

EXERCICE 1 (12 points)

Chez une espèce végétale diploïde, le croisement d'une variété à fleurs roses et pétales arrondies par une variété à fleurs blanches et pétales allongées a donné une F1 formée par des plantes à fleurs pourpres et pétales arrondies. Le croisement des plantes de la F1 a donné une F2 composée comme suit :

- 189 plantes [fleurs roses, pétales arrondies]
- 373 plantes [fleurs pourpres, pétales arrondies]
- 190 plantes [fleurs blanches, pétales arrondies]
- 65 plantes [fleurs roses, pétales allongées]
- 120 plantes [fleurs pourpres, pétales allongées]
- 63 plantes [fleurs blanches, pétales allongées]

- 1- Interpréter les résultats obtenus en précisant la relation entre les gènes impliqués dans le déterminisme génétique des caractères étudiés.

- 2- Prévoir le résultat (phénotypes, génotypes et leurs proportions) du croisement de plantes à fleurs pourpres et pétales arrondies avec des plantes à fleurs blanches et pétales allongées, prises à partir de la F2.

EXERCICE 2 (8 points)

La séquence d'ADN suivante représente le début du brin transcrit du gène de la bêta-lactamase isolé chez la souche sauvage d'*E. coli* :

5'- GCAGGAACGTTTCGCTCAGTTTTAGTTCCATGC- 3'

- 1- Donnez la séquence du brin d'ADN complémentaire ainsi que la séquence de l'ARNm.
- 2- Donnez la séquence du polypeptide traduit à partir de cet ARNm.

A partir de la souche sauvage, on a sélectionné deux souches mutantes m1 et m2 dont les séquences protéiques du début du gène de la bêta-lactamase sont représentées ci-dessous.

m1 : NH2–Met–Glu–Leu–Lys–Leu–COOH

m2 : NH2–Met–Glu–Leu–Lys–Arg–Ala–Asn–Val–Pro–Ala–.....COOH

- 3- Donnez la séquence de l'ARNm des mutants m1 et m2 en précisant le type de mutations engendrées.

Table de distribution de χ^2 (loi de K. Pearson)

La table donne la probabilité α , en fonction du nombre de degrés de liberté ν , pour que χ^2 égale ou dépasse une valeur donnée χ^2_{α} .

$\alpha = P(\chi^2 \geq \chi^2_{\alpha})$

$\nu \backslash \alpha$	0.990	0.975	0.950	0.900	0.100	0.050	0.025	0.010	0.001
1	0.0002	0.0010	0.0039	0.0158	2.7055	3.8415	5.0239	6.6349	10.8276
2	0.0201	0.0506	0.1026	0.2107	4.6052	5.9915	7.3778	9.2103	13.8155
3	0.1148	0.2158	0.3518	0.5844	6.2514	7.8147	9.3484	11.3449	16.2662
4	0.2971	0.1844	0.7107	1.0636	7.7794	9.4877	11.1433	13.2767	18.4668
5	0.5543	0.8312	1.1455	1.6103	9.2364	11.0705	12.8325	15.0863	20.5150
6	0.8721	1.2373	1.6354	2.2041	10.6446	12.5916	14.4494	16.8119	22.4577
7	1.2390	1.6899	2.1673	2.8331	12.0170	14.0671	16.0128	18.4753	24.3219
8	1.6465	2.1797	2.7326	3.4895	13.3616	15.5073	17.5345	20.0902	26.1245
9	2.0879	2.7004	3.3251	4.1682	14.6837	16.9190	19.0228	21.6660	27.8772
10	2.5582	3.2470	3.9403	4.8652	15.9872	18.3070	20.4832	23.2093	29.5883

Table du Code Génétique

PREMIER NUCLEOTIDE	DEUXIEME NUCLEOTIDE				TROISIEME NUCLEOTIDE
	U	C	A	G	
U	UUU PHE	UCU	UAU TYR	UGU CYS	U
	UUC	UCC SER	UAC	UGC	C
	UUA LEU	UCA	UAA NS	UGA NS	A
	UUG	UCG	UAG NS	UGG TRP	G
C	CUU	CCU	CAU HIS	CGU	U
	CUC LEU	CCC PRO	CAC	CGC ARG	C
	CUA	CCA	CAA GLN	CGA	A
	CUG	CCG	CAG	CGG	G
A	AUU	ACU	AAU ASN	AGU SER	U
	AUC ILE	ACC THR	AAC	AGC	C
	AUA	ACA	AAA LYS	AGA ARG	A
	AUG MET	ACG	AAG	AGG	G
G	GUU	GCU	GAU ASP	GGU	U
	GUC VAL	GCC ALA	GAC	GGC GLY	C
	GUA	GCA	GAA GLU	GGA	A
	GUG	GCG	GAG	GGG	G