

Chapitre D1 – Génétique et évolution : L'origine du génotype des individus (CORRECTION)

Problématique : *Comment les divisions cellulaires (mitose et méiose) et la fécondation participent à l'émergence de génotypes individuels ?*

Idées clé	Vocabulaire - Caractériser les mots clés	Arguments
Associer la notion de clone à la production de cellules génétiquement identiques, aux mutations près.	Stabilité génétique Cycle cellulaire, mitose, réplication semi-conservative Clone	<ul style="list-style-type: none"> - Déroulement d'un cycle cellulaire : réplication semi-conservative d'une chromatide (assurant la copie conforme de la molécule d'ADN aux erreurs près) puis mitose (séparation des chromatides porteuses d'une même information) - Réalisation de schémas, <u>titrés et légendés</u>, de figures de mitose avec disposition des allèles pour deux gènes montrant leur répartition identique en fin de division - Comparaison des profils génétiques de cellules appartenant à une lignée cellulaire
Relier la diversité génétique des cellules d'un clone obtenu par mitoses à l'accumulation des mutations ou accidents génétiques au cours du temps	Évolution clonale Mutations	<ul style="list-style-type: none"> - Comparaison des profils génétiques de cellules appartenant à une lignée cellulaire (avec mutation sur gène de structure ou de régulation) et leurs conséquences phénotypiques - Exemple des tâches sur un pelage, issues de la mutation d'une cellule à l'origine d'un clone - Existence de populations de sous-clones au sein d'un organisme expliquant la diversité des tissus, la présence de cellules cancéreuses, les lymphocytes B producteurs d'un seul anticorps, les clones bactériens...etc... - Calcul d'un nombre théorique de mutations
Expliquer la stabilité du caryotype au cours des générations par les mécanismes compensatoires : méiose et fécondation.	Cycle de développement, Méiose, fécondation, diploïde, haploïde	<ul style="list-style-type: none"> - Représentation schématique d'un cycle de développement avec positionnement des phases de méiose et fécondation - Relier ce cycle de développement avec la stabilité du nombre de chromosomes [méiose → réduction par 2 (diploïde-->haploïde) ; fécondation → rétablissement de la diploïdie]
Expliquer l'origine de la diversité allélique des gamètes produit par un individu	Méiose et brassages géniques, brassage interchromosomique, brassage intrachromosomique, crossing-over, gènes indépendants, gènes liés fréquence de l'hétérozygotie des gènes	<ul style="list-style-type: none"> - Représentation schématique d'une méiose avec un brassage interchromosomique ; séparation des chromatides à l'origine de la ségrégation des allèles - Représentation schématique d'une méiose avec un brassage intrachromosomique ; figure de crossing-over - Le nombre de combinaisons génétiques possibles dans les gamètes est d'autant plus élevé que le nombre de gènes à l'état hétérozygote est plus grand chez les parents (calcul)
Relier la diversité allélique des génomes (combinaisons alléliques) à l'aléatoire de la reproduction sexuée (brassages génétiques et fécondation)	Échiquier de croisement	Croisement de 2 individus hétérozygotes pour 2 caractères (exemple des pois de Mendel) démontrant le nombre important de génotypes différents des descendants et leur proportion.

Relier la dominance ou la récessivité des allèles des gènes à l'expression phénotypique différentielle de ceux-ci chez les diploïdes	Dominance ; récessivité ; codominance	<ul style="list-style-type: none"> - Interprétation génétique de croisements d'individus de lignée pure et de croisement-test dans le cas de la transmission d'un ou de deux caractères d'origine monogénique. - <i>dominance/récessivité : exemples vu en classe ou en TP (couleur du corps ou des yeux des drosophiles, résistance des tomates....)</i> - <i>codominance : exemples des poulets bleus d'Andalousie ou des groupes sanguins ABO</i>
Établir les bases de l'analyse génétique pour expliquer la transmission héréditaire des caractères	Brassages géniques, équiprobabilité ou pas des phénotypes, dominance, récessivité, lignée pure (homozygotes), hybrides F1 et F2, test-cross, échiquier de croisement, convention d'écriture	<ul style="list-style-type: none"> - Étude de la transmission de caractères observables : <i>exemple des expériences de Mendel sur les petits pois, de Morgan sur les drosophiles...</i> - les phénotypes des individus issus d'une test-cross (et leur proportion) reflètent les génotypes des gamètes produits par l'individu F1 (et leur proportion). - Analyse des fréquences des phénotypes obtenus dans la descendance à partir de croisements-tests variés : <ul style="list-style-type: none"> o Équiprobabilité des phénotypes au sein de la population dans le cas de gènes indépendants ; o Phénotypes Parentaux >>>> phénotypes Recombinés dans le cas des gènes liés ; - Le cas des gènes portés par les chromosomes sexuels (résultats non mendéliens) ; inactivation aléatoire d'un des 2 X chez la femme
Comprendre que les accidents de méiose peuvent être source d'un nouveau phénotype	Trisomie, monosomie, crossing-over inégal	<ul style="list-style-type: none"> - Comparaison de caryotypes d'individus atteints de trisomie (totale ou partielle) ou de monosomie. - Représentation schématique d'une méiose : <ul style="list-style-type: none"> o Présentant des anomalies au niveau de la migration des chromatides ou des chromosomes; o Présentant un crossing-over inégal ;
Utiliser les principes de la transmission des caractères pour déterminer de façon indirecte les génotypes des individus d'une famille dans l'espèce humaine	Arbres généalogiques, génétique prédictive, Individu sain, individu porteur sain	<ul style="list-style-type: none"> - Interprétation d'arbres généalogiques dans l'espèce humaine - Détermination du génotype d'un enfant à naître en fonction du génotype des parents, et sa probabilité d'être malade, porteur-sain ou sain.
Utiliser le séquençage ADN et la bio-informatique pour déterminer directement le génotype d'un individu ou pour identifier l'origine des maladies génétiques (mucoviscidose, albinisme).	Individu sain, individu porteur sain	<ul style="list-style-type: none"> - Comparaison de séquences nucléotidiques d'un gène pour divers individus (sain ou atteint de maladie) - <i>Exemple des mutations du gène CFTR impliqué dans la mucoviscidose</i>