

Sommaire

OPTION : PC

Session normale 2016	1
Session rattrapage 2016.....	2
Session normale 2017	3
Session rattrapage 2017.....	5
Session normale 2018	6
Session rattrapage 2018 (restitution des connaissances)	8
Session normale 2019	9
Session rattrapage 2019.....	10
Session normale 2020	12
Session rattrapage 2020.....	14
Session normale 2021	15
Session rattrapage 2021.....	18
Session normale 2022	19
Session rattrapage 2022.....	21
Session normale 2023	23
Session rattrapage 2023.....	25
Session normale 2022	27
Session rattrapage 2024.....	28

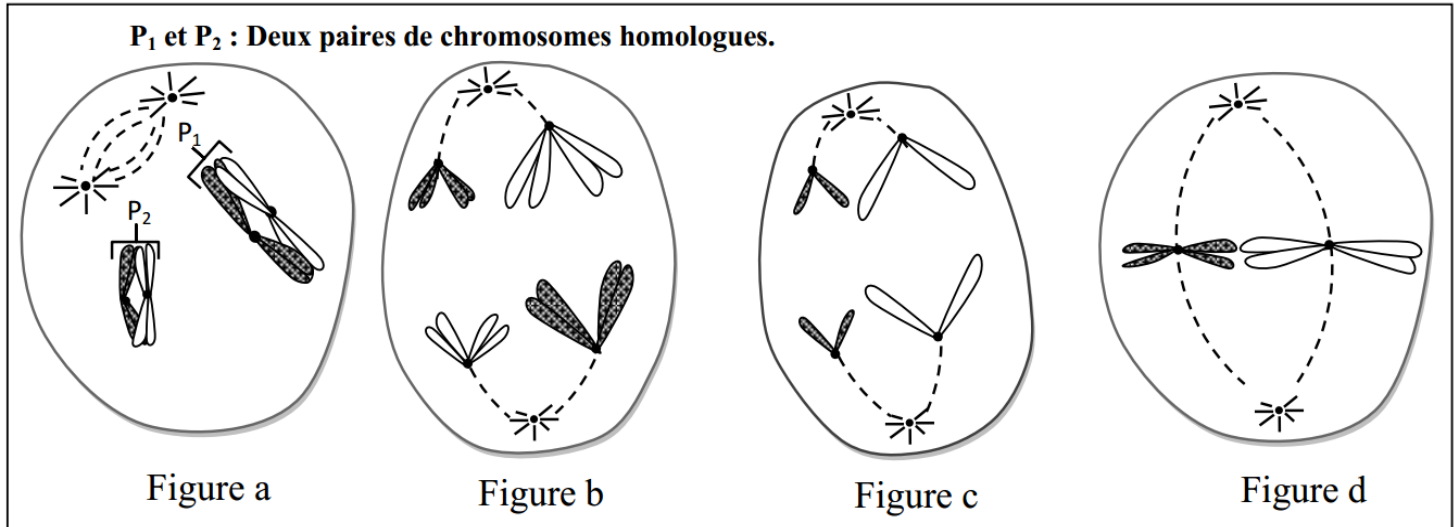
OPTION : PC

Session normale 2016

Page |
1

Pour mettre en évidence l'effet de certains phénomènes biologiques sur la transmission de l'information génétique lors de la formation des gamètes chez les êtres vivants diploïdes, on propose l'exploitation des données suivantes :

I- les figures du document ci-dessous représentent certaines phases d'un phénomène biologique chez une cellule animale dont la formule chromosomique est $2n = 4$.



1. Identifiez, en justifiant votre réponse, les phases représentées par le document précédent et **déduisez** le phénomène biologique étudié. (1.5pt)

2. Réalisez le schéma de la deuxième possibilité de la disposition des chromosomes de la phase représentée par la figure b du document précédent. **Déduisez** le nom du phénomène responsable des deux possibilités en **indiquant** son effet sur la transmission de l'information génétique. (1 pt)

II- Afin d'étudier le mode de la transmission de deux caractères héréditaires chez la Drosophile, on réalise les deux croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre des femelles aux yeux rouges et ailes droites (P₁) et des mâles aux yeux pourpres et ailes courbées (P₂). La première génération obtenue F₁ est constituée uniquement d'individus avec des yeux rouges et des ailes droites.

Remarque : le croisement inverse du premier croisement donne les mêmes résultats.

- **Deuxième croisement** : entre des mâles aux yeux pourpres et ailes courbées et des femelles de F₁, la génération F₂ obtenue compte :

- 390 drosophiles aux yeux rouges et ailes droites.
- 380 drosophiles aux yeux pourpres et ailes courbées.
- 120 drosophiles aux yeux rouges et ailes courbées.
- 110 drosophiles aux yeux pourpres et ailes droites.

Utiliser les symboles *R* ou *r* pour le caractère "couleur des yeux" et les symboles *D* ou *d* pour le caractère "forme des ailes".

3. En exploitant les résultats des deux croisements, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (1.5pt)

4. Donnez l'interprétation chromosomique du deuxième croisement en se basant sur l'échiquier de croisement. (0.5pt)

5. Etablissez la carte factorielle des deux gènes étudiés en montrant les étapes suivies dans cette réalisation. (0.5pt)

Session rattrapage 2016

I. Génétique moléculaire.

Pour déterminer l'origine d'une mutation et le mode de transmission d'un allèle mutant chez deux types d'êtres vivants, on propose l'exploitation des données suivantes:

I- Afin de déterminer l'origine de la résistance d'une souche de bactéries Pa (*Pseudomonas aeruginosa*) à un type d'antibiotique nommé macrolides, on propose l'exploitation des observations suivantes :

- Après l'infiltration des macrolides à l'intérieur des bactéries Pa, ces molécules se fixent sur les ribosomes, ce qui inhibe la synthèse de certaines protéines indispensables à la multiplication de ces bactéries. Le document 1 représente la concentration des macrolides (en unités arbitraires) à l'intérieur et à l'extérieur de deux souches de bactéries Pa : une souche sauvage et une souche mutante, placées dans un milieu contenant la même concentration de ces antibiotiques.

- Les bactéries Pa possèdent une protéine membranaire nommée MexAB-OprM qui joue le rôle d'une pompe qui rejette les macrolides à l'extérieur des bactéries Pa. Le document 2 présente la concentration de cette protéine membranaire chez les deux souches bactériennes Pa étudiées.

	Souche sauvage	Souche mutante
Concentration des macrolides à l'intérieur de la bactérie en U.A	17	4
Concentration des macrolides à l'extérieur de la bactérie en U.A	3	16

Document 1

	Souche sauvage	Souche mutante
Nombre de pompes MexAB-OprM	faible	élevé

Document 2

1. A partir de la comparaison des résultats indiqués sur les documents 1 et 2, **expliquez** la résistance de la souche mutante aux macrolides.(1 pt)

- La protéine Mex.R inhibe la synthèse d'une grande quantité de la protéine MexAB-OprM. Le document 3 présente une partie du brin non transcrit du gène qui contrôle la synthèse de la protéine Mex.R chez les deux souches sauvage et mutante, alors que le document 4 représente un extrait du code génétique.

	Sens de lecture →								
	107	108	109	110	111	112	113	114	115
Souche sauvage :	CAT	GCG	GAA	GCC	ATC	ATG	TCA	TGC	GTG
Souche mutante :	CAT	GCG	GAA	GCC	ATC	ATG	TCA	TGA	GTG

Document 3

Codons	GUG GUA	UGC UGU	CAU CAC	GCG GCC	ACU ACC	UCA UCG	GAG GAA	AUG	UGA UAG	AUC AUA
Acides aminés	Val	Cys	His	Ala	Thr	Ser	Glu	Met	Non sens	Ile

Document 4

2. En utilisant les données des documents 3 et 4, **déterminez** la séquence des acides aminés correspondante à chaque partie du gène contrôlant la synthèse de la protéine Mex.R chez les deux souches bactériennes étudiées, et **expliquez** l'origine héréditaire de la résistance observée chez la souche mutante. (1.5 pts)

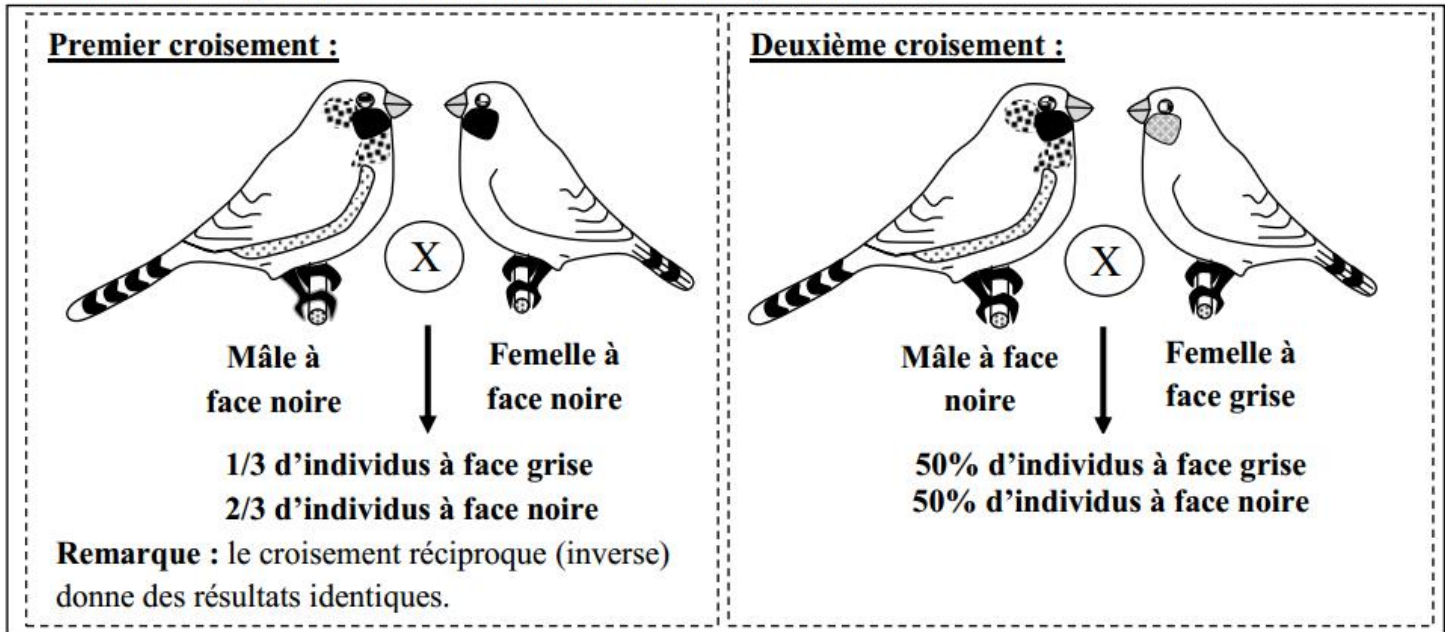
II. Lois statistiques.

II- On cherche à comprendre le mode de transmission d'un allèle mutant chez le Diamant Mandarin (espèce d'oiseau): Un aviculteur (éleveur d'oiseaux) a réalisé deux croisements entre des individus de phénotypes suivants:

- Un phénotype sauvage à face grise.
- Un phénotype mutant à face noire.

Utiliser les symboles B et b pour les deux allèles sauvage et mutant.

Le document 5 représente les résultats obtenus pour chaque croisement :



Document 5

3.a- En utilisant les résultats du premier croisement, **déterminez** le mode de transmission du caractère "couleur de la face" chez ces oiseaux.(1pts)

b- Déduisez le génotype des individus ayant le phénotype sauvage et des individus ayant le phénotype mutant.(0.5pt)

4. Donnez l'interprétation chromosomique du premier et du deuxième croisement. **Justifiez** votre réponse par un échiquier de croisement (1 pt)

Session normale 2017

I. Génétique moléculaire.

I. Il existe deux lignées de la Caille japonaise (*Coturnix japonica*): lignée à plumage tacheté « noir-brun » et lignée à plumage tacheté « rouge-jaune ». Pour déterminer la cause de la différence de couleur du plumage chez la caille japonaise, des études ont été menées sur deux allèles du gène *Mc1-R* : un allèle normal codant la synthèse des pigments d'**eumélanine** responsable du plumage tacheté noir-brun, et un allèle muté codant la synthèse des pigments de **phéomélanine** responsable du plumage tacheté rouge-jaune.

Le document 1 présente une partie du brin non transcrit de l'allèle normal chez la caille japonaise



Numéros des triplets : 225 226 227 228 229 230 231 232 233 234 235
 Séquence des nucléotides : CAG CCC ACC ATC TAC CGC ACC AGC AGC CTG A ..

Document 1

1. En utilisant le tableau du code génétique (document 2), **donnez** le brin d'ARNm et la séquence d'acides aminés correspondante à la partie de l'allèle codant la synthèse du pigment d'eumélanine du triplet 225 au triplet 234. (1 pt)

2 ^{ème} nucléotide 1 ^{er} nucléotide	U		C		A		G		3 ^{ème} nucléotide
U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	U
	UUC		UCC		UAC		UGC		C
	UUA	Leu	UCA		UAA	Stop	UGA	Stop	A
	UUG		UCG		UAG		UGG		G
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U
	CUC		CCC		CAC		CGC		C
	CUA		CCA		CAA	Gln	CGA		A
	CUG		CCG		CAG		CGG		G
A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC		ACC		AAC		AGC		C
	AUA	Met	ACA		AAA	Lys	AGA	Arg	A
	AUG		ACG		AAG		AGG		G
G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U
	GUC		GCC		GAC		GGC		C
	GUA		GCA		GAA	Glu	GGA		A
	GUG		GCG		GAG		GGG		G

Document 2

Une mutation par délétion de plusieurs nucléotides au niveau du gène Mc1-R conduit à l'apparition d'un allèle mutant contrôlant la synthèse du pigment phéomélanine.

Le document 3 montre une partie du brin non transcrit de l'allèle mutant et la séquence des acides aminés lui correspondante.

Numéros des triplets :	225	226	227	228	229	230	231	232
Séquence des nucléotides :	CAG	CCC	ACC	GCA	CCA	GCA	GCC	TGA
Séquence des acides aminés :	Gln - Pro - Thr - Ala - Pro - Ala - Ala							

Document 3

2. **Déterminez** l'emplacement et le nombre des nucléotides perdus par délétion qui est à l'origine de l'apparition de l'allèle mutant, puis **montrez** la relation caractère – gène. (1.25 pt)

II. Lois statistiques

II. La caille japonaise se caractérise par une diversité de couleur des œufs, ainsi que par la possibilité d'être atteinte par le diabète insipide; une maladie héréditaire caractérisée par une soif excessive et une excrétion de grande quantité d'urine. Afin d'étudier le mode de transmission des deux caractères héréditaires, la couleur des œufs et la maladie du diabète insipide chez deux lignées de la caille japonaise : l'une qui pond des œufs de couleur bleue et atteinte par le diabète insipide et l'autre qui pond des œufs de couleur verte et non atteinte par le diabète insipide, on propose l'exploitation des résultats des deux croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre deux lignées pures, une lignée qui pond des œufs de couleur bleue et atteinte par le diabète insipide et lignée qui pond des œufs de couleur verte et non atteinte par le diabète insipide. La première génération (F₁) obtenue est constituée d'individus qui pondent des œufs de couleur bleue et non atteints par le diabète insipide.

- **Deuxième croisement** : entre des individus de F₁, a donné une génération F₂ composée de :

- 10 individus qui donnent des œufs de couleur verte et atteints par le diabète insipide ;
- 33 individus qui donnent des œufs de couleur verte et non atteints par le diabète insipide ;
- 33 individus qui donnent des œufs de couleur bleue et atteints par le diabète insipide ;
- 82 individus qui donnent des œufs de couleur bleue et non atteints par le diabète insipide.

3. En **analysant** les résultats des deux croisements, **montrez** le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (1.5pt)

4. **Donnez** l'interprétation chromosomique des deux croisements en justifiant votre réponse par un échiquier de croisement. (1.25pt)

Utiliser les symboles **B** et **b** pour le caractère "couleur des œufs" et les symboles **D** et **d** pour le caractère "diabète insipide".

