INSTITUT INTERAMÉRICAIN DE COOPERATION POUR L'AGRICULTURE

BASES GENETIQUES DE L'AMELIORATION DES PLANTES

par

Dr. ARIEL AZAEL

PUBL. MISC. 559 ISSN-0534-5391

port-au-prince février 1986

L'Institut est l'organisme de l'OEA spécialisé dans le secteur agricole. Il fut fondé en 1942 par les gouvernements américains dans le but d'aider les pays à stimuler et promouvoir le développement rural comme un moyen d'atteindre le développement complet et le bien-être de la population.

INSTITUT INTERAMÉRICAIN DE COOPERATION POUR L'AGRICULTURE

BASES GENETIQUES DE L'AMELIORATION DES PLANTES

par

Dr. ARIEL AZAEL

PUBL. MISC. 559 ISSN-0534-5391

port-au-prince février 1985

L'Institut est l'organisme de l'OEA spécialisé dans le secteur agricole. Il fut fondé en 1942 par les gouvernements américains dans le but d'aider les pays à stimuler et promouvoir le développement rural comme un moyen d'atteindre le développement complet et le bien-être de la population.

00000596

PREFACE

La Représentation de l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture en Haiti est heureuse de présenter aux Professionnels du Secteur Agricole les "Bases Génétiques de l'Amélioration des Plantes" préparées par le Dr. Ariel Azael, Spécialiste en Phytotechnie de l'IICA.

Cet ouvrage précède et complète l'"Introduction à la Sélection Végétale" élaborée par le même auteur en 1983.

Cette nouvelle publication de la Représentation de l'Institut Interaméricain de Coopération pour l'Agriculture en Haiti constitue un effort additionnel de l'IICA dans le cadre de sa coopération avec le Gouvernement Haitien et les Institutions du Secteur Agricole pour élargir la base d'information du Secteur et améliorer la capacité technique et administrative des entités nationales dont l'action est orientée vers le développement agricole et rural.

La Représentation de l'IICA en Haiti félicite une fois de plus le Dr. Ariel Azael d'avoir su utiliser le même language clair et précis pour présenter les "Bases Génétiques de l'Amélioration des Plantes" appelées à rendre de grands services à la Communauté scientifique d'Haiti.

Dr. Percy Athlan-Sparks
Représentant Résident
de l'IICA en Haiti

C O N T E N U

A mon épouse,

Marie Bastianie,

A mes fils, Ariel R.,

Alain et

Abel B.

AVANT-PROPOS

L'Amélioration Génétique des Plantes Cultivées n'est pas un art. Elle est une science. De préférence, elle est une application des sciences agronomiques et génétiques à une fin pratique: celle de créer chez les plantes que l'homme cultive une structure génique qui leur confère les meilleures performances dans les meilleurs environnements.

L'Amélioration des Plantes est la Génotechnie. Elle présuppose du Sélectionneur une connaissance approfondie des gènes, des structures qui les portent, de leur nombre, de leur distribution nucléaire et cytoplasmique, de leur ségrégation et mode d'action, de leurs effets synergiques ou antagonistes; des processus de régulation de l'information génétique.... et j'en passe.

C'est un peu-oui un peu-de tout cela que je parle dans ces Bases Génétiques de l'Amélioration des Plantes.

Si j'utilise parfois un language d'informaticien, voire d'électronicien, c'est simplement pour montrer au lecteur non averti que les lois qui s'appliquent au transfert et contrôle d'information dans les systèmes digitaux ou analogiques sont essentiellement les mêmes que dans les systèmes biologiques. Il n'y a, comme dirait l'autre, qu'une différence d'organisation de la matière.

Etant donné que les systèmes organisés ont des boucles de feed-back, l'Auteur se sentirait flatté de pouvoir recevoir du feed-back non point positif-comme on le croit-mais négatif. Car seul le feedback négatif évite les phénomènes de distortion du moi.

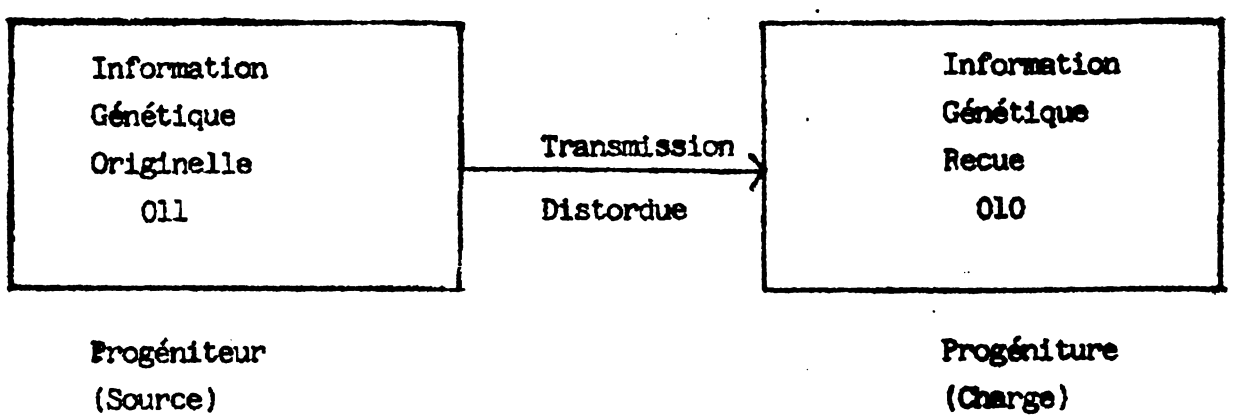
1.1 Le concept de phénotype

S'il vous arrive de visiter quelques rizières à la Vallée de l'Artibonite-je vous recommande une telle promenade génétique-vous vous rendriez compte qu'il n'existe pas deux plantes identiques pour une caractéristique donnée. Considérons-si vous le voulez bien- un organe quelconque: la feuille par exemple. Ne remarquez-vous pas que certaines plantes ont des feuilles à limbe lisse, tandis que d'autres ont des feuilles à limbe rugueux. Regardez maintenant les bases des tiges. Chez certains plantes, les bases sont vertes, alors qu'elles sont brunes chez d'autres. Ne remarquez-vous pas que certaines plantes ont plus de talles que d'autres? Quant aux graines, elles peuvent être courtes, longues, sans arête, avec arête; à un autre niveau, elles peuvent contenir beaucoup d'amylose ou très peu d'amylose, une teneur élevée ou faible en lysine etc. Certaines plantes peuvent être résistantes à la pyriculariose,tandis que d'autres sont susceptibles à la maladie; ici, vous voyez des plantes à chaume court; là, des individus à chaume long.

