

1- Les différents niveaux de résolution de la structure physique du génome

A. Etude cytogénétique

La Cytogénétique est une discipline lien entre la cytologie et la génétique. Elle permet de comprendre les mécanismes héréditaires et du monde végétal dans sa diversité (taxonomie, phylogénie). Elle étudie le **nombre**, la **forme**, la **taille** et la **structure des chromosomes ainsi la** polyplœdie. Elle s'appuie dans l'amélioration des plantes, la culture in vitro et la création variétale. Aussi elle l'examen des anomalies chromosomiques (des aneuploïdies, des translocations, des délétions, des duplications et des inversions.) et leur relation avec la maladie, en particulier les troubles génétiques et les cancers.

Pour l'Analyse cytogénétique, les chromosomes sont observés en mitose et méiose pour identifier le nombre et la morphologie des chromosomes, ainsi que les anomalies numériques et structurales. Parmi les techniques complémentaires utilisiez sont :

- révéler des bandes spécifiques sur les chromosomes par le colorant (comme le Giemsa ou les fluorochromes)
- utilise des sondes marquées pour localiser des séquences d'ADN spécifiques sur les chromosomes.
- Utilise Techniques Cytophotométrie et autoradiographie pour mesure de la quantité d'ADN et de l'étude de son métabolisme.

B. Organisation de la chromatine

Le Chromatine est le résulte de l'association de l'ADN a des protéines basiques (histones). Il est la substance de base des chromosomes des organismes eucaryotes. Les histones est des composant protéique qui représente plus de la moitié environ de la masse de chromatine. Ces protéines sont réparties en cinq classes principales, les histones H1, H2A, H2B, H3 et H4, toutes ayant une grande proportion de résidus chargés positivement (Arg et Lys). Ces protéines établissent donc des liaisons de type ionique avec les groupements phosphatent de l'ADN chargés négativement. La chromatine contient un nombre à peu près égal de molécules d'histones H2A, H2B, H3 et H4, et les molécules d'histones H1 sont au moins deux fois moins nombreuses. (Fig.1)

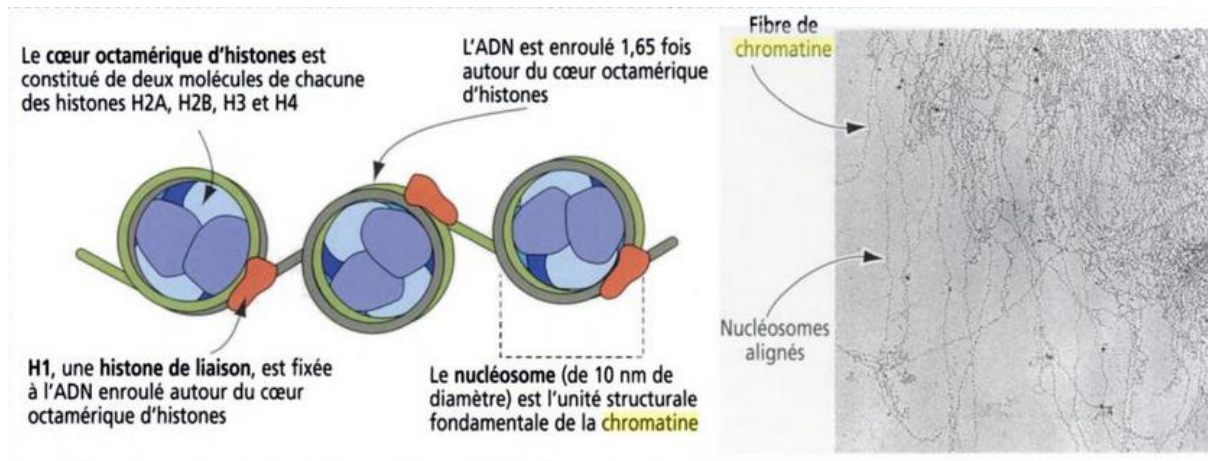


Fig1. Structure de la fibre de chromatine @ Abraham L. K. 2002.

Le nucléosome est l'unité fondamentale de chromatine, c'est un disque de 57 Å d'épaisseur et 110 Å de diamètre autour duquel 145 pb d'ADN s'enroulent dans une hélice gauche. Les deux sous-unités H3 et H4 forment une unité symétrique au centre du disque. Deux paires de dimères H2A-H2B se lient ensuite à l'extérieur du complexe H3-H4 complétant le cœur d'histones octamérique. Le complexe protéique central H3-H4 est censé contacter les 70-80 pb centraux de l'ADN. Les régions externes de l'ADN sont associées aux sous-unités H2A-H2B ainsi qu'à la sous-unité H3. (fig.2)

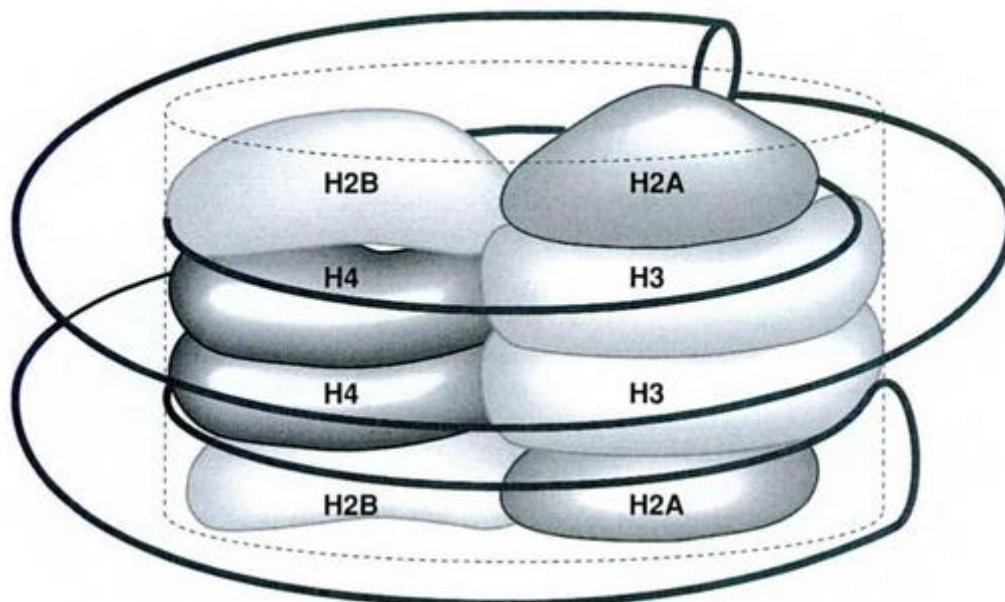


Fig2. organisation d'ADN se forme de nucléosome @ Richard R.S. 2012.

