DM de GENETIQUE – Sujet + CORRECTION

Exercice 1 :

Chez la Souris, comme chez tous les organismes à reproduction sexuée, la diversité génétique s'explique par le brassage génétique ayant lieu lors de la reproduction sexuée. On considère ici 4 caractères phénotypiques de la souris (appelés [A], [B], [F] et [D]) ; des croisements sont réalisés pour mettre en évidence ce brassage.
Deux étudiants analysent ces croisements. Ils s'accordent sur le fait qu'il y a bien eu brassage génétique entre les deux gènes lors de ces deux croisements, mais leurs avis diffèrent concernant les mécanismes mis en jeu pour ce brassage. Le premier étudiant affirme qu'il y a eu à chaque fois uniquement un brassage interchromosomique, l'autre affirme qu'un brassage intrachromosomique a eu lieu, en plus, dans l'un des croisements.

Exploitez les résultats expérimentaux proposés dans le document afin de :
- justifier le fait qu'il y a bien eu brassage génétique dans les deux croisements
- préciser quel étudiant a finalement raison, en argumentant la réponse.

Aucun schéma explicatif n'est attendu.

Document : Résultats de 2 croisements-tests réalisés entre un individu F1 hétérozygote et un parent double récessif

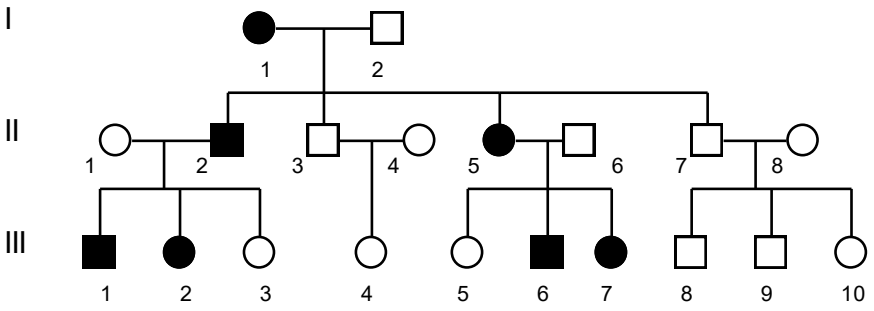
Phénotypes des parents	Allèles de chaque gène	Résultats (nombre d'individus par phénotype)
Croisement 1: F1 [AB] x Parent double récessif [ab]	Gène A : allèle (A) dominant allèle (a) récessif Gène B : allèle (B) dominant allèle (b) récessif	[AB]: 442 [ab]: 437 [Ab]: 64 [aB]: 59
Croisement 2: F1 [FD] x Parent double récessif [fd]	Gène F : allèle (F) dominant allèle (f) récessif Gène D : allèle (D) dominant allèle (d) récessif	[FD]: 492 [fd]: 509 [Fd]: 515 [fD]: 487

Exercice 2 :

Evaluation d'un risque en génétique

L'otospongiose est une maladie qui affecte l'oreille et provoque une surdité par ankylose de l'étrier (osselet de l'oreille moyenne).

Le mode de transmission de cette maladie héréditaire peut être analysé à partir de la généalogie présentée ci-dessous.



1 Quel est le mode de transmission de cette maladie (dominant ou récessif). Justifiez votre choix ?

2 Le gène responsable de cette maladie est-il lié au sexe ou porté par un autosome ? Envisagez les deux éventualités.

3 Si la femme III2 et l'homme III6 se marient, quelle est la probabilité pour ce couple de donner naissance à un enfant atteint d'otospongiose ?

CORRECTION / barème

Exercice 1 :

Souris, 4 phénotypes [A] [B] [F] [D].
2 étudiants ont chacun leur hypothèse :
Etudiant 1 : seulement du brassage interchromosomique – sous-entend que les gènes sont indépendants.
Etudiant 2 : brassage intrachromosomique en plus du brassage interchromosomique – sous-entend que les gènes sont liés.
On cherche à savoir quels sont les brassages qui ont eu lieu et donc déterminer la/les hypothèse(s) validée(s).

Etude du croisement 1 :

Caractères concernés : [A] et [B]
La F1 est [AB] et on sait qu'il est hétérozygote ce qui permet de déterminer les relations de dominance et récessivité :
Gène codant [A] : dominant (A) et récessif (a)
Gène codant [B] : dominant (B) et récessif (b)

Donné dans le sujet

Partons de l'hypothèse 1 en admettant que les gènes sont indépendants.
Dans ce cas, croisement : F1 x parent double récessif [ab] (a//a b//b) ➔ croisement test. Donc les phénotypes obtenus en F2 traduiront les génotypes des gamètes produits par F1 et révéleront les croisements qui ont eu lieu.