Toutes ces caractéristiques anatomiques (hauteur des plantes, longueur des graines, aristation des enveloppes du caryopse, pubescence des feuilles), physiologiques (coloration de la tige), biochimiques (susceptibilité ou résistance à la pyriculariose, teneur en lysine, amylose) ou autres, sont désignées par le terme de phénotype. Celui-ci peut indiquer une caractéristique quelconque (par exemple croissance arbustive ou volubile du haricot commun) ou un ensemble de caractéristiques quelconques-par exemple canne à sucre à tige cireuse , à forte teneur en saccharose et résistante au charbon) ou encore toute la plante elle-même- par exemple le phénotype "Mondo Novo" chez le caféier, le phénotype"Madame Gougousse"chez le riz.

1.2 Le phénomène de l'hérédité

Un dicton haitien dit, à juste titre:"Jouroumou pa donnin Kalebasse". Voilà illustré le phénomène de l'hérédité spécifique. Mais réfléchissons un peu, voulez-vous? Si, de génération en génération, le giraumon donne naissance à du giraumon, quel que soit l'environnement dans lequel se développent les plantes, il est évident que chaque plante du potiron détient une information spécifique qu'elle transmet sans distorsion aucune à sa progéniture. L'hérédité est donc le phénomène par lequel un progéniteur transmet à sa progéniture une information dite génétique qui assure entre eux un certain degré de ressemblance phénotypique. Lorsqu'il s'agit de transfert d'information d'une source (progéniteur) à une charge (progéniture), on doit toujours s'attendre à ce que le code informationnel puisse subir quelques distorsions (variations) (voir schéma ci-dessous)

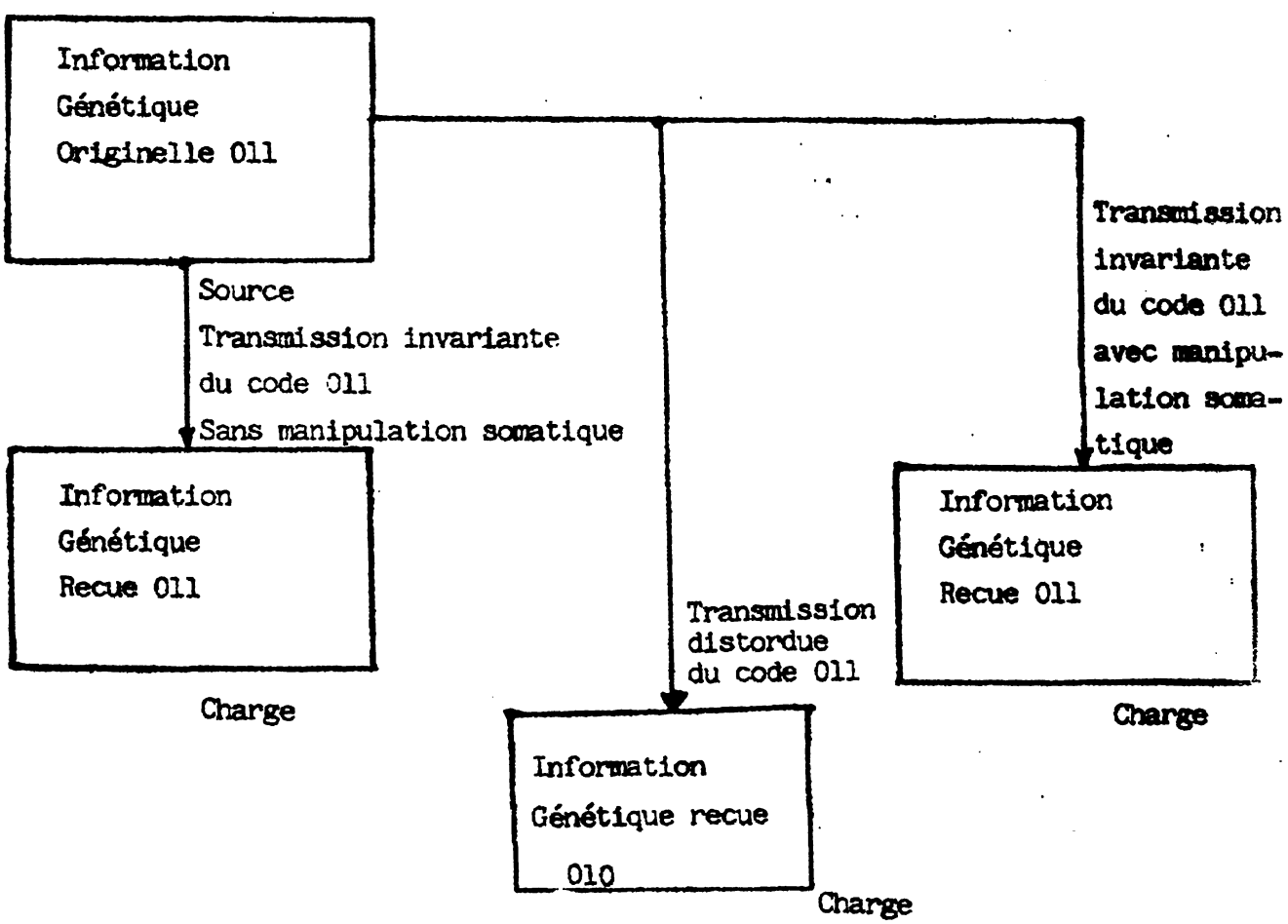


Lorsque ces variations de l'information génétique-appelées mutations génétiques se produisent chez le haricot commun par exemple, il se peut qu'un phénotype original à deux cotylédons (information 011) donne une progéniture à trois cotylédons (information 010) (voir Azael 1976). Ainsi donc on aurait chez le haricot commun deux phénotypes, savoir:

PHENOTYPE A	PHENOTYPE B
Graine à deux cotylédons	Graine à trois cotylédons

Le phénomène est héréditaire parce qu'il résulte d'une variation opérée au niveau de l'information génétique.

