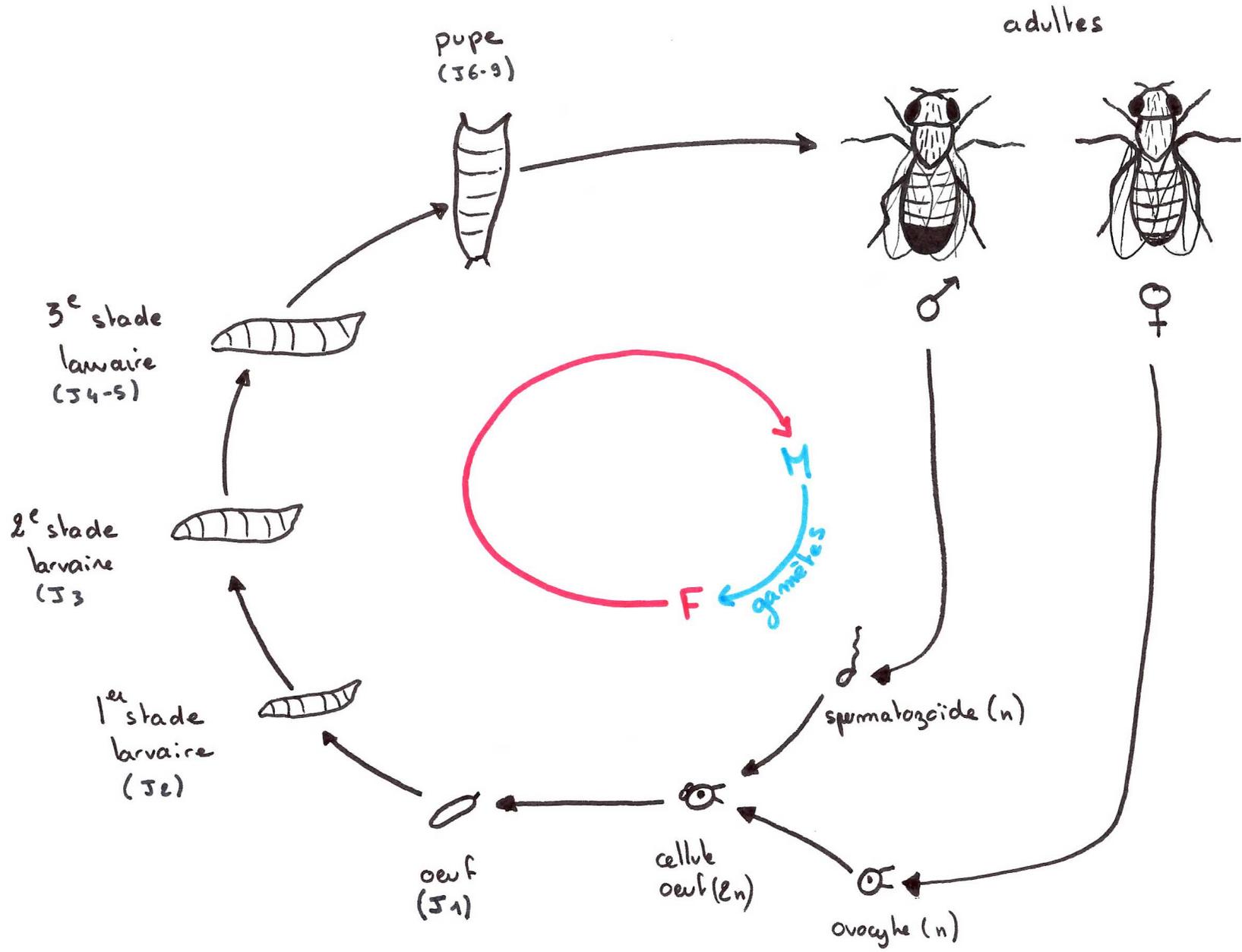


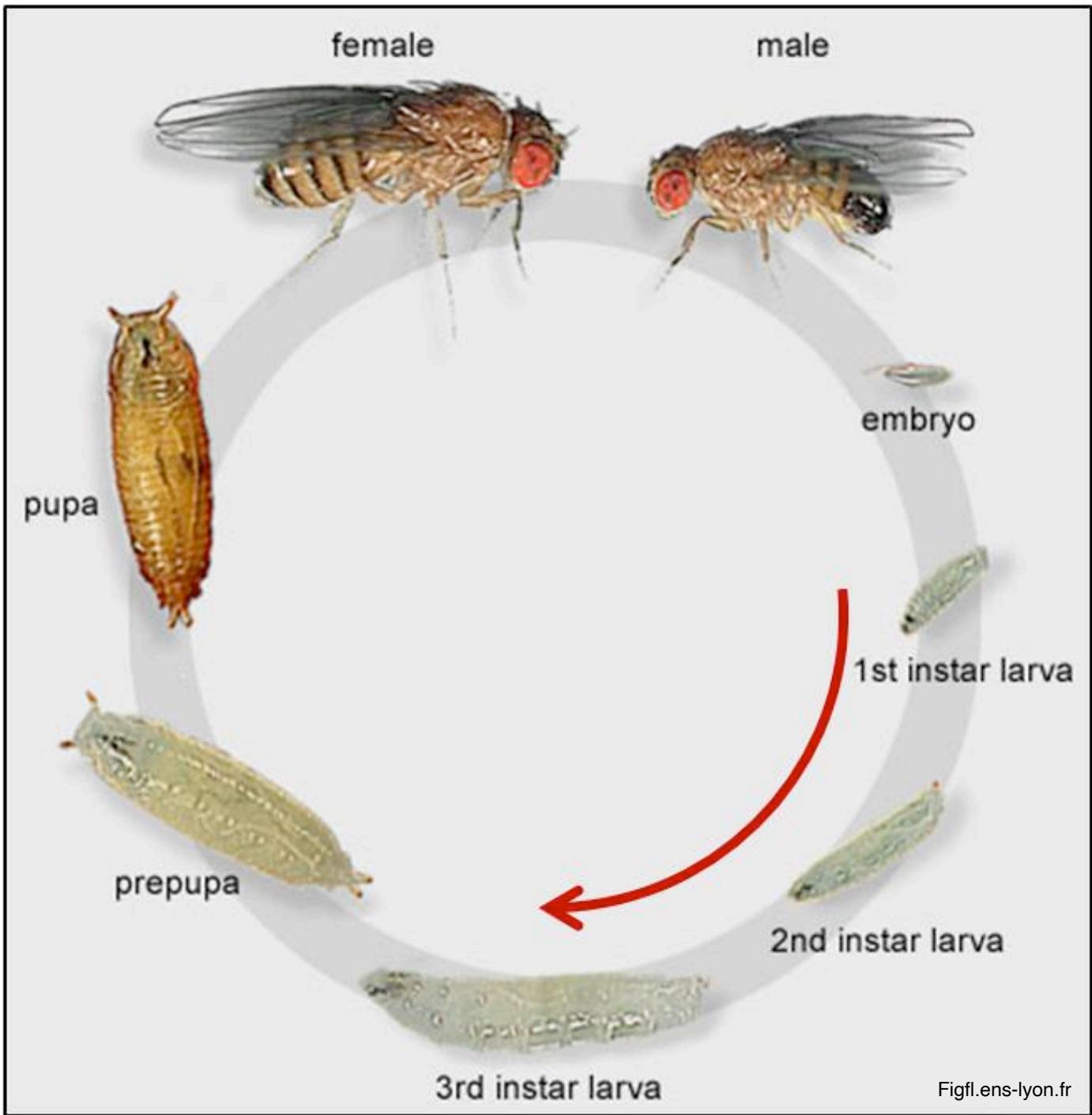
M = mutations ponctuelles

# Cycle de développement de *Sordaria macrospora*

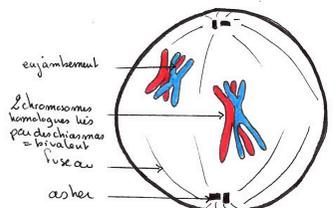


# Cycle de développement de *Drosophila melanogaster*

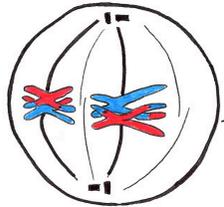




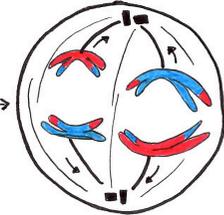
# Méiose d'une cellule animale



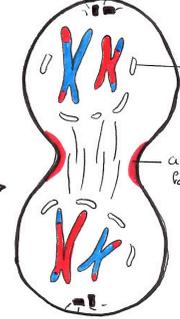
Prophase I :  
recombinaison homologue  
↔ brassage intrachromosomique



Méta phase I :  
chromosomes homologues  
sur la plaque équatoriale



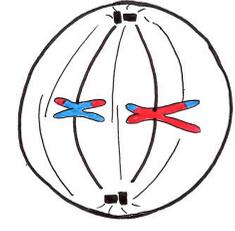
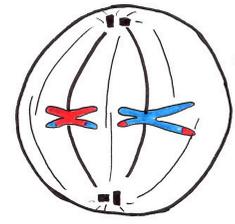
Anaphase I :  
migration des chromatides  
vers les pôles ↔ brassage  