Une cinquième histone appelée H1 se lie à l'extérieur du nucléosome et est censée contacter l'ADN là où il entre et sort du nucléosome. En présence de H1, environ 167 pb d'ADN sont

associés au nucléosome. Les 167 pb d'ADN forment deux tours hélicoïdaux complets. Le nucléosome avec une histone H1 liée est appelé un chromatosome. L'ADN dans un chromatosome est organisé sous une forme plus stable et plus compacte que dans le nucléosome. On pense que les régions d'ADN transcriptionnellement inactives sont organisées sous forme de chromatosomes.

1. L'euchromatine (vraie chromatine)

Euchromatine est la chromatine diffuse, qui a la forme active dans la transcription (synthèse de l'ARNm). Il représente environ 10% de la chromatine totale. L'euchromatine est le site de synthèse des ARN non ribosomiaux, incluant les précurseurs de l'ARN messager (ARNm) et de l'ARN de transfert (ARNt).

2. L'hétérochromatine

Hétérochromatine est la chromatine condensée, qui ne transcrit pas. Il est représenté environ 90% de la chromatine totale. Généralement l'hétérochromatine est pauvre en gènes et riche en séquences répétées. L'hétérochromatine peut être discriminée en deux catégories :

- Hétérochromatine constitutive est une structure permanente et figée retrouvée principalement au niveau des télomères et des centromères. Au contraire,
- l'hétérochromatine facultative est une structure dynamique dont la condensation peut varier en fonction du stade de développement ou du type cellulaire. (fig.3)

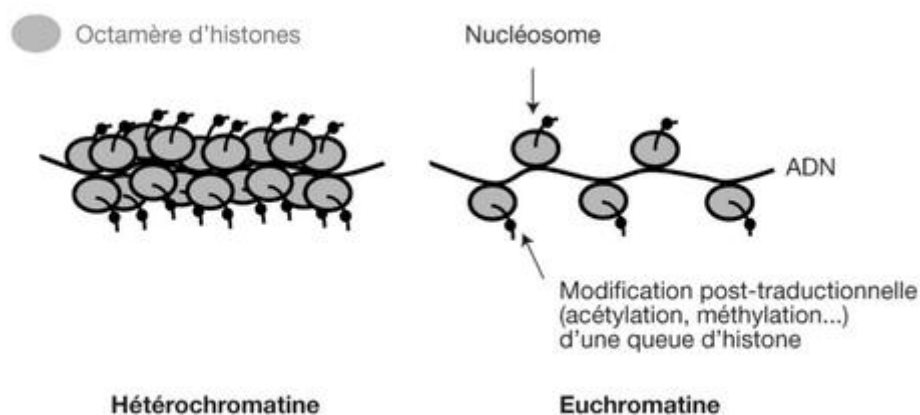


Fig.3. d'efférente entre hétérochromatine et euchromatine @ Denis T. et al. 2018.

C. Méthodes de fractionnement du génome : Séparation physique du génome

Pour l'analyse, le clonage ou le séquençage du génome, il faut le fractionner avec des techniques de séparation physique, exploitant les propriétés physico-chimiques des molécules d'ADN. Parmi lesquelles on trouve :

1. Séparation en fonction de la taille

1.1.Électrophorèse sur gel

Électrophorèse sur gel est la méthode la plus fondamentale pour séparer des fragments d'ADN (issus d'une digestion par des enzymes de restriction) en fonction de leur taille. L'ADN se déplace à travers un gel (généralement d'agarose ou de polyacrylamide). Le gel sépare les fragments en fonction de leur masse moléculaire. Lorsqu'un courant électrique est appliqué à l'ADN, chargé négativement (groupements phosphate) migre vers l'anode (pôle positif). La vitesse de migration est inversement proportionnelle à la taille du fragment (la longueur en paires de bases, pb). Les fragments les plus courts migrent plus rapidement, permettant une séparation physique des fragments en fonction de leur taille. Les fragments d'ADN de taille similaire s'accumulent pour former des bandes distinctes. En comparant la position de ces bandes avec celle de marqueurs de poids moléculaire connu (échelles d'ADN), il est possible de déterminer la taille des fragments. Le Gel d'agarose est utilisé pour séparer des fragments d'ADN de taille moyenne à grande (de quelques centaines de paires de bases à des dizaines de kilobases), tandis que le gel de polyacrylamide (PAGE) : Utilisé pour séparer des fragments plus petits ou pour obtenir une résolution plus fine (séparation de fragments ne différant que par une seule paire de bases).

1.2. La centrifugation différentielle

C'est une méthode cruciale dans le fractionnement du génome et l'étude des acides nucléiques. Elle permet de séparer les molécules d'ADN ou d'ARN en fonction de leurs différences de taille et de densité des particules. Elle utilise une série de cycles de centrifugation à des forces croissantes. Les particules plus grosses et plus denses sédimentent plus rapidement que les petites.

2. Séparation en fonction de la forme

2.1.La centrifugation en gradient de densité

C'est une technique qui sépare les macromolécules, en fonction de leur poids moléculaire et de leur forme. Il utilise pour séparer des fragments d'ADN de différentes tailles, isoler des

structures complexes contenant de l'ADN (les polysomes complexes d'ARN et de ribosomes) et séparer des ADN plasmidiques de différentes conformations.

L'échantillon d'ADN est déposé sur un gradient de densité puis soumis à une ultracentrifugation. Selon le coefficient de sédimentation, les molécules migrent à travers le gradient selon leurs masses et leurs formes. Les molécules plus lourdes ou plus compactes sédimentent plus rapidement que les molécules plus légères ou de forme allongée.

2.2. Influence de la forme dans l'électrophorèse

Dans la séparation de l'ADN plasmidique, la forme peut également jouer un rôle dans la séparation de différentes formes de plasmide. Les trois formes de l'ADN plasmidique sont :

- **Forme surenroulée** est la forme la plus compacte. L'ADN se tord sur lui-même, créant une structure très serrée. C'est la forme native et la plus courante des plasmides in vivo. Elle migre rapidement sur le gel.
- **Forme circulaire ouverte** est le résultat de la rupture d'un seul des deux brins d'ADN du plasmide, qui créant une structure circulaire relâchée et plus volumineuse. Elle migre plus lentement.
- **Forme linéaire** est le résultat de coupe les deux brins de plasmide par des enzymes de restriction. Elle migre à une vitesse intermédiaire entre les formes surenroulées et circulaires

Les formes surenroulées (supercoiled) migrent plus rapidement dans le gel que les formes circulaires ouvertes de même taille, car leur conformation compacte leur permet de se déplacer plus facilement à travers le maillage du gel. (Fig. 4.)