Session rattrapage 2017

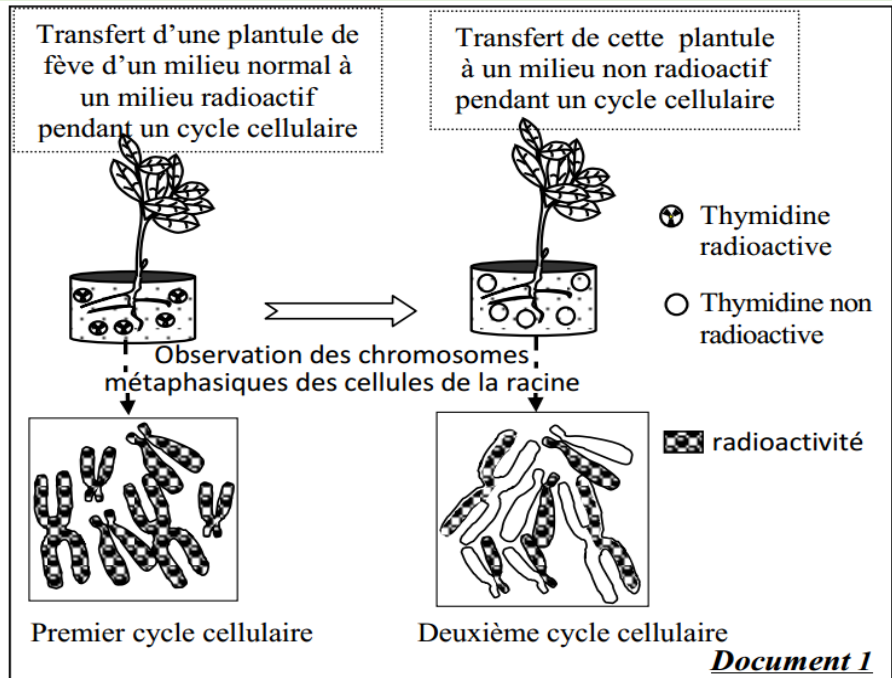
I. Génétique moléculaire.

Pour étudier certains aspects de la transmission et d'expression de l'information génétique, on propose les données suivantes.

- Au cours de chaque cycle cellulaire, la cellule subit un ensemble de phénomènes biologiques qui interviennent dans le maintien de l'information génétique lors de sa transmission d'une cellule à une autre. Pour mettre en évidence un de ces phénomènes ainsi que son importance, on propose l'expérience présentée par le document 1.

Remarque : La thymidine (T) est utilisée dans la synthèse d'ADN.

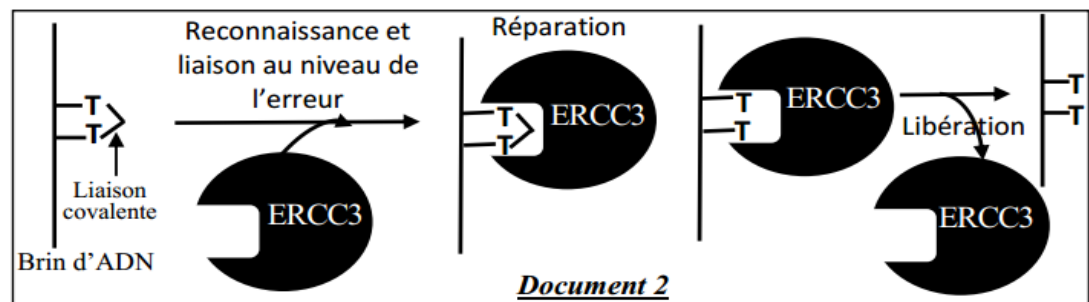
1. **Expliquez** les résultats de l'expérience du document 1, **en justifiant** votre réponse à l'aide d'un schéma adéquat du phénomène biologique mis en évidence. (1.5 pts)



- Le Xeroderma pigmentosum de type B est une maladie génétique rare, caractérisée par une hypersensibilité aux rayons UV, et provoque des lésions au niveau de la peau et des yeux qui peuvent évoluer en cancers. Cette maladie est la conséquence de la perte des cellules de leur capacité à réparer les erreurs au niveau de l'ADN.

Les UV provoquent des modifications de la structure de l'ADN en formant des liaisons covalentes entre 2 thymines (T) successives du même brin de l'ADN.

A l'état normal, cette aberration est corrigée par l'intervention d'une enzyme appelée ERCC3 avant la duplication de l'ADN. Le document 2 résume le mode d'action de cette enzyme.



Le document 3 présente la séquence nucléotidique d'une partie du gène codant pour l'enzyme ERCC3 chez un individu sain et un autre individu atteint de XPB. Le tableau du document 4 donne un extrait du code génétique.

		Sens de lecture →					
Individu sain	Brin non transcrit	66	67	68	69	70	71
	Brin transcrit	CCA	ACT	TGT	GAT	AAC	TGC
Individu atteint de XPB	Brin non transcrit	66	67	68	69	70	71
	Brin transcrit	CCA	ATT	GTG	ATA	ACT	GCA
		GGT	TAA	CAC	TAT	TGA	CGT

Document 3

Codons	ACC	GUG	UAA	CCU	UGU	GCU	AAU	AUU	UUU	GAU
	ACU	GUA	UAG	CCA	UGC	GCA	AAC	AUA	UUC	GAC
	ACG	GUG				GCG		AUC		
Acides aminés	Thr	Val	Non sens	Pro	Cys	Ala	Asn	Ile	Phe	Asp

Document 4

2- **En utilisant** les données des documents 2, 3 et 4, **déterminez** la séquence des acides aminés correspondante à chaque partie du gène contrôlant la synthèse de la protéine ERCC3 chez les deux individus étudiés, et **expliquez** l'origine génétique de cette maladie. (1.5pts)

II. Lois statistiques.

Chez les pigeons, la femelle est hétérogamète XY et le mâle est homogamète XX. Pour comprendre le mode de transmission de deux caractères (la couleur du plumage et la couleur des yeux) chez une race de pigeons dite Romaine, on propose l'étude des résultats des croisements suivants :

Croisement 1 : Des mâles de race pure à plumage bleu et yeux noirs avec des femelles de race pure à plumage brin et yeux orange. La première génération F_1 est constituée uniquement d'individus à plumage bleu et yeux noirs.

Croisement 2 : Des mâles de race pure à plumage brin et yeux orange avec des femelles de race pure à plumage bleu et yeux noirs. La génération F_1 obtenue est composée de 50% d'individus mâles à plumage bleu et yeux noirs et 50% d'individus femelles à plumage brin et yeux noirs.

1. **Analysez** les résultats des deux croisements 1 et 2, puis **déduisez** le mode de transmission des caractères étudiés chez le pigeon romain. (1pt)

2. **A l'aide** d'un échiquier de croisement, **Donnez** les résultats attendus dans le cas de croisement des mâles de F_1 avec des femelles à plumage brin et yeux orange. (1pt)

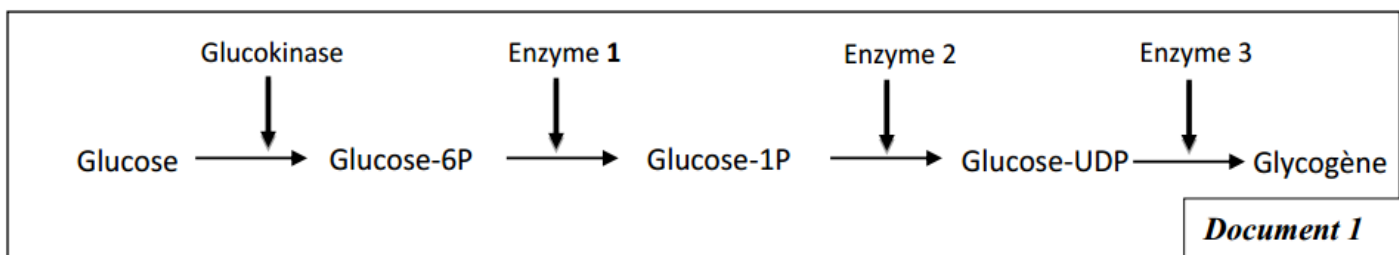
Utiliser les symboles (B,b) pour le caractère couleur de plumage et (N,n) pour le caractère couleur des yeux.

Session normale 2018

I. Génétique moléculaire.

Le diabète de type Mody-2 (Maturity Onset Diabetes of the Young) affecte certaines personnes avant l'âge de 20 ans. Les personnes atteintes de cette maladie souffrent d'une hyperglycémie permanente. Pour mettre en évidence l'origine génétique de cette maladie on propose les données suivantes :

Le glucose est stocké dans le foie sous forme de glycogène (glycogénogénèse) par l'intervention d'un ensemble d'enzymes dont la glucokinase en fait partie. Le document 1 montre le niveau d'intervention du glucokinase dans la chaîne de réactions de la glycogénogénèse.



La mesure de l'activité de la glucokinase chez un individu sain et un autre atteint par la maladie MODY-2 a donné les résultats présentés dans le document 2.

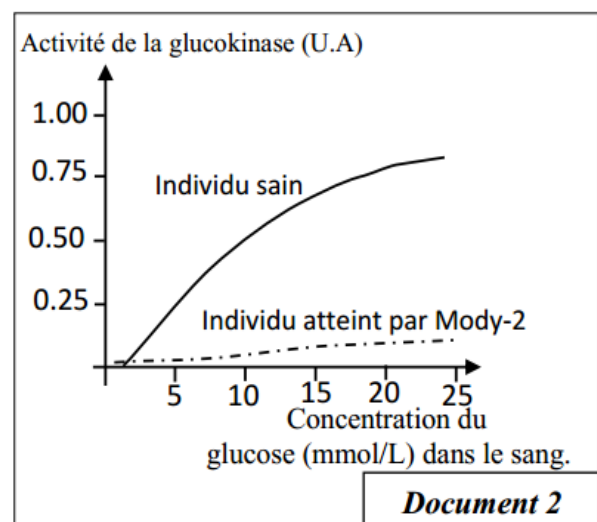
1. **A partir** des documents 1 et 2 :

a- Décrivez les variations de l'activité de la glucokinase chez l'individu sain et l'individu atteint par Mody-2. (0.5pt)

b- Expliquez l'hyperglycémie permanente chez l'individu atteint par Mody-2. (0.5pt)

Pour déterminer l'origine génétique de cette maladie, on propose les documents 3 et 4.

Le document 3 présente une partie du brin transcrit du gène de la glucokinase chez un individu sain et un autre atteint de Mody-2, et le document 4 présente un extrait du code génétique.



Sens de lecture →								Document 3	
Triplets (brin transcrit)	277	278	279	280	281	282			
Individu sain :	...CAC	CTG	CTC	TCG	AGA	CGT...			
Individu atteint par Mody-2 :	...CAC	CTG	ATC	TCG	AGA	CGT...			
Acides aminés	Glu	Met	Val	Non sens	Lys	Ser	Asp	Gly	Ala
Codons	GAA GAG	AUG	GUG GUA GUC GUU	UAG UAA UGA	AAA AAG	AGU AGC UCU UCC	GAU GAC	GGU GGC GGA GGG	GCU GCA GCC GCG
								Document 4	

2. En vous basant sur les documents 3 et 4, **déterminez** la séquence d'acides aminés correspondante à chaque partie du gène de la glucokinase chez l'individu sain et l'individu atteint par Mody-2. (0.5pt)

3. A partir de ce qui précède **expliquez** l'origine génétique du diabète de type Mody-2. (1 pt)

II. Lois statistiques

Pour comprendre le mode de transmission de deux caractères héréditaires chez le lapin, on propose l'exploitation des résultats des deux croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre deux races pures de lapins, l'une présente un pelage à poils longs (*angora*) de couleur uniforme et l'autre a pelage à poils courts de couleur panaché de blanc. La première génération (F₁) est constituée d'individus à poils courts de couleur panaché de blanc.

- **Deuxième croisement** : entre des femelles de F₁ et des mâles à pelage à poils longs de couleur uniforme. Ce croisement a donné une génération F₂ composée de :

- 338 lapins à poils courts de couleur panaché de blanc ;
- 341 lapins à poils longs de couleur uniforme ;
- 12 lapins à poils longs de couleur panaché de blanc ;
- 9 lapins à poils courts de couleur uniforme.

1. En vous basant sur les résultats des deux croisements, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (0.75pt)

2. **Donnez** l'interprétation chromosomique du deuxième croisement en **établissant** l'échiquier de croisement. (0.75pt)

Utiliser les symboles **L** et **ℓ** pour le caractère "longueur des poils" et les symboles **P** et **p** pour le caractère "couleur des poils".

3. **Déterminez** le phénomène responsable de l'apparition des lapins à poils longs de couleur panaché de blanc et des lapins à poils courts de couleur uniforme dans la génération F₂ (F₁ x F₁). **Expliquez** ce phénomène par un schéma. (1 pt)

Session rattrapage 2018 (restitution des connaissances)

Page |
8

I. Définissez les notions suivantes : Allèle - Mutation (1pt)

II. Les caractéristiques des chromosomes (forme et disposition) changent selon les phases de la mitose et la méiose.

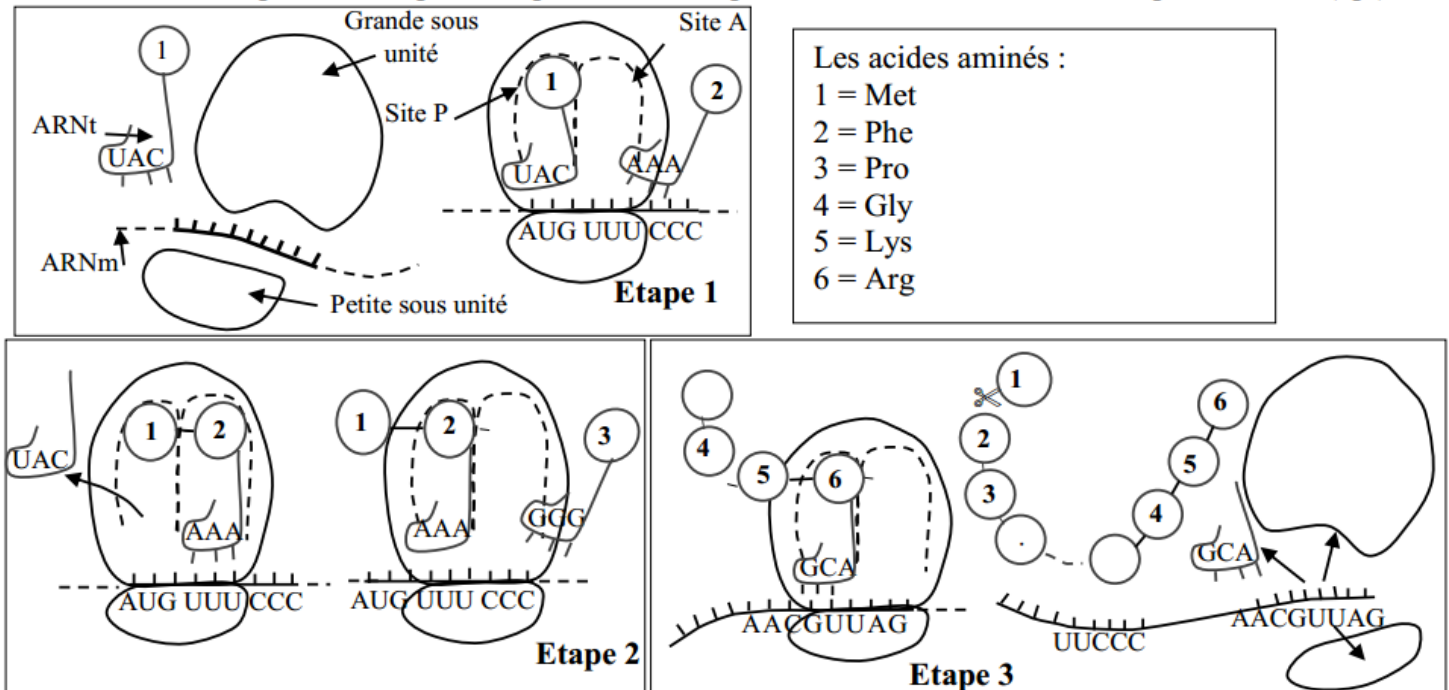
Citez deux de ces caractéristiques pour chacune des deux phases suivantes:

a – l'anaphase I de la méiose. (0.5pt)

b – l'anaphase de la mitose. (0.5pt)

III. Les figures ci-dessous présentent trois étapes d'un phénomène biologique en relation avec l'expression de l'information génétique.