intrachromosomique



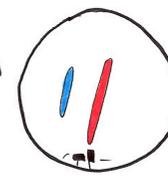
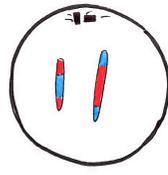
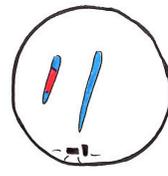
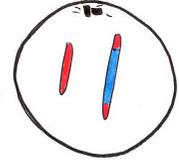
Télophase I :  
formation de l'enveloppe nucléaire  
et début de cytokinèse

enveloppe nucléaire en cours de reformation  
anneau contractile formant un sillon de division

cytokinèse  
+  
Prophase II



métophase II :  
alignement des chromatides  
sur la plaque équatoriale

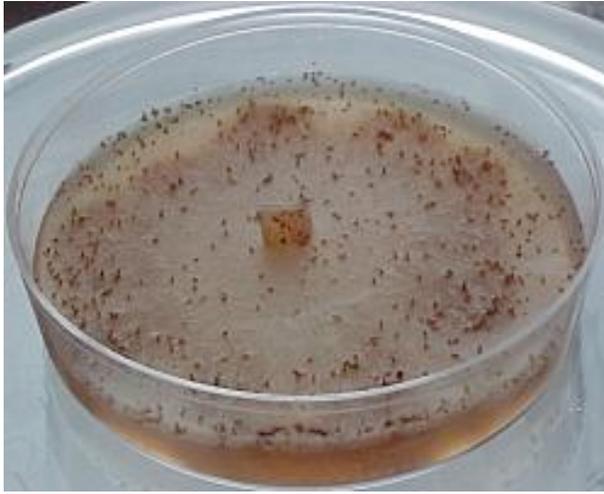


Formation de 4 cellules (n)

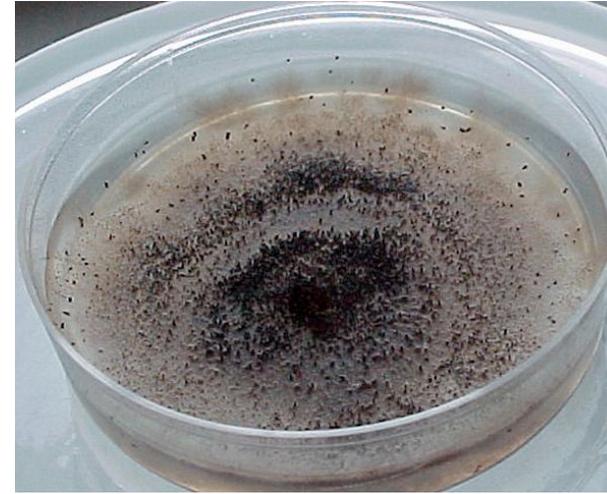
Anaphase II + Télophase II + cytokinèse  
migration des chromatides de  
chaque chromosome vers un pôle  
de la cellule

