

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

République algérienne démocratique et populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'enseignement supérieur Et recherche scientifique

جامعة 8 ماي 1945 قالمة

Université 8 mai 1945 Guelma



Faculté des sciences de la nature et de la vie et science de la terre et de l'univers

Département de la nature et de la vie et science de la terre

Support des Travaux Dirigés de Génétique

2ème année SNV

Dr . Mourad YOUNSI

Objectifs

Le but essentiel de ce polycopié est de fournir une vue générale des problèmes relatifs aux phénomènes de la génétique, la transmission des caractères, la structure de l'ADN, la réplication, la transcription, les altérations et les mécanismes de régulation de l'expression génique par la pratique d'exercices.

Ce manuel tente d'apporter une aide aux étudiants pour l'application des cours.

Sommaire

N°1: Matériel génétique

N°2: Transmission des caractères

N°3: Mono et dihybridisme (Cas particuliers)

N°3: Gènes liés

N°4: Cartes génétiques

N°5: Synthèse des protéines (Code génétique)

N°6: Structure fine du gène (recombinaison intragénique)

N°7: Conjugaison et carte factorielle

N°8: Génétique des populations

N°9: Extraction de l'ADN

N°10: Dosage de l'ADN

N°11: Corpuscule de BARR

1. Matériel génétique



Exercice 1 :

Une molécule d'ADN double brin contient 20000 paires de bases.

1. Combien de ribonucléotides renferme cette molécule ?
2. Combien de désoxyribonucléotides contient cette molécule ?
3. Combien compte-elle de tours d'hélice ?
4. Quelle est la longueur de cette molécule ?

Exercice 2 :

Une molécule d'ADN est représentée comme suite :

5' TTTACCCGGGTTTAAAACCGGAAATT 3'

3' AAATGGGCCCAAATTTTGGCCTTTAA 5'

1. Vérifiez si les règles de Chargaff s'appliquent à cette molécule d'ADN ?
2. Si la molécule d'ADN contient 20% de thymine, donnez les différents pourcentages des trois autres bases dans cette molécule ?
3. Si cette molécule va subir une dénaturation ménagée, quels sont les sites où l'on observera la séparation et pourquoi ?

Exercice 3 :

Le rapport $A+T/C+G=40/60$

1. Donnez la valeur de ce même rapport sur le brin complémentaire ?
2. Donnez la valeur de ce même rapport pour toute la molécule d'ADN ?

Exercice 4 :

Une séquence d'ADN est comme suite 5' AATCCCGGGTTTCGGC 3'

1. Quelle la signification des symboles 5' et 3' ?
2. Parmi les polynucléotides ci-dessous, donnez celui qui correspond au brin complémentaire de notre séquence initiale, justifiez votre réponse.
 - a) 3' AATCCCGGGTTTCGGC 5'
 - b) 3' TTAGGGCCCAAAGCCG 5'
 - c) 5' TTTAACCCGGTTAAACG 3'
 - d) 5' UUAGGGCCCAAAGCCG 3'

Exercice 5 :

Si le rapport $A+T/C+G$ d'un ADN particulier est égal à 1, est ce que le résultat indique-t-il que l'ADN est plutôt constitué de deux brins complémentaires ou d'un seul brin ? d'autres informations sont-elles nécessaires ?

Exercice 6 :

L'analyse de différent ADN de provenance d'organisme différents organismes, en se basant sur la composition en bases azotés, les résultats sont exposés dans le tableau ci-dessous.

Organismes	Bases azotées			
	Adénine (A) %	Thymine (T) %	Guanine (G) %	Cytosine (C) %
Homme	29.3	29.1	20.5	20.3
Levure	31.8	32	17.9	18.1
Criquet	29.1	29.5	20.6	20.7
Bactérie	18.8	18.8	31.1	31.2

1. Calculez les rapports A/T et C/G pour chaque espèce. Quelle relation simple existe-il entre les quantités de chaque type de nucléotide dans la molécule d'ADN ?
2. En utilisant la conclusion de Q1, formulez des hypothèses sur la disposition des nucléotides au sein de la molécule d'ADN ?
3. Calculez maintenant pour chaque espèce le rapport A+T/C+G. Qu'en déduisez-vous ?

Exercice 7 :

La composition des différents ADN issues des différentes espèces sont représentés dans le tableau suivant :

Organismes	Bases azotées				A+G/T+C	A+T/C+G
	Cytosine (C) %	Adénine (A) %	Guanine (G) %	Thymine (T) %		
Homme	19,8	30,9	19,9	29,4		
Levure	18,1	31,3	18,7	31,9		
Blé	22,8	27,3	22,7	27,2		
Poule	21,5	28,7	20,5	29,3		

1. Calculez les différents rapports et quelles informations tirez de ces rapports ?
2. Quelles votre conclusion ?

Exercice 8 :

Le tableau ci-dessous montre les proportions relatives des quatre bases azotées dans différents ADN. On a pris pour références l'adénine à laquelle on a donné arbitrairement la valeur 10 (les mesures sont données avec une précision de 0,2).

Provenance de l'ADN	A	G	C	T
Homme : Rate	10	7,2	7,0	10,1
Sanglier : Thymus	10	6,8	6,9	9,6
Oursin : Sperme	10	5,4	5,4	9,7
Blé : Germe	10	8,9	8,7	10,2

1. Quelle relation simple existe-t-il entre les différentes valeurs de ce tableau ?
2. Quelle hypothèse concernant la structure de l'ADN peut-on déduire de cette relation ?

Exercice 9 :

On extrait de l'ADN du virus ϕ X174 et on le compare à celui des Mammifères. On se demande, en effet, si on n'est pas en présence d'un ADN à un seul brin (ADN monocaténaire).

A l'analyse, l'ADN viral présente une composition en bases comprenant :

32% de cytosine, 29% d'adénine, 22% de thymine et 17% de guanine.

1. En quoi cette composition est-elle inhabituelle quand on la compare à celle de l'ADN d'un Mammifère ?
2. Cet ADN P1 est utilisé comme matrice pour la synthèse d'ADN *in vitro*. Le produit synthétisé P2 a la composition suivante : 17% de cytosine, 22% d'adénine, 29% de thymine et 32% de guanine. Quelle relation existe-t-il entre la composition de P1 et celle de P2 ?
3. L'ADN du virus est-il formé d'un brin ou de deux ? Exposez vos arguments.

Exercice 10 :

Le rapport A+T/G+C dans un simple brin d'une molécule d'ADN est de 0,2.

1. Quel est le rapport A+T/G+C du brin complémentaire ?
2. Si le rapport de A+G/T+C est de 0,2, quelle sera la valeur de ce rapport dans la chaîne complémentaire ?
3. Quel est le rapport A+G/T+C dans la double chaîne de l'ADN de A et de B

Exercice 11 :

Type d'ADN	A	G	T	C
ADN A	15	36	16	34
ADN B	5	10	25	60
ADN C	48	2	48	2

L'analyse azotées ADN a résultats des bases de trois donné les suivants :

1. Classez ces différents ADN par ordre décroissant des T_m prévisibles et justifiez votre réponse.
2. Indiquez la structure prévisible des différents ADN.

Le traitement de ces différents ADN par les exonucléases révèle que l'ADN A et B sont hydrolysés par ces enzymes tandis que l'ADN C est résistant.

3. Après avoir précisé le mode d'action des exonucléases expliquez la résistance de l'ADN C à ce type de nucléases.

Exercice 12 :

On a isolé de l'ADN (ADN A) à partir de virions d'un type viral donné. Sa composition en bases a été mesurée à 1 % près. On a mesuré de la même manière de l'ADN B d'origine inconnue.

	A	G	C	T
ADN A	21	29	28	22
ADN B	25	24	18	33

1. Que vous suggère la composition en bases de l'ADN A et celle de l'ADN B ? Pourquoi ?
2. Des solutions d'ADN A et B sont soumises à un chauffage progressif. On mesure pendant ce chauffage l'absorbance à 260 nm de ces solutions. Les résultats sont indiqués dans la figure 1.A. On soumet ensuite ces mêmes solutions à un refroidissement progressif (Fig.1.B). Les courbes A et B s'appliquent respectivement à l'ADN A et B.
 - Interprétez la courbe A dans les figures 1A et 1B.
 - Le profil de la courbe B peut-il vous aider à interpréter les résultats relatifs au pourcentage de bases de l'ADN B ? Commentez.

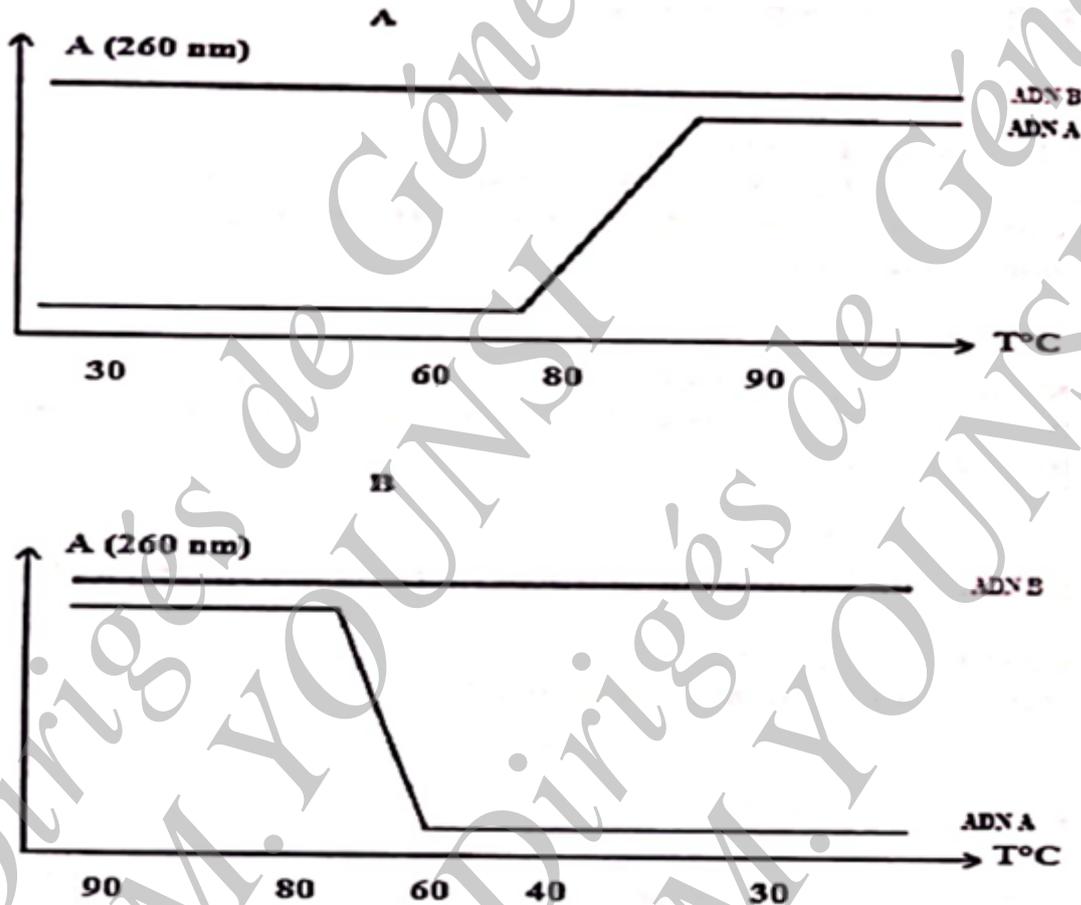


Figure I : Effet de la température sur la molécule d'ADN A : Réchauffement progressif
B : Refroidissement progressif

Exercice 13 :

Si le contenu en GC d'une molécule d'ADN est de 56 %, quels sont les pourcentages des quatre bases (A, T, G et C) de cette molécule ?

Exercice 14 :

La température à laquelle un échantillon d'ADN se dénature peut être utilisée pour estimer la proportion de G/C parmi ses paires de nucléotides. Sur quelle propriété cette dénaturation pourrait-elle se fonder et qu'indiquerait une température plus élevée de dénaturation pour un échantillon d'ADN ?

Exercice 15 :

Si vous extrayez l'ADN du phage ϕ X 174, vous constatez que sa composition est de 25 % de A, 33 % de T, 24 % de G et 18 % de C. Ceci a-t-il un sens d'après les règles de Chargaff ? Comment interpréteriez-vous ce résultat ? Comment un tel phage pourrait-il répliquer son ADN ?

Exercice 16 :

La centrifugation sur gradient de chlorure de césium (CICs) d'un mélange de deux ADN préalablement chauffés et refroidis lentement a conduit à la figure 1. On précise que le T_m de l'ADN A est de 95° C et celui de l'ADN B est de 100°C.

1. Quelle conclusion vous suggère la composition des T_m ?
2. Commentez la figure 1 et précisez à quoi correspond vraisemblablement l'ADN X.

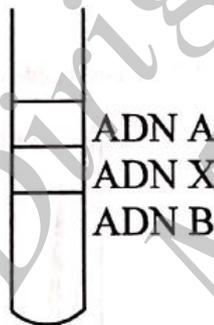


Figure 1 : centrifugation sur gradient de CICs

On précise que l'ADN A est non circulaire et fait 300.000 Pb. La digestion d'une fraction de cet ADN par une endonucléase de restriction a donné les résultats suivants sur gel d'électrophorèse (figure 2).

3. Quelle (s) conclusion (s) peut-on tirer à partir de cette figure ?

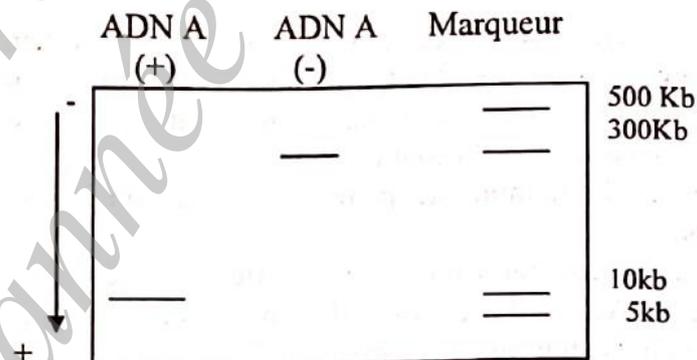
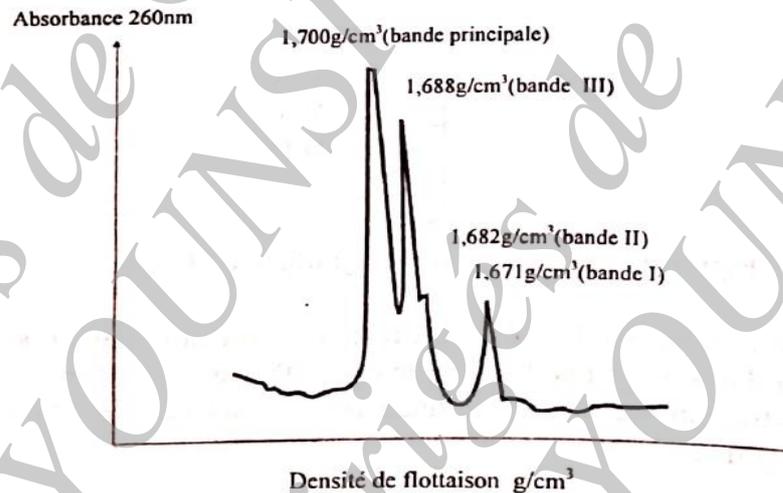


Figure 2 : Electrophorèse après coloration au BET

(+) : avec endonucléase, (-) sans endonucléase

Exercice 17 :

Le suivi au spectrophotomètre de la séparation de l'ADN génomique des tissus embryonnaires de *Drosophila virilis* sur un gradient de CICs fait apparaître une courbe de bandes de densités variables comme indiqué sur la figure ci-dessous.



Le séquençage de l'ADN des bandes de faibles densités montre qu'elles sont constituées d'un motif central de 7 bases, répété en tandem :

Bande 1: ACAAACTACAAACT

Bande 2: ATAAACTACAAACT

Bande 3: ACAAATTACAAATT

1. A quoi correspondent les bandes de faible densité ?
2. D'après l'analyse des motifs constitutifs de ces séquences d'ADN, que peut-on conclure sur leurs origines ?
3. Dans laquelle des bandes doit-on vraisemblablement retrouver les gènes codants ?
4. L'ADN du génome de *Drosophila virilis* pourrait-il se comporter de la même manière au cours d'une étude sur la vitesse de réassociation de ces différents fragments ? Justifiez votre réponse.

Exercice 18 :

Le poids moléculaire d'un ADN double brin a été estimé à $3,8 \times 10^6$ daltons.

Diverses caractéristiques de cet ADN ont également été déterminées :

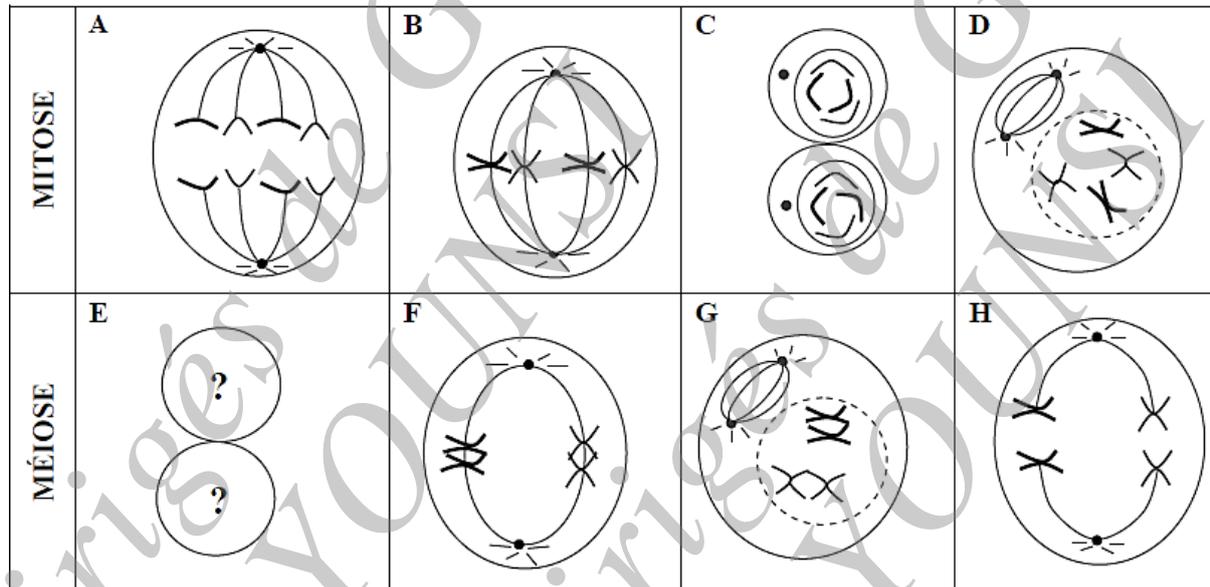
Rapport A/T ; rapport G/C ; rapport A+G / T+C. Pourcentage de paires de bases GC ; température de fusion (T_m) et nombre de paires de bases par tour de spires.

1. Calculez le nombre de paires de bases comprises dans cet ADN.
2. En cas de comparaison des paramètres analysés ci-dessus avec ceux d'ADN d'espèces différentes, donnez les résultats prévisibles en terme de stabilité ou de variabilité.

2. Transmission des caractères

Exercice 1 :

Dans une expérience, une cellule à $2n = 4$ chromosomes subit une mitose suivie d'une méiose. Les phases de chaque division ont été illustrées ci-dessous dans un ordre quelconque.

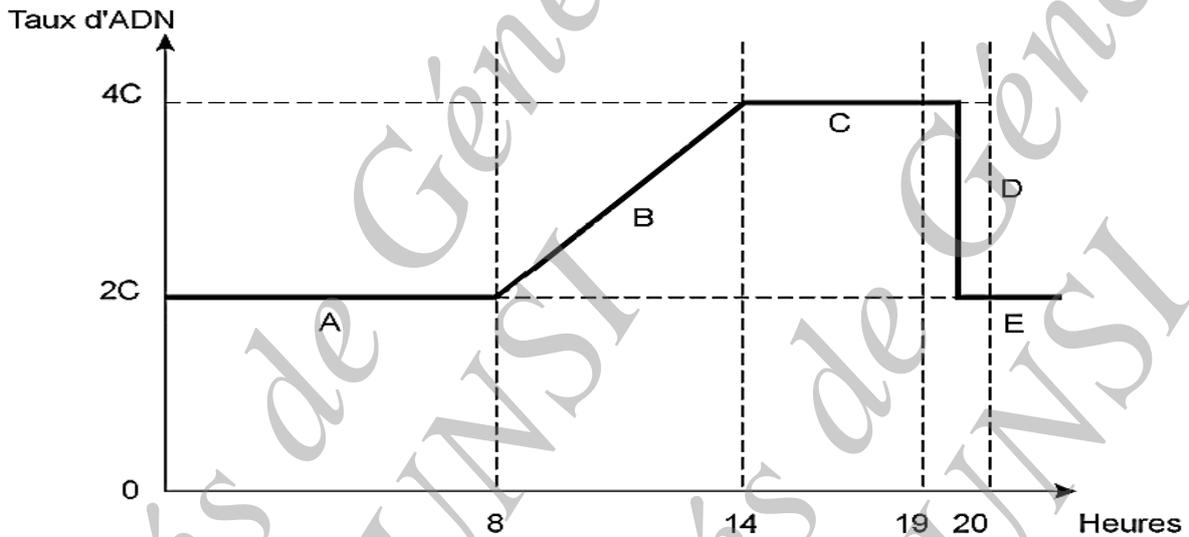


1. La mitose
 - a. Classer par ordre chronologique les schémas : A, B, C et D, et donner un titre à chacun d'eux.
 - b. Justifier pourquoi le nom « mitose » est attribuée à cette division.
2. La méiose
 - a. La méiose présente deux divisions successives. Laquelle est représentée par les schémas ci-dessus (E, F, G et H) ?
 - b. Classer par ordre chronologique les schémas : E, F, G et H, et donner un titre à chacun d'eux.
 - c. Compléter et annoter le schéma E.
3. Indiquer l'effet de la mitose et celui de la méiose sur le caryotype et le programme génétique.
4. Donner le nombre de cellules obtenues à la fin des deux divisions (une mitose et une méiose).

Exercice 2 :

La quantité d'ADN nucléaire de ces cellules est mesuré au cours de leur évolution et mentionné sur le schéma en dessous.

1. Essayez d'interpréter et précisez les différentes étapes du graphe ?
2. Quelles sont les informations apportées par le schéma sur le rôle de l'ADN dans la division cellulaire ?



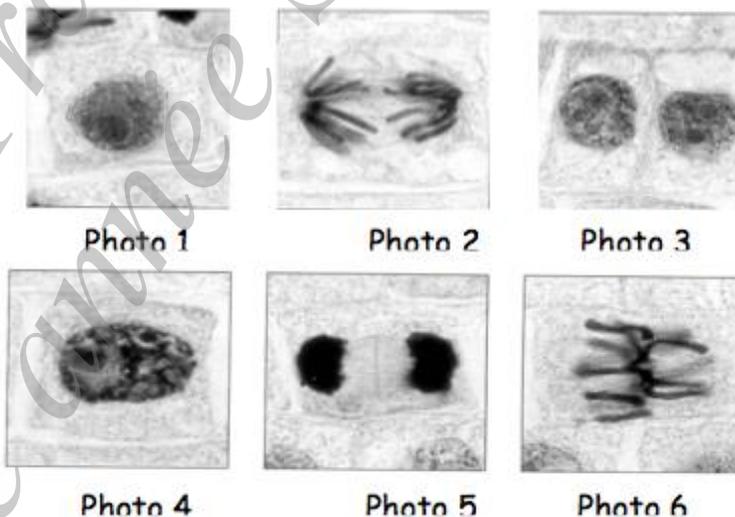
Exercice 3 :

Soit un individu ou $n=3$; si les paires de chromosomes notées A/a, B/b, et C/c, lors de la méiose en phase I :

- 1- Combien de gamètes différents peuvent-ils être produits par cet individu si on considère qu'il n'y a pas eu de crossing-over ?
- 2- Quels sont leurs génotypes ?
- 3- Chez l'homme, quelle est la probabilité pour qu'un spermatozoïde ne contienne que les caractères maternels ?
- 4- Même question pour un ovule ?
- 5- Comment interpréter ces probabilités ?

Exercice 4 :

L'observation d'une extrémité de racine au microscope optique (x 420) met en évidence des cellules d'aspects très différents (photos ci- contre).



1. Remplacez les photos dans l'ordre chronologique et complétez le tout dans un tableau.
(On schématise pour $2n = 4$)

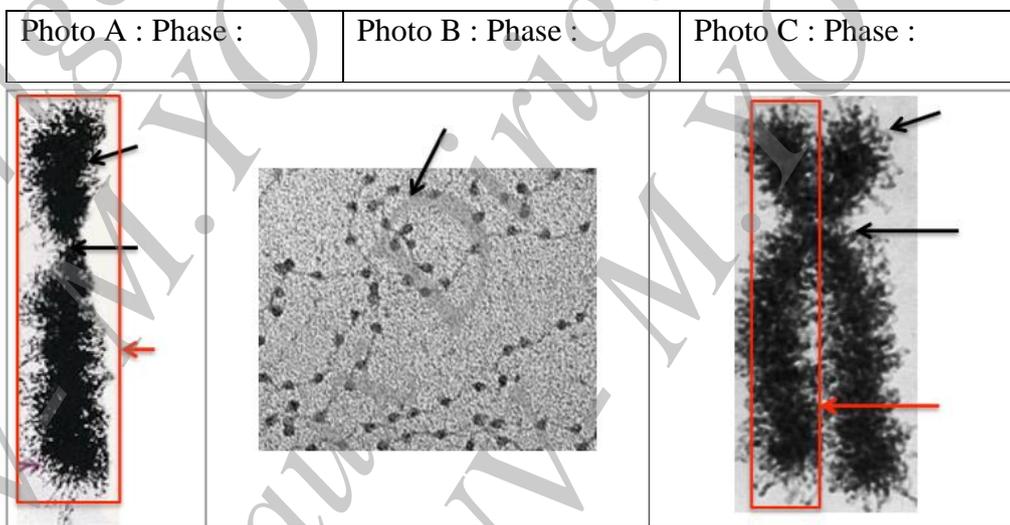
Exercice 5 :

Chez l'homme, le nombre de chromosomes est de $n = 46$.

- 1- Combien compte-t-on de chromatides à :
 - a- La fin de prophase de la mitose ?
 - b- L'anaphase de la mitose ?

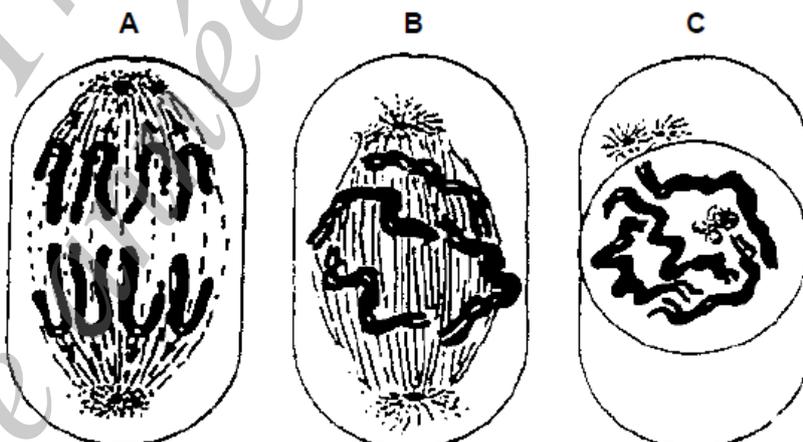
Exercice 6 :

1. Légendez les photographies ci-dessous et indiquez dans quelle(s) phase(s) on peut observer cette organisation de l'ADN.



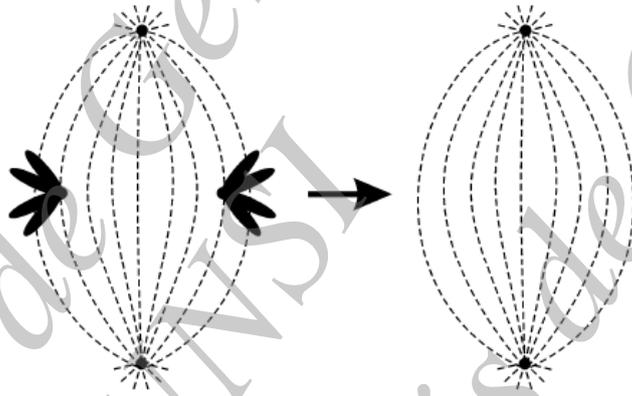
Exercice 7 :

1. Classez les figures suivantes selon l'ordre chronologique de la mitose
2. Justifiez votre classement



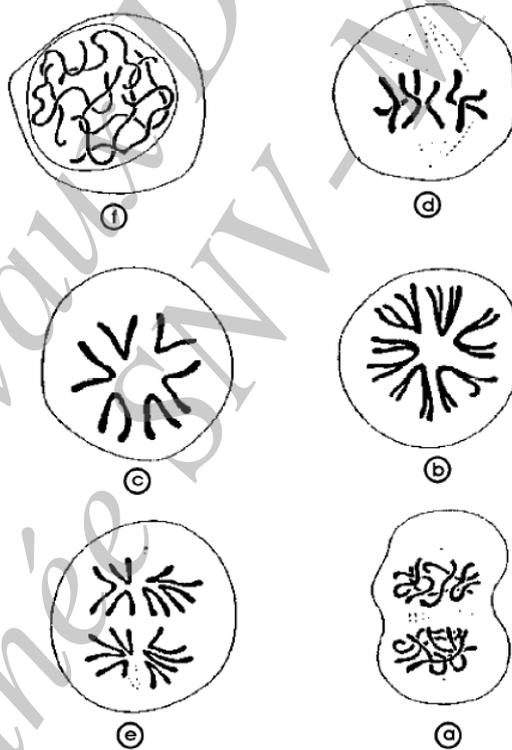
Exercice 8 :

Soit la figure suivante où 2 chromosomes homologues sont présentés :



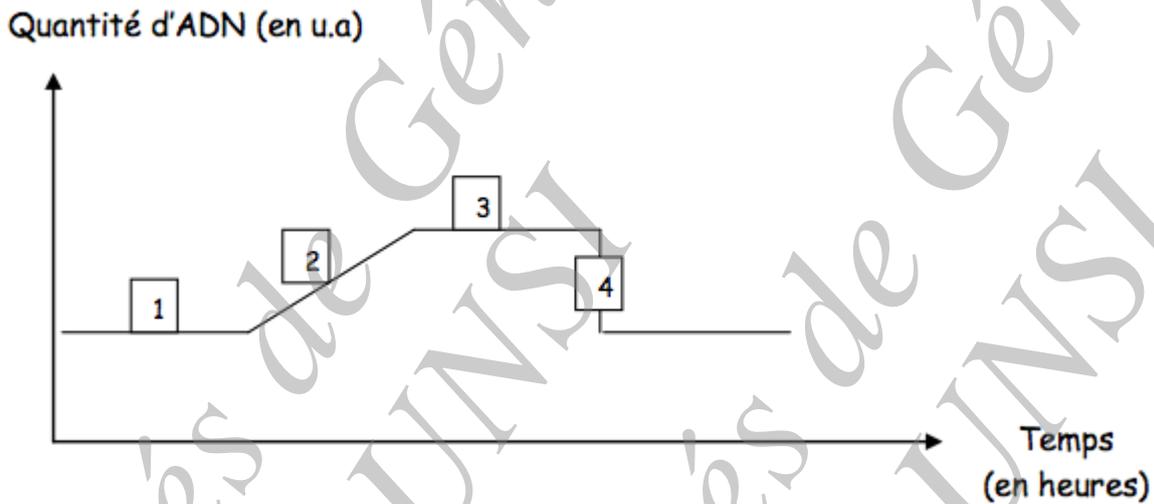
1. De quelle étape de division s'agit-il ?
2. S'agit-il d'une étape de mitose ou de méiose ? pourquoi ?
3. Représentez l'étape suivante.

Exercice 9 :



1. Quel est le nombre de chromosomes $2n$ de cette cellule ?
2. Classer ces cellules par ordre de division et justifier votre classement.

Exercice 10 :



1. Placez sur le graphique : l'interphase, la mitose, la duplication.
2. Placez le N° des photos correspondant aux différentes étapes notées.
3. Représentez un chromosome pour chaque étape

Exercice 11

Soit un organisme diploïde à $2n = 6$ chromosomes. Considérons quatre gènes A//a, B//b, D//d et E//e dont deux (AD//ad) sont complètement liés.

1. Donner le résultat de la méiose chez cette espèce.
2. Quel sera le nombre de zygotes différents obtenus à la fécondation entre deux individus hétérozygotes ?
3. Extrapoler votre méthode de calcul à une espèce possédant n paires de chromosomes cancé avec sur chaque paire une moyenne de x gènes.

Exercice 12

Dans son roman « le meilleur des mondes », A. Huxley décrit une société humaine dans laquelle les individus sont fabriqués à la chaîne.

Imaginons que dans un tel système on laisse un ovule fécondé in vitro se diviser par mitose jusqu'au stade 16 cellules, puis on sépare ces 16 cellules dans des éprouvettes différentes.

1. Si ces 16 cellules pouvaient donner naissance à 16 individus physiologiquement normaux, ceux-ci pourraient-ils se « croiser » entre eux ?

Un autre processus de reproduction, peut être imaginé : tous les ovules d'une même femme sont prélevés et le nombre de chromosomes est artificiellement porté à $2n$ (par dédoublement du stock haploïde de l'ovule sans intervention des spermatozoïdes).

Ces œufs donneraient chacun naissance à un individu physiologiquement normal.

2. Les individus descendants de ces ovules seront-ils ou non de même sexe ? Chacun de ces individus (diploïdes) possède 2 copies identiques de chaque gène.
3. Comment appelle-t-on de tels génotypes ?
4. Les individus ainsi obtenus sont-ils identiques à leur mère ?
5. sont-ils identiques entre eux ?

Exercice 13 : (Partie QCM)

Cochez-la ou les bonnes réponses

1. Au cours de la mitose :

- a. il y a duplication de l'ADN
- b. la quantité d'ADN ne varie pas dans la cellule
- c. les chromosomes sont à 2 puis à 1 chromatide

2. L'information génétique :

- a. est modifiée au cours de la mitose
- b. est contenue dans le noyau des cellules eucaryotes
- c. est contenue dans le cytoplasme des cellules eucaryotes

3. Les molécules d'ADN sont :

- a. contenues dans le noyau
- b. contenues dans les chromosomes
- c. constituées d'une succession de nucléotides

4. Les chromosomes :

- a. sont visibles dans la cellule pendant tout son cycle
- b. sont le résultat de la condensation de l'ADN
- c. ne sont observables que lors de la mitose.

5. Une cellule somatique* humaine, identifiée juste après la mitose, contient :

- a. 23 chromosomes à 1 chromatide
- b. 23 chromosomes à 2 chromatides
- c. 46 chromosomes à 1 chromatide
- d. 46 chromosomes à 2 chromatides

6. Une cellule somatique* humaine, identifiée juste avant la mitose, contient :

- a. 23 chromosomes à 1 chromatide
- b. 23 chromosomes à 2 chromatides
- c. 46 chromosomes à 1 chromatide
- d. 46 chromosomes à 2 chromatides

7. La mitose :

- a. correspond à la totalité du cycle cellulaire
- b. est un processus précédé par une duplication de l'ADN
- c. permet de transmettre la totalité de l'information génétique d'une cellule mère à 2 cellules fille
- d. permet de transmettre la moitié de l'information génétique d'une cellule mère à 2 cellules filles

8. Une cellule à $2n=14$ correspond à

- a. une cellule à 14 chromosomes homologues
- b. une cellule à 7 paires de chromosomes homologues.
- c. Une cellule à 7 chromosomes à 2 chromatides.
- d. une cellule contenant 14 molécules d'ADN

3. Génétique formelle :
Monohybridisme et
dihybridisme.

Exercice 1 :

On croise deux lignées pures de rats qui diffèrent par un seul caractère. L'une est constituée de rats blancs et l'autre de rats gris.

1. Comment peut-on se rendre compte de la pureté de ces lignées ?
2. Tous les individus issus de la F1 sont de phénotype gris. Des individus de la F1 sont croisés entre eux au hasard, donnant naissance à la F2 qui est constituée de 298 rats gris et 114 rats blancs. Que peut-on déduire de ces résultats ?
3. Doit-on obligatoirement s'assurer de la pureté des rats blancs ? Pourquoi ?
4. Qu'obtiendrait-on en croisant :
 - Les rats de la F1 avec des rats blancs ?
 - Les rats de la F1 avec des rats gris ?
5. Un rat gris, échappé de sa cage, est retrouvé dans la salle d'élevage. Comment peut-on connaître son génotype ?
6. Le croisement effectué entre un rat gris et un rat blanc a donné après plusieurs portées, 52 rats gris et 18 rats blancs. Quel est le génotype du parent gris ?

Exercice 2 :

Mendel a croisé deux races de pois en fécondant les fleurs de l'une par le pollen de l'autre. Il a obtenu de nouveaux plants F₁, qu'il a croisés entre eux.

Les pois de la deuxième génération ont les uns, au nombre de 5474, des graines lisses, les autres (1852) des graines ridées.

1. Ces proportions sont-elles voisines des proportions théoriques rencontrées dans les croisements entre races pures ?
2. Etant donné ces résultats, peut-on dire comment étaient les graines des pois parentaux : et celles des pois de la F₁ ?
3. On prend au hasard un des plants à graines lisses, on le croise avec un plant à graine ridées. Peut-on prévoir la forme des graines de la descendance ? Le résultat dépend-il du plant à graines lisses utilisé ?

Exercice 3 :

Une étudiante en génétique croise une souche de drosophile aux ailes normales longues et un mutant aux ailes courtes qu'elle pense être de phénotype récessif. En F₁, 100 % des individus sont de phénotype sauvage et en F₂, elle obtient 792 mouches de type sauvage et 208 de type mutant. L'étudiante teste par un χ^2 son hypothèse selon laquelle la différence génétique entre les deux souches conduisant à la différence phénotypique pour le caractère de longueur de l'aile, porte sur un seul gène.

1. Quelles sont les proportions théoriques à tester ?
2. Le test de χ^2 valide-t-il cette hypothèse ?
3. Que suggèrent les données à propos de la mutation responsable du phénotype récessif ?

Exercice 4 :

Chez l'homme l'albinisme est le résultat d'un défaut de pigmentation qui est dû à un allèle récessif a, l'allèle a+ (dominant) conduit à un phénotype normal.

Alors pour un couple de parents normaux qui ont un enfant albinos, quelle est la probabilité pour que :

1. Leur prochain enfant soit un garçon albinos ?
2. Leurs deux prochains enfants soient albinos ?
3. Sur deux enfants que l'un soit albinos, l'autre normal ?