Prenons maintenant un individu de phénotype A (graines à deux cotylédons). Enlevons-lui,avec toute la prudence nécessaire, un cotylédon. Nous avons en toute évidence un autre phénotype, soit C, graine à un cotylédon. Lorsque nous aurons récolté des semences issues de C comme progéniteur, nous constaterons que toute la progéniture sera formée d'individus de phénotype A. En toute évidence, la variation opérée au niveau du phénotype A n'a provoqué aucune variation du code génétique 011, lequel a été transmis tel quel. Ainsi donc lorsqu'il n'y a pas de variation de l'information génétique, on parle de mutations somatiques. Ces réflexions nous amènent à visualiser de la manière suivante le phénomène de l'hérédité



1.3 La méthode génétique

En électronique, on entend par bruit (noise) toute information étrangère superposée à l'information de référence. Ainsi quand vous parlez au téléphone avec quelqu'un qui vous dit "Allo" (information de référence) et qu'un autre intervenant décroche son appareil pour dire "Bonjour Ariel", on dit qu'un bruit (Bonjour Ariel) est superposé au message. On peut donc dire que les mutations somatiques (information non génétique) sont pour le code génétique ce que le bruit est au signal électrique.

En conséquence, la toute première démarche du généticien qui veut étudier l'hérédité d'un phénotype est de s'assurer que celui-ci dépend en grande partie de l'information génétique-on dit aussi génotype-de l'individu et très peu ou pas du tout de l'environnement dans lequel il se développe. Un test convenable consiste à soumettre l'individu à des environnements E1, E2 En et d'étudier l'expression du phénotype, comme par exemple dans le schéma ci-dessous:

PHENOTYPE	ENVIRONNEMENT	EXPRESSION DU PHENOTYPE
Résistance du haricot à l'anthracnose	Kenscoff	Résistance totale
"	Furcy	Susceptibilité totale

Dans cet exemple, la conclusion est que l'individu en question n'est pas résistant à l'anthracnose, puisque son phénotype varie avec l'environnement. Sa résistance apparente à Kenscoff vient peut-être du fait que le champignon de l'anthracnose n'a pas eu les basses températures nécessaires à son développement. Si, au contraire, on a le schéma

PHENOTYPE	ENVIRONNEMENT	EXPRESSION DU PHENOTYPE
Résistance du haricot à l'anthracnose	Kenscoff	Résistance totale
"	Furcy	Résistance totale
"	Thiotte	Résistance totale

Il est évident que le phénotype en question dépend entièrement ou presque d'une information génétique, d'un génotype.

Dès que le généticien s'est assuré qu'un phénotype est héritable (naturellement à des degrés divers,)il se met à la recherche du phénotype complémentaire, par exemple

PLANTE	PHENOTYPE NORMAL	PHENOTYPE COMPLEMENTAIRE
Riz	Forte capacité de tallage	Faible capacité de tallage
Haricot	Position intermédiaire des gousses sur la tige	Position basse des gousses sur la tige
Mais	Spathes recouvrant entièrement l'épi	Spathes ne recouvrant pas entièrement l'épi
Sorgho	Résistance à la Cécidomyie	Susceptibilité à la Cécidomyie

En général, la nature-notre mère-fournit par mutation les deux phénotypes. Mais rien n'empêche au généticien de les induire lui-même.

La troisième étape de la méthode génétique consiste à croiser les deux phénotypes normal et complémentaire. En général, il est recommandé d'effectuer des croisements réciproques:

L'étape finale consiste à étudier la composition phénotypique des générations filiales F1, F2.....Fn, et de formuler et de tester des hypothèses quant à la nature du code génétique (= information génétique= génotype) responsable de l'expression des phénotypes.

1.4 Divisions de la Génétique

Un premier critère de division de la Génétique est donné par le mode de distribution du phénotype. Quand celui-ci s'exprime par un mode tout ou rien, on dit que le phénotype a une distribution discrète. Par exemple: feuilles pubescentes versus feuilles non pubescentes chez le riz. C'est la Génétique Qualitative qui étudie l'hérédité de tels modes de distribution phénotypique.

Si, au contraire, le phénotype en question s'exprime par un domaine continu comme rien, un petit peu, un peu, beaucoup, passionément, on dit qu'il a une distribution continue. Dès lors on fait appel à la Génétique Quantitative ou Génétique des Populations pour étudier l'hérédité de tels modes de distribution phénotypique.

Quand enfin le généticien s'intéresse non point tant au phénotype qu'à l'information génétique qui le sous-tend, quand il cherche à déterminer le code moléculaire responsable de l'expression phénotypique et les processus de régulation automatique ou non automatique du code, on dit qu'il fait de la génétique moléculaire.

Etant donné que n'importe quel type d'information peut être traduit en signal électrique équivalent, le généticien moléculaire peut toujours adjoindre un ordinateur comme support informatique à ses études, auquel cas on dit qu'il s'adonne à l'informatique génétique.

Exercices

1. Vous connaissez certainement chez le haricot le phénotype "Manzè joute" et le phénotype "7 séminn". Enumérez:

   a. quelques caractéristiques discrètes qui les distinguent?

   b. quelques caractéristiques à variation continue qui les distinguent?

2. Combien de codes à 2 bits (=binary digits) pouvez-vous former avec les états 0 et 1?

3. Soient 4 acidés animés: lysine, méthionine, cystine et cystéine Pouvez-vous coder leur synthèse avec les états 0 et 1?

4. Comment appelle-t-on l'opération inverse du codage?

5. Soit le code 010. Combien de mutations différentes de ce code peut-on avoir

6. Soit le phénotype normal: teneur élevé en azadirachtine « chez le neem. quel est le phénotype complémentaire?

7. Soit un état 0 et son complémentaire 1. Quelles sont les combinaisons différentes de ces états?

8. Supposez les codes

   00 = lysine
   01 = méthionine
   10 = cystine
   11 = cystéine

   On combine deux acides animés tels lys et mét pour former un dipeptide dont le code est 0001. Quel dipeptide est synthétisé si au niveau du code 0001, la mutation 1001 apparâit.?

9. On a 20 acides animés: lys, met.....

   On a aussi un vocabulaire de 4 lettres A, G, C et T pour les codes. Quelle est la longueur minimale de chaque code?

