

PREMIÈRE PARTIE 10 POINTS

EXERCICE 1 : (5 points)

Reportez sur votre feuille le numéro de chaque item et indiquez à chaque fois la (ou les) bonne(s) réponse(s). N.B. : Il y a au plus deux bonnes réponses. Toute mauvaise réponse annule la note.

1. Le phénotype :

- a. est dû à l'ADN.
- b. est dû à l'ARNt.
- c. est dû aux protéines.
- d. est toujours qualifié de sauvage.

2. Un individu a deux allèles différents pour un même gène :

- a. les deux allèles se trouvent sur deux chromosomes homologues.
- b. les deux allèles codent pour deux caractères différents.
- c. cet individu est hétérozygote.
- d. les deux allèles occupent deux loci différents.

3. La transcription :

- a. commence par le codon initiateur.
- b. se termine par le terminateur.
- c. donne un ARNm double brin.
- d. permet d'avoir une copie de tout l'ADN.

4. Le caryotype d'une personne est anormal. Ce caryotype :

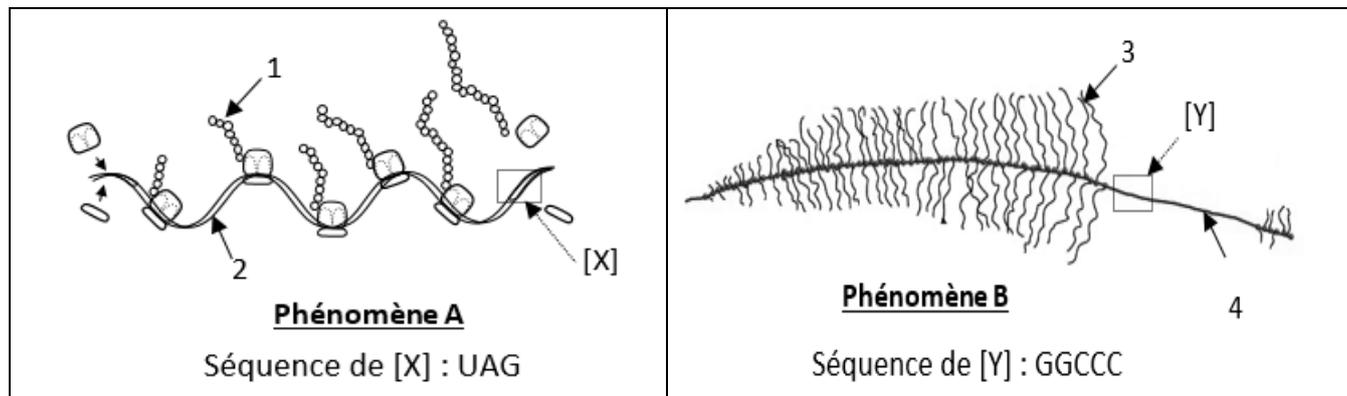
- a. est dû à une mutation génique.
- b. est dû à une mutation chromosomique.
- c. peut-être dû à une mutation par substitution (transposition).
- d. peut-être celui d'une personne trisomique.

5. En génie génétique :

- a. les ligases collent les bactéries pour favoriser leur multiplication.
- b. les enzymes de restriction permettent de fragmenter l'ADN.
- c. la transcriptase reverse permet de former l'ARN copie à partir de l'ADN.
- d. l'ARN messager ne peut pas servir comme matrice pour former l'ADN.

## EXERCICE 2 : (5 points)

Soit les deux schémas suivants montrant deux phénomènes se déroulant dans une cellule eucaryote.



1. Déterminez le nom des phénomènes A et B en justifiant la réponse. **(1 pt)**
2. Donnez le lieu du déroulement de chaque phénomène. **(0.5 pt)**
3. Terminez la légende des schémas (1, 2, 3, 4, X et Y). **(1.5 pt)**
4. Soit la séquence suivante d'un ARNm : **AUGCAUAGUGCCGUCUAUUA**
  - a. Déterminez la séquence du polypeptide résultant de cet ARNm. **(0.5 pt)**
  - b. Une mutation a touché l'ADN correspondant d'où l'obtention d'un nouveau ARNm dont la structure est la suivante : **AUGCAAUAGUGCCGUCUAUUA**

⇒ Donnez la nature de cette mutation ainsi que la séquence du nouveau polypeptide obtenu en le justifiant. **(1.5 pt)**

## DEUXIÈME PARTIE (10 POINTS)

### I- Synthèse de la protéine :

Dans le but de préparer une protéine fonctionnelle par la technique de génie génétique, un laboratoire spécialisé est chargé pour cette fonction.