Exercice 5 :

Un homme homozygote pour le phénotype de cheveux frisés épouse une femme homozygote pour le caractère des cheveux raides.

1. En sachant que le phénotype de cheveux frisés est dominant par rapport au phénotype des cheveux raides, donnez les phénotypes et les génotypes des deux parents,

2. Donner les proportions phénotypiques et génotypiques de la 1^{ère} (F₁) et de la 2^{ème} génération (F₂).

Exercice 6 :

Dans une expérience de croisement nous avons croiser deux canaris normaux (sans huppe), entre eux, qui ont donnés que des canaris normaux.

Dans un autre cas, un couple de canaris huppés (une variété qui ont un plumage frisé) croisés en eux, nous donne 13 canaris huppés et 6 canaris normaux. Dans le troisième cas, on croise un canari huppé avec un canari sans huppe, on obtient 12 canaris huppés et 13 canaris sans huppe. Analyser et interpréter ces résultats.

Exercice 7 :

Chez *Drosophila melanogaster*, le gauchissement des ailes vers le haut est provoqué par un gène G. Alors, nous croisons des mâles homologue du même phénotype [G] avec des femelles identiques sur le phénotype [G].

En F₁, nous avons comptés 207 mouches présentant le phénotype [G] et 101 qui ont le phénotype normal.

- 1- Analyser ces résultats et quelle sera votre hypothèse pour expliquer ces résultats ?
- 2- Comment feriez-vous pour le vérifier ?

Exercice 8 :

Chez l'Homme, le caractère des yeux bruns domine le caractère des yeux bleus et le phénotype droitier domine le phénotype gaucher, Alors une fille qui a des yeux bleus et gauchère a pour mère une femme aux yeux bruns et droitère.

- 1- Quels sera le ou les génotypes des parents ?
- 2- Cette fille épouse un homme gaucher aux yeux bruns, quels pourront être les génotypes et les phénotypes de leurs enfants ?

Exercice 9 :

Dans le cadre d'une expérience pour observer les lois de Mendel chez la tomate, on croise deux souche de tomate différente pour le caractère hauteur des plants ; une souche pure (L, L) de phénotype long avec une souche pure (l, l) de phénotype court.

Le croisement $F_1 \times F_1$ donne une génération F_2 qui est analysée à travers deux échantillons indépendants de 35 et 350 individus, qui se répartissant respectivement en 30 [L] et 5 [l] pour le premier échantillon et en 300 [L] et 50 [l] pour le second échantillon.

- 1- Analyser de chaque échantillon en posant une hypothèse génétique et en la validant ou non par le teste du χ^2 où le seuil de signification p sera estimé.
- 2- De cette analyse, que pouvez-vous conclure sur l'importance de la taille des échantillons dans les sciences expérimentales ?

Exercice 10 :

Dans une expérience, nous avons croiser des poules à crêtes roses entre elles et on obtient toujours dans la descendance des poules à crête rose et des poules à crête rouge.

Lorsqu'on croise des poulets à crête rouge entre eux, on obtient des poulets à crête rouge exclusivement.

Et si nous réalisons le croisement de deux poulets à crête rose et aux pattes emplumées ; on obtient la descendance suivante :

- 143 individus à crête rose et aux pattes emplumées ;
- 53 individus à crête rose et aux pattes dénudées ;
- 68 individus à crête rouge et aux pattes emplumées ;
- 24 individus à crête rouge et aux pattes dénudées ;

- 1- Interprétez ces résultats.
- 2- Vérifiez votre hypothèse avec le test de χ^2 ; qu'en déduisez-vous quant aux caractéristiques génétiques des caractères étudiés ?

Exercice 11 :

Dans une expérience nous avons croisé des plantes à fleurs rouges et à pétales entiers avec des plantes à fleurs bleues et à pétales découpés. Les graines issues de ce croisement sont semées et nous avons obtenu uniquement des plantes à fleurs mauves et à pétales découpés. Une plante issue précédemment est croisée avec une plante à fleur rouge et pétales entiers. Les graines issues de ce deuxième croisement sont semées et on obtient :

- 194 plantes à fleurs rouges et pétales entiers
- 190 plantes à fleurs mauves et à pétales découpés
- 8 plantes à fleurs rouges et pétales découpés
- 9 plantes à fleurs mauves et pétales entiers

1. Est-ce du monohybridisme ou du dihybridisme et quels sont le (s) caractère(s) étudié(s) ?

2. La génération F1 est-elle homogène et que peut-on en déduire ?
3. Quel est (sont) l'allèle ou les allèles dominant(s), récessif(s) ?
4. Comment a-t-on obtenu la génération F2 : F1 x F1 ? Test cross ?
5. Si plusieurs gènes sont en jeu, les résultats F2 font-ils pencher en faveur de gènes Indépendants ou de gènes liés ?
6. Que faut-il faire pour valider l'hypothèse ?

Exercice 12 :

Lors d'une expérience, une variété de bisons possède un pelage blanc marqué d'une ligne dorsale noire. Croisés entre eux, ces bisons donnent une génération dans laquelle on remarque 50% de bisons blancs à ligne dorsale noire, 25% de bisons noirs et 25% de bisons blancs. Expliquez ce résultat.

Exercice 13 :

Les poulets aux ailes et aux jambes courtes sont appelés "creepers" ("rampants"). Quand les individus creepers sont croisés avec des individus normaux, on obtient autant de creepers que de normaux. Quand des creepers sont croisés entre eux, on obtient 2 creepers pour 1 normal. Des individus normaux croisés entre eux ne produisent que des individus normaux. Comment expliquez-vous ces résultats ?

Exercice 14

On dispose au laboratoire de deux souches pures de drosophiles : une souche sauvage et une souche mutante aux yeux pourpres et au corps noir. On croise un mâle de la souche sauvage avec une femelle de la souche mutante ; les drosophiles obtenues à la F1 ont toutes le phénotype sauvage.

1. Que déduisez-vous quant aux caractères sauvages par rapport aux caractères mutés ?
2. Sachant que les caractères étudiés sont portés par deux paires de chromosomes homologues différents, quels seront les phénotypes obtenus à la F1 et dans quelles proportions ?
3. On réalise un croisement au laboratoire, l'expérimentateur distrait a uniquement marqué sur le flacon : femelles F1 et a oublié de marquer le génotype des mâles. L'analyse de la descendance donne les résultats suivants :
 - 199 mouches au corps normal et aux yeux normaux ;
 - 200 mouches au corps normal et aux yeux pourpres ;
 - 198 mouches au corps noir et aux yeux normaux ;
 - 203 mouches au corps noir et aux yeux pourpres.
 - Quel était le génotype du mâle ?
 - Quel aurait été le génotype du mâle si l'on avait obtenu les résultats suivants ?450 mouches au corps normal et aux yeux normaux ;

148 mouches au corps normal et aux yeux pourpres ;
153 mouches au corps noir et aux yeux normaux ;
49 mouches au corps noir et aux yeux pourpres.

Exercice 15

On dispose d'une souche de drosophiles à ailes atrophiées et dépourvues de poils sur les antennes. Les deux loci des gènes correspondants sont liés et autosomiques. On croise une femelle de cette souche avec un mâle sauvage (caractères dominants). La F1 est de type sauvage.

1. Donner le génotype de la F1 et celui des parents.
2. Une femelle F1 est croisée avec un mâle aux ailes atrophiées et présentant une absence de poils sur les antennes.
 - a. Donner les gamètes ne résultant pas d'un crossing-over et les gamètes recombinés.
 - b. Donner les génotypes et les phénotypes de la descendance.
 - c. La descendance comporte 1 000 drosophiles. Combien obtient-on de drosophiles dans les classes phénotypes obtenues en (b) si le taux de crossing-over est :
1ère hypothèse 20 % ;
2ème hypothèse 50 %.

Exercice 16

Chez les souris, les pigments donnant une coloration du pelage ne sont produits qu'en présence du gène C. Si un individu a le génotype (CC) ou (Cc), sa couleur dépendra d'un second gène A porté par un autre chromosome.

Les souris (AA) ou (Aa) sont grises, les souris (aa) noires.

Le croisement de deux souris grises donne 45 souris grises, 21 souris albinos et 14 souris noires.

1. Quel est le génotype des parents ? justifiez votre réponse.
2. Les résultats phénotypiques de ce croisement sont-ils en accord avec votre réponse précédente ? vérifiez votre réponse à l'aide d'un tableau de fécondation.

Exercice 17

Chez la drosophile, le gène gouvernant la couleur des yeux est porté par le chromosome X, l'allèle sauvage rouge est dominant. Le caractère vestigial des ailes est récessif par rapport au caractère ailes longues qui est sauvage.

Une femelle drosophile de race pure à ailes longues et aux yeux blancs est croisée avec un mâle aux ailes vestigiales et aux yeux rouges.

1. Quelle sera l'apparence de la F1 et de la F2 ?

Exercice 18

Dans une cage, on place un couple de souris, une femelle à pelage noir et un mâle à pelage brun. Dans une seconde cage, on place un autre couple qui, présente les mêmes phénotypes (femelle noire, mâle brun).

3. Génétique formelle : Monohybridisme et dihybridisme

Sur plusieurs générations, on obtient dans la première cage 29 petits noirs et 28 bruns et dans la deuxième, 46 petits noirs.

1. Que peut-on conclure sur la transmission du caractère couleur du pelage de ces souris ?
2. Quels sont les génotypes des parents dans les deux croisements ?

Une des petites femelles noires de la 1^{ère} cage est croisée avec son père brun.

3. Qu'obtient-on ?
4. Comment appelle-t-on ce type de croisement ?
5. Un petit mâle brun de la 1^{ère} cage est-il identique à son père du point de vue génotypique ?
6. Si l'on croise ce petit mâle brun avec une de ces sœurs noires, obtient-on les mêmes résultats qu'à la question 3 ?
7. Comment appelle-t-on ce type de croisement ?
8. Dans la 1^{ère} cage, la femelle noire a les poils courts et le mâle brun a les poils longs. Les petits obtenus (29 et 28), ont tous les poils courts. Quel est le génotype de chacun des parents et le génotype des petits ?

4. Gènes liés

Exercice 1 :

Chez la drosophile, le mutant white (gène b) a le corps blanc, le corps de type sauvage est gris. Le mutant arc (gène a), a des ailes recourbées vers le bas, les ailes de type sauvage sont droites. Selon les résultats des croisements ci-dessous, essayez de déterminer la liaison entre les gènes ?

1^{er} Croisement : Femelle white et droit x Male Gris et arc

Femelle F₁ x Male white et arc

562 gris et droit

670 gris et arc

672 white et droit

478 white et arc

2^{ème} Croisement : Femelle white et arc x Male sauvage

Femelle F₁ x Male white et arc

3282 gris et droit

2502 gris et arc

2360 white et droit

3064 white et arc

Exercice 2 :

Dans un laboratoire on a croisés deux bactéries de souche pure, l'une de type sauvage et l'autre mutante pour deux caractères e et m. les bactéries issue de la F₁ sont tous de phénotype sauvage. Ensuite, on croise une bactérie F₁ avec un double mutant, la descendance est mentionné ci-dessous :

1800 [e+, m+]

1800 [e, m]

200 [e+, m]

200 [e, m+].

1. Que pouvez-vous conclure sur la position des gènes ?
2. Quels auraient été les résultats si e et m étaient indépendants ?

Exercice 3 :

On dispose dans un laboratoire de deux souches mutantes de drosophiles, chacune d'elle présentant deux caractères mutés :

Souche 1 : ailes vestigiales (vg) et œil cinnabar (cn) ;

Souche 2 : corps noir (b) et ailes vestigiales ;

On croise chacune de ces souches avec une souche sauvage.

1^{er} Croisement : Souche 1 avec souche sauvage

F₁ : Homogène sauvage

Femelle F₁ x mâle parental (vg cn) donne :

448 [vg+ cn+] ; 49 [vg cn+] ; 51[vg +cn] et 452[vg cn]

2^{ème} Croisement : Souche B avec Souche sauvage

F₁ : Homogène sauvage
 Femelle F₁ x mâle parental (b vg) donne :
 408 [b+ vg+] ; 100 [b vg+] ; 95[b +vg] et 397[b vg]

1. Dans chacun des croisements, les gènes considérés sont-ils liés ou indépendants ?

Exercice 4 :

Dans un laboratoire nous avons mis dans une première cage un couple de lapins, une femelle à pelage marron et un mâle à pelage blanc.

Dans une seconde cage, on place un autre couple qui, présente les mêmes phénotypes.

Sur plusieurs générations, on obtient dans la première cage 59 petits marron et 58 blancs et dans la deuxième, 86 petits marron.

On ne sait pas si les gènes correspondants aux caractères indiqués sont indépendants ou non .

Pour le savoir, on croise une lapine marrons de la première cage avec son père blanc.

1. Quels sont les résultats attendus si les gènes sont indépendants ?
2. Quels sont les résultats si les gènes étaient liés ?

Exercice 5 :

Dans une expérience on dispose d'une lignée pure de drosophiles dont le corps est jaune et l'œil atrophié. on croise une femelle de cette lignée avec un mâle sauvage à œil normal et corps normal.

La première génération F₁ comporte des femelles dont le corps est de type sauvage et dont l'œil est moyennement atrophié. Les mâles ont l'œil atrophié et le corps jaune.

Le croisement inverse (femelle sauvage avec un mâle dont l'œil est atrophié et le corps est jaune), donne une F₁ où les femelles ont un corps normal et l'œil moyennement atrophié. Les mâles ont l'œil normal et le corps normal.

1. Quels sont les informations dont peut-on tirer de ces résultats en ce qui concerne les caractères étudiés?
2. la position des loci des gènes correspondants à ces caractères sont-ils autosomiques ?
3. Le croisement d'une femelle à l'œil atrophié et au corps jaune avec un mâle possédant les caractères sauvages donne une descendance qui est se répartit comme suit :

Femelles	œil atrophié corps jaune 250	œil atrophié corps sauvage 251	œil moyennement atrophié corps jaune 252	œil moyennement atrophié corps sauvage 249
Mâles	œil atrophié corps jaune 249	œil atrophié corps sauvage 248	œil sauvage corps jaune 252	œil sauvage corps sauvage 250

Pourquoi n'existe-t-il pas de mâles à œil moyennement atrophié et de femelles à œil sauvage ?

Exercice 6 :

Dans un laboratoire nous avons deux souches pures de drosophiles, g et h, toutes deux à œil blanc. On réalise les croisements suivants :

1^{er} Croisement : femelle [g] x mâle [+]. On obtient des femelles [+] et des mâles [blanc] .

2^{ème} Croisement : F₂ (F₁ x F₁). On obtient 50% [blanc] et 50% [+].

3^{ème} Croisement : femelle [h] x mâle [+]. La F₁ tous les individus sont [+].

4^{ème} Croisement : back-cross femelle F₁ x mâle [h] . La descendance se répartit ainsi : 26 [+], 22 [blanc], 25 [rouge], 24 [brun] .

1. Par combien de gènes les souches diffèrent-elles et que peut-on dire de leur localisation et leur liaison ?

Exercice 7 :

Dans une expérience nous avons la souris domestique + qui est brune à moustaches raides. En l'élevant en laboratoire, on a pu sélectionner diverses souches pures telles que :

- Une Souris albinos à moustaches raides [al], et - f : une souris brunes à moustaches frisées [fr]. 1^{er} Croisement: Souris albinos à moustaches raides x souris brunes à moustaches frisées on obtient toute la descendance F₁ du type [+].

1. Quel sont les informations tirer de ce croisement ?

2^{ème} Croisement : F₁ x F₁. La F₂ se répartit en 56 [+], 6 [al, fr], 18 [al], 20 [fr].

2. En considérant d'une part la couleur du pelage et d'autre part la forme des moustaches, quel est le nombre de gènes dans ces croisement ?

3. Quel renseignement complémentaire pouvez-vous obtenir en étudiant la répartition des 4 phénotypes?

4. Ce croisement vous permet-il de déterminer si les gènes étudiés sont localisés sur le même chromosome?

3^{ème} Croisement: Femelle F₁ x mâle [al, fr]. La descendance obtenue se répartit en 20 [+], 16 [al, fr], 18[al], 19 [fr].

5. Quel est l'intérêt de ce croisement par rapport au précédent ?

Exercice 8 :

Dans le cadre des lois de Mendel, on suppose que la couleur des yeux, bleu ou foncé, et la couleur des cheveux, blond ou brun, se transmettent dans l'espèce humaine conformément aux lois de Mendel.

Alors le caractère « œil brun » est dominant sur le caractère « œil bleu » et « cheveu brun » est dominant sur « cheveux blond ».

Une fille aux yeux bleus et à la chevelure blonde a pour mère une femme aux yeux bruns et à la chevelure brune et pour père un homme aux yeux bruns et à la chevelure brune. Elle épouse un homme blond aux yeux bruns.

1. Quels peuvent être le ou les génotypes des parents ?

1. quels pourront être les génotypes et les phénotypes de leurs enfants ? et quel est la liaison entre les deux gènes ?

Exercice 9 :

Dans une ferme un éleveur achète un couple de cobayes gris à pelage lisse. Dans les quatre ans qui suivent l'achat, l'éleveur constate que le couple de cobayes a donné naissance à 128 cobayes, 78 étaient gris à pelage lisse, 19 gris à pelage rude et 31 blancs. Mais, parmi les blancs, 26 avaient un pelage lisse et 5 un pelage rude.

1. Quels peuvent être les génotypes possibles des cobayes gris à pelage lisse apparus dans la descendance ?
2. Comment l'éleveur pourrait-il obtenir une lignée pure de cobayes blancs à pelage rude?
3. Quel est la liaison entre les deux gènes ?

Exercice 10 :

La Drosophile, organisme diploïde, est une petite mouche qui présente une grande diversité phénotypique.

1^{er} croisement : On croise des drosophiles de lignées pures : un mâle à abdomen rayé et au thorax dépourvu de soies et une femelle dont un abdomen est uni et le thorax portant des soies. Toutes les drosophiles obtenues en première génération (F₁) ont l'abdomen uni et le thorax portant des soies.

2^{ème} croisement : On croise ensuite une femelle obtenue en F₁ avec un mâle à l'abdomen rayé et au thorax sans soies On obtient à la génération suivante :

40% d'individus à l'abdomen uni et au thorax portant des soies

10% d'individus à l'abdomen uni et au thorax sans soies ,

10% d'individus à l'abdomen rayé et au thorax portant des soies

40% d'individus à l'abdomen rayé et au thorax sans soies.

1. Analyser l'expérience et donnez la position des gènes (liaisons des gènes)

Exercice 11 :

Les croisements suivants sont réalisés entre drosophiles de souche pure:

Mâle aux yeux blancs x Femelle aux yeux rouges

- en F₁, tous les descendants ont les yeux rouges

- en F₂, toutes les femelles ont les yeux rouges et la moitié des mâles également, l'autre moitié ayant les yeux blancs.

Mâle aux yeux rouges x Femelle aux yeux blancs

- en F₁, les mâles ont les yeux blancs et les femelles les yeux rouges

- en F₂, la moitié des femelles et des mâles ont les yeux rouges et l'autre moitié les yeux blancs.

Analyser les résultats et interpréter le déterminisme génétique de ce caractère et la liaison des gènes ?

Exercice 12 :

Dans cet exercice, on recherche chez le Moustique la position relative des gènes de la couleur du corps et de la couleur de l'œil.

Dans une série d'expérience nous avons effectué deux croisements

1^{er} croisement : des femelles de type sauvage à corps gris et œil prune avec des mâles à corps noir et œil clair et le résultat c'est toute la première génération qui est du phénotype sauvage : corps gris et œil prune.

2^{ème} croisement : des femelles F₁ avec des mâles à corps noir et œil clair et le résultat est mentionné ci-dessous :

- 35,2 % de moustiques à corps gris et œil prune,
- 35,9 % de moustiques à corps noir et œil clair,
- 1 % de moustiques à corps gris et œil clair,
- 14,3 % de moustiques à corps noir et œil prune

1. Analyser l'expérience ?

Exercice 13 :

On étudie chez le Lotus (*Nymphaea nelumbo*) la transmission de deux couples d'allèles :

- un couple d'allèle commandant la couleur des fleurs
- un couple d'allèle commandant la déhiscence (ouverture) ou l'indéhiscence (non ouverture) des gousses renfermant les graines.

Deux croisements sont réalisés :

1^{er} croisement : on croise des plantes à fleurs jaunes et à gousses déhiscentes avec des plantes à fleurs blanches et à gousses indéhiscentes. Les graines obtenues donnent toutes des plantes à fleurs jaunes et gousses déhiscentes.

2^{ème} croisement : on croise des plantes issues des graines de la génération F₁ avec des plantes à fleurs blanches et gousses indéhiscentes. On obtient :

- 135 plantes à fleurs jaunes et gousses déhiscentes
- 138 plantes à fleurs blanches et gousses déhiscentes
- 140 plantes à fleurs jaunes et gousses indéhiscentes
- 133 plantes à fleurs blanches et gousses indéhiscentes

- 1) Est-ce du monohybridisme ou du dihybridisme ? Quels sont le (s) caractère(s) étudié(s) ?
- 2) La génération F₁ est-elle de lignée pure ?
- 3) Quel est (sont) l'allèle ou les allèles dominant(s) fleurs jaunes et gousses déhiscentes, récessif(s) ?
- 4) Comment a-t-on obtenu la génération F₂ ?
- 5) Si plusieurs gènes sont en jeu, les résultats F₂ font-ils pencher en faveur de gènes indépendants ou de gènes liés ?

5. Cartes génétiques

Exercice 1 :

On croise entre elles deux races de chats différents par deux couples de caractères, l'une à pelage angora et de couleur uniforme, l'autre à poils courts et dont la robe est panachée de blanc. Les hybrides de la F₁ ont tous les poils courts et la robe panachée. Ils se fécondent entre eux et donnent naissance à une génération F₂ qui se répartit comme suit :

502 panachés, poils courts,
166 uniformes, angora ;
16 panachés, poils courts et
18 uniformes, poils courts.

1. Quel est le génotype de la F₁ ?
2. Quel est le génotype de la F₂ ?
3. D'après les résultats numériques, que pouvez-vous conclure quant à la disposition des gènes et établir la carte génétique ?

Exercice 2 :

Dans une série d'expérience, on croise deux souches de drosophiles, l'une sauvage et l'autre au corps noir (n), aux ailes tronquées (l) et aux yeux pourpres (r). Les individus de la F₁ ont tous le phénotype sauvage.

Le croisement d'une femelle de la F₁ avec un mâle récessif pour ces trois caractères a donné une descendance composée de 3255 individus :

978 individus aux ailes longues, corps gris et yeux rouges ;
957 individus aux ailes tronquées, corps noir et yeux pourpres ;
559 individus aux ailes longues, corps noir et yeux pourpres ;
564 individus aux ailes tronquées, corps gris et yeux rouges ;
88 individus aux ailes tronquées, corps noir et yeux rouges ;
94 individus aux ailes longues, corps gris et yeux pourpres ;
8 individus aux ailes tronquées, corps gris et yeux pourpres ;
7 individus aux ailes longues, corps noir et yeux rouges.

1. Que pensez-vous de la position des gènes sur le chromosome ?
2. Quel est le groupe issu d'un double crossing-over ?
3. Quel est le taux de recombinaison entre les différents caractères ? Etablir la carte génétique ?

Exercice 3 :

Dans un laboratoire nous avons trois souche de drosophile, chacune présente deux phénotype mutés.

Souche A : ailes vestigiales (vg) et œil cinnabar (cn) ,

Souche B : corps noir (b) et ailes vestigiales ;

Souche C : corps noir et œil cinnabar.

On croise chacune de ces souches avec une souche sauvage.

1^{er} Croisement : Souche A avec souche sauvage

F₁ : Homogène sauvage

Femelle F₁ x mâle parental (vg cn) donne :

448 [vg+ cn+] ; 49 [vg cn+] ; 51 [vg +cn] et 452[vg cn]

2^{ème} Croisement : Souche B avec souche sauvage

F₁ : Homogène sauvage

Femelle F₁ x mâle parental (b vg) donne :

408 [b+ vg+] ; 100 [b vg+] ; 95[b +vg] et 397[b vg]

3^{ème} Croisement : Souche C avec souche sauvage

F₁ : Homogène sauvage

Femelle F₁ x mâle parental (b cn) donne :

453 [b + cn+] ; 46 [b cn+] ; 49[b +cn] et 452[b cnl]

1. Calculer les pourcentages de recombinaison dans chacun des trois croisements,
2. Quelle distance sépare les gènes et quel est l'ordre des trois gènes sur le

Exercice 4 :

On croise des drosophiles de type sauvage avec des drosophiles à corps ébène et ailes vestigiales. Les individus obtenus sont tous de type sauvage.

1. Quelles conclusions peut-on en tirer ?

Le croisement d'un mâle de la F₁ avec une femelle à corps ébène et ailes vestigiales donne deux phénotypes différents à proportions à peu près égales.

2. Comment appelle-t-on ce genre de croisement ? Interprétez en donnant les génotypes et phénotypes.

Le croisement d'une femelle de la F₁ avec un mâle à corps ébène et ailes vestigiales donne les résultats suivants :

- 832 drosophiles de type sauvage.
- 172 drosophiles à corps gris et ailes vestigiales.
- 168 drosophiles à corps ébène et ailes longues.
- 830 drosophiles à corps ébène et ailes vestigiales.

3. Interprétez et dites pour quelle raison n'obtient-on pas les mêmes résultats que ceux de la question (2).

4. Donnez tous les génotypes et phénotypes.

5. Établissez la carte factorielle.

6. Qu'aurait-on obtenu, si les gènes n'étaient pas liés ?

Exercice 5 :

Le croisement de deux drosophiles l'une de type sauvage, l'autre à corps noir et soies courtes, donne une première génération formée d'individus de type sauvage.

1. Quelles conclusions pouvez-vous en tirer ?

Le croisement d'un mâle de la F1 avec une femelle à corps noir et soies courtes donne deux phénotypes différents à proportions à peu près égales.

2. Comment appelle-t-on ce genre de croisement ?

Le croisement d'une femelle de la F1 avec un mâle à corps noir et soies courtes donne 4 phénotypes différents, dans ces proportions statistiques :

- 826 drosophiles de types sauvage [++].
- 864 drosophiles à corps noir et soies courtes [nc].
- 112 drosophiles à corps noir et soies normales [n+].
- 118 drosophiles à corps gris et soies courtes [+c].

3. Interprétez ces résultats avec ceux de la deuxième question et faites une comparaison.

4. Sachant que le pourcentage de recombinaison entre les gènes « corps noir » et « œil sépia » est de 35,5 et qu'il est de 23,5 entre les gènes « soies courtes » et « œil sépia », localisez les gènes.

Exercice 6 :

On croise deux lignées pures de maïs, l'une à grains remplis et à albumen coloré, la seconde à grains fripés et à albumen non coloré. La descendance obtenue ne comporte que des individus à grains bien remplis et à albumen coloré. On réalise un test cross et on obtient sur 8368 grains :

- 152 grains bien remplis et à albumen non coloré.
- 149 grains fripés et à albumen coloré.
- 4035 grains fripés et à albumen non coloré.
- 4032 grains bien remplis et à albumen coloré.

1. Établissez la carte factorielle.

Exercice 7 :

On croise deux lignées pures d'une espèce végétale, la première présente des fleurs rouges, des tiges glabres (non velues) et des feuilles entières et la seconde présentant des fleurs blanches, des tiges velues et des feuilles découpées, la F1 ne se compose que des plantes à fleurs rouges, tiges glabres et feuilles entières. En croisant ces individus avec des plantes à fleurs blanches, tiges velues et feuilles découpées, on obtient :

- 800 plantes à fleurs blanches, tiges velues et à feuilles découpées.
- 12 plantes à fleurs blanches, tiges glabres et à feuilles entières.
- 90 plantes à fleurs blanches, tiges velues et à feuilles entières.

- 92 plantes à fleurs rouges, tiges glabres et à feuilles découpées.
- 76 plantes à fleurs rouges, tiges velues et à feuilles entières.
- 74 plantes à fleurs blanches, tiges glabres et à feuilles découpées.
- 806 plantes à fleurs rouges, tiges glabres et à feuilles entières.
- 11 plantes à fleurs rouges, tiges velues et à feuilles découpées.

1. Interprétez ces résultats et établissez la carte factorielle

Exercice 8 :

Sur le chromosome 10 de la souris se trouvent deux gènes, waltzer (valseuse : v) et jittery (peureuse : ji), situés à 18 unités l'un de l'autre. Chacun de ces gènes est responsable d'un type de désordre nerveux. Des individus F1, phénotypiquement normaux et portant ces deux mutations en position cis, sont maintenus de façon permanente par une entreprise commerciale. Une commande leur est passé pour deux douzaines de jeunes souris waltzer, et deux douzaines de souris jittery.

1. En supposant que les portées moyennes sont de 7 individus, calculer approximativement le nombre minimum de femelle qu'il faut croiser pour faire face à la commande.

Exercice 9 :

Si la descendance suivante est obtenue à partir de ce croisement :

$$\frac{+++}{mwf} \times \frac{mwf}{mwf}$$

- [+wf] : 26
- [m+f] : 99
- [mw+] : 55
- [+w+] : 111
- [+++] : 214
- [m++] : 22
- [++f] : 57
- [mwf] : 196.

1. Calculez les pourcentages de recombinaisons dans les deux régions et établissez la carte factorielle.

Exercice 10 :

En 1960, l'Amprechte croise deux lignées pures de pois qui diffèrent par la couleur et la forme de la gousse. La première lignée possède des gousses droites de couleur verte, la seconde des gousses incurvées de couleur jaune. En F1, les hybrides obtenus donnent des pois présentant des gousses droites de couleur verte. Ces hybrides de F1 sont croisés avec une lignée pure à gousses incurvées de couleur jaune, les résultats obtenus sont :

- 9360 pois aux gousses droites , de couleur verte.
- 9321 pois aux gousses incurvées, de couleur jaune.
- 2076 pois aux gousses droites , de couleur jaune.
- 2310 pois aux gousses incurvées, de couleur verte.

1. Interprétez ces résultats en donnant tous les génotypes et les phénotypes.
2. Quelles sont les proportions des types de gamètes produits par les hybrides en F1?
3. Établissez la carte factorielle.

Exercice 11 :

On croise deux lignées pures de maïs, l'une présentant une croissance horizontale des plants, des feuilles glacées et à endosperme sucré, l'autre présentant le phénotype [**Gl Lz Su**]. La première génération F1 est de type [**Gl Lz Su**]. En croisant ces individus avec des plantes à croissance horizontale, feuilles glacées et endosperme sucré, on obtient les résultats suivants :

Phénotype	Nombre d'individus
[Lz Gl Su]	286
[Lz Gl su]	33
[Lz gl Su]	59
[Lz Gl su]	4
[lz gl Su]	2
[lz Gl su]	44
[Lz Gl su]	40
[lz gl su]	272

1. Interprétez ces résultats et établissez la carte factorielle.

6. Synthèse des protéines

Exercices 1 :

I- Soit les séquences d'ARNm suivantes :

- A) 5'...GAAAUGGCAGUUUAC...3'
- B) 3'...UUUUCGAGAUGUCA...5'
- C) 5'...AAAACCUAGAACCCA...3'

En vous basant sur le code génétique :

1°) Déterminez la séquence d'ADN double brin correspondant à chacun des ARNm ci-dessus.
 2°) Précisez à chaque fois, lequel des deux brins d'ADN a servi de matrice pour la transcription.

3°) En quelles protéines ces ARNm sont-ils traduits ?

II- Complétez les séquences en bases ci-dessous en indiquant à chaque fois l'orientation (5' → 3' ou 3' → 5').

Sens												Sens	
3'	T			A	G		G			A			ADN double brin
		CG											
						U		G					ARNm
								A					ARNt
										Ala			Acides Aminés

Exercice 2 :

I- Soit la double hélice suivante:

- CTG AAA TAC CGA GCC GCG ATG GCA ATT C-
- GAC TTT ATG GCT CGG CGC TAC CGT TAA G

La traduction in vivo donne un peptide de six acides aminés,

1. Quel est le brin transcrit ?
2. Donner l'ARNm correspondant et préciser la polarité des deux molécules.
3. Donner la séquence en acides aminés du peptide produit en précisant ces extrémités.
4. Calculez le nombre de liaisons hydrogène et des liaisons phosphodiester.

II- Soit l'ARNm suivant : 5'-CUA AGU AGG CCC GAA AGC UU-3' ; quel est le résultat de sa traduction in vitro ? Justifiez votre réponse.

Exercice 3 :

Calculez combien de codons en triplets, il serait possible d'obtenir avec six bases (trois paires de bases complémentaires) à l'intérieur de la structure de l'ADN.

Est-ce que six bases seraient-elles suffisantes pour un codon à deux lettres pour coder les vingt acides aminés et les codons d'initiation et de terminaison ?

Exercice 4 :

Dans un laboratoire nous avons un mélange de polymères composés de trois bases avec une fréquence de : $1/4$ A : $1/4$ G : $1/2$ C,

1. Combien de codons différents existeront dans la molécule d'ARN synthétique ?
2. Combien de fois le codon le plus fréquent sera-t-il présent ?

Exercice 5 :

1. Combien de triplets différents peut-on former à partir des quatre nucléotides A, T, C et G ?
2. Combien ne contiennent pas d'adénine ?
3. Combien contiennent une adénine au moins ?

Exercice 6 :

Pour une expérience de synthèse nous avons un ARNm contient 20 % d'Adénine (A) et 80 % d'Uracile (U).

1. Quelle sera la fréquence des différents codons correspondants ?
2. Pouvez-vous estimer la longueur de la chaîne peptidique produite ? Justifiez.

Exercice 7 :

Dans un laboratoire un ARNm de synthèse comporte 20 % d'Uracile (U) et 80 % d'Adénine (A), qui code pour un polypeptide contenant : 4 Ile pour 1 Tyr ; 16 Ile pour 1 Phe et 16 Lys pour 1 Tyr.

1. Donnez les triplets d'ARN codant pour chacun des acides aminés

Exercice 8 :

Dans le cadre d'un procédé expérimentale un ARN de synthèse est fabriqué dans une solution contenant un mélange d'uridine et d'adénosine dans des proportions de 3U pour 2A.

1. Quels sont les différents codons qui seront réalisés ?
2. Quelle est la fréquence de chacun ?

Exercice 9 :

Nous avons une séquence d'acides aminés qui est composée de la façon suivante :

Met — Val — His.

1. Quel est le nombre d'ARNm qui peut coder cette protéine ?

On prend en considération la protéine suivante dont la séquence est composée de :

Met — Val — His — Ser — Pro — Leu — Val — Phe — Asp.

2. Dans ce cas d'ARNm sont-ils possibles ?

3. Par ailleurs le codon de départ AUG qui code pour la méthionine, quels sont les acides aminés qui risquent d'être remplacés le plus fréquemment si un changement intervient dans la 3^{ème} lettre de chaque codon, dans la 2^{ème} lettre, ou dans la 1^{ère} lettre du codon ?

Exercice 10 :

Un morceau d'ADN présente la séquence ci-dessous qui produit in vivo un polypeptide de sept acides aminés :

TAC ATG ATC ATT TCA CGG AAT TTC TAG CAT GTA

ATG TAC TAG TAA AGT GCC TTA AAG ATC GTA CAT

1. Quel est le brin est transcrite et dans quel sens ?

2. Indiquez les extrémités 5' et 3' de chaque brin.

3. Quelle est la séquence produite, si l'adénine du 2^{ème} codon sur le brin 3' est remplacée par la cytosine ?

Exercice 11 :

Dans un laboratoire nous avons la séquence d'ADN suivante :

5'-GTAGCCTACCCATAGG-3'

1. Donner la séquence de l'ARNm transcrit à partir de cet ADN ?

2. Quel sera le peptide issu de la traduction de cet ARNm ? (ici aucun codon de départ n'est nécessaire).

3. Combien de peptides différents cet ARNm code-t-il ?

7. Structure fine du gène

Exercice 1 :

Dans le cadre d'une expérience, on souhaiterait savoir le type de thalle (A ou a) de chaque spore dans un asque de *Neurospora*. Pour cela, nous avons isolé les huit ascospores contenues dans cet asque, elles sont numérotées de haut (1) en bas (8). Après germinations des spores, on obtient huit mycéliums individuels. Ces derniers sont éprouvés ; ainsi le mycélium n°1 produit des périthèces lorsqu'il entre en contact avec le mycélium n°3. Il en est de même pour, le mycélium n°2 mis qui en contact avec le mycélium n°6. Dans un troisième test, le mycélium n°8 est mis en présence d'un mycélium de référence dont le type de thalle est connu (a), mais ne donne aucun périthèce.

1. Indiquer le génotype de chaque spore et expliquer comment l'asque étudié a été formé pendant la méiose ?

Exercice 2 :

Chez *Neurospora crassa*, on considère le croisement (A x a), dont les profils obtenus dans l'asque sont les suivants :

A	a	A	a	A	a
A	a	A	a	A	a
A	a	a	A	a	A
A	a	a	A	a	A
a	A	A	a	a	A
a	A	A	a	a	A
a	A	a	A	A	a
a	A	a	A	A	a
126	132	9	11	10	12
└──────────┘		└──────────┘			
Profil M1		Profil M2			

1. Interpréter ces résultats ?

Exercices 3 :

Dans un laboratoire, on croise une souche de *Neurospora* auxotrophe pour la thiamine et l'arginine avec une souche prototrophe. On obtient les résultats suivants pour les différents types d'asque :

2 Thi+ Arg+	2 Thi+ Arg-	2 Thi+ Arg+	2 Thi+ Arg+
2 Thi+ Arg+	2 Thi+ Arg-	2 Thi+ Arg-	2 Thi- Arg+
2 Thi- Arg-	2 Thi- Arg+	2 Thi- Arg+	2 Thi+ Arg-
2 Thi -Arg-	2 Thi- Arg+	2 Thi- Arg-	2 Thi- Arg-
Asque A=40	Asque B = 40	Asque C=14	Asque D=6

1. Quel est le génotype des souches parentales ?
2. Quelles informations pouvez-vous tirer des résultats de ce croisement concernant la position des gènes ?
3. Tracez la carte génétique ?

Exercices 4 :

Chez *Neurospora crassa*, On étudie 4 mutations conférant aux souches l'auxotrophie pour la proline, la lysine, l'arginine et la leucine.

1. 1^{er} Croisement : Pro+ Lys- x Pro- Lys+
Parmi les asques obtenus, 200 ont été pris au hasard et ils sont analysés. Leur répartition est selon les trois types suivants en fonction de l'ordre des spores :

Pro- Lys+	Pro- Lys+	Pro- Lys+
Pro- Lys+	Pro+ Lys+	Pro- Lys-
Pro+ Lys-	Pro- Lys-	Pro+ Lys+
Pro+ Lys-	Pro+ Lys-	Pro+ Lys-
Asque A=72	Asque B = 2	Asque C=108

Quelle est la position des gènes Pro+/Pro- et Lys+/Lys-, par rapport au centromère et l'un par rapport à l'autre ?