10. Ce codage est-il univoque?

2.1 L'hérédité monogénique

Soit un phénotype A = résistance du haricot commun à l'anthracnose et soit le phénotype complémentaire $\bar{A}$ = susceptibilité du haricot commun à l'anthracnose. Réalisons le croisement.

$$A♀ \times \bar{A}♂$$

Appelons P1 la génération parentale, On a:

$$P1 = A♀ \times \bar{A}♂$$

Après semis des graines issues du croisement, nous constatons que : tous les individus de la génération filiale F1 ont le phénotype $\bar{A}$

Donc: $F1 = 100\% \bar{A}$

Laissons maintenant les individus F1 s'autoféconder. A la deuxième génération filiale F2, on a:

$$F2 \approx 75\% \bar{A} + 25\% A$$

Récapitulons:

$$P1 = A♀ \times \bar{A}♂$$
$$F1 = 100\% \bar{A}$$
$$F2 = 75\% \bar{A} + 25\% A$$

Un peu de terminologie avant de continuer:

- <u>Phénotype dominant</u>: le phénotype qui apparait à la F1 (Ex. $\bar{A}$)
- <u>Phénotype récessif</u>: le phénotype qui n'apparait pas à la F1 (Ex. A)

Maintenant posons-nous la question: quelle est la nature du code génétique responsable de l'expression des phénotypes A et $\bar{A}$?

Hypothèse: Soit 010 le code génétique (= le codon) en question. Chaque individu diploide détient deux copies <u>fac simile</u> du codon. Soit donc

Phénotype	Codon
A	010
	010

Le phénotype complémentaire $\bar{A}$ a un codon muté, par exemple 011.
Soit donc:

Phénotype	Codon
$\bar{A}$	$\boxed{011}$
	$\boxed{011}$

Remplacons dans notre croisement les phénotypes par leurs codons respectifs. On a:

$$P1 = \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{010}\end{matrix} \times \begin{matrix}\boxed{011}\\ \boxed{011}\end{matrix}$$

A la méiose, chaque parent passe, par l'intermédiaire des gamètes, une copie (= un allèle) du codon (= gène) à ses fils. On a donc:

$$\text{Méiose } G1 = \boxed{010} \times \boxed{011}$$

Le F1 est $F1 = \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{011}\end{matrix}$

Les individus de la F1 n'ont pas deux codons identiques. On dit qu'ils sont hétérozygotes, par rapport aux parents qui sont homozygotes. De plus, puisque tous les individus de la F1 ont le phénotype $\bar{A}$, il est évident que la copie (= l'allèle) 011 est dominant sur la copie 010.

Maintenant, on a:

$$P2 = \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{011}\end{matrix} \times \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{011}\end{matrix}$$

$$G2 = \begin{matrix}010\\ +\\ 011\end{matrix} \times \begin{matrix}010\\ +\\ 011\end{matrix}$$

$$P2 = \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{010}\end{matrix} + \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{011}\end{matrix} + \begin{matrix}\boxed{010}\\ \boxed{011}\end{matrix} + \begin{matrix}\boxed{011}\\ \boxed{011}\end{matrix}$$

Tenant compte de la dominance des copies 011 sur les copies 010, on a:

$$P2 = 25\% \ A + 75\% \ \bar{A}$$

Cette hypothèse confirme les résultats des croisements. Aussi doit-elle être acceptée: la réaction du haricot commun à l'anthracnose a une hérédité qui ne dépend que d'un seul codon. On dit qu'elle est monogénique.

En lieu et place des codons, on peut utiliser des lettres, par exemple:

$$cc = \boxed{011}\,\boxed{011}$$

$$CC = \boxed{010}\,\boxed{010}$$

Nos croisements peuvent alors s'écrire:

P1 = cc x CC

G1 = c X C

P1 = Cc

P2 = Cc X Cc

G2 = C X C
↓ ↓
c c

P2 = 25% cc + 75% C-

2.2 Le test du chi carré (= X^2)

Le croisement imaginaire que nous venons d'effectuer avec le haricot commun Phaseolus vulgaris, Gregor Mendel, le père de la Génétique Qualitative, l'avait réalisé sur le petit pois, Pisum sativum. Il avait, par exemple, croisé des petits pois à graines lisses et à graines ridées.

P1 = graines lisses X graines ridées

F1 = graines lisses

P2 = graines lisses X graines lisses

F2 = 5474 graines lisses
1850 graines ridées

Total 7324

Avec l'hypothèse de l'hérédité monogénique de la texture de la graine chez le petit pois, Mendel aurait trouvé sur un total de 7324 graines

75% = 5493 graines lisses

25% = 1831 graines ridées

Ainsi donc, il n'y a pas concordance totale entre les valeurs observées

par Mendel et les valeurs calculées. Est-ce à dire que l'hypothèse est à rejeter? Réalisons un test de Chi carré, par la méthode suivante:

Méthode

1. Détermination du nombre de classes phénotypiques $n = 2$
2. Détermination du nombre de degrés de liberté $l = n-1=1$
3. Elaboration du tableau de Chi carré

Classe	Valeurs observées (O)	Valeurs calculées (C)	Déviation (O-C)	$(O-C)^2$	$\frac{(O-C)^2}{C}$
Graines lisses	5474	5493	-19	361	0.06
Graines ridées	1850	1831	+19	361	0.19
Total	7324	7324	0		$X^2 = 0.25$

Consultant la table de X^2 à la rangée $l=1$ (cf. page 6), nous voyons que notre valeur de $X^2 = 0.25$ est comprise entre les probabilités 50% et 70%. Elle est donc acceptable et l'hypothèse de l'hérédité monogénique et la texture de la graine chez le petit pois est à retenir.

2.3 La charge génétique des plantes cultivées

Soit un codon original 0101 = phénotype à production normale de chrorophylle. A partir de ce gène on peut avoir les mutations suivantes:

1101

0001

0111

0100

Les individus qui détiendront ces codons mutés sont des mutants chlorophylliens. Certains codons peuvent être tels que la synthèse de la chlorophylle soit totalement bloquée, ce qui entraine la mort de l'individu. On appelle charge génétique (genetic load) d'une population (végétale, animale et humaine) l'ensemble de ces gènes (codons) qui sont responsables de plusieurs types d'anomalies anatomiques, physiologiques et autres. Retenons toutefois que certaines anomalies peuvent être exploitées sur le plan agricole. Citons chez les plantes cultivées

des aberrations comme: l'achlorophylisme, le nanisme, la stérilité mâle (de nature génique). Chez l'homme on connait l'albinisme, le daltonisme, l'hémophilie et autres.