# Etude de deux croisements chez Sordaria

## Transmission d'un seul gène : monohybridisme



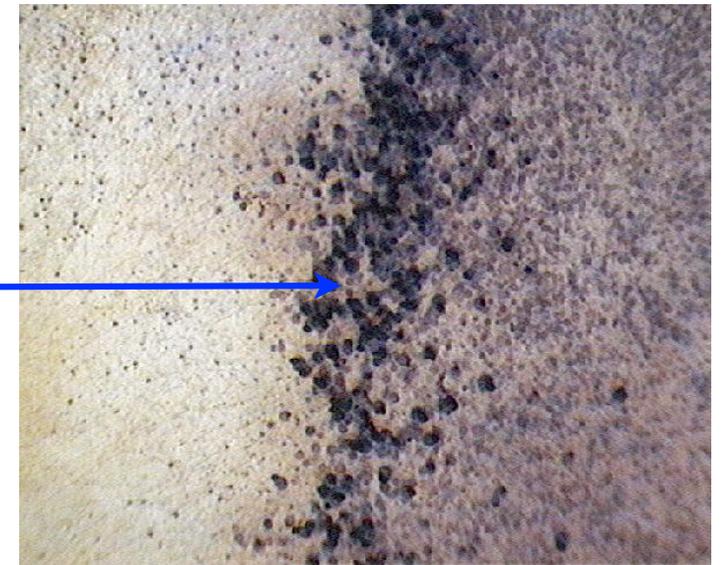
Souche jaune

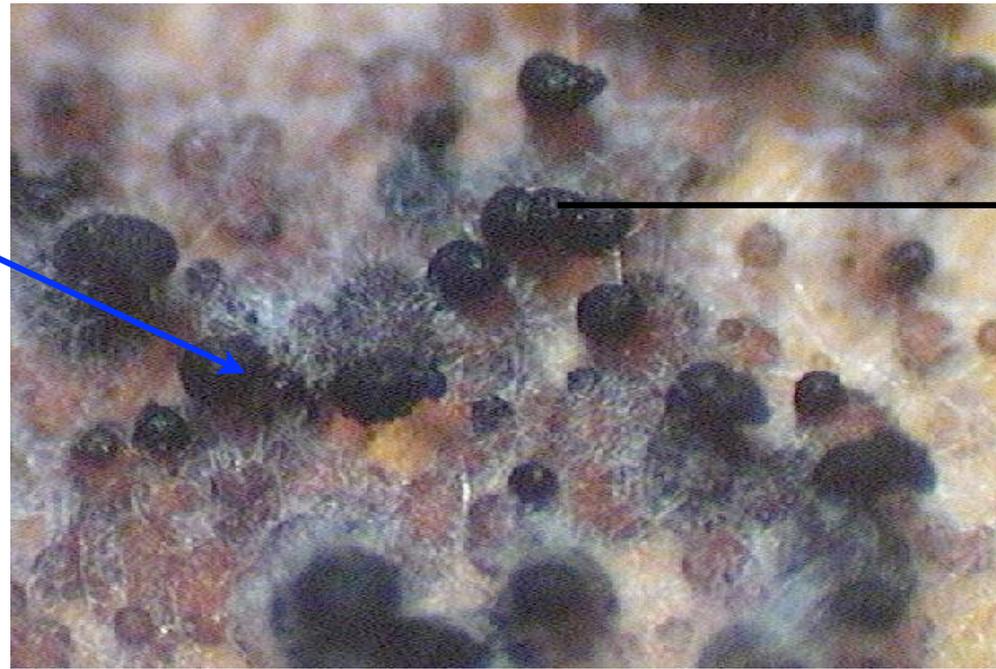


Souche noire

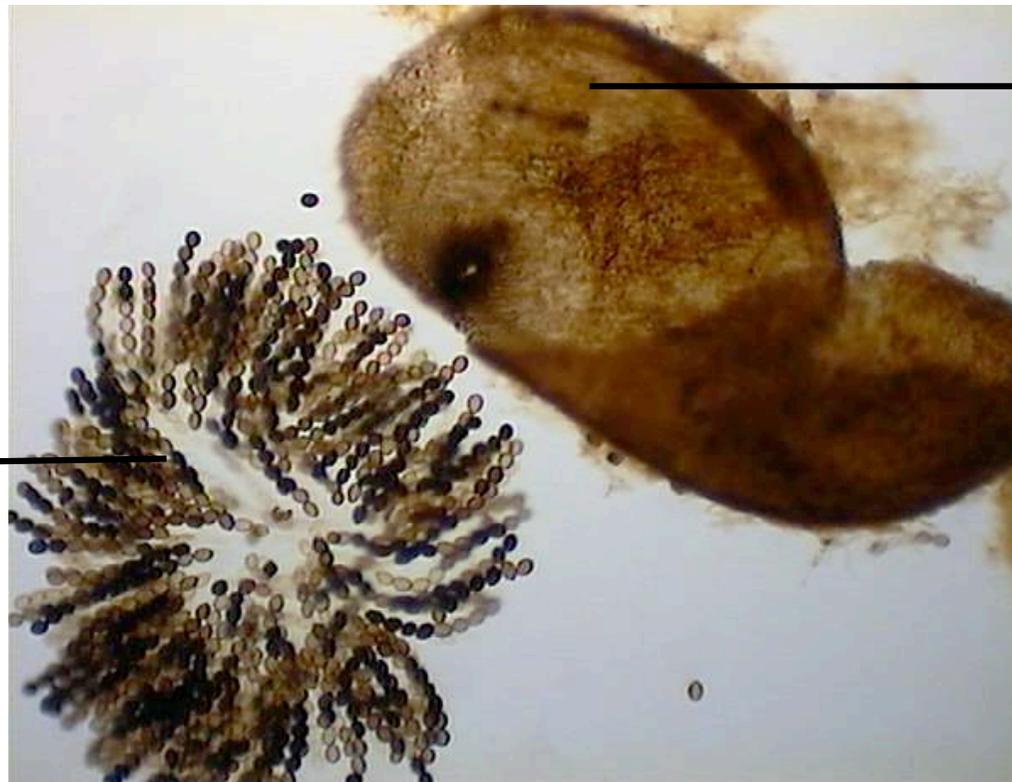


Croisement





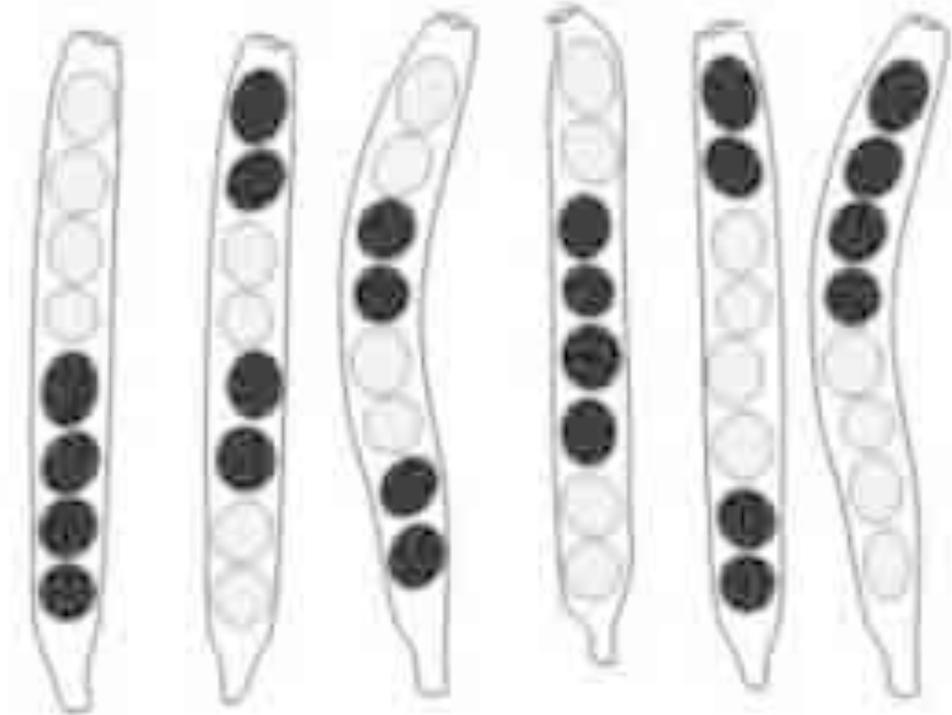
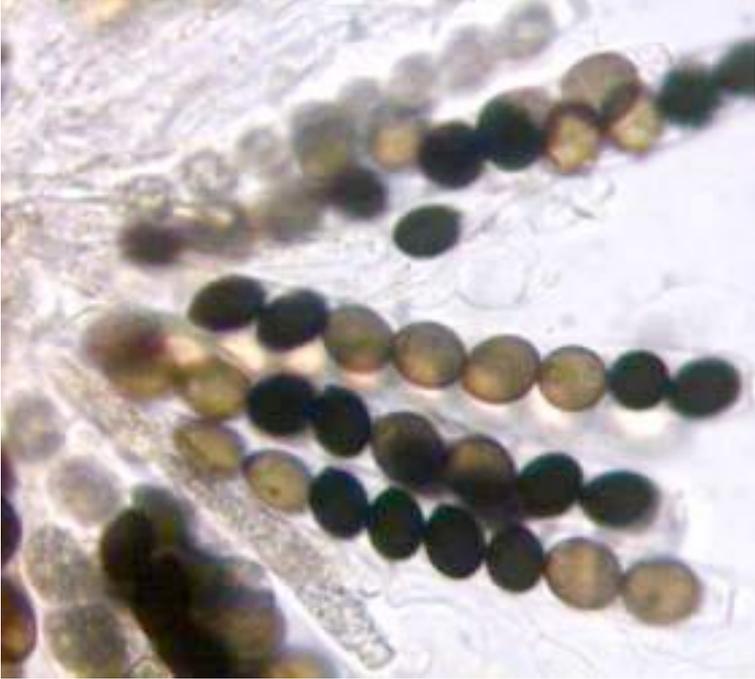
périthèce  
contenant  
des asques