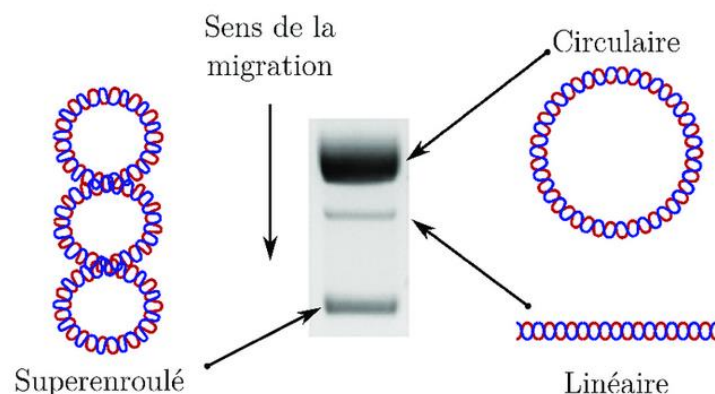


Fig. 4. La séparation des trois type de l'ADN plasmidique par l'électrophorèse.@ [Claire Douat](#)

3. Séparation en fonction de la forme simple ou double brin

Il y'a Plusieurs méthodes de séparation l'ADN en fonction de sa conformation, parmi les quelle :

3.1.L'électrophorèse :

C'est la méthode la plus courante. La distinction se fait en fonction des conditions de la migration.

- Électrophorèse non dénaturante est Séparée les fragments d'ADN double brin.
- Électrophorèse dénaturante est séparée d'acide nucléique simple brin, comme l'ARN ou l'ADN dénaturé. Ou des Agent dénaturant comme l'urée ou la soude (pour l'ADN) sont ajoutés au gel pour séparer les deux brins d'ADN et les empêchant de se ré-hybrider.

3.2.Chromatographie sur hydroxyapatite

C'est une méthode utilise pour séparer l'ADN simple ou double brin. Elle est basé sur l'interaction ionique entre les groupes phosphate de l'ADN et les ions calcium de l'hydroxyapatite (un phosphate de calcium cristallin). L'ADN double brin a une plus forte affinité pour l'hydroxyapatite que l'ADN simple brin, en raison de sa plus grande densité de charges phosphodiester qui lui permettent de s'attacher plus solidement à la résine.

À une concentration saline faible, l'ADN double brin se fixe à la colonne, tandis que l'ADN simple brin ne s'y lie pas. Pour récupérer l'ADN double brin, on augmente la concentration saline, ce qui le décroche de la colonne. La méthode de Chromatographie sur hydroxyapatite est utilisée pour séparer l'ADN natif du génome de l'ADN simple brin dénaturé, par exemple lors d'expériences d'hybridation. (Fig.5.)

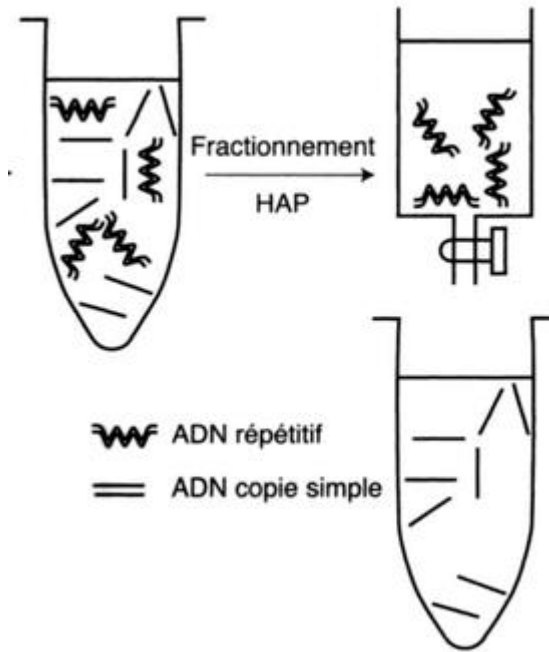


Fig.5. séparation d'ADN par la méthode de Chromatographie sur hydroxyapatite @ [Jean-François M.-G.](#) et al 2004.

4. Séparation en fonction de la composition en bases

4.1.Électrophorèse sur gel à gradient dénaturant (DGGE)

C'est une technique permet de séparer des fragments d'ADN de même taille mais de séquences différentes. Après une électrophorèse sur un gel contenant un gradient croissant de dénaturants chimiques (comme l'urée et la formamide). Les fragments d'ADN migrent dans le gel et rencontrent une concentration de dénaturant de plus en plus élevée. La partie la moins stable du fragment (plus riche en A-T) se dénature en premier, ce qui ralentit sa migration. Les fragments d'ADN les plus riches en G-C (plus stables) migrent plus loin dans le gel avant de se dénaturer et d'être ralentis, permettant leur séparation des fragments plus riches en A-T.

4.2.Électrophorèse sur gel à gradient de température (TGGE)

Cette méthode est similaire au Électrophorèse sur gel à gradient dénaturant DGGE, mais elle utilise un gradient de température pour séparer les fragments d'ADN en fonction de leur stabilité thermique. Les fragments riches en A-T se dénaturent à des températures plus basses, tandis que les fragments riches en G-C nécessitent des températures plus élevées pour changer de conformation. Elle permet de séparer les fragments d'ADN, même s'ils ont la même taille.

1. La carte physique

La carte physique est une représentation graphique qui montre l'emplacement physique et la distance réelle, mesurée en unités physiques (paires de bases), des marqueurs et des gènes le long d'un chromosome.

1.1. Les cartes physiques à faible résolution

Les cartes physiques à faible résolution sont un premier niveau d'analyse essentiel, souvent utilisé pour localiser des gènes d'intérêt sur un chromosome avant de passer à des techniques plus précises. Elle est mesurée en méga bases (Mb), c'est-à-dire en millions de paires de bases.