On a détecté les ARN<sub>t</sub> responsables de la synthèse de cette protéine, ces molécules sont réparties en ordre de transfert d'acides aminés selon les triplets suivants :

ARN <sub>t</sub>	<b>AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU CUG CUU ACA</b>
------------------	--

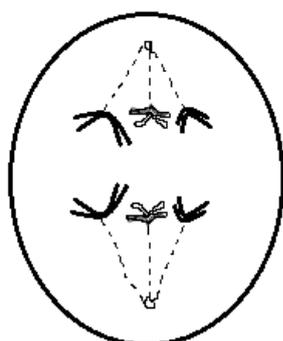
1. En utilisant le tableau du code génétique, déterminez la séquence de la protéine en acides aminés.
2. Au laboratoire, trois groupes de chercheurs (**A**, **B** et **C**) sont chargés de produire la protéine en question, le groupe « **A** » a réussi d'avoir la bonne séquence alors que les autres ont émis des erreurs au cours des manipulations comme suit :

ARNt ( <b>B</b> )	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUG GUG UUG UUU CUG CUU ACA
ARNt ( <b>C</b> )	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU UGC UUA CAC

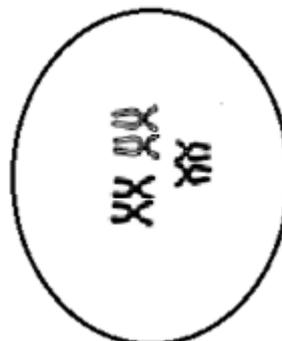
- a- Déterminez la nature de l'erreur pour chaque groupe.
  - b- Déduisez l'effet de ces erreurs sur la nature de la protéine synthétisée dans chaque cas, justifiez la réponse.
3. Déduisez la séquence d'ADNc (codante) correspondante à cette protéine.
  4. Cette séquence codante (ADNc) est dupliquée (double brin) puis insérée sur un vecteur (plasmide) selon un protocole bien déterminé, puis le plasmide est injecté dans une bactérie (E. Coli), déduisez le résultat attendu en le justifiant.

## II- Diversité génétique :

Au cours de la production des gamètes à partir d'une cellule germinale à  $2n = 6$  chromosomes, on a détecté les étapes illustrées par le document suivant :



Cellule 1



Cellule 2

1. Identifiez ces étapes et déterminez leur ordre chronologique.
2. Déduisez l'effet de la phase montrée par la cellule 1 sur le caryotype.
3. Ces étapes sont accompagnées de phénomènes qui favorisent la diversité génétique :
  - a- Reconnaissez pour chaque étape le phénomène correspondant.
  - b- Nommez cette division cellulaire et déduisez son résultat final.
4. Montrez que la rencontre des gamètes renforce la diversité génétique, en utilisant l'exemple de la cellule germinale de l'énoncé.

## Correction du devoir de contrôle de SVT n° 1 - 2023/2024

### PREMIÈRE PARTIE 10 POINTS

#### EXERCICE 1 : (5 points)

Items	1	2	3	4	5
Réponses	c	a-c	b	b-d	b

#### EXERCICE 2 : (5 points)

- Déterminez le nom des phénomènes A et B en justifiant la réponse. **(1 pt)**
  - Le document « A » montre deux sous unités qui se réunissent au début du filament et se détachent à sa fin, en passant sur le filament les deux sous-unités produisent une molécule, donc il s'agit de la **traduction** réalisée par le ribosome en passant sur l'ARNm. (0.25 + 0.25)
  - Le document « B » montre la production des molécules filamenteuses à partir d'un filament plus épais sans qu'il y a des ribosomes, il s'agit de la **transcription** de l'ARNm à partir de l'ADN. (0.25 + 0.25)
- Donnez le lieu du déroulement de chaque phénomène. **(0.25 + 0.25 = 0.5 pt)**

La transcription se déroule dans le **noyau** alors que la traduction se déroule dans le **cytoplasme** (la transcription précède la traduction).

