

1^{ère} partie : 12 points

II/ QCM

1.	2.	3.	4.	5.
b-d	a-d	b-d	c	ac

2.5

1.5

II/ 1) Techniques prélèvement (voir cours)

2) a) Ordre chronologique : F₁- F₃- F₄- F₅- F₆- F₂.

0.5

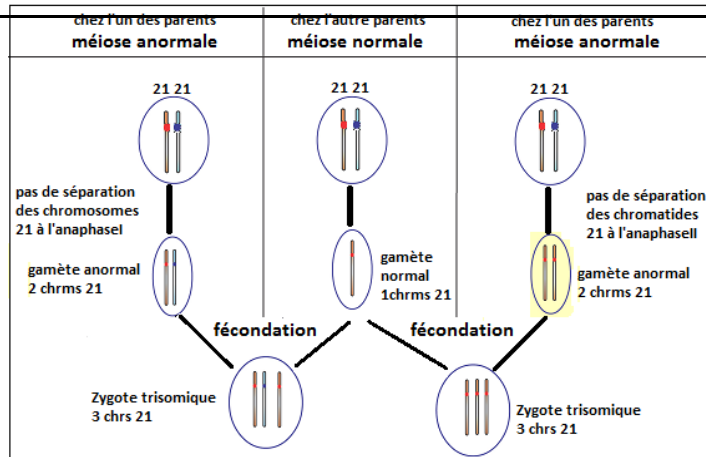
b) Etapes (voir cours)

1.5

3) a) Définition de la trisomie 21 (voir cours)

b) Explication de l'origine de la trisomie 21

0.5



1

1

1

1.25

1.25

III/ 1) Définition de la phylogénie (voir cours)

2)

Types de données en faveur de l'évolution	Données de l'anatomie comparée	Données de l'embryologie comparée	Données de la biologie moléculaire
Éléments comparés	organes	Embryons	Molécules séquencées (ou codées)

3)

- a- La comparaison des molécules en question montre en général une **forte ressemblance**, ce qui permet de les considérer comme **molécules homologues** et qu'elles sont codées par **des gènes homologues** existant chez E1, E2 et E3. On peut alors suggérer que ces gènes auraient évolué à partir d'un **même gène ancestral** existant chez un **ancêtre commun** à ces trois espèces qui seraient alors **apparentées** (c'est à dire entre lesquelles il ya une filiation).
- b-
- On détermine le nombre de différences entre les molécules homologues de ces espèces prises deux à deux.
 - Les différences entre ces protéines seraient dues à des **mutations géniques** ayant affecté le gène ancestral.
 - Pour un gène donné les mutations se produisent avec une certaine fréquence (un certain rythme) et s'accumulent donc au cours du temps. Le nombre de différences fournit alors des renseignements sur le degré de parenté entre ces espèces. Ainsi, on admet que **plus le nombre de différences entre les molécules homologues de 2 espèces est faible, plus le degré de parenté entre ces 2 espèces est fort et plus leur ancêtre commun est proche dans le temps et inversement**. Ainsi on peut dresser leur phylogénie.

DEUXIÈME PARTIE (8points)

1. Croisement 1:

$[A B] \times [A B] \rightarrow 73 [A B] + 27 [ab]$ soit environ $\frac{3}{4} + \frac{1}{4}$

On étudie la transmission de 2 caractères : c'est un cas de **dihybridisme**.

- L'obtention du **phénotype [ab]** montre que les 2 parents sont double hétérozygotes. Ainsi la descendance obtenue correspond à **une F2** de dihybridisme issue du croisement de 2 hybrides F1.
- Si les deux gènes étudiés étaient indépendants, on devrait obtenir en F2, 4 phénotypes de proportions **9/16 ; 3/16 ; 3/16 ; 1/16** ; or ce n'est pas le cas, donc **les 2 gènes (A,a) et (B,b) sont liés**.
- L'obtention de 2 phénotypes seulement en F2 montre que le **linkage est absolu**.

