

Corrections

I. Maïs - Annales 2025

2. On considère un individu hétérozygote pour un gène, par exemple A/a.

Lors de la méiose, les deux allèles se séparent : chaque gamète reçoit soit A, soit a, avec une probabilité de 1/2. Quand il y a autofécondation, le tableau de croisements est :

	A	a
A	AA	Aa
a	Aa	aa

On obtient :

- 1/4 AA
- 1/2 Aa
- 1/4 aa

La probabilité d'être homozygote est donc : $1/4 + 1/4 = 1/2 = 50 \%$.

Si fécondation avec un maïs portant des allèles différents

Si l'autre maïs possède, par exemple, un autre allèle b et produit uniquement des gamètes b, le descendant recevra :

- soit A → Ab
- soit a → ab

Dans ce cas, les descendants sont tous hétérozygotes.

Réponse : 0 % d'homozygotes, si « allèles différents » signifie que le partenaire porte des allèles qui ne sont pas présents chez le premier parent.

3. Pour empêcher l'autofécondation du maïs, le sélectionneur peut supprimer les fleurs mâles (panicules) situées en haut du plant choisi comme parent femelle. Cette opération est appelée castration ou émasculature.

Le maïs est une plante monoïque : les fleurs mâles et femelles sont séparées sur la même plante. Les grains sont produits sur l'épi, tandis que le pollen est produit par la panicule située au sommet de la plante. En retirant les fleurs mâles avant la libération du pollen, on empêche la plante de s'autoféconder et on peut faire en sorte que le pollen provienne d'une plante choisie sur laquelle on a laissé les panicules.

4. Patrimoine génétique des grains d'un même épi

Non, les grains d'un même épi n'ont pas nécessairement le même patrimoine génétique. Chaque grain résulte de la fécondation d'un ovule par un grain de pollen. Les méioses produisent des gamètes génétiquement différents. Les grains d'un même épi ont la même mère mais pas forcément le même père. Ils sont équivalents à des "demi-frères" ou des "demi-soeurs".

En cas d'autofécondation

Pour simplifier, considérons un parent A/a.

Chaque descendant reçoit :

- un allèle provenant de l'ovule
- un allèle provenant du pollen.

Les génotypes possibles sont :

- AA : 1/4
- Aa : 1/2
- aa : 1/4.

Deux descendants indépendants ont donc, pour un locus donné, en moyenne 50 % de leurs allèles en commun (au sens de la proportion moyenne d'allèles identiques par descendance entre deux individus issus du même parent hétérozygote).

En cas de fécondation avec un autre maïs portant des allèles différents, les deux grains ont la même mère, mais des pères différents.

Ils partagent donc en moyenne :

- 1/2 de leur matériel génétique provenant de leur mère commune ;
- l'autre moitié provient de pollens différents.

En moyenne, la part de matériel génétique commun est donc environ $\frac{1}{4}$.

5. Domestication du maïs et évolution

Correction possible

Les trois piliers de l'évolution sont : variation, transmission, reproduction différentielle (dérive génétique ou sélection naturelle).

La domestication du maïs est un exemple particulier d'évolution car elle correspond à une évolution artificielle engendrée par les humains. Les populations ancestrales de téosinte présentaient une variation génétique. Les humains ont sélectionné et multiplié préférentiellement les plantes présentant des caractères intéressants, par exemple des épis plus gros, davantage de grains ou des grains restant attachés à l'épi. Les individus présentant ces caractères ont donc davantage contribué aux générations suivantes. Si ces caractères avaient une composante héréditaire, leur fréquence a augmenté au cours des générations. La sélection exercée par les humains a ainsi modifié les fréquences des variants génétiques dans les populations de maïs. La domestication constitue donc une forme de sélection, que l'on peut appeler sélection artificielle, par opposition à la sélection naturelle exercée par l'environnement. Elle a conduit à des différences importantes entre le maïs domestiqué et son ancêtre sauvage, la téosinte.

Attention, la domestication n'est pas l'apparition d'un nouveau caractère parce que l'humain l'a souhaité : elle repose sur une variation préexistante ou apparaissant par mutation/recombinaison, puis sur une reproduction différentielle des individus sélectionnés.

6. Le maïs MON810 possède dans son génome une séquence transgénique dérivée de *Bacillus thuringiensis* permettant la production de la protéine insecticide Cry1Ab.

On peut représenter :

ADN génomique du maïs MON810

↓ transcription

ARN messager contenant la séquence codante Cry1Ab

↓ maturation de l'ARNm

(notamment épissage des introns)

↓ export de l'ARNm vers le cytoplasme

ARNm

↓ traduction par les ribosomes

synthèse de la protéine Cry1Ab avec activité insecticide

7. L'objectif est de rechercher dans l'ADN du maïs une séquence spécifique permettant d'identifier MON810.

Étape 1 — Extraction de l'ADN. On prélève les feuilles et on réalise une extraction d'ADN génomique.

Étape 2 — On choisit des amorces PCR spécifiques de MON810.

NB : Idéalement, on peut utiliser des amorces qui amplifient une région située à la jonction entre l'ADN du maïs et la séquence transgénique. Cette stratégie permet d'être sûr qu'on amplifie bien le gène MON810 qui est intégré dans le maïs et pas le gène MON810 de la bactérie *Bacillus thuringiensis* (au cas où notre échantillon pourrait être contaminé par cette bactérie)

Étape 3 — Préparation de la PCR On prépare un mélange contenant :

- l'ADN extrait ;
- une amorce forward ;
- une amorce reverse ;
- des dNTP ;
- une ADN polymérase Taq polymérase ;
- un tampon approprié contenant Mg^{2+} .

On ajoute également des témoins.

Un contrôle positif doit contenir de l'ADN provenant d'un MON810 connu.