2. 2^{ème} Croisement : Leu+ Arg- x Leu- Arg+
204 spores formant les mycéliums suivants :

550 Leu+ Arg- 554 Leu- Arg+
548 Leu+ Arg- 552 Leu- Arg+

Quelle conclusion peut-on tirer de ce croisement ?

3. 3^{ème} Croisement : Leu+ Arg- x Leu- Arg+
On obtient les asques suivants :
263 ditypes parentaux ;
32 tétratypes ;
5 ditypes recombinés.

- 3.1. Donner les génotypes des spores de chaque type d'asque obtenu (l'ordre peut ne pas être respecté).
- 3.2. Ces gènes sont-ils liés ou indépendants ? Justifiez votre réponse.
- 3.3. Parmi ces 300 asques, 72 sont post-réduits pour la leucine. Quelle indication peut-on en tirer ?

4. A l'aide de tous ces éléments établir une carte génétique pour *Neurospora crassa*, sachant que le pourcentage de pré-réduction pour l'arginine est de 37,4 %.

Exercices 5 :

Chez *Neurospora crassa*, nous avons une expérience pour étudier quatre mutations, conférant aux souches l'auxotrophie pour la lysine, la méthionine, la proline et la riboflavine. Dans un premier temps, on réalise le croisement : Lys⁺ Met x Lys⁻ Met⁻

On étudie 1272 spores sans se soucier de leur position dans les asques. Ces spores donnent en germant autant de mycéliums, parmi lesquels on compte :

595 Lys⁺ Met⁺ 580 Lys⁻ Met⁻

50 Lys⁺ Met⁻ 47 Lys⁻ Met⁺

On effectue, par la suite, le croisement Lys⁺ Rib⁺ x Lys⁻ Rib⁻.

On étudie le contenu de 52 asques et on compte ainsi, les spores dont :

98 Lys⁺ Rib⁺ 112 Lys⁻ Rib⁻

102 Lys⁺ Rib⁻ 104 Lys⁻ Rib⁺

Dans un troisième croisement : Lys⁺ Pro⁺ x Lys⁻ Pro⁻, on étudie 108 asques qui se répartissent de la manière suivante :

2 Lys⁺ Pro⁺

2 Lys⁻ Pro⁻

2 Lys⁺ Pro⁻

2 Lys⁻ Pro⁺

Dans des expériences préalables, on a compté le nombre d'asques pré et post-réduits pour les différents couples d'allèles et on a obtenu les résultats suivants :

Lys /Lys⁻ : Sur 54 asques étudiés nous avons 4 post-réduits ;

Met⁺ /Met⁻ : Sur 150 asques étudiés nous avons

34 post-réduits ; Rib⁺/ Rib⁻ : Sur 125 asques étudiés nous avons 114 post-réduits ;

Pro⁺/ Pro⁻ : Sur 169 asques étudiés nous avons 17 post-réduits ;

1. Établir une carte chromosomique pour *Neurospora crassa*.

Exercices 6 :

Au laboratoire on croise une souche de *Sordaria* à spores blanches avec une souche de *Sordaria* à spores noires.

Les résultats observés du croisement en classant les différents types d'asques présentes dans les périthèces suivant la disposition des spores. Les spores contenues dans les asques sont ordonnées. (On ne tient compte que des asques contenant 8 spores).

1. Comment expliquer la formation des différents types d'asques ?

Exercices 7 :

Le type sauvage d'une espèce du genre *Sordaria* produit des spores de couleur noire, dans un asque à spores ordonnées mais non orientées (ni haut, ni bas). L'asque contient huit spores (octade) à la suite d'une mitose additionnelle survenant après la méiose II.

On croise un mutant à spores vertes avec une souche SSR, et on observe, à l'issue des méioses, quatre types d'asques (tableau ci-dessous).

1. Analyser les résultats ?

Type 1	Type 2	Type 3	Type 4
v	v	v	n
v	v	v	n
v	n	n	v
v	n	n	v
n	v	n	v
n	v	n	v
n	n	v	n
n	n	v	n
40	35	16	19

8. Conjugaison et carte factorielle

Exercice 1 :

On considère 4 souches mutantes d'E. coli A, B, C, D dont les génotypes sont les suivants :

A : Val - Xyl - Thr - Bio + AziNa s T1R Str R

B : Val + Xyl - Thr + Bio - AziNa R T1 s Str s

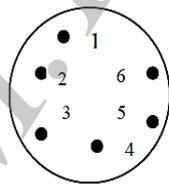
C : Val + Xyl + Thr - Bio - AziNa s T1 R Str s

D : Val - Xyl - Thr + Bio + AziNa R T1 s Str R.

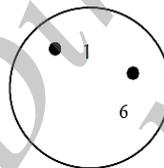
1. Donnez la composition du milieu commun de culture convenant à un mélange des 4 souches.
2. Donnez la composition d'un milieu de culture pour chacune de ces souches.
3. Ces milieux de culture sont-ils sélectifs ?

Exercice 2 :

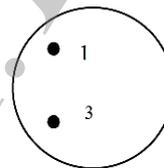
On considère une culture d'E. coli contenant un certain nombre de souches différentes. Un échantillon dilué de cette culture, étalé sur milieu solide complet (m.minéral + glucose + arginine + thréonine + leucine + proline + phénylalanine + histidine) donne naissance à 6 colonies. Cette boîte mère est répliquée sur 6 milieux différents. Les résultats sont les suivants



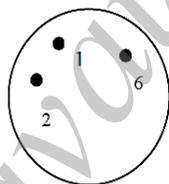
Boîte mère



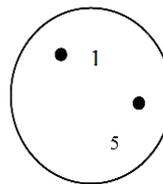
m.minéral + glucose
+ arginine + thréonine



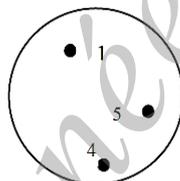
m.minéral + glucose
+ arginine + leucine



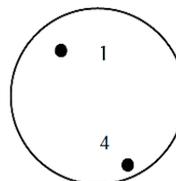
M.minéral + glucose
+ thréonine + leucine



m.minéral + glucose
+ proline + phénylalanine.



m.minéral + glucose
+ proline + histidine



m. minéral + glucose
+ phénylalanine + histidine.

Déterminez le génotype de chacune des différentes souches et le milieu de culture pour chacune d'elle

Exercice 3 :

On considère 3 souches mutantes d'*E. coli*, A, B et C, dont les génotypes sont les suivants

A : Leu⁺ His⁺ Gal⁺ Ala⁻ Arg⁻ Mal⁻

B : Leu⁺ His⁻ Gal⁺ Ala⁺ Arg⁺ Mal⁺

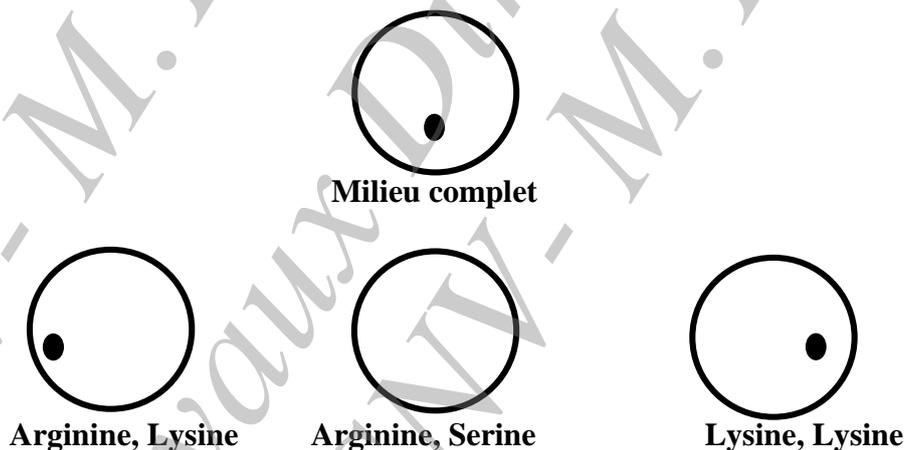
C : Leu⁺ His⁻ Gal⁻ Ala⁻ Arg⁺ Mal⁺

1. Donner la composition d'un milieu de culture pour chacune de ces souches.
2. Donner la composition d'un milieu de culture commun pour ces 3 souches.
3. Donner la composition d'un milieu de culture sélectif pour chacune de ces souches.

Exercice 4 :

Environ 10⁹ cellules d'une souche mutante d'*E.coli* sont étalées sur milieu complet. Ce tapis bactérien est répliqué sur milieu minimum plus de l'arginine, de la lysine et de la serine.

1. A partir des résultats donnés ci-dessous, déterminer le génotype de la souche mutante.
2. Expliquer l'apparition de colonies sur les boîtes de répliques.



Exercice 5 :

Jeph et Stève ont pris des vacances en montagne, où la couche de neige a atteint un mètre de hauteur. Alors ils ont fait des prélèvements d'échantillons de feuilles et d'écorces à 50 cm du sol et en cours de route Jeph a eu soif et avale un morceau de glace.

En analysant les échantillons, ils découvrent une espèce bactérienne qui ne se développe pas à une température supérieure à 20°C, et une autre espèce, *Bacillus* qui peut se développer même à 37 °C.

1. Stève conclut que la première espèce ne peut pas être pathogène pour l'homme. Pourquoi
2. L'analyse de la souche *Bacillus* montre que cette dernière n'est pas pathogène, elle dégrade le maltose, le lactose mais pas le saccharose, elle est capable de synthétiser l'arginine, elle a besoin de la vitamine B1 et des acides aminés, leucine et valine pour se développer. Cette

souche est résistante à l'ampicilline. Ecrire son génotype et donner un milieu de culture qui permet de la multiplier.

3. Jeph qui a déjà une infection buccale par *Haemophilus* se soigne à l'ampicilline. Après avoir avalé la neige devra-il changer de traitement ? Pourquoi

Exercice 6 :

Une souche de bactérie F- dont le génotype est ci-dessous, est utilisée dans le cadre d'une expérience de conjugaison interrompue qui va permettre de connaître la position des gènes sur le chromosome d'*E.coli*

F-: His- Trp- Gal- Phe- Lys- Str^R Lac- Cyc-

1. Essayer de déterminer le génotype de la souche Hfr ?
2. Déterminer la composition du milieu de conjugaison ?
3. Nous avons réalisé des prélevants des échantillons toutes les minutes sur le milieu de conjugaison et en les étalant sur des milieux sélectifs, on obtient les résultats suivants :

A : Milieu minéral + glucose + tryptophane + phénylalanine + lysine + cystéine streptomycine

B : M.M + glucose + histidine + tryptophane + phénylalanine + cystéine streptomycine ;

C : M.M + galactose + histidine + tryptophane + phénylalanine + lysine cystéine + streptomycine ;

D : M.M + glucose + histidine + phénylalanine + lysine + cystéine -streptomycine ; E : Milieu minéral + glucose + + lysine + cystéine - histidine + tryptophane streptomycine ;

F : M.M + glucose + histidine + tryptophane + phénylalanine + lysine + tryptophane + phénylalanine + lysine + streptomycine ;

G : M.M + lactose + histidine cystéine + streptomycine ;

On observe les recombinés sur le milieu sur le milieu A au bout de 36 de conjugaison mn, sur le milieu B au bout de 55 mn, sur le milieu C au bout de 18 mn, sur le milieu D au bout de 25 mn, sur le milieu E au bout de 48 mn, sur le F au bout de 68 mn et enfin sur G au bout de 10 mn. :

Quel type de recombiné pourriez-vous sélectionner sur chaque milieu ?

Déterminer la position des gènes sur le chromosome ?

Exercice 7 :

Dans une expérience, on réalise une conjugaison entre une souche Hfr et une souche F- dont les génotypes sont ci-dessous :

F-: Lac- Lys- His- Met- Phe- Str^R Cys-

Hfr: Lac+ Lys+ His+ Met+ Phe+ Str^S Cys+

1. Déterminer la composition du milieu de conjugaison ?
2. Déterminer les recombinants potentiels ?
3. Quel sera le facteur contre sélectif utilisé pour empêcher les parents Hfr de cacher la détection des recombinants ? Quelles en seront les résultats ?
4. Sachant qu'après 95 mn de conjugaison on a pu isoler 90 colonies Lac+, 160 Phe+, 130 His+, 36 Lys+, 60 Met+ et 50 Cys+.

Quel est la disposition des gènes transmis par la souche Hfr ?

Exercice 8 :

Dans un laboratoire un étudiant aimerait faire une expérience de conjugaison interrompue avec une souche Hfr, mais il hésite entre trois génotypes :

Hfr1: Gal⁺ T1^S Thr⁺ Arg⁺ Ser⁺ Str^s

Hfr2: Gal⁺ T1^R Thr⁻ Arg⁺ Ser⁺ Str^s

Hfr3: Gal⁺ T1^S Thr⁺ Arg⁺ Ser⁺ Str^R

1. Sur quelle souche Hfr son choix vas porter ? justifier la réponse ?
2. Déterminer le génotype de la souche F- correspondante et donner la composition du milieu de conjugaison.
3. Déterminer le milieu sélectif et le génotype pour chaque souche recombinée.

Exercice 9 :

Dans le cadre d'une expérience, on réalise une conjugaison entre une souche de bactérie F incapable de synthétiser les acides aminés A, B, C et D et 3 souches Hfr toutes capables de synthétiser ces acides aminés. Le temps nécessaire en minutes au transfert des caractères A⁺, B⁺, C⁺ et D⁺ par la souche F est indiqué dans le tableau suivant :

	A ⁺	B ⁺	C ⁺	D ⁺
Hfr1 x F-	10	55	20	32
Hfr2 x F-	80	51	16	28
Hfr3 x F-	38	36	79	15

1. interprétera les résultats ?

Exercice 10 :

Lors d'une expérience de transduction, nous avons une souche d'*E.coli*, incapable de fermenter l'arabinose et incapable de synthétiser la leucine et la thréonine, avec une souche sauvage de génotype Ara⁺ Leu⁺ Thr⁺.

Les recombinants pour la leucine sont repérés en étalant sur milieu minimum avec un supplément de thréonine. Après cette première sélection, les bactéries sont étalées sur milieu minimum auquel on ajoute l'arabinose.

Sur 270 colonies sélectionnées par leur croissance sur milieu minimum plus thréonine, 148 sont également capables de dégrader l'arabinose.

1. Quel est le pourcentage de recombinaison entre les gènes Leu et Ara ?

Exercice 11 :

Dans un laboratoire et pendant une expérience de transduction, une souche bactérienne incapable de fabriquer la méthionine est transduite par un phage à partir d'une souche bactérienne incapable de synthétiser l'arginine. La culture est étalée sur milieu minimum en

ajoutant l'isoleucine. Une quantité équivalente de culture est étalée sur milieu minimum. 10 colonies apparaissent sur les boîtes de milieu minimum et 195 sur les boîtes d'arginine.

1. Déterminer le pourcentage de bactéries recombinées.

Exercice 12 :

Lors des expériences de transformation dirigés par Anagnostopoulos et Crawford, ils ont fait un grand nombre de croisements entre deux souches de *Bacillus subtilis* qui diffèrent par deux facteurs à la fois ;

Donneur	Receveur	Fréquence de transformants de type sauvage
Ala- His+	Ala- His+	0,45
Try- His+	Try+ His-	0,19
Ind-His+	Ind+ His-	0,263

1. Sachant que le gène His est situé à une extrémité, quel est l'ordre des gènes sur le chromosome

Exercice 13 :

Dans l'objectif de localiser deux gènes X et Z sur le chromosome bactérien de colibacille, nous réalisons une expérience de conjugaison et le résultat est que le gène X est systématiquement transféré, en revanche Z n'est transféré qu'exceptionnellement. Alors que par transduction, on retrouve, avec une fréquence non négligeable X et X transférés ensemble.

1. Interpréter ces résultats.

Exercice 14 :

On mélange une souche d'*E.coli* K12 **Hfr** portant les marqueurs suivants :

(T+L+) : pouvoir de synthétiser la thréonine et la leucine, (T1s): sensible au phage T1, (Lac+): fermentant le lactose, (Gal +): fermentant le galactose, (Strs): streptomycine sensible et une souche **F-** portant les marqueurs (T- L-), (T1r), (Lac-), (Gal-), et (Strr). On interrompt la conjugaison aux temps indiqués ci-dessous et on étale pour chaque temps des échantillons sur des milieux qui permettent de sélectionner les recombinants. Les résultats sont :

- 10 mn : (T+L+) (Gal-) (Lac-) (Strr) (T1r)
- 15 mn : (T+L+) (Gal-) (Lac-) (Strr) (T1s)
- 20 mn : (T+L+) (Gal-) (Lac+) (Strr) (T1s)
- 28 mn : (T+L+) (Gal+) (Lac+) (Strr) (T1s)

1. Déterminez l'ordre des gènes (T+L+) (Gal+) (Lac+) (T1s).

9. Génétique des populations

Exercices 1 :

Un allèle dominant X effectue le codage pour la capacité à goûter un composé appelé le phénylthiocarbamide (PTC). Les personnes qui sont homozygotes pour l'allèle récessif g sont incapables de goûter le PTC. Dans une classe de génétique de 125 élèves, 88 élèves peuvent goûter le PTC et 37 ne le peuvent pas.

1. Calcule les fréquences attendues des allèles G et g dans cette population d'élèves.
2. Combien d'élèves hétérozygotes pour le gène du goût peut-on s'attendre à trouver dans la classe ?
3. Combien d'élèves homozygotes dominants pour le gène du goût peut-on s'attendre à trouver dans la classe ?
4. Comment pourrais-tu vérifier tes réponses en 2) et en 3) ?

Exercice : 2

Chez l'homme, le groupe sanguin MN est déterminé par un gène à deux allèles codominants M et N, ce qui permet d'attribuer un génotype à chaque individu échantillonné, puis d'estimer les fréquences alléliques dans la population. Une étude portant sur 730 aborigènes australiens

1. donné les résultats suivants : 22 MM 216 MN 492 NN
2. Calculer les fréquences p et q des allèles M et N
3. Calculer les effectifs théoriques attendus des différentes catégories génotypiques

Exercice : 3

Dans une population de souris qui se reproduit de façon aléatoire, 25,0 souris sur 100,0 naissent avec un pelage blanc, un caractère récessif.

- 1) Calcule la fréquence de chaque allèle dans la population.
- 2) Calcule les fréquences génotypiques de la population.
- 3) Comment pourrais-tu vérifier tes réponses

Exercice : 4

Dans la population blanche de l'Amérique du Nord, un bébé sur 10 000 naît avec une maladie récessive appelée la « phénylcétonurie ». Cette maladie est déterminée par une seule paire d'allèles. Les personnes qui sont homozygotes récessives pour le gène de la phénylcétonurie n'ont pas l'enzyme nécessaire pour convertir la phénylalanine, un acide aminé, en sous-produits inoffensifs. La présence de cet acide aminé dans les aliments d'un bébé peut ralentir le développement de son encéphale. Quel pourcentage d'hétérozygotes pour l'allèle de la phénylcétonurie peut-on s'attendre à trouver dans la population blanche de l'Amérique du Nord

Exercice : 5

Dans le cadres d'une expérience nous allons essayer d'étudier le gène de résistance Ace^R chez le moustique. Une souche de laboratoire possédant ce gène de résistance vient d'être testée. Malheureusement, l'étudiant qui a réalisé le test biochimique de l'activité de l'acétylcholinestérase n'a pas noté les génotypes : il a seulement classé comme "résistants" les Ace^R/Ace^R (66 individus) et comme "sensibles" (350 individus) les deux autres génotypes (Ace^S/Ace^R & Ace^S/Ace^S)

- 1) On lui demande de calculer les fréquences de Ace^R et Ace^S . Peut-il le faire ?

2) Par la suite, il doit tester si cette souche est en équilibre de HW à ce locus. Peut-il réaliser ce test ?

Exercice : 6

Dans une population qui compte 1 000 individus, on étudie la répartition des groupes sanguins, les phénotypes se répartissent comme suit : 300 A, 150 AB et 550 O.

1. Calculer les fréquences alléliques de cette population :
2. Quelle est la probabilité pour un couple AB x AB, pris au hasard dans la population d'avoir un enfant de groupe A ?

Exercice : 7

La mucoviscidose est une maladie autosomique récessive qui affecte environ, une personne sur 2200 sujets de race blanche originaire de l'Europe centrale. Quelle est la fréquence des individus hétérozygotes ?

NB : La mucoviscidose est une pathologie sévère et d'évolution progressive, touchant l'épithélium bronchique et le tractus gastro-intestinal. C'est l'une des maladies autosomiques récessives les plus fréquentes en Europe.

Exercice : 8

La maladie de Tay Sachs est à mode de transmission autosomique récessif, elle s'observe dans 1/ 3600 naissances chez les juifs polonais. Quelle est la fréquence des individus hétérozygotes ? En vue de se marier, un couple juif polonais demande un conseil génétique sur le risque d'avoir un enfant malade, tous deux étant hétérozygotes.

NB : La maladie de Tays Sachs est une maladie autosomique récessive, provoquée par une diminution en hexose glucosaminidase entraînant l'accumulation de gongliosides GN12. Elle est caractérisée par des troubles neuromusculaires et mentaux qui débutent entre 3 et 7 mots et qui aboutissent à une cécité et à la démence.

Exercice : 9

Le daltonisme est une tare récessive due à une mutation touchant le chromosome X. Pour les hommes, deux génotypes qui sont possibles, c'est : XY correspond à une vision normale et X^dY correspond à un sujet daltonien. Pour les femmes, il y'a trois génotypes possible : XX correspondant à un sujet homozygote à vision normale, X^dX est un sujet hétérozygote a vision normale et X^dX^d est un sujet homozygote daltonien. Dans la population étudiée, l'indice du daltonisme étant de 7 cas sur 130 hommes ; calculer les fréquences alléliques et les fréquences génotypiques.

Exercice : 10

Dans l'espèce humaine, le fait d'avoir un index plus court que l'annulaire est un phénotype dû à l'un des allèles d'un gène diallélique. L'allèle responsable de « l'index court » a une expression

influencée par le sexe puisqu'il est dominant chez les hommes et récessif chez les femmes. Dans un échantillon d'hommes, on a recensé 120 individus à index courts et 210 à index longs. Quelle est la fréquence des femmes des deux types dans cette population ?

Exercice : 11

Dans une population de *Mirabilis jalapa*, on dénombre 3 plantes à fleurs rouges, 44 à fleurs roses et 55 à fleurs blanches.

1. Calculer la fréquence des allèles correspondants, sachant que la couleur des fleurs est déterminée par un couple d'allèles R et B codominants.
2. La population est-elle en équilibre (à la probabilité de $p = 0,05$)

Exercice : 12

Dans une population donnée, les génotypes (A//A), (A//a) et (a//a) sont présents dans les proportions respectives de 0,81, 0,18 et 0,01.

1. Calculer les fréquences alléliques ;
2. Calculer les fréquences génotypiques à la génération G1 ;
3. Quelle proportion de l'ensemble des unions sera du type (A//a) x (A//a) ?

Exercice : 13

Dans l'espèce humaine 10 % de la population masculine est daltonienne. Quel est le pourcentage de femmes porteuses auquel on doit s'attendre ?

Exercice : 14

Soit une population de 1 000 individus dans laquelle on compte. 490 individus récessifs de génotype (a//a) et 510 individus de phénotype dominant correspondants aux génotypes (A//A) et (A//a).

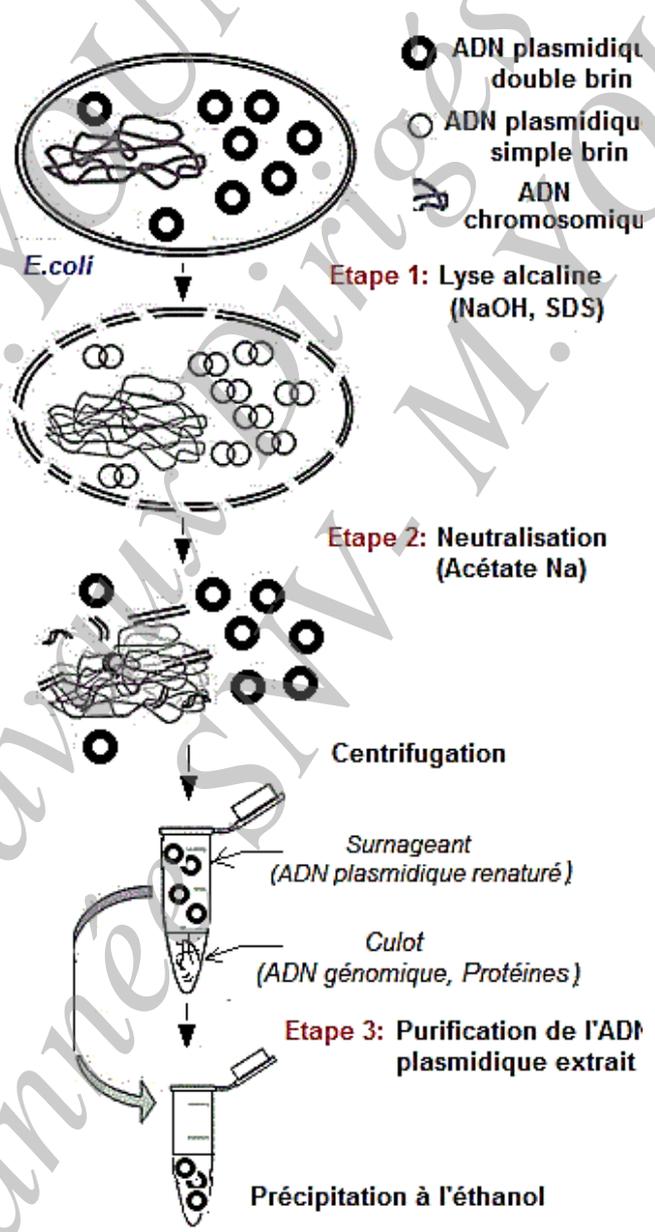
1. Calculer la fréquence de l'allèle A, la fréquence des homozygotes (A//A) et le nombre d'individus (A//A) et (A//a) de cette population.

10. Extraction de l'ADN

Exercice 1 :

Interprétation de l'extraction de l'ADN plasmidique par lyse alcaline: Les techniques les plus courantes de l'extraction et la purification de l'ADN des plasmides par lyse alcaline ont des noms abrégés selon 'miniprep', 'midiprep' et 'maxiprep' (selon le volume de la culture bactérienne). Le but consiste à faire une extraction rapide de l'ADN du plasmide (ADN plasmidique) afin de faire une analyse par digestion *via* les **enzymes de restriction** et la séparation par **électrophorèse**.

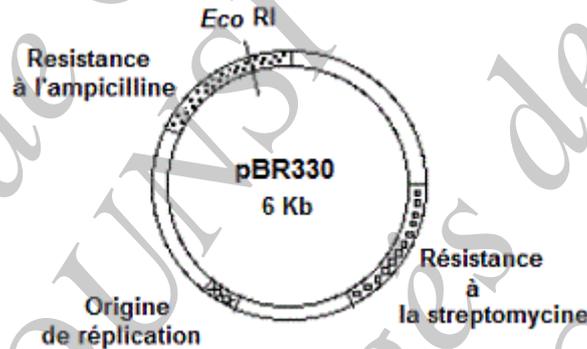
Les digestions servent à vérifier un clone et/ou établir une **carte de restriction**. Expliquer les différentes étapes de l'extraction de l'ADN plasmidique par **lyse alcaline** comme résumée dans la figure ci-contre.



Extraction de l'ADN du plasmide par lyse alcaline. Principe

Exercice 2 :

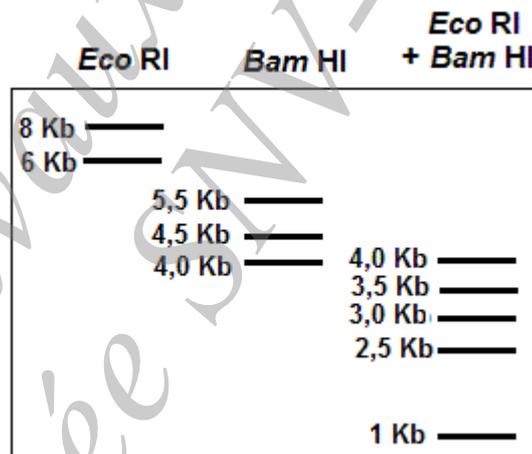
Dans un laboratoire, on souhaite étudier la fonctionnalité d'un gène M d'une bactérie. Pour cela, on essaie de cloner au site *EcoRI* du vecteur plasmidique pBR330 (voir schéma) un fragment *EcoRI-EcoRI* d'ADN génomique de la bactérie d'intérêt.



1- Proposez un protocole de clonage et indiquez comment vous sélectionnez les clones recombinants.

2- Un des plasmides recombinants contenant le gène M (appelé pBM1) est digéré par les enzymes de restriction *BamHI* et *EcoRI*. Après migration et séparation des fragments d'ADN par électrophorèses sur gel d'agarose puis coloration au bromure d'éthidium, on obtient les profils de restriction ci-contre.

Donnez la carte de restriction du plasmide recombinant pBM1.



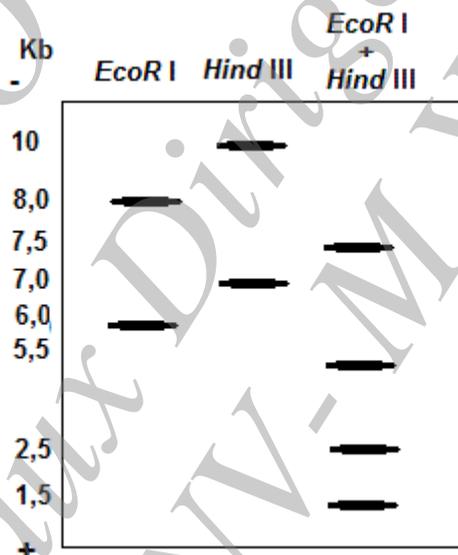
Exercice 3 :

On se propose d'établir la carte de restriction d'un plasmide par deux enzymes de restriction, *EcoRI* et *PstI*. La digestion par les deux enzymes a donné les fragments indiqués dans le tableau ci-dessous. Dessiner la carte de restriction du plasmide.

Enzyme	Taille des fragments d'ADN				
<i>EcoR</i> I	4,2	3,4			
<i>Pst</i> I	3,6	2,7	1,3		
<i>EcoR</i> I + <i>Pst</i> I	2,2	2,0	1,4	1,3	0,7

Exercice 4 :

Pour établir la carte de restriction de l'ADN d'un gène, une solution d'ADN a été répartie en 3 fractions soumises à une hydrolyse avec *EcoR* I, *Hind* III et *EcoR* I + *Hind* III, respectivement. Les hydrolysats ont été séparés par électrophorèse. La détection des fragments d'ADN a été réalisée par hybridation avec une sonde marquée du gène étudié. Les résultats de l'électrophorèse sont montrés dans la figure ci-dessous. Dessiner la carte de restriction de l'ADN du gène.



11. Dosage de l'ADN

Exercices 1 :

Lors d'une expérience, nous avons essayé de calculer la quantité d'ADN dans le noyau dans différents lots de chromosomes présent dans des cellules en division (cellules issus de l'extrémité de racine de petit pois) les résultats sont mentionnés dans le tableau ci-dessous

Temps	0	1	1h45	1h50	3	5h30	7	9	10	12	13	14	15
Quantité D'ADN	8	8	8	4	4	4	5	7	8	8	8	4	4

1. Tracer la courbe de l'évolution du taux d'ADN en fonction du temps
2. indiquer sur le graphe le début et la fin d'une mitose
3. évaluer la durée du cycle cellulaire

Exercice 2 :

Trois plasmides sont purifiés pour être utilisés comme vecteurs d'expression dans des cellules eucaryotes. On mesure leur absorbance à 260 et 280 nm après dilution au 1/50ème dans l'eau. Les résultats obtenus pour les trois solutions contenant les plasmides a, b et c sont :

1. Pourquoi mesure-t-on la DO à 260 et 280 nm ?
2. Sachant qu'une unité d'absorbance correspond à une concentration de 50 µg/ml. Calculez la concentration en µg de plasmide/µl des solutions a, b et c.

Solution		Absorbance (nm)	
		260	280
DO	a	0,901	0,541
	b	0,557	0,273
	c	0,865	0,471

12. Corpuscule de BARR

Rappel

Le Corpuscule de BARR est mis en lumière en 1948 par le docteur Canadien Murray Barr, le corpuscule de Barr est une petite masse de chromatine condensée que l'on peut observer à l'intérieur du noyau, dans toutes les cellules somatiques (du corps) chez la femme et les femelles de mammifères, ainsi que chez les hommes atteints du syndrome de Klinefelter.

Le corpuscule de Barr est aussi connu sous le nom de corps chromatinien de Barr ou chromatine sexuelle.

Ce composant coïncide avec l'un des deux chromosomes X inactivé. L'existence du corpuscule de Barr caractérise le sexe féminin.

En plus clair : chez la femme, un seul des deux chromosomes X est réellement actif dans les cellules somatiques. L'autre X, très peu actif (les gènes qu'il contient ne sont pas fonctionnels), est isolé des autres chromosomes et forme une petite masse compacte, appelée corpuscule de Barr.

Une coloration appropriée permet d'observer au microscope, dans le noyau des cellules somatiques, ce corpuscule qui apparaît comme un point foncé.

Le test de féminité que doivent passer toutes les athlètes féminines participant aux jeux olympiques (afin de prouver qu'elles sont bien des femmes) consiste simplement à prélever dans la bouche quelques cellules de surface et à les observer au microscope afin de mettre en évidence le corpuscule de Barr.

Par contre, les deux X sont actifs dans les cellules embryonnaires et dans les cellules germinales dont la reproduction par méiose produit les ovules.

Exercice 1 :

À propos de l'euchromatine et de l'hétérochromatine, cochez-la (les) proposition(s) exacte(s) :

- A) L'euchromatine change d'état de condensation au cours du cycle cellulaire
- B) L'hétérochromatine constitutive contient de nombreux gènes et peut être retrouvée dans les constriction secondaires
- C) L'euchromatine possède principalement un rôle structural, mais récemment un rôle fonctionnel lui a été découvert
- D) L'hétérochromatine facultative est présente chez la femme, dans le corpuscule de Barr
- E) Toutes les propositions précédentes sont fausses

Exercice 2 :

Un homme (a) souffrant d'une maladie, se marie avec une femme normale. Toutes les filles sont malades, les garçons sont normaux, les fils de l'homme (a) se marient à des femmes normales, alors tous leurs enfants sont normaux. Les filles de l'homme (a) se marient à des hommes normaux alors 50% de leurs enfants sont malades.

Expliquez ces faits.

Exercice 3 :

Parmi les petits fils d'un homme hémophile, quel est le pourcentage de ceux qui seront hémophiles ? (En admettant que sa femme ainsi que les conjoints de ses enfants soient génotypiquement normaux.).

Exercice 4 :

Chez l'homme on connaît un gène holandrique responsable de l'apparition de poils dans les oreilles externes ; si les hommes a oreilles poilues se marient avec des femmes normales

1. Donner le pourcentage des hommes qui auront les oreilles poilues parmi la descendance.
2. Donner le pourcentage des femmes qui auront les oreilles poilues parmi la descendance.

Exercice 5 :

Un gène récessif "h" lie au sexe est responsable de l'hémophilie chez l'être humain. Une femme non hémophile dont le père était hémophile épouse un hémophile.

1. Quel génotype la mère de l'époux hémophile peut-elle avoir ?
2. Quelle est la probabilité que le premier enfant de ce mariage soit hémophile ?
3. A quel pourcentage de filles hémophiles issues de cette union peut-on s'attendre ?
4. Quelle proportion des enfants issus de ce mariage ne sera pas hémophile ?

Solutions



Exercices 1 :

Une molécule d'ADN double brin contient 20000 paires de bases.

1. Combien de ribonucléotides renferme cette molécule ?
0 ; aucune molécule de ribonucléotide car la molécule d'ADN est constituée de désoxyribonucléotides.
2. Combien de désoxyribonucléotides contient cette molécule ?
40000 désoxyribonucléotides car chaque paire contient deux nucléotides.
3. Combien compte-elle de tours d'hélice ?
2000 tours, chaque tour est constitué de 10 paires de bases
4. Quelle est la longueur de cette molécule ?
 $6,8 \cdot 10^2$ nm

Exercice 2 :

Une molécule d'ADN est représentée comme suite :

5' TTTACCCGGGTTTAAAACCGGAAATT 3'

3' AAATGGGCCCAAATTTTGGCCTTTAA 5'

1. Vérifiez si les règles de Chargaff s'appliquent à cette molécule d'ADN ?
Rappelons les règles de Chargaff : A=T et C=G // A+G=T+C
 $16+10=10+16 \Rightarrow 26/26=1$ // A+T/C+G=X (x= variable d'une espèce à une autre) :
 $16+16/10+10 = 1,6$
2. Si la molécule d'ADN contient 20% de thymine, donnez les différents pourcentages des trois autres bases dans cette molécule ?
Si T=20% et T=A alors A=20% et A+T=40% donc C+G=60% alors C=G=30%
3. Si cette molécule va subir une dénaturation ménagée, quels sont les sites où l'on observera la séparation et pourquoi ?
Les sites où les brins se séparent en premier sont les appariements A=T qui sont les plus fragiles car ils contiennent seulement deux liaisons d'hydrogènes contrairement aux appariements entre G=C qui comportent trois liaisons d'hydrogènes.

Exercice 3 :

Le rapport A+T/C+G=40/60

1. Donnez la valeur de ce même rapport sur le brin complémentaire ?
La valeur de ce rapport sur le brin complémentaire est la même du fait de la complémentarité des bases c.à.d. A=T et C=G donc on a autant de A que de T et de C que de G alors le rapport va être le même ; 40/60.
2. Donnez la valeur de ce même rapport pour toute la molécule d'ADN ?
Une molécule d'ADN est constituée de deux brins, l'un à un rapport de 40/60 alors le rapport pour toute la molécule est de 80/120 qui est égale à 40/60 à cause de la complémentarité des bases.

Exercice 4 :

Une séquence d'ADN est comme suite 5' AATCCCGGGTTTCGGC 3'

1. Quelle la signification des symboles 5' et 3' ?

L'extrémité 5' de la chaîne comporte un nucléotide portant groupement phosphate sur le carbone en position 5' du nucléotide, sur l'autre côté de la chaîne un nucléotide portant un groupement hydroxyle (OH) sur le carbone 3', c'est l'extrémité 3'. La liaison entre les nucléotides successifs (liaison phosphodiester) s'effectue entre le groupement OH du carbone 3' du nucléotide du début de la chaîne et le groupement phosphate du carbone 5' du nucléotide suivant. Donc un brin polynucléotidique a une orientation : 5' → 3'.

