

Correctif des exercices supplémentaires 6^e biologie 2h

Voici le correctif des exercices qui sont sur le site. S'il y a des réponses que vous ne comprenez pas ou qui vous semblent bizarre, n'hésitez pas à ma contacter sur ma boîte mail.

Bon travail.

Madame Volbout

1. Plusieurs gènes pour un phénotype

a) Pour synthétiser le marqueur A, il faut posséder l'enzyme H et l'enzyme A.

Pour synthétiser le marqueur B, il faut posséder l'enzyme H et l'enzyme B.

En général, le phénotype O est dû à l'absence d'enzyme de type A et de type B. La substance H n'est alors pas transformée en marqueur A ou B.

Cependant, si un individu ne synthétise pas d'enzyme H, il ne pourra pas produire de marqueur A ou B et sera donc également de phénotype O.

b) le phénotype O peut résulter des génotypes suivants :

- un individu possède le gène permettant de produire une enzyme H mais pas le gène permettant de produire les enzymes A ou B ;

- un individu ne possède pas le gène permettant de produire l'enzyme H. Il peut en outre posséder l'enzyme de type A ou de type B.

Cet exemple est celui d'une voie métabolique où un gène intervient à chacune des étapes. La modification d'un gène intervenant dans l'une des étapes de cette voie suffit pour empêcher la synthèse du produit final. Des génotypes différents peuvent alors se traduire par un même phénotype.

c) Il s'agit d'une relation d'épistasie : h est épistatique à I

2. Identification des gènes impliqués dans la coloration des yeux chez la mouche

a)

symboles de votre choix pour les allèles
Les croisements avec la souche sauvage montrent que les divers allèles mutés sont récessifs.
A et C sont affectés dans le même gène que nous symbolisons par *j1*.
B est affecté dans un gène différent *j2*
D, E et F sont affectés dans un même gène *b1*
G et H dans le même gène *o1*
On a donc identifié 4 gènes responsables de la couleur des yeux.

b)

Écrivez le génotype partiel des lignées et des individus de la F₁.

	A	B	C	D	E	F	G	H	S
A	$\frac{j1}{j1}$	$\frac{j1,j2}{j1,j2}$	$\frac{j1}{j1}$	$\frac{j1,B1}{j1,b1}$	$\frac{j1,B1}{j1,b1}$	$\frac{j1,B1}{j1,b1}$	$\frac{j1,O1}{j1,o1}$	$\frac{j1,O1}{j1,o1}$	$\frac{j1}{j1}$
B	$\frac{j1,j2}{j1,j2}$	$\frac{j2}{j2}$	$\frac{j1,j2}{j1,j2}$	$\frac{j2,B1}{j2,b1}$	$\frac{j2,B1}{j2,b1}$	$\frac{j2,B1}{j2,b1}$	$\frac{j2,O1}{j2,o1}$	$\frac{j2,O1}{j2,o1}$	$\frac{j2}{j2}$
C	$\frac{j1}{j1}$	$\frac{j1,j2}{j1,j2}$	$\frac{j1}{j1}$	$\frac{j1,B1}{j1,b1}$	$\frac{j1,B1}{j1,b1}$	$\frac{j1,B1}{j1,b1}$	$\frac{j1,O1}{j1,o1}$	$\frac{j1,O1}{j1,o1}$	$\frac{j1}{j1}$
D	$\frac{j1,b1}{j1,B1}$	$\frac{j2,b1}{j2,B1}$	$\frac{j1,b1}{j1,B1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1,O1}{B1,o1}$	$\frac{b1,O1}{B1,o1}$	$\frac{b1}{B1}$
E	$\frac{j1,b1}{j1,B1}$	$\frac{j2,b1}{j2,B1}$	$\frac{j1,b1}{j1,B1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1,O1}{B1,o1}$	$\frac{b1,O1}{B1,o1}$	$\frac{b1}{B1}$
F	$\frac{j1,b1}{j1,B1}$	$\frac{j2,b1}{j2,B1}$	$\frac{j1,b1}{j1,B1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1}{b1}$	$\frac{b1,O1}{B1,o1}$	$\frac{b1,O1}{B1,o1}$	$\frac{b1}{B1}$
G	$\frac{j1,o1}{j1,O1}$	$\frac{j2,o1}{j2,O1}$	$\frac{j1,o1}{j1,O1}$	$\frac{B1,o1}{b1,O1}$	$\frac{B1,o1}{b1,O1}$	$\frac{B1,o1}{b1,O1}$	$\frac{o1}{o1}$	$\frac{o1}{o1}$	$\frac{o1}{O1}$
H	$\frac{j1,o1}{j1,O1}$	$\frac{j2,o1}{j2,O1}$	$\frac{j1,o1}{j1,O1}$	$\frac{B1,o1}{b1,O1}$	$\frac{B1,o1}{b1,O1}$	$\frac{B1,o1}{b1,O1}$	$\frac{o1}{o1}$	$\frac{o1}{o1}$	$\frac{o1}{O1}$
S	$\frac{j1}{j1}$	$\frac{j2}{j2}$	$\frac{j1}{j1}$	$\frac{B1}{b1}$	$\frac{B1}{b1}$	$\frac{B1}{b1}$	$\frac{O1}{o1}$	$\frac{O1}{o1}$	

