



Un nouvel ensemble de "fiches de méthode" concernant, cette fois, le niveau de Terminale S. (Cet article fait suite à deux autres, concernant les niveaux de première S et Seconde)

Au programme :

- lire un arbre phylogénétique
- schématiser les étapes de la méiose
- symboles conventionnels en génétique
- exploiter un croisement en génétique
- courbes relatives à la reproduction

### Fiche de méthode : lire un arbre phylogénétique

1. Garder à l'esprit que l'axe des temps est vertical, du bas vers le haut
2. Repérer la position des espèces par rapport à cet axe : elles sont actuelles (position haute) ou fossiles (position basse);
3. Attribuer à chaque nœud l'existence d'un ancêtre commun hypothétique ;
4. Repérer les innovations évolutives au cours du temps : chez les ancêtres communs, un caractère passe de l'état primitif à l'état dérivé pour la première fois;
5. Vérifier que tous les descendants d'un ancêtre commun sont reliés à lui par des branches; ensemble ils partagent au moins un caractère homologue dérivé ;
6. Vérifier que chez tous les ascendants d'un ancêtre commun, les mêmes caractères homologues sont à l'état primitif ;
7. Conclure sur un lien de parenté fort entre certaines espèces : si on considère 3 espèces, les deux espèces les plus étroitement apparentées sont celles qui ont un ancêtre commun qu'elles ne partagent pas avec le 3<sup>ème</sup> espèce : il existe un ancêtre commun exclusif à ces deux espèces.
8. Retrouver le portrait robot d'un ancêtre commun en faisant l'inventaire de tous les caractères homologues, à l'état dérivé, communs à l'ensemble de ses descendants.

### Fiche de méthode : schématiser les étapes de la méiose

1. Déterminer le nombre de chromosomes à représenter, à partir de la formule chromosomique.
2. Utiliser une couleur différente pour chaque paire de chromosomes.
3. Dessiner les chromosomes avec des bras de longueur différente, pour mieux les polariser et représenter leur centromère par un point.
4. Pour chaque étape, respecter la position réelle des chromosomes et leur apparence (une ou deux chromatides). Si ces derniers migrent, ajouter des flèches qui indiquent le sens de déplacement

5. Indiquer pour chaque  $\otimes$  le nom de la phase et la formule chromosomique de chaque cellule.

## Fiche de m $\otimes$ thode : Utiliser des symboles conventionnels en g $\otimes$ n $\otimes$ tique

1. Pour repr $\otimes$ senter un arbre g $\otimes$ n $\otimes$ alogique (ou pedigree) :

- Un homme : carr $\otimes$
- une femme : cercle
- un embryon : losange
- Une union : trait de liaison ( horizontal)
- Un individu malade : forme noircie (carr $\otimes$ , cercle ou losange plein)

2. Pour  $\otimes$ crire le ph $\otimes$ notype des individus : chaque caract $\otimes$ re s' $\otimes$ crit entre crochets

exemple : [ corps noir]

3. Pour  $\otimes$ crire le g $\otimes$ notype des individus :

- Un croisement est symbolis $\otimes$  par une croix
- Les all $\otimes$ les dominants sont en lettres majuscule et les all $\otimes$ les r $\otimes$ cessifs sont en lettres minuscule
- Les couples d'all $\otimes$ les (port $\otimes$ s par les paires de chromosomes homologues) sont repr $\otimes$ sent $\otimes$ s par une fraction. L'all $\otimes$ le dominant correspond toujours au num $\otimes$ rateur.
- Le g $\otimes$ notype s' $\otimes$ crit entre parenth $\otimes$ ses :

exemple :

pour deux g $\otimes$ nes  
ind $\otimes$ pendants d'une cellule  
diplo $\otimes$ de  
L M --- ; --- L m

pour deux g $\otimes$ nes li $\otimes$ s  
d'une cellule diplo $\otimes$ de  
L M ----- L m

pour deux g $\otimes$ nes  
ind $\otimes$ pendants d'une cellule  
haplo $\otimes$ des  
(L ; M)

pour deux g $\otimes$ nes li $\otimes$ s  
d'une cellule haplo $\otimes$ des  
(L M)

## Fiche de m $\otimes$ thode : exploiter un croisement en g $\otimes$ n $\otimes$ tique

1. D $\otimes$ terminer le nombre de g $\otimes$ nes  $\otimes$   $\otimes$ tudier,  $\otimes$  partir des caract $\otimes$ res impos $\otimes$ s.