périthèce  
ouvert

asques

# Résultats du croisement (monohybridisme) : souche jaune x souche noire

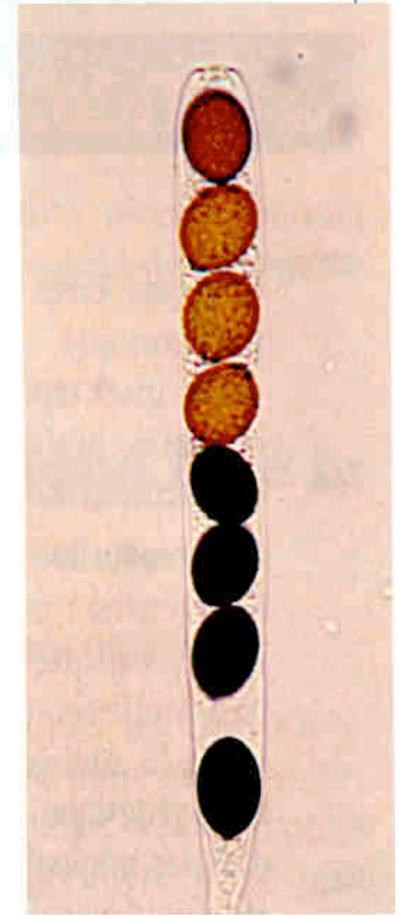
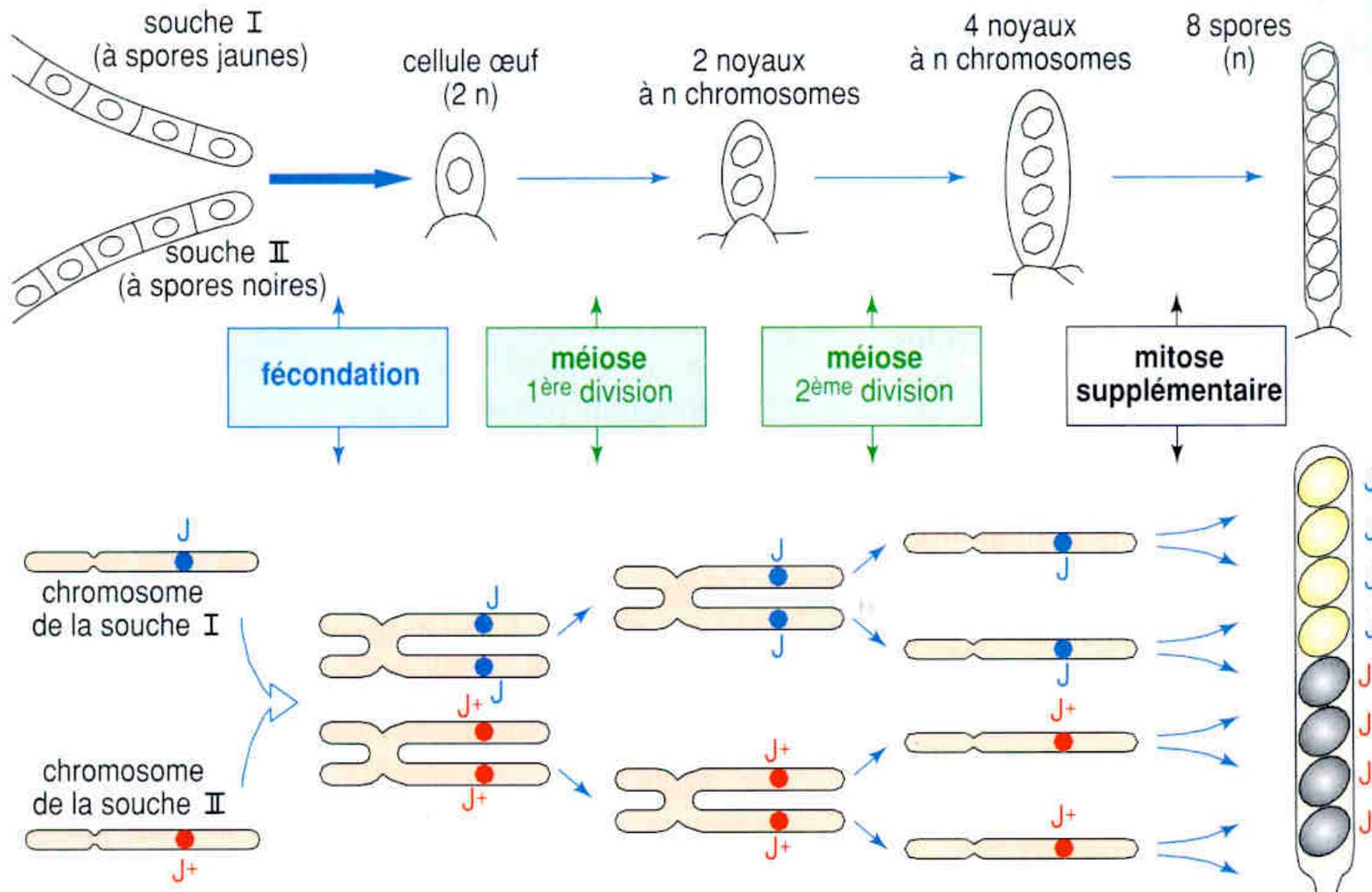


---

## **Prélèvement et observation d'asques de *Sordaria macrospora***

1. Prélever quelques périthèces (les points noirs au centre) à l'aide d'une pince fine. Éviter de prendre de la gélose avec.
  2. En monter quelques-uns entre lame et lamelle dans une goutte d'eau, puis écraser fermement la préparation avec le pouce et un sopalin.
  3. Au microscope, repérer les périthèces, les asques et les filaments mycéliens.
  4. Représenter, par un croquis, tous les types d'asques effectivement présents dans un périthèce que vous choisirez (vous dessinerez à sa place effective dans le périthèce, un asque de chacun des types repérés).
-

# Formation des asques pré-réduits



× 270

Méiose sans CO

Formation des asques postréduits

= méiose avec un CO

Il est donc possible de calculer la distance entre le locus et son centromère :

