

SVT	<b>Thème 1A : Génétique et évolution</b>	Term Spécialité
AP	<b>Chapitre 1 : L'origine du génotype des individus</b>	ESTHER

### Entraînement à la résolution d'exercices en génétique

On s'intéresse aux résultats de croisements portant sur deux caractères du pois. La couleur verte ou jaune des graines est déterminée par les allèles  $C_j$  et  $C_v$  du gène C. La forme lisse ou ridée des graines est déterminée par les allèles  $F_L$  et  $F_r$  du gène F.



© Belin Éducation/Humensis, 2020 Manuel SVT Terminale spécialité  
© Diane Rottner

Questions	Guide de résolution / Correction																														
1. Écrivez le génotype des plants P1 et celui des plants P2.	Retrouvez la définition d'une lignée pure. Une lignée pure est une lignée avec uniquement des individus homozygotes. Leur phénotype correspond donc à leur génotype. Par exemple le parent P1 a 2 allèles lisses et 2 allèles jaunes.																														
2. Quelles informations peut-on tirer des résultats du premier croisement ?	Écrivez le génotype des individus F1. Identifiez l'allèle dominant et l'allèle récessif. D'après le 1 <sup>er</sup> croisement, tous les individus issus de la rencontre d'un parent [lisse, jaune] et d'un parent [ridée, verte] sont des individus [lisse, jaune]. J'en déduis que les allèles « Lisse », nommés L, sont dominants sur les allèles ridées, nommés l. De même, les allèles « Jaune », nommés J, sont dominants sur les allèles verts, nommés j. Le génotype de F1 est donc : (Jj,Ll) et son phénotype [J,L]																														
3. Déterminez si les gènes C et F sont liés ou non.	Construisez un échiquier de croisement et comparez les résultats obtenus avec les proportions théoriques données par l'échiquier. D'après mes connaissances, si les gènes sont indépendants, c'est-à-dire portés par des chromosomes différents, les phénotypes de la F2 sont équiprobables.  Tableau de croisement du test-cross entre un individu F1 et un individu double-récessif <table border="1" style="margin: 10px auto; border-collapse: collapse; text-align: center;"> <tr> <td style="padding: 5px;">Gamètes</td> <td style="padding: 5px;">(LJ)</td> <td style="padding: 5px;">(Lj)</td> <td style="padding: 5px;">(lJ)</td> <td style="padding: 5px;">(lj)</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">(lj)</td> <td style="padding: 5px;">(Ll,Jj)</td> <td style="padding: 5px;">(Ll,jj)</td> <td style="padding: 5px;">(ll,Jj)</td> <td style="padding: 5px;">(ll,jj)</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">Phénotype F2</td> <td style="padding: 5px;">[LJ]</td> <td style="padding: 5px;">[Lj]</td> <td style="padding: 5px;">[lJ]</td> <td style="padding: 5px;">[lj]</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">Résultats observés</td> <td style="padding: 5px;">23</td> <td style="padding: 5px;">26</td> <td style="padding: 5px;">25</td> <td style="padding: 5px;">24</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">% observés</td> <td style="padding: 5px;">23 %</td> <td style="padding: 5px;">26 %</td> <td style="padding: 5px;">25 %</td> <td style="padding: 5px;">24 %</td> </tr> <tr> <td style="padding: 5px;">Résultats théoriques</td> <td style="padding: 5px;">25 %</td> <td style="padding: 5px;">25 %</td> <td style="padding: 5px;">25 %</td> <td style="padding: 5px;">25 %</td> </tr> </table> Les résultats observés correspondent aux résultats théoriques d'un brassage interchromosomique : les 2 gènes C et F étudiés sont donc indépendants.	Gamètes	(LJ)	(Lj)	(lJ)	(lj)	(lj)	(Ll,Jj)	(Ll,jj)	(ll,Jj)	(ll,jj)	Phénotype F2	[LJ]	[Lj]	[lJ]	[lj]	Résultats observés	23	26	25	24	% observés	23 %	26 %	25 %	24 %	Résultats théoriques	25 %	25 %	25 %	25 %
Gamètes	(LJ)	(Lj)	(lJ)	(lj)																											
(lj)	(Ll,Jj)	(Ll,jj)	(ll,Jj)	(ll,jj)																											
Phénotype F2	[LJ]	[Lj]	[lJ]	[lj]																											
Résultats observés	23	26	25	24																											
% observés	23 %	26 %	25 %	24 %																											
Résultats théoriques	25 %	25 %	25 %	25 %																											