Exercices

1. Soit le croisement A $\frac{000}{001}$ x B $\frac{000}{000}$

   a. Quel individu est homozygote?
   b. Quel individu est hétérozygote?
   c. Quelle est la composition phénotypique de la F1
   d. Que feriez-vous pour savoir la relation de dominance entre 000 et 001
   e. Si 000 est le codon original, y-a-t-il eu mutation de 0 vers 1 ou de 1 vers 0?

2. Soit la population de phénotypes
   8 AA, 4Aa, 4aa
   a. Quelle est la fréquence relative des phénotypes?
   b. Quelle est la fréquence relative des hétérozygotes?

3. Soit la F2 suivante: 60 dominants: 40 récessifs
   Peut-on accepter l'hypothèse d'une hérédité monogénique du phénotype en question?

4. A quel stade phénologique un mutant chlorophyllien périra-t-il?

5. En quoi la stérilité mâle et le nanisme chez les plantes culturées peuvent-ils être intéressants?

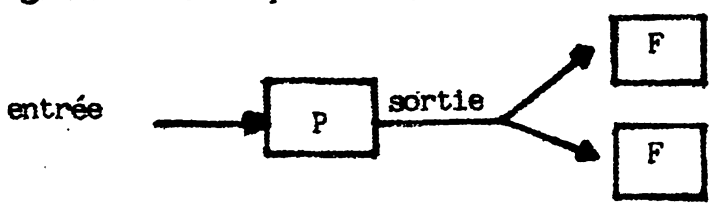
TABLE 5-2. Table of Chi-Square

1	0.00016	0.004	0.064	0.148	0.455	1.074	1.642	3.841	6.635
2	0.0201	0.103	0.446	0.713	1.386	2.408	3.219	5.991	9.210
3	0.115	0.352	1.005	1.424	2.366	3.665	4.642	7.815	11.341
4	0.297	0.711	1.649	2.195	3.357	4.878	5.989	9.488	13.277
5	0.554	1.145	2.343	3.000	4.351	6.064	7.289	11.070	15.086
6	0.872	1.635	3.070	3.828	5.348	7.231	8.558	12.592	16.812
7	1.239	2.167	3.822	4.671	6.346	8.383	9.803	14.067	18.475
8	1.646	2.733	4.594	5.527	7.344	9.524	11.030	15.507	20.090
9	2.088	3.325	5.380	6.393	8.343	10.656	12.242	16.919	21.666
10	2.558	3.940	6.179	7.267	9.342	11.781	13.442	18.307	23.209

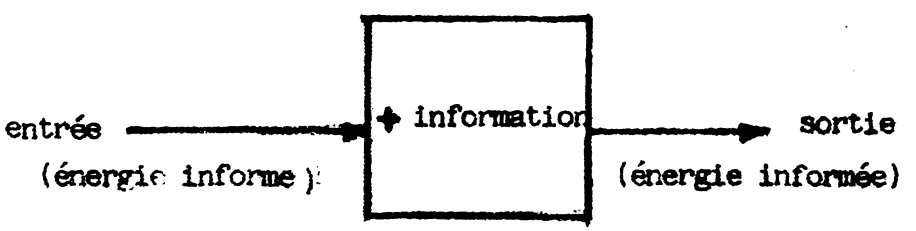
Taken from Table 3 of Fisher, *Statistical Methods for Research Workers*, published by Oliver and Boyd, Ltd., Edinburgh, by permission.

3.1 Bases cytologiques de l'hérédité

La cellule des plantes supérieures est un système. En tant que tel, elle a des composantes (noyau, chloroplastes, mitochondries et autres) organisées vers une ou plusieurs fonctions. L'une des fonctions essentielles de la cellule est l'autoduplication, le "devenir deux" de Monod. Le diagramme schématique du devenir deux est le suivant.



Lors du processus de l'autoduplication les cellules filiales F conservent à un très haut degré l'identité organisationnelle et fonctionnelle de la cellule parentale P. La matière première nécessaire à la fabrication des cellules filiales est puisée à l'environnement. C'est l'entrée (gaz carbonique, eau, substances minérales, énergie radiante, et autres) des systèmes cellulaires. Sur le plan énergétique et informationnel, le diagramme schématique de la replication (autoduplication) devient:



Exemple: $CO_2 + H_2O +$ photons $+$ Information $\longrightarrow$ Sucrose

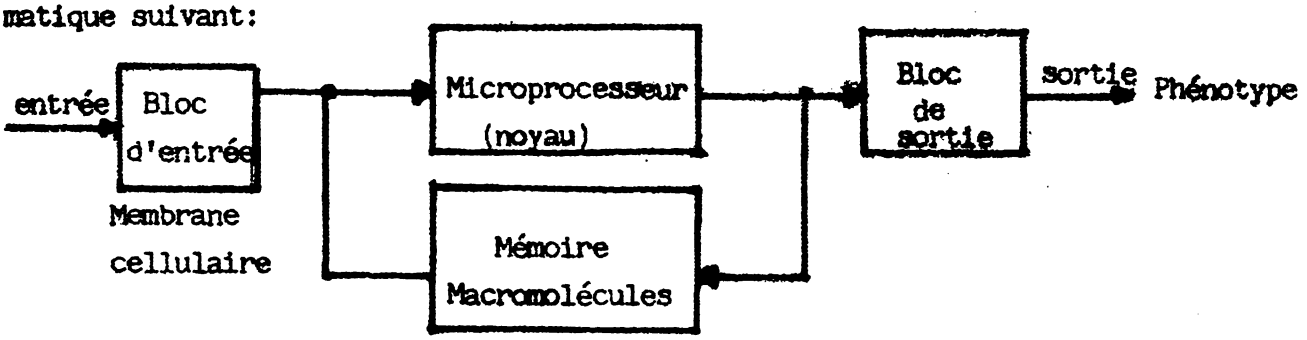
énergie informe énergie informée

Ainsi donc, il faut rechercher au niveau de la cellule les structures porteuses d'information. Ce sont:

le noyau avec ses nucléogènes localisés sur les chromosomes et le cytoplasme avec ses plasmagènes localisés sur les chloroplastes et les mitochondries.