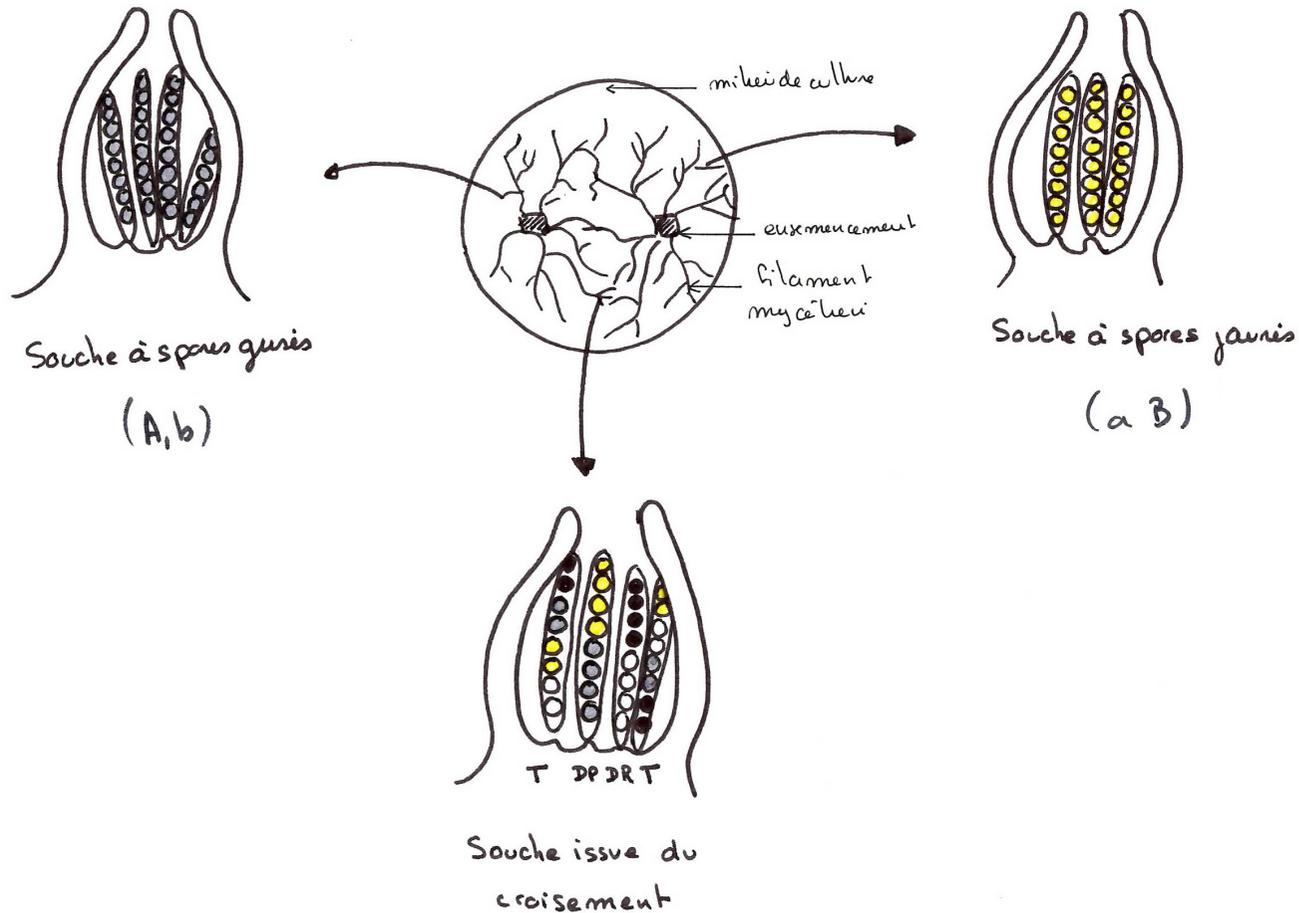
---

**$d(\text{locus A-centromère}) = \% \text{ d'asques postréduits pour le locus A } / 2$**

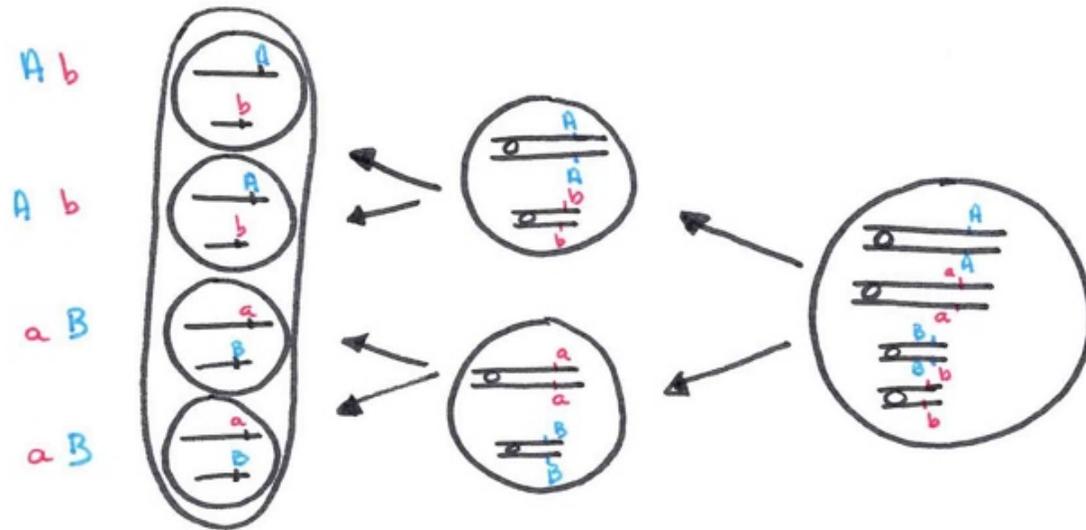
# Résultats du croisement (dihybridisme) : souche jaune x souche noire

Considérons le croisement entre deux souches qui diffèrent par les allèles de deux gènes impliqués dans la coloration des spores

- souche 1 de génotype (a,B) à spores jaunes
- souche 2 de génotype (A,b) à spores grises



# Cas de deux gènes indépendants : DP=DR



DR

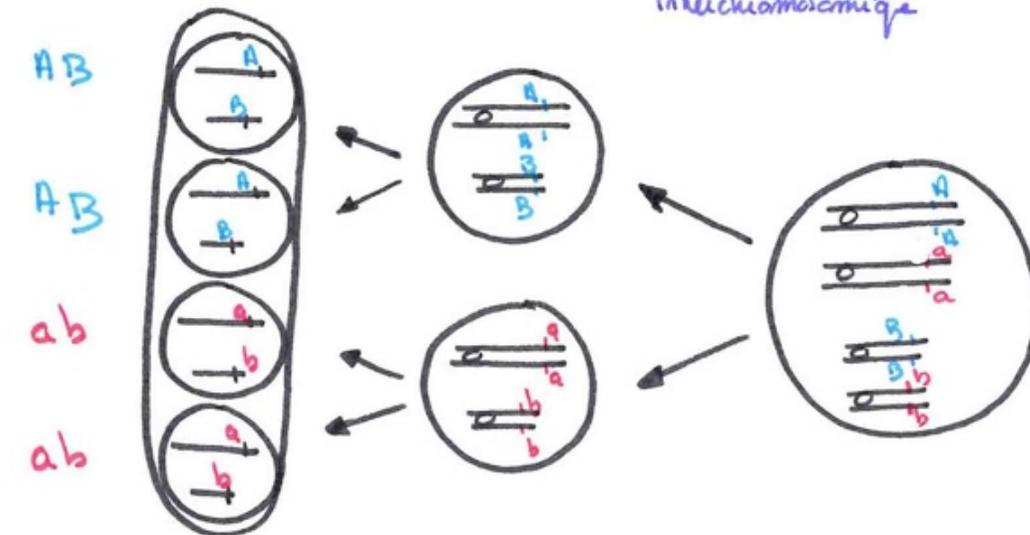
asque péréduit  
pour A et B



Brassage  
interchromosomique

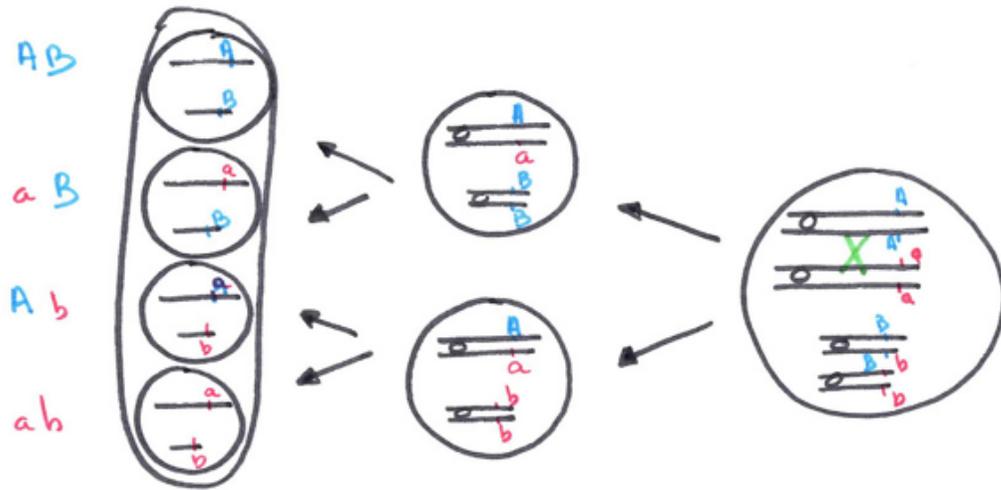
Meiose sans crossing-over.