3. Soit une protéine constituée de 302 acides aminés. On a isolé un fragment d'ADN contenant le début de la séquence codante du gène correspondant :

a) AUG AUC CAG CAA ACC AAA UGU AAC AAC UCG GCA GCU

b) Met- Ile - Gln - Gln - Thr - Lys - Cys - Asn - Asn - Ser - Ala - Ala

c) La 1ère sérine est codée par UCG, pour être remplacée par une arginine ce codon a dû être remplacé par CGU, ou CGC, ou CGA, ou CGG, ou AGA, ou AGG.

ATTENTION : la mutation à l'origine de cette modification s'est opérée sur l'ADN. L'hypothèse la plus simple est que la mutation porte sur les deux 1ers nucléotides : TC remplacés par CG ou par AG sur le brin non transcrit de l'ADN.

d) Le 4e codon (CAA) a dû être remplacé par un codon-stop : UAA ou UAG ou UGA. Il suffit donc d'un seul remplacement du C par un U dans l'ARNm, c'est-à-dire une mutation remplaçant le C par un T dans le brin non transcrit de l'ADN, pour que la traduction de l'ARNm en protéine s'arrête au 3e acide aminé.

e) c'est donc une mutation par substitution non-sens

4. Les caryotypes.

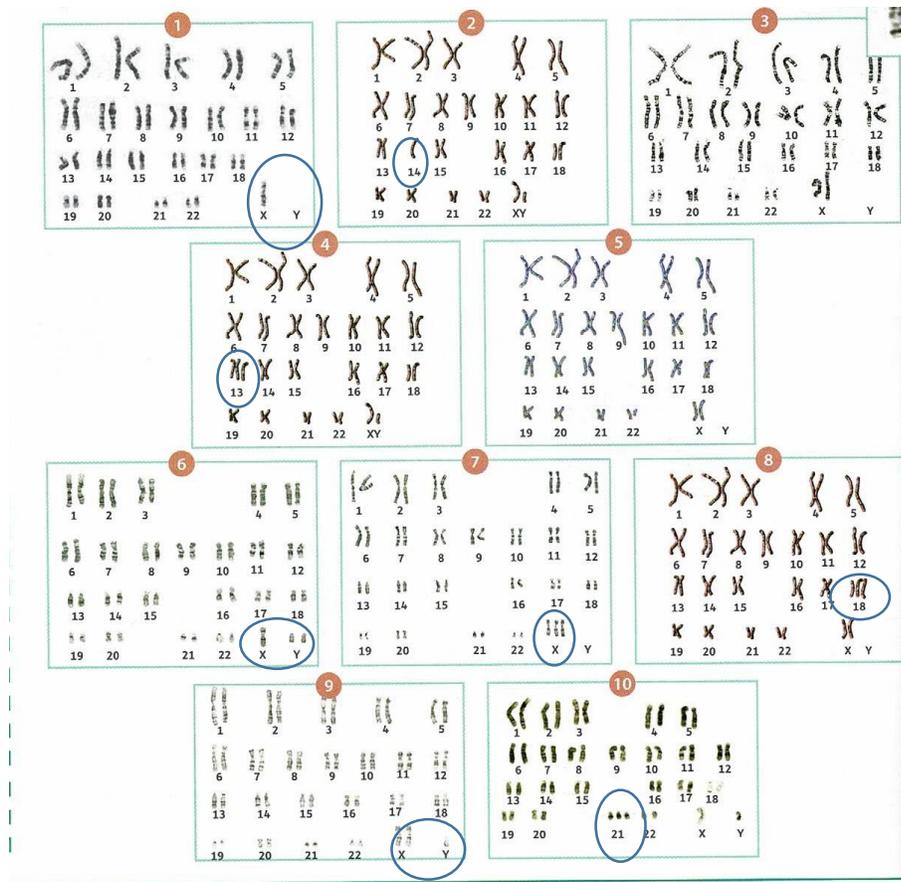
Voici une série de caryotype

a) 1 il manque un chromosome sexuel (un gonosome), 2 Il manque un chromosome 14 (un autosome), 3 / 4 un chromosome 13 en plus, 5 / 6 un chromosome ysexuel en plus, 7 un chromosome X en trop, 8 un chromosome 18 en plus, 9 un chromosome X ou un Y on ne sait pas, 10 un chromosome 21 en trop.