Négligeant pour le moment les plasmagènes, nous dirons que le noyau est à la cellule ce qu'un microprocesseur est à un ordinateur.

Si nous acceptons cette analogie nous pourrons développer le diagramme schématique suivant:



3.2 Le concept d'information génétique

Toutes les macromolécules cellulaires de nature protidique sont écrites avec un alphabet de 20 mots qui sont les acides animés essentiels. Le noyau cellulaire, véritable microprocesseur, dispose d'un alphabet de 4 mots qui sont les 4 nucléotides: adénine (A),guanine (G), cytosine (C), Thymine (T).

Les différents codes possibles avec 4 lettres (A, G, C, T) sont:

4 codes de 1 lettre : A, G, C, T

16 codes de 2 lettres: AA,AG,AC,AT,GA,GG,GC,GT
CA,CG,CC,CT,TA,TG,TC,TT

64 codes de 3 lettres

	A	G	C	T
AA	AAA	AAG	AAC	AAT
AG	AGA	AGG	AGC	AGT
AC	ACA	ACG	ACC	ACT
AT	ATA	ATG	ATC	ATT
GA	GAA	GAG	GAC	GAT
GG	GGA	GGG	GGC	GGT
GC	GCA	GCG	GCC	GCT
GT	GTA	GTG	GTC	GTT
CA	CAA	CAG	CAC	CAT
CG	CGA	CGG	CGC	CGT
CC	CCA	CCG	CCC	CCT
CT	CTA	CTG	CTC	CTT
TA	TAA	TAG	TAC	TAT
TG	TGA	TGG	TGC	TGT
TC	TCA	TCG	TCC	TCT
TT	TTA	TTG	TTC	TTT

Ainsi donc il faut au moins une longueur de code de 3 nucléotides pour coder 20 acidés aminés. Disons tout de suite que le code génétique est redondant puisqu'il y a plus de codes que d'acides aminés essentiels (en vue de la prévision de pertes de codes par mutations chromosomiques).

L'ensemble de ces codes forme une chaine hélicoidale de polynucléotides appelée DNA (desoxyribonucleic acid).

Le DNA est stocké dans la mémoire du microprocesseur qu'il ne laisse jamais. Cette mémoire est ROM (read only memory). La cellule vivante est programmée une fois pour toutes.

Quand la cellule arrive à sa phase de réplication, il y a lecture du code en DNA en un code en RNA. En d'autres termes, la matrice DNA produit une copie RNA (ribonucleic acid). Cette copie est appelée m-RNA (m pour messager):

DNA ⟶ m-RNA

Remarquons que la lecture est identique sauf que la cytosine du DNA est remplacée l'uracile du RNA.

Le m-RNA après avoir lu et retenu le code se rend vers le cytoplasme, qui est le centre de synthèse des macromolécules. Chaque acide aminé est lié à une nucléotide spécifique appelé triplet. Par exemple, on peut avoir:

sérine-ATA
valine-TGC
cystéine-CCA
méthionine-GTC

Supposons maintenant que le code m-RNA soit

TAT-GGT-ACG-CAG

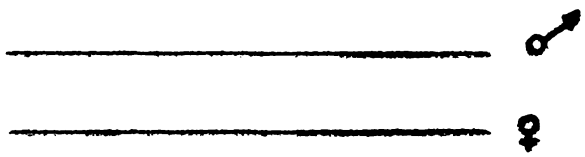
A cause des liaisons hydrogène entre A et T, et G et C, on aura comme polypeptide synthétisé

```
m-RNA:  TAT-GGT-ACG-CAG
        ||| ||| ||| |||
        ATA-CCA-TGC-GTC
        |
        Serine-cystéine-valine-méthronine
```

C'est là le processus du décodage.

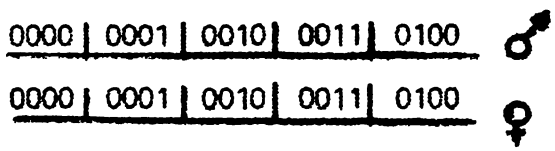
4.1 Chromosome, gène allèle

Le mais, par exemple est diploide. Il a 2n = 20 chromosomes. Il y a donc 10 paires de chromosomes. Pour chaque paire considérée, la paire 3 par exemple, un chromosome vient du père et l'autre de la mère. Soit, par exemple

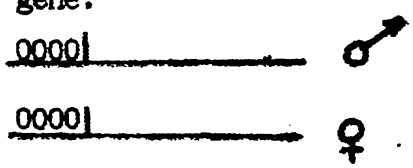


paire No. 3

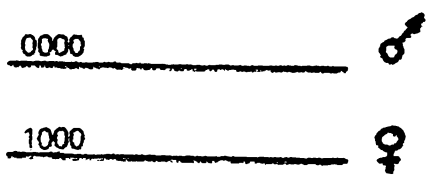
Sur chaque chromosome, il y a une série de codes de trois nucléotides. Chaque code représente un gène; par exemple:



Soit, par exemple, le gène (= code) 0000. Chaque copie de ce code désigne un allèle. Si les deux copies (= allèles) sont identiques, l'individu est homozygote pour le gène.