Donnez le nom du phénomène présenté par les trois étapes et le nom de chacune des étapes 1, 2 et 3. (1pt)



IV. Pour chacune des propositions numérotées de 1 à 4, une seule suggestion est correcte.

Recopiez les couples (1 ; ...) (2 ; ...) (3 ; ...) (4 ; ...) et écrivez pour chaque couple la lettre correspondante à la suggestion correcte. (2 pts)

1- Le brassage interchromosomique lors de la méiose résulte de la répartition indépendante et aléatoire :

- a. des chromosomes homologues pendant l'anaphase I.
- b. des chromosomes homologues pendant l'anaphase II.
- c. des chromatides pendant l'anaphase I.
- d. des chromatides pendant l'anaphase II.

2- Durant la métaphase de la mitose, chaque chromosome est formé :

- a. d'une seule chromatide constituée de deux brins d'ADN.
- b. de deux chromatides constituée chacune d'un brin d'ADN.
- c. de deux chromatides constituée chacune de deux brins d'ADN.
- d. de deux chromatides l'une constituée d'un seul brin d'ADN et l'autre de deux brins d'ADN.

3- Dans le cas du monohybridisme, le croisement entre un individu homozygote récessif et un individu hétérozygote donne :

- a. 25% de phénotype récessif et 75% de phénotype dominant.
- b. 75% de phénotype récessif et 25% de phénotype dominant.
- c. 25% de phénotype récessif, 50% de phénotype intermédiaire et 25% de phénotype dominant.
- d. 50% de phénotype récessif et 50% de phénotype dominant.

4- Au cours de la réplication de l'ADN :

- a. la double hélice parentale reste intacte et une deuxième copie entièrement nouvelle est synthétisée.
- b. chaque brin des deux molécules d'ADN formées contient des fragments anciens et des fragments nouvellement synthétisés.
- c. les deux brins de la double hélice parentale se séparent et chacun d'eux sert de modèle pour la synthèse d'un nouveau brin complémentaire.
- d. la double hélice parentale ne sert pas à la synthèse des deux nouvelles copies d'ADN.

Session normale 2019

I. Génétique moléculaire.

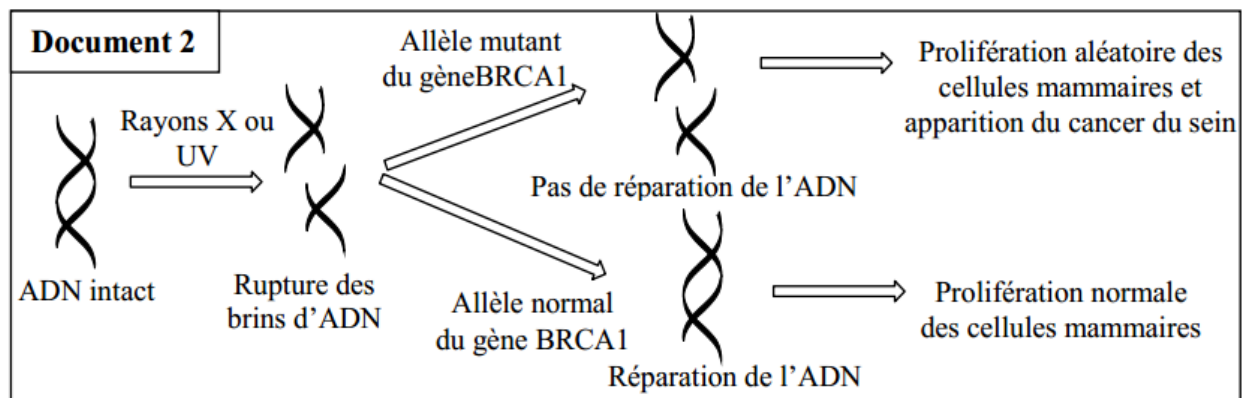
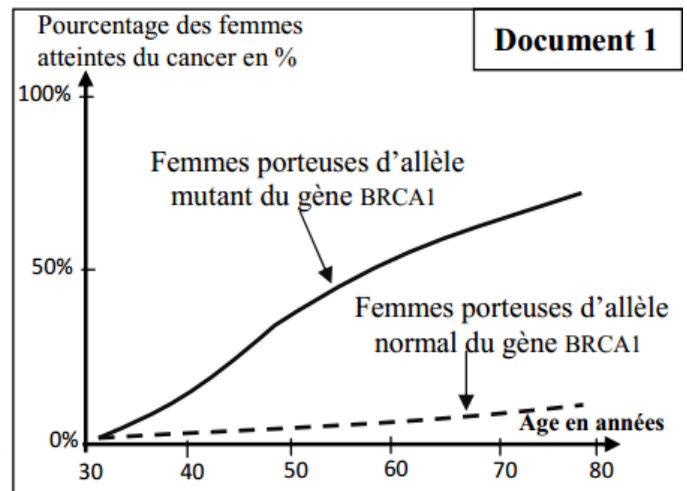
Les mutations font partie des causes du cancer chez l'Homme. Les chercheurs ont estimé qu'environ 5% à 10% des cas de cancer étaient d'origine génétique.

Pour déterminer l'origine génétique de certains cas de cancer du sein chez la femme, on suggère d'étudier les données suivantes :

Les chercheurs ont montré l'existence d'une relation entre le gène BRCA1 localisé sur le chromosome 17 et le cancer du sein chez la femme. Le document 1 présente l'évolution du pourcentage du cancer du sein, en fonction de l'âge, chez des femmes porteuses de l'allèle normal et des femmes porteuses de l'allèle mutant du gène BRCA1.

1. **Comparez** le pourcentage du cancer du sein chez les femmes (document 1) en **mettant** en évidence la relation entre le gène BRCA1 et le cancer du sein chez la femme (0.5pt)

Le gène BRCA1 contrôle la synthèse d'une protéine « BRCA1 » intervenant dans la réparation de l'ADN. Le document 2 montre le mécanisme menant au cancer du sein chez la femme sous l'effet des rayons X et ultraviolets.



2. **En vous basant** sur les données du document 2, **expliquez** l'évolution de pourcentage du cancer du sein enregistrée dans le document 1 chez des femmes porteuses de l'allèle mutant du gène BRCA1. (0.5pt)

Le document 3 montre une partie du brin transcrit des deux allèles normal et mutant du gène responsable de la synthèse de la protéine BRCA1. Le document 4 présente le tableau du code génétique.

Numéro des triplets :	368	369	370	371	372	373	374	375
Une partie de l'allèle normal BRCA1 :	CTT	CTA	CAA	GGA	ACC	TAT	TGT	GAT TT..
Une partie de l'allèle mutant BRCA1 :	CTT	CTA	CAA	GGA	ACC	TAT	TTG	ATT T..

Document 3 → Sens de lecture

Document 4	tableau du code génétique
-------------------	----------------------------------

3. **En vous basant** sur les documents 3 et 4, **déterminez** la séquence d'acides aminés de la protéine BRCA1 correspondante à l'allèle normal et à l'allèle mutant. (0.5pt)

4. **A partir** de ce qui précède, **expliquez** l'origine génétique du cancer du sein chez la femme. (1 pt)

II. Lois statistiques

Certaines variétés de lin sont résistantes à deux souches de champignons, la souche C_{24} et la souche C_{22} . Pour comprendre le mode de transmission de deux caractères héréditaires chez la plante de lin, on propose l'exploitation des résultats des deux croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre deux lignées pures de lin, La lignée « **770B** » de lin est résistante à la souche C_{24} et sensible à la souche C_{22} et la lignée « **Bombay** » est sensible à la souche C_{24} et résistante à la souche C_{22} , ce croisement a donné une génération F_1 dont tous les individus sont résistants à la souche C_{24} et à la souche C_{22} .

- **Deuxième croisement** : entre les individus de F_1 , ce croisement a donné une génération F_2 composée de :

- 110 plantes de lin résistantes à la souche C_{24} et résistantes à la souche C_{22} ;
- 37 plantes de lin résistantes à la souche C_{24} et sensibles à la souche C_{22} ;
- 36 plantes de lin sensibles à la souche C_{24} et résistantes à la souche C_{22} ;
- 11 plantes de lin sensibles à la souche C_{24} et sensibles à la souche C_{22} .

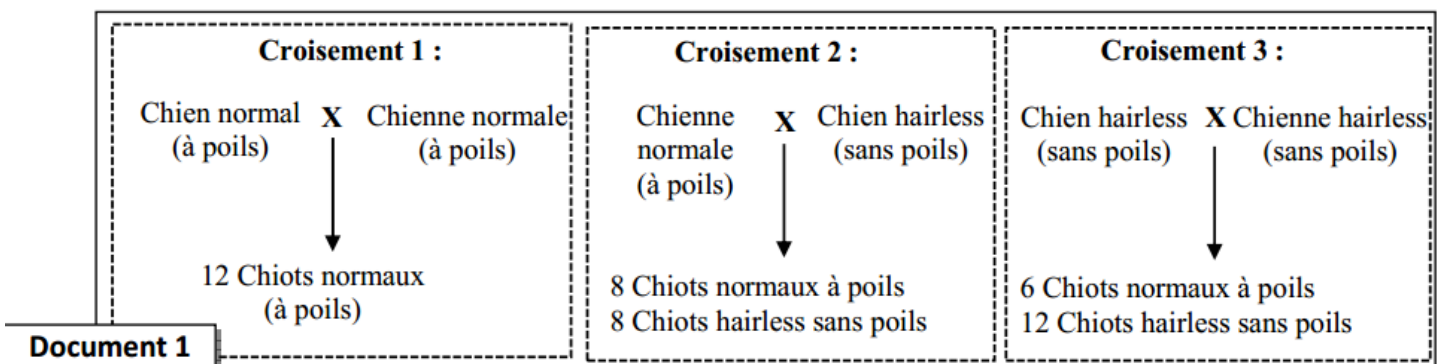
1. **En vous basant** sur les résultats des deux croisements 1 et 2, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (0.75pt)

Session rattrapage 2019

I. Lois statistiques.

Dans le cadre de l'étude de la transmission de l'information génétique et des mécanismes de son expression, on propose les données suivantes :

Le caractère de pilosité chez la race des chiens mexicains est gouverné par un gène non lié au sexe à deux allèles (Hr et hr). Pour sélectionner une souche de chiens mexicains à peau nue (chiens hairless), un éleveur a réalisé plusieurs fois des croisements entre des mâles et des femelles de phénotypes différents (présence ou absence de poils). Les résultats obtenus sont présentés dans le document 1.



1. **A partir** des résultats du croisement 1 et 2, **donnez** les génotypes probables des chiens normaux et des chiens hairless, **justifiez** votre réponse. (1.5 pts)

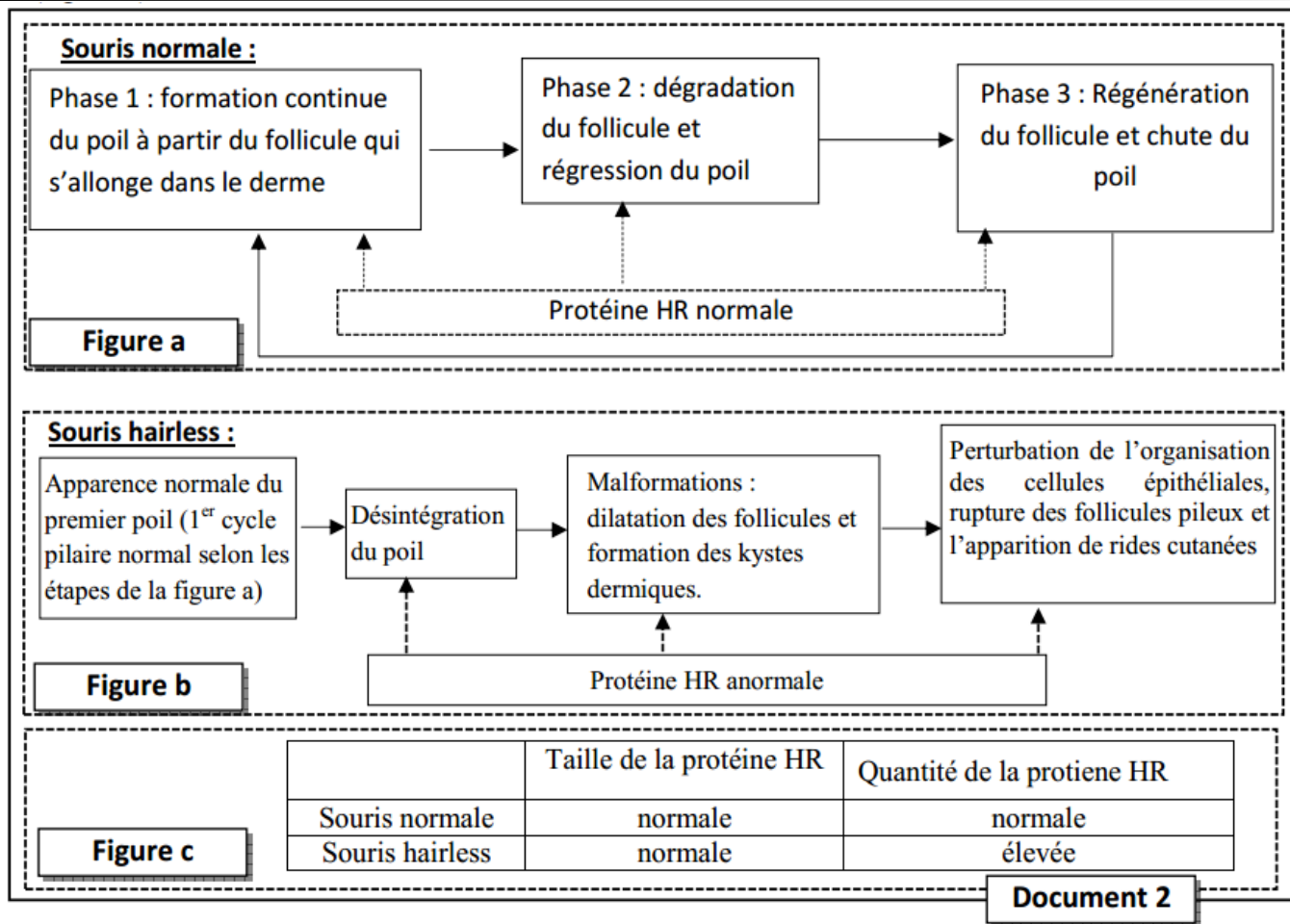
2. **Donnez** l'interprétation chromosomique du croisement 3 **en vous aidant** par un échiquier de croisement. (1 pt)

II. Génétique moléculaire.

Pour expliquer l'absence de pilosité chez les mammifères, on propose l'étude de l'alopecie totale (absence totale de poils) chez les souris. Ce phénotype résulte de l'incapacité du follicule pileux à initier son propre renouvellement cyclique après une apparence normale du premier poil.

Le maintien du cycle des follicules pileux fait intervenir une protéine structurale et régulatrice nommée HR qui se localise dans le noyau et régule la synchronisation de la différenciation des cellules épithéliales dans les follicules pileux et leur renouvellement cyclique.

Le document 2 présente les phases du cycle pileux chez une souris normale (figure a) et une souris hairless (figure b) et les résultats d'une étude moléculaire de la taille et la quantité de la protéine HR chez les deux souris (figure c).



3. En vous **basant** sur le document 1, **comparez** les données de la souris normale à celles de la souris hairless, puis **déduisez** la relation protéine-caractère. (1.5 pt)

La synthèse de la protéine HR est contrôlée par un gène à deux allèles. Le document 3 présente un tronçon du brin non transcrit de l'allèle normal chez une souris normale et un tronçon du brin non transcrit de l'allèle mutant chez une souris hairless. Le document 4 présente un extrait du tableau du code génétique.