- Terminez la légende des schémas (1, 2, 3, 4, X et Y). **(1.5 pt)**

	1	2	3	4	X	Y
Légendes	protéine	ARNm en traduction	ARNm en transcription	ADN	Codon stop	Site terminateur

- Soit la séquence suivante d'un ARNm : **AUG CAU AGU GCC GUC UAU UAA**
  - Déterminez la séquence du polypeptide résultant de cet ARNm. **(0.5 pt)**

**Met-His-Ser-Ala-Val-Tyr**
  - Une mutation a touché l'ADN correspondant d'où l'obtention d'un nouveau ARNm dont la structure est la suivante : **AUG CAA UAG UGC CGU CUA UUA A**
    - ⇒ Donnez la nature de cette mutation ainsi que la séquence du nouveau polypeptide obtenu en le justifiant. **(1.5 pt : mutation : 0.5 ; peptide + justification : 1 pt)**
    - ⇒ Dans ce cas il s'agit d'une insertion (addition), car on remarque qu'une base azoté « A » intercalée entre la 2<sup>ème</sup> et la 3<sup>ème</sup> base du 2<sup>ème</sup> codon (ARNm), donc sur l'ADN correspondant et précisément sur le brin transcrit on inséré la base « T » (paire de base T-A sur les deux brins).
    - ⇒ Le ribosome traduit les deux premiers codons et rencontre un codon stop (**UAG**) d'où il se détache de l'ARNm et la traduction s'arrête, donc le nouveau peptide sera : **Met – Gln.**

DEUXIÈME PARTIE (10 POINTS)

**I- Synthèse de la protéine : (5 points)**

1. En utilisant le tableau du code génétique, déterminez la séquence de la protéine en acides aminés. **(1 pt)**

ARNt	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU CUG CUU ACA
ARNm (AUG)	UUU UUG AUA GUG UCC CCC ACC GCC UAU CAC AAC AAA GAC GAA UGU
Protéine	Phe- Leu- Ile- Val- Ser- Pro- Thr- Ala- Tyr - His- Asn- Lys- Asp- Glu- Cys

2. Au laboratoire, trois groupes de chercheurs (A, B et C) sont chargés de produire la protéine en question, le groupe « A » a réussi d'avoir la bonne séquence alors que les autres ont émis des erreurs au cours des manipulations comme suit :

ARNt (B)	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUG GUG UUG UUU CUG CUU ACA
ARNt (C)	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU UGC UUA CAC

a- Déterminez la nature de l'erreur pour chaque groupe. **(1 pt = 0.5 + 05)**

En comparant la séquence normale en ARNt avec celles de « B » et « C » on peut dégager la différence et donc la nature d'erreur pour chaque groupe :

ARNt	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU CUG CUU ACA
ARNt (B)	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG <b>AUG</b> GUG UUG UUU CUG CUU ACA
ARNt (C)	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU <b>UGC UUA CAC</b>

- Pour la groupe « B » on a un changement d'ARNt à anticodon « **AUA** » par un autre ARNt à anticodons « **AUG** ».
- Pour le groupe « C », l'erreur se traduit par le changement des trois derniers ARNt (**CUG CUU ACA** → **UGC UUA CAC**)

b- Déduisez l'effet de ces erreurs sur la nature de la protéine synthétisée dans chaque cas, justifiez la réponse. **(1 pt = 0.5 + 05)**

- Pour le groupe « B » le changement de l'anticodon «**AUA** » en « **AUG** » correspond au changement sur l'ARNm du codon « **UAU** » par le codon « **UAC** », ces deux codons codent pour le même acide aminé (Tyr), ceci s'explique par le fait que le code génétique est dégénéré ou redondant, donc la protéine produite est la même.
- Pour la groupe « C », le changement a abouti au remplacement des trois derniers acides aminés (**Asp- Glu- Cys**) par trois autres qui sont successivement : **Thr - Asn - Val** , ce qui change la structure et la fonction de la protéine synthétisée.