2. Parmi les polynucléotides ci-dessous, donnez celui qui correspond au brin complémentaire de notre séquence initiale, justifiez votre réponse.

- a) 3' AATCCCGGGTTTCGGC 5'
 b) 3' TTAGGGCCCAAAGCCG 5'
 c) 5' TTTAACCCGGTTAAACG 3'
 d) 3' UUAGGGCCCAAAGCCG 5'

Les polynucléotides qui sont complémentaire à notre séquence d'ADN 5'AATCCCGGGTTTCGGC 3' Sont : b) et d) car notre séquence initiale a une orientation 5' → 3' et les molécule b) et d) sont orienté dans le sens 3' → 5' et donc ils sont complémentaires sauf que la molécule b) c'est de l'ADN et le d) c'est de l'ARN et les deux sont des polynucléotides.

Exercice 5 :

Si le rapport A+T/C+G d'un ADN particulier est égal à 1, est ce que le résultat indique-t-il que l'ADN est plutôt constitué de deux brins complémentaire ou d'un seul brin ? d'autres informations sont-elles nécessaires ?

1. Le rapport A+T/C+G=1, ce rapport nous renseigne sur la composition de l'ADN, dans notre cas nous avons autant de A+T que de C+G (exemple cas simple brin : 8+6=9+5=14, dans un autre cas de double brin ; A est complémentaire à T et C est complémentaire à G : 7+7=7+7=14 ; dans les deux cas le rapport est égale à 1). Alors, il est nécessaire d'avoir plus d'informations car ce rapport n'indique rien sur la complémentarité des bases. C'est un rapport numérateur qui peut indiquer le cas d'un simple brin ou d'un double brin.

Exercice 6 :

L'analyse de différent ADN de provenance d'organismes différents organismes, en se basant sur la composition en bases azotés, les résultats sont exposés dans le tableau ci-dessous.

Organismes	Bases azotées				A/T	C/G	A+T/ C+G
	Adénine (A) %	Thymine (T) %	Cytosine (C) %	Guanine (G) %			
Homme	29,3	29,1	20,5	20,3	1,01	1,01	1,43
Levure	31,8	32	17,9	18,1	0,99	0,99	1,77
Criquet	29,1	29,5	20,6	20,7	0,99	1,00	1,42
Bactérie	18,8	18,8	31,1	31,2	1,00	1,00	0,60

- Calculez les rapports A/T et C/G pour chaque espèce. Quelle relation simple existe-il entre les quantités de chaque type de nucléotide dans la molécule d'ADN ?
On remarque que peu importe l'organisme, les rapports sont environ égaux à un. On peut en déduire que la quantité de thymine est égale à celle de l'adénine et la quantité de guanine est égale à celle de cytosine et ceci pour chaque espèce.
Par conséquent, on peut penser à une association préférentielle et unique entre les bases A et T et C=G. Donc il existe donc une relation complémentaire entre les bases deux à deux.
- En utilisant la conclusion de Q1, formulez des hypothèses sur la disposition des nucléotides au sein de la molécule d'ADN ?
On peut supposer que A ne peut s'apparier qu'avec T et C ne peut s'apparier qu'avec G donc A=T et C=G Par conséquent : $A + C = T + G \rightarrow$ Bases puriques = Bases pyrimidiques. Donc les bases s'associent deux à deux, on peut penser que l'ADN est formé par deux brins complémentaires, alors on est en présence d'une molécule d'ADN bicaténaire.
Démonstration : A=T et C= G donc $A/T=C/G=1 \rightarrow A+C/T+G=1 \rightarrow$ C'est le Rapport de Chargaff qui nous renseigne sur l'ADN bicaténaire.
- Calculez maintenant pour chaque espèce le rapport A+T/C+G. Qu'en déduisez-vous ?
Le rapport est différent pour chaque espèce, on peut supposer que la proportion de A, T, C et G est différente pour chaque espèce et donc que les proportions de ATCG sont caractéristiques d'une espèce. Donc le Coefficient de Chargaff A+T/C+G varie selon les espèces.

Exercice 7 :

La composition des différents ADN issues des différentes espèces sont représentés dans le tableau suivant :

Organismes	Bases azotées				A+G/T+C	A+T/C+G
	Cytosine (C) %	Adénine (A) %	Guanine (G) %	Thymine (T) %		
Homme	19,8	30,9	19,9	29,4	1,03	1,52
Levure	18,1	31,3	18,7	31,9	1,00	1,72
Blé	22,8	27,3	22,7	27,2	1,00	1,20
Poule	21,5	28,7	20,5	29,3	0,97	1,38

- Calculez les différents rapports et quelles informations tirez de ces rapports ?
Pour le premier rapport A+G/C+T, on observe qu'il est **stable** dans un intervalle proche de 1 quelle que soit l'espèce étudiée.
Pour le deuxième rapport A+T/C+G, on remarque qu'il est **variable en fonction des espèces**.
- Quelles votre conclusion ?
On peut conclure : que le premier rapport est égal à un et confirme la relation A=T et C=G. Autrement dit, la complémentarité entre les bases A et T et entre C et G, répond à la théorie de la structure de double brin de la molécule d'ADN. Donc ce rapport dit le rapport de Chargaff nous renseigne sur la **structure bicaténaire de l'ADN**.

Par ailleurs, le deuxième rapport $A+T/C+G$ dit **coefficient de Chargaff** varie en fonction des espèces, donc il caractérise l'espèce. Ce rapport nous renseigne sur la composition quantitative en bases et il est propre à chaque espèce.

Exercice 8 :

Le tableau ci-dessous montre les proportions relatives des quatre bases azotées dans différents ADN. On a pris pour références l'adénine à laquelle on a donné arbitrairement la valeur 10 (les mesures sont données avec une précision de 0,2).

Provenance de l'ADN	A	G	C	T
Homme : Rate	10	7,2	7,0	10,1
Sanglier : Thymus	10	6,8	6,9	9,6
Oursin : Sperme	10	5,4	5,4	9,7
Blé : Germe	10	8,9	8,7	10,2

1. Quelle relation simple existe-t-il entre les différentes valeurs de ce tableau ?

On remarque (puisque la précision des mesures est donnée à $\pm 0,2$), qu'il y a autant de T que de A d'une part, et autant de G que de C d'autre part, dans chaque ADN analysé, et ce quelque soit l'espèce étudiée (espèces animale ou végétale), et quelque soit l'origine du prélèvement (cellule somatique ou cellule germinale).

On conclut, que nous pouvons dire que dans le cas des cellules animale et végétale, quelque soit l'origine de l'ADN, l'égalité entre les bases selon les règles de Chargaff (le rapport de Chargaff) est toujours confirmé, c'est à dire : $A = T$ et $G = C$.

Ainsi l'expérience de Chargaff (1950), a montré par l'analyse chimique des composants de l'ADN, qu'il existe une relation **quantitative constante entre les différents nucléotides**, en effet :

- Le nombre de purines = nombre de pyrimidines ;
- Le nombre de nucléotide A = nombre de nucléotide T ;
- Le nombre de nucléotide G = nombre de nucléotide C.

2. Quelle hypothèse concernant la structure de l'ADN peut-on déduire de cette relation ?

S'il y a autant de A que de T et, autant de G que de C, cela suggère que dans la molécule d'ADN, à chaque fois qu'il y a un nucléotide A, il y a un nucléotide T et il est de même pour le nucléotide G et le nucléotide C, nous pouvons de ce fait émettre l'hypothèse selon laquelle A est face à T et G se trouve face à C dans la molécule d'ADN.

Hypothèses

- Quelque soit son origine, l'ADN est toujours constitué de quatre nucléotides A, T, C et G : la structure de l'ADN (cellule animale et cellule végétale), est la même pour toutes les espèces et tous les tissus ;

- Le nombre de A est égale au nombre de T et le nombre de G = nombre de C : l'ADN est formé de deux brins, et donc bicaténaire ;
- A se trouve toujours en face à un T dans la molécule d'ADN et G se trouve toujours en face à C : il y a donc une complémentarité entre les deux brins qui constitue la molécule d'ADN.

Exercice 9 :

La composition en bases de l'ADN viral P1 (selon l'analyse) : C1=32%, A1 =29%
G1 =17% et T1 =22%,

1. On remarque que dans la composition de l'ADN viral que les pourcentages de C1 et G1 sont différents, de même que les pourcentages de A1 et T1, donc le rapport $A+G / T+C$ est différent de un (01). De même, $A+G$ est différent de $T+C$. Ainsi donc, puisque dans un ADN bicaténaire comme celui des mammifères, on a généralement la même quantité de A et de T ($A=T$) et la même quantité de C et de G ($G=C$) (à cause de la chaîne double et de la complémentarité des bases) ; on peut conclure alors que l'ADN viral est donc différent de l'ADN des mammifères ; ceci par rapport à cette inégalité entre A et T et C et G.

2. Composition de l'ADN nouvellement synthétisé P2 : C2=17% ; A2=22% ; G2=32% et T2=29%,

Le produit P2 présente une composition complémentaire du produit P1. Puisque le C ne peut s'apparier qu'avec le G et le T ne peut attirer que le A, on aura donc :

$$C1 = G2 \text{ (soit } 32\% = 32\%), \quad A1 = T2 \text{ (soit } 29\% = 29\%)$$

$$G1 = C2 \text{ (soit } 17\% = 17\%), \quad T1 = A2 \text{ (soit } 22\% = 22\%)$$

3. L'ADN du virus est formé d'un seul brin puisque P1 est différent de P2 donc la proportion en bases de P1 n'est pas égale à P2

Si l'ADN du virus est formé de 2 brins, on aurait $P1=P2$ donc : **l'ADN du virus est monocaténaire (un seul brin).**

Exercice 10 :

1. Le rapport $A+T/G+C$ dans un brin d'ADN (ADN_1) est de 0,2.

La valeur de ce rapport pour le brin complémentaire est la même et donc égale à 0,2 ; en effet, puisque c'est un brin complémentaire, il s'agit d'une molécule bicaténaire et donc les règles de Chargaff sont vérifiées d'où $A = T$ et $G = C$.

2. Le rapport A_1+G_1/T_1+C_1 dans un brin simple d'ADN (ADN_2) est de 0,2 ; pour le brin complémentaire, nous avons, T_2+C_2/A_2+G_2 , qui correspond à la même valeur et donc égale à 0,2.

3. Les molécules d' ADN_1 et d' ADN_2 , étant toutes les deux bicaténaire, la règle de Chargaff est applicable d'où le rapport $A+G/T+C = 1$.

Exercice 11 :

1. Le classement décroissant des différents ADN en fonction du T_m prévisible est : $T_m \text{ ADN A} > T_m \text{ ADN C} > T_m \text{ ADN B}$. Cette prévision repose sur le nombre de bases GC. Les liaisons hydrogènes entre les bases GC étant plus élevées (3) qu'entre les bases AT (2).
2. D'après la distribution des différentes bases on peut dire que les ADN A et C sont bicaténaires tandis que l'ADN B est vraisemblablement monocaténaire.
3. De manière générale les exonucléases dégradent les acides nucléiques à partir de leurs extrémités. L'inefficacité des exonucléases sur l'ADN C suggère que cet ADN est dépourvu d'extrémités. Il serait alors probablement sous forme circulaire.

Exercice 12 :

1. A 1 % près, on remarque que la composition de l'ADN A montre que le pourcentage de la thymine est égal au pourcentage de l'adénine et que le pourcentage de la guanine est le même que celui de la cytosine, les règles de Chargaff étant vérifiées l'ADN A est donc, bicaténaire.

2. En ce qui concerne la composition en bases de l'ADN B, le pourcentage de la thymine est différent du pourcentage de l'adénine, il en est de même pour la guanine et la cytosine, les règles de Chargaff n'étant pas vérifiées dans ce cas, l'ADN B est donc, monocaténaire.

3. Le chauffage d'une molécule d'ADN bicaténaire entraîne la rupture des liaisons hydrogènes, et donc la séparation des deux brins d'ADN, c'est le phénomène de dénaturation. Le refroidissement progressif de l'ADN permet le retour à l'état normal de ce dernier et donc un rétablissement des liaisons hydrogènes, c'est le phénomène de renaturation.

Pour la courbe ADN A de la figure 1A, on constate qu'en chauffant progressivement la molécule d'ADN, au-dessus de 800 C, il y a augmentation de l'absorbance. Cela s'explique par la rupture des liaisons hydrogènes entre les bases azotées, qui une fois libérées absorbent plus qu'à l'état lié. On obtient ainsi deux brins d'ADN.

Dans la figure 1B, la molécule d'ADN subit un refroidissement progressif, et au-dessous de 80°C, il y a une diminution de l'absorbance. Il y a en effet un rétablissement des liaisons hydrogènes qui s'opère, les bases azotées liées absorbent moins, et la molécule d'ADN reprend ainsi son état bicaténaire.

En ce qui concerne la courbe ADN B (Fig. 1A et Fig. 1B), on remarque que l'allure de la courbe est de type linéaire, quelque soit la température à laquelle la molécule d'ADN est chauffée, cela s'explique par une absorbance maximale et identique dans les deux figures, dans ce cas la molécule est monocaténaire.

Exercice 13 :

Sachant que le pourcentage G = le pourcentage C } $G=C=56\%/2=28\%$
G/C = 56 % }

$\%A+\%T+\%C+\%G= 100 \%$

$\%A+\%T = 100-56=44\%$

$\%A = \%T = 22 \%$

Exercice 14 :

Rappelons-nous qu'il y'a deux liaisons hydrogènes entre A et T, et trois liaisons entre G et C. La dénaturation nécessite la rupture de ces liaisons, ce qui exige de l'énergie, en effet plus il y a de liaisons à rompre, plus il faut d'énergie. La température à laquelle une molécule donnée d'ADN est dénaturée dépend donc de sa composition en bases. Plus la température de dénaturation est élevée, plus le pourcentage de paires GIC est important

Exercice 15 :

Les règles de Chargaff sont : $A = T$ et $G = C$, puisque l'on n'observe pas cette composition. l'interprétation la plus probable est que l'ADN est simple-brin.

Le phage devra donc synthétiser un brin complémentaire avant de commencer à produire de multiples copies de lui-même.

Exercice 16 :

1. Le T_m de l'ADN A est très voisin de celui de l'ADN B. Cette observation suggère que ces deux ADN ont une composition nucléotidique très voisine.

2. D'après la distribution des bandes sur la figure 1 on peut conclure que l'ADN B a une densité plus élevée que l'ADN A. On peut également dire que le refroidissement lent a permis aux ADN A et B de se réassocier. L'ADN X doit correspondre à un ADN hybride formé d'un brin A et d'un brin B. Cette possibilité découle du fait que la composition des deux ADN est très voisine.

3. D'après l'électrophorégramme la digestion par l'enzyme de restriction engendre un fragment unique de 10 kb, on peut conclure que l'ADN étudié est formé d'un motif de 10 kb répété.

4. Comme l'ADN A n'est pas circulaire, on peut également déduire qu'il renferme 29 sites sensibles à l'enzyme de restriction utilisée.

Exercice 17 :

1. Les bandes de faible densité doivent correspondre à de l'ADN satellite appelé également ADN de séquences simples.

2. L'observation des séquences d'ADN des bandes I, II, III montre qu'elles sont formées d'un motif répété. Les motifs des différentes séquences se distinguent les uns des autres par l'apparition ponctuelle d'une transition de la base C en T à une position donnée du motif répété. Cette forte ressemblance suggère un certain lien ancestral entre les bandes I, II, III.

3. Les gènes codant doivent vraisemblablement se retrouver dans la fraction d'ADN qui sédimente à 1,7 g/ cm

4. Au cours d'une étude sur la vitesse de réassociation des différents fragments, l'ADN du génome *Drosophila virilis* n'aurait pas présenté le même comportement. En effet l'ADN des bandes I, II, III ayant des motifs répétés devraient présenter un Cot 1/2 plus faible que l'ADN de la bande principale qui sédimente à 1,7g/cm³.

Exercice 18 :

1. Le nombre de paires de bases (Pb) est : $3,8 \times 106/660 = 5,7 \times \text{Pb}$.

2. Les données stables sont les suivantes :

A/T ; G/C, A+G /T+C

Les données instables sont :

A + T/G+C ; Tm ; pourcentage de GC.

Exercices 1 :

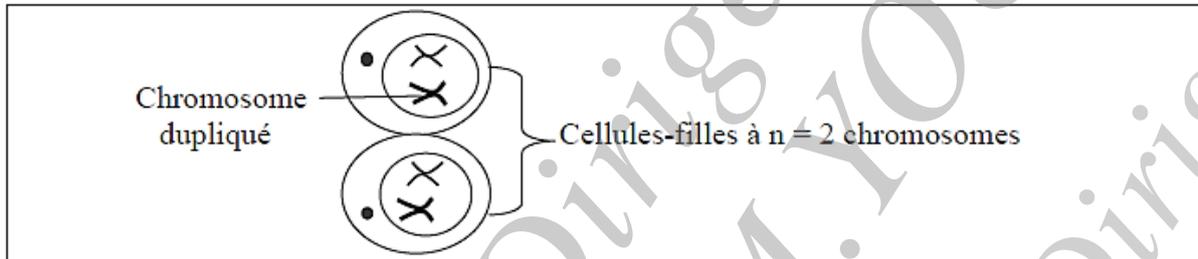
1. La mitose

- Les phases de la mitose sont, par ordre chronologique : prophase (schéma D) ; métaphase (B) ; anaphase (A) ; télophase (C).
- On constate, d'après les schémas, que les deux cellules-filles obtenues à la fin de la division (schéma C) sont identiques à la cellule-mère (schéma D). Puisqu'il y a conservation du nombre de chromosomes ($2n = 4$), on déduit que cette division est une mitose.

2. La méiose

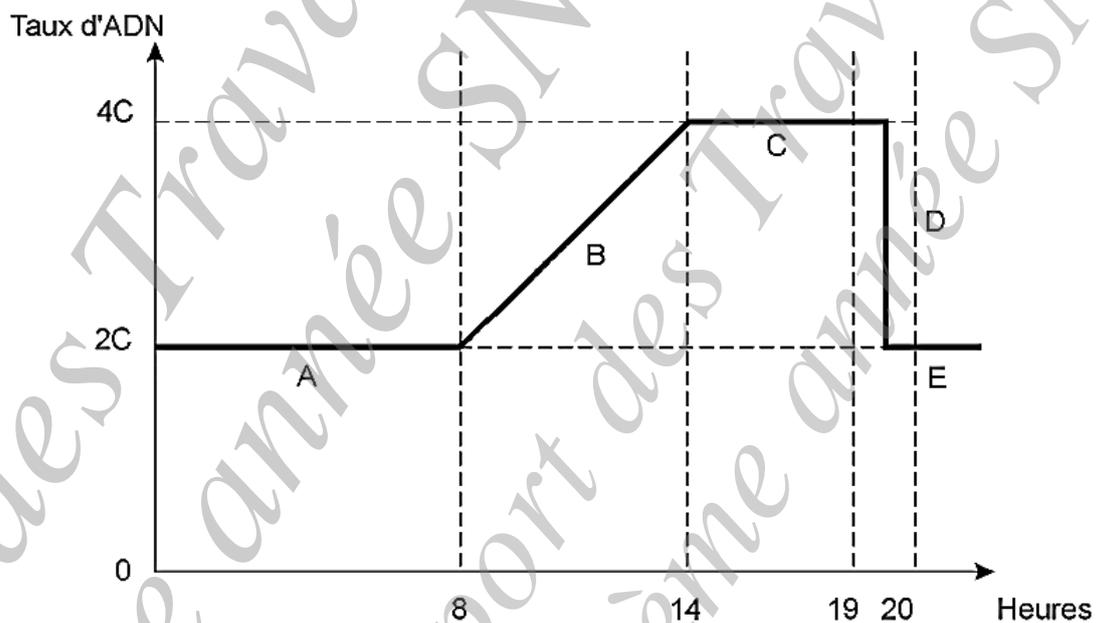
- Les schémas illustrent les phases de la 1^{re} division méiotique ou division réductionnelle. En effet, on observe la séparation des tétrades au cours de cette division.
- Les phases de la division réductionnelle sont, par ordre chronologique : prophase I (schéma G) ; métaphase I (F) ; anaphase I (H) ; télophase I (E).

c. Schéma de la télophase I



- La mitose maintient le caryotype et assure la transmission intégrale du programme génétique. La méiose réduit le caryotype de $2n$ à n et diversifie le programme génétique dans les gamètes.
- Une cellule donne par mitose 2 cellules-filles. Chacune de ces cellules donne par méiose 4 cellules-filles. Donc la cellule donne, après une mitose et une méiose, 8 cellules (8 gamètes).

Exercice 2 :



1.

- **A** : La phase G1 est une phase de croissance initiale de synthèse métabolique préparatoire à la phase S de synthèse de l'ADN
- **B** : La phase S est une phase de réplication (duplication) de la molécule d'ADN
- **C** : La phase G2 est une phase de croissance cellulaire qui déclenche la mitose
- **D** : La mitose (M)
- **E** : La phase G1 du cycle suivant

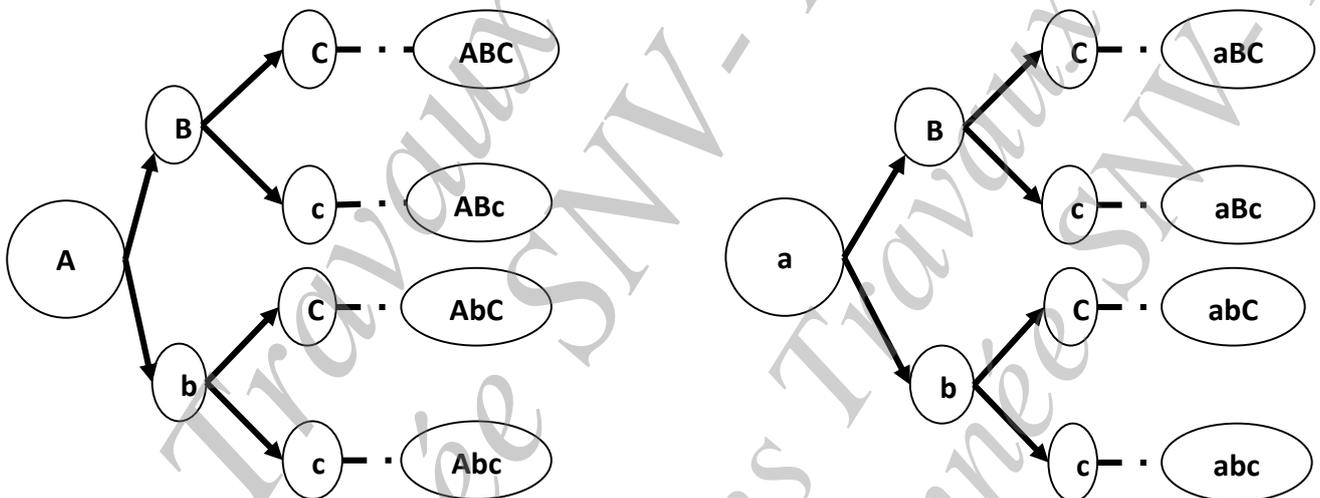
2. le dédoublement de l'ADN est le seul moyen pour conserver la forme (quantité) chromosomique des cellule fille, de ce fait ce phénomène de réplication est super important pour sauvegarder l'information génétique (réplication semi-conservatrice) et la quantité d'ADN.

Exercice 3 :

Soit un individu ou $n=3$; si les paires de chromosomes sont notées A/a, B/b, C/c, lors de la méiose en prophase I.

$2n=6$ ou $n=3$

1. Nombre de gamètes différents peuvent-ils être produits si on considère qu'il n'y a pas eu crossing-over



2. Leurs génotypes possibles :

Ici la même chose, on doit appliquer la même formule que pour les gamètes, c'est-à-dire : 2^n génotypes possibles de gamètes, avec un nombre de paires de chromosomes = 3.

Ainsi, le nombre de génotypes possible de gamètes est $2^3=8$ génotypes qui sont les suivants : **ABC, ABc, AbC, Abc, aBC, aBc, abC et abc** soient 2 types possible (ABC= paternelle et abc= maternel) issue de la séparation des chromosomes paternel et des chromosomes maternels qui ont migré chacun vers un pôle donné ; 1^{ère} disposition ou possibilité) et le reste (soient :

ABc, AbC, Abc, aBC, aBc et abC = issue d'un mélange des chromosomes paternels et maternels = 2^{ème} disposition ou probabilité.

3. La probabilité pour qu'un spermatozoïde ne contienne que les caractères maternels :

Chez l'homme, $2n=46$, donc $n=23$. Ce qui implique que dans un spermatozoïde on a 23 chromosomes. Ainsi le nombre de types de gamètes possible soit $2^n = 2^{23} = 80\ 000\ 000$.

Par conséquent, la probabilité pour qu'un spermatozoïde ne contienne que les caractères maternels, sera la suivante :

Déjà il faut savoir que pour être dans cette situation, il faut que les chromosomes d'origine maternelle migrent vers le même pôle à l'anaphase I. Ainsi, si on part du principe qu'un chromosome a une chance sur deux ($1/2$) de migrer vers l'un des deux pôles, et puisque on a 23 chromosomes, donc la probabilité sera $(1/2)^{23}$ qui égale $\frac{1}{2^{23}} = \frac{1}{8000000}$

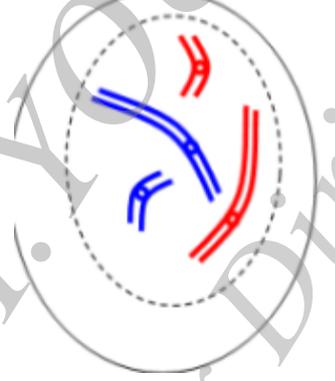
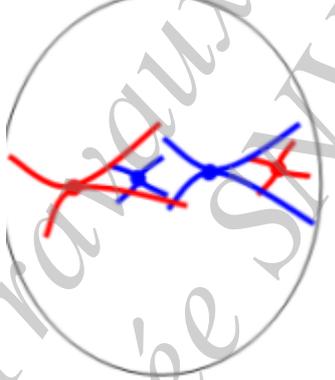
4. La probabilité pour qu'un ovule ne contienne que les caractères maternels :

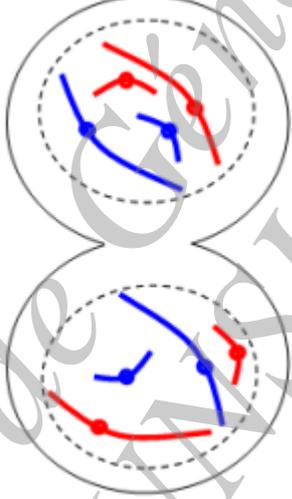
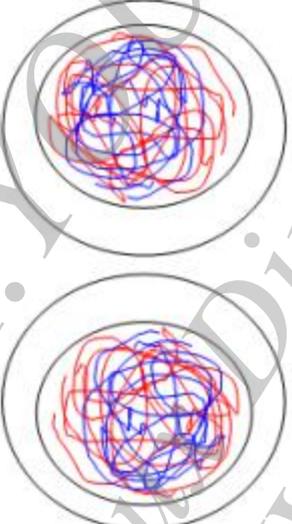
C'est la même probabilité pour qu'un spermatozoïde ne contient que les caractères maternelle ($\frac{1}{8000000}$)

5. Interprétez des résultats de ces probabilités :

$1/8000000$, il est presque impossible d'avoir un spermatozoïde ou un ovule ne contient que les caractères maternels (probabilité très très faible).

Exercice 4 :

Etape	Photo	Q ADN	Etape et justification	Schéma
1	1	4 molécules d'ADN	Noyau visible avec chromatine = INTERPHASE (ADN décondensé) 4 chromosomes à 1 chromatide décondensée.	
2	4	8	Les chromosomes deviennent visibles, le noyau s'efface PROPHASE 4 chromosomes à 2 chromatides en condensation	
3	6	8	Les chromosomes se place à l'équateur de la cellule, une chromatide de part et d'autre de l'équateur. METAPHASE 4 chromosomes à 2 chromatides condensés	
4	2	8 (4+4)	Les chromatides migrent aux pôles opposés de la cellule ANAPHASE 4 chromosomes à 2 chromatides (séparées) condensés	

5	5	8 (4+4)	<p>Les chromatides commencent à se décondenser, le noyau se reconstitue</p> <p>TELOPHASE 4 chromosomes à 2 chromatides (séparés) en décondensation</p>	
6	3	4	<p>La cellule se coupe en 2, les noyaux sont visibles et l'ADN se décondense en chromatine</p> <p>FIN TELOPHASE, DEBUT INTERPHASE Dans chaque cellule fille : 4 chromosomes à 1 chromatide décondensée</p>	

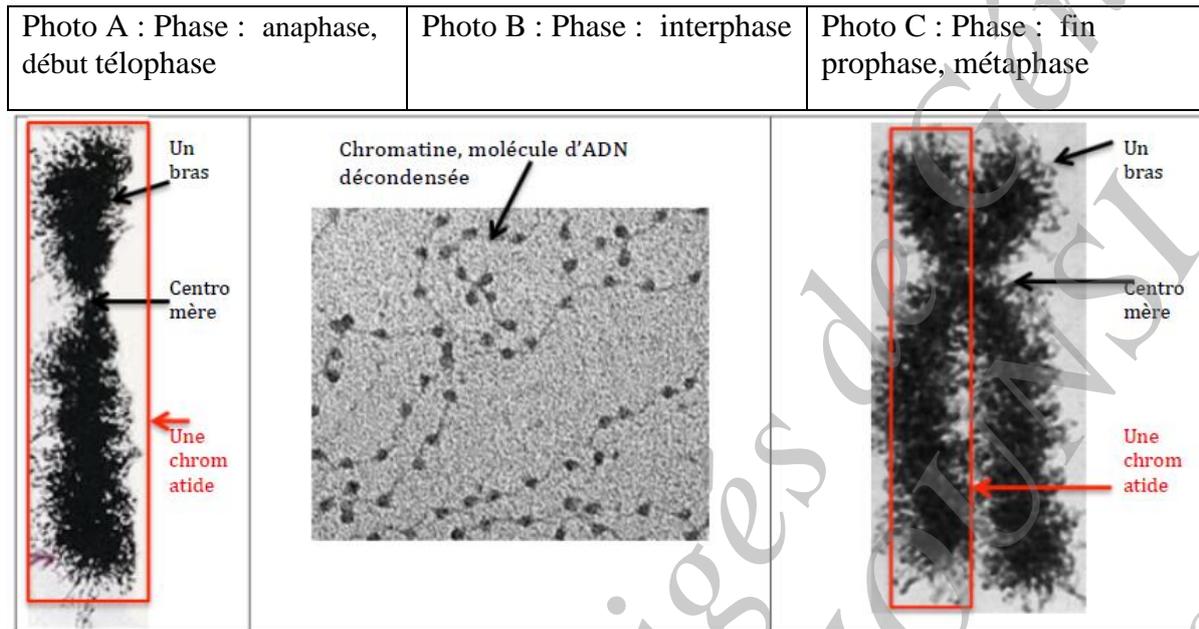
* Q_{ADN} = en nombre de molécules d'ADN/cellule

Exercice 5 :

Chez l'homme, le nombre de chromosomes est de $n=46$.

- a. Le nombre des chromatides à la fin de la prophase de la mitose :
 $46 \times 2 = 92$
- b. Le nombre des chromatides à la fin l'anaphase de la mitose ?
Le nombre des chromatides est égale à 0 car à la fin de cette étape toutes les chromatides sont totalement séparés les chromosomes formés migrent vers les pôles opposés de la cellule.

Exercice 6 :



Exercice 7 :

L'ordre de déroulement de la mitose est : C, B, A.

C. Prophase : Les chromosomes apparaissent comme des bâtonnets.

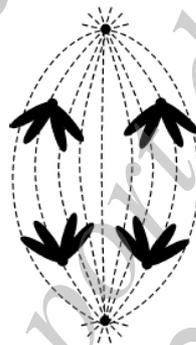
B. Métaphase : Les chromosomes viennent se placer dans l'équateur du fuseau par l'intermédiaire des centromères.

A. Anaphase : Les 2 lots de chromosomes migrent chacun vers un pôle.

Chaque chromosome est constitué de deux chromatides liés en un point appelé le centromère. Cette phase est caractérisée aussi par l'apparition des asters et la formation d'un fuseau achromatique

Exercice 8 :

1. Les chromosomes sont alignés au niveau de la plaque équatoriale : c'est l'anaphase.
2. Il s'agit d'une mitose car les chromosomes sont fixés au fuseau par les centromères.
3. L'étape suivante est :



Exercice 9 :

C'est la mitose d'une cellule animale à $2n = 6$ chromosomes.

Le schéma (a) présente une condensation des chromosomes et dédoublement des asters : c'est la prophase.

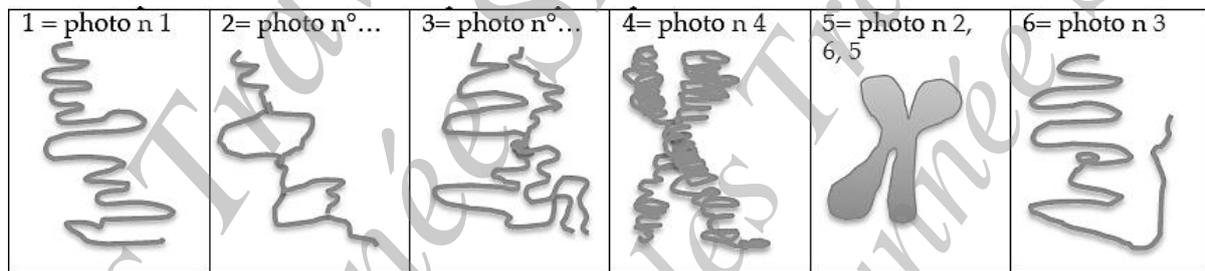
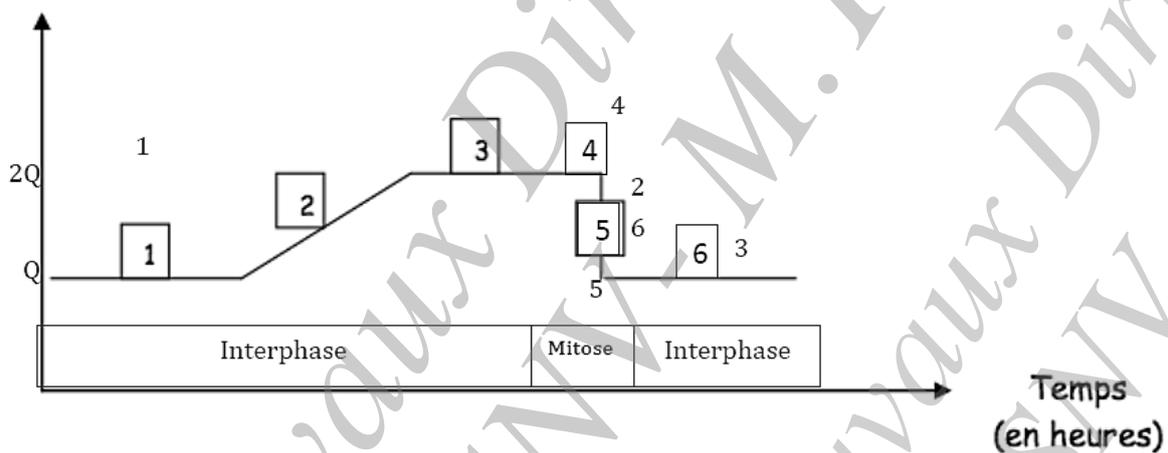
Sur les schémas (b), (c) et (d), les chromosomes sont alignés au niveau de la plaque équatoriale, il s'agit de la métaphase [vue latérale en (b), vue polaire avant fission en (c), vue plaire en cours de fission en (d)].

La figure (e) présente la séparation des chromosomes en deux chromatides et migration vers les deux pôles de la cellule, c'est l'anaphase.

La figure (f) présente une décondensation de chromatides, avec apparition de sillon de division cytoplasmique, c'est la télophase.

Exercice 10 :

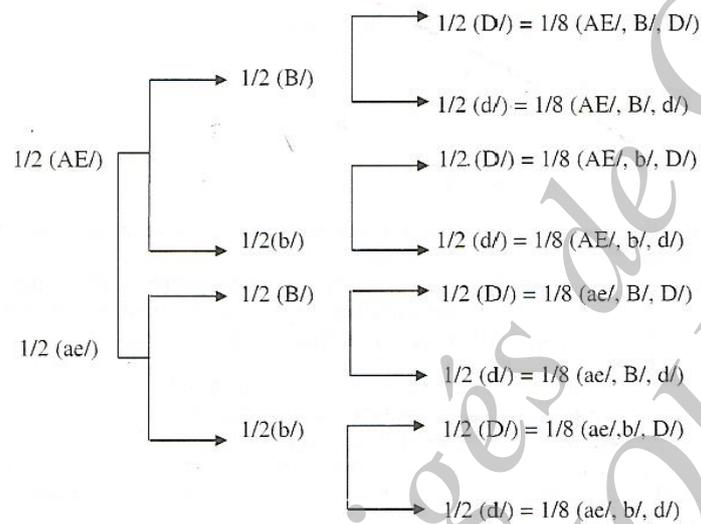
Quantité d'ADN (en u.a)



= une molécule d'ADN

Exercice 11

1. Individus hétérozygote de génotype (AE//ae, B//b, D//d)



La méiose chez un individu de génotype (AE//ae, B//b, D//d) aboutit à la formation de 2^3 ou 8 types de gamètes différents.

2. $2^3 \times 2^3 = 2^9$ combinaisons gamétiques possibles

3. Si une paire de chromosomes porte x gènes, il y'a 2^x combinaisons alléliques possibles. Les chromosomes portant de nombreux gènes, l'effet conjugué du brassage intra-chromosomique et du brassage inter-chromosomique conduit à la production d'un nombre infiniment grand de combinaisons génétiques dans les gamètes, soit : $(2^x)^n$ Ou 2^{xn} .

Exercice 12

1. Non. La mitose étant un processus de réplication conforme, ces 16 cellules seront identiques entre elles, en particulier sur le plan des chromosomes sexuels. Les 16 individus auront donc le même sexe.

2. La femme est homogamétique X/X ; la méiose aboutit à des ovules possédant tous un X. Par dédoublement, on n'obtiendra que des cellules diploïdes X/X qui donneront toutes naissance à des femmes.

3. Homozygotes.

4. Non. La mère est hétérozygote pour de nombreux gènes (ceci est la règle pour l'espèce humaine). Les descendants qui sont homozygotes pour tous leurs gènes sont donc forcément différents de leur mère.

5. Non. Au cours de la méiose, les différents gènes qui sont à l'état hétérozygote peuvent se réassocier pour donner de nouvelles combinaisons. On obtiendra finalement un grand nombre de génotypes haploïdes différents dans les produits de la Ovules).