Numéro du triplet :	957	958	959	960	961	962	963
Tronçon de l'allèle normal (brin non transcrit) :	GCC	CAC	CAA	GGG	AAA	CTC	AAC
Tronçon de l'allèle mutant (brin non transcrit) :	GCC	CAC	CAA	TGG	AAA	CTC	AAC

Document 3 → Sens de lecture

codons	GGU GGC GGA GGG	CAA CAG	AAA AAG	CAU CAC	UGG	CUU CUC CUA CUG	AAU AAC	GCU GCC GCA GCG	UGA UAA UAG	CGU CGC CGA CGG
Acides aminés	Gly	Gln	Lys	His	Trp	Leu	Asn	Ala	Non sens	Arg

Document 4

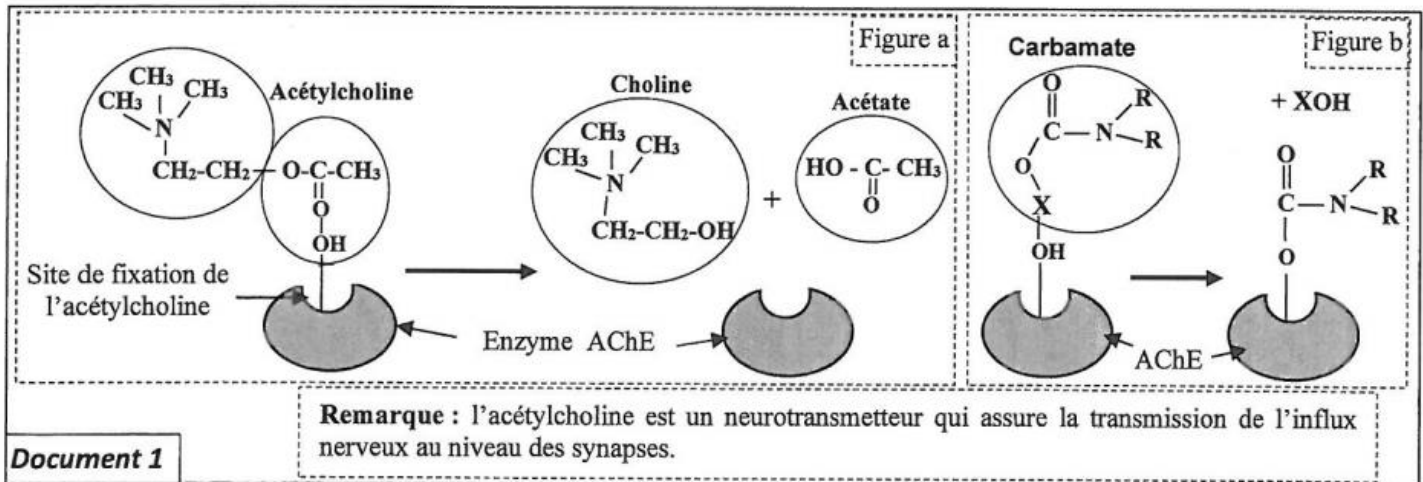
4. En utilisant les données du document 3 et 4, **déterminez** la séquence d'ARNm et la séquence des acides aminés correspondante à chaque tronçon du gène contrôlant la synthèse de la protéine HR chez les deux souris étudiées et **expliquez** l'apparition du caractère hairless chez les souris. (1 pt)

Session normale 2020

I. Génétique moléculaire.

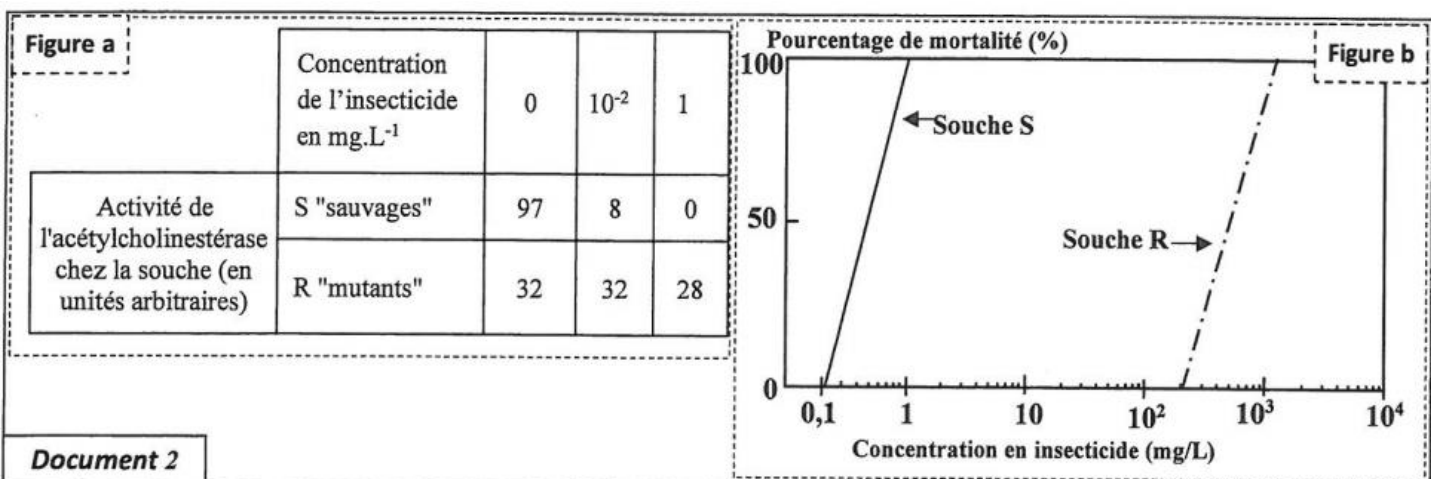
Les moustiques *Culex pipiens* transmettent, par leurs piqûres, de nombreuses maladies (filariose, fièvre du Nil...), ils deviennent actuellement résistants aux insecticides à base de carbamates. Pour expliquer l'origine de cette résistance on propose les données suivantes :

L'acétylcholinestérase (AChE) est une enzyme qui hydrolyse l'acétylcholine au niveau des synapses cholinergique. Cette dégradation est indispensable au bon fonctionnement du système nerveux des insectes. Les carbamates agissent au niveau du système nerveux des insectes en inhibant l'activité de l'acétylcholinestérase. Le document 1 présente la réaction enzymatique de l'acétylcholinestérase (figure a) et l'action du carbamate sur le site actif de cette enzyme spécifique à la fixation de l'acétylcholine (figure b).



1. En vous basant sur le document 1, **décrivez** le mode d'action de l'acétylcholinestérase et l'effet du carbamate sur cette enzyme. (1 pt)

Chez les moustiques *Culex pipiens*, la synthèse de l'acétylcholinestérase est contrôlée par un gène ayant deux allèles différents. Les moustiques résistants (souche R) possèdent deux allèles mutés (allèles Ace-R) alors que les moustiques sensibles (souche S) possèdent deux allèles sauvages (allèles Ace-S). Le document 2 présente les résultats des études de l'action d'un insecticide à base de carbamates sur les deux souches de moustiques, la figure (a) présente des mesures de l'activité de l'acétylcholinestérase de chaque souche en fonction de la concentration en insecticide, à base de carbamates, appliqué. La figure (b) montre le taux de mortalité de chaque souche en fonction de la concentration en insecticide appliqué.



2. En exploitant le document 2, **montrez** la relation entre la mortalité des souches de moustiques S et R et l'activité de l'acétylcholinestérase, puis **proposez** une hypothèse pour **expliquer** la résistance des souches R à l'insecticide utilisé. (1 pt)

Pour vérifier votre hypothèse, on propose le document 3 qui donne la séquence nucléotidique d'un fragment de l'allèle (brin non transcrit) du gène Ace codant pour la synthèse de l'acétylcholinestérase chez la souche S et la souche R et le document 4 qui présente un extrait du code génétique.

									Sens de lecture
Numéro des triplets :	243	244	245	246	247	248	249	250	251
Allèle Ace-S de la souche S :	ATC	TTC	GGG	GGT	GGC	TTC	TAC	TCC	GGG
Allèle Ace-R de la souche R :	ATC	TTC	GGG	GGT	AGC	TTC	TAC	TCC	GGG

Document 3

Document 4									
Codons	UUA	GGU	AGU	AUU	UUU	UAU	CGU	CCU	UAA
	UUG	GGC	AGC	AUC	UUC	UAC	CGC	CCC	UAG
		GGA	UCU	AUA			CGA	CCA	UGA
		GGG	UCC				CGG	CCG	
Acides aminés	Leu	Gly	Ser	Ile	Phe	Tyr	Arg	Pro	Stop

3. En utilisant les données des documents 3 et 4, **déterminez** l'ARNm et la séquence des acides aminés correspondantes à chaque fragment du gène Ace chez les deux souches S et R et **vérifiez** votre hypothèse en mettant en évidence la relation caractère - gène. (2 pt)

II. Lois statistiques

La drosophile de phénotype sauvage, à corps gris rayé et aux yeux rouges, a subi de nombreuses mutations portant sur la couleur du corps et des yeux : la mutation "black" se traduit par un corps noir, alors que la mutation "cinnabar" et la mutation "cardinal" se traduisent par des yeux à couleur différente de celle des mouches sauvages. Pour déterminer le mode de transmission de ces caractères non liés au sexe, on propose les résultats des études suivantes :

✿ **Etude 1** : Des croisements ont été réalisés entre deux groupes de drosophiles de lignées pures.

Groupe A : Drosophiles sauvages à corps gris rayé et aux yeux rouges ;

Groupe B : Drosophiles mutantes à corps "black" et aux yeux "cinnabar"

Croisements	Parents	Descendances
Premier croisement	Drosophiles du groupe A avec des drosophiles du groupe B	Génération F ₁ composée de drosophiles à phénotype sauvage (corps gris rayé et des yeux rouges)
Deuxième croisement	Drosophiles de F ₁ avec des drosophiles du groupe B	- 46% de drosophiles sauvages - 46% de drosophiles à corps "black" et aux yeux "cinnabar" - 4% de drosophiles à corps rayé gris et aux yeux "cinnabar" - 4% de drosophiles à corps "black" et aux yeux rouges

1. En exploitant les résultats du premier et du deuxième croisement, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères étudiés. (0.5 pt)

✿ **Etude 2**: des croisements ont été réalisés entre deux groupes de drosophiles de lignées pures.

Groupe C: Drosophiles sauvages à corps gris rayé et aux yeux rouges ;

Groupe D : Drosophiles mutantes à corps "black" et aux yeux "cardinal"

Croisements	Parents	Descendances
Troisième croisement	Drosophiles du groupe C avec des drosophiles du groupe D	Génération F ₁ composée de drosophile à phénotype sauvage
Quatrième croisement	Drosophiles F ₁ avec des drosophiles du groupe D	- 25% de drosophiles sauvages - 25% de drosophiles à corps "black" et aux yeux "cardinal" - 25% de drosophiles à corps rayé gris et aux yeux "cardinal" - 25% de drosophiles à corps "black" et aux yeux rouges

2. En exploitant les résultats du troisième et du quatrième croisement, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères étudiés. (0.5 pt)

3. Montrez que les résultats de ces croisements prouvent l'existence de deux gènes différents contrôlant la couleur des yeux chez la drosophile. (0.5 pt)

4.a. Donnez l'interprétation chromosomique du deuxième croisement en **établissant** l'échiquier de croisement. (0.75 pt)

Utiliser les symboles *G* et *g* pour la couleur du corps, *R* et *r* pour la couleur des yeux.

4.b. Donnez l'interprétation chromosomique du quatrième croisement en **établissant** l'échiquier de croisement. (0.75 pt)

Utiliser les symboles *G* et *g* pour la couleur du corps, *D* et *d* pour la couleur des yeux.

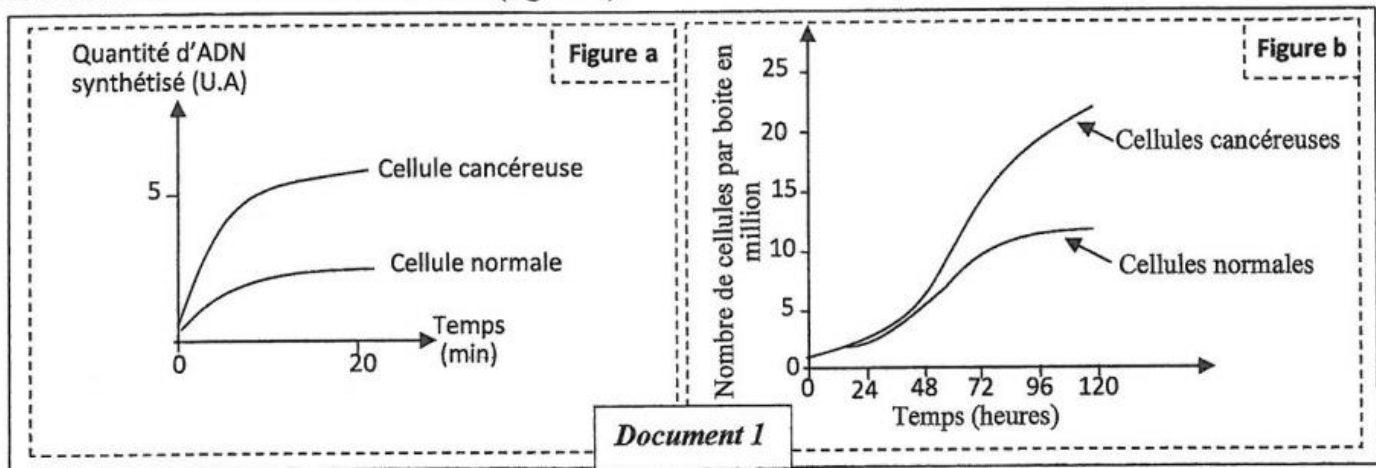
5. Expliquez les pourcentages des phénotypes obtenus dans la descendance du quatrième croisement en **illustrant** votre réponse par un schéma. (1 pt)

Session rattrapage 2020

III. Génétique moléculaire.

Le cancer du poumon est une maladie de plus en plus courante. Elle est due à l'apparition des cellules cancéreuses qui finissent par la formation d'une tumeur pulmonaire. La prolifération des cellules pulmonaire est contrôlée par le gène EGFR, localisé au niveau du chromosome 7 chez l'Homme. Pour comprendre l'origine de cette maladie on propose les données suivantes :

Le document 1 présente les résultats de mesure de la vitesse de duplication de l'ADN des cellules normales et des cellules cancéreuses (figure a) et de dénombrement des cellules normales et des cellules cancéreuses après leur culture dans les mêmes conditions (figure b).



Document 1

1. En exploitant le document 1, **proposez** une hypothèse pour expliquer l'apparition du cancer de poumon chez l'Homme. (1 pt)

Le document 2 présente un fragment du brin transcrit du gène EGFR chez une personne saine et une personne atteinte du cancer de poumon. Le document 3 présente un extrait du tableau du code génétique.

Numéro du triplet :	1	2	3	4	5	6	7	8	
Fragment du brin transcrit du gène EGFR d'une personne saine :	...	CCC	GTC	GCT	ATC	AAG	GAA	TTA	AGA
Fragment du brin transcrit du gène EGFR d'une personne malade :	...	CCC	GTC	CGC	TAT	CAA	GGA	ATT	AAG
					→				

Sens de lecture

Document 2

Codons	CAG CAA	UGA UAG UAA	UCC UCG UCU	GUU GUC	GGU GGA GGG	UUU UUC	AUC AUA AUU	CGA CGU	GCG GCU	CCA CCU
Acides aminés	Gln	Codon stop	Ser	Val	Gly	Phe	Ile	Arg	Ala	Pro

Document 3

2. En vous aidant des documents 2 et 3:

- Donnez la séquence de l'ARNm et la séquence des acides aminés correspondantes aux fragments du brin transcrit du gène EGFR chez la personne saine et la personne malade. (1 pt)
- vérifiez l'hypothèse proposée dans votre réponse à la question 1, en **déterminant** l'origine génétique de la maladie. (2 pt)

IV. Lois statistiques.

Pour comprendre le mode de transmission de deux caractères héréditaires (couleur et la forme de la corolle) chez la plante du muflier, on propose l'exploitation des résultats des deux croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre deux lignées pures de muflier, l'une à corolle blanche et personée et l'autre à corolle rouge à symétrie axiale. La première génération F₁ composée d'individus à corolle rose et personée.
- **Deuxième croisement** : entre les individus de F₁, ce croisement a donné une génération F₂ composée de :
 - 94 plantes à corolle rose et personée ;
 - 45 plantes à corolle blanche et personée ;
 - 15 plantes à corolle rouge à symétrie axiale ;
 - 39 plantes à corolle rouge et personée ;
 - 28 plantes à corolle rose à symétrie axiale ;
 - 13 plantes à corolle blanche à symétrie axiale.

