





	Echiquier de croisement : ..... <table border="1" style="margin: 10px auto; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="text-align: center;">Gamètes ♂</td> <td style="text-align: center;"><u>r</u></td> <td style="text-align: center;">1</td> </tr> <tr> <td style="text-align: center;">♀</td> <td style="text-align: center;">R</td> <td style="text-align: center;">(R//r) [R]</td> </tr> <tr> <td style="text-align: center;">1/2</td> <td style="text-align: center;"><u>r</u></td> <td style="text-align: center;">(r//r) [r]</td> </tr> <tr> <td style="text-align: center;">1/2</td> <td style="text-align: center;">1/2</td> <td style="text-align: center;">1/2</td> </tr> </table>	Gamètes ♂	<u>r</u>	1	♀	R	(R//r) [R]	1/2	<u>r</u>	(r//r) [r]	1/2	1/2	1/2	0.25
Gamètes ♂	<u>r</u>	1												
♀	R	(R//r) [R]												
1/2	<u>r</u>	(r//r) [r]												
1/2	1/2	1/2												
	La probabilité de donner naissance à un enfant sain par le couple II <sub>8</sub> et II <sub>9</sub> est de 1/2...	0.25												

4	<p><b>a. La fréquence de l'allèle responsable de la maladie et celle de l'allèle normal.</b>          on a : <math>f([R]) = p^2 + 2pq = 1/5000</math>          puisque la population obéit à la loi de H.W, donc : <math>p^2 + 2pq + q^2 = 1</math>          d'où <math>q^2 = 1 - 1/5000 = 0.9998 \dots\dots</math>          - La fréquence de l'allèle normal : <math>f(r) = q = \mathbf{0.9998} \dots\dots\dots</math>          - La fréquence de l'allèle responsable de la maladie est : <math>f(R) = p = 1 - q = \mathbf{0.0002}</math></p> <p><b>b. Fréquences des différents génotypes dans la population étudiée.</b>  <math>f(r//r) = q^2 \approx 0.9998 \dots\dots\dots</math>  <math>f(R//r) = 2pq \approx 0.0003 \dots\dots\dots</math>  <math>f(R//R) = p^2 \approx 0 \dots\dots\dots</math></p>	0.25 0.5 0.5  0.25 0.25 0.25
---	---	--

**Exercice 3 (3.5 points)**

1	<p><b>Déductions et justification</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- On étudie la transmission d'un seul caractère pour chacun des deux croisements → Cas de monohybridisme.....</li> <li>- Les descendants des deux croisements sont homogènes → Les parents sont de lignée pure selon la première loi de Mendel.....</li> <li>- Les descendants du croisement 1 ont des oreilles dressés → L'allèle responsable de la forme dressée des oreilles est dominant (D) et l'allèle responsable de la forme non dressée des oreilles est récessif (d).....</li> <li>- Les descendants du croisement 2 ont un museau clair → L'allèle responsable du museau clair est dominant (S) et l'allèle responsable du museau sombre est récessif (s).....</li> </ul>	0.25 0.25 0.25 0.25								
2	<p>Le croisement test a donné deux phénotypes parentaux avec un pourcentage de 83% supérieur au pourcentage des phénotypes recombinés 17% ( la troisième loi de Mendel n'est pas vérifiée) → Les deux gènes étudiés sont liés.....</p> <p><b>Déduction</b> : les génotypes des parents          Le génotype des brebis à phénotype dominant :</p> <table style="margin-left: 100px; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">D</td> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">S</td> </tr> <tr> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">d</td> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">s</td> </tr> </table> <p>Le génotype des moutons double récessifs :</p> <table style="margin-left: 100px; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">d</td> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">s</td> </tr> <tr> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">d</td> <td style="border: 1px solid black; padding: 2px;">s</td> </tr> </table>	D	S	d	s	d	s	d	s	0.5  0.25  0.25
D	S									
d	s									
d	s									
d	s									

**3**

**Interprétation des résultats du croisement-test :**

Phénotypes : ♀ [D,S] × [d, s] ♂

Génotypes :  $\frac{D}{d} \frac{S}{s}$        $\frac{d}{d} \frac{s}{s}$

Gamètes : 45%  $\frac{D}{d} \frac{S}{s}$       100%  $\frac{d}{d} \frac{s}{s}$

} 0.25x2

Echiquier de croisement : .....

γ♀ γ♂	$\frac{D}{d} \frac{S}{s}$	$\frac{d}{d} \frac{s}{s}$	$\frac{D}{d} \frac{s}{s}$	$\frac{d}{d} \frac{S}{s}$	
	45%	38%	9%	8%	
$\frac{d}{d} \frac{s}{s}$	$\frac{D}{d} \frac{S}{s}$	$\frac{d}{d} \frac{s}{s}$	$\frac{D}{d} \frac{s}{s}$	$\frac{d}{d} \frac{S}{s}$	
	100%	45% [D, S]	38% [d, s]	9% [D, s]	8% [d, S]

0.5

**4**

**La carte factorielle des deux gènes étudiés :**

Le pourcentage des recombinés est de 17% donc la distance entre les deux gènes est 17cMg.....

Echelle : 1cm → 2 cMg (Accepter toute échelle convenable).

17cMg

(D ; d)      (S ; s)

0.25

0.25