b) mutation chromosomique, anomalie du nombre. Soit on a un chromosome en trop, soit il manque un chromosome.

c) voir photo

d) 1. Fille, 2 garçon, 3 fille, 4 garçon, 5 fille, 6 garçon, 7 fille, 8 fille, garçon car Klinefelter, 10 garçon

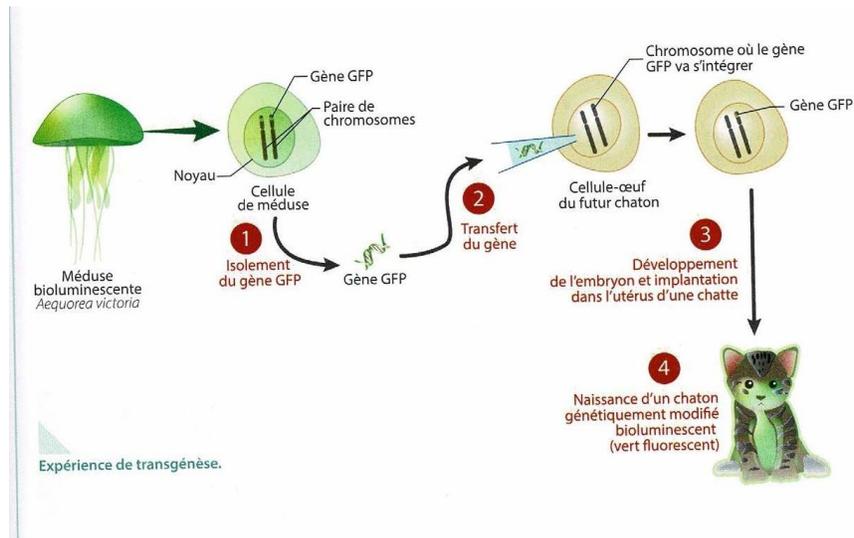


5. Expérience

a) la transgénèse

b) un organisme génétiquement modifié

c)



6. Explique ce qu'il se passe entre la génération 0 et la génération 10.

Nous pouvons observer qu'à la génération 0, nous avons beaucoup de couleurs de billes différentes. Cependant, à la 10^e génération, certaines couleurs ont disparu. C'est la dérive génétique.

7. Montre que cet exemple illustre la sélection naturelle

Sur la plage, nous observons que le nombre de souris des dunes claires attaquées par des prédateurs est beaucoup plus faible que le nombre de souris des dunes foncées attaquées par des prédateurs.

Par contre, à la campagne, nous observons que le nombre de souris des dunes foncées attaquées par des prédateurs est beaucoup plus faible que le nombre de souris des dunes claires attaquées par des prédateurs.

En effet, la souris des dunes échappe à ses prédateurs en se confondant avec son milieu.

C'est donc bien une illustration de la sélection naturelle. Selon l'environnement, une des deux couleurs sera sélectionnée.

A la plage c'est la souris des dunes clair qui est sélectionnée.

A la campagne c'est la souris des dunes foncée qui est sélectionnée.

8. L'hémoglobine

Allèle normal

ATG GTG CAC CTG ACT CCT GAG GAG AAG... CTG TGG GGC AAG GTG AAC GTG

Allele mute 1

ATG GTG CAC CTG ACT CCT **GTG** GAG AAG... CTG TGG GGC AAG GTG AAC GTG

Substitution de la deuxième base du 7^e triplet : une adénine est remplacée par une thymine.

Le 7^e codon de l'ARN m devient GUG à la place de GAG. Ces deux codons ne déterminent pas le même acide aminé. L'acide glutamique de la protéine normale est remplacé par une valine dans la protéine mutée. C'est donc une mutation faux sens.

Allele mute 1

ATG **GTA** CAC CTG ACT CCT GTG GAG AAG... CTG TGG GGC AAG GTG AAC GTG

Substitution de la troisième base du 2^e triplet : une guanine est remplacée par une adénine.

Le 2^e codon de l'ARNm devient GUA au lieu de GUG. Ces deux codons déterminent le même acide aminé : la valine. Il n'y a donc aucune conséquence sur la protéine synthétisée, c'est une mutation silencieuse.