1. En **vous basant** sur les résultats des deux croisements, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (1.5 pts)

2. **Donnez** l'interprétation chromosomique du deuxième croisement en **établissant** l'échiquier de croisement. (1.5pts)

Utilisez les symboles *R* ou *r* pour le caractère couleur rouge de la corolle et *B* ou *b* pour le caractère couleur blanche de la corolle les symboles *A* et *a* pour le caractère forme de la corolle.

Un agriculteur souhaite obtenir la plus grande proportion possible de plantes de muflier à corolle rose à symétrie axiale, mais il hésite entre les deux croisements suivants :

- **Croisement A** : entre des plantes à corolle rose à symétrie axiale ;
- **Croisement B** : entre des plantes à corolle blanche à symétrie axiale et des plantes à corolle rouge à symétrie axiale ;

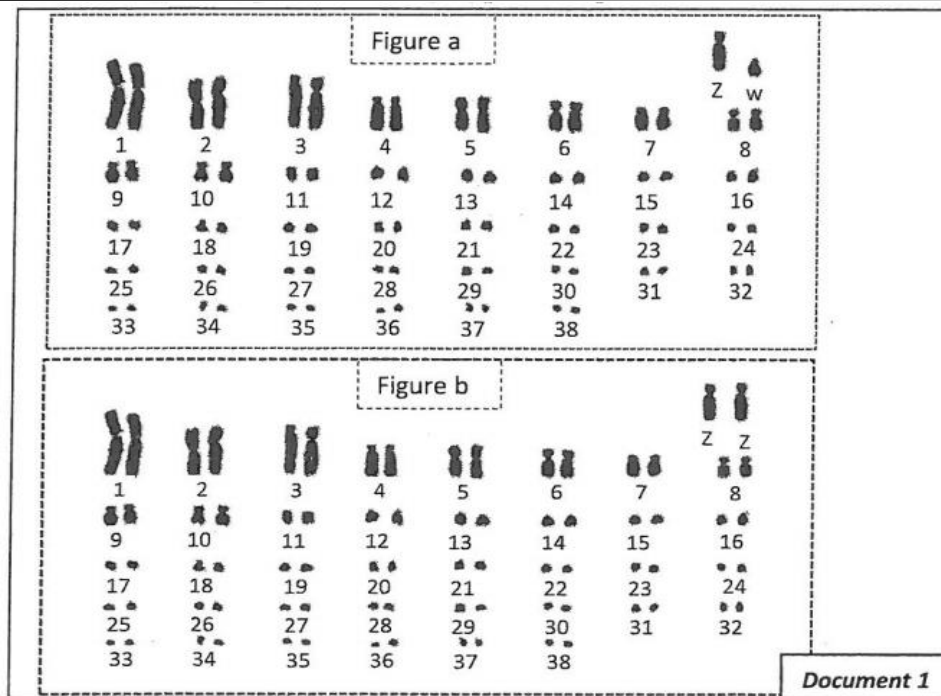
3. **Déterminez**, parmi les croisements A et B, le croisement qui permet à cet agriculteur d'obtenir la plus grande proportion possible de plantes de muflier à corolle rose à symétrie axiale. **Justifiez** votre réponse. (1pt)

Session normale 2021

I. Lois statistiques.

Pour étudier le mode de transmission des caractères héréditaires chez le poulet, on propose les données suivantes :

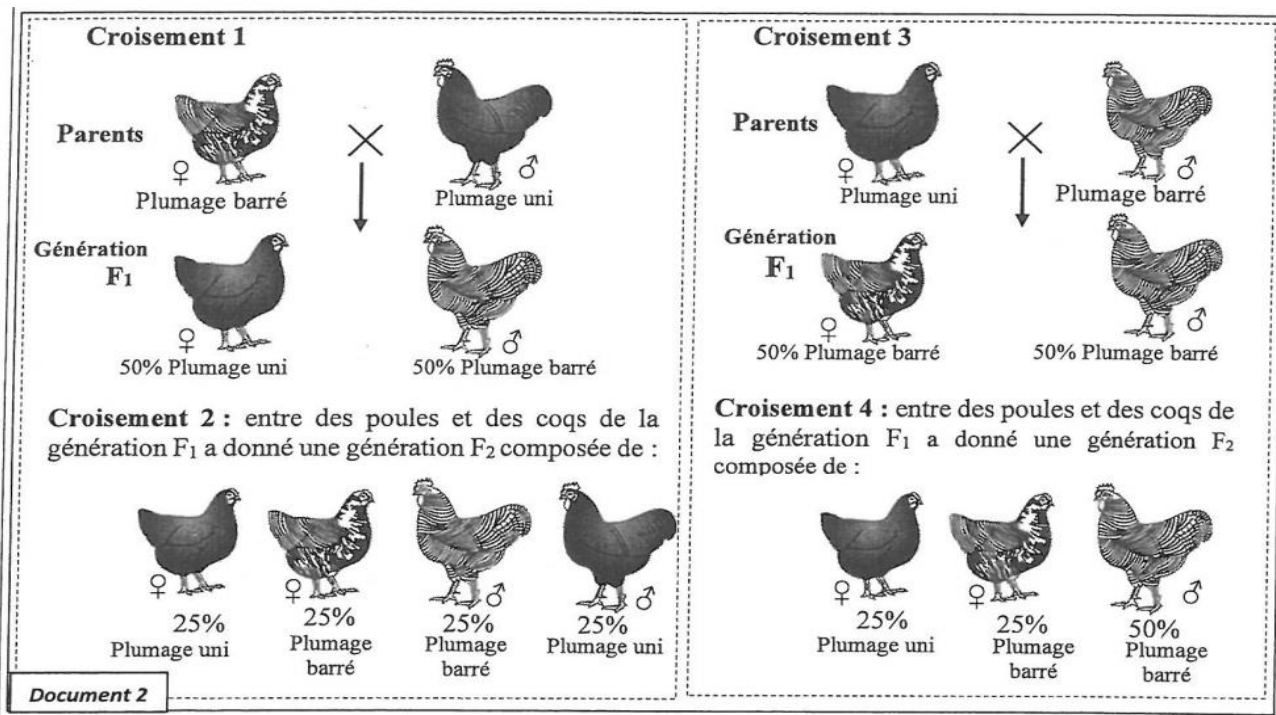
Le document 1 présente le caryotype chez le poulet de la race *Coucou de malines* : la figure (a) présente le caryotype de la poule et la figure (b) présente le caryotype du coq.



1. **Comparez** les deux caryotypes du document 1 et **donnez** la formule chromosomique de la poule et du coq. (1.5 pts)

Chez le poulet de race Coucou de Malines, le plumage est soit uni (de couleur noir homogène) ou barrée (rayé noir et blanc). On suppose que chez cette race, le caractère du plumage barré est gouverné par un seul couple d'allèles localisé sur un autosome.

Pour vérifier cette hypothèse, on effectue une série de croisements : les croisements 1 et 3 entre poules et coqs de lignées pures qui diffèrent par leur plumage et les croisements 2 et 4 entre poules et coqs de F₁. Le document 2 donne les résultats de ces croisements.



2. **En exploitant** les données précédentes, **vérifiez** l'hypothèse proposée. Votre réponse doit inclure le mode de transmission du caractère étudié, ainsi que l'interprétation chromosomique des résultats des croisements 1, 2, 3 et 4 à l'aide d'échiquier de croisement. (2.5 pts)

(Utiliser les symboles *B* ou *b* pour le plumage barré et *N* ou *n* pour le plumage uni)

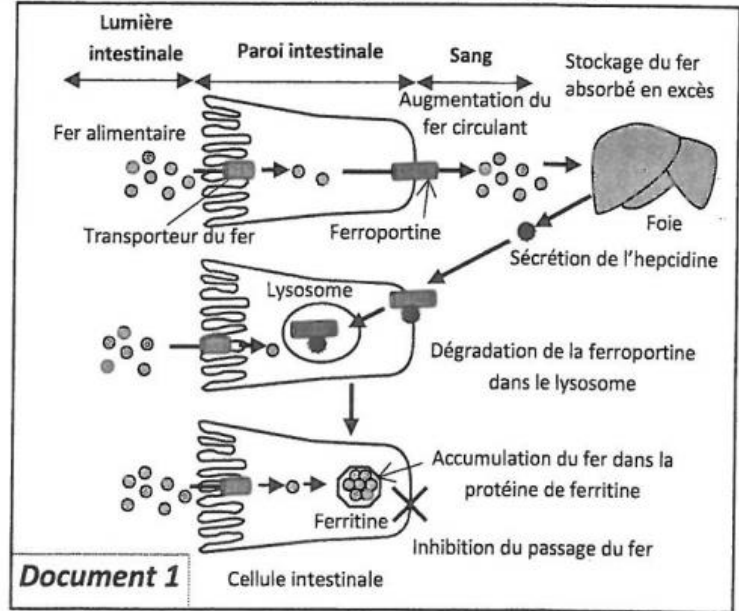
II. Génétique moléculaire.

Afin de déterminer la relation gène caractère, on propose l'étude de l'hémochromatose, une maladie héréditaire, qui entraîne chez l'Homme une accumulation progressive du fer dans le foie, le pancréas et le cœur.

Le fer est un minéral essentiel, impliqué dans de nombreuses réactions métaboliques, mais il devient toxique lorsque sa concentration dépasse les valeurs normales. Les stocks de fer sont strictement adaptés aux besoins de l'organisme. Cette régulation se fait sous l'effet de l'hépcidine, une protéine sécrétée par le foie, au niveau des cellules intestinales (entérocytes) où s'effectue l'absorption du fer alimentaire.

Le document 1 montre les éléments qui interviennent dans cette régulation.

1. A partir du document 1, **décrivez** le mécanisme de régulation des stocks de fer au niveau de l'organisme et **déduisez** l'effet de l'hépcidine. (1pt)



La synthèse hépatique de l'hépcidine est déclenchée par la protéine HFE. Cette protéine est codée par le gène HFE localisé sur le chromosome 6. Ce gène existe sous deux formes alléliques :

- L'allèle HFE sauvage codant pour une protéine HFE normale qui permet la synthèse normale de l'hépcidine chez une personne saine.
- L'allèle HFE muté codant pour une protéine HFE anormale qui induit la perturbation de la synthèse de l'hépcidine chez une personne atteinte de l'hémochromatose.

Le document 2 présente les séquences nucléotidiques codantes des deux allèles HFE (brin non transcrit de l'ADN) et le document 3 donne le tableau du code génétique.

Numéro du triplet :	278	279	280	281	282	283	284
Allèle HFE sauvage :	CAG	AGA	TAT	ACG	TGC	CAG	GTG
Allèle HFE muté	CAG	AGA	TAT	ACG	TAC	CAG	GTG

Document 2

Document 3

tableau du code génétique

2. En vous basant sur les documents 2 et 3, **déterminez** la séquence d'acides aminés de la protéine HFE correspondante à l'allèle HFE sauvage et à l'allèle HFE muté. (1 pt)

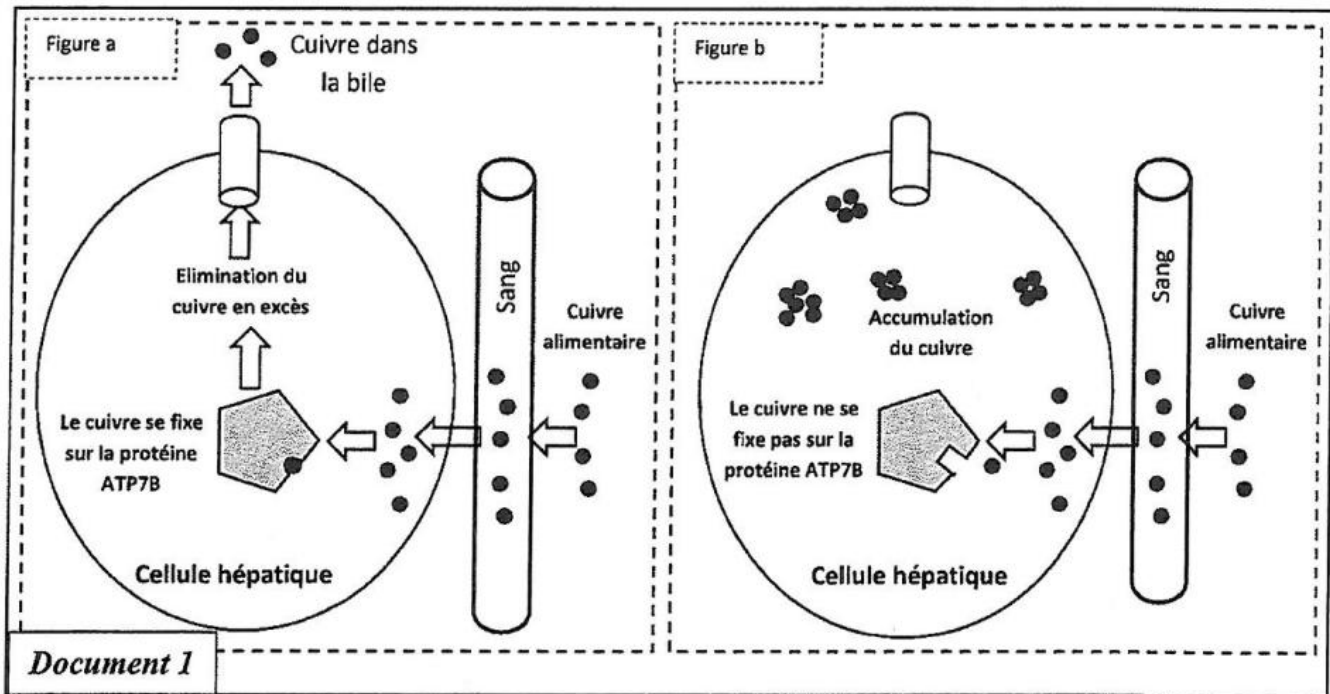
3. En vous basant sur les données précédentes, **expliquez** l'origine de l'hémochromatose en précisant la relation gène caractère. (2 pts)

Session rattrapage 2021

I. Génétique moléculaire.

Les personnes atteintes de la maladie de Wilson souffrent d'une fatigue, d'un amaigrissement, de troubles digestifs, du jaunissement, et de troubles hépatiques liés à la régulation du stock de cuivre dans l'organisme, cette régulation fait intervenir une protéine dite ATP7B. Pour mettre en évidence l'origine génétique de cette maladie on propose les données suivantes :

Le document 1 montre le trajet du cuivre en excès dans l'organisme chez une personne saine (figure a) et une personne atteinte de la maladie de Wilson (figure b).



Document 1

1. En vous basant sur le document 1, comparez le trajet du cuivre dans la cellule hépatique normale et dans la cellule hépatique d'une personne atteinte de la maladie de Wilson et déduisez la cause de la maladie de Wilson. (1.5 pt)

La synthèse de la protéine ATP7B est contrôlée par le gène ATP7B localisé sur le chromosome 13. Le document 2 montre la séquence nucléotidique d'un fragment du brin non transcrit du gène ATP7B chez une personne saine et une personne atteinte par la maladie de Wilson et le document 3 présente le tableau du code génétique.

Numéro des triplets :	776	777	778	779	780
L'allèle ATP7B d'une personne saine :	.. CTG	GGC	CGG	TGG	CTG..
L'allèle ATP7B d'une personne atteinte :	.. CTG	GGC	CTG	TGG	CTG..

Document 2

→ Sens de lecture

Document 3

tableau du code génétique

2. En vous basant sur les documents 2 et 3, déterminez la séquence d'acides aminés de la protéine ATP7B correspondante à la personne saine et à la personne atteinte. (1 pt)

3. A partir de ce qui précède, expliquez l'origine génétique de la maladie de Wilson. (1 pt)

II. Lois statistiques.

Pour déterminer le mode de transmission de deux caractères héréditaires chez le porc : la forme du pouce et la forme du pelage, on propose l'exploitation des résultats des deux croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre deux races pures de porc, l'une à pouce retourné "pollex" et à pelage ébouriffé "rough fur" et l'autre à pouce normal et à pelage non ébouriffé. La génération (F₁) est constituée d'individus à pouce retourné et à pelage ébouriffé.