Gamètes gamètes F1 / Parent double récessif	(A/ B/)	(a/ b/)	(A/ b/)	(a/ B/)
(a/ b/)	(A//a B//a)	(a//a b//b)	(A//a b//b)	(a//a B//b)
Phénotype F2	[AB]	[ab]	[Ab]	[aB]
Résultats obtenus dans le croisement	442 44%	437 43%	64 6%	59 6%
	Phénotypes parentaux		Phénotypes recombinés	

Les résultats ne sont pas équiprobables, ce qui réfute l'hypothèse des gènes indépendants.
Ici nous avons une majorité de phénotypes parentaux et une minorité de phénotypes recombinés ce qui traduit un phénomène rare de recombinaison ; le crossing-over. Les gènes sont liés, portés par le même chromosome.
Ainsi, pour ce croisement 1 il existe donc un brassage intrachromosomique, ce qui donne raison à l'étudiant 2.

Etude du croisement 2 :

Caractères concernés : [F] et [D]
La F1 est [FD] et on sait qu'il est hétérozygote ce qui permet de déterminer les relations de dominance et récessivité :
Gène codant [F] : dominant (F) et récessif (f)
Gène codant [D] : dominant (D) et récessif (d)

Donné dans le sujet

Partons de l'hypothèse 1 en admettant que les gènes sont indépendants.
Dans ce cas, croisement : F1 x parent double récessif [fd] (f//f d//d) ➔ croisement test. Donc les phénotypes obtenus en F2 traduiront les génotypes des gamètes produits par F1 et révéleront les croisements qui ont eu lieu.

Gamètes gamètes F1 / Parent double récessif	(F/ D/)	(f/ d/)	(F/ d/)	(f/ D/)
(f/ d/)	(F//f D//d)	(f//f d//d)	(F//f d//d)	(f//f D//d)
Phénotype F2	[FD]	[fd]	[Fd]	[fD]
Résultats obtenus dans le croisement	492 25%	509 25%	515 25%	487 25%
	Phénotypes parentaux		Phénotypes recombinés	

Les résultats sont équiprobables, ce qui valide l'hypothèse des gènes indépendants.
Il y a donc une répartition aléatoire des allèles au cours de la méiose, d'où les proportions équiprobables.
Ainsi, pour ce croisement 2 il ne peut y avoir que du brassage interchromosomique, l'étudiant 1 a donc raison.

L'analyse des 2 croisements est complète, correcte et rigoureuse : - Utilisation des données de l'exercice - Connaissances complètes et pertinentes La réponse est argumentée de façon rigoureuse et répond au problème.	Analyse des 2 croisements MAIS - Utilisation des données de l'exercice incomplète **OU** Connaissances incomplètes La construction de la réponse est maladroite, manque de rigueur		Analyse des 2 croisements MAIS - Utilisation des données de l'exercice incomplète **ET** Connaissances incomplètes La construction de la réponse est maladroite, manque de rigueur		Analyse d'un seul des deux croisements OU analyse très incomplète (dans les informations des documents et les connaissances) Réponse mal construite, incomplète.	
6	**5**	**4**	**3**	**2**	**1**	**0**

<u>Exercice 2 :</u>

1- Individus malades à chaque génération + chaque individu malade a un parent malade. L'allèle responsable de la maladie est donc dominant. /1

2- Affecte aussi bien des femmes que des hommes.
Si l'allèle malade dominant était porté par le chromosome X, alors tous les hommes dont la mère est malade devrait être malade. Or, ce n'est pas le cas (voir génération II) – le gène n'est donc pas porté par X
Si l'allèle malade dominant était porté par Y alors tous les garçons malades auraient un père malade. Or, ce n'est pas le cas, le gène n'est donc pas porté par Y.
Le gène est donc porté par un autosome. /2

3- Il faut déterminer les génotypes des individus.
I1 : est malades mais a des enfants sains. Comme l'allèle malade est dominant alors elle est forcément hétérozygote (M//m)
I2 : sain, donc (m//m)

II : tous les individus sains sont (m//m) et tous les individus malades sont forcément (M//m) (puis que I2 est homozygote récessif)

III : III2 est malade et sa mère II1 est saine, donc III2 est (M//m)
III6 est malade, son père II6 est sain (m//m). sa mère est malade et fille du coupe I1-I2, donc elle est (M//m)

III2 \ III6	(M/)	(m/)
(M/)	(M//M) => [M]	(M//m) => [M]
(m/)	(M//m) => [M]	(m//m) => [m]

<u>Echiquier de croisement de III2 x III6</u>
Ce couple a donc 75% de risque d'avoir un enfant malade [M] (et donc 25% de chance d'avoir un enfant sain [m]) /4