3. Déduisez la séquence d'ADNc (codante) correspondante à cette protéine.

A partir de la séquence des ARNt on peut déterminer la séquence d'ARNm puis par complémentarité de base, le brin d'ADN codant (ADNc) et le même que l'ARNm (qui doit commencer par « AUG ») en remplaçant « U » par « T ». **(1 pt)**

ARNt	AAA AAC UAU CAC AGG GGG UGG CGG AUA GUG UUG UUU CUG CUU ACA
ARNm	(AUG) UUU UUG AUA GUG UCC CCC ACC GCC UAU CAC AAC AAA GAC GAA UGU
ADNc	(ATG) TTT TTG ATA GTG TCC CCC ACC GCC TAT CAC AAC AAA GAC GAA TGT

4. Cette séquence codante (ADNc) est dupliquée (double brin) puis insérée sur un vecteur (plasmide) selon un protocole bien déterminé, puis le plasmide est injecté dans une bactérie (E. Coli), déduisez le résultat attendu en le justifiant. **(1 pt = 0.5 + 05)**

ADN <sub>transcrit</sub>	TAC AAA AAC TAT CAC AGG GGG TGG CGG ATA GTG TTG TTT CTG CTT ACA
ADN <sub>codant</sub>	ATG TTT TTG ATA GTG TCC CCC ACC GCC TAT CAC AAC AAA GAC GAA TGT

La molécule d'ADN préparée (double brin) code pour un ARNm responsable de la production de la protéine recherchée (élimination du « Met » après maturation) mais son insertion directement sur le plasmide sera sans résultat positif, car il faut insérer au début une séquence promotrice et à la fin une séquence terminatrice nécessaire pour la transcription.

## II- Diversité génétique : (5 points)

- Identifiez ces étapes et déterminez leur ordre chronologique. **(1.5 pt = 0.5 + 0.5 + 05)**
  - La cellule 1 montre la ségrégation (migration) des chromosomes homologues vers les pôles opposés, c'est l'**anaphase I**.
  - La cellule 2 montre l'appariement des chromosomes homologues en paires (liés par des chiasmas) donc il s'agit de la **prophase I**.
  - L'étape de la cellule 2 se déroule la première puis l'étape de la cellule 1. (Prophase I → ... → Anaphase I)
- Déduisez l'effet de la phase montrée par la cellule 1 sur le caryotype. **(0.5 pt)**  
A l'anaphase I on a la disjonction des chromosomes homologues qui migrent chacun vers un pôle de la cellule ce qui réduit le nombre des chromosomes de 2n à n seulement, c'est la réduction chromosomique d'où le nom de la première division de la méiose.
- Ces étapes sont accompagnées de phénomènes qui favorisent la diversité génétique :
  - Reconnaissez pour chaque étape le phénomène correspondant. **(1 pt = 0.5 + 05)**
    - Cellule 1 : **Anaphase I** : ségrégation aléatoire des chromosomes homologues = **Brassage allélique ou inter-chromosomique**.
    - Cellule 2 : **Prophase I** : des chiasmas qui s'effectuent entre les chromatides des chromosomes homologues favorisant des échanges de fragments : **crossing over ou brassage intra-chromosomique**.
  - Nommez cette division cellulaire et déduisez son résultat final. **(1 pt)**
    - Ces deux étapes appartiennent à une division que subissent les cellules germinales, c'est la **méiose** qui produit à partir d'une cellule diploïde (2n) quatre **cellules haploïdes** (n) qui sont les **gamètes**.
- Montrez que la rencontre des gamètes renforce la diversité génétique, en utilisant l'exemple de la cellule germinale de l'énoncé. **(1 pt = 0.5 + 05)**
  - La rencontre des gamètes ou la fécondation est la 2<sup>ème</sup> loterie qui renforce la diversité génétique, sachant la cellule germinale et à 2n = 6 chromosomes, donc n = 3, d'où on peut avoir 2<sup>3</sup> types de gamètes pour chaque sexe, la fécondation donne 2<sup>3</sup> X 2<sup>3</sup> = 2<sup>6</sup> types de recombinaisons (individus) d'où l'augmentation de la diversité génétique.