- **Deuxième croisement** : entre des femelles de F₁ et des mâles à pouce normal et à pelage non ébouriffé. Ce croisement a donné une génération F'₂ composée de :

- 122 porc à pouce normal et à pelage non ébouriffé ;
- 118 porc à pouce retourné et à pelage ébouriffé ;
- 70 porc à pouce normal et à pelage ébouriffé ;
- 66 porc à pouce retourné et à pelage non ébouriffé.

1. **En vous basant** sur les résultats des deux croisements, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (1 pt)

2. **Donnez** l'interprétation chromosomique du deuxième croisement en établissant l'échiquier de croisement. (1.5 pt)

Utiliser les symboles *P* et *p* pour les allèles du gène contrôlant la forme du pouce et les symboles *R* et *r* pour les allèles du gène contrôlant la forme du pelage.

3. **Déterminez** le phénomène responsable de l'apparition des porcs à pouce normal et à pelage ébouriffé et des porcs à pouce retourné et à pelage non ébouriffé dans la génération F'₂. **Expliquez** ce phénomène par un schéma. (1.25 pt)

4. **Etablissez** la carte factorielle. (0.75 pt)

Session normale 2022

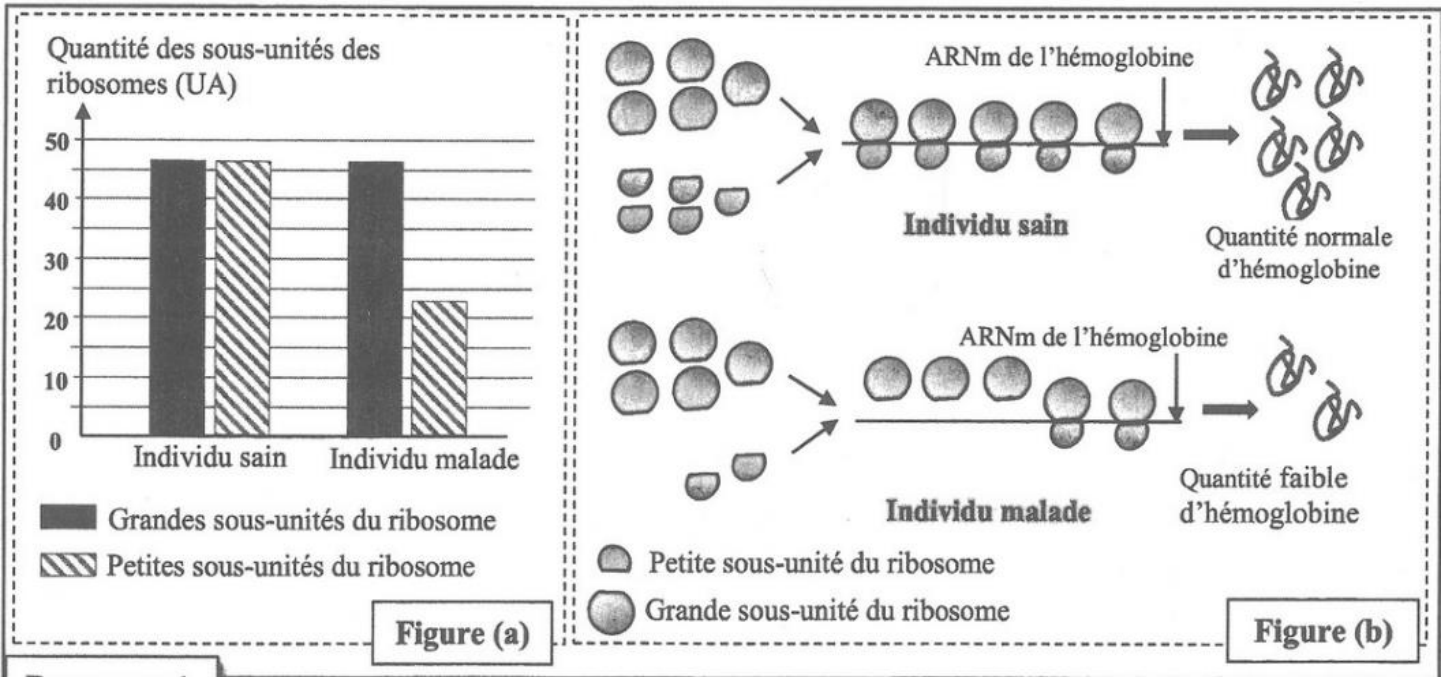
I. Génétique moléculaire.

Dans le cadre de l'étude de l'expression et de la transmission de l'information génétique, on présente les données suivantes :

I. L'anémie de Blackfan-Diamond est une maladie héréditaire rare, caractérisée particulièrement par un manque important en globules rouges et en hémoglobine contenue dans ces cellules. Elle est caractérisée aussi par une faiblesse musculaire et des problèmes cardiaques et respiratoires.

Afin de déterminer l'origine génétique de cette maladie, on propose les données suivantes :

• **Donnée 1** : On mesure la quantité des grandes sous-unités et celle des petites sous unités des ribosomes chez un individu sain et chez un individu malade. La figure (a) du document 1 donne les résultats obtenus. La figure (b) montre l'intervention des ribosomes au cours de la synthèse de l'hémoglobine au niveau des cellules précurseurs des globules rouges chez un individu sain et chez un individu malade.

**Document 1**

1. En vous basant sur la figure (a) du document 1, comparez la quantité des petites sous unités à celle des grandes sous-unités des ribosomes chez l'individu sain puis chez l'individu malade. Expliquez à partir de la figure (b), le manque en hémoglobine observé chez l'individu malade. (1pt)

• **Donnée 2 :** Les analyses ont montré que les cellules précurseurs des globules rouges chez les personnes malades présentent un déficit dans la production de la protéine RSP19 nécessaire à la formation des petites sous-unités ribosomiques. Les chercheurs ont identifié le gène codant pour cette protéine. Le document 2 présente un fragment du brin non transcrit de l'allèle normal et un autre de l'allèle anormal responsable de la maladie. Le document 3 présente un extrait du code génétique.

Numéros des triplets :

Fragment non transcrit
de l'allèle normal

Fragment non transcrit
de l'allèle anormal

11 15 20

CAGCAGGAGTTCGTCAGAGCCCTAAGAAGA

CAGCAGGAGTTCCTTCAGAGCCCGAAGAAGA

— Sens de lecture →

Document 2

Codons	CGA	AUA	CAA	CUU	GCU	GUU	GAA	UUU
	AGA	AUU	CAG	CUA	GCC	GUC	GAG	UUC
Acides Aminés	Arg	Ile	Gln	Leu	Ala	Val	Ac.glu	Phe

Document 3

2- En vous basant sur les documents 2 et 3, donnez les séquences d'ARNm et des acides aminés correspondant aux fragments de l'allèle normal et de l'allèle anormal, puis montrez la relation gène – protéine – caractère. (1,5 pts)

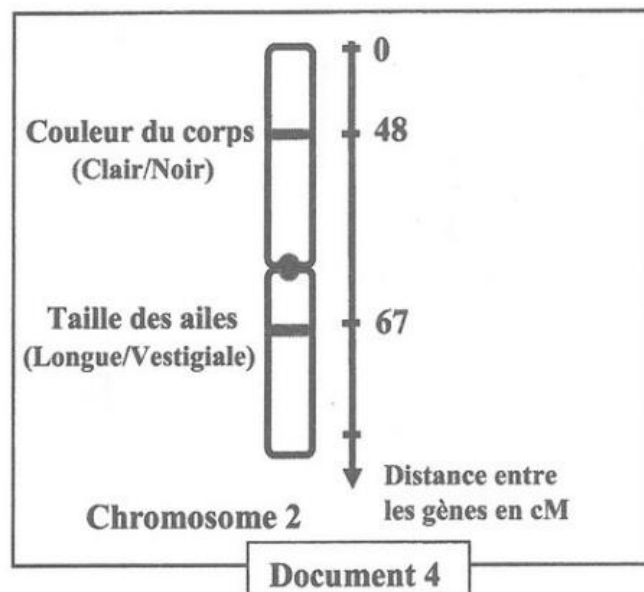
II. Lois statistiques

II. Afin d'étudier le mode de transmission de deux caractères héréditaires relatifs à la taille des ailes et à la couleur du corps chez la drosophile, on dispose de trois lignées : deux lignées **A** et **B** aux ailes longues (vg^+) et à corps clair (b^+) et une lignée **C** aux ailes vestigiales (vg) et à corps noir (b). On réalise deux croisements.

- ✓ **Croisement 1** : entre des individus de la lignée **A** et des individus de la lignée **C**. La génération obtenue est constituée de drosophiles qui ont toutes des ailes longues et un corps clair.

Le document 4 présente la position relative sur le chromosome 2 des deux gènes (loci) responsables des deux caractères étudiés chez la drosophile.

3- En exploitant les résultats du croisement 1 et les données du document 4, **déterminez** le mode de transmission des deux caractères étudiés. (0,5 pt)



- ✓ **Croisement 2** : entre des individus de la lignée **B** et des individus de la lignée **C**. La génération obtenue est constituée de :

Deux phénotypes parentaux	Deux phénotypes recombinés
- Drosophiles aux ailes longues et à corps clair	- Drosophiles aux ailes longues et à corps noir
- Drosophiles aux ailes vestigiales et à corps noir	- Drosophiles aux ailes vestigiales et à corps clair

4- En vous basant sur les résultats des deux croisements et sur les données du document 4, **donnez** les génotypes des trois lignées **A**, **B** et **C**. **Justifiez** votre réponse. (1 pt)

NB : Utilisez les symboles suivants (vg^+ , vg) pour les allèles du gène responsable de la taille des ailes et (b^+ , b) pour les allèles du gène responsable de la couleur du corps.

5- En vous basant sur le document 4 et en **vous aidant** d'un échiquier de croisement, **donnez** l'interprétation chromosomique du deuxième croisement (lignée **B** x lignée **C**) en **déterminant** les pourcentages attendus des gamètes et des différents phénotypes. (1 pt)

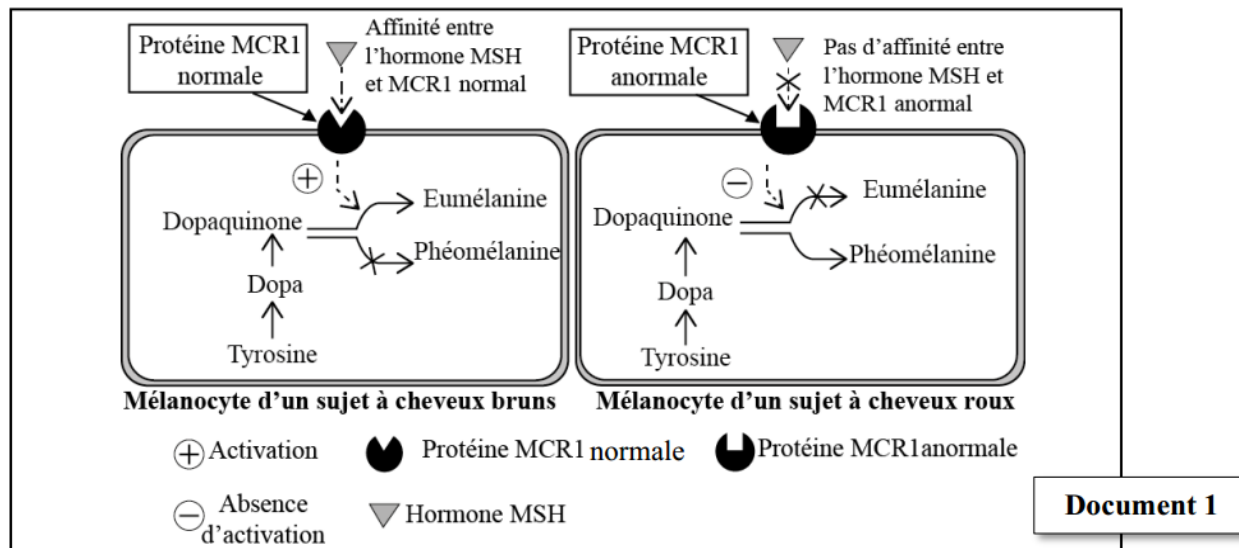
Session rattrapage 2022

I. Génétique moléculaire.

Dans le cadre de l'étude de l'expression et de la transmission de l'information génétique, on présente les données suivantes :

I. La mélanine est le pigment à l'origine de la couleur des cheveux. Elle est produite par les mélanocytes situés à la base du cheveu à partir de l'acide aminé « Tyrosine ». Il existe deux types de mélanine : l'eumélanine brun noirâtre et la phéomélanine jaune orangée.

Les chercheurs ont établi la relation entre la coloration des cheveux et une protéine membranaire MCR1 (un récepteur) des mélanocytes. Ce récepteur est activé par une hormone appelée MSH. Le document 1 présente la relation entre l'état de cette protéine et la coloration des cheveux.



1. En exploitant les données du document 1, montrez la relation : caractère « couleur des cheveux » - protéine. (1 pt)

La synthèse de la protéine MCR1 est contrôlée par un gène qui porte le même nom (MCR1).

Le document 2 présente deux fragments des brins transcrits de deux allèles MCR1 : l'un sauvage responsable de la couleur brune des cheveux et l'autre muté responsable de la couleur rousse.

Le document 3 présente un extrait du code génétique.

Numéros de Triplets	1	2	3	4	5	6	7
Fragment de l'allèle sauvage :	 AGC	ATA	GCT	TAA	GGT	ACA	TCG
Fragment de l'allèle muté :	 AGC	ATA	GCT	TGA	GGT	ACA	TCG

Document 2

Codons	CGA CGG	UGU UGC	AGC UCG	CCA CCG	UAU UAC	AUU AUC	ACU ACA
Acides aminées	Arg	Cys	Sér	Pro	Tyr	Ile	Thr

Document 3

2. En vous basant sur les documents 2 et 3, donnez les séquences d'ARNm et des acides aminés correspondant à chacun des fragments des deux allèles MCR1 sauvage et muté, puis expliquez l'origine génétique de la différence de la coloration des cheveux. (1,5 pt)

II. Lois statistiques.

II. Pour étudier la transmission de deux caractères : la couleur et l'aspect de la coloration des poils chez les souris, on propose les deux croisements suivants :

● **Croisement 1** : entre des souris à poils gris et uniformes et des souris à poils blancs et panachés. Ce croisement a donné une première génération F1 composée d'individus à poils gris et uniformes.

3. Que déduisez-vous des résultats de ce croisement ? (0,75 pt)

● **Croisement 2** : entre des souris de F1 et des souris à poils blancs et panachés. Ce croisement a donné :

- 69 souris à poils gris et uniformes.
- 70 souris à poils blancs et uniformes.
- 71 souris à poils blancs et panachés.
- 72 souris à poils gris et panachés.

4. Déduisez si les deux gènes étudiés sont liés ou indépendants. Justifiez votre réponse. (0,5 pt)

5. Interprétez les résultats du croisement 2 en utilisant un échiquier de croisement. (1,25 pt)

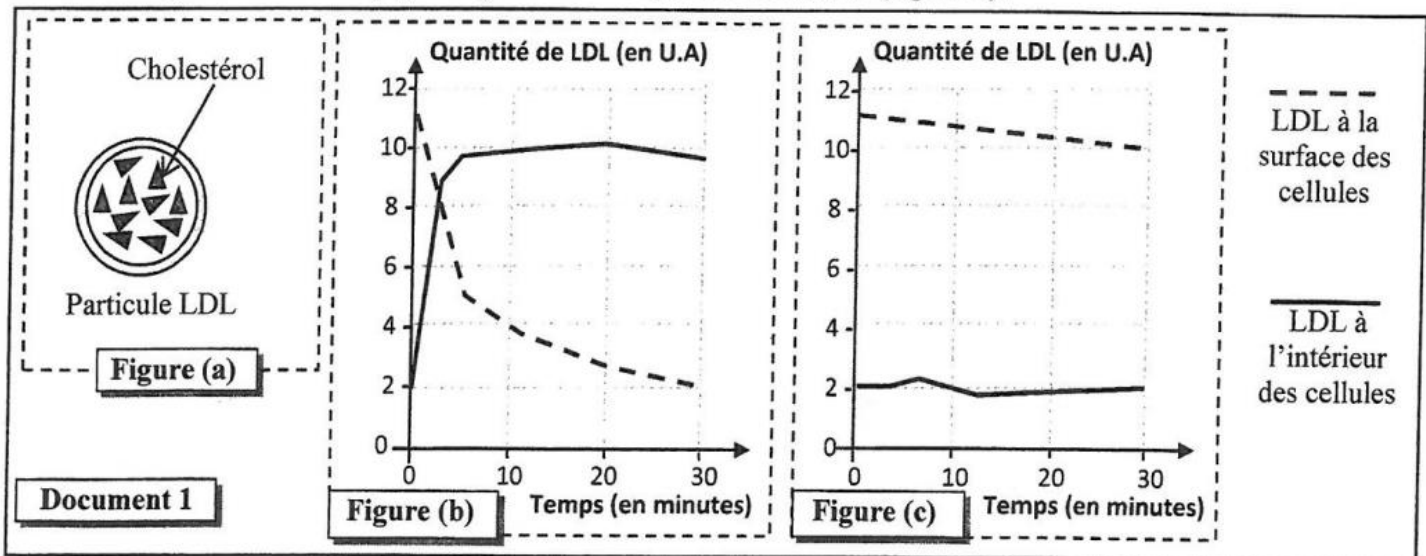
NB : Utilisez les symboles G et g pour désigner les allèles du gène de la couleur des poils, et les symboles H et h pour désigner les allèles du gène de l'aspect de la coloration des poils.