→ formation de DP



DP

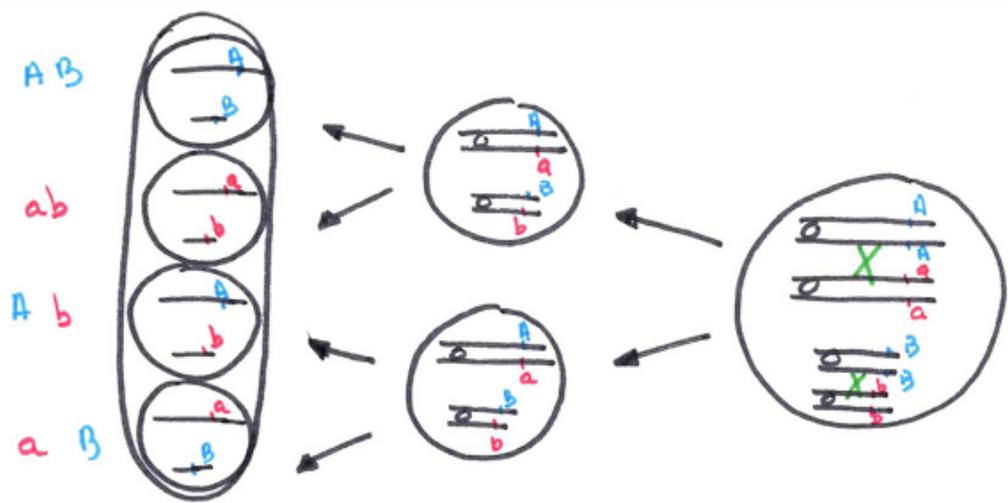
asque péréduit  
pour A et B



Méiose avec 1 crossing-over

→ formation de T

T ascque: post-réduit pour A  
- pré-réduit pour B



Méiose avec 1 crossing over  
pour chaque locus.

→ formation de T, DP, DR en  
fonction de la ségrégation des  
- chromosomes en anaphase I  
- chromatides en anaphase II

T ascque post-réduit pour A  
et B

# Bilan : cas de deux gènes indépendants

---

## ✎ Méthode :

-montrez que les 2 **gènes sont indépendants**

-calculez la **distance** entre chaque **locus** et son **centromère** : cette distance peut être évaluée à partir du pourcentage d'asques post-réduits pour ce locus (en effet plus cette distance est grande et plus la probabilité d'un CO est élevée).

$$d(\text{locus A-centromère}) = \% \text{ d'asques postréduits pour le locus A} / 2$$

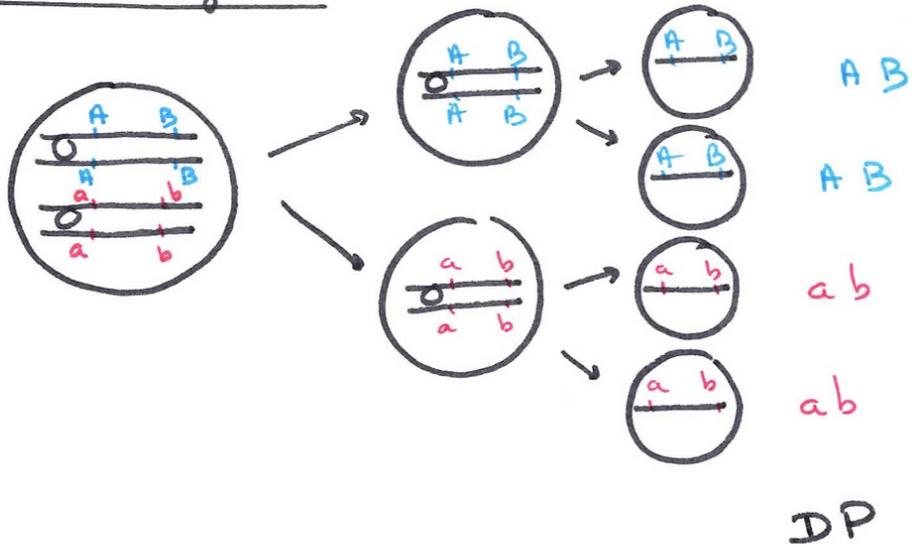
avec  $\% \text{ postréduction locus A} = (\text{asques postréduites pour le locus A}) \times 100 / \text{asques}$

Ceci nécessite d'avoir des résultats sous forme d'asques ordonnés.