Si les deux copies (= allèles) ne sont pas identiques, l'individu est hétérozygote pour le gène



Chaque code est, en règle générale, responsable d'une seule caractéristique de l'individu, par exemple:

Code 0000 = endoperme jaune
code 0001 = high lysine content

4.2 L'hérédité polygénique

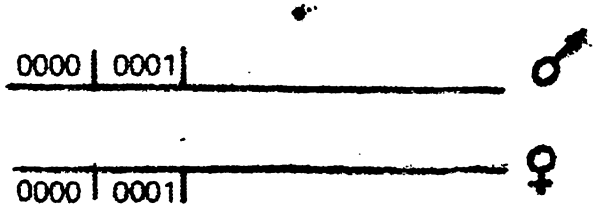
Considérons chez le mais deux caractéristiques telles que:

endosperme jaune

ET

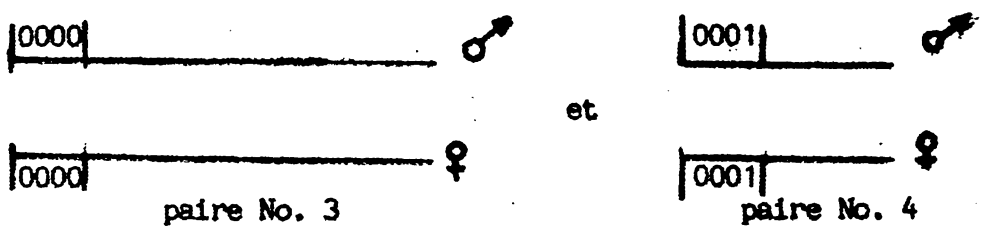
high lysine content

Etant donné que chaque caractère est gouverné par un seul gène (c'est une supposition), les deux gènes en question peuvent appartenir à la même paire No. 3 de chromosomes:



paire No. 3

ou bien à 2 paires différentes(No. 3 et No. 4) de chromosomes



paire No. 3 paire No. 4

4.3 Ségrégation indépendante

Quand les 2 gènes appartiennent à deux paires différentes de chromosomes, leur ségrégation (= séparation) est indépendante.

Soit un gène 0000 = A avec deux allèles (= copies) A = 0000 et a = 1000, qui gouverne le caractère (= couleur) de l'endosperme. On a:

1/4 AA = endosperme jaune
1/2 Aa = endosperme jaune
1/4 aa = endosperme blanc

Soit un autre gène 0001 = B avec deux allèles (= copies) B = 0001 et b = 1001, qui gouverne la teneur en lysine. On a:

1/4 BB = high lysine
1/2 Bb = high lysine
1/4 bb = low lysine

Etant donné que la ségrégation des gènes A et B est indépendante, on peut espérer les combinaisons suivantes et leurs fréquences relatives:

	1/4 BB	1/2 Bb	1/4 bb
1/4 AA	1/16 AABB	2/16 AABb	1/16 AAbb
1/2 Aa	2/16 AaBB	4/16 AaBb	2/16 Aabb
1/4 aa	1/16 aaBB	2/16 aaBb	1/16 aabb

ou la relation génotypique suivante:

AABB	1/16
AABb	2/16
AAbb	1/16
AaBB	2/16
AaBb	4/16
Aabb	2/16
aaBB	1/16
aaBb	2/16
aabb	1/16
TOTAL	16/16 = 1

ou encore la relation phénotypique suivante:

A-B-	$\frac{9}{16}$	: 9
A-bb	$\frac{3}{16}$	: 3
aaB-	$\frac{3}{16}$	: 3
aabb	$\frac{1}{16}$	: 1

4.4 Ségrégation non indépendante = ségrégation liée

Quand les 2 gènes A et B appartiennent à la même paire de chromosomes, leur séparation (= ségrégation) est liée. C'est le phénomène de linkage.

Le gène B se rend au même pôle que A. Tout se passe comme si on avait un seul gène:

	S = AB	Configuration cis
ou	S = Ab	Configuration trans
ou	S = aB	Configuration trans
ou	S = ab	Configuration cis

Soit donc le croisement

$$P = \frac{Ab}{aB} \times \frac{Ab}{aB}$$

$$G = \begin{matrix} 1/2\ Ab & 1/2\ Ab \\ & \times \\ 1/2\ aB & 1/2\ aB \end{matrix}$$

$$F = \begin{matrix} AAbb & \frac{1}{4} \\ AaBb & \frac{1}{4} \\ AaBb & \frac{1}{4} \\ aaBb & \frac{1}{16} \end{matrix}$$

En réalité, tout ne se passe pas de cette manière. De temps en temps, deux chromosomes de la même paire échangent des allèles. C'est le phénomène de cross-over.

Soit donc le croisement:

$$P = \frac{Ab}{aB} \times \frac{Ab}{aB}$$

Si la fréquence de cross-over est de 2% (= 0.02) on a les gamètes suivants:

G =	Ab	49%		Ab 49%
	AB	1%	et	AB 1%
	aB	49%		aB 49%
	ab	1%		ab 1%

P =	AAbb	24,01%
	AABb	0,49%
	AaBb	24,01%
	Aabb	0,49%
	AABb	0,49%
	AABB	0,01%
	AaBB	0,49%
	AaBb	0,01%
	AaBb	24,01%
	AaBB	0,49%
	aaBB	24,01%
	aaBb	0,49%
	Aabb	0,49%
	AaBb	0,01%
	aaBb	0,49%
	aabb	0,01%
	TOTAL	100,00%

Soit la relation phénotypique

A-B-	50,01%
AAbb	24,01%
aaB-	25,97%
aabb	0,01%

Nous sommes donc très loin de la relation 9:3:3:1

4.5 Gene mapping

Dans le croisement que nous venons d'effectuer, les gamètes de cross-over sont:

AB et ab

Leur fréquence du côté mâle est:

AB = 0,01
ab = 0,01

Leur fréquence du côté femelle est:

AB = 0,01
ab = 0,01

Soit AB 0,01 X AB 0,01
ab 0,01 ab 0,01

ou AABB = 0,01%
AaBb = 0,01%
AaBb = 0,01%
aabb = 0,01%

Nous constatons donc les phénotypes de cross over

AABB et aabb apparaissent avec la fréquence totale de 0,02%

C'est cette fréquence totale qui rend compte de la distance relative des gènes A et b qui sont situés sur le même chromosome.

Par convention: une unité de carte de gènes est égale à une fréquence totale de cross over de 1%. Dans notre exemple, nous voyons donc que les gènes A et b sont très proches l'un de l'autre, soit 1/50 d'unité de carte.

5.1 Corrélations phénotypiques

Il est possible de prévoir la couleur des graines du haricot commun à partir de la couleur de l'hypocotyle des plantules au stade juvénile: l'hypocotyle est violet chez le haricot noir et vert chez le haricot non noir. Il y a là un bel exemple de corrélation phénotypique. De même, les haricots qui forment beaucoup de gousses donnent en général de petites graines. Voilà un autre type de corrélation phénotypique.