Session normale 2023

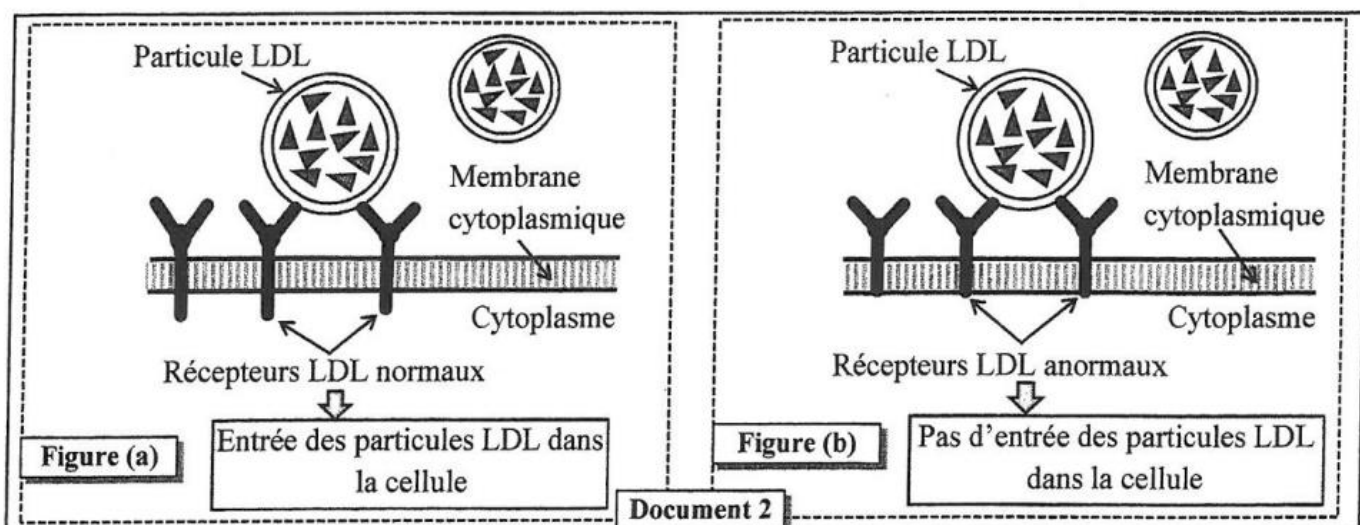
I. Génétique moléculaire.Page |
23

L'hypercholestérolémie familiale (HCF) est une maladie héréditaire qui se caractérise par un taux de cholestérol sanguin supérieur à la normale. Afin d'expliquer l'origine génétique de l'une des formes de cette maladie on présente les données suivantes :

- **Donnée 1 :** Le cholestérol est transporté dans le sang sous forme de particules appelées LDL (*Low-Density Lipoprotein*). La figure (a) du document 1 présente un schéma simplifié d'une particule LDL. Pour déterminer le devenir des LDL au niveau cellulaire, des cellules d'une personne saine et d'une personne atteinte de HCF sont cultivées en présence de LDL radioactifs. Le même document montre l'évolution de la quantité de LDL (estimée par la radioactivité) à l'intérieur des cellules et à leurs surfaces chez une personne saine (figure b) et chez une personne malade (figure c).



- **Donnée 2 :** Les particules LDL sont capables de se fixer sur des récepteurs membranaires de nature protéique. Le document 2 représente le rôle de ces récepteurs dans l'entrée des particules LDL à l'intérieur des cellules chez une personne saine (figure a) et chez une personne malade (figure b).



1. En se basant sur le document 1, **comparer** les résultats obtenus chez la personne malade à ceux obtenus chez la personne saine. (0.5pt)
2. En se basant sur les données précédentes et sur le document 2, **montrer** la relation protéine – caractère. (0.5 pt)

- **Donnée 3** : La synthèse des récepteurs LDL est contrôlée par un gène nommé LDLR. Le document 3 présente un fragment du brin non transcrit de l'allèle LDLR normal et un autre de l'allèle LDLR anormal responsable de la maladie HCF. Le document 4 présente un extrait du code génétique.

Numéros des triplets : 29 30 31 32 33 34 35

Fragment de l'allèle LDLR normal : AGA-AAC-GAG-TTC-CAG-TGC-CAA

Fragment de l'allèle LDLR anormal : AGA-AAC-GAG-TTC-TAG-TGC-CAA

Document 3

→ Sens de lecture

Codons	UGC	CAA	UUU	AGG	AAU	UCC	GAA	UAG
	UGU	CAG	UUC	AGA	AAC	UCG	GAG	UGA
Acides aminés	Cys	Gln	Phe	Arg	Asn	Ser	Glu	Non-sens

Document 4

3. En se basant sur les documents 3 et 4, **donner** les séquences d'ARNm et des acides aminés correspondant aux fragments des deux allèles étudiés, puis **expliquer** l'origine génétique de la maladie. (1.5pts)

II. Lois statistiques

Dans le cadre de l'étude de la transmission des caractères héréditaires chez les diploïdes, on propose l'étude de la transmission de deux caractères chez les chats :

- la couleur du pelage : couleur orange ou couleur noire ou bicolore.
- la taille des poils : poils longs ou poils ras (très courts).

Deux croisements entre des parents de races pures ont été réalisés.

Croisement	Parents		Descendance
	Mâle de couleur orange et à poils longs	X Femelle de couleur noire et à poils ras	- 50% mâles de couleur noire à poils ras - 50% femelles bicolores à poils ras

1. En exploitant les résultats de ce croisement, **déterminer** le type de dominance pour chaque gène. Justifier la réponse. (0.5pt)

Afin d'expliquer la relation entre les deux gènes étudiés, deux hypothèses ont été proposées :

- **Hypothèse 1** : Les deux gènes étudiés sont liés et portés par le même chromosome X.
- **Hypothèse 2** : Les deux gènes étudiés sont indépendants, l'un est porté par le chromosome X et l'autre est porté par un autosome.

Pour vérifier les hypothèses proposées, un deuxième croisement entre des parents de races pures a été réalisé. Le tableau ci-dessous présente les résultats obtenus.

Croisement	Parents		Descendance
	Mâle de couleur noire et à poils ras	X Femelle de couleur orange et à poils longs	- 50% mâles de couleur orange à poils ras - 50% femelles bicolores à poils ras

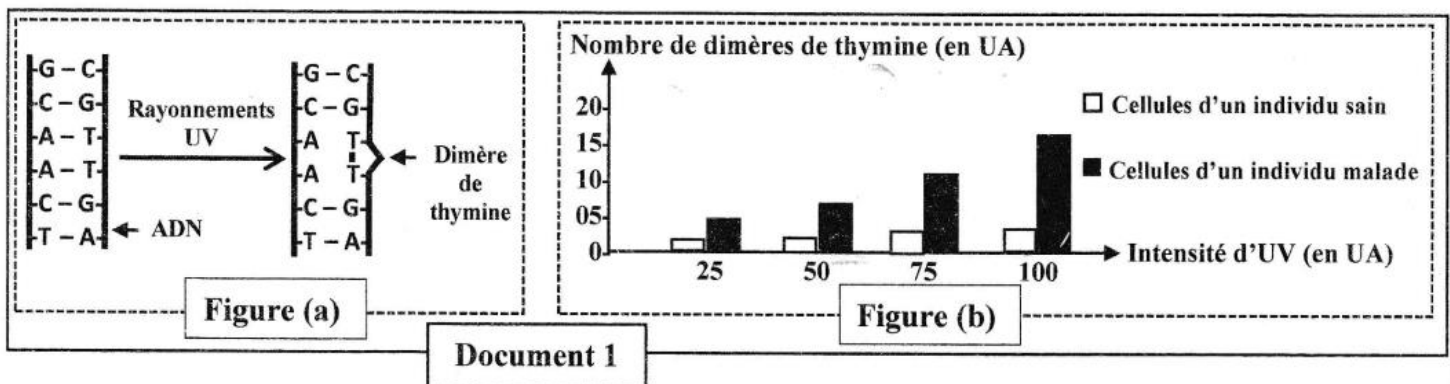
2. En se basant sur les deux croisements, **montrer** que les deux gènes étudiés sont indépendants, puis **vérifier** les deux hypothèses proposées. (1pt)
3. En se basant sur un échiquier de croisement, **réaliser** l'interprétation chromosomique du croisement 2. (1 pt)
- ✓ Utiliser les symboles suivants :
- N ou n pour l'allèle responsable de la couleur noire et O ou o pour l'allèle responsable de la couleur orange.
 - L ou l pour l'allèle responsable des poils longs et R ou r pour l'allèle responsable des poils ras.

Session rattrapage 2023

I. Génétique moléculaire.

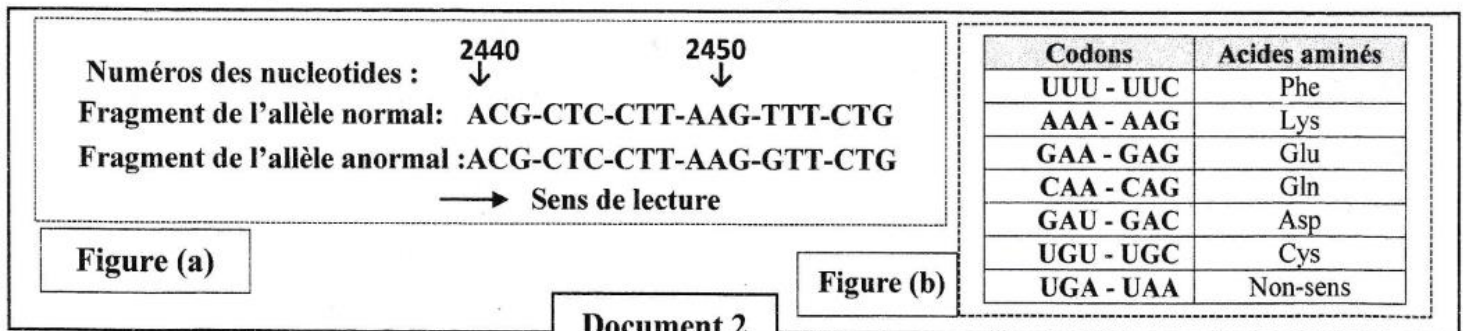
Xeroderma pigmentosum (XP) est une maladie héréditaire rare, caractérisée par des symptômes tels que la forte sensibilité aux rayonnements ultraviolets (UV) et des lésions cutanées. Afin de comprendre certains aspects de la maladie, on propose les données suivantes :

- **Donnée 1 :** XP est la conséquence de la perte des cellules de leur capacité à réparer les erreurs survenus au niveau de l'ADN. L'exposition aux rayonnements UV provoque chez les enfants atteints des lésions cutanées qui peuvent évoluer en cancer. Ces rayonnements entraînent des modifications de la structure de l'ADN en formant une liaison covalente entre deux thymine (T) successives du même brin d'ADN, on parle de dimères de thymine (figure (a) du document 1).
- **Donnée 2 :** Des cellules prélevées chez un individu sain et chez un individu malade sont mises en culture puis soumises à des intensités croissantes de rayonnements UV. Après 24 heures, on mesure dans les deux cultures le nombre de dimères de thymine en fonction de l'intensité des rayonnements UV. La figure (b) du document 1 représente les résultats de cette expérience.



1. En se basant sur les données 1 et 2, **dégager** la différence observée dans les résultats obtenus entre les cellules des deux individus puis **déduire** l'effet de l'intensité des rayons UV sur l'ADN de l'individu malade. (0.5 pt)

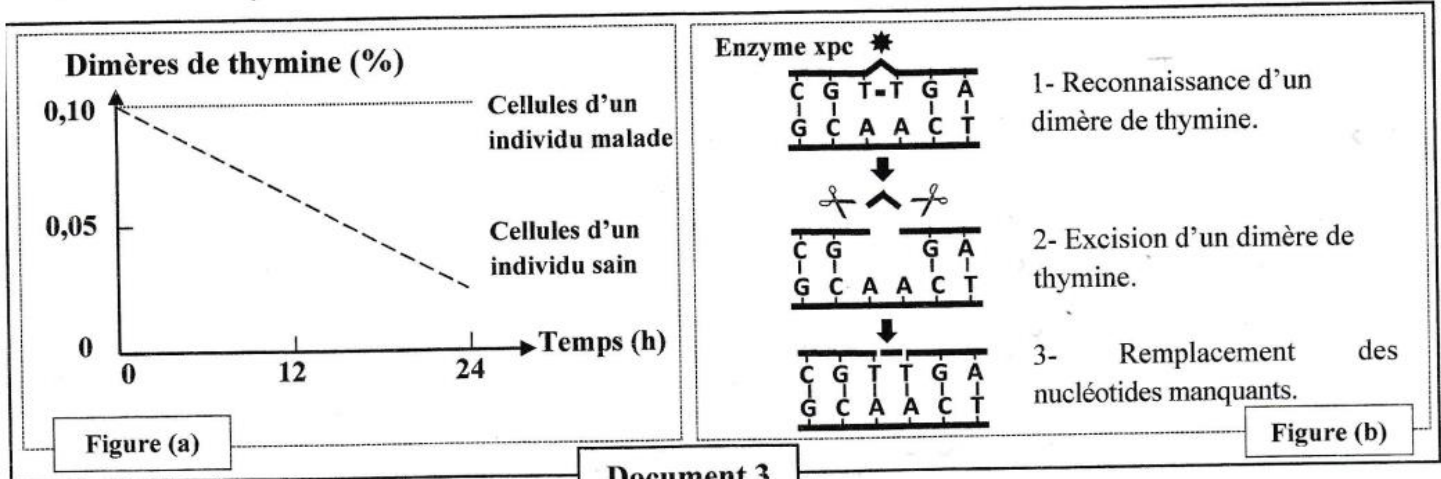
- **Donnée 3 :** Les cellules de l'organisme contiennent des enzymes qui assurent la réparation de l'ADN en cas d'altération. Le gène XPC code pour une enzyme **xpc** qui intervient dans le processus de réparation des dimères de thymine. Cette enzyme est non fonctionnelle chez les personnes atteintes de XP. Le gène XPC existe sous deux formes alléliques. La figure (a) du document 2 présente deux fragments d'ADN du brin transcrit de l'allèle normal d'un individu sain et de l'allèle anormal d'un individu malade. la figure (b) du même document présente un extrait du tableau du code génétique.



2. En se basant sur les données du document 2, **donner** la séquence de l'ARNm et la séquence des acides aminés correspondant à chacun des fragments des deux allèles et **expliquer** l'origine génétique de la maladie. (1. 5 pt)

- **Donnée 4 :** Afin de comprendre le rôle de l'enzyme xpc, des cellules prélevées chez un individu sain et chez un individu atteint de la maladie XP, sont mises en culture puis sont soumises à la même intensité du rayonnement UV. Après l'arrêt de ce rayonnement, on suit l'évolution du pourcentage des dimères de thymine

dans l'ADN des deux cultures en fonction du temps. La figure (a) du document 3 présente les résultats de cette expérience et la figure (b) du même document montre l'intervention de l'enzyme xpc au cours de la réparation des dimères de thymine dans l'ADN.