Exercice 13 : (Partie QCM)

Cochez-la ou les bonnes réponses

1. Au cours de la mitose :

- a. il y a duplication de l'ADN
- b. la quantité d'ADN ne varie pas dans la cellule
- c. les chromosomes sont à 2 puis à 1 chromatide

2. L'information génétique :

- a. est modifiée au cours de la mitose
- b. est contenue dans le noyau des cellules eucaryotes
- c. est contenue dans le cytoplasme des cellules eucaryotes

3. Les molécules d'ADN sont :

- a. contenues dans le noyau
- b. contenues dans les chromosomes
- c. constituées d'une succession de nucléotides

4. Les chromosomes :

- a. sont visibles dans la cellule pendant tout son cycle
- b. sont le résultat de la condensation de l'ADN
- c. ne sont observables que lors de la mitose.

5. Une cellule somatique* humaine, identifiée juste après la mitose, contient :

- a. 23 chromosomes à 1 chromatide
 - b. 23 chromosomes à 2 chromatides
 - c. 46 chromosomes à 1 chromatide
 - d. 46 chromosomes à 2 chromatides
- * cellules non reproductrices

6. Une cellule somatique* humaine, identifiée juste avant la mitose, contient :

- a. 23 chromosomes à 1 chromatide
- b. 23 chromosomes à 2 chromatides
- c. 46 chromosomes à 1 chromatide
- d. 46 chromosomes à 2 chromatides

7. La mitose :

- a. correspond à la totalité du cycle cellulaire
- b. est un processus précédé par une duplication de l'ADN
- c. permet de transmettre la totalité de l'information génétique d'une cellule mère à 2 cellules fille
- d. permet de transmettre la moitié de l'information génétique d'une cellule mère à 2 cellules filles

8. Une cellule à $2n=14$ correspond à

- a. une cellule à 14 chromosomes homologues
- b. une cellule à 7 paires de chromosomes homologues.
- c. Une cellule à 7 chromosomes à 2 chromatides.
- d. une cellule contenant 14 molécules d'ADN

Exercices 1 :

Cas de monohybridisme, C'est-à-dire que les individus sont différents entre eux par un seul caractère qui est représenté par la couleur du pelage et se traduit par deux allèles. L'allèle gris et l'allèle blanc.

1. La pureté des lignées peut être vérifiée en croisant les individus appartenant à la même lignée entre eux, et ce pendant plusieurs générations. Si la descendance exprime le même phénotype que les géniteurs, c'est que la lignée est pure.
2. Le croisement entre un rat gris et un rat blanc. Tous les deux sont de race pure, donne les résultats suivants :

P : Rat gris x Rat blanc

F1 : 100 Rats gris

P2 : Rat gris x Rat gris

F2 : $\left\{ \begin{array}{l} 298 \text{ Rats gris} \\ 114 \text{ Rats blancs} \end{array} \right.$

La première génération étant homogène, elle est constituée de 100% d'individus hétérozygotes ou hybrides ut se ressemblent entre eux et qui rappellent le parent exprimant le caractère dominant, la première loi de Mendel est vérifiée. On en déduit que l'allèle gris (G) est dominant par rapport à l'allèle blanc (g) qui est récessif.

Ainsi, le croisement s'écrira comme suit :

P : (G) x (g)

(GG) x (gg)

Gamètes : (G) : (g)

F1: 100% [G]. : Génotype (Gg) ([G]= phénotype).

P2: ♀F1 [G] x ♂F1 [G]

(Gg) x (Gg)

Gamètes : (G) : (g)

F2 $\left\{ \begin{array}{l} 298 \text{ rats gris [G]} \\ 114 \text{ rats blancs [g]} \end{array} \right.$

3. Non. les rats blancs sont homozygotes et donc de race pure pour le caractère étudié.

1^{er}-cas

Parents : [G] x [g]

(Gg) x (gg)

Gamètes : (G), (g) et (g)

Descendance : 50 % (Gg) [G]

50 % (gg) [g]

2^{ème}-cas

Parents : [G] x [G]

(Gg) x (GG)

Gamètes : (G), (g) et (G)

Descendance : 50 % (GG) } 100% [G]

50 % (Gg) }

4. En réalisant un test cross de révélation, c'est-à-dire que l'on doit croiser le rat gris échappé de la cage avec un rat blanc :
- Si nous obtenons 50% de [G] et 50% de [g], cela veut dire que le rat gris est hétérozygote et son génotype est (Gg).
 - Si nous obtenons 100% de [G], cela veut dire que le rat gris est homozygote et son génotype est (GG).

Exercice 2 :

Les individus sont différents entre eux par un seul caractère qui se traduit par deux allèles, l'allèle lisse et l'allèle ridé, c'est donc un de monohybridisme.

Le croisement réalisé est le suivant :

P : ♂Pois à graines ridées x ♀Pois à graines lisses

F₁ : Génération homogène

P : ♂F₁ x ♀F₁

F₂ : $\left\{ \begin{array}{l} 5474 \text{ graines lisses} \\ 1850 \text{ graines ridées} \end{array} \right.$

- a. Ces résultats rappellent les proportions caractéristiques d'un monohybridisme avec dominance, à savoir 3/4 ou 75 % pour le phénotype dominant et 1/4 ou 25 % pour le phénotype récessif. En effet, nous avons :

Effectif total = 7324

Phénotype dominant = $7324 \times 3/4 = 5493$

Phénotype récessif = $7324 \times 1/4 = 1831$

Ainsi, il y'a une conformité entre les résultats théoriques et les résultats expérimentaux.

- b. Il s'agit bien d'un cas de monohybridisme, l'allèle dominant, lisse est noté (L), alors que l'allèle récessif ridé est noté (l). Le croisement s'écrit alors :

P : ♀(L,L) x ♂(l,l)

F₁ : Génération homogène

100 % (L,l)

P: (L,l)x (L,l) /// (F₁x F₁)

F₂ $\left\{ \begin{array}{l} 5474 [L] \\ 1850 [l] \end{array} \right.$

c. Il y' a deux cas possibles, qui dépendent du génotype du plant à graines lisses.

1^{er} Cas : Soit l'individu donnant des graines lisses est hétérozygote, et donc de génotype (L,l), le résultat du croisement avec un individu donnant des graines ridées de génotype (1,1), sera alors : 50 % (L,1) et 50 % (1,1).

2^{ème} Cas : Soit l'individu donnant des graines lisses est homozygote et donc de génotype (L, L), le résultat du croisement avec un individu donnant des graines ridées de génotype (1,1), sera alors : 100 % (L,1).

Exercice 3 :

1. Si les deux souches ne diffèrent que par un gène, l'une sauvage est sauvage (C,C), l'autre mutante (c,c). Dans ce cas la F₁ est hétérozygote (C,c) et on attend en F₂ 1/4 de (C,C), 1/2 de (C,c) et 1/4 de (c,c), soit 3/4 [C] et 1/4 [c].
2. Dans le test du χ^2 , la première étape est de calculer les effectifs attendus sous l'hypothèse, soit pour le phénotype [C], effectif de l'échantillon (1000) x 3/4 = 750 et pour le phénotype [c], 1000 x 1/4 = 250, à comparer aux effectifs observés 792 et 208.
3. Les écarts sont élevés au carré, rapportés aux effectifs théoriques et additionnés. La table de χ^2 , permet de calculer la valeur p de signification, valeur du χ^2 qui peut être atteinte ou dépassée par le seul fait du hasard.

Ici il y'a deux classes -l, soit une valeur de ddl = 1

Le calcul est le suivant :

	[C]	[c]	
Effectifs observés	792	208	
Effectifs calculés	750	250	
(O-C)	+42	-42	
(O-C) ²	1764	1764	
(O-C) ² /C	2,35	7,06	$\chi^2 = 9,40$

ddl=1
 $6,64 < \chi^2 < 10,83$
 $0,01 < p < 0,001$

Ainsi, p est très inférieur à 5 % : on a beaucoup moins que 5 chances sur 100 d'observer de tels écarts par hasard et si on rejette l'hypothèse, on a moins de 5 % de risque d'erreur. L'hypothèse est donc rejetée.

Quand on a formulé l'hypothèse théorique du rapport 3 / 1, on a formulé aussi de nombreuses autres hypothèses sous-jacentes, notamment l'égale viabilité de tous les génotypes, dont le défaut pourrait expliquer les observations. Des études ultérieures pourraient montrer que les génotypes (c, c) ont une viabilité réduite ce qui abaisserait leur fréquence à l'âge adulte en dessous de 1/4 correspondant au moment de la conception. Les données sont compatibles avec cette hypothèse, mais ne la prouvent pas.

Exercice 4 :

Pour que deux parents normaux (phénotype normal), aient un enfant albinos, il faut qu'ils soient tous les deux hétérozygotes (A+, a) ; en effet, l'albinisme est une mutation autosomique récessive.

1. La probabilité pour que leur prochain enfant soit albinos est de $\frac{1}{4}$ (il y a 25% de chance pour que les deux allèles récessifs soient ensemble) et La probabilité pour que leur prochain enfant soit un garçon est de $\frac{1}{2}$ (50%).
Alors pour que leur prochain enfant soit un garçon albinos, la probabilité est : $\frac{1}{4} \times \frac{1}{2} = \frac{1}{8}$ (12,5%).
2. Pour que leurs deux prochains enfants soient albinos, la probabilité est : $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{16}$.
3. La probabilité qu'ils aient un enfant normal est de : $\frac{3}{4}$.
La probabilité qu'ils aient d'abord un enfant normal puis un enfant albinos est : $\frac{3}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{3}{16}$.
La probabilité qu'ils aient d'abord un enfant albinos puis un enfant normal est : $\frac{1}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{3}{16}$.
Il y'a deux situations possibles, ils ne se produisent pas en même temps et qui s'excluent mutuellement. Dans ce cas la probabilité est de : $\frac{3}{16} + \frac{3}{16} = \frac{3}{8}$.

Exercice 5 :

Le caractère mis en jeu est la nature du cheveu qui se traduit par deux allèles, l'allèle frisé noté (F) qui domine l'allèle raide noté (f). C'est un cas de monohybridisme

1. Les parents homozygotes de génotype (F//F) et de phénotype [F] pour le père, et de génotype (f//f) et de phénotype [f] pour la mère.
2. Le croisement étant le suivant :
P : (F//F) x (f//f)
Gamètes : (F), (f)
F1 : (F//f)

La 2^{ème} génération est le résultat du croisement entre deux individus hétérozygotes, de génotypes (F//f).

Le croisement est le suivant :

P: (F//f) x (F//f)
Gamètes : (F), (f)

F2 :

Gamètes	$\frac{1}{2}$ (F/)	$\frac{1}{2}$ (f/)
$\frac{1}{2}$ (F/)	$\frac{1}{4}$ (F//F)	$\frac{1}{4}$ (F//f)
$\frac{1}{2}$ (f/)	$\frac{1}{4}$ (F//f)	$\frac{1}{4}$ (f//f)

- Les proportions phénotypiques de la F2 sont : 75% ou $\frac{3}{4}$ pour [F] et 25% ou $\frac{1}{4}$ pour [f].
- Les proportions génotypiques de la F2 sont : 25% ou $\frac{1}{4}$ pour (F//F) et (f//f) et 50% ou $\frac{1}{2}$ pour (F//f).

Exercice 6 :

Ces individus ne diffèrent que par un seul caractère, nous émettons l'hypothèse qu'il s'agit d'un cas de monohybridisme.

La différence est assimilée à un couple d'allèles (h+ , h), h+ correspond à l'allèle normal (sans huppe) et h correspond à l'allèle muté (huppé).

RECHERCHE DES GENOTYPES

Etudions le 1^{er} croisement

Parents: [h] x [h]

F1: [h] 100 %

Nous pouvons déduire de ce croisement que les canaris normaux sont de souche pure car la F1 n'est constituée que d'individus semblables aux parents. La 1^{ère} loi de Mendel est vérifiée.

Le génotype des canaris normaux est donc (h//h).

Etudions le 2^{ème} croisement

Parents : [h+] x [h+]

F1 : $\left\{ \begin{array}{l} 13 \text{ [h+]} \\ 6 \text{ [h]} \end{array} \right.$

L'obtention à la F1 d'individus normaux et d'individus huppés alors que les parents sont huppés, prouve que ces derniers sont hybrides et possèdent le caractère normal masqué.

Par conséquent, ces résultats permettent d'affirmer que le caractère huppé domine le caractère sans huppe. Le génotype des canaris huppés serait donc (h+//h). Avec, h+ > h.

Etudions le 3^{ème} croisement

Parents: [h+] x [h]

F1: $\left\{ \begin{array}{l} 13 \text{ [h+]} \\ 12 \text{ [h]} \end{array} \right.$

Ces résultats rappellent ceux d'un backcross dans un cas de monohybridisme ; donnant pour résultats, 50 % de phénotype sauvage et 50 % de phénotype muté.

Cela nous confirme :

- Qu'il s'agit bien d'un cas de monohybridisme,
- Que l'un des parents est récessif et que l'autre est hétérozygote, les résultats trouvés ultérieurement sont donc cohérents.

CONCLUSION

Au niveau des trois croisements, les canaris huppés de la génération Go sont tous hétérozygotes et les canaris normaux sont tous homozygotes récessifs.

Génotypiquement, les trois croisements s'écrivent comme suit :

1^{er} Croisement

Parents : (h/h) x (h/h)

Gamètes : (h/) et (h/)

F1 : (h/h) 100 %

2^{ème} Croisement

Parents : (h+/h) x (h+/h)

Gamètes : (h+), (h/) et (h+), (h/)

F1 $\left\{ \begin{array}{l} 3/4 [h+] \\ 1/4 [h] \end{array} \right.$

Gamètes	(h+)	(h)
(h+)	(h+)	(h/h)
(h)	(h+/h)	(h/h)

Ces résultats ne sont pas conformes à ceux obtenus pratiquement. En effet, on a obtenu en F1 13 [h+] et 6 [h], ce qui ne correspond pas aux proportions 3/4 : 1/4 théoriques.

Nous émettons l'hypothèse que l'individu homozygote de génotype (h/h) est létal. Cela changera les proportions 3/4 : 1/4 en 2/3 : 1/3 (2/3 (h+/h), [h+] = 13 et 1/3 (h/h), [h] = 6)

Cette théorie est plus conforme à la réalité ; notre hypothèse est acceptée.

3^{ème} Croisement

Parents : (h+/h) x (h/h)

Gamètes : (h+), (h/) et (h/)

F1 $\left\{ \begin{array}{l} 50\% [h+] \\ 50\% [h] \end{array} \right.$

Gamètes	(h+)	(h)
(h)	(h+//h)	(h/h)

Ces résultats sont conformes.

Exercice 7 :

L'observation à la génération F1 d'individus normaux et d'individus mutés, alors que les parents sont mutés, nous permet d'émettre l'hypothèse que ces derniers sont hybrides et possèdent le caractère normal masqué. La mutation gauche est dominante par rapport à l'allèle normal qui est donc récessif.

On adoptera de ce fait (G) pour l'état muté dominant et (g) pour l'état normal récessif (ceci est encore vérifié par le nombre supérieur d'individus [G]).

Le génotype des parents est alors : (G//g) avec (G > g).

Dans ces conditions, nous avons le croisement suivant :

P : femelles (G//g) x males (G//g)

Gamètes : (G) ; (g)

F1 : ¾ [G] et ¼ [g]

Gamètes	(G)	(g)
(G)	(G//G)	(G//g)
(g)	(G//g)	(g//g)

Pour vérifier cette hypothèse, nous pouvons utiliser le test du χ^2 . Ce test nous permet de dire avec certitude si, les différences entre résultats théoriques et observés sont significatives.

Parmi les 308 individus observés, on devrait obtenir théoriquement :

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{Effectif observé} - \text{effectif calculé})^2}{\text{effectif calculé}}$$

$$\chi^2 = \frac{(207+231)(207+231)}{231} = 9,9$$

3. Génétique formelle : Monohybridisme et dihybridisme

Nombre de degrés de liberté (ddl) = nombre de classe - 1 = 1.

Le χ^2 comparé de la table montre qu'il correspond à des valeurs comprises entre 0,1 % et 1 %. Il y a donc une probabilité de 0, 1 % et 1 % pour que des écarts entre effectifs calculés et observés soient dus au hasard. Dans ce cas, l'hypothèse de départ 3/4 [G] et 1/4 [g] est à rejeter.

On peut alors émettre l'hypothèse que les individus homozygotes pour le gène G sont létaux. Les proportions deviennent : 2/3 [G] et 1/3 [g] soit théoriquement 205 à ailes gauches et 103 à ailes normales.

Le test du χ^2 donne les résultats suivants :

	[G]	[g]	Total
Effectif observés	207	101	308
Effectif calculés	205	103	308
(Observés- Calculés)	+2	-2	0
(Observés- Calculés) ²	4	4	
(Observés- Calculés) ² / Calculés	4/205	4/103	$\chi^2 \text{ cal} = 0,0158$

ddl = 1

$0,0158 < \chi^2 \text{ cal} < 0,455$

$90\% < \alpha < 50\%$

L'hypothèse que les individus (G//G) sont létaux est acceptée.

Exercice 8 :

Dans ce cas de génétique humaine, les individus diffèrent entre eux par deux caractères ; il s'agit d'un cas de dihybridisme.

Connaissant le type d'interaction existant entre les caractères, nous pouvons noter :

Yeux bruns (b+) > Yeux bleus (b)

Droitier (d+) > gaucher (d)

Traduisons les données par les phénotypes :

Père [?] x mère [b+, cl+]

Fille [b, d] x mari [b+, d]

La fille possède les deux caractères récessifs. Son génotype sera (b//b, d//d)

Le génotype des parents :

1. Pour que la fille ait ce génotype, il a fallu que chacun des parents possède les caractères yeux bleus et gaucher.

La mère [b+, d+] aura comme génotype (b+//b, d+//d)

Le père aura comme génotypes possibles :

(b+//b, d+//d) ou (b+//b, d//d) ou (b//b, d+//d) ou (b//b, d//d).

2. Le mari de la fille [b, d], aura deux génotypes possibles (b+//b+, d//d) ou (b+//b, d//d).

Déterminons les génotypes et les phénotypes de la descendance de ce couple.

1^{er} Cas

P : (b//b, d//d) x (b+//b+, d//d)

Gamètes : (b, d) et (b+, d)

F1 : (b+//b, d//d), [b+, d] 100 %

Les enfants auront tous les yeux bruns et seront tous gauchers.

2^{ème} Cas

P: (b//b, d//d) x (b+//b, d//d)

Gamètes : (h, d) et (h+, d) et (b, d)

F1 : 50 % (b+//b, d//d), [b+, d] et 50 % (b//b, d//d), [b, d]

La moitié des enfants aura les yeux bleus, l'autre moitié les yeux bruns ; la totalité sera gauchère.

Exercice 9 :

1. Pour le petit échantillon, on obtient une valeur observée du X^2 égale à 2,15, correspondant à un seuil de signification compris entre 5 et 20, ce qui conduit à accepter l'hypothèse nulle car on a entre 5 et 20 % de chances d'observer ces écarts par le seul fait du hasard, ce qui conduirait à un risque d'erreur compris entre 5 et 20 % en cas de rejet de l'hypothèse.

Pour le grand échantillon, où les écarts de fréquences sont pourtant les mêmes, mais pour un échantillon observé plus important, on obtient une valeur observée du X^2 égale à 21,43, correspondant à un seuil de signification inférieur à 1/ 1 000, ce qui conduit à rejeter l'hypothèse nulle car on a moins d'une chance sur 1 000 d'observer ces écarts par le seul fait du hasard, ce qui conduit à un risque d'erreurs inférieur à 1/ 1 000 pour la décision de rejet.

2. Un même écart de fréquence est ou n'est pas significatif selon l'importance de l'échantillon, ce qui conduit à deux conclusions :
 - Il convient de faire les tests sur des effectifs et non sur des fréquences car la signification du test dépend de la taille de l'échantillon ; si les tests avaient été faits ici sur les écarts de fréquences, ils auraient donné une même valeur non significative.
 - On a toujours intérêt à collecter l'échantillon maximal ou optimal compatible avec le protocole et les conditions d'études, afin de limiter les erreurs de décision imputables aux écarts dus au hasard, d'autant plus grand que l'échantillon est petit.

Exercice 10 :

Analysons les données :

P : Rose x Rose

F₁ : Rose et Rouge

La F₁ est hétérogène, nous pouvons donc émettre l'hypothèse que tous les individus roses sont hybrides.

De plus, nous pouvons retenir de ces résultats que le caractère rose domine le caractère rouge. Le génotype possible des poulets à crête rose serait donc (r+//r) ; et (r+//r+) devrait être alors **léthal**.

P : Rouge x Rose

F₁ : Rouge

Les rouges sont homozygotes. Leur génotype serait (r//r).

P : Rose emplumé x Rose emplumé

F₁

- 143 individus à crête rose et aux pattes emplumées ;
- 53 individus à crête rose et aux pattes dénudées ;
- 68 individus à crête rouge et aux pattes emplumées ;
- 24 individus à crête rouge et aux pattes dénudées ;

Le croisement de deux individus rose à pattes emplumées donne une première génération hétérogène, constituée de 4 phénotypes différents. Il y a deux couples d'allèles différents, c'est donc un cas de dihybridisme.

On a obtenu : $143 + 53 = 196$ poulets à crête rose ;

$68 + 24 = 92$ poulets à crête rouge.

Pour le premier caractère qui est représenté par la couleur de la crête, l'allèle rose (r+) est dominant par rapport à l'allèle rouge (r) qui est récessif.

Pour le deuxième caractère, on a obtenu :

$143 + 68 = 211$ poulets à pattes emplumées ;

$53 + 24 = 77$ poulets à pattes dénudées.

Dans ce cas l'allèle emplumé (d+) domine l'allèle dénudé (d). Les proportions sont d'environ 3/4 pour le phénotype emplumé et 1/4 pour le phénotype dénudé ; ceci nous fait émettre l'hypothèse que les parents sont hétérozygotes.

Les différences dans ces résultats montrent que les allèles, rose et emplumé sont situés sur deux chromosomes différents.

Le croisement est le suivant :

P : (r+//r, d+//d) x (r+//r, d+//d)

F₁

→ $\left[\begin{array}{l} 6/12 [r+, d+], \\ 2/12 [r+, d]; \\ 3/12 [r, d+]; \\ 1/12 [r, d], \end{array} \right.$

3. Génétique formelle : Monohybridisme et dihybridisme

Vérifions cette hypothèse par le test du χ^2 ,

	[r+,d+]	[r+,d]	[r,d+]	[r,d]	Total
Eff. observé	143	53	68	24	288
Eff. Calculé	144	48	72	24	288
(O-C)	-1	+5	-4	0	0
(O-C) ²	1	25	16	0	
(O-C) ² /C	1/144	25/48	16/72	0	$\chi^2 = 0,75$

dll = 3

Pour P = 0,05, χ^2 table = 7,815

χ^2 cal < χ^2 table, notre hypothèse est acceptée. Les homozygotes (r+//r+) sont létaux ; les poules à crête rose sont hétérozygotes et les poules à crête rouge sont homozygotes récessif.

Pour le caractère emplumé, il s'agit d'un cas de dominance normale.

Exercice 11 :

- 1- Est-ce du monohybridisme ou du dihybridisme ? Quels sont le (s) caractère(s) étudié(s) ?

Il y a bien deux gènes étudiés : couleur des fleurs et aspect des pétales, c'est donc du dihybridisme.

Pour le gène couleur des fleurs : Deux allèles (donc deux caractères) : rouge ou bleue

Pour le gène aspect des pétales : deux allèles : entier ou découpé

- 2- La génération F1 est-elle homogène ? Que peut-on en déduire ?

La génération F1 est homogène, on obtient uniquement des plantes à fleurs mauves et à pétales découpés. On peut en déduire que les allèles couleur rouge et couleur bleue sont codominants, en effet ils s'expriment tous les deux et on obtient une fleur mauve.

- 3- Quel est (sont) l'allèle ou les allèles dominant(s), récessif(s) ?

L'allèle pétales découpés domine l'allèle pétales entiers.

- 4- Comment a-t-on obtenu la génération F2 : F1 x F1 ? Test cross ?

On a effectué le croisement suivant : Une plante obtenue précédemment (donc F1) est croisée avec une plante à fleur rouge et pétales entiers.

C'est donc bien le croisement de F1 avec un des deux parents, ce dernier comporte un allèle codominant (fleurs bleues) et un allèle récessif (pétales découpés).

Or le test-cross consiste à croiser F1 avec un parent dont les allèles sont récessifs (ce qui est presque le cas ici). Le deuxième croisement peut être considéré comme un test-cross.

- 5- Si plusieurs gènes sont en jeu, les résultats F2 font-ils pencher en faveur de gènes indépendants ou de gènes liés ?

- 6- Que faut-il faire pour valider l'hypothèse ?

Le résultat du test-cross permet de savoir si les gènes sont liés ou indépendants.

En effet, s'ils sont indépendants, la méiose fabriquant les gamètes de F1 va aboutir à 4 types de gamètes différents en proportion équivalente. (Notez que l'obtention de ces 4 types est permise par le brassage interchromosomique lors de l'anaphase 1).

Dans ce cas, le test-cross aboutit à 4 résultats en proportion équivalent (25% chacun)

S'ils sont liés, on obtiendra deux types de gamètes lors d'une méiose classique et deux autres types en utilisant le mécanisme du crossing-over en prophase 1 (brassage intrachromosomique), or ce mécanisme étant assez rare, l'obtention des deux autres types est donc moins fréquente.

Ainsi les résultats du test cross aboutiront à 4 résultats présentant des proportions très différents.

C'est exactement ce que l'on obtient dans les résultats de F2. Les gènes sont donc liés.

Exercice 12 :

Pour expliquer les résultats de ce croisement, on doit observer la descendance : 50% de bisons blancs à ligne dorsale noire, 25% de bisons noirs et 25% de bisons blancs.

Il s'agit d'un monohybridisme, un locus – deux allèles, avec codominance.

Il y a deux allèles pour un locus : l'allèle N (bisons noirs) et l'allèle B (bisons blancs). Les homozygotes NN sont noirs et les homozygotes BB sont blancs. Il y a de plus une codominance et les individus hétérozygotes NB sont blancs marqués d'une ligne dorsale noire. En croisant de tels individus (NB x NB) on constate que 50% de la F1 obtenue sera NB, 25% sera NN et 25% sera BB.

Exercice 13 :

Les poulets aux ailes et aux jambes courtes sont appelés "creepers" ("rampants"). Quand les individus creepers sont croisés avec des individus normaux, on obtient autant de creepers que de normaux. Quand des creepers sont croisés entre eux, on obtient 2 creepers pour 1 normal. Des individus normaux croisés entre eux ne produisent que des individus normaux. Comment expliquez-vous ces résultats ?

C'est un cas de monohybridisme avec un locus et deux allèles ; une dominance complète d'un allèle sur l'autre mais un type d'homozygote est léthal.

Les individus creepers sont hétérozygotes (Aa) et un type d'homozygote est léthal, par exemple les aa (mais cela marche aussi avec les AA).

- Le croisement creepers (Aa) x normaux (AA) donnera 50% de AA (normaux) et 50% de creepers (Aa).

- Le croisement creepers (Aa) x creepers (Aa) donnera 25% de AA (normaux), 50% de Aa (creepers) et 25% de aa qui ne se développeront pas (le génotype aa est léthal). Ce croisement donne donc 1/3 de normaux AA et 2/3 de creepers Aa.

Exercice 14 :

1. Les caractères sauvages sont dominants par rapport aux caractères mutés. Ainsi, la couleur des yeux se traduit par l'allèle normal noté (p+) qui est dominant par rapport à l'allèle récessif pourpre (p). Pour le caractère couleur du corps, l'allèle normal (n+) est dominant par rapport à l'allèle noir (n).

P : (p+//p+, n+//n+) x (p//p, n//n)

Gamètes : (p+, n+) ; (p, n/)

F1 : 100 % (p+//p, n+//n)

P : (p+//p, n+//n) x (p+//p, n+//n)

Gamètes : (p+, n+), (p+, n/), (p/, n+), et (p/, n/)

Fréquences : 1/4 1/4 1/4 1/4

2. F2

Gamètes	$\frac{1}{4} (p^+, n^+)$	$\frac{1}{4} (p^+, n)$	$\frac{1}{4} (p, n^+)$	$\frac{1}{4} (p, n)$
$\frac{1}{4} (p^+, n^+)$	$(p^+//p^+, n^+//n^+)$	$(p^+//p^+, n^+//n)$	$(p^+//p, n^+//n^+)$	$(p^+//p, n^+//n)$
$\frac{1}{4} (p^+, n^+)$	$(p^+//p^+, n^+//n)$	$(p^+//p^+, n//n)$	$(p^+//p, n^+//n)$	$(p^+//p, n//n)$
$\frac{1}{4} (p^+, n^+)$	$(p^+//p, n^+//n^+)$	$(p^+//p, n^+//n)$	$(p//p, n^+//n^+)$	$(p//p, n^+//n)$
$\frac{1}{4} (p^+, n^+)$	$(p^+//p, n^+//n)$	$(p^+//p, n//n)$	$(p//p, n^+//n)$	$(p//p, n//n)$

F2 : $\frac{9}{16} [p^+, n^+]$, $\frac{3}{16} [p^+, n]$, $\frac{3}{16} [p, n^+]$, $\frac{1}{16} [p, n]$.

3.

Ce sont les résultats d'un test cross, c'est à dire que la descendance est constituée de 4 phénotypes

équiprobables de fréquence égale à $\frac{1}{4}$.

Le mâle utilisé est donc un double récessif ($p//p, n//n$).

Dans ce cas, les résultats expérimentaux (450, 148, 153 et 49) correspondent aux résultats calculés (506, 150, 150 et 50). La distribution des caractères mis en jeu dans ce croisement se fait selon les lois de Mendel, et le mâle est hétérozygote de génotype ($p^+//p, n^+//n$).

Exercice 15 :

1. Génotype des parents : $(a\ p//a\ p) \times (a^+p^+//a^+p^+)$;

Le génotype de la F1 ($a^+p^+//a\ p$).

Avec : (a) ailes atrophiées ; (a+) ailes sauvages

(p) absences de poils ; (p+) sauvage

2.

a. P: $(a^+p^+//a\ p) \times (a\ p//a\ p)$

Le mâle donne uniquement les gamètes (a_p), alors que la femelle, elle donne 4 types de gamètes, (a+ p+), (a p), (a+ p) et (a p+).

b. Génotypes de la descendance :

(a p//a p) ; (a+ p+//a p) ; (a p+//a p) et (a+ p//a p)

c. Si le taux de crossing-over est de 20% on obtient 20% de recombinés ;

[a+ p] et [a p+] = 10% = 100 individus, pour chacune des deux classes

Total individus recombinés = 200

Total individus parentaux = 800

Si le taux de crossing-over est de 50 %, on obtient, 50 % de recombinés :

[a+ p] et [a p+] = 25 % = 250 individus, pour chacune des deux classes

Total individus recombinés = 500

Total individus parentaux = 500

Exercice 16 :

1. P : Souris grise x Souris grise

$\left\{ \begin{array}{l} 45 \text{ souris grises} \\ 21 \text{ souris albinos} \\ 14 \text{ souris noires} \end{array} \right.$

La coloration du pelage dépend de deux gènes indépendants :

Le gène (C, c) : Il faut la présence d'un allèle (C) au moins pour qu'il y ait pigmentation du pelage. Si la souris est (c/c), elle est albinos, quel que soit l'allèle présent pour le second gène.

Le gène (A, a) : Si la souris possède un allèle (A) au moins, elle est grise ; en cas d'absence d'allèle (A), elle est de couleur noire.

Par conséquent, une souris est albinos si elle possède les génotypes, (c/c, A/A) ou (c/c, A/a) ou (c/c, a/a) ; une souris est grise si elle possède les génotypes, (C/C, A/A) ou (C/c, A/A) ou (C/C, A/a) ou (C/c, A/a), et enfin, une souris est noire avec les génotypes ; (C/C, a/a) ou (C/c, a/a).

Dans la descendance du croisement effectué, on constate la présence de souris noires. Chacun des deux parents leur a donc transmis un allèle (a). Comme les deux souris parentales sont grises, elles possèdent dans leur génotype au moins un allèle (A). Ces deux souris sont donc hétérozygotes pour le gène (A) : (A/a).

De même, il y a présence dans la descendance de souris albinos. Chacun des deux parents possède un allèle (c). Comme ils ne sont pas eux-mêmes albinos, ils sont donc également hétérozygotes pour le gène (C) : (C/c).

D'où le génotype des parents : (A/a, C/c)

2. Les parents produisent 4 types de gamètes de manière équiprobable :

25 % (C, A), 25 % (C, a), 25 % (c, A) et 25 % (c, a), puisque, la méiose assure une disjonction indépendante des allèles de chaque paire (cas des gènes indépendants).

3. Génétique formelle : Monohybridisme et dihybridisme

Gamètes	$\frac{1}{4}$ (C , A)			
$\frac{1}{4}$ (C , A)	(CC, AA)	(CC, Aa)	(Cc, AA)	(Cc, Aa)
$\frac{1}{4}$ (C , a)	(CC, Aa)	(CC, aa)	(Cc, Aa)	(Cc, aa)
$\frac{1}{4}$ (c , A)	(Cc, AA)	(Cc, Aa)	(cc, AA)	(cc, Aa)
$\frac{1}{4}$ (c , a)	(Cc, Aa)	(Cc, aa)	(cc, Aa)	(cc, aa)

Résultats théoriques : 9/16 ou 56,25 % de souris grises, 3/16 ou 18,75 % de souris noires et 4/16 ou 25 % de souris albinos.

Résultats expérimentaux : 56,25 % de souris grises, 17,5 % de souris noires et 26,25 % de souris albinos.

Les résultats expérimentaux correspondent bien aux résultats théoriques obtenus, ce qui confirme la réponse précédente.

Exercice 17 :

Le caractère responsable de la couleur des yeux est porté par le chromosome X et se traduit par deux allèles ; l'allèle sauvage rouge noté Xw^+ domine l'allèle muté blanc qui lui est noté Xw . Le caractère responsable de la taille des ailes est autosomal et se traduit par l'allèle vg^+ (ailes longues) dominant par rapport à vg (ailes vestigiales).

La femelle de race pure est de phénotype (vg^+, w) et de génotype ($Xw//Xw, vg^+/vg^+$) ; alors que le mâle de race pure possède le phénotype (vg, w^+) et le génotype ($Xw^+//Y, vg/vg$).

Le croisement considéré est le suivant :

P : ($Xw/Xw, vg^+/vg^+$) x ($Xw^+//Y, vg/vg$)

Tous les individus de la F1 ont des ailes longues, mais les femelles ont les yeux rouges et les mâles, les yeux blancs.

La F2 est issue du croisement d'un mâle et d'une femelle de la F1, on obtient les résultats suivants

50 % Femelle	$\frac{1}{4}$ (vg^+, w^+)
	$\frac{1}{4}$ (vg, w^+)
50 % mâles	$\frac{1}{8}$ (vg^+, w^+)
	$\frac{1}{8}$ (vg^+, w)
	$\frac{1}{8}$ (vg, w)

Exercice 18 :

1. L'allèle noir (N) domine l'allèle brun (b).
2. 1^{ère} Cage : femelle (N/n) x mâle (n/n) = 50 % noir (N/n), 50 % brun (n/n)
2^{ème} Cage : femelle (N/N) x mâle (n/n) = 100 % noir (N/n).
3. On obtient les mêmes résultats que ceux obtenus dans la cage 1.
Les femelles noires obtenues sont en effet (N/n), comme leur mère.
4. Ce croisement est un back-cross.
5. Oui, il est identique à son père (n/n).
6. Oui, les résultats sont identiques.
7. Ce croisement est un test-cross.
8. L'allèle court (C) domine l'allèle long (c). Tous les petits ayant les poils courts, le père est homozygote récessif (c/c), la femelle ne peut être qu'homozygote dominant (C/C), sinon on obtiendrait des petits à poils longs.
La femelle est (N/n, C/C), alors que le mâle est (n/n, c/c). Les petits noirs sont (N/n, C/c) et les petits bruns sont (n/n, c/c).

Exercice 1 :

Il faut rappeler que chez le mâle de la drosophile il n'y a pas de crossing-over. Le taux de recombinaison calculé d'après le 1^{er} croisement est de 43,6 % ; pour le 2^{ème} croisement on trouve un taux de recombinaison de 43,3 %.

Le pourcentage de recombinaison étant très grand, donc les gènes a et b sont très éloignés l'un de l'autre alors les deux gènes sont indépendants.

Exercice 2 :

1. Le nombre d'individus de type parental [e+, m+] et [e, m] est nettement supérieur au nombre d'individus recombinés [e+, m] et [e, m+], nous avons en effet ; $3600 > 400$. Nous pouvons en déduire que les gènes sont situés sur la même paire de chromosome donc c'est deux gènes sont liés.

Le croisement réalisé est le suivant :

Pl : (e + m+//e+ m+) x (e m // e m)

Px FI x (e m// e m)

Gamètes : (e + m+) ; (e + m) ; (e m+) et (e m)

2. Si les gènes c et d étaient indépendants, l'individu F₁ produirait 4 gamètes différents : (e+, m+) ; (e+, m) ; (e, m+) et (e, m), équiprobables avec une valeur de 25% chacun. L'effectif de la population F₂ aurait alors été composé de 1000 individus pour chaque classe phénotypique.

Exercice 3 :

1. Dans les deux croisements, le nombre d'individus de phénotype parental est supérieur au nombre d'individus de phénotype recombiné. Les gènes sont donc liés.

Exercice 4 :

Selon les résultats des différents croisements le caractère marron domine le caractère blanc et les résultats de la première cage montre deux phénotypes de moitié pour chacun d'eux et la deuxième cage, tous les individus sont homogène pour le même phénotype (100%).

1. Si les gènes sont indépendants, nous obtenons quatre phénotype différents dont les proportions seront équitables avec $\frac{1}{4}$ pour chacune.

2. Si les gènes sont liés, on doit obtenir un pourcentage faible pour les pour chacun des phénotypes récessifs recombinés.

Exercice 5 :

1. L'allèle jaune (on le symbolise par j) est récessif par rapport à l'allèle sauvage ou normal qui est dominant (on le symbolise par F).

Les deux caractères étudiés : œil atrophié (a), œil sauvage ou normal (n) et l'apparition d'un nouveau caractère : moyennement atrophié (an) souligne une codominance entre les allèles mis en jeu dans ce croisement.

2. Les loci ne sont pas autosomiques mais, liés au chromosome X. Dans les deux croisements réalisés, on devrait obtenir les mêmes résultats quel que soit le sens du croisement, ce n'est pas le cas. En effet, lorsque les loci sont liés à X, les résultats sont fonction du sens du sexe et du croisement.

Il faut aussi noter que les deux caractères étudiés sont liés, puisque tous deux situés sur le chromosome X.

