

Evaluation N° 2 Premier Semestre

Année scolaire : 2017–2018.

Niveau : 1ère Année Bac. Mathématiques.

Date : 04/01/ 2018.

Durée : 2 heures.

Professeur : Hanane NAFIA.

Sciences de la Vie et de la Terre

Partie 1 : Restitution des connaissances : 5.5 points

1/ Définir les termes suivants : (0.75 point)

Transcription - Traduction - Codon

2/ Répondre par vrai ou faux et justifier votre choix :(0.75 point)

- a)- L'expression de l'information génétique se fait en deux étapes : la traduction puis la transcription.
- b)- La séquence nucléotidique d'un ARN messager est identique à celle du brin non transcrit du gène correspondant.
- c)- La présence d'un codon stop dans une protéine est responsable de l'arrêt de sa fabrication.

3/Repérer les affirmations inexactes et corriger- les :(2 points)

1 Le brin transcrit de l'ADN :

- a) est transformé en ARN messager lors de la transcription.
- b) sert de modèle pour la fabrication d'une séquence d'ARN messager complémentaire.
- c) est identique au brin non transcrit.

2 Les acides aminés :

- a) sont les composants élémentaires de l'ADN.
- b) Sont reliés les uns aux autres par des liaisons peptidiques pour former un polypeptide.
- c) Sont des molécules azotées.

3 L'ARN messager est une molécule :

- a) Est formé d'une succession d'acides aminés.
- b) Qui contient la même information que le gène ayant servi de modèle pour la transcription.
- c) Est transformé en acides aminés par les ribosomes dans le cytoplasme.

4 Le code génétique :

- a) Est universel.
- b) Comporte 60 codons.
- c) Fait correspondre trois nucléotides d'ADN à un acide aminé.

4/Questions à réponses courtes : (2 points)

- a Donner sous forme d'un tableau les différences entre l'ADN et l'ARNm.
- b Expliquer pourquoi une mutation par substitution au niveau d'un gène peut ne pas avoir de répercussion (conséquence) au niveau du polypeptide codé par ce gène.

Partie 2 : Raisonnement scientifique et communication écrite et graphique : 14.5points

Exercice 1: (10.5 points)

La phénylcétonurie est une maladie héréditaire rare due à un déséquilibre dans le métabolisme de l'acide aminé « Phénylalanine », la fréquence de cette maladie pour une population est de 1/10000, parmi ses signes chimiques, des troubles digestifs, une fissuration de la peau...

Pour dépister la cause de cette maladie deux molécules (phénylalanine et l'acide phénylpyruvique) sont dosées dans le sang et dans l'urine de deux sujets le premier en bonne santé et le second atteint de phénylcétonurie.

Le tableau ci- dessous résume les résultats obtenus :

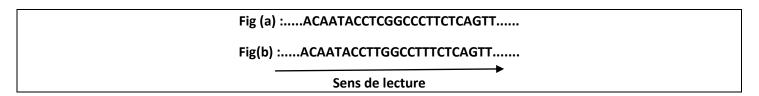
Document 1	Dans le plasma		Dans l'urine		
	Sujet normal	Sujet atteint	Sujet normal	Sujet atteint	
Phénylalanine	1 à 2 (valeurs	15 à 63	1 à 2 (valeurs	300 à 1000	
mg/100 ml	normales)	(valeurs toxiques)	normales)		
Acide phénylpyruvique	0	0.3 à 1.8 (valeurs	0	300 à 2000	
mg/100 ml		toxiques)			

1/ Comparer les résultats des dosages chez le sujet normal et chez le sujet atteint (2 points)

Les recherches ont montré que l'acide aminé phénylalanine se transforme chez le sujet normal en un autre acide aminé la tyrosine sous l'action d'une enzyme PAH (phénylalanine-hydroxylase) qui est formé de 452 acides aminés. Si cette transformation n'est pas produite la phénylalanine s'accumule dans l'organisme et une partie est éliminée dans les urines sous forme d'acide phénylpyruvique.

2/ Concernant les causes de la maladie. Quelle information peut-on tirer de ces données ?(1,5point)

La synthèse de l'enzyme PAH est sous le contrôle du gène R408Q, le document-2-ci-dessous présente la séquence du brin d'ADN non transcrit de ce gène chez un sujet normal fig (a) et chez un sujet atteint fig (b).



Document 2

3/ En vous aidant du tableau du document -3-, déterminer la séquence des acides aminés du polypeptide qui sera synthétisé à partir (3 points)

- a) du segment du gène chez le sujet normal.
- b) du segment du gène chez le sujet atteint.

4/ - a) Comparer les deux polypeptides (1 point)

- b) Expliquer la différence observée (1 point)
- 5 / Expliquer la cause de la maladie à partir de l'ensemble des données précédentes (2 points)

Le code génétique

Deuxième nucléotide

Premier nucléotide

			U		С		Α		G		
ι	U	UUC	phényl- alanine	UCU UCC UCA UCG		UAU	tyrosine	UGU UGC	cystéine	UC	
	U	UUA	leucine		500000000	UAA	STOP	UGA	STOP tryptophane	A	
	С	CUU	leucine	CCU	nrolino	CAU	histidine	CGU	arginine	U	otide
	C	CUA		4 00	CCA proline	CAA	glutamine	CGA CGG		A G	nucléotide
Α	Δ	AUC	isoleucine	ACU ACC ACA ACG