

CORRIGÉ

1^{re}

Corrigé détaillé
4 exercices

Expression du génome — Transcription et traduction

Ce qui est noté au contrôle, ce n'est pas le résultat seul : c'est le raisonnement posé, puis le calcul mené jusqu'au bout avec l'unité.

1 Vocabulaire. Répondre en une phrase précise.

- ① a. La **transcription** dans le **noyau** ; la **traduction** dans le **cytoplasme**, sur un **ribosome**.
- ② b. L'**exon** est codant, l'**intron** ne l'est pas. L'**épissage** élimine les **introns** et raboute les **exons**.
- ③ c. Un triplet de nucléotides de l'ARN messager désignant un acide aminé : **3** nucléotides.
- ④ d. Il est **universel**, **redondant** et **non ambigu**.
- ⑤ e. **Silencieuse**, **faux-sens**, **non-sens**.

2 Un ARN messager mature compte 900 nucléotides, codon stop compris.

- ① a. Nombre de codons :
 $900 \div 3 = 300$
- ② Soit **300 codons**.
- ③ b. Le codon **stop** ne code aucun acide aminé :
 $300 - 1 = 299$
- ④ La protéine compte **299 acides aminés**.
- ⑤ c. Les **introns** sont ce que l'**épissage** a retiré :
 $2400 - 900 = 1500$
- ⑥ Soit **1 500 nucléotides**.
- ⑦ d. Proportion :
 $1500 \div 2400 \times 100 = 62,5$
- ⑧ Soit **62,5 %** du gène — ce qui rappelle que la majeure partie d'un gène eucaryote n'est pas traduite.

3 Un fragment d'ARN messager se lit : AUG–UCU–GGA–CAU–UGG. On donne : AUG méthionine, UCU sérine, UCC sérine, GGA glycine, CAU histidine, CAC histidine, UGG tryptophane, UGA stop.

- ① a. **Méthionine – sérine – glycine – histidine – tryptophane**.
- ② b. UCU devient UCC, qui désigne **aussi la sérine** : la mutation est **silencieuse**, la protéine est **inchangée**. C'est la **redondance** du code.
- ③ c. UGG devient UGA, un codon **stop** : la mutation est **non-sens** et la protéine est **tronquée** d'un acide aminé au moins — ici le tryptophane final disparaît.
- ④ d. Une insertion d'un nucléotide n'est pas un multiple de trois : tout le **cadre de lecture** est décalé. Tous les codons suivants changent, et la protéine est presque entièrement différente.

4 Raisonner sur les conséquences. Justifier chaque réponse.

- ① a. **Non**. Le code étant **redondant**, plusieurs séquences d'ADN différentes donnent la même protéine. La relation va de l'ADN vers la protéine, elle n'est pas réversible.
- ② b. Parce que la **redondance** porte principalement sur cette position : plusieurs codons ne différant que par leur troisième lettre désignent le même acide aminé.
- ③ c. **Non**, généralement moins grave. Une mutation **non-sens** précoce tronque presque toute la protéine, qui est alors inutilisable ; en fin de séquence, la protéine peut conserver sa structure et rester partiellement fonctionnelle. Tout dépend de la région supprimée.
- ④ d. Par l'**épissage** alternatif : le même transcrit primaire peut être découpé de plusieurs manières, en retenant des combinaisons d'**exons** différentes.
- ⑤ e. Parce qu'aucune nécessité chimique n'impose que ce **codon**-là désigne cet acide aminé-là. Que le même code se retrouve de la bactérie à l'humain s'explique bien mieux par un **héritage commun** que par une coïncidence répétée dans chaque lignée.

Corrige-toi toi-même. Compte tes points exercice par exercice : c'est ainsi qu'on voit où l'on perd, et ce n'est presque jamais là où on le croit.

Ce qui est évalué

Points

Ce qui fait perdre le point

Situer transcription et traduction dans la cellule	3 pts	Faire traduire dans le noyau
Distinguer introns et exons, expliquer l'épissage	4 pts	Compter les introns dans la protéine
Découper correctement en codons	4 pts	Décaler le cadre de lecture au découpage
Traduire un codon muté avec le tableau	5 pts	Supposer l'effet sans traduire
Classer une mutation et justifier	4 pts	Déclarer toute mutation délétère