3. Le tableau cité dans l'exercice nous permet d'observer que les femelles sont seulement hétérozygotes (œil moyennement atrophié) ou homozygotes (œil atrophié). Chez les mâles, qui sont quant à eux hémizyotes [Un organisme est dit hémizyote pour un gène particulier si ce dernier n'est présent qu'à une seule copie (et donc présent qu'à un seul allèle) à un locus donné dans un organisme diploïde], l'œil ne peut pas être moyennement atrophié car la codominance ne peut pas s'exprimer chez ce dernier de par l'existence d'un seul chromosome X.

Exercice 6 :

La souche g diffère de + par un gène sur le chromosome X (suite aux résultats des croisements 1 et 2). La souche h diffère de + par 2 gènes autosomiques génétiquement indépendants (équiprobabilité des 4 classes dans le 4^{ème} croisement). Les homozygotes récessifs pour ces 2 gènes présentent le même phénotype [blanc] que les homozygotes récessifs pour le gène porté par le chromosome X. Comme la mutation est portée par la souche g se trouve sur le chromosome X, elle ne peut pas être un allèle de celles portées par la souche h, qui sont autosomales. Ces deux souches diffèrent donc par trois gènes, un porté par l'X et deux gènes autosomiques. Nous n'avons ici aucune information qui nous permettra de dire si les caractères brun et rouge sont portés par des autosomes non homologues ou s'ils sont très éloignés l'un de l'autre sur le même autosome.

Exercice 7 :

1. Les allèles : al et fr sont récessifs.
2. Le caractère de la couleur du corps donne une répartition : (56+20 et 18+6). Le caractère forme des moustaches se répartit de la même manière (56+18, 20+6). Donc chacun de ces caractères doit donc être gouverné par un gène. On retrouve en quatre associations possibles des caractères, la couleur du corps et la forme des moustaches ne sont donc pas gouvernés par le même gène.
3. L'étude des effectifs nous montre que les 4 classes se répartissent statistiquement selon les proportions 9/3, 3/1. Ceci nous indique que les gènes ne sont pas liés donc ils sont indépendants. En effet, dans cette hypothèse, chacun des F₁ est de génotype f/f+ a/a+, si les gènes sont indépendants, il se forme chez les mâles comme chez les femelles 4 types de gamètes en proportions égales : f, a+ ; f+, a ; f, a ; f+, a+. Puisque ces 4 catégories sont en proportions égales, la probabilité pour qu'un spermatozoïde portant par exemple f. a. rencontre un ovule est

indépendante du génotype de cet ovule : au moment de la fécondation, $4^2=16$ associations ovule - spermatozoïde sont équiprobables.

Les caractères [al] et [fr] sont récessifs ; [al- fr] est donc homozygote a/a f/f et la probabilité de l'obtenir est égale à $1/4 \times 1/4 = 1/16$ est la probabilité pour qu'un ovule a, f rencontre un spermatozoïde a, f. On peut poursuivre le même raisonnement pour chacune des autres catégories. Au niveau des phénotypes, l'association est également indépendante : 9, 3, 3, 1.

4. Non. Les deux gènes sont portés sur même chromosome mais très distants l'un de l'autre alors ils sont indépendamment.

5. Ce croisement est un test-cross. L'observation des phénotypes des descendants nous informe donc directement sur le génotype des gamètes formés par l'hétérozygote. Il confirme que chaque caractère est contrôlé par un seul gène et que les quatre catégories de gamètes sont équiprobables.

Exercice 8 :

1. le phénotype de la fille (yeux bleus, cheveux blonds) correspondant obligatoirement à un seul génotype possible bb, cc. [b : yeux bleus : caractère récessif et c : cheveux blonds : caractère récessif] homozygote récessif pour les deux caractères.

Le phénotype de la mère (yeux bruns. cheveux bruns) coïncide avec plusieurs génotypes possibles : Bb, Cc ; BB, CC ; BB, Cc , Bb, CC

Le phénotype du père étant identique à celui de son épouse, les mêmes génotypes sont envisageables.

2. Cependant, leur fille ayant le génotype bb cc, aucun des deux parents ne peut être homozygote pour les deux caractère dominants C ou B. les génotype BB, CC ; doivent être exclus.

Pour vérifier nous aurons besoin de l'aide du tableau à double entrée et que les croisements ne feraient pas apparaître le génotype bb cc dans la descendance.

Le seul génotype possible pour chacun des deux parents est Bb,Cc (hétérozygotes).

Gamètes	BC	Bc	bC	Bc
BC	BB,CC	BB,Cc	Bb,CC	Bb,Cc
Bc	BB,Cc	BB,cc	Bb,Cc	Bb,cc
bC	Bb,CC	Bb,Cc	Bb,CC	bb,Cc
bc	Bb,Cc	Bb,cc	Bb,Cc	bb,cc

L'époux de la fille étant blond et ayant des yeux bruns, son génotype peut être Bb, cc ou BB, cc.

Dans le premier cas, le croisement donne les résultats suivants :

Gamètes	bc	bc
Bc	Bb,cc	Bb,cc
bc	Bb,cc	Bb,cc

Dans le deuxième cas :

Gamètes	bc	Bc
Bc	Bb,cc	Bb,cc
Bc	Bb,cc	Bb,cc

Leurs enfants pourront donc être : soit blonds à yeux bleus , dans ce cas, leur génotype sera bb, cc et celui de leur père Bb, cc ; soit blonds à yeux bruns et dans ce cas. leur génotypes sera Bb, cc et celui de leur père BI). cc ou cc.

Les gènes sont indépendants selon les résultats.

Exercice 9 :

D'après les informations de l'exercice ; à partir d'un seul phénotype [gris lisse], l'éleveur obtient 4 phénotypes différents : 78 gris lisses, 19 gris rudes, 26 blancs lisses et 5 blancs rudes. Les proportions de ces différents phénotypes étant proches de 9/16, 3/16, 3/16, 1/16. On peut envisager dans ce cas, un phénomène héréditaire dépendants de deux couples d'allèles l'un déterminant la couleur et l'autre le type de pelage.

Alors on estime que le caractère gris domine le caractère blanc et le caractère lisse domine le caractère rude. En effet, on observe en première génération F_1 :

- Pour le caractère (gris-blanc)

$$78+19=97=3/4 * 128 \text{ gris}$$

$$26+5=31=1/4 * 128 \text{ blancs}$$

- Pour le caractère (lisse-rude)

$$104 : \text{environ } 3/4 \times 128 \text{ lisses}$$

$$24 : \text{environ } 1/4 \times 128 \text{ rudes}$$

Soit G l'allèle dominant et g l'allèle récessif du couple d'allèles contrôlant la couleur du pelage et L l'allèle dominant et l l'allèle récessif du couple d'allèles gouvernant l'aspect du pelage (le gris « G » domine blanc « g » et lisse « L » domine rude « l »).

1. En tenant compte de la dominance, les génotypes possibles des cobayes gris à pelage lisse peuvent être : GG, LL ; Gg, LL ; GG, Ll ; Gg, Ll.
2. Le génotype probable des cobayes achetés est vraisemblablement (Gg, Ll) car c'est le seul génotype qui permet l'apparition dans la descendance de 4 phénotypes.
3. Le caractère blanc étant récessif ainsi que le caractère rude, le phénotype blanc rude représente un individu appartenant à une lignée pure dont le génotype est (gg, ll). Croisés entre eux, les individus blancs rudes ne donneront que des cobayes blancs à pelage rude.
4. selon les résultats des différents phénotypes les gènes sont complètement indépendants.

Exercice 10 :

Analyse des croisements

Les croisements effectués concernent deux caractères, l'aspect de l'abdomen et celui du thorax. Puisque chaque caractère n'existe que sous deux formes, abdomen uni ou abdomen rayé, d'une part, thorax portant des soies ou thorax dépourvu de soies, d'autre part, il y a deux couples d'allèles en cause.

Puisqu'il s'agit de lignées pures, les parents sont homozygotes pour chacun des deux gènes.

Premier croisement : L'allèle abdomen uni est dominant sur l'allèle abdomen rayé ($a^+ > a$) et l'allèle thorax portant des soies est dominant sur l'allèle thorax dépourvu de soies ($t^+ > t$) puisqu'ils s'expriment chez les hétérozygotes de la première génération F_1 .

Dans ces conditions, le premier croisement s'écrit :

Phénotypes des parents : P1 (femelle) $[a^+, t^+]$ X P2 (mâle) $[a, t]$

Génotypes des parents $a^+t^+ / a^+t^+, at / at$

Phénotype de F_1 $[a^+, t^+]$

Génotype de F_1 a^+t^+ / at

Deuxième croisement

Une femelle F_1 , donc hétérozygote pour chacun des deux gènes, est croisée avec un mâle homozygote récessif.

Femelle F_1 $[a^+, t^+]$, a^+t^+ / at X Mâle $[a, t]$, at / at

C'est un croisement test qui permet de connaître les gamètes formés par l'hybride F_1 en observant le pourcentage des phénotypes obtenus. Le tableau de croisement est indiqué ci-dessous.

Gamètes mâles \ Gamètes femelles	a, t (100%)	Phénotypes
a^+, t^+	$a, t / a^+, t^+ [a^+, t^+] 40%$	Type parentaux 80%
a, t	$a, t / a, t [a, t] 40%$	
a^+, t	$a, t / a^+, t [a^+, t] 10%$	Type recombinés 20%
a, t^+	$a, t / a, t^+ [a, t^+] 10%$	

La composition de la descendance du croisement -test montre que les phénotypes de type parentaux sont supérieurs aux phénotypes de type recombinés.

Donc les gamètes ne sont pas produits de façon équiprobable, ils sont le résultat d'événements relativement rares se déroulant en méiose 1 (prophase) : des crossing-over.

Il s'agit donc du résultat d'un brassage intrachromosomique : les gènes sont liés : situés sur le même chromosome

Exercice 11 :

Croisement 1 :

♀ [rouge] x ♂ [blanc]



F_1 [rouge] ♂ et ♀

→ Allèle codant pour le rouge est dominant

Croisement 2 :

♂ [rouge] x ♀ [blanc]



♂ [blanc] et ♀ [rouge]

→ le gène codant pour le caractère lié au sexe

Hypothèse : un gène lié à l'X. deux allèles, l'un codant pour le pigment rouge (R) et l'autre ne codant pas de pigment (r). $R > r$ (R dominant par rapport à r).

Interprétation des résultats :

Croisement 1 : ♀ [rouge] × ♂ [blanc]			
X^R/X^R		X^r/Y	
↓			
F₁		♂ [blanc]	
		X^r	Y
♀ [rouge]	X^R	$X^R X^r$ ♀ [rouge]	$X^R Y$ ♂ [rouge]
↓			
F₂		♂ [rouge]	
		X^R	Y
♀ [rouge]	X^R	$X^R X^R$ ♀ [rouge]	$X^R Y$ ♂ [rouge]
	X^r	$X^R X^r$ ♀ [rouge]	$X^r Y$ ♂ [blanc]
100 % ♀ [rouge]			
50 % ♂ [rouge] 50 % [blanc]			

Croisement 2 : ♀ [blanc] × ♂ [rouge]			
X^r/X^r		X^R/X^r	
↓			
F₁		♂ [rouge]	
		X^R	Y
♀ [blanc]	X^r	$X^R X^r$ ♀ [rouge]	$X^r Y$ ♂ [blanc]
↓			
F₂		♂ [blanc]	
		X^r	Y
♀ [rouge]	X^R	$X^R X^r$ ♀ [rouge]	$X^R Y$ ♂ [rouge]
♀ [blanc]	X^r	$X^r X^r$ ♀ [blanc]	$X^r Y$ ♂ [blanc]
50 % ♀ [rouge] 50 % [blanc]			
50 % ♂ [rouge] 50 % [blanc]			

Les résultats observés sont compatibles avec les résultats prédits par l'hypothèse.

Exercice 12 :

L'analyse des résultats de croisements peut permettre d'établir la localisation des gènes sur les chromosomes. Les croisements dont les résultats sont indiqués concernent des souches de moustiques qui diffèrent par deux caractères, la couleur du corps et celle de l'œil. (Dihybridisme)

L'hypothèse la plus simple est que chacun des caractères dépend d'un gène qui existe sous deux formes alléliques : sauvage et mutante, que nous appellerons n^+ , n et p^+ , p respectivement.

1^{er} croisement : On croise une souche sauvage au corps gris et à œil prune avec une souche à corps noir et à œil clair. Selon l'hypothèse initiale, le croisement s'écrit :

Phénotypes des parents : $[n^+ p^+] \times [n p]$ Phénotype des descendants F_1 : $[n^+ p^+]$

Pareillement, les descendants F_1 présentent tous le phénotype sauvage, et qu'ils sont obligatoirement hétérozygotes, les allèles n et p ne s'expriment pas dans la descendance. Ils sont donc récessifs et les allèles sauvages qui s'expriment sont dominants.

On peut alors écrire les génotypes de la façon suivante :

Génotypes des parents : $n+ p+ / n+ p+ \times n p / n p$

Génotype des descendants F_1 : $n+ p+ / n p$

Mais où sont situés les gènes : 2 hypothèses : ils sont sur le même chromosome ou sur deux chromosomes différents.

2^{ème} croisement : On croise des femelles F_1 avec des mâles à corps noir et à œil clair. Il s'agit d'un back-cross (croisement –test) permettant de déterminer les proportions des gamètes formés par les hétérozygotes F_1 en observant les proportions des phénotypes obtenus.

Ce croisement s'écrit :

Phénotypes des parents : $[n+ p+] \times [n p]$

Génotypes des parents : $n+ p+ / n p \times n p / n p$

La descendance présente quatre phénotypes différents en proportions sensiblement égales deux à deux :

Phénotypes « parentaux »

- $[n+ p+]$ (35,2 %)

- $[n p]$ (35,9 %)

Phénotypes « recombinés »

- $[n+ p]$ (14,6 %)

- $[n p+]$ (14,3 %).

À ces phénotypes devraient donc correspondre les génotypes suivants :

$[n+ p+]$: $n+ p+ / n+ p+$;

$[n p]$: $n p / n p$;

$[n+ p]$: $n+ p / n p$;

$[n p+]$: $n p+ / n p$

Dans ce croisement, on observe deux phénotypes nouveaux qui diffèrent de ceux des parents, $[n+ p]$ et $[n p+]$ qui représentent 28,9 % des descendants = phénotypes recombinés.

Si les gènes étaient situés sur des chromosomes différents, la proportion des quatre types de gamètes serait la même et il y aurait des proportions voisines pour les quatre phénotypes.

On en déduit que les deux gènes sont liés, c'est-à-dire situés sur le même chromosome. Ceci montre que près de 30 % des gamètes sont issus d'un processus de recombinaison lors de la prophase de la première division méiotique, relativement rare et accidentel : Crossing-Over.

Conclusion : Les résultats des croisements nous permettent de valider une des 2 hypothèses formulées : les allèles sauvages sont dominants et les locus des deux gènes sont situés sur un même chromosome.

Exercice 13 :

- 1) Deux caractères étudiés = deux gènes = dihybridisme et les caractères sont : la couleur des fleurs/ la déhiscence des gousses
- 2) La génération F_1 n'est pas une lignée pure car elle résulte du croisement de parent pure (homozygote), elle est donc hétérozygote
- 3) les allèles dominants fleurs jaunes et gousses déhiscentes, les allèles récessifs : fleurs blanches et gousses indéhiscentes
- 4) on a obtenu la génération F_2 : suite au croisement de la première génération entre elle : $F_1 \times F_1$?

5) Plusieurs gènes sont en jeu, les résultats F_2 montre que de gènes sont indépendant et ceci suite à l'équiprobabilité entre les différents phénotypes issus à la F_2 ($25\% \times 4$) → Gènes non liés = $4 \times 25\%$

Exercices 1 :

1. Selon les résultats de la première génération (la F₁) :

Poils courts (a⁺) est dominant par rapport à poils angora (a)

Panaché (u⁺) est dominant par rapport à uniforme (u)

Gamètes de type parental : (a⁺ u⁺) et (a u) : 502 + 166 = 668 et (a u) : 502 + 166 = 668

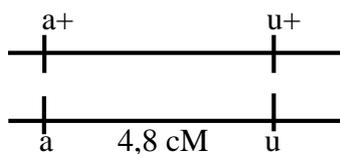
Gamètes de type recombinés : (a⁺ u) et (a u⁺) : 16 + 18 = 34

668 est supérieur à 34 donc les gamètes de type parental sont supérieurs aux gamètes de type recombinés ; alors les gènes sont donc liés

Génotype de la F₁ : (a⁺ u⁺ // a u)

2. Le génotypes de la F₂ : (a⁺ u⁺ // a⁺ u⁺) ; (a⁺ u⁺ // a⁺ u) ; (a⁺ u⁺ // a u⁺) ,
(a⁺ u // a⁺ u) ; (a⁺ u // a⁺ u) ; (a⁺ u // a u⁺) ; (a⁺ u // a u) ; (a u⁺ // a⁺ u⁺) ;
(a u⁺ // a u) et (a u // a u).

3. Les gènes sont portés par une même paire de chromosomes. Le taux de recombinaison entre a et u est de 4,8 %, soit 34/702 x 100. La distance entre a et u est donc égale à 4,8 cM.



Exercices 2 :

Analysons les données : Soit :

n⁺ > n

I⁺ > I

r⁺ > r

Les parents sont de souches pures, le croisement réalisé est le suivant :

P₁: (n⁺I⁺r⁺//n⁺ I⁺r⁺) x (n I r// n I r)

F₁: (n⁺I⁺r⁺// n I r)

P₂: F₁ X (n I r // n I r)

Gamètes femelles : (n⁺I⁺r⁺) ; (n I r) ; (n⁺ I⁺ r/) ; (n I r+) ; (n⁺ I r/) ; (n I+ r/)
; (n I+ r+); (n⁺I r).

Gamètes mâles : (n I r)

1. L'utilisation d'un mâle récessif permet à tous les gamètes femelles de s'exprimer dans la descendance. Si les trois caractères étaient portés par trois chromosomes différents, les proportions phénotypiques de la F₂ seraient équiprobables, contrairement les valeurs obtenues dans notre croisement s'étalent de 7 à 978 ; les gènes étudiés sont donc liés.

2.

0 Crossing-over correspond au type parental avec une fréquence f

1 Crossing-over correspond au type recombiné avec une fréquence f'

2 Crossing-over correspond au type recombiné avec une fréquence f''

Sachant que $f > f' > f''$; c'est-à-dire que les individus ayant subi un double crossing-over sont en plus faible effectif que ceux qui en subissent un, ces derniers étant moins nombreux que ceux du type parental.

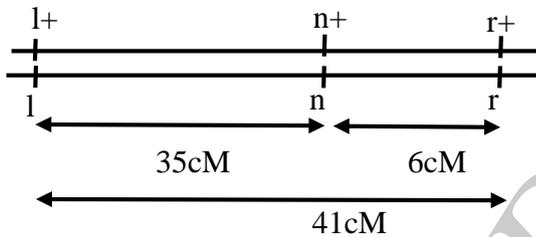
Le groupe issu d'un double crossing-over est celui auquel correspondent les plus petits effectifs (7 et 8). Le seul ordre possible des gènes est donc : (1 n+ r/l+ n r+)

3. Le calcul du taux de recombinaison entre les gènes donne les valeurs suivantes :

Entre l et n : $(559 + 564 + 8 + 7/3255) \times 100 = 35\%$ La distance entre l et n est de 35 cM

Entre n et r : $(88 + 94 + 8 + 7/3255) \times 100 = 6\%$ La distance entre n et r est de 6 cM

Entre l et r : $(559 + 564 + 88 + 94 + 2(8 + 7)/3255) \times 100 = 41\%$ La distance entre l et r est de 41 cM



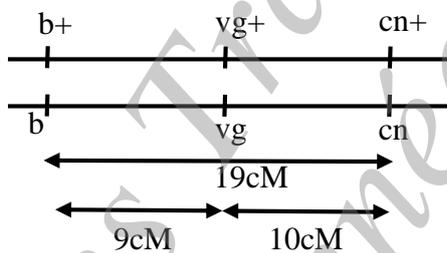
Exercices 3 :

Dans les trois croisements, le nombre d'individus de phénotype parental est supérieur au nombre d'individus de phénotype recombiné. Les gènes sont donc liés.

1. Les pourcentages de recombinaison sont les suivants :

- Pourcentage de recombinaison entre (vg) et (cn) = 10% donc $d = 10$ cM
- Pourcentage de recombinaison entre (b) et (cn) = 19,5% donc $d = 19,5$ cM
- Pourcentage de recombinaison entre (vg) et (b) = 9,5% donc $d = 9,5$ cM

2.



Exercices 4 :

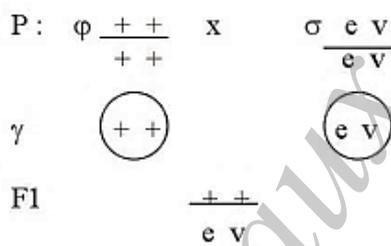
1. les conclusions à tirer :

- Il s'agit de la transmission de deux gènes : c'est le croisement entre deux individus qui sont différents par deux gènes (2 couples d'allèles), c'est un cas de dihybridisme.
- La première génération est homogène, ils sont tous de type sauvage et les parents sont purs alors la première loi de MENDEL est vérifiée.
- Le type sauvage domine les caractères ébène et vestigiale.
- Cas de dominance :

- Type sauvage : + ; corps ébène : e
- Type sauvage : + ; corps vestigiales : v.

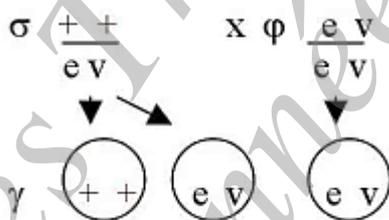
2. Il s'agit d'un test cross.

Les proportions de la descendance sont de 50% : 50%, cela ne peut s'expliquer qu'en admettant l'existence d'un linkage entre les gènes étudiés. Il s'agit d'un linkage complet.



	Génotypes	Phénotypes
Parents		
φ	$\frac{++}{++}$	[+ +]
σ	$\frac{ev}{ev}$	[e v]
F1	$\frac{++}{ev}$	[+ +]

Test cross 1: $\sigma F1$ x $\varphi \frac{ev}{ev}$



φ / σ	$\textcircled{+ +}$	$\textcircled{e v}$
$\textcircled{e v}$	$\frac{+ +}{e v}$	$\frac{e v}{e v}$
	50% [+ +]	50% [e v]

Les résultats théoriques confirment les résultats de l'expérience.

3. Test cross 2 :

Le test cross donne une descendance composée de 4 phénotypes différents avec une inégalité des proportions. Les types parentaux sont les plus fréquents, ils sont représentés par les pourcentages les plus élevés. Alors que les types recombinés sont constitués par les pourcentages les plus bas (ils sont moins fréquents). **Il s'agit donc d'un linkage incomplet (les gènes sont liés incomplètement).**

L'hybride F1 a produit 4 types de gamètes : 2 types parentaux et deux types recombinés et cette recombinaison est due au phénomène de crossing-over. Les mâles de la drosophile sont incapables de montrer ce phénomène.

Types parentaux = $832 + 830 / 2002 = 83,01\%$, cela signifie qu'il y'a 41,5% pour chacun des parents.

Types recombinés = $172+168 / 2002 = 16,98\%$, cela signifie qu'il y'a 8,5% pour chacun des types recombinés.

4. Donnons tous les génotypes et phénotypes :

P: $\varphi \frac{+ +}{e v}$ x $\sigma \frac{e v}{e v}$

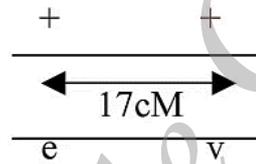
\swarrow \searrow \swarrow \searrow \downarrow
 γ $\textcircled{+ +}$ $\textcircled{e v}$ $\textcircled{e +}$ $\textcircled{+ v}$ $\textcircled{e v}$

	Génotypes	Phénotypes
Parents		
φ F1	$\frac{+ +}{e v}$	[+ +]
σ	$\frac{e v}{e v}$	[e v]

φ / σ	$\textcircled{+ +}$	$\textcircled{e v}$	$\textcircled{e +}$	$\textcircled{+ v}$
$\textcircled{e v}$	$\frac{+ +}{e v}$	$\frac{e v}{e v}$	$\frac{e +}{e v}$	$\frac{+ v}{e v}$
Les phénotypes	[+ +] 41,5%	[e v] 41,5%	[e +] 8,5%	[+v] 8,5%

5. La carte factorielle :

Le pourcentage de recombinaison = 16,98% = 17% = 17cM (centiMorgan) représentant la distance entre les gènes.



6. Si les gènes n'étaient pas liés on aurait obtenu 25% pour chaque phénotype (parentaux et recombinés).

Exercice 5 :

1. Il s'agit d'un croisement entre deux individus qui diffèrent de deux gènes, donc de deux couples d'allèles : c'est un dihybridisme.

La F1 est à 100% homogène : elle est formée d'individus tous de type sauvage : les parents sont de race pure pour les deux caractères, c'est conforme à la 1ère loi de MENDEL.

Les individus de la F1 étant tous sauvages, les allèles « corps gris » (+) et « soies normales » (+) sont dominants et les allèles « corps noir » (n) et « soies courtes » (c) sont récessifs : on écrira donc :

- + (corps gris) domine n (noir).
- + (soies normales) domine c (soies courtes).

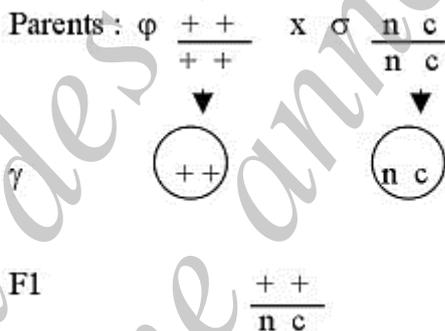
2. Le croisement hybride x race pure double récessive est un rétrocroisement ou test cross.

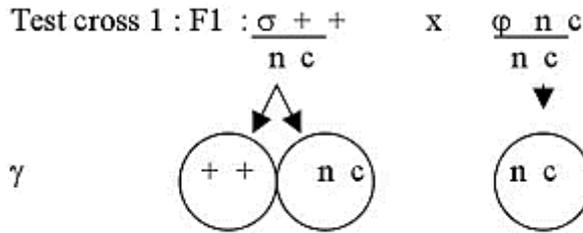
3. Interprétation des résultats :

Pour le premier croisement : les proportions du premier test cross sont de 50%, 50%, ou 1/2, 1/2 c'est à dire c'est un test cross d'un monohybridisme et cela ne peut s'appliquer qu'en admettant l'existence d'un linkage (crossing-over) entre les gènes étudiés.

L'écriture des génotypes est donc la suivante :

1^{er} croisement :





σ	$\frac{+ \ +}{n \ c}$	$\frac{n \ c}{n \ c}$
φ	$\frac{+ \ +}{n \ c}$	$\frac{n \ c}{n \ c}$

Génotypes: 50% $\frac{+ \ +}{n \ c}$ 50% $\frac{n \ c}{n \ c}$

Phénotypes : 50% [+ +] : 50% [n c]

Ces résultats théoriques sont conformes aux résultats pratiques : il y'a bien **un crossing-over**.

Le deuxième croisement est inverse, c'est à dire dans lequel on a inversé les sexes, il en résulte des résultats différents de ceux du 1er test cross puisque de nouveaux phénotypes apparaissent. On applique ce phénomène, en admettant l'existence d'un enjambement des chromosomes de l'hybride femelle lors de la méiose (crossing-over) suivi d'un échange de morceaux de chromatides. Il s'agit d'un **linkage incomplet**.

Les mâles des drosophiles sont incapables de montrer ce phénomène. La femelle produit donc 4 types de gamètes, deux types parentaux et deux types recombinés.

Le pourcentage de gamètes recombinés est le suivant :

$$(112+118) \times 100 / (828+864+112+118) = 12\%$$

826 : 44% } Types parentaux = 88%
 864 : 44% }

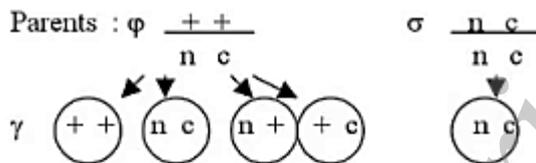
112 : 6% } Types recombinés = 12%
 118 : 6% }

Total = 1920

La distance entre les gènes est donc de 12 centimorgan.

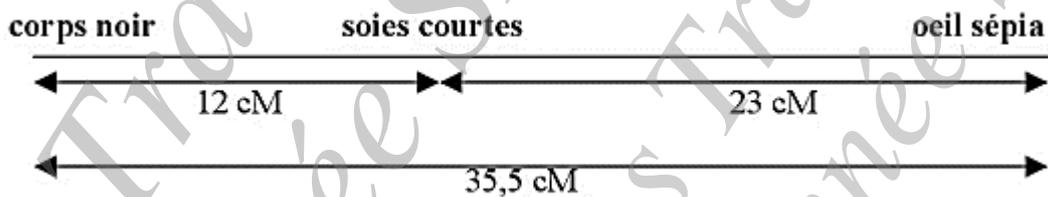
L'écriture des génotypes est donc la suivante :

2ème croisement : test cross 2 de la F1



φ	$\frac{++}{nc}$	$\frac{nc}{nc}$	$\frac{+c}{nc}$	$\frac{n+}{nc}$	
σ	$\frac{nc}{nc}$	$\frac{++}{nc}$	$\frac{nc}{nc}$	$\frac{+c}{nc}$	$\frac{n+}{nc}$
Phénotypes : % de TP et TR	44% [++]	44% [nc]	6% [+c]	6% [n+]	

4. L'emplacement des gènes sur l'autosome est le suivant :



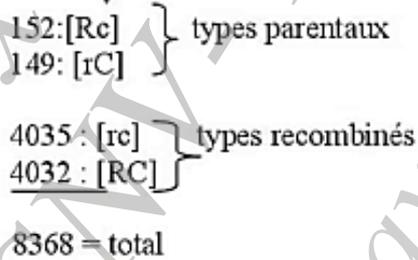
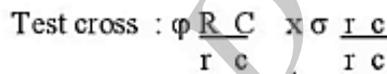
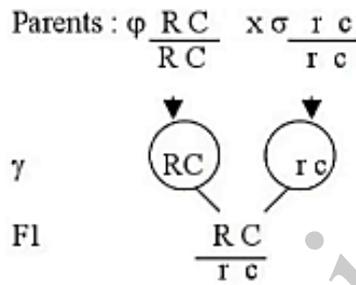
Exercice 6 :

1. La carte factorielle :

Il s'agit d'un croisement entre deux individus qui diffèrent par deux caractères : c'est un dihybridisme.

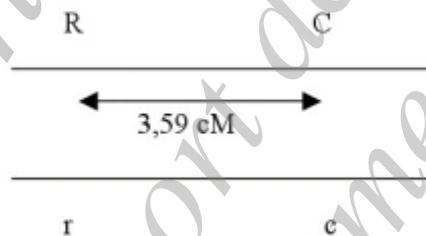
Le caractère remplis (**R**) domine le fripé (**r**) et le caractère coloré (**C**) domine le non coloré (**c**).

Nous aurons alors :



Le pourcentage de recombinaison = $(152 + 149) / 8368 = 3,59$

La distance est de 3,59 cM.

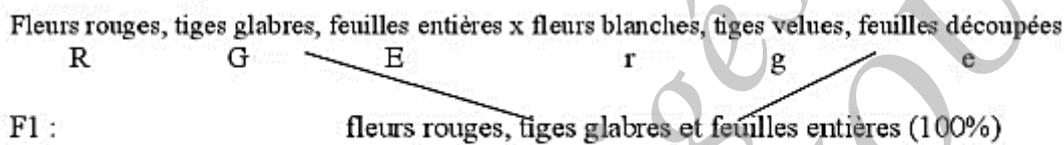


Exercice 7 :

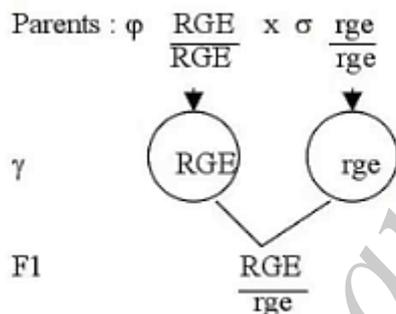
1. il s'agit de la transmission de trois gènes donc trois couples d'allèles : donc c'est un trihybridisme. La première génération est homogène à 100%, ils ont tous des fleurs rouges, tiges glabres et feuilles entières, les parents sont purs, la première loi de MENDEL est vérifiée.

Nous sommes dans des cas de dominance pour les 3 gènes.

Le croisement :



Les génotypes :



Test cross de la F₁:

Nous sommes en présence d'un **linkage incomplet (crossing-over incomplet)**, il s'agit de gènes incomplètement liés. Le test cross de la F₁ donne 8 phénotypes différents avec une inégalité des proportions. Les proportions les plus élevées sont en faveur des phénotypes parentaux, il s'agit de **[RGE]** et **[rge]**.

Les proportions les plus faibles correspondent aux phénotypes provenant des gamètes ayant subits un double crossing-over et il s'agit de **[rGE]** et **[Rge]**, et dans ce cas, nous observons que le gène centrale est le gène **R**.

Les deux phénotypes **[rgE]** et **[RGe]** sont des types recombinés provenant de gamètes ayant subits un simple crossing-over entre **E** et **R**.

Les phénotypes **[RgE]** et **[rGe]** sont également des types recombinés provenant de gamètes ayant subits un crossing-over entre **R** et **G**

φ \ σ	0,41 $\textcircled{++}$	0,41 \textcircled{vji}	0,09 $\textcircled{v+}$	0,09 $\textcircled{+ji}$
0,41 $\textcircled{++}$	0,1681[+++] $\frac{++}{++}$	0,1681[+++] $\frac{++}{vji}$	0,0369[+++] $\frac{++}{v+}$	0,0369[+++] $\frac{++}{+ji}$
0,41 \textcircled{vji}	0,1681[+++] $\frac{++}{vji}$	0,1681[vji] $\frac{vji}{vji}$	0,0369[v+] $\frac{v+}{v+}$	0,0369[+ji] $\frac{+ji}{vji}$
0,09 $\textcircled{v+}$	0,0369[+++] $\frac{++}{v+}$	0,0369[v+] $\frac{v+}{vji}$	0,0081[v+] $\frac{v+}{v+}$	0,0081[+++] $\frac{+ji}{v+}$
0,09 $\textcircled{+ji}$	0,0369[+++] $\frac{++}{+ji}$	0,0369[+ji] $\frac{+ji}{vji}$	0,0081[+++] $\frac{v+}{+ji}$	0,0081[+ji] $\frac{+ji}{+ji}$

Normaux [++]: 0,6681 : 66,81%

Waltzer et jittery [vji] : 0,1681 : 16,81%

Waltzer [v+] : 0,0819 : 8,19%

Jittery [+ji] : 0,0819 : 8,19%.

Les phénotypes waltzer ou jittery sont les moins fréquents.

Si 8,19% de toute la descendance sont constitués de waltzer, combien faut-il avoir de descendants pour avoir 24 waltzer ?

$$\begin{array}{l}
 100 \rightarrow 8,19 \text{ waltzer} \\
 x \leftarrow 24 \\
 x = 24 \times 100 / 8,19 = 293,04
 \end{array}$$

Il faut approximativement 293 descendants.

$$\begin{array}{l}
 \text{Chaque femelle} \rightarrow 7 \text{ descendants} \\
 x' \leftarrow 293,04
 \end{array}$$

$$x' = 293 / 7 = 41,85 = 42 \text{ femelles.}$$

Il faut approximativement 42 femelles pour faire face à la commande.

Exercice 9 :

1. Les pourcentages de recombinaison dans les deux régions, ainsi que la carte factorielle :

Les parents ont comme phénotype : [+++] ou [mwf]

On ne connaît pas l'ordre des gènes, il faut examiner alors les résultats :

Les effectifs les plus bas sont représentés par : +wf = 26 et par m++ = 22 correspondant aux descendants des gamètes ayant subi un double crossing-over. Le gène central est m.

L'ordre des gènes est donc : wmf .

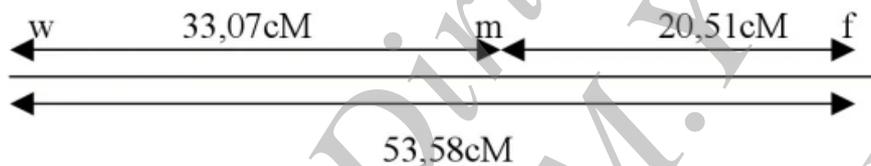
En ordonnant les gènes, on aura :

wmf : 196	}	types parentaux
+++ : 214		
w++ : 111	}	simple crossing-over entre w et m
+mf : 99		
wm+ : 55	}	simple crossing-over entre m et f
++f : 57		
w+f : 26	}	double crossing-over
+m+ : 22		

Le pourcentage de recombinaison entre **w** et **m** = $(111+99) + (26+22) \times 100/780 = 33,07 = 33,07\text{cM}$.

Le pourcentage de recombinaison entre **m** et **f** = $(55+57) + (26+22) \times 100/780 = 20,51 = 20,51\text{cM}$.

La carte factorielle :



Exercice 10 :

P : gousses droites, vertes x gousses incurvées, jaunes

F1 gousses droites et vertes

F1 x gousses incurvées et jaunes

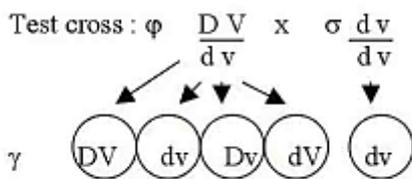
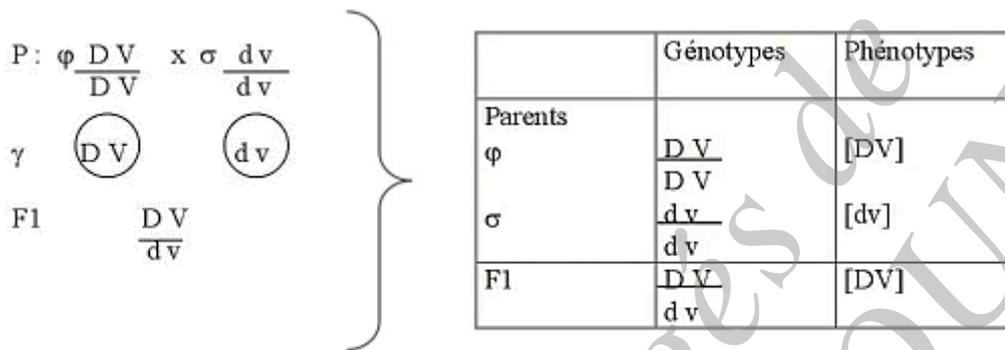
9360 gousses droites et vertes	}	Types parentaux : 80,98% (40,49% chacun)
9321 gousses incurvées et jaunes		
2076 gousses droites et jaunes	}	Types recombinés : 19,01% (9,5% chacun)
2310 gousses incurvées et vertes		
<hr/>		
Total=23067		

1. Interprétation en donnant tous les génotypes et phénotypes

- C'est le croisement entre deux individus qui diffèrent de deux gènes, c'est un dihybridisme.
- La première génération F1 est à 100% homogène, les parents sont purs, la première loi de MENDEL est vérifiée (loi de ressemblance).
- Cas de dominance : droite (**D**) domine incurvée (**d**) et verte (**V**) domine jaune(**v**).
- Le test cross donne 4 phénotypes différents (deux parentaux et deux recombinés) avec une inégalité des effectifs(donc inégalité des pourcentages):

- Deux types parentaux avec les pourcentages les plus élevés (40,49% chacun)
- Deux types recombinés avec les pourcentages les plus faibles (9,5% chacun) provenant de gamètes recombinés et cette recombinaison est due au phénomène de crossing-over (simple crossing-over) qui s'est déroulé lors de la méiose.