Un contrôle négatif peut contenir de l'ADN d'un maïs non-MON810 et/ou un contrôle sans ADN.

Étape 4 — Cycles de PCR

La PCR comprend plusieurs cycles :

1. Dénaturation. L'ADN double brin est séparé en deux brins.
2. Hybridation. Les amorces s'hybrident aux séquences complémentaires.
3. Élongation. La polymérase synthétise les nouveaux brins d'ADN à partir des amorces.

Ces trois étapes sont répétées 30-35 fois, ce qui entraîne une amplification exponentielle de la séquence ciblée.

Étape 5 — Visualisation du produit PCR. Les produits PCR sont séparés par électrophorèse sur gel d'agarose. On compare la taille des fragments obtenus avec un marqueur de taille.

Interprétation

Échantillon	Bande MON810 spécifique
Maïs MON810 connu	+
Maïs non-MON810	-
Échantillon testé	?

Si l'échantillon présente une bande de la taille attendue, correspondant à la bande observée dans le contrôle positif, cela indique la présence de la séquence spécifique de MON810.

Il est également souhaitable d'amplifier en parallèle un gène endogène du maïs servant de contrôle positif de la présence et de la qualité de l'ADN.

Ainsi :

- gène endogène + / MON810 + → échantillon compatible avec MON810 ;
- gène endogène + / MON810 - → ADN de maïs de bonne qualité, mais échantillon non détecté comme MON810 ;
- gène endogène - → PCR non concluante, probablement en raison d'un problème d'extraction ou d'inhibition.

Une PCR positive montre la présence de la séquence recherchée. Elle ne permet pas nécessairement, à elle seule, de déterminer si le maïs est homozygote ou hétérozygote pour l'insertion.

II. a. « Loterie génétique »

La transmission des caractères est en partie une loterie génétique parce que plusieurs phénomènes aléatoires interviennent lors de la formation des gamètes et de la fécondation :

1. Ségrégation des chromosomes homologues. Lors de la méiose, les deux chromosomes homologues sont séparés aléatoirement.

Un parent hétérozygote peut donc transmettre l'un ou l'autre de ses allèles.

2. Assortiment indépendant. Pour des gènes situés sur des chromosomes différents, les paires de chromosomes homologues se répartissent indépendamment lors de la méiose. Cela produit différentes combinaisons d'allèles dans les gamètes.

3. Recombinaison/crossing-over. Des échanges de segments d'ADN entre chromosomes homologues ont lieu pendant la méiose. Ils créent de nouvelles combinaisons d'allèles sur les chromosomes.

4. Fécondation. Parmi les spermatozoïdes, un seul (possédant un lot haploïde particulier de chromosomes) fécondera le gamète femelle.

5. Mutations. Certaines mutations peuvent avoir lieu sur les chromosomes transmis par le père et la mère et se retrouver dans la lignée germinale du descendant alors que ces mutations n'étaient pas présentes chez les parents.

b. Nombre d'allèles possibles

Un individu haploïde possède une seule copie de chaque gène. Il peut donc posséder 1 allèle, avec une fréquence de 100 % chez cet individu.

Un individu diploïde possède deux copies de chaque gène.

Il peut donc avoir :

- AA → un seul allèle présent, fréquence 100 % ;
- aa → un seul allèle présent, fréquence 100 % ;
- Aa → deux allèles différents, fréquence 50 % / 50 % parmi les deux copies.

Donc :

1 ou 2 allèles différents.

Dans une population d'organismes diploïdes se reproduisant sexuellement, il peut exister plus de deux allèles différents dans la population. Par exemple : $A_1, A_2, A_3, A_4 \dots$. Le nombre d'allèles différents n'est pas limité à deux.

Les fréquences de ces allèles dans la population peuvent prendre différentes valeurs et leur somme est égale à 1 (100 %).

Dans un groupe d'organismes diploïdes issus de l'autofécondation d'un seul individu hétérozygote A/a , après autofécondation, les descendants peuvent être :

- AA : 25 %
- Aa : 50 %
- aa : 25 %

Les deux allèles A et a sont donc présents dans le groupe. Les fréquences alléliques sont :

- A = 50 %
- a = 50 %

Si on part d'un individu A/a , à chaque génération d'autofécondation, la proportion d'hétérozygotes est divisée par deux.

Génération	AA	Aa	aa
G0	0	100 %	0
G1	25 %	50 %	25 %
G2	37,5 %	25 %	37,5 %
G3	43,75 %	12,5 %	43,75 %

Les deux allèles A et a sont toujours présents dans la population théorique. Leurs fréquences alléliques restent 50 % / 50 %. En revanche, la fréquence des hétérozygotes diminue progressivement. Point important : l'autofécondation ne change pas les fréquences alléliques dans ce modèle idéal, mais elle augmente la proportion d'homozygotes et diminue la proportion d'hétérozygotes dans la population.

Après trois générations :

- A = 50 %
- a = 50 %
- homozygotes = 87,5 %
- hétérozygotes = 12,5 %

c. On considère un caryotype $2n = 8$. Cela signifie que la cellule possède 8 chromosomes. En G1, chaque chromosome est constitué d'une seule chromatide. Chaque chromatide possède deux extrémités, chacune étant protégée par un télomère donc : $8 \text{ chromosomes} \times 2 \text{ extrémités} = 16 \text{ télomères}$.

Réponse : 16 télomères

Pendant la phase S, l'ADN est répliqué. En G2, il y a toujours 8 chromosomes mais chaque chromosome est constitué de 2 chromatides : il y a donc 16 chromatides.

Chaque chromatide possède deux extrémités donc : $16 \text{ chromatides} \times 2 \text{ extrémités} = 32 \text{ télomères}$.

Réponse : 32 télomères