الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITE DE BATNA 2 CHAHID MOSTEFA BENBOULAID

Faculté de Médecine
Département de Pharmacie
Module : Génétique
2ème Année Pharmacie
Année 2023/2024

CORRIGÉ-TYPE
EMD 1

Réponse 01 : (5 pts)

Toute la descendance est de (14 + 47+ 19)= 80

On calcule le nombre des génotypes

80 individus → 16 génotypes
14 [crème] → X génotypes
X=16x14/80=2.8≈03 — 0.5 pt

80 individus → 16 génotypes
47 [noir] → Y génotypes
Y=16x47/80=9.4≈09 — 0.5 pt

80 individus → 16 génotypes
19 [albinos] → Z génotypes
Z=16x19/80=3.8≈04 — 0.5 pt

rapport épistatique est approché par cette descendance est — 0.75 pt

9:4:3 — Epistasie récessive

	[noir]	[noir]
P	AaBb	AaBb
G	AB	AB
	Ab	Ab
	aB	aB
	ab	ab

2 pts

F			
	(A-B-)	09/16	[noir]
	(aaB-)	03/16	[crème]
	(A-bb)	03/16	04/16 [albinos]
	(aabb)	01/16	

C'est un exemple d'épistasie récessive.

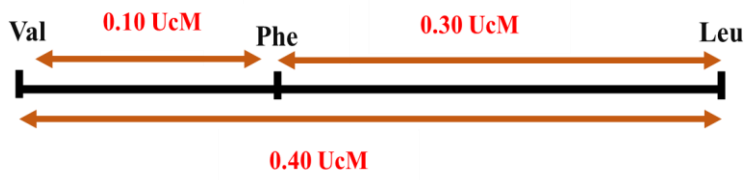
bb. L'état récessif est épistatique aux allèles du locus ***A.*** — 0.75 pt

Réponse 02 : **(7 pts)**

Nous allons établir l'ordre des trois gènes en calculant la distance entre chaque paire de gènes à l'aide de la formule suivante : Distance = (nombre de nouveaux recombinants / total), comme mentionné dans le tableau ci-dessous. 1 pt

Gènes	Génotypes	Types	N^{bre} de colonies	Distance (UcM)
Leu+, Val+	Leu+, Val- Leu-, Val+ Leu+, Val+	Recombinant Recombinant Parental	1180+2600 = 3780 685+3660 = 4345 11970+107 = 12077	0.40
Val+, Phe+	Phe+, Val- Phe-, Val+ Phe+, Val+	Recombinant Recombinant Parental	1180+418 = 1598 685+107 = 792 11970+3660 = 15630	0.13 ~ 0.10
Leu+, Phe+	Leu+, Phe- Leu-, Phe+ Leu+, Phe+	Recombinant Recombinant Parental	2600+107 = 2707 418+3660 = 4078 11970+1180 = 13150	0.34 ~ 0.30

5 pts



1 pt

Réponse 03 : **(8 pts)**

1) Discussion des deux hypothèses.

- *Hypothèse 1: l'allèle responsable de la maladie est dominant* Chaque descendant atteint a, au moins, l'un de ses parents qui est atteint. C'est le cas des individus II-2, II-3 et III-2. Ainsi, on n'a pas un saut de génération et donc la transmission est verticale. 1 pt
  - ➢ Hypothèse à retenir.
- ➢ *Hypothèse 2: l'allèle responsable de la maladie est récessif* Dans ce cas, chaque enfant atteint devrait hériter deux allèles mutés (responsables de la maladie) de ses parents, l'un étant homozygote malade et l'autre hétérozygote porteur (prenons l'exemple de...). Ceci est possible pour les enfants II-2, II-3 et III-2. 1 pt
  - ➢ Hypothèse à retenir

2) Si l'allèle anormal est récessif, la femme II-1, saine et homozygote, transmet l'allèle normal dominant à tous ses enfants qui seront tous sains, ce qui n'est pas le cas puisque la fille III-2 est atteinte. 1 pt

- ➢ Hypothèse 2 å rejeter.

3) Exploitation des documents 3 et 4.	
a. L'individu II-2, atteint, ne possède que l'allèle A1. A1 est l'allèle responsable de l'anomalie.	1 pt
b. Si le gène en question était autosomal, l'individu II-2 devrait être hétérozygote (pour transmettre un allèle anormal à chacun de ses deux fils sains). Or II-2 ne possède que l'allèle anormal A1. Cette observation peut s'expliquer par la transmission du chromosome X du père à la fille III-2, indiquant que celle-ci était affectée par rapport aux deux garçons III-1 et III-3, ce dernier qui ne possède que l'allèle normal A2. Cette conclusion trouve également une confirmation dans la transmission du chromosome X de la mère I-2 aux deux fils II-2 et II-3. ➢ Le gène en question ne peut être autosomal. Il s'agit d'un gène lié au sexe, porté par X.	1 pt
c. Génotypes : I-1 : $X^{A2}Y$ I-2 : $X^{A1}X^{A1}$ ou $X^{A1}X^{A2}$ **N.B : sanctionner de 0.25 point l'étudiant qui utilise des lettres autres que A1 et A2.**	1 pt
4) D'après le document 5, le fœtus est de sexe masculin, puisqu'il a les chromosomes X et Y. Sa mère est normale et homozygote ; il a reçu le chromosome X portant l'allèle A2 de sa mère et un chromosome Y de son père. ➢ Le fils attendu sera sain.	2 pts