La logique de la corrélation est la suivante:

Si A est présent donc B est aussi présent (au même moment ou à un stade ultérieur) ou encore:

Si A ⟶ donc B

Bases génétiques des corrélations phénotypiques

a) Pléiotropie

Il y a pléiotropie quand un même gène A est responsable de l'expression de deux ou plusieurs caractéristiques différentes.

Par exemple:

gène A ⟶ pigment a (couleur de l'hypocotyle)

gène A ⟶ pigment a (couleur des cotylédons)

b) Linkage

Soit un gène A ⟶ nombre élevé de gousses

Soit un autre gène B ⟶ petites graines

Si les deux gènes A et B sont situés très près l'un de l'autre sur le même chromosome No. 1, il y aura ségrégation simultanée des allèles, de sorte que les caractéristiques en question apparaitront en même temps.

Remarquez que la corrélation sera prise à défaut toutes les fois qu'il y a cross over entre A et B d'après le schéma:

$\frac{Ab}{aB}$ donne en majorité des gamètes Ab et aB mais aussi, en faible proportion, des gamètes AB et ab

5.3 Supergènes

Deux gènes A et B peuvent être situés si proches l'un de l'autre sur le même chromosome que tout cross over est empêché. Les deux gènes sont alors hérités en Bloc. Ce sont de supergènes. En fait, il y a toujours une très faible quantité de gamètes de cross over. Mais ceux-ci sont non viables, n'arrivent pas à maturité fonctionnelle et périssent.

Exemple:

$\frac{Ab}{aB}$ peut donner 99.99% Ab et aB et
0.01% AB et ab qui meurent

de sorte que les individus

$\frac{AB}{AB}$

$\frac{AB}{aB}$

$\frac{AB}{Ab}$

$\frac{AB}{ab}$

$\frac{ab}{ab}$

$$\frac{ab}{Ab}$$

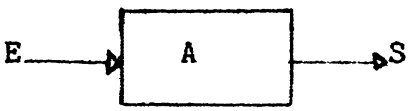
$$\frac{ab}{aB}$$

$$\frac{ab}{AB}$$

n'apparaitront jamais dans la population

6 Régulation du code génétique

Soit le système A dont l'entrée est E et la sortie S



L'entrée, avons-nous déjà dit, est de l'énergie (ou matière) informe:

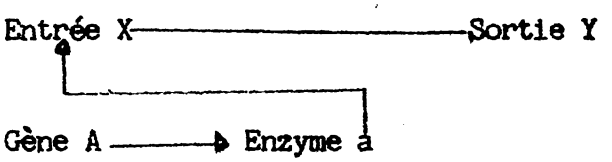
$$E = CO_2 + H_2O + \text{énergie radiante}$$

La sortie est de l'énergie (ou matière)informée

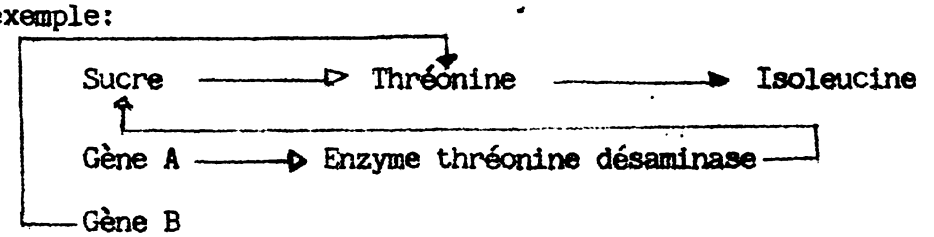
$$S = C_6H_{12}O_6$$

Cette biosynthèse a été rendue possible par le gène A par exemple

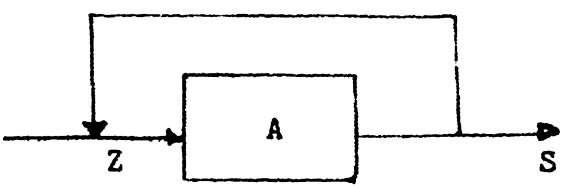
Traduit en language biochimique, le fonctionnement du système A devient



Par exemple:



Dans un système A, toutes les fois qu'une fraction de la sortie S est rappliquée à l'entrée E, il y a feedback



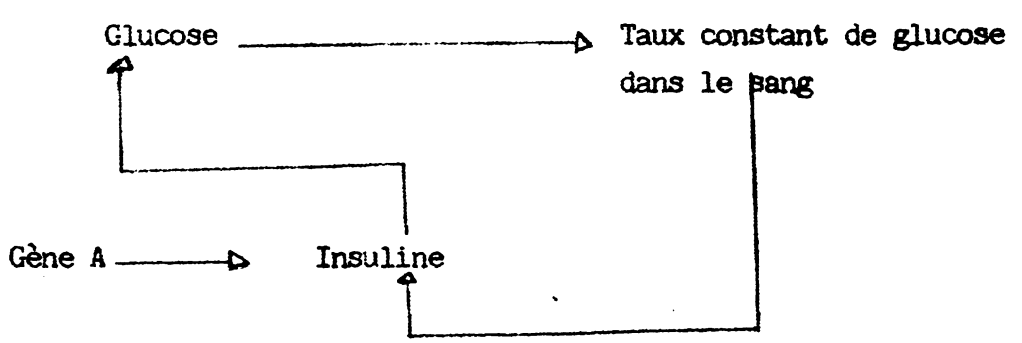
Si la rétroalimentation est telle que S augmente, on dit qu'il y a feedback pontif. Au contraire, si la rétroalimentation est telle que S diminue, le feedback est négatif.

L'encre de feedback négatif est la suivante:

Si la sortie tend à augmenter, la boucle de rétrocalimentation tend à ramener S à sa valeur initiale. Si s tend à diminuer, la boucle de rétroalimentation tend à le ramener à sa valeur initiale.

Ainsi donc le feedback négatif maintient la vie. Le feedback pontif détruit la vie.

Un exemple frappant en génétique humaine est le suivant



Quand le taux de sucre augmente, l'insuline tend à le remener à sa valeur normale. Quand le taux de sucre diminue, l'insuline tend aussi à le ramener à sa valeur normale.

Mais par feedback négatif, c'est la mort du diabétique.
Retenez que le feedback négatif agit par répression moléculaire ou induction moléculaire.

Impression: M. Alcé Sarde

Impression: M. Alcé Sarde