Conclusion : il s'agit d'un **linkage incomplet**.

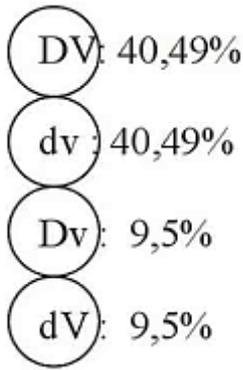


φ	\textcircled{DV}	\textcircled{dv}	\textcircled{Dv}	\textcircled{dV}
σ	$\frac{DV}{dv}$ [DV]	$\frac{dv}{dv}$ [dv]	$\frac{Dv}{dv}$ [Dv]	$\frac{dV}{dv}$ [dV]

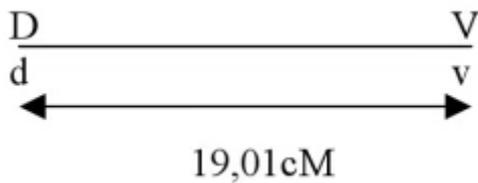
Génotypes: $\frac{DV}{dv} : \frac{dv}{dv} : \frac{Dv}{dv} : \frac{dV}{dv}$

Phénotypes : 40,49% [DV] : 40,49% [dv] : 9,5% [Dv] : 9,5% [dV]

2. Les proportions des gamètes produits par les hybrides en F1 sont :



3. carte génétique :



Exercice 11 :

1. Interprétation des résultats avec établissement de la carte factorielle

Il s'agit d'un croisement entre deux individus qui diffèrent par 3 gènes : c'est un trihybridisme.

La première loi de MENDEL est vérifiée (loi de ressemblance) : la première génération est à 100% homogène, les parents sont purs.

Cas de dominance :

- **G**l domine **gl**
- **L**z domine **lz**.
- **S**u domine **su**

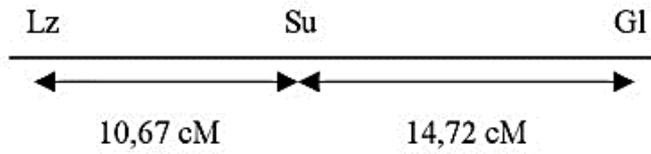
Les résultats du test cross montrent qu'on est en présence d'un **linkage incomplet**, il s'agit donc de gènes incomplètement liés.

Les classes phénotypiques caractérisées par les plus faibles effectifs sont issues de gamètes recombinés et cette recombinaison est due à la présence du double crossing-over. Le double crossing-over indique que le gène central est **Su**. Il faut alors ordonner les phénotypes (voir tableau ci-dessous).

Le % de recombinaison entre **Lz** et **Su** = $(33+40) + (4+2) \times 100/740 = 10,67\% = 10,67 \text{ cM}$.

Le % de recombinaison entre **Su** et **G**l = $(59+44) + (4+2) \times 100/740 = 14,72\% = 14,72 \text{ cM}$.

La carte factorielle :



Exercice 1 :

1.

• ARNm : 5'... GAAAUGGCAGUUUAC ...3'
 ADN : 5'... GAAATGGCAGTTTAC ...3'
 3'... CT T TACCGTCAAATG ...5'

• ARNm : 3'... UUUUCGAGAUGUCA ...5'
 ADN : 3'... T T T TCGAGATGTCAA ...5'
 5'... AAAAGCTCTACAG T T ...3'

ARNm : 5'... AAAACCUAGAACCCA ...3'
 ADN : 5'... AAAACCTAGAACCCA • ...3'
 3' ... T TT TGGATCT TGGGT ...5'

2.

- 3' ... CT T TACCGTCAAATG ... 5' •
- 3'AAAAGCTCTACAG T T ... 5' •
- 3'..... T T T TGGATCT TGGG T ... 5'

3.

- Nt ... Glu- Met- Ala-Val-Tyr ...Ct
- Nt ... Phe- Ala-Arg-Cys-Asn ...Ct
- Nt ... Lys-Thr ...Ct

Sens													Sens		
3'	T	G	C	A	G	T	G	G	T	A	C	G	5'	ADN double brin	
5'	A	C	G	T	C	A	C	C	A	T	G	C	3'		
3'	U	G	C	A	G	U	G	G	U	A	C	G	5'	ARNm	
5'								C	C	A	U	G	C	3'	ARNt
Ct							Trp		Ala			Nt	Acides Aminés		

NB : Il n'y a pas d'ARNt pour le codon stop

Exercice 2 :

I-

1. Le brin transcrit est le brin 1 : car il est porteur du codon d'initiation (TAC)
2. AND: 3'-CTG AAA TAC CGA GCC GCG ATG GCA ATT C-5' A
ARNm: 5'-GAC UUU AUG GCU CGG CGC UAC CGU UAA G -3'
3. Nt — Met — Ala — Arg — Arg — Tyr — Arg — Ct
4. Il y'a 13 paires (A-T) et 15 paires (C-G)
(13x2) (15x3) = 71 liaisons hydrogènes.
Pour les deux brins d'ADN, nous comptons (28-1) = 54 liaisons phosphodiester.

II- ARNm : 5'- CUA AGU AGG CCC GAA AGC UU - 3'

La traduction in vitro peut se faire en absence du codon d'initiation, nous avons trois cadres de lecture

- la Cas : La traduction commence par C, on aura le peptide suivant :
Nt — Leu — Ser — Lys — Ala — Arg — Lys — Leu — Ct
- 2^{ème} Cas : La traduction commence par U, le 1^{er} codon est un codon stop (UAA) et donc pas de traduction.
- 3^{ème} Cas : La traduction commence par A, on aura la protéine suivante :
Nt - Leu — Ser — Arg — Pro — Glu — Ser — Ct

Exercice 3 :

Trois bases choisies parmi six donneront $(6)^3$ ou 216 codons en triplets.
Si le codon est composé de deux base alors, cela donne $(6)^2$ ou 36 codons à deux lettres, suffisant pour coder les 20 acides aminés et les codons d'initiation et de terminaison.

Exercice 4 :

Il y aura trois bases, donc : $(3)^3$ soit 27 codons produits. Le plus fréquent sera le codon CCC, qui apparait avec une fréquence $(1/2)^3$ soit 1/8.

Exercice 5 :

1. Un triplet est formé de 3 bases azotées, nous avons 4 bases, le résultat est donc $4^3 = 64$ triplets
2. On élimine A et on aura $3^3 = 27$ triplets
3. $64 - 27 = 37$ triplets

Exercice 6 :

1. $A \rightarrow 20\% = 0,2$ et $U \rightarrow 80\% = 0,8$

Le nombre de codons formés = $2^3 = 8$

La fréquence des différents codons

- $AAA = (0,2)^3 = 0,008$ == Lys
- $AAU = (0,2)^2 \times 0,8 = 0,032$ == Asn
- $AUU = 0,2 \times (0,8)^2 = 0,128$ == Ile
- $AUA = (0,2)^2 \times 0,8 = 0,032$ == Ile
- $UUU = (0,8)^3 = 0,512$ == Phe
- $UUA = (0,8)^2 \times 0,2 = 0,128$ == Leu
- $UAA = 0,8 \times (0,2)^2 = 0,032$ == Codon stop
- $UAU = (0,8)^2 \times 0,2 = 0,128$ == Tyr

2. On ne peut pas estimer la longueur de la chaîne polypeptidique, puisque nous n'avons aucune information concernant l'enchaînement des codons sur l'ARNm.

Exercice 7 :

L'ARNm comporte 20 % d'Uracile (U) et 80 % d'Adénine (A)

La fréquence de la base Uracile $U = 0,2$

La fréquence de la base Adénine $A = 0,8$

Le polypeptide comporte : 4 Ile pour 1 Tyr ; 16 Ile pour 1 Phe et 16 Lys pour 1 Tyr.

Donc : 1 Phe \rightarrow 4 Tyr \rightarrow 16 Ile \rightarrow 64 lys

Les combinaisons possibles sont les suivantes :

- 3A avec une fréquence de $(0,8)^3 = 0,512$.
- 3U avec une fréquence de $(0,2)^3 = 0,008$;
- 2U 1A avec une fréquence de $(0,2)^2 \times (0,8) = 0,032$;
- 1U 2A avec une fréquence de $(0,2) \times (0,8)^2 = 0,125$;

Le codon de référence est celui qui a la plus petite fréquence et qui est celle du codon UUU (Phe), dont la fréquence est de 0,008. Ainsi et sur la base de cette valeur, on pourra déterminer les triplets constitutifs de cet ARNm. On aura alors :

- $2U1A / 3U = 0,032 / 0,008 = 4$ == Valeur qui correspond à la Tyr = UAU
- $1U2A / 3U = 0,128 / 0,008 = 16$ == Valeur qui correspond à l'Ile = AUA
- $3A / 3U = 0,512 / 0,008 = 64$ == Valeur qui correspond à la Lys = AAA

Exercice 8 :

1. Les différents codons réalisés sont :

-UUU -UUA -UAU -UAA -AUU -AUA -AAU -AAA

2. les proportions sont 3U pour 2A donc la probabilité d'incorporation de U dans un triplet est de $\frac{3}{5}$ et celle de A de $\frac{2}{5}$. Alors la probabilité de formation d'un triplet est donc le produit des probabilités individuelles de chacun.

- La probabilité de UUU est égale à $\frac{3}{5} \times \frac{3}{5} \times \frac{3}{5} = \frac{27}{125}$
- La probabilité de UUA, UAU, AUU, est identique : UUA est égale à $\frac{3}{5} \times \frac{3}{5} \times \frac{2}{5} = \frac{18}{125}$.
- La probabilité de UAA, AUA, AAU est identique : UAA est à $\frac{3}{5} \times \frac{2}{5} \times \frac{2}{5} = \frac{12}{125}$.
- La probabilité de AAA est égale à $\frac{2}{5} \times \frac{2}{5} \times \frac{2}{5} = \frac{8}{125}$

Total $27 + (18 \times 3) + (12 \times 3) + 8 = 125$.

Exercice 9 :

1. Met : AUG ; Val : GUU ; GUC , GUA , GUG ; His : CAU , CAC.

Soit : $1 \times 4 \times 2 = 8$ ARN différents.

- AUG GUU CAU
- AUG GUU CAC
- AUG GUC CAU
- AUG GUC CAC
- AUG GUA CAU
- AUG GUA CAC
- AUG GUG CAU
- AUG GUG CAC

2. En utilisant la même méthode précédente nous aurons pour la 2^{ème} protéine :

$1 \times 4 \times 2 \times 6 \times 4 \times 6 \times 4 \times 2 \times 2 = 18432$ ARNm possibles.

3. Histidine, phénylalanine, acide aspartique.

Si le changement intervient dans la 1^{ère} ou la 2^{ème} lettre de chaque codon, tous les acides aminés seront différents et donc la protéine va changer car une protéine est définie par le nombre, la nature et la succession des acides amine qui la compose et chaque changement dans l'un de ce caractère engendre une autre protéine.

Exercice 10 :

1.

3'...ATG TAC TAG TAA AGT GCC TTA AAG ATC GTA CAT...5'

5'...TAC ATG ATC ATT TCA CGG AAT TTC TAG CAT GTA...3'

2.

3'...ATG TAC TAG TAA AGT GCC TTA AAG ATC GTA CAT...5'

ARNm : AUG AUC AUU UCA CGG AAU UUC **UAG** CAU

Mét - Ile - Ile - Ser - Arg - Asn - Phe - codon stop

3.

3'...ATG GAC TAG TAA AGT GCC TTA AAG ATC GTA CAT...5'

ARNm : CUG AUC AUU UCA CGG AAU UUC **UAG** CAU

Leu - Ile - Ile - Ser - Arg - Asn - Phe - codon stop

AUG code pour (Mét) et CUG code pour (Leu), donc on absence de AUG : Il n'y a aucun codon pour la méthionine, donc la transcription ne peut démarrer.

Exercice 11 :

1. ARNm : 5'— GUA GCC UAC CCA UAG G — 3'

2. Si la traduction débute à l'extrémité 5'de l'ARNm, la protéine est la suivante :

Va1— Ala — Tyr— Pro

3. Cet ARNm peut code pour deux peptides différents ;

Première lecture on commence par GUA et la suite va donner : Va1— Ala — Tyr— Pro

Pour la seconde lecture, le premier codon est un codon stop UAG,

La troisième lecture, nous avons AGC comme premier codon et nous allons avoir :

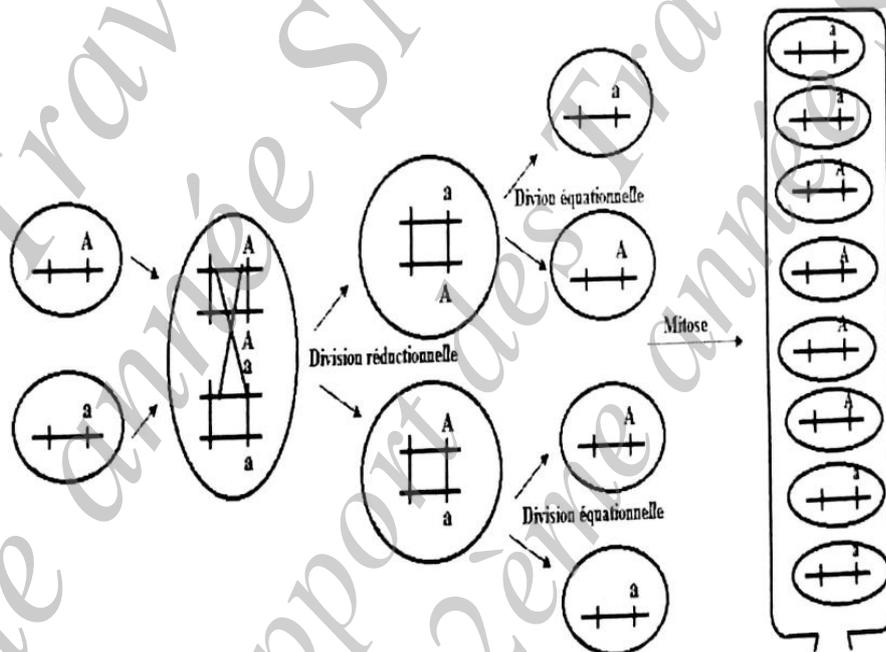
Ser-Leu-Pro-Iso

Exercices 1 :

En sachant que le mycélium n°1 mis en contact avec le mycélium n°3 forme des périthèces, **cela veut dire qu'ils sont de signes opposés** et donc de génotypes différents. Il en est de même pour les mycéliums n° 2 et n°6. Le mycélium n° 8 mis en contact avec le mycélium de référence de génotype (a), ne donne pas de périthèce, **cela veut dire que les deux mycéliums ont le même génotype**, par conséquent le mycélium n°8 est de génotype (a). Ainsi les spores ont les génotypes suivant :

N° Mycélium	Génotype
1	a
2	a
3	A
4	A
5	A
6	A
7	a
8	a

Le schéma ci- dessous montrant la formation de l'asque au moment de la : crossing-over à lieu au moment de la prophase I, il se déroule entre les deux premiers chromatides de chaque chromosome.



Exercices 2 :

NB : Pour calculer la distance en unités génétiques, entre un locus et le centromère du chromosome qui le porte, il faut déterminer le pourcentage de tétrades présentant un profil de ségrégation de seconde division pour ce locus et diviser le résultat par deux. Cette distance se calcule en unité de recombinaison par post-réduction.

Pour le profil M1, on calcul 258 (126 + 132) méioses sur 300, soit 86 %. On observe que dans 86 % des méioses enregistrées, il n'y a pas eu de crossing-over (pas de recombinaison) entre le gène considéré et le centromère. La cause de la variation au niveau des quatre profils M2 est due au fait que l'attachement des chromosomes au fuseau est aléatoire lors de la 1^{ère} et de la 2^{ème} division de la méiose. Les profils M2 sont au nombre de 42 (9 + 11 + 10 + 12) sur 300, soit 14 % ; ce qui signifie que des chromatides non sœurs ont subies des crossing-over entre le locus étudié et le centromère dans 14 % des méioses.

Exercices 3 :

Souche auxotrophe pour Thiamine et Arginine [Thi-, Arg-]

Souche prototrophe pour Thiamine et Arginine [Thi+, Arg+]

[Thi-, Arg-] X [Thi+, Arg+] On obtient ces résultats

2 Thi+ Arg+	2 Thi+ Arg-	2 Thi+ Arg+	2 Thi+ Arg+
2 Thi+ Arg+	2 Thi+ Arg-	2 Thi+ Arg-	2 Thi- Arg+
2 Thi- Arg-	2 Thi- Arg+	2 Thi- Arg+	2 Thi+ Arg-
2 Thi -Arg-	2 Thi- Arg+	2 Thi- Arg-	2 Thi- Arg-
Asque A=40	Asque B = 40	Asque C=14	Asque D=6

1. Génotype des souches parentales

Il correspond aux phénotypes des parents parce qu'on est dans le cas d'individus haploïdes donc **le génotype correspond au phénotype**

Souche parentale : [Thi+ Arg+ Thi+ Arg+

Souche parentale : [Thi- Arg- Thi - Arg -

2. Informations qu'on peut tirer des résultats de ce croisement concernant la position ou la localisation des gènes.

2.1. Recherche des spores parentales et recombinées (analyse des asques) :

- Asque A : il porte les 2 types de génotypes qui sont les génotypes parentaux : Thi+ Arg+, Thi -Arg- : renfermant uniquement des ascospores parentales donc c'est un Ditypes parentaux : asques pré réduit pour les 2 gènes (pas de crossing-over) = pas d'alternance
- Asque B : il contient 2 types de génotypes qui sont les recombinés : Thi+ Arg- ; Thi- Arg+ : renfermant uniquement des ascospores recombinées donc c'est un Dilypes

recombinés : asque pré-réduit pour les 2 gènes (pas d'alternance, mais il y a brassage génétique).

- Asque C : il contient 4 types de génotypes qui sont 2 génotypes parentaux Thi+ Arg+ et Thi-Arg - et 2 génotypes recombinés Thi- Arg + et Thi+ Arg - Asques tétratypés : post-réduit pour l'Arginine et pré-réduit pour la Thiamine.
- Asque D : il contient 4 types de génotypes qui sont 2 génotypes parentaux Thi+ Arg+ et Thi - Arg - et 2 génotypes recombinés Thi -Arg+ et Thi+ Arg- Asques tétratypés : post-réduit pour la Thiamine et pré-réduit pour l'Arginine.

2.2. Position ou localisation des 2 gènes sur le ou les chromosomes :

Calcul des pourcentages de recombinaison des spores recombinées

Pourcentage des recombinés : $\% R = \frac{\text{nombre de spores recombinées}}{\text{Nombre total de spores}} \times 100$

$$\% R = \frac{(0 \times 40) + (8 \times 40) + (4 \times 14) + (4 \times 16)}{8(40 + 40 + 14 + 6)} \times 100$$

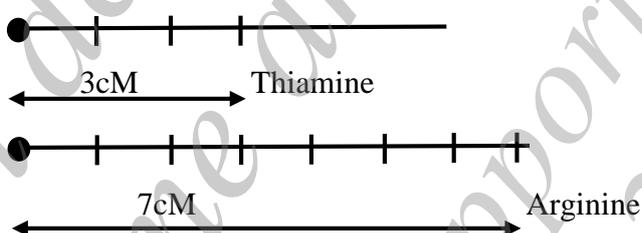
$$= 400 / 800 = 50\%.$$

Le % R = 50% donc les gènes sont indépendants et sont donc localisés sur deux chromosomes différents (il s'agit de gènes indépendants = non liés).

2.3. Position ou localisation des gènes par rapport à leurs centromères (gène — centromère) :

- Position du gène Thiamine par rapport à son centromère : distance gène — centromère = taux de post-réduction du gène / 2 avec taux de post-réduction du gène Thiamine
 $= \frac{\text{Nombre total d'asques post-réduits du gène}}{\text{Total général d'asques (pré et post-réduits)}} \times 100$
 $= 6 / 100 \times 100 = 6$ donc $6 / 2 = 3$ cM
 Donc : distance (Thi — centromère) = 3 cM
- Position du gène Arginine par rapport à son centromère distance gène — centromère = taux de post-réduction du gène / 2 avec taux de post-réduction du gène Arginine
 $= \frac{\text{Nombre total d'asques post-réduits du gène}}{\text{Total général d'asques (pré et post-réduits)}} \times 100$
 $= 14 / 100 \times 100 = 14$ donc $14 / 2 = 7$ cM.
 Donc : distance (Arg — centromère) = 7 cM

3. Carte génétique :



Exercices 4 :

1. 1^{er} Croisement :

Pro- Lys+	Pro- Lys+	Pro- Lys+
Pro- Lys+	Pro+ Lys+	Pro- Lys-
Pro+ Lys-	Pro- Lys-	Pro+ Lys+
Pro+ Lys-	Pro+ Lys-	Pro+ Lys-
Asque A=72	Asque B = 2	Asque C=108
Ditypes parental	Tétratype	Tétratype

Comparons le pourcentage de spores de type recombinées (TR) à celui de spores de type parentales (TP) :

$$\text{Pourcentage de spores TR} = \frac{(4 \times 20) + (4 \times 108)}{8 (72+20+108)} \times 100 = 32 \%$$

$$\text{Pourcentage de spores TP} = \frac{(8 \times 72) + (4 \times 20) + (4 \times 108)}{8 (72+20+108)} \times 100 = 68 \%$$

Le pourcentage de spores de type recombiné étant inférieur au pourcentage de spores de type parental, les gènes proline et lysine sont **liés** et par conséquent **portés par le même chromosome**.

Distance séparant les deux gènes l'un de l'autre : (D=Distance)

$$D (\text{Pro-Lys}) = (\text{Nombre de spores recombinées} / \text{Nombre total de spores}) \times 100$$

$$D (\text{Pro-Lys}) = 32 \%$$

$$D (\text{Pro-Lys}) = 32 \text{ urp}$$

La distance qui sépare le gène proline du centromère :

$$D (\text{Pro-centromère}) = \text{Pourcentage d'asques post-réduits} / 2 \text{ ou bien}$$

$$D (\text{Pro-centromère}) = \text{Nombre de spores post-réduites pour la proline} / 2$$

$$D (\text{Pro-centromère}) = (20/200) \times 100 / 2 \text{ ou bien}$$

$$D (\text{Pro-centromère}) = (4 \times 20) / 8 (72 + 20 + 108) \times 100$$

$$D (\text{Pro-centromère}) = 5 \% = 5 \text{ urp}$$

La distance qui sépare le gène lysine du centromère :

$$D (\text{Lys-centromère}) = (108/200) \times 100 / 2 \text{ ou bien}$$

$$D (\text{Lys-centromère}) = (4 \times 108) / 8 (72 + 20 + 108) \times 100$$

$$D (\text{Lys-centromère}) = 27 \% = 27 \text{ urp}$$

2. 2^{ème} Croisement : Leu+Arg+ x Leu-Arg-

$$550 \text{ Leu+Arg+} \quad 548 \text{ Leu+Arg+}$$

$$554 \text{ Leu-Arg-} \quad 552 \text{ Leu-Arg+}$$

Comparons le pourcentage de spores de type recombinées (TR) à celui de spores de type parentales (TP) :

$$\text{Pourcentage de spores TP} = (550+554/2204) \times 100 = 50 \%$$

Pourcentage de spores TR = $(548+552/2204) \times 100 = 50 \%$

Le pourcentage de spores de type recombiné étant égal au pourcentage de spores de type parental, les gènes leucine et arginine sont **indépendants** et par conséquent situés sur deux chromosomes différents.

3. 3^{ème} Croisement : Leu+ Pro+ x Leu- Pro-

Les génotypes des spores de chaque type d'asque obtenu sont les suivants

Ditype parental	4 Leu+pro+
	4 Leu- pro-
Tétratype	2 Leu+ pro+
	2 Leu+ pro-
	2 Leu- pro+
	2 Leu- pro-
Ditype recombiné	4 Leu+ pro-
	4 Leu- pro+

3.2. Le pourcentage de spores TP = $(263+32/2) / 300 \times 100 = 93 \%$

Le pourcentage de spores TR = $(5+32/2) / 300 \times 100 = 7\%$

Le pourcentage des spores de type recombiné étant inférieur au pourcentage des parental, les gènes proline et leucine sont liés et portés par la même spore de type chromosome.

D (Pro-Leu) = 7 % = 7 urp

3.3. La distance du gène leucine du centromère est :

D (Leu- centromère) = $(72/300)/2 \times 100 = 24/2 = 12\% = 12 \text{ urp}$

D (Leu- centromère) = 12 % = 12 urp

4. On calcul à partir du pourcentage de pré-réduction pour l'arginine qui est de 37,4 %, le pourcentage d'asques post-réduit qui correspond à $100\% - 37,4\% = 62,6\%$. Cette dernière valeur nous permet de calculer la distance qui sépare le gène arginine du centromère.

D (Arg- centromère) = $62,6/2 = 31,3\% = 31,3 \text{ urp}$

En résumé, nous avons : Les gènes proline et lysine sont liés :

D (Pro-Lys) = 32 urp ;

D (Pro- centromere) = 5 urp ;

D (Lys-centromère) = 27 urp.

Les gènes leucine et arginine sont indépendants :

D (Arg-centromère) = 31,3urp.

Les gènes proline et leucine sont liés :

D (Pro-Leu) = 7 urp,

D (Leu-centromère) = 12 urp.

La carte génétique de *Neurospora crassa* pour ces 4 gènes est la suivante

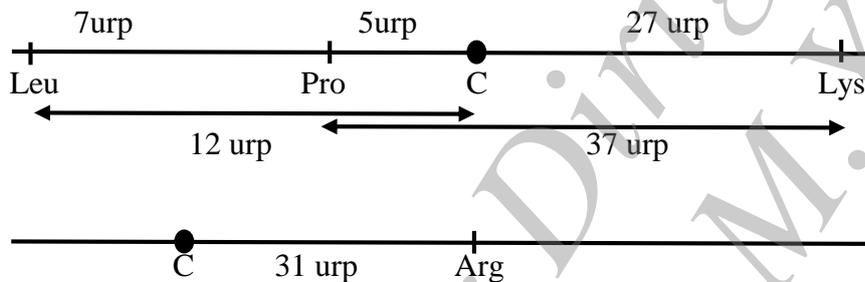
NB : DR ou ditype recombiné comprend 8 spores recombinées

DP ou ditype parental comprend 0 spores recombinés

T ou tétratype comprend 4 spores recombinées et 4 spores parentales.

La présence d'un crossing-over indique une post- réduction

L'absence du crossing-over définit une pré- réduction



Exercices 5 :

1^{er} Croisement : Lys+ Met+ x Lys- Met-

Comparons le pourcentage des spores de type recombinées (TR) à celui des spores de type parentales (TP) :

Pourcentage de spores TR = $(50+72/1272) \times 100 = 7,6 \%$

Pourcentage de spores TP = $(595+580/1272) \times 100 = 92,37 \%$

Le pourcentage de spores de type recombiné étant inférieur au pourcentage de spores de type parental, les gènes lysine et méthionine sont donc liés et par conséquent portés par le même chromosome.

Distance séparant les deux gènes l'un de l'autre :

D (Lys-Met) (Nombre de spores recombinées/ Nombre total de spores) x 100

D (Lys-Met) = 7,6 %

D (Lys-Met) = 7,6 urp

La distance qui sépare le gène lysine du centromère :

D lys-centromère) = $(4/54) \times 100 / 2 = 3,7$

D lys-centromère) = 3,7 % = 3,7 urp

La distance qui sépare le gène méthionine du centromère :

$$D(\text{Met-centromère}) = (34/150) \times 100 / 2 = 11,34 \%$$

$$D(\text{Met-centromère}) = 11,34 \% = 11,34 \text{ urp}$$

2^{ème} Croisement : Lys+ Rib+ x Lys- Rib-

Comparons le pourcentage de spores de type recombinées (TR) à celui de spores de type parentales (TP) :

$$\text{Pourcentage de spores TR} = 206/416 \times 100 = 50 \%$$

$$\text{Pourcentage de spores TP} = 210/416 \times 100 = 50 \%$$

Le pourcentage de spores de type recombiné étant égal au pourcentage de spores de type parental, les gènes lysine et riboflavine sont indépendants et donc situés sur deux chromosomes différents.

La distance qui sépare le gène riboflavine du centromère :

$$D(\text{Rib-centromère}) = (11/125) \times 106 / 2$$

$$D(\text{Rib-centromère}) = 4,4 \% = 4,4 \text{ urp}$$

3^{ème} Croisement : Lys+ Pro+ x Lys- Pro-

Comparons le pourcentage de spores de type recombinées (TR) à celui de spores de type parentales (TP) :

$$\text{Pourcentage de spores TR} = (4 \times 108 / 8 \times 108) \times 100 = 50 \%$$

$$\text{Pourcentage de spores TP} = (4 \times 108 / 8 \times 108) \times 100 = 50 \%$$

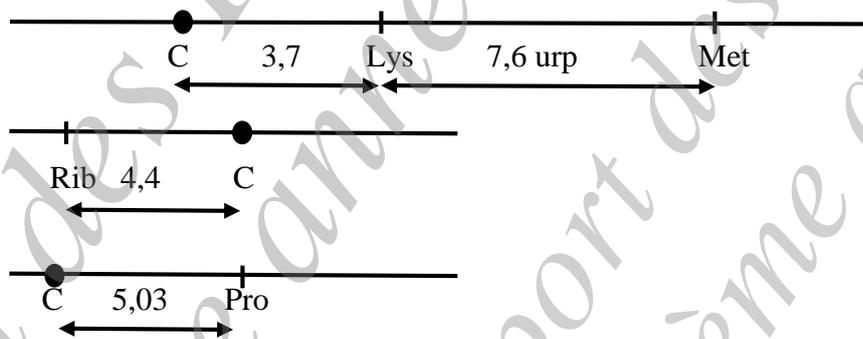
Le pourcentage des spores de type recombiné étant égal au pourcentage des spores de type parental, les gènes lysine et proline sont donc indépendants et par conséquent, sont situés sur deux chromosomes différents.

La distance qui sépare le gène proline du centromère :

$$D(\text{Pro-centromère}) = (17/169) \times 100 / 2$$

$$D(\text{Pro-centromère}) = 5,03 \% = 5,03 \text{ urp}$$

La carte génétique :



Exercices 6 :

On considère que le caractère « couleur des spores » est déterminé par un seul gène (= hypothèse de départ)

Deux allèles existent pour ce gène :

- l'allèle N détermine la couleur noire des spores,
- l'allèle B détermine la couleur blanche des spores.

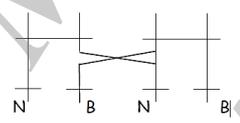
On a donc effectué le croisement suivant :

Souche à spores blanches x souches à spores noires

Phénotype [B] [N]

Génotype (B) (N)

On observe 6 asques différents dont on peut expliquer l'origine.

Type d'asque	Asque 4/4		Asque 2/4/2		Asque 2/2/2/2	
Asque	4N 4B	4B 4N	2B 4N 2B	2N 4B 2N	2B 2N 2B 2N	2N 2B 2N 2B
Origine	Séparation des allèles N et B lors de la Méiose I (pas de crossing-over)		En prophase de 1 ^{ère} division de méiose, il y a crossing-over entre 2 chromatides des chromosomes homologues.			
						

En nous basant sur l'hypothèse qu'un seul gène possédant deux allèles détermine la couleur de l'asque, nous avons donné une explication cohérente de la disposition des spores dans les différents asques ; notre hypothèse de départ peut être validée.

Exercices 7 :

Dans ce croisement, les asques renferment 4 spores de type sauvage et 4 spores de type mutant, ce qui illustre le résultat attendu d'une ségrégation 2/2 d'un couple d'allèles à la méiose. On peut considérer que le mutant à spores vertes diffère du type SSR pour un seul gène, dont les allèles seront notés V chez la SSR et v chez le mutant. Le diploïde est V/v et donne, à la méiose, 50 % de spores (V) et 50 % de spores (v).

NB : Il n'a pas été dit que le phénotype vert n'était gouverné que par un gène, car on peut imaginer que des mutations dans plusieurs gènes différents puissent donner le même phénotype vert ! Le mutant étudié est muté dans l'un (s'il y en a plusieurs) des gènes impliqués dans le phénotype vert. Une ségrégation 2/2 montre que deux souches croisées entre elles ne diffèrent, pour le phénotype étudié, que pour un seul gène, mais cela ne signifie nullement que le phénotype étudié ne dépend que de ce seul gène.

Cartographie par rapport au centromère. Les octades étant ordonnées, il est possible de distinguer les méioses pré-réduites, conduisant à deux demi-asques homogènes, des méioses post-réduites conduisant à deux demi-asques hétérogènes. On observe 40 asques pré-réduits et 70 asques post-réduits ; il convient de remarquer que les quatre types d'asques post-réduits équifréquents observables pour les octades ordonnées et orientées (avec bas et haut) se réduisent à trois, en absence d'orientations des asques (ni bas, ni haut). Mais alors les trois types d'asques ne sont plus équifréquents, l'un des trois types (où il y a alternance des couples de spores) est en fait un cas double correspondant à deux scénarios possibles et équifréquents de la méiose, donnant deux résultats différents s'il y a orientation, et le même en l'absence d'orientation (voir les figures pages 98-100). C'est ce qu'on remarque avec l'octade de type 2 dont l'effectif est environ le double de celui de chacun des deux autres.

La fréquence de post-réduction ($70/110 = 0,64$) n'est pas significativement différente de sa limite de 0,666 atteinte dès qu'il y a ségrégation indépendante entre le locus du gène et son centromère ; on peut donc conclure que les allèles du gène étudié se positionnent indépendamment du centromère et qu'on ne peut, dès lors, estimer la distance entre le locus du gène et le centromère.

NB : La cohérence veut qu'on vérifie la liaison au centromère avant d'estimer une distance. Il ne serait pas logique d'estimer une distance et de dire qu'il y a ségrégation indépendante parce qu'elle est égale à sa valeur limite 33,3 urp (demi-fréquence de post-réduction multipliée par 100). En effet, pour tous les locus ségrégant indépendamment du centromère, on aura 66 % de post-réduction, quelle que soit leur distance au centromère !

Le même genre de faute logique est fait quand, ayant étudié la méiose pour deux gènes et estimé une fréquence de gamètes recombinés égale à 50 %, on estime une « distance » de 50 urp pour conclure qu'il y a indépendance génétique. C'est même ici plus grave puisque les deux gènes peuvent être physiquement indépendants, ce qui rend absurde dans ce cas le concept de distance. On n'estime une distance qu'après avoir montré qu'il y a une liaison génétique et, donc, une liaison physique !

Exercices 1 :

1. Milieu de culture commun (milieu complet) pour les quatre souches :
Mélange de souches A+ B+ C-F D : eau + sels minéraux+ glucose + Valine + Thréonine + Biotine.
2. Milieu de culture pour chacune des quatre souches :
A : eau + sels minéraux + glucose + valine + Thréonine.
B : eau + sels minéraux + glucose + Biotine
C : eau + sels minéraux + glucose + Thréonine + Biotine
D : eau + sels minéraux + glucose + valine
3. Milieu sélectif pour A : eau + sels minéraux + glucose + valine + Thréonine + T1 (pour éliminer la souche D)

Exercice 2 :

1. Génotype pour chacune des souches :
Souche 1: Arg +, Thr+, Leu+, Pro+, Phe+, His+
Souche 2: Arg +, Thr-, Leu-, Pro+, Phe+, His+
Souche 3: Arg -, Thr+, Leu-, Pro+, Phe+, His+
Souche 4: Arg +, Thr+, Leu+, Pro+, Phe+, His-
Souche 5: Arg +, Thr+, Leu+, Pro-, Phe+, His+
Souche 6: Arg +, Thr-, Leu+, Pro+, Phe+, His+
2. Milieu de culture pour chacune des souches :
Souche 1 : eau + sels minéraux + glucose
Souche 2 : eau + sels minéraux + glucose + Thréonine + leucine
Souche 3 : eau + sels minéraux + glucose + Arginine + leucine
Souche 4 : eau + sels minéraux + glucose + Histidine
Souche 5 : eau + sels minéraux + glucose + Proline
Souche 6 : eau + sels minéraux + glucose + Thréonine

Exercice 3 :

1. Milieu de A : Milieu minéral + galactose ou glucose + alanine + arginine ;
Milieu de B Milieu minéral+ galactose ou maltose ou glucose + histidine ;
Milieu de C : Milieu minéral+ maltose ou glucose + histidine + alanine.
2. Milieu de culture commun : Milieu minéral + glucose + alanine + arginine + histidine.
3. Milieu sélectif de A : Milieu minéral + galactose ou glucose + alanine + arginine ;
Milieu sélectif de B : Milieu minéral + galactose ou maltose ou glucose + histidine ;
Milieu sélectif de C : Il n'y a pas de milieu sélectif pour la souche C

Exercice 4 :

1. Génotype : Arg-, lys-, Ser-
2. La colonie de la boîte 1 est le résultat d'une mutation Ser+
La colonie de la boîte 3 est le résultat d'une mutation Arg+

Exercice 5 :

1. La température corporelle de l'homme correspond à 37°C or la température optimale de développement de la bactérie en question ne dépasse pas les 20°C, elle serait donc détruite à la température de 37°C.
2. Génotype : Lac+ Sac- Mal+ B1- Leu- Val- Arg+ Amp^R
Milieu de culture : M.M+ glucose + B1 + leucine + valine
3. Non, la bactérie *Bacillus* n'est pas pathogène.