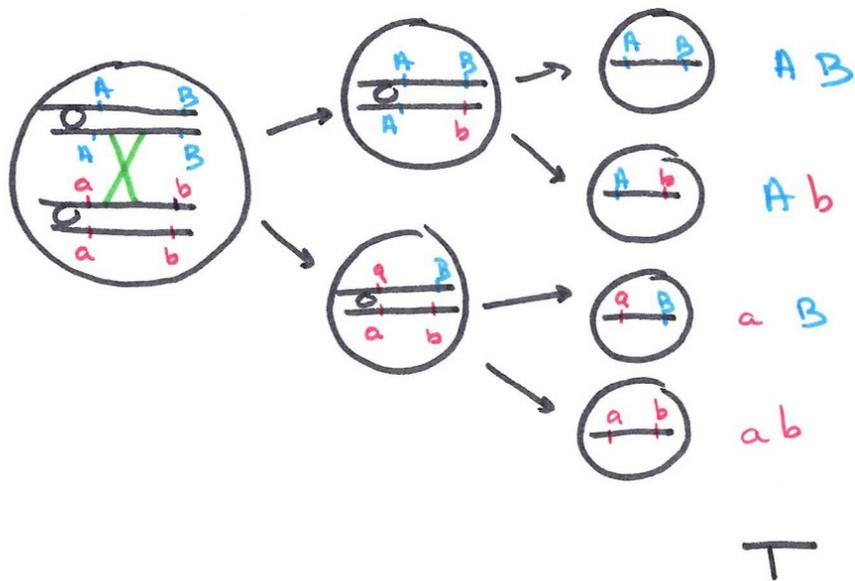
---

# Cas de deux gènes liés : DP >> DR

## • Sans crossing-over

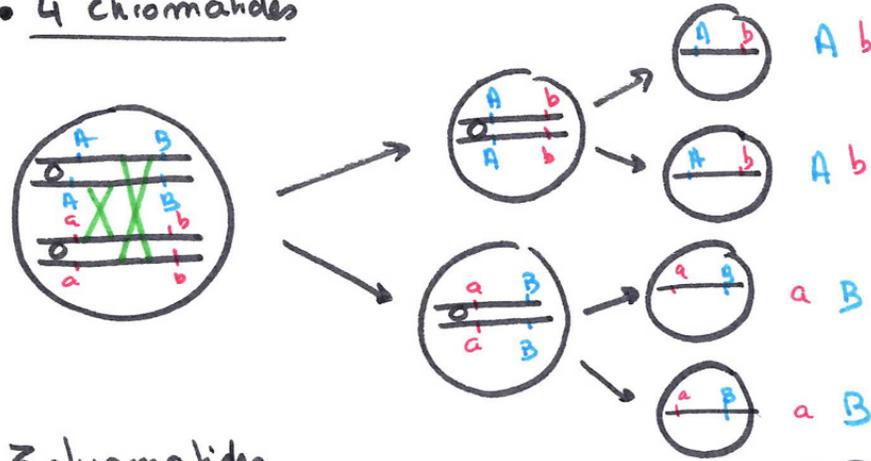


## • Un crossing-over entre 2 locus

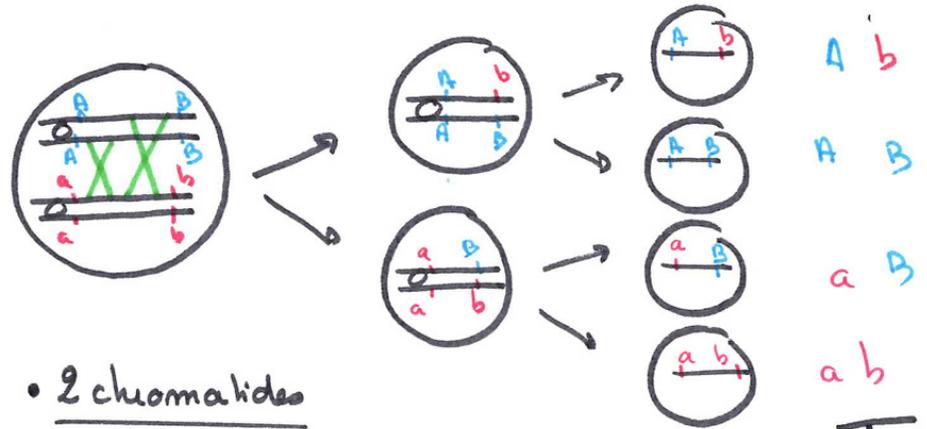


• 2 crossing-over events

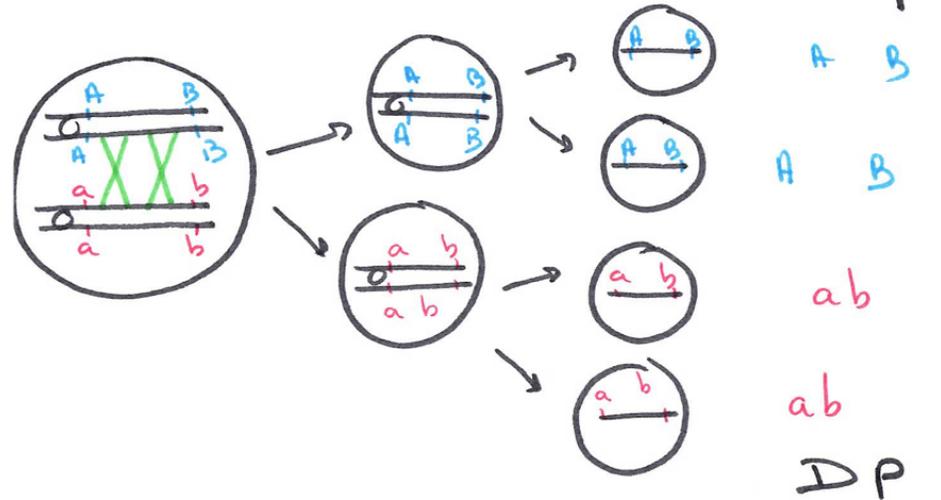
• 4 chromatids



• 3 chromatids



• 2 chromatids



DR

T

DP

# Bilan : cas de deux gènes liés

---

## ✎ Méthode :

- montrez que les 2 **gènes sont liés**
- calculez la **distance** entre les deux locus en utilisant la formule

$$d = (\mathbf{DR} + \mathbf{T}/2) \times 100 / \mathbf{nbre\ d'asques\ totaux}$$

Origine de cette formule (voir partie I) ? La distance est proportionnelle au nombre de CO ayant eu lieu entre les 2 locus (plus les locus sont éloignés et plus la probabilité d'un CO est élevée). On utilise donc le nombre de DP, DR et T puisque chacun résulte d'un nombre différents de CO :

- **ditypes parentaux (DP)** : il n'y a pas de chromatide recombinée (si on ne tient pas compte des cas de CO multiples sur une même chromatide)
  - **ditypes recombinés (DR)** : toutes les chromatides sont recombinées
  - **tératype (T)** : la moitié des chromatides est recombinée
-

# Application

On utilise deux mutants : l'un à spore jaunes [j] et l'autre à spores grises [g].

Premier croisement : mutants x sauvage [n]

Jaune x sauvage				Gris x sauvage			
[j]	[j]	[j]	[n]	[n]	[n]	[n]	[g]
[j]	[j]	[j]	[n]	[n]	[n]	[n]	[g]
[j]	[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]
[j]	[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]
[n]	[j]	[n]	[j]	[g]	[n]	[g]	[n]
[n]	[j]	[n]	[j]	[g]	[n]	[g]	[n]
[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]	[g]
[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]	[g]
204	149	77	73	185	86	43	41

Jaune x sauvage				Gris x sauvage			
[j]	[j]	[j]	[n]	[n]	[n]	[n]	[g]
[j]	[j]	[j]	[n]	[n]	[n]	[n]	[g]
[j]	[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]
[j]	[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]
[n]	[j]	[n]	[j]	[g]	[n]	[g]	[n]
[n]	[j]	[n]	[j]	[g]	[n]	[g]	[n]
[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]	[g]
[n]	[n]	[j]	[n]	[g]	[g]	[n]	[g]
204	149	77	73	185	86	43	41

pré post post post pré post post post

d centromère-locus j = 100. [(194+77+73)/503]/2 = 29,7cM

d centromère-locus g = 100. [(86+43+41)/355]/2 = 23,9cM

## Deuxième croisement : mutant x mutant

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
[j]	[g]	[g]	[n]	[b]	[j]	[n]	[n]	[n]	[j]
[j]	[g]	[g]	[n]	[b]	[j]	[n]	[n]	[n]	[j]
[j]	[n]	[n]	[g]	[j]	[n]	[j]	[b]	[j]	[n]
[j]	[n]	[n]	[g]	[j]	[n]	[j]	[b]	[j]	[n]
[g]	[j]	[b]	[b]	[j]	[b]	[g]	[n]	[b]	[g]
[g]	[j]	[b]	[b]	[j]	[b]	[g]	[n]	[b]	[g]
[g]	[b]	[j]	[j]	[b]	[g]	[b]	[b]	[g]	[b]
[g]	[b]	[j]	[j]	[b]	[g]	[b]	[b]	[g]	[b]
209	47	49	51	49	75	78	36	77	76