3. En se basant sur le document 3 et les données précédentes, **dégager** la différence observée dans l'évolution du pourcentage des dimères de thymine entre les cellules de l'individu malade et celles de l'individu sain, puis **montrer** la relation entre ces résultats et les symptômes de la maladie XP. (0.5 pt)

II. Lois statistiques.

Dans le cadre de l'étude de la transmission de deux caractères héréditaires chez la drosophile : la couleur du corps et la forme des ailes, on propose les données suivantes :

• **Donnée 1** : A partir de souches de lignées pures (P1) et (P2), on propose les croisements suivants :

➤ **Croisement I** : entre des drosophiles femelles à corps gris et ailes normales (P1) et des drosophiles mâles à corps noir et ailes tronquées (P2), on obtient une génération (F1) formée de drosophiles à corps gris et ailes normales. Le croisement réciproque donne le même résultat.

➤ **Croisement II** : entre des drosophiles femelles de la génération (F1) et des drosophiles mâles (P2), on obtient une descendance F'2 présentant quatre phénotypes :

- Drosophiles à corps gris et ailes normales.
- Drosophiles à corps noir et ailes tronquées.
- Drosophiles à corps gris et ailes tronquées.
- Drosophiles à corps noir et ailes normales.

1. Que peut-on **déduire** du croisement I ? (0.75 pt)

• **Donnée 2** : Le document 1 représente un extrait de la carte factorielle du chromosome 2 chez la drosophile.

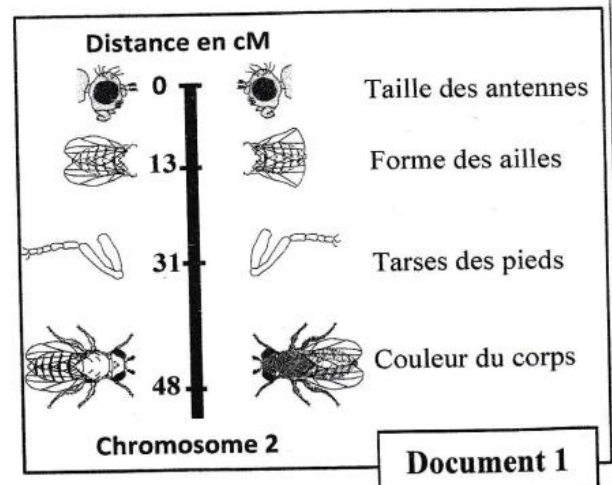
2- En exploitant le document 1 et les deux croisements :

- Donner** les génotypes des parents dans les deux croisements I et II. (0.75 pt)
- Calculer** les pourcentages théoriques des quatre phénotypes obtenus en F'2. (0.5 pt)

3. **Réaliser** un schéma des étapes de la formation des gamètes des femelles F1, expliquant l'apparition des phénotypes recombinés à la génération F'2 **en précisant** l'emplacement des allèles étudiés. (0.5 pt)

Utiliser les symboles suivants :

- G et g pour les allèles responsables de la couleur du corps.
- T et t pour les allèles responsables de la forme des ailes.



Session normale 2022

I. Génétique moléculaire.Page |
27

Dans le cadre de l'étude des mécanismes de l'expression de l'information génétique et de la transmission de certains caractères héréditaires, on propose l'exploitation des données suivantes :

I. L'émail dentaire est un tissu minéralisé dur qui recouvre la partie externe des dents et les protège. La formation de l'émail dentaire (Amélogénèse) est réalisée par des cellules appelées améloblastes. Ces cellules sécrètent une protéine « Amélogénine » responsable de l'amélogénèse. L'amélogénèse imparfaite est une maladie héréditaire, qui se caractérise par des difficultés de mastication et des douleurs dentaires. Pour comprendre l'origine génétique de cette maladie, on propose l'exploitation des données suivantes :

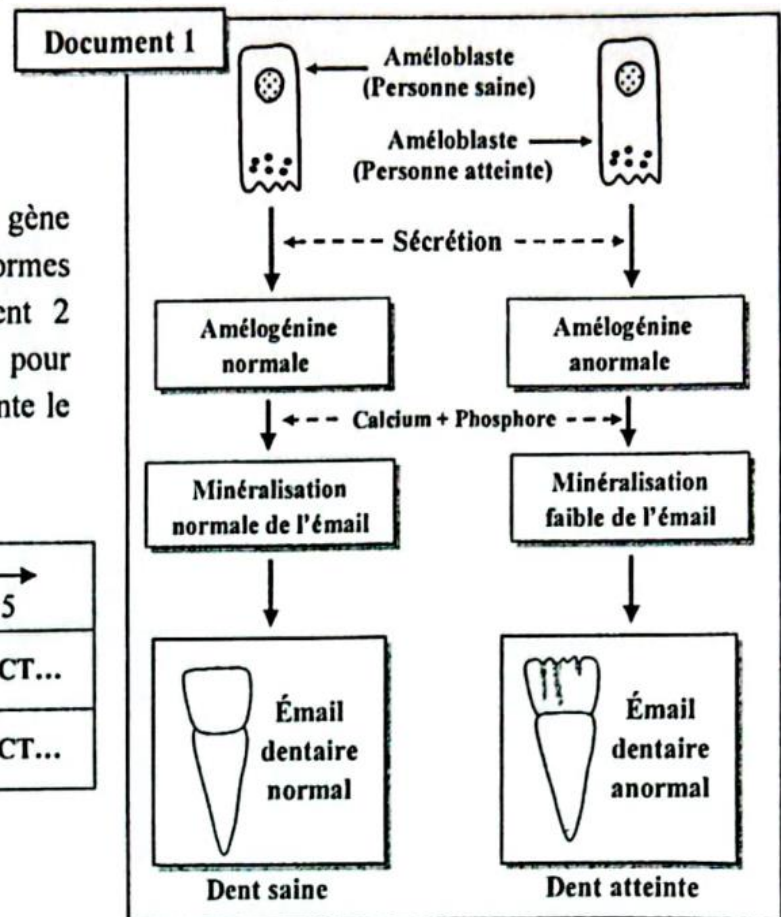
• **Donnée 1 :** Le document 1 représente la relation entre l'amélogénine et l'état de l'émail dentaire chez une personne saine et chez une personne atteinte par l'amélogénèse imparfaite.

1. En se basant sur le document 1, montrer la relation protéine – caractère. (1 pt)

• **Donnée 2 :** L'amélogénine est codée par un gène nommé « AMELX » qui existe sous deux formes alléliques : normale et mutée. Le document 2 présente un fragment du brin non transcrit pour chacun des deux allèles. Le document 3 présente le tableau du code génétique.

Numéros des triplets	Sens de lecture → 1 2 3 4 5
Fragment de l'allèle normal	... AAT CAT CCC CGT GCT...
Fragment de l'allèle muté	... AAT CAT CTC CGT GCT...

Document 2



Document 3

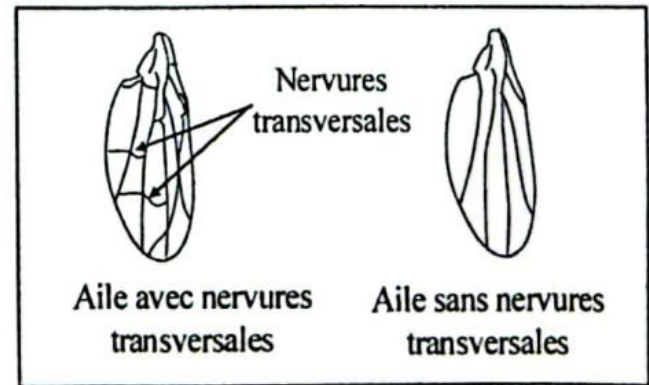
tableau du code génétique

2. En se basant sur les données des documents 2 et 3, déterminer la séquence de l'ARNm et la séquence des acides aminés correspondantes à chacun des fragments de l'allèle normal et de l'allèle muté puis expliquer l'origine génétique de l'amélogénèse imparfaite. (2pts)

II. Lois statistiques

II. Pour comprendre le mode de transmission de deux caractères héréditaires chez la drosophile : la couleur du corps et l'aspect des nervures des ailes. On propose l'exploitation des résultats des croisements suivants :

- **Premier croisement** : entre des femelles de race pure à corps gris et aux ailes avec nervures transversales et des mâles de race pure à corps jaune et aux ailes sans nervures transversales. La génération F_1 obtenue est composée d'individus à corps gris et aux ailes avec nervures transversales.



- **Deuxième croisement** : entre des femelles de race pure à corps jaune et aux ailes sans nervures transversales et des mâles de race pure à corps gris et aux ailes avec nervures transversales. La génération F_1 obtenue est composée de femelles à corps gris et aux ailes avec nervures transversales et de mâles à corps jaune et aux ailes sans nervures transversales.

3. En vous **basant** sur les résultats des deux croisements, **déterminer**, en **justifiant** votre réponse, le mode de transmission des deux caractères héréditaires étudiés. (1.5pt)

4. Sachant que la distance entre les deux gènes étudiés est : 13,4 cM, **donner** les résultats attendus du croisement entre les individus de F_1 issus du premier croisement en vous aidant d'un échiquier de croisement. (1.5 pt)

Utilisez les symboles « G » et « g » pour le caractère couleur du corps et les symboles « N » et « n » pour le caractère aspect des nervures des ailes.

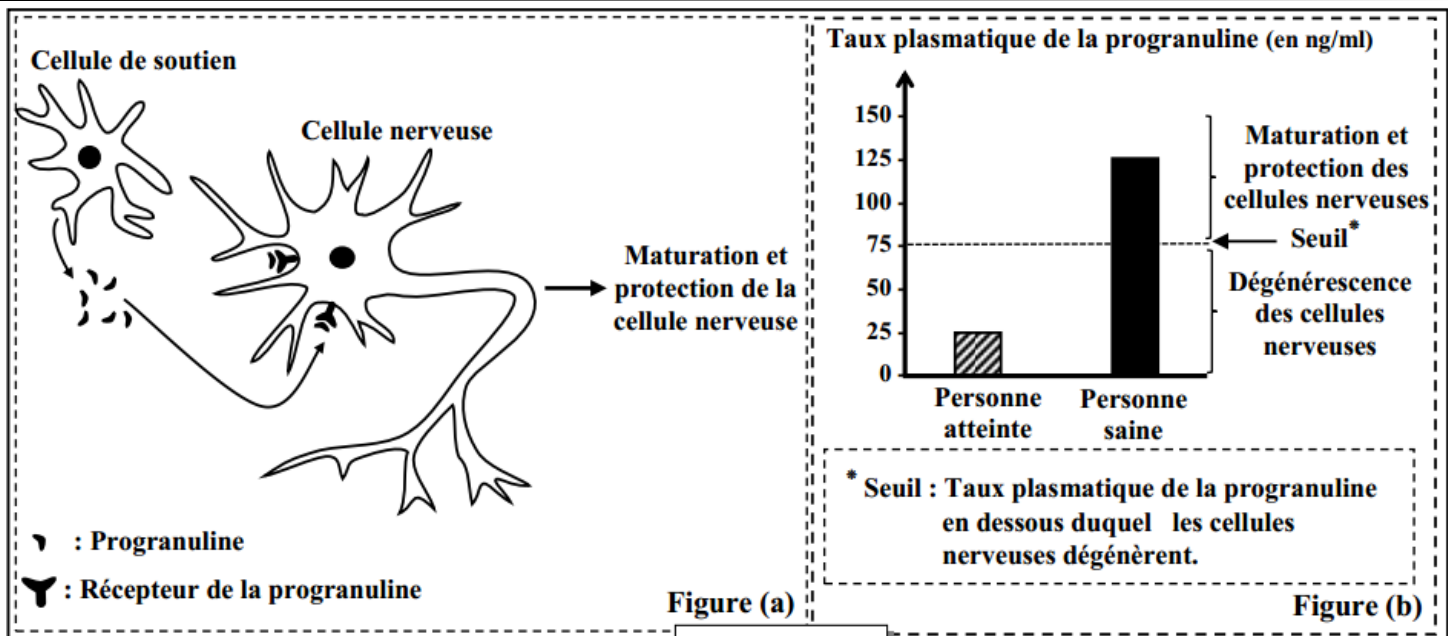
Session rattrapage 2024

I. Génétique moléculaire.

Afin d'étudier les mécanismes de l'expression de l'information génétique et de la transmission de certains caractères héréditaires, on propose l'exploitation des données suivantes :

I. La dégénérescence lobaire fronto-temporale (DLFT) est une maladie neurodégénérative qui se caractérise par des troubles de motricité. Les recherches ont montré un lien entre la DLFT et une protéine nommée « **Progranuline** » codée par le gène PRG dans le tissu nerveux du cortex cérébral. Afin de comprendre l'origine génétique de cette maladie, on propose les données suivantes :

● **Donnée 1** : La progranuline est sécrétée par des cellules de soutien au niveau du cortex cérébral et agit sur les cellules nerveuses. La figure (a) du document 1 représente l'effet de la progranuline sur les cellules nerveuses chez une personne saine et la figure (b) du même document représente le taux plasmatique de la progranuline normale chez une personne saine et chez une personne atteinte de la DLFT.



Document 1

1. En se basant sur les données du document 1, **décrire** le mode d'action de la progranuline sur les cellules nerveuses puis **montrer** la relation entre le taux plasmatique de la progranuline et l'état de santé de la personne. (0.75pt)

1. En se basant sur les données du document 1, **décrire** le mode d'action de la progranuline sur les cellules nerveuses puis **montrer** la relation entre le taux plasmatique de la progranuline et l'état de santé de la personne. (0.75pt)

● **Donnée 2** : Le document 2 présente un fragment du gène PRG ainsi que la séquence peptidique qui lui correspond chez une personne saine et chez une personne atteinte de la DLFT.

		Sens de lecture →									
■ Chez une personne saine :											
Numéros des triplets	{	489	490	491	492	493	494	495	496	497	Brin non transcrit
Fragment du gène PRG	{	AAC	GTG	AAG	GCT	CGA	TCC	TGC	GAG	AAG	
	{	TTG	CAC	TTC	CGA	GCT	AGG	ACG	CTC	TTC	Brin transcrit
Séquence peptidique correspondante	{										
■ Chez une personne atteinte de DLFT :											
Numéros des triplets	{	489	490	491	492	493	494	495	496	497	Brin non transcrit
Fragment du gène PRG	{	AAC	GTG	AAG	GCT	TGA	TCC	TGC	GAG	AAG	
	{	TTG	CAC	TTC	CGA	ACT	AGG	ACG	CTC	TTC	Brin transcrit
Séquence peptidique correspondante	{										
Remarque : UGA, UAA et UAG sont des codons non-sens (Codons STOP)											

Document 2

2. En exploitant le document 2, **expliquer** l'origine génétique de la DLFT. (1.25pt)

II. Lois statistiques.

II. Pour comprendre le mode de transmission de deux caractères héréditaires non liés au sexe chez les souris : la couleur du corps (jaune ou gris) et la longueur des poils (courts ou longs), les chercheurs ont supposé que les deux caractères sont gouvernés par deux gènes indépendants. Pour vérifier l'hypothèse proposée, ces chercheurs ont réalisé les croisements suivants :

Croisement 1:

Parents	Génération F ₁
Souris femelles jaunes à poils courts X Souris mâles jaunes à poils longs	-102 souris jaunes à poils longs - 49 souris grises à poils longs

3. Selon l'hypothèse des chercheurs et à partir des résultats du croisement 1 :

- Déterminer** le type de dominance pour chaque gène puis **donner** les génotypes des parents du premier croisement. **Justifier** votre réponse. (1.5pt)
- Expliquer** les résultats du croisement 1 **en utilisant** l'échiquier de croisement. (1.5pt)

Utiliser les symboles : G et g pour la couleur du corps ; L et l pour la longueur des poils.

Croisement 2:

Parents	Génération F' ₂
Souris femelles jaunes à poils longs de la génération F ₁ X Souris mâles grises à poils courts	110 souris jaunes à poils courts 114 souris jaunes à poils longs 114 souris grises à poils courts 114 souris grises à poils longs

4. A partir du croisement 2, **montrer** que les résultats obtenus sont compatibles avec la troisième loi de Mendel puis **vérifier** l'hypothèse proposée. (1pt)

لا تنسونا من صالح دعائكم.
ووفقكم الله لما يحبه ويرضاه.
الأستاذ : ادريس الرحالي.