Allèle muté 3

ATG GTG CAC CTG ACT CCT GAG GAG AAG... CTG TGG **GGA AGG TGA ACG TG**

Délétion du 51^e nucléotide de l'allèle normal, ce qui entraîne un décalage du cadre de lecture de tous les codons situés après cette mutation.

Le 19^e codon de l'ARNm UGA devient un codon stop et la chaîne β sera réduite à 18 acides aminés.

Allèle muté 4

ATG GTG CAC CTG ACT CCT GAG GAG AAG... CTG **TGA** GGC AAG GTG AAC GTG

Substitution de la troisième base du 15^e triplet: une guanine est remplacée par une adenine.

Le 15^e codon de l'ARNm devient UGA au lieu de UGG. UGG déterminait le tryptophane alors que UGA est un codon STOP. La chaîne β sera réduite à 14 acide aminé. C'est donc une mutation non-sens.

9. Une histoire de coquille

Des chercheurs ont étudié des populations d'escargots des bois dans la région d'Oxford et de Grande-Bretagne. Analysez les résultats obtenus. Expliquez les résultats obtenus.

a) Forêts feuillues : majorité d'escargots à coquilles sombres

Forêts décidues : majorité d'escargots à coquilles sombres

Haies : majorité d'escargots à coquilles jaunes mais avec des bandes sombres

Prairies à hautes herbes : majorité d'escargots à coquilles jaunes mais avec bandes sombres

Prairies fauchées : on retrouve le plus d'escargots à coquilles jaunes sans bande sombre.

Les caractéristiques des coquilles sont telles que les escargots sont moins visibles dans les habitats qu'ils occupent. Comme ces dernières sont moins visibles, elles échappent facilement à la prédation et elles deviennent majoritaires.

C'est donc une sélection naturelle.

10. Mucoviscidose et résistance à la typhoïde

a) la mucoviscidose est une maladie monogénique récessive grave qui réduit l'espérance de vie des individus (ex : Grégory Lemarchal est décédé vers l'âge de 20 ans de cette maladie). Autrefois, les personnes homozygotes ne pouvaient pas se reproduire car elles n'atteignent pas l'âge adulte. L'allèle muté est donc défavorable, c'est la raison pour laquelle, sa fréquence relativement élevée dans la population française (puisque 1 individu sur 20 est hétérozygote) est assez surprenante.

b) le document 2 montre que les individus porteurs de la mutation ont un avantage sélectif. En effet, ils sont protégés d'une infection engendrée par la bactérie *Salmonella typhi*, agent de la typhoïde. La bactérie pénètre en effet moins bien dans les cellules présentant l'allèle de la mucoviscidose. La typhoïde était auparavant une maladie mortelle ce qui explique un taux élevé de l'allèle muté (impliqué dans la mucoviscidose) au sein de la population. Il est donc soumis à une double pression sélective :

- une pression négative pour les homozygotes (car la mucoviscidose réduit l'espérance de vie)
- une pression positive pour les hétérozygotes (car ils ne souffrent pas de mucoviscidose et résistent à la typhoïde)

11. Pourquoi n'aimons-nous pas tous les brocolis ?

	Je n'aime pas les brocolis	J'aime les brocolis
Génotype		
Echelle génétique	Je possède sur mon chromosome 7 l'allèle « sensible » et qui code pour un récepteur de la PTC pouvant fixer cette molécule	Je possède sur mon chromosome 7 l'allèle muté (3 mutations) « insensible » qui code pour un récepteur de la PTC ne pouvant fixer cette molécule
Phénotype		
Echelle moléculaire (protéine)	Le récepteur de la PTC possède une séquence d'acides aminés qui lui donne une forme complémentaire de la PTC qui peut s'y fixer.	Le récepteur de la PTC possède une séquence d'acides aminés qui lui donne une forme non complémentaire de la PTC qui ne peut donc s'y fixer
Echelle cellulaire	Mes cellules gustatives portent à leur surface les récepteurs pouvant fixer la PTC ce qui déclenche une sensation gustative « amère »	Mes cellules gustatives portent à leur surface les récepteurs ne pouvant pas fixer la PTC ce qui ne déclenche pas une sensation gustative « amère »
Echelle de l'organisme	Ma langue est donc capable de percevoir le goût amère, (la PTC) présent dans les brocolis : Je n'aime pas les brocolis !	Ma langue n'est donc pas capable de percevoir le goût amère , (la PTC) présent dans les brocolis : J'aime les brocolis !

Ainsi, les humains sont différents pour le caractère « sensible au goût amère », en fonction de l'allèle qu'ils possèdent dans leur génotype. La diversité des individus provient donc des mutations qui modifient la séquence de nucléotides des gènes et diversifient les phénotypes.