‡

11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
[j]	[g]	[g]	[n]	[g]	[n]	[n]	[j]	[n]	[b]
[j]	[g]	[g]	[n]	[g]	[n]	[n]	[j]	[n]	[b]
[g]	[j]	[j]	[b]	[j]	[b]	[n]	[g]	[b]	[n]
[g]	[j]	[j]	[b]	[j]	[b]	[n]	[g]	[b]	[n]
[n]	[n]	[j]	[g]	[g]	[j]	[b]	[g]	[b]	[n]
[n]	[n]	[j]	[g]	[g]	[j]	[b]	[g]	[b]	[n]
[b]	[b]	[g]	[j]	[j]	[g]	[b]	[j]	[n]	[b]
[b]	[b]	[g]	[j]	[j]	[g]	[b]	[j]	[n]	[b]
36	35	17	36	38	36	1	18	17	18

□

## Deuxième croisement : mutant x mutant

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
[j]	[g]	[g]	[n]	[b]	[j]	[n]	[n]	[n]	[j]
[j]	[g]	[g]	[n]	[b]	[j]	[n]	[n]	[n]	[j]
[j]	[n]	[n]	[g]	[j]	[n]	[j]	[b]	[j]	[n]
[j]	[n]	[n]	[g]	[j]	[n]	[j]	[b]	[j]	[n]
[g]	[j]	[b]	[b]	[j]	[b]	[g]	[n]	[b]	[g]
[g]	[j]	[b]	[b]	[j]	[b]	[g]	[n]	[b]	[g]
[g]	[b]	[j]	[j]	[b]	[g]	[b]	[b]	[g]	[b]
[g]	[b]	[j]	[j]	[b]	[g]	[b]	[b]	[g]	[b]
209	47	49	51	49	75	78	36	77	76

#

DP

T

DR

T

T

11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
[j]	[g]	[g]	[n]	[g]	[n]	[n]	[j]	[n]	[b]
[j]	[g]	[g]	[n]	[g]	[n]	[n]	[j]	[n]	[b]
[g]	[j]	[j]	[b]	[j]	[b]	[n]	[g]	[b]	[n]
[g]	[j]	[j]	[b]	[j]	[b]	[n]	[g]	[b]	[n]
[n]	[n]	[j]	[g]	[g]	[j]	[b]	[g]	[b]	[n]
[n]	[n]	[j]	[g]	[g]	[j]	[b]	[g]	[b]	[n]
[b]	[b]	[g]	[j]	[j]	[g]	[b]	[j]	[n]	[b]
[b]	[b]	[g]	[j]	[j]	[g]	[b]	[j]	[n]	[b]
36	35	17	36	38	36	1	18	17	18

T

T

DP

T

DP

T

DR

DP

DR

DR



# I. Gènes liés ou indépendants?

DP >> DR (282 >> 72)  
DONC gènes liés

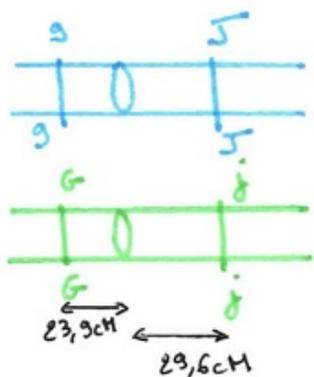
2. Calcul de la distance entre les deux gènes

$$d = (DR + T/2) \cdot 100 / 999$$

$$d = [72 + (645/2)] \cdot 100 / 999$$

39 cM

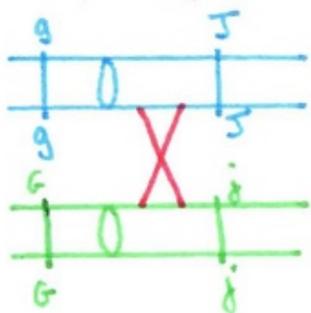
Sans crossing over



gJ [g]  
 gJ [g]  
 gj [j]  
 gj [j]  
 DP

Cas des ascques:  
 1, 13, et 18  
 15

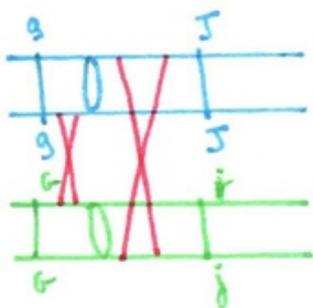
avec 1 crossing over



gJ [g]  
 gd [b]  
 gJ [n]  
 gj [j]  
 T

Cas des ascques:  
 2 à 7, 9 à 12, 14, 16.

avec 1 crossing over à chaque locus



gj [b]  
 gd [b]  
 gJ [n]  
 gJ [n]  
 DR

Cas des ascques:  
 8, 17, 19 et 20

# Test cross chez la drosophile

On dispose de deux souches de drosophiles qui diffèrent par la couleur des yeux et la forme des ailes :

- locus couleur des yeux :  $pr^+$  : rouge et  $pr$  : pourpre
- locus longueur des ailes :  $vg^+$  : ailes normales et  $vg$  ailes vestigiales (= ailes courtes)

Le croisement test se fait entre un hétérozygote de génotype ( $pr^+//pr$  ;  $vg^+//vg$ ) ou ( $pr^+vg^+//pr\ vg$ ) et un homozygote récessif de génotype ( $pr//pr$  ;  $vg/vg$ ) ou ( $pr\ vg // pr\ vg$ ).

Proportions	Phénotype des descendants
165	sauvage
191	Yeux pourpres/ailes vestigiales
23	Yeux pourpres / ailes normales
21	Yeux rouges / ailes vestigiales

Proportions	Phénotype des descendants	Phénotype des gamètes de l'hétérozygote
165	sauvage	(pr <sup>+</sup> vg <sup>+</sup> ) ou (pr <sup>+</sup> ; vg <sup>+</sup> )
191	Yeux pourpres/ailes vestigiales	(pr vg) ou (pr ; vg)
23	Yeux pourpres / ailes normales	(pr vg <sup>+</sup> ) ou (pr ; vg <sup>+</sup> )
21	Yeux rouges / ailes vestigiales	(pr <sup>+</sup> vg) ou (pr <sup>+</sup> ; vg)

On observe **deux catégories majoritaires et 2 minoritaires** : les deux locus sont donc **liés** (ils sont sur le même chromosome).

Déterminer la distance entre les deux locus : elle est égale au **pourcentage de recombinaison** : ici  $d = (23+21)/400 = \mathbf{11cM}$ .

# Dihybridisme chez la drosophile

On réalise le croisement entre deux lignées pures : grise aux ailes longues [G,L] x noire aux ailes vestigiales [n, vg].

Tableau de croisement :

	(G,L)
(n, vg)	(G//n, L//vg) = F1

Croisement entre individus F1 : on obtient :

- - [G,L] : 315 soit 9/16
- [G,vg] : 101 soit 3/16
- [n,L] : 108 soit 3/16
- [n,vg] : 32 soit 1/16

	(G,L)	(G,vg)	(n,L)	(n,vg)
(G,L)	(G//G ; L//L)	(G//G ; vg//L)	(n//G ; L//L)	(n//G ; vg//L)
(G,vg)	(G//G ; L//vg)	(G//G ; vg//vg)	(n//G ; L//vg)	(n//G ; vg/vg)
(n,L)	(G//n ; L//L)	(G/n ; vg//L)	(n//n ; L//L)	(n//n ; vg//L)
(n,vg)	(G//n ; L //vg)	(G//n ; vg//vg)	(n//n ; L//vg)	(n//n ; vg//vg)