Les techniques utilisant dans ce type permettent de visualiser des marqueurs sur de grandes distances parmi les quelle en vas :

- **Hybridation In Situ en Fluorescence (FISH) :** Cette technique utilise des sondes ADN marquées par fluorescence qui s'hybrident à des régions spécifiques du chromosome métaphasique. Elle permet de localiser un marqueur génétique ou un clone à une bande chromosomique précise, fournissant ainsi la base la plus rudimentaire d'une carte physique. (Fig.6, Fig.7)

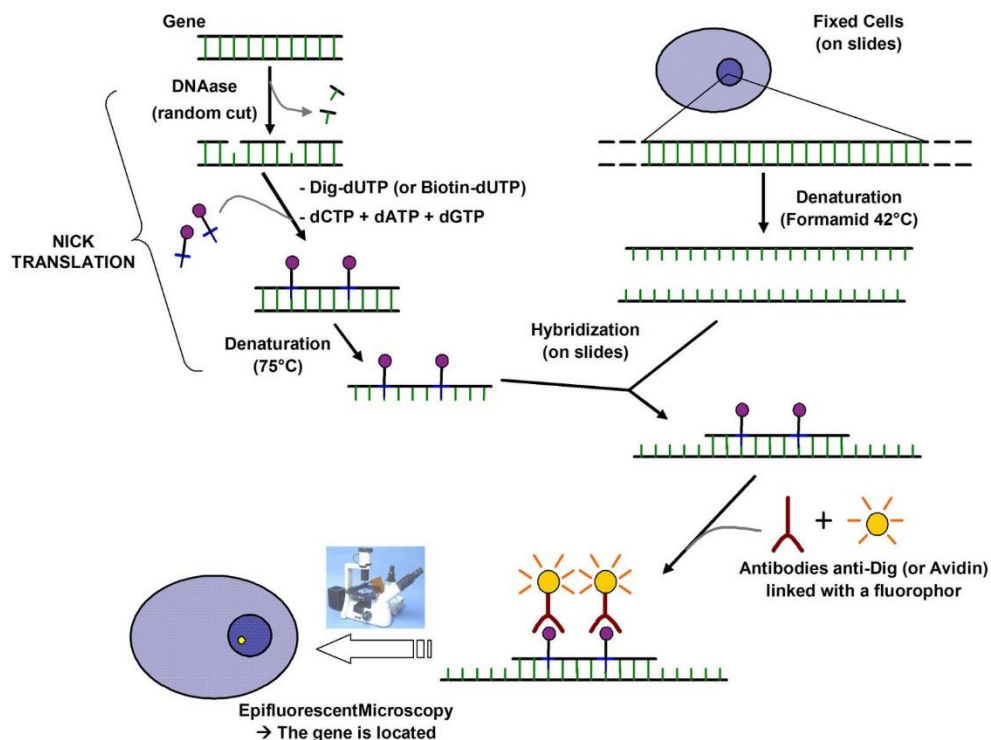


Fig.6. méthode d'hybridation FISH in situ en fluorescence. <https://www.flogentec.com>

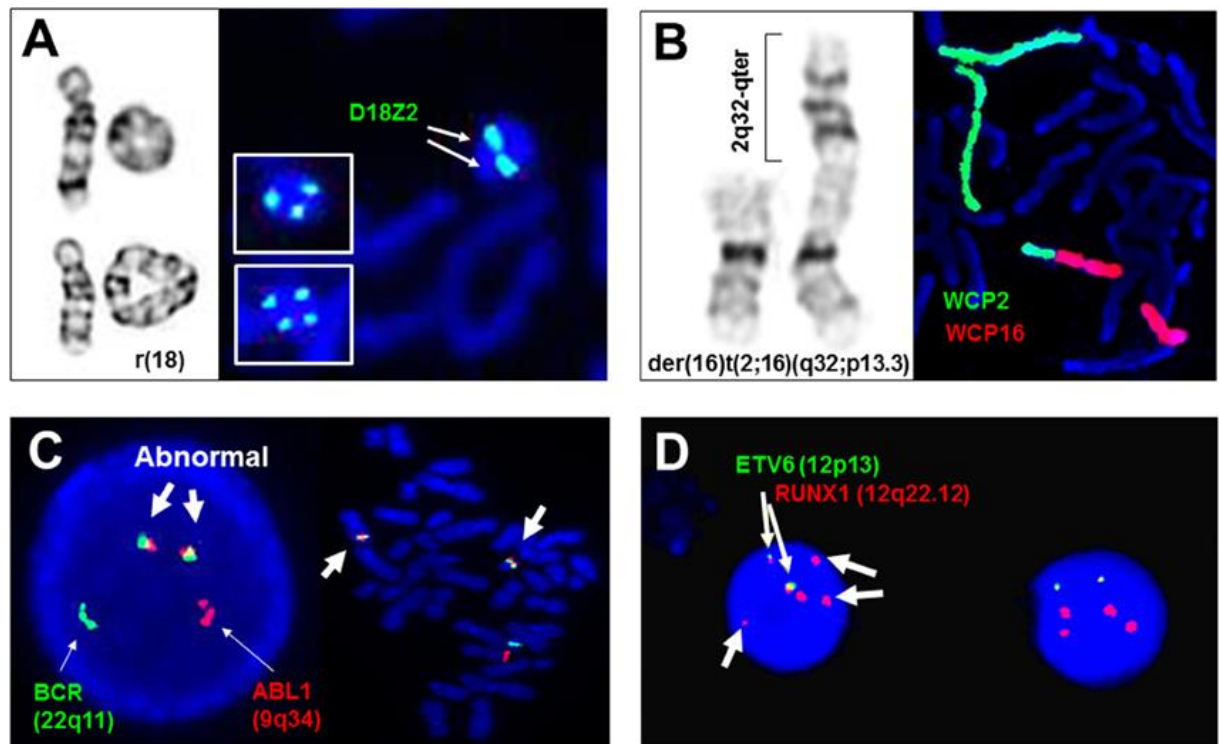


Fig.7. Dosages complémentaires et diagnostiques de la FISH en cytogénétique clinique. (A) Détection des anneaux dicentriques, tricentriques et tétracentriques du chromosome 18 à l'aide d'une sonde centromérique D18Z2. Le panneau de gauche montre le chromosome 18 normal, l'anneau dicentrique 18 en haut et l'anneau tétracentrique 18 en bas. Le panneau de droite montre les anneaux dicentriques 18 et tricentriques/tétracentriques 18 en encarts par FISH. (B) Détection d'un chromosome 16 dérivé d'une translocation 2q32/16p13.3 par des sondes de coloration chromosomique entière. Chromosomes 2 (WCP2) et 16 (WCP16). (C) Détection des fusions géniques ABL1/BCR dans les cellules en interphase et en métaphase par des sondes de fusion bicolores (les flèches fines indiquent le signal normal et les flèches épaisses les signaux de fusion anormaux). (D) Utilisation diagnostique des sondes ETV6 et RUNX1 pour la détection de deux signaux de fusion pour un gène $t(12;21)(p13;q22)$ cryptique, la perte d'un signal ETV6 et le gain de trois signaux RUNX1 supplémentaires (les flèches fines indiquent les signaux de fusion et les flèches épaisses les signaux RUNX1 supplémentaires). Toutes les images proviennent du laboratoire de cytogénétique clinique de Yale. <https://translate.google.com>

- **Cartographie par Hybrides de Radiation (RH Mapping) :** Bien que souvent associée à la haute résolution, la RH mapping peut être utilisée à faible résolution pour déterminer l'ordre des marqueurs sur un chromosome complet en se basant sur la fréquence de rupture de l'ADN entre eux par radiation. La cartographie des hybrides

radiatifs est une technique permettant d'évaluer des marqueurs génétiques par rapport à un panel afin de créer une carte en comparant les profils d'hybrides positifs et négatifs, estimant ainsi les distances entre les marqueurs du génome. Cette méthode peut prendre en compte plusieurs fragments de différentes régions chromosomiques, permettant ainsi la construction de cartes chromosomiques denses. (Fig. 8.)

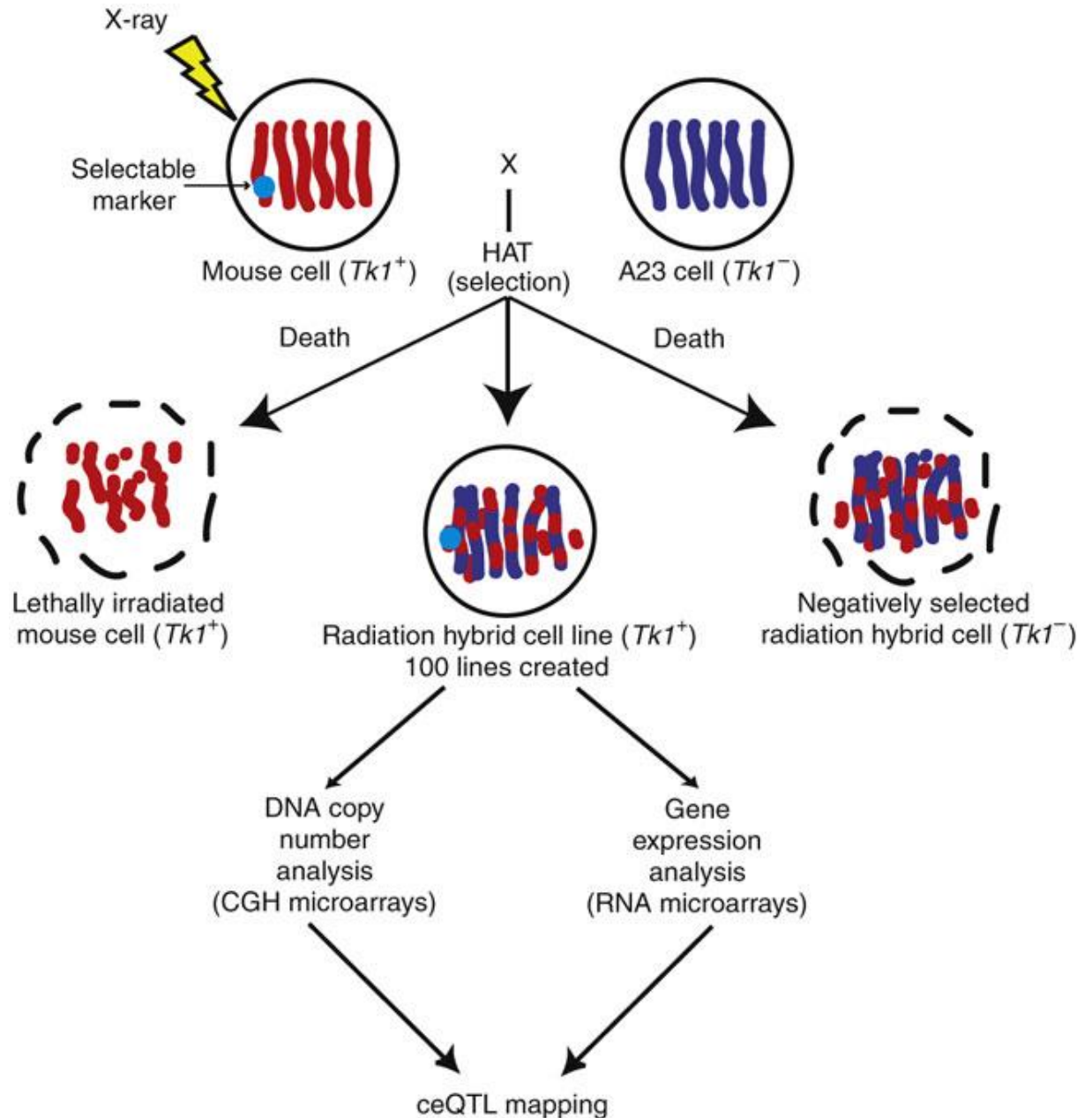


Fig. 8. Radiation hybrid and ceQTL mapping. @ Richard T Wang. 2008

- **Cartes Cytogénétiques** est la forme la plus ancienne de carte physique à faible résolution. Elles représentent la localisation des gènes ou des marqueurs sur les bandes colorées visibles des chromosomes. (Fig.9.)

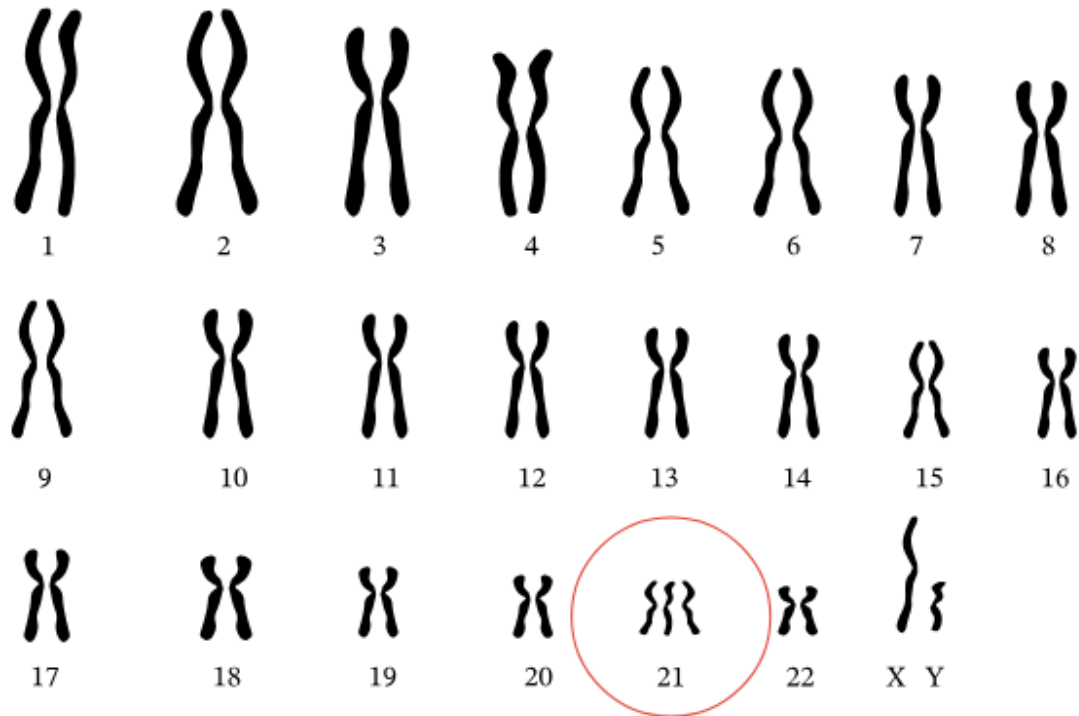


Fig.9. caryotype humain présentant une anomalie chromosomique. Sur cette carte cytogénétique, vous pouvez observer la trisomie 21 (syndrome de Down), caractérisée par la présence de trois chromosomes 21 au lieu des deux habituels.

<https://www.nagwa.com>

1.2.La carte physique à haute résolution

La carte physique à haute résolution est une représentation détaillée d'une région chromosomique ou d'un génome. la carte physique utilise des unités de distance réelles comme les paires de bases (pb) ou les kilobases (kb). L'objectif principal d'une carte physique à haute résolution est de localiser des marqueurs génétiques et des fragments d'ADN (clones) à leurs positions précises sur le génome. Elle sert souvent de squelette ou d'échafaudage pour organiser les fragments qui seront ensuite séquencés. Leur Méthodes est :

- **Cartographie par Clones Contigus** consiste à assembler des fragments d'ADN de taille variable pour former une séquence continue et chevauchante, appelée contig. Cette technique est une étape cruciale dans le clonage positionnel pour localiser précisément les gènes sur un chromosome, car elle permet de construire des clones contigus à partir

de points de départ (marqueurs, gènes déjà localisés) pour s'étendre dans une région chromosomique spécifique

On commence par créer des banques génomiques de grands fragments d'ADN. On identifie les fragments qui se chevauchent entre eux. Contigs : L'alignement des clones qui se chevauchent permet de former une collection de régions d'ADN continues appelées contigs (ou fragments contigus). Le séquençage de l'ADN de ces clones fournit des informations physiques précises, permettant de déterminer la distance réelle en paires de bases entre les marqueurs. (Fig.10.)

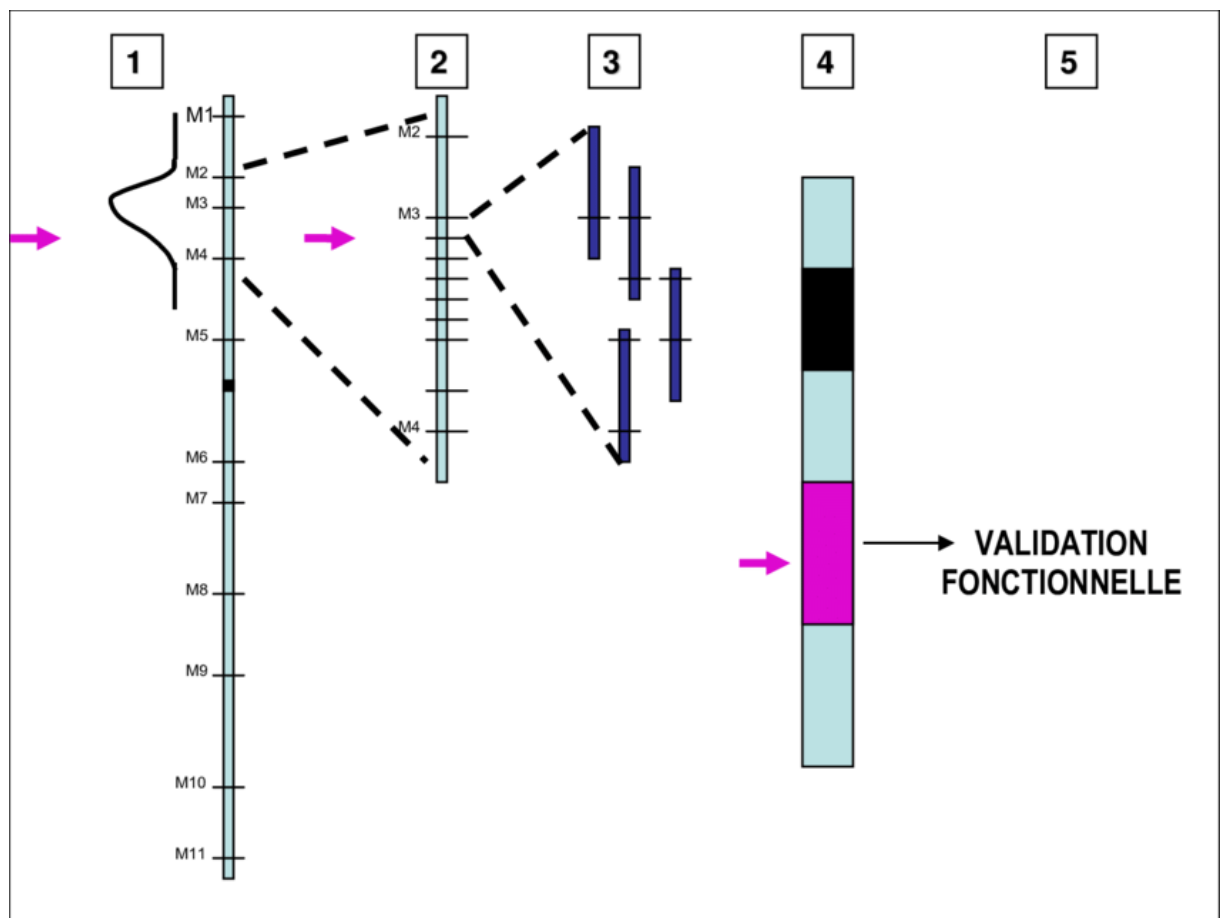


Fig.10. Ce schéma montre comment de multiples fragments d'ADN (les clones ou séquences individuelles) sont analysés pour trouver des régions de chevauchement (lignes pointillées). En les assemblant en fonction de ces chevauchements, on construit une séquence continue et ordonnée appelée contig, qui couvre une grande partie du génome. Marion Prudent 2009

- **Séquence Tagged Sites (STS) et Cartographie RH :** Ces techniques sont utilisées pour placer des marqueurs génétiques sur les contigs avec précision.

- **Sites de Séquence Étiquetés (STS) :** Ce sont de courtes séquences d'ADN uniques sur le génome. Un STS est un marqueur physique. En testant la présence de STS sur différents clones, on peut déterminer l'ordre et le chevauchement des clones pour construire le contig.
- **Cartographie d'Hybrides de Radiation (RH Mapping) :** Elle permet d'estimer la distance physique (en kb) entre deux marqueurs STS en fonction de la probabilité que la radiation ait cassé l'ADN entre eux.
- **Fluorescence In Situ Hybridization (FISH)**

Le FISH utilise des sondes d'ADN fluorescentes pour s'hybrider à des séquences spécifiques sur les chromosomes. Cela permet de visualiser directement la position d'un marqueur (ou d'un clone) sur le chromosome, fournissant un lien direct entre la carte physique et la structure cytologique.

2. La carte génétique

La carte génétique est une représentation schématique de l'ordre et de la distance relative des gènes (ou marqueurs génétiques) le long d'un chromosome. La distance génétique sur une carte génétique est mesurée en centiMorgan (cM).

2.1. Le Centimorgan (cM) :

Le centiMorgan (noté cM) est une unité de mesure qui caractérise le degré de liaison génétique entre deux loci (positions) sur un même chromosome. Donc c'est la distance entre deux loci pour laquelle la fréquence de recombinaison (ou crossing-over) est de 1% au cours de la méiose.

En d'autres termes, si la distance entre le gène A et le gène B est de 1 cM, cela signifie qu'il y a 1% de chance que la progéniture hérite d'une combinaison d'allèles recombinée (non-parentale) pour ces deux gènes. Plus la distance en cM est grande, plus la probabilité de recombinaison est élevée, et donc plus la liaison génétique entre les deux loci est faible. Si la distance est de 50 cM ou plus, les gènes sont considérés comme s'associant de manière indépendante (comme s'ils étaient sur des chromosomes différents), car la fréquence maximale de recombinaison est de 50%. Il est important de noter que le cM est une distance statistique basée sur des événements biologiques (le crossing-over), et non une distance physique réelle.

- **Remarque :**

La recombinaison génétique est un processus biologique fondamental qui implique l'échange de matériel génétique entre deux molécules d'ADN (ou d'ARN, chez certains virus) différentes ou deux chromosomes, conduisant à la production de nouvelles combinaisons de gènes. (Fig.11.)

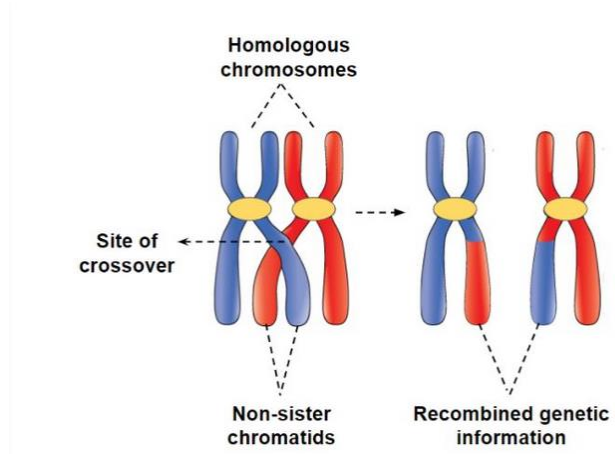


Fig.11. la recombinaison entre 2 chromosomes. <https://byjus.com>

3. Marqueur génétique et/ou moléculaire

Un marqueur génétique est une séquence d'ADN polymorphe (variable entre individus) ou un gène dont la localisation est connue sur un chromosome et qui est facilement détectable. Il est utilisé pour suivre l'héritage d'un segment de chromosome d'une génération à l'autre. Si un marqueur est hérité en même temps qu'un gène d'intérêt (par exemple, un gène de maladie ou de résistance), on dit qu'il est lié à ce gène. Les marqueurs moléculaire correspondent à des différences nucléotidique existant au niveau de la molécule ADN (d'où le terme moléculaire). Elles peuvent se trouver dans des régions codantes ou non codantes. Les marqueurs génétiques moléculaires se comportent comme des loci transmis à la descendance suivant les lois de Mendel. Ils se caractérisent par un nombre quasi illimité, une large distribution sur l'ensemble du génome et un polymorphisme très important.

3.1.Catégorie de marqueurs génétiques moléculaire

Deux catégories de marqueurs moléculaires peuvent être distinguées : les marqueurs spécifiques de loci et les marqueurs multi locus. De plus on distingue des marqueurs Codominants et des marqueurs dominants.

- **Les marqueurs codominants:** lorsque l'hétérozygote présente simultanément les caractères des deux parents et qu'il diffère des homozygotes.
- **Les marqueurs dominant** L'hétérozygote ne peut être distingué de l'homozygote hébergeant le caractère dominant.

3.2.type des Marqueurs

3.2.1. Marqueurs RFLP (restriction fragment length polymorphisme)

Les marqueurs RFLP (restriction fragment length polymorphisme) sont les premiers marqueurs génétiques moléculaires utilisés pour la cartographie des gènes des plantes. Ils sont souvent spécifiques d'un locus. Les marqueurs RFLP sont généralement codominants mais des détections importantes peuvent conduire à des marqueurs dominants. Ce sont la variation entre individus ou souches dans le profil d'ADN obtenu après coupure par diverses enzymes de restriction.

3.2.2. Marqueurs microsatellites SSR (simple sequence repeat)

Sont spécifiques d'un locus et liés à la présence de répétition entandem formées de motifs de 1 à 6 nucléotides et dispersées dans l'ensemble du génome. Ils sont très nombreux (1SSR en moyenne pour 21 kpb chez les dicotylédones 1 pour 65 kpb chez les monocotylédones) et forment polymorphes en raison d'une variation du nombre de répétitions.

3.2.3. SNP (single nucléotide polymorphism).

Polymorphisme d'un seul nucléotide. Variation stable de la séquence d'ADN génomique portant sur une seule base. Toutes les 100 à 300 bases environ du génome et affectant ou moins 10% de la population.

Les SNP se trouvent dans les régions codantes (SNPc) et dans les régions régulatrices des gènes seront particulièrement intéressants pour réaliser la cartographie.

3.2.4. STS (sequenced tagsite)

C'est une courte séquence représentée de façon unique dans le génome. Il est facilement amplifiable par PCR et est archivé sous forme des amorces oligonucléotidique qui le définissent.

3.2.5. QTL (quantitative trait locus)

Locus dont l'unité de fonction contribue, pour une part plus ou moins importante, à l'élaboration d'un caractère quantitatif (locus responsable de la variabilité de ce caractère).

4. Synténie

La synténie, en biologie, désigne l'ordonnancement identique des gènes sur des chromosomes de deux espèces différentes ou, plus généralement, le fait que deux loci génétiques ou plus se trouvent sur le même chromosome, qu'ils soient ou non assez proches pour être génétiquement liés.

Ce sont des Groupes de liaison conservés entre les génomes de deux espèces. Conservation de l'ordre de gènes homologues dans certaines portions de l'ADN d'espèces différentes.

La synténie est un concept fondamental en génomique comparée. Elle permet :

- De prédire la localisation de gènes dans une espèce à partir de la carte génétique d'une autre espèce, ce qui facilite la recherche.
- De comprendre les mécanismes d'évolution des génomes (fusions, fissions, translocations de chromosomes).

Remarque

Concept	Nature	Définition simple	Rôle
Marqueur génétique	Un outil (une séquence d'ADN).	Une séquence d'ADN facilement identifiable et dont la position sur un chromosome est connue.	Sert de balise pour étudier le polymorphisme et l'hérédité.
Synténie	Un phénomène (une observation, une relation).	L' ordonnancement (l'ordre et la co-localisation) de plusieurs gènes ou marqueurs sur un même chromosome, conservé entre différentes espèces.	Révèle les relations évolutives entre les espèces et facilite la localisation de gènes par comparaison.

5. Les cartes de restriction par digestion enzymatique

Représentation graphique de la localisation des sites de restriction sur une molécule d'ADN, après avoir soumis celle-ci à une digestion enzymatique.

Une carte de restriction identifie dans l'ADN une suite linéaire de sites séparés par une distance réelle (en nombre de paires de bases). Ces sites correspondent à des coupures de la séquence par des enzymes de restriction. Une enzyme de restriction est un outil biologique qui coupe, de manière reproductible, la molécule d'ADN en des sites correspondant à l'occurrence d'un motif de 4, 5 ou 6 bases spécifique à l'enzyme. On dit aussi que l'enzyme digère une séquence. Les tailles des fragments qui résultent de ces coupures sont ensuite mesurées. (fig.12.)

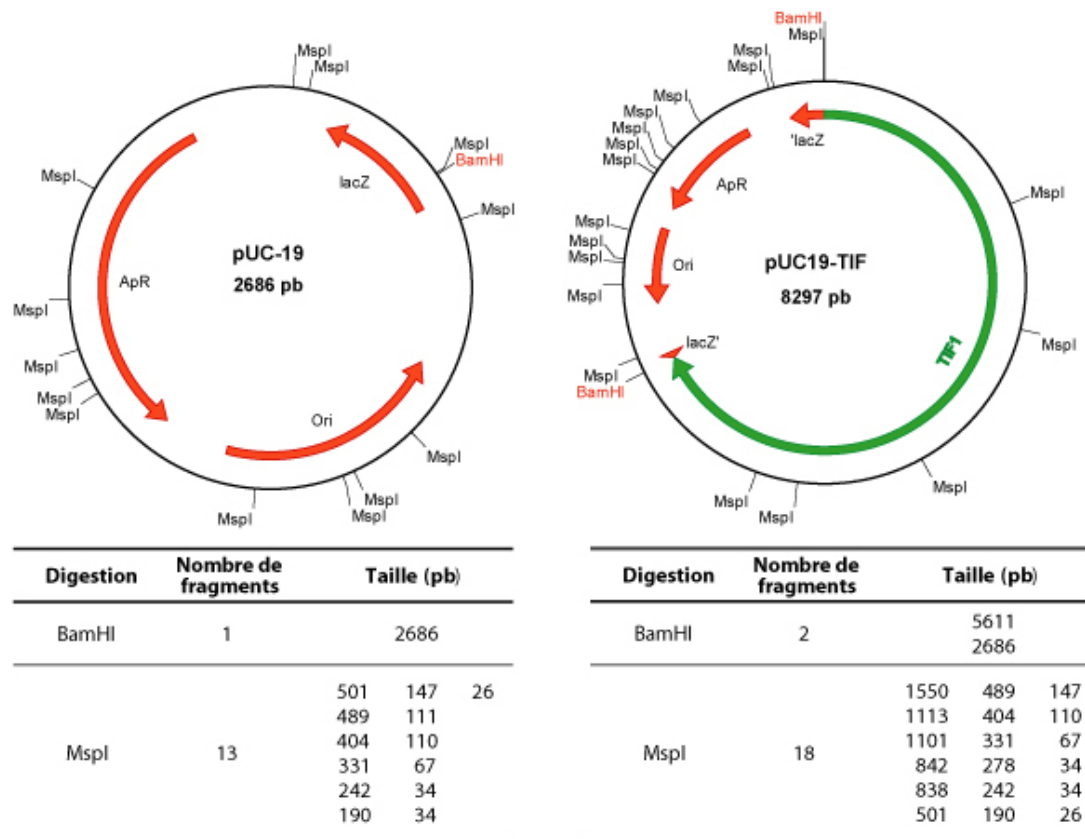


Fig.12. exemple de la Carte de Restriction. <https://www.bioutils.ch>

6. La cartographie de liaison (ou carte génétique)

La carte de liaison est l'ordonnancement de marqueurs (le plus souvent, de courts fragments d'ADN génomiques) définissant chacun un locus (localisation) unique. Ces cartes indiquent les positions relatives des marqueurs les uns par rapport aux autres. Deux marqueurs sont d'autant plus difficilement séparables qu'ils sont éloignés l'un de l'autre.