Croisement 3: $[AD] \times [ad] \rightarrow 31 [Ad] + 30 [aD] + 29 [AD] + 28 [ad]$

- Ce croisement correspond bien à un **test cross de dihybridisme**, qui a donné une descendance comportant 4 phénotypes équiprobables de proportions **1/4 ; 1/4 ; 1/4 ; 1/4**, Ce qui montre que les deux gènes étudiés dans ce cas (A,a) et (D,d) **sont indépendants**.

Conclusion : Les 2 gènes (A,a) et (B,b) sont liés.

(B,b) et (D,d) sont indépendants

Les deux gènes (A,a) et (D,d) sont indépendants

2. - Croisement 2:

Génotypes des Parents : $P_1 \begin{array}{c} Ab \\ ab \end{array} \times P_2 \begin{array}{c} aB \\ ab \end{array}$ l'existence du phénotype birecessif [a b] dans la descendance montre que chaque parent possède les 2 allèles récessifs

Gamètes :

$\frac{1}{2} Ab ; \frac{1}{2} ab$ $\frac{1}{2} aB ; \frac{1}{2} ab$

Gamètes P2 \ P1	$\frac{1}{2} Ab$	$\frac{1}{2} ab$
$\frac{1}{2} aB$	$\begin{array}{c} Ab \\ aB \end{array}$	$\begin{array}{c} aB \\ ab \end{array}$
$\frac{1}{2} ab$	$\begin{array}{c} Ab \\ ab \end{array}$	$\begin{array}{c} ab \\ ab \end{array}$

Descendance

- Croisement 3:

Génotypes des Parents : $P_1 \begin{array}{c} A \\ a \end{array} \begin{array}{c} D \\ d \end{array} \times P_2 \begin{array}{c} a \\ a \end{array} \begin{array}{c} d \\ d \end{array}$

Gamètes : $\frac{1}{4} AD ; \frac{1}{4} ad ; \frac{1}{4} Ad ; \frac{1}{4} aD$

100% ad

-L'existence du phénotype birecessif [a d] dans la descendance montre que chaque parent possède les 2 allèles récessifs

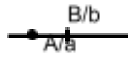
-Le testeur est birecessif, donc obligatoirement homozygote

Gamètes P2 \ P1	$\frac{1}{4} AD$	$\frac{1}{4} ad$	$\frac{1}{4} Ad$	$\frac{1}{4} aD$
1 ad	$\begin{array}{c} A \\ a \end{array} \begin{array}{c} D \\ d \end{array}$	$\begin{array}{c} a \\ a \end{array} \begin{array}{c} d \\ d \end{array}$	$\begin{array}{c} A \\ a \end{array} \begin{array}{c} d \\ d \end{array}$	$\begin{array}{c} a \\ a \end{array} \begin{array}{c} D \\ d \end{array}$
	$\frac{1}{4} [AD]$	$\frac{1}{4} [ad]$	$\frac{1}{4} [Ad]$	$\frac{1}{4} [aD]$

3. **-Croisement 4 :** (B,b) et (D,d) sont deux gènes indépendants.
- En considérant chaque caractère à part, la descendance du 4^{ème} croisement comporte :
- Pour le caractère contrôlé par (B,b) : 75 [B] + 25 [b] ce qui correspond aux proportions d'une F2 de monohybridisme issue du croisement de 2 hybrides F1. Donc P1 et P2 sont de génotype $\frac{B}{b}$
 - Pour le caractère contrôlé par (D,d) : 50 [B] + 50 [b] ce qui correspond aux proportions de la descendance d'un test cross de monohybridisme issue du croisement d'un hybrides $\frac{D}{d}$ avec un récessif $\frac{d}{d}$

Ainsi, P1 et P2 sont l'un de génotype $\frac{B}{b}$ et l'autre de génotype $\frac{D}{d}$

4. a)



b)