Exercice 6 :

1. Le génotype de la souche HFr est le suivant :

HFr : His+ Trp+ Gal+ Phe+ Lys+ Str^s Lac+ cys+

2. Milieu de conjugaison : Milieu minéral + glucose + histidine + tryptophane + phénylalanine + lysine + cystéine

3. F-: His- Trp- Gal- Phe- Lys- Str^R Lac- Cyc-

A : His+ Trp- Gal- Phe- Lys- Str^R Lac- Cyc- ; [His 36mn]

B : His- Trp- Gal- Phe- Lys+ Str^R Lac- Cyc- ; [Lys 55mn]

C : His- Trp- Gal+ Phe- Lys- Str^R Lac- Cyc- ; [Gal 18mn]

D : His- Trp+ Gal- Phe- Lys- Str^R Lac- Cyc- ; [Trp 36mn]

E : His- Trp- Gal- Phe+ Lys- Str^R Lac- Cyc- ; [Phe 48mn]

F : His- Trp- Gal- Phe- Lys- Str^R Lac- Cyc+ ; [Cys 68mn]

G : His- Trp- Gal- Phe- Lys- Str^R Lac+ Cyc- ; [Lac 10mn]



Exercice 7 :

1. Milieu de conjugaison : Milieu minéral + glucose + phénylalanine + cystéine + lysine + histidine

2. les bactéries recombinées sont :

lac⁺ Lys⁻ His⁻ Met⁻ Phe⁻ Str^R Cys⁻

Lac⁻ lys⁺ His⁻ Met⁻ Phe⁻ Str^R Cys⁻

bbb

Lac⁻ Lys⁻ His⁺ Met⁻ Phe⁻ Str^R Cys⁻

Lac⁻ Lys⁻ His⁻ Met⁺ Phe⁻ Str^R Cys⁻

Lac⁻ Lys⁻ His⁻ Met⁻ Phe⁺ Str^R Cys⁻

Lac⁻ Lys⁻ His⁻ Met⁻ Phe⁻ Str^S Cys⁻

Lac⁻ Lys⁻ His⁻ Met⁻ Phe⁻ Str^R Cys⁺

3. C'est la streptomycine.

4.



Exercice 8 :

1. Le choix le plus pertinent serait la souche Hfr3, car il est nécessaire d'isoler un maximum de recombinants pour établir une carte factorielle, dans ce cas, 5 recombinants sur 6, on peut localiser leurs gènes avec précision sur la carte chromosomique.

2. F⁻: Gal⁻ T1R Thr⁻ Arg⁻ Str^s

Milieu de conjugaison : Milieu minéral + glucose + thréonine + arginine + serine

3.

- F-R Gal⁺ : Gal⁺ T1R Thr⁻ Arg⁻ Ser⁻ Str^s

Milieu minéral + galactose + thréonine + arginine + serine + phage T1

- F-R T1s: Gal⁻ T1s Thr⁻ Arg⁻ Ser⁻ Str^s

Milieu minéral + glucose + thréonine + arginine + serine

- F-R Thr⁺: Gal⁻ T1R Thr⁺, Arg⁻ Ser⁻ Str^s

Milieu minéral + glucose + arginine + serine + phage T1

- F-R Arg⁺ : Gal- TIR Thr- Arg⁺ Ser- Strs
Milieu minéral + glucose + thréonine + serine + phage T1
- F-R Ser⁺ : Gal- TIR Thr- Arg- Ser- - Strs
Milieu minéral + glucose + thréonine + arginine + phage T1
- F-R Str^R : Gal- TIR Thr⁺, Arg- Ser- Str^R
Milieu minéral + glucose + thréonine + arginine + serine + phage T1 + streptomycine

Exercice 9 :

Le phénomène de conjugaison permet le transfert du génome des bactéries donatrices (Hfr) à l'intérieur des bactéries réceptrices (F). Cette expérience est réalisée en mélangeant les souches Hfr et F- et en interrompant la conjugaison à différents moments (de 10 mn à 80 mn). Les gènes de chaque souche Hfr pénètrent dans le génome de la F- selon leur ordre de succession, et en fonction de la position sur le chromosome bactérien. On a donc :

Séquence des gènes dans Hfr1 : A+ C+ B+ D+
Séquence des gènes dans Hfr2 : C+ D+ B+ A+
Séquence des gènes dans Hfr3 : D+ B+ A+ C+

Exercice 10 :

Pour avoir une transduction pour les gènes Leu⁺ Ara⁺, il faut nécessairement recombinant qui pousse sur des milieux de sélection différents alors on va avoir :

$$\begin{aligned}\text{Le pourcentage standard de recombinaison} &= \frac{\text{nombre de recombinons leu+Ara-}}{\text{nombre de recombinons leu+Ara+}} \times 100 \\ &= (270-148/270) \times 100 = 45\%\end{aligned}$$

Exercice 11 :

Pourcentage de recombinaison = (Nombre de colonies recombinées / Nombre total de colonies) x 100

Pourcentage de recombinaison = (10/195) x 100 = 5,12 %

Exercice 12 :

On réalise un classement des fréquences de recombinaison par ordre décroissant. Alors on obtient la position des gènes l'un par rapport à l'autre, ainsi nous avons : 0,19 < 0,263 < 0,45 et donc première position est pour le gène His, ensuite nous aurons le gène Try en deuxième position suivie par l'Ind et enfin l'Ala.

Exercice 13 :

La conjugaison intéresse les bactéries Hfr comme le colibacille. Le fait que le gène X soit transmis et que le gène Z ne le soit que rarement, montre que le chromosome bactérien doit se rompre toujours au même endroit, ce qui est normal pour une souche Hfr donnée sachant que le pont de conjugaison est fragile et qu'il se rompt facilement. La transduction, mécanisme très

différent, implique un intermédiaire, le phage. Ainsi, après lyse des bactéries, les phages transportent des sections du chromosome bactérien. Tous les fragments résultant de cette lyse ont la même probabilité d'être capturés par les phages. Cette capture implique un mécanisme très différent de celui de la conjugaison bactérienne et conduit donc à des résultats différents.

Exercice 14 :

Cette expérience consiste en un transfert d'ADN par conjugaison (passage du matériel génétique d'une bactérie (donatrice) vers une bactérie (réceptrice) après contact étroit.

*Il existe des souches qui transmettent leur ADN avec une fréquence de recombinaison élevée : ce sont des souches **Hfr** (haute fréquence de recombinaison). Les souches Hfr possèdent des pili sexuels. Les bactéries réceptrices sont en général F-.*

Les expériences de conjugaison interrompue permettent d'établir la carte génétique de la bactérie.

Principe : On réalise un croisement (conjugaison) entre une souche bactérienne :

Hfr : StrS a+ b+ c+ d +... et une souche F- : Strr a- b- c- d-

On prélève des échantillons à des intervalles de temps déterminés. L'agitation violente du milieu permet d'interrompre le transfert génétique entre les deux souches (donatrice et réceptrice).

Chaque échantillon est mis en culture dans un milieu spécifique appelé milieu de criblage (sélection). Un milieu de criblage est un milieu qui permet la sélection des recombinants ou trans-conjugants (réceptrice ayant reçu du matériel génétique de la donatrice).

Les échantillons sont placés sur 5 milieux différents, supplémentés chacun avec des mélanges de substances différentes :

Un milieu sans A, mais avec B, C et D permet la croissance des cellules qui auront intégré le gène a+.

Un milieu sans B, mais avec A, C et D permet la croissance des cellules ayant intégré le gène b+.

Le chromosome Hfr est transféré à la cellule F- d'une manière linéaire, commençant en un point spécifique pour chaque souche, l'origine O. Plus un gène est éloigné de O plus il est tardivement transféré à F-.

Ceci permet l'établissement de cartes de liaison, utilisant comme mesure de la distance entre les gènes le temps de pénétration

Dans notre expérience nous avons travaillé avec les souches ci-dessous :

Hfr : (T+ L+), (T1s), (Lac+), (Gal+), et (Strs) : Donatrice

F- : (T- L-), (T1r), (Lac-), (Gal-), et (Strr) : Réceptrice

Nous avons défini les recombinants comme étant des réceptrices ayant reçu du matériel génétique de la donatrice. Par conséquent, les génotypes des recombinants vont correspondre à celui de la réceptrice avec l'acquisition d'un ou de plusieurs caractères de la donatrice.

- Après 10 minutes de contact entre la donatrice et la réceptrice, la réceptrice a reçu les gènes (T+L+)
- Après 15 min : elle a reçu les gènes (T+L+) et le gène (T1s)
- Après 20 min : elle a reçu les gènes (T+L+), le gène (T1s) et le gène (Lac+)
- Après 28 min : elle a reçu les gènes (T+L+), le gène (T1s), le gène (Lac+) et le gène (Gal+)

L'ordre des gènes est le suivant :



Notez qu'on peut par ailleurs, estimer la distance entre les gènes par les temps nécessaires à leur passage dans la réceptrice.

Exercices 1 :

Sur 125 élèves, 88 goûtent le PTC et 37 ne le goûtent pas.

$$p + q = 1,00$$

Élabore une stratégie

Étape 1 Détermine la fréquence des non-goûteurs dans la classe.

Étape 2 Calcule q à partir de la fréquence des non-goûteurs.

Utilise $p + q = 1,00$ pour calculer p en utilisant la valeur de q que tu as calculée.

Étape 3

Pour connaître le nombre de goûteurs homozygotes et de goûteurs hétérozygotes, calcule les valeurs de p^2 et de $2pq$. Utilise ces valeurs pour établir le nombre d'élèves dans ces catégories.

Étape 4 Compare la somme des goûteurs hétérozygotes et des goûteurs homozygotes au nombre 88 donné dans l'énoncé du problème.

Étape 1

$$\text{Fréquence des non-goûteurs} = 37/125 = 0,296$$

Étape 2

$$q^2 = 0,296$$

$$q = \sqrt{0,296}$$

$$q = 0,544$$

Étape 3

$$p + q = 1,00$$

$$p = 1,00 - q$$

$$p = 1,00 - 0,544$$

$$p = 0,456$$

Étape 4

$$p^2 = 0,456^2$$

$$p^2 = 0,2079$$

$$2pq = 2(0,456)(0,544)$$

$$2pq = 0,496$$

Le nombre de goûteurs homozygotes est $0,2079 \times 125 = 25,987$ ou environ 26.

Le nombre de goûteurs hétérozygotes est $0,496 \times 125 = 62$.

Étape 5

Le nombre total de goûteurs est $26 + 62 = 88$.

Vérifie ta solution

$$37 \text{ élèves} + 62 \text{ élèves} + 26 \text{ élèves} = 125 \text{ élèves}$$

$$125 \text{ élèves} = 125 \text{ élèves}$$

Ou

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1,00$$

$$(0,456)(0,456) + 2(0,456)(0,544) + 0,296 = 1,00$$

Exercice : 2

1- Calcul des fréquences p et q des allèles M et N :

$$p = (22 + 1/2 \times 216) / 730 = 0,178 \text{ pour l'allèle M}$$

$$q = 492 + 1/2 \times 216) / 730 = 0,822 \text{ pour l'allèle N.}$$

2- Calcul des effectifs théoriques attendus des différentes catégories génotypiques :

$$MM = p^2 \times 730 = (0,178)^2 \times 730 = 23,1$$

$$MN = 2pq \times 730 = (2 \times 0,178 \times 0,822) \times 730 = 213,6$$

$$NN = q^2 \times 730 = (0,822)^2 \times 730 = 493,2$$

Exercice : 3**Ce qu'on te demande**

Détermine les valeurs de p et de q qui représentent la fréquence de chaque allèle dans la population.

Détermine les valeurs de p^2 , de $2pq$ et de q^2 qui représentent les fréquences des génotypes dans la population.

Les données

La fréquence des souris blanches dans la population est de 25,0 sur 100,0 ou 250,00,1000,25=.

Cette fréquence du génotype récessif dans la population est représentée par q^2 .

$$p + q = 1,00$$

Élabore une stratégie

Étape 1 Détermine la valeur de q^2 .

Étape 2 Utilise la racine carrée de la valeur de q^2 pour calculer la valeur de q .

Étape 3 Soustrais q de 1,00 pour calculer la valeur de p .

Étape 4 Calcule les valeurs de p^2 , de $2pq$ et de q^2 .

Résous le problème**Étape 1**

$$q^2 = 0,250$$

Étape 2

$$q = \sqrt{0,250}$$

$$q = 0,500$$

Étape 3

$$p + q = 1,00$$

$$p = 1,00 - q$$

$$p = 1,00 - 0,500$$

$$p = 0,50$$

Étape 4

$$p^2 = (0,50)^2 = 0,25$$

$$2pq + 2(0,50)(0,50) = 0,50$$

$$q^2 = (0,50)^2 = 0,250$$

La fréquence de l'allèle du pelage blanc est de 0,50.

La fréquence de l'allèle du pelage coloré est de 0,50.

La fréquence des spécimens homozygotes dominants est de 0,25.

La fréquence des spécimens hétérozygotes est de 0,50.

La fréquence des spécimens homozygotes récessifs est de 0,25.

Vérifie ta solution

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1,00$$

$$0,25 + 0,50 + 0,250 = 1,00$$

$$1,00 = 1,00$$

Exercice : 4

$$\text{Fréquence} = 1/10000 = 0,0001$$

$$q^2 = 0,0001$$

$$q = \sqrt{0,0001} = 0,01$$

$$p + q = 1,00$$

$$p = 1,00 - q$$

$$p = 1,00 - 0,01$$

$$p = 0,99$$

$$2pq = 2(0,01)(0,99) = 0,0198 \text{ ou } 1,98 \%$$

On peut s'attendre à ce que 2 %, arrondi au nombre approprié de chiffres significatifs, de la population blanche de l'Amérique du Nord soit hétérozygote pour l'allèle de la phénylcétonurie.

Vérifie ta solution

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1,00$$

$$(0,99)(0,99) + 2(0,01)(0,99) + 0,0001 = 1,00$$

$$1,00 = 1,00$$

Exercice : 5

1) On doit de calculer les fréquences de Ace^R et Ace^S . Peut-il le faire ?

$Ace^R Ace^R$	$Ace^R Ace^S$	$Ace^S Ace^S$
[R]	[S]	
66	350	

Total = 416

On se retrouve dans le cas de dominance, alors on doit supposer que la population est à l'équilibre d'HW pour estimer les fréquences alléliques.

Hypothèse : est-ce que la population est à l'équilibre d'HW ; $f(Ace^R)=p$ et $f(Ace^S)=q$
(f : fréquence)

$Ace^R Ace^R$	$Ace^R Ace^S$	$Ace^S Ace^S$
p^2	$2pq$	q^2
[R]	[S]	
66	350	

Total = 416

$$p^2 = \frac{66}{416} = 0,158 \text{ donc } p = \sqrt{0,158} = 0,4$$

$$p = 1 - 0,4 = 0,6$$

2) Par la suite, on doit tester si cette souche est en équilibre de HW à ce locus. Peut-il réaliser ce test ?

Il ne peut tester l'équilibre supposé au départ, car les données ne contiennent pas assez d'information. Cela se traduit par le fait qu'il n'y a plus de degré de liberté pour effectuer un test χ^2

Exercice : 6

1.

N=1000 individus dont
 300 sont du groupe A.
 150 sont du groupe AB
 550 sont du groupe O

Fréquences des allèles Soit :

p = Fréquence de l'allèle IA

q = Fréquence de l'allèle IB

r = Fréquence de l'allèle io

$p+q+r=1$

Phénotype	A		AB	O
Génotypes	IA/IA	IA/io	IA/IB	io/io
Fréquences	P^2	$2pr$	pq	r^2

$p^2+2pq+r = 1$

$(p+r)^2 = \text{fréquence A} + \text{Fréquence O}$

$p+r = \sqrt{\text{fréquence A} + \text{Fréquence O}}$

$p = \sqrt{\text{fréquence A} + \text{Fréquence O}} - r$

Fréquence O = r^2

$r = \sqrt{\text{Fréquence O}} = \sqrt{550/10000} = 0,7$

$r=0,7$

$p = \sqrt{\text{fréquence A} + \text{Fréquence O}} - r$

Fréquence A = $300/1000 = 0,3$

Fréquence O = $55/1000 = 0,55$

$p = \sqrt{0,3 + 0,55} - 0,7 = 0,2$

$p=0,2$

$p+q+r=1$

$q=0,1$

Fréquence de l'allèle IA = 0,2

Fréquence de l'allèle IB = 0,1

Fréquence de l'allèle io = 0,7

2.

Gamètes	p(IA/)	q(IB/)
p (Ia)	p^2 (IA/IA)	pq (IA/IB)
q(Ib)	pq (IA/IB)	q^2 (IB/IB)

La probabilité pour qu'un couple de groupe AB ait un enfant de groupe A = $2pq \times 2pq \times 1/4$
($1/4$ correspond à la probabilité pour que du groupe A)

$$2pq = 2(0,2)(0,1) = 0,04$$

$$P = (0,04) \times (0,04) \times 0,25 = 0,0004$$

Exercice : 7

La mucoviscidose est une tare autosomique récessive qui apparaît avec une fréquence de $1/200$. Cette valeur représente la fréquence des individus homozygotes récessifs atteints de cette maladie.

Soit p , la fréquence de l'allèle sain et q , la fréquence de l'allèle donnant la maladie.

$$p + q = 1$$

p^2 correspond à la fréquence des individus homozygotes sains :

$2pq$ correspond à la fréquence des individus hétérozygotes :

q^2 correspond à la fréquence des individus malades = $1/2200$

$$q^2 = 1/2200$$

$$q = \sqrt{1/2200}$$

$$q = 0,02$$

$$p + q = 1$$

$$p = 0,98$$

Les individus hétérozygotes apparaissent avec une fréquence de $2pq$. Nous avons donc $(0,98)(0,02) \times 100$ soit, 3,92 % de la population qui portent la mucoviscidose et donc la transmettent, mais qui sont de phénotype normal.

Exercice : 8

Fréquence des individus malades = $q^2 = 1/3600$

$$q = \sqrt{1/3600}$$

$$q = 0,017$$

$$P = 1$$

$$p = 0,983$$

Fréquence des individus hétérozygotes = $2pq$

Fréquence des individus hétérozygotes = $2(0,983)(0,017) = 0,0334$

Le risque d'avoir un enfant malade de parents hétérozygotes est :

$$R = 2pq \times 2pq \times 1/4$$

$$R = 2,8 \cdot 10^{-4}$$

Le risque pour ce couple, d'avoir un enfant atteint de la maladie de Tay Sachs est de $1/3600$.

Le calcul est le suivant :

2,8 chances pour 1 0000

1 chance pour x

$$x = 3600$$

Exercice : 9

La fréquence des hommes daltoniens de génotype $X^dY = 7/130$

Comme il n'y a qu'un chromosome X et donc un seul allèle, la fréquence génotypique représente aussi la fréquence de l'allèle d qui est égale à q.

$q = 7/130$

$q = 0.053$

$p + q = 1$

$p = 0.946$

Fréquence des hommes daltoniens = $q = 0,053$

Fréquence des hommes à vision normale = $p = 0,946$

Fréquence des femmes daltoniennes = $q^2 = (0,053)^2 = 0,002$

Fréquence des femmes homozygotes à vision normale = $p^2 = (0,946)^2 = 0,89$

Fréquence des femmes hétérozygotes à vision normale = $2pq = 2 (0,053) (0,946) = 0,1$

Exercice : 10

Un gène diallélique et la dominance dépendante du sexe

$\text{♂ } C > c \quad \text{♀ } c > C$

♂	[Court] 120		[Long] 210	Total = 330
	CC p^2	Cc $2pq$	CC q^2	
♀	[Court]	[Long]		

Si la population est équilibrée selon HW pour ce gène, on va avoir :

$q^2 = 210/330 = 0,64$ donc : $f(c) = q = 0,8$ et $f(C) = p = 1 - q = 0,2$

Alors fréquence des femelles avec phénotype court $CC = p^2 = (0,2)^2 = 0,04 = 4\%$

Fréquence des femelles avec phénotype long $Cc + cc = 2pq + q^2 = (2 \times 0,8 \times 0,2) + 0,8^2 = 0,96 = 96\%$

Exercice : 11

1. Total des individus = 102

3 plants R//R → 6 allèles R

44 plants R//B → 44 allèles R + 44 allèles B

55 plants R//R → 110 allèles B

Fréquence de l'allèle R = $p = 6 + 44 / 204 = 0,25$

Fréquence de l'allèle B = $q = 110 + 44 / 204 = 0,75$

2. Calculons les fréquences attendues

Génotypes	Fréquences attendues
(R/R)	$P^2 \times 102 = 6,375$
(R/B)	$2pq \times 102 = 38,25$
(B/B)	$q^2 \times 102 = 57,375$

Calculons le χ^2

$$\chi^2 = \sum (\text{effectifs observés} - \text{effectifs théoriques})^2 / \text{effectifs théoriques}$$

$$\chi^2 = (3-6)^2/6 + (4438)^2/38 + (55-58)^2/58$$

$$\chi^2 = 1,5 + 0,864 + 0,082 = 2,446$$

Le χ^2 calculé est égal à 2,446, il est inférieur à celui de la table = 5,99 à la probabilité de 0,05 et au degré de liberté = 3 - 1 = 2. La population est en équilibre.

Exercice : 12

- $(A//A) = p^2 = 0,81$
 $(A//a) = 2pq = 0,18$
 $(a//a) = q^2 = 0,01$
 $q^2 = 0,01$
 $q = \sqrt{0,01} = 0,1$
 $p+q=1$
 $p = 0,9$
- $(A//A) = p^2 = (0,9)^2 = 0,81$ $(A//a) = 2pq = 2(0,1)(0,9) = 0,18$ $(a//a) = q^2 = (0,1)^2 = 0,01$
 La population est en équilibre
- $2pq \times 2pq = 4 p^2$ ce = $4(0,9)^2 \times (0,1)^2 = 0,03$ soit 3,24 %

Exercice : 13

Soit p la fréquence de l'allèle D sain et q la fréquence de l'allèle d provoquant le daltonisme.

$$p+q=1$$

$$(X^d, Y) = 10\% = q$$

$$q = 10\% = 0,1$$

$$p = 0,9$$

Les femmes porteuses sont de génotypes $(X^D//X^d)$ et correspondent à une fréquence de $2pq = 0,18$. Les femmes conductrices correspondent à un pourcentage = 18 %.

Exercice : 14

$$q^2 = \text{fréquence des individus } (a//a) = 490/1\,000 = 0,49$$

$$q^2 = 0,49$$

$$q = \sqrt{0,49} = 0,7$$

$$q = 0,7$$

$$p + q = 1$$

$$p = 0,3$$

$$\text{Fréquence des individus (A//A)} = p^2 = (0,3)^2 = 0,09$$

$$\text{Fréquence des individus (A//a)} = 2pq = 2 (0,3) (0,7) = 0,42$$

$$\text{Nombre d'individus (A//A)} = \text{Nombre total d'individu} \times p^2 = 1\,000 \times 0,09 = 90$$

$$\text{Nombre d'individus (A//a)} = \text{Nombre total d'individu} \times 2pq = 1\,000 \times 0,42 = 420$$

Exercice 1 :

Lyse des cellules par le détergent (SDS) en présence de soude (pH 13) dénaturant l'ADN total (plasmide + Chromosome).

- Neutralisation rapide par addition de l'acétate de potassium (pH 5,5) : L'ADN plasmidique se renature tandis que l'ADN chromosomique précipite.
- Concentration de l'ADN plasmidique par précipitation à l'alcool et récupération de l'ADN par centrifugation.
- Suspension de l'ADN plasmidique dans le tampon TE ou l'eau pure.
- Elimination des ARN par les RNases (hydrolyse sélective des ARN/ ADN reste intact).

Exercice 2 :

1. Protocole de clonage

- Préparation de l'insert : Extraction d'ADN génomique de la bactérie. Digestion partielle de cet ADN par l'enzyme de restriction Eco RI, de manière à générer des fragments de 5 à 10 kb. Electrophorèse préparative pour purifier sur gel les fragments de 5 à 10 kb.

- Préparation du vecteur : Digestion complète de pBR330 par Eco RI. Déphosphorylation des extrémités.

- Clonage : ligation des inserts et des vecteurs. Transformation de cellules d'E. coli. Recommencer les étapes précédentes jusqu'à avoir 10×10^6 colonies transformées indépendantes.

- Sélection : sélection des colonies transformées sur milieu contenant de la streptomycine. Pour estimer le taux de colonies qui ont reçu un plasmide contenant de l'ADN génomique de la bactérie étudiée, repiquage d'environ 500 colonies sur milieu contenant de l'ampicilline : seule les colonies qui ont reçu un plasmide ne contenant pas d'ADN génomique de la bactérie étudiée poussent.

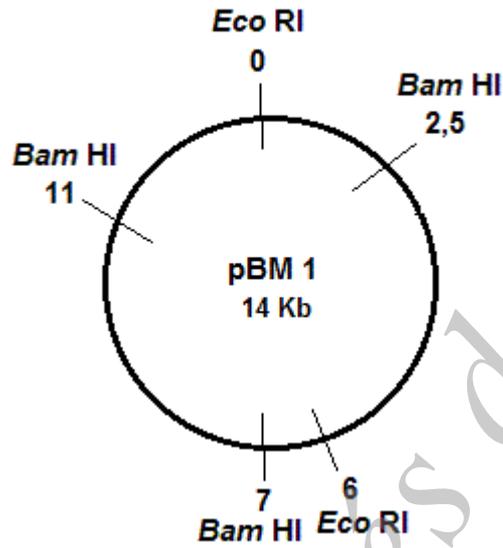
- Sélection des clones contenant le gène d'intérêt : transfert des 10×10^6 colonies sur filtre et hybridation moléculaire avec une sonde appropriée (technique dite de 'hybridation sur colonies')

2. Carte de restriction.

Une carte de restriction (= physique, à ne pas confondre avec une carte génétique) est une représentation graphique de la localisation des sites reconnus par les principales enzymes de restriction sur une molécule d'ADN. A l'aide de la carte, il devient facile de connaître la taille des fragments d'ADN libérés par digestion par une ou plusieurs enzymes.

Rappel :

Un polylinker est une courte séquence portant un grand nombre de site de restriction uniques sur l'ensemble du plasmide et qui permettent d'insérer plus facilement un ADN d'intérêt qu'on appelle insert. Le polylinker sert pour les manipulations de génie génétique. Présentant un polylinker, Un plasmide ou un ADN de bactériophage devient un vecteur de clonage dans lequel on peut insérer un ADN étranger.

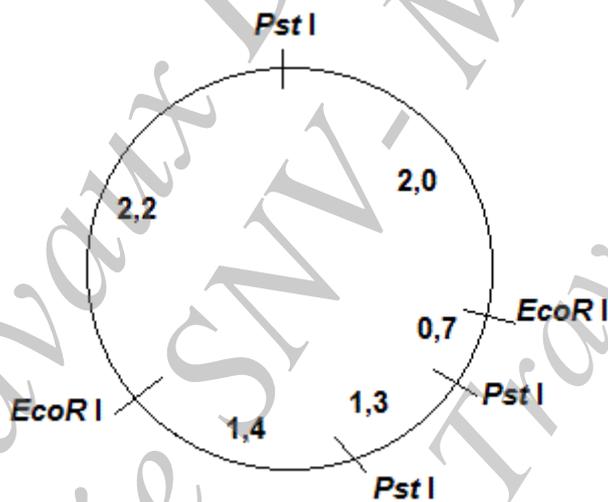


Exercice 3 :

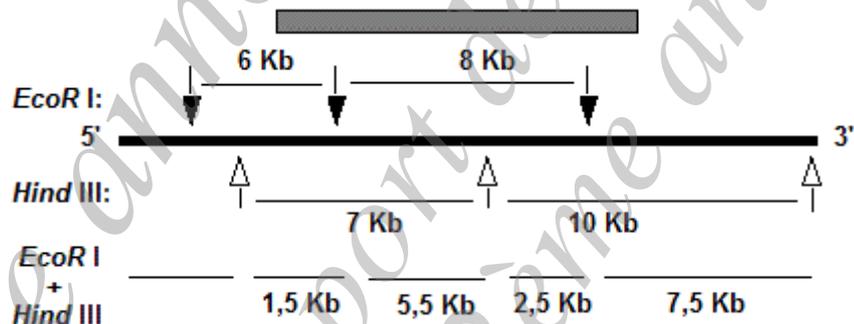
EcoR I (2 coupures): $4,2 + 3,4 = 7,6$

Pst I (3 coupures): $3,6 + 2,7 + 1,3 = 7,6$

EcoR I + *Pst* I (5 coupures): $2,2 + 2,0 + 1,4 + 1,3 + 0,7 = 7,6$

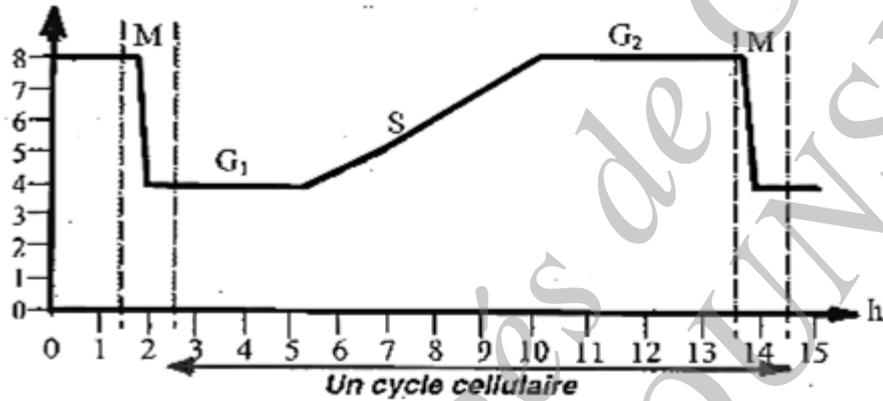


Exercice 4 :



Exercices 1 :

1. Quantité d'ADN



2. la première mitose a débuté à 1h45 et se termine à 2h45

3. le cycle cellulaire regroupe une interphase (2h45 à 13h45) et une mitose (13h45 à 14h45), donc 11h+1h=12h

Exercice 2

1. Les acides nucléiques ont une longueur d'onde d'absorbance de **260** nanomètres (nm) en raison des nucléobases dont ils sont constitués. ... Le rapport d'absorbance **260 nm** vs **280 nm** est donc utilisé dans la quantification des acides nucléiques. Il est utilisé pour déterminer si les acides nucléiques sont contaminés par des protéines

2. 01 unité → 50 µg/ml
 0,901 unité → X µg/ml

a = 45,05 µg/ml b = 27,85 µg/ml c = 43,25 µg/ml

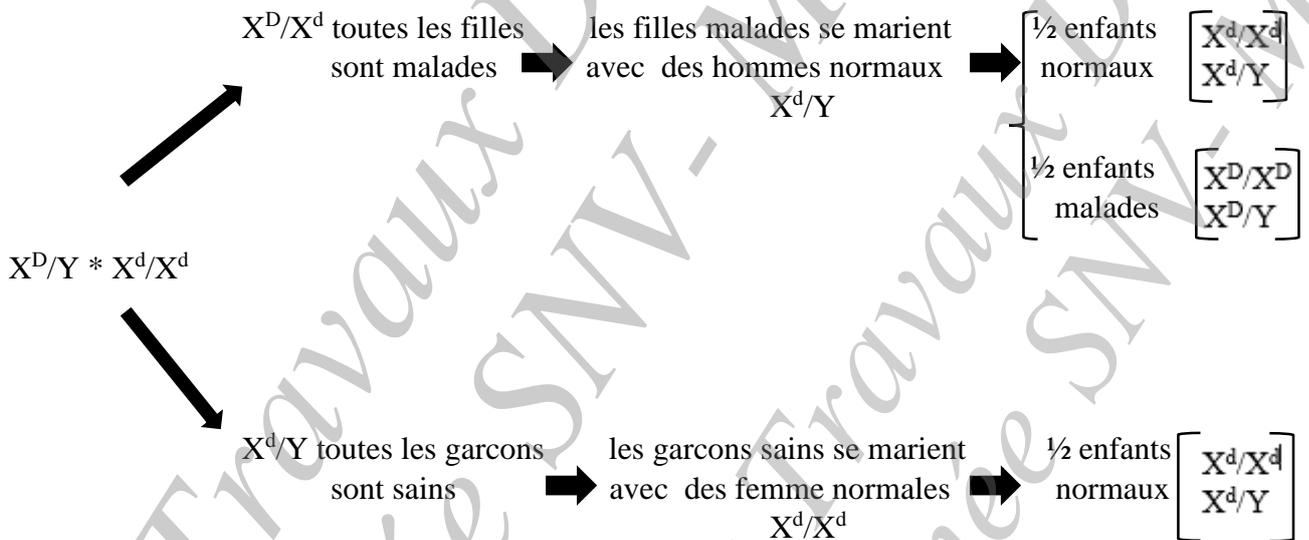
Exercices 1 :

Réponse : AD

- A) Vrai, alors que l'hétérochromatine ne change pas d'état de condensation.
- B) Faux, elle est non codante, et donc ne contient pas ou peu de gènes. On la retrouve dans les constriction secondaires, les régions centromériques, les télomères et satellites ou encore le bras long du chromosome Y.
- C) Faux, c'est pour l'hétérochromatine ! L'euchromatine a un rôle de codage des gènes.
- D) Vrai, le corpuscule de Barr est le deuxième chromosome X inactivé
- E) Faux

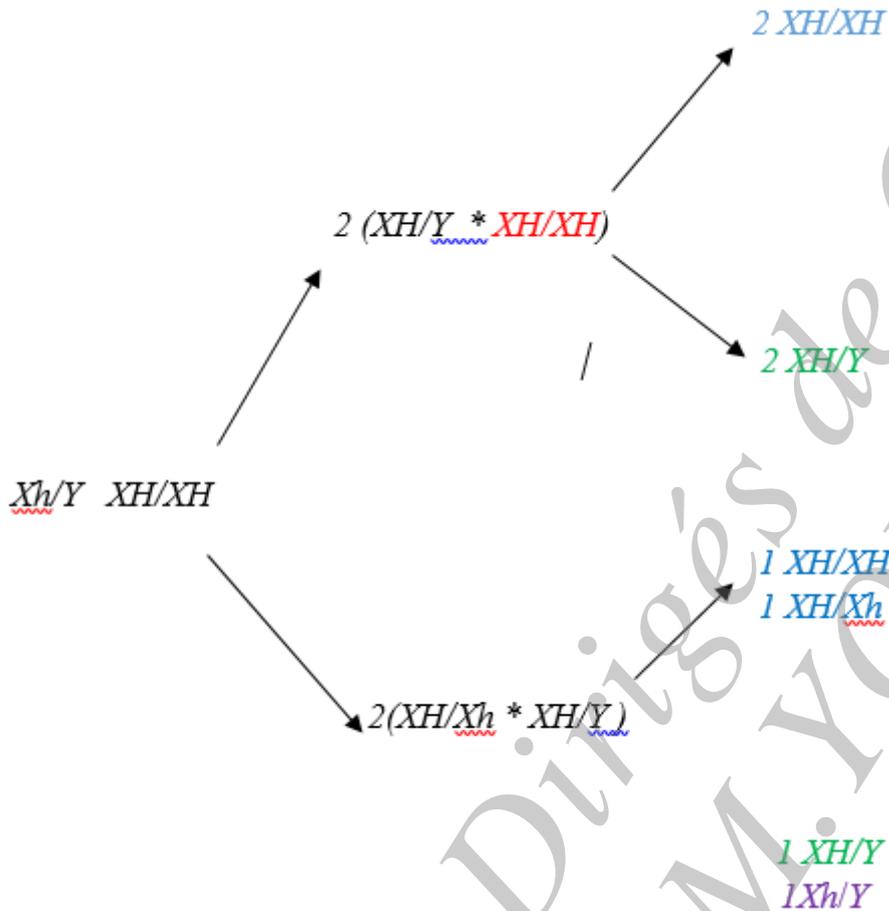
Exercice 2 :

Il s'agit d'une maladie dominante liée à X. l'homme transmet le caractère uniquement aux filles, car il ne peut transmettre le chromosome X aux garçons. Les fils de l'homme (a) qui sont tous normaux, ne portent que l'allèle normal dominant qu'ils transmettent à toutes les filles qui sont par conséquent toutes normales. Les filles de l'homme (a) sont hétérozygotes elles auront des filles et des garçons normaux, des garçons et filles malades, car le X portant l'allèle de la maladie est transmis aussi bien aux filles qu'aux garçons.



Exercice 3 :

D'après le diagramme ci-dessus un garçon sur 4 sera malade parmi les petits fils, c'est-à-dire, 25%.



Exercice 4 :

1. Un gène holandrique est porte par le chromosome Y, il est donc transmis à tous les garçons, mais jamais aux filles. 100% des hommes de la descendance auront des oreilles poilues.
2. Aucune femme n'aura les oreilles poilues, car elles ne reçoivent pas le chromosome Y du père.

Exercice 5 :

1. La mère de l'époux hémophile est XH/Xh
2. La probabilité que le premier enfant de ce mariage soit hémophile est de $1/3$.
3. Aucune fille hémophile, 0%
4. $2/3$.

Références

- Angelika Amon, A. B. (2014). *Biologie moléculaire de la cellule. de boeck.*
- Anthony Griffiths, S. W. (2010). *Introduction à l'analyse génétique. bruxelles: de boeck.*
- Benmohamed, A. (s.d.). *Series d'exercices génétique.*
- Callen, J.-C. (2005). *Biologie cellulaire. Paris: Dunod.*
- COGET, J. (2010). *LE GÉNÉTIQUE MENDÉLIENNE. CUEEP - UNIVERSITE LILLE 1 SCIENCES ET TECHNOLOGIES.*
- fatima, A. k. (2006). *exercices et problèmes de génétique. OPU.*
- Georges Marchoux, P. G. (2008). *Virus des Solanacées - Du génome viral à la protection des cultures . Quae.*
- Gontier, J. (2003). *Exercices corrigés et commentés de Génétique. Ellipses.*
- Houali. (2014). *Biologie moléculaire exercices. OPU.*
- Lahcene, H. e. (2016). *Génétique tome 2 exercices d'application 2eme edition. OPU.*
- Marc Thiry, P. R. (2019). *Biologie cellulaire - Exercices et méthodes - 2e éd. Dunod.*
- moulessehoul, S. (2016). *Biologie et génétique. OPU.*
- P.C. Winter, G. H. (2002,2006). *L'essentiel en Génétique. Paris: Berti.*
- Paul berg, M. s. (1993). *Comprendre et maitriser les gènes. Paris: Vigot.*
- Pierce, B. (2012). *L'essentiel de la génétique. Paris: de boeck.*
- Sean B Carroll, J. D. (2013). *Introduction à l'analyse génétique. deboeck .*
- Séguin, C. (2007). *Biologie moléculaire - Génétique moléculaire. Québec.*
- Serre, J.-L. (2006). *Génétique des populations. Sciences Sup, Dunod.*
- serre, J.-L. (2006). *Génétique rappels de cours et exercices . Dunod.*
- Swynghedauw, B. (2008). *Aide-mémoire de biologie et génétique moléculaire - 3ème édition. Dunod.*
- William Klug, M. C. (2010). *Génétique. Paris: Pearson.*