2. Pr $\otimes$ ciser les relations de dominance et de r $\otimes$ cessivit $\otimes$  entre les all $\otimes$ les de chaque g $\otimes$ ne, gr $\otimes$ ce  $\otimes$  un croisement entre deux individus de race pure (c'est- $\otimes$ -dire homozygotes pour les g $\otimes$ nes consid $\otimes$ r $\otimes$ s) qui diff $\otimes$ rent par un ou plusieurs caract $\otimes$ res. Ecrire pour toute la descendance un g $\otimes$ notype h $\otimes$ t $\otimes$ rozygote, alors que seuls les all $\otimes$ les dominants s'expriment dans le ph $\otimes$ notype.

3. Rechercher la localisation des g $\otimes$ nes (voir fiche croisement test).

4. Ecrire le g $\otimes$ notype de chaque individu en commen $\otimes$ ant par les anc $\otimes$ tres.

5. Compl $\otimes$ ter un  $\otimes$ chiquier de croisement pour expliquer les proportions observ $\otimes$ es dans les descendance.

## Fiche de m $\otimes$ thode : exploiter un croisement-test (ou test-cross)

1. Son d $\otimes$ roulement : un croisement entre un individu de g $\otimes$ notype inconnu (au ph $\otimes$ notype dominant) et un individu

de race pure, récessif pour le ou les gènes étudiés (phénotypes récessifs). Le phénotype de la descendance obtenue dépend uniquement de la diversité des gamètes produits par l'individu au phénotype dominant, alors que l'individu double récessif ne produit qu'un seul type de gamète, toujours porteurs de l'allèle récessif. Le phénotype de la descendance est influencé par le déroulement de la méiose chez le parent de génotype inconnu.

## 2. L'exploitation des résultats de l'étude d'un seul caractère:

Seuls les individus de race pure sont homozygotes pour les gènes considérés. Les autres individus de phénotype dominant peuvent être homozygotes ou aussi hétérozygotes pour les gènes considérés.

- Déterminer grâce au croisement test le génotype des individus qui ne sont pas de race pure.

Pour un seul caractère et donc un seul gène étudié:

- **Cas 1 : 50/50** : parmi la descendance on observe que le caractère est autant de fois sous la forme dominante que sous la forme récessive, conclure que l'individu testé est hétérozygote pour le gène étudié
- **Cas 2 : 100** : parmi la descendance on observe que le caractère est toujours sous la forme dominante, conclure que l'individu testé est homozygote pour le gène étudié.

## 3. L'exploitation des résultats de l'étude d'un couple de caractères:

Si on admet que **un caractère du phénotype est toujours contrôlé par un gène unique**, l'étude d'un couple de caractères doit mettre en évidence le lien entre les deux gènes correspondants.

- Préciser avec le croisement test si les deux gènes sont liés ou indépendants.

Pour deux caractères et donc deux gènes étudiés:

- **Cas 1 : 25/25/25/25** : parmi la descendance on observe autant de phénotypes parentaux (ils sont retrouvés exactement à l'identique chez l'un ou l'autre des parents) que de phénotypes recombinés (non retrouvés chez l'un ou l'autre des parents, pour l'obtenir, il faut mélanger le phénotype des parents).

Conclure que les **deux gènes sont dits indépendants** : ils sont situés sur des paires différentes de chromosomes homologues.

- Montrer **grâce au brassage génétique inter chromosomique** comment il est possible d'expliquer les proportions des phénotypes dans la descendance : déterminer le génotype des 4 gamètes différents que l'individu testé peut produire, de manière équiprobable. Concevoir un échiquier de croisement.

- **Cas 2 : +50/-50** : parmi la descendance on observe plus de phénotypes parentaux que de recombinés,

Conclure que les deux gènes **sont génétiquement liés** : ils sont portés par la même paire de chromosomes.

- Montrer **grâce au brassage génétique intra chromosomique** comment il est possible d'expliquer les résultats des phénotypes dans la descendance (on ne peut pas démontrer les pourcentages): déterminer le génotype des 4 gamètes différents que l'individu testé peut produire, de manière NON équiprobable : les gamètes majoritaires sont parentaux ; ils renferment les mêmes couples d'allèles que l'individu testé. Les gamètes minoritaires sont recombinés ; ils sont le résultat de crossing overs. Ils renferment des chromatides dont la séquence en allèles est différente de celle de l'individu testé. Concevoir un échiquier de croisement

## Fiche de méthode : exploiter des courbes relatives aux hormones de la reproduction

1. Situer les phases ovariennes et l'ovulation.

2. Analyser des courbes relatives aux hormones ovariennes (voir fiche de méthode « lecture d'un graphique »)

3. Analyser des courbes relatives aux hormones hypophysaires

4. Interpréter les variations hormonales en oestrogènes et en progestérone en considérant les étapes du cycle ovarien et leur contrôle par la LH et la FSH
5. Interpréter les variations hormonales en LH et FSH en considérant les phénomènes des rétro-contrôles des hormones ovariennes sur l'hypophyse.