

CORRECTION

Pour l'exemple des groupes sanguins, on peut supposer que l'allèle B provient de 2 mutations ayant eu lieu au niveau de la séquence nucléotidique de l'allèle A (substitutions au niveau du nucléotide 793 A au lieu de C et au niveau du 800 C au lieu de G).

Et pour l'allèle O, il y aurait eu une mutation au niveau du nucléotide 258 de l'allèle A (délétion).

Pour l'exemple des souris à abajoues, le logiciel ANAGENE montre que :

-le nucléotide 325 (nucléotide T) du gène MCR1 de la souris sauvage est remplacé par un nucléotide C

-le nucléotide 372 (nucléotide C) du gène MCR1 de la souris sauvage est remplacé par un nucléotide A.

Il s'agit de mutations par substitution.

Ces mutations sont à l'origine de nouveaux allèles et sont responsables de la variabilité de la molécule d'ADN et donc des individus d'une même espèce.

Ces mutations ont eu lieu à l'origine dans des cellules germinales puisqu'elles ont été transmises aux générations suivantes ce qui n'aurait pas été le cas si elles s'étaient produites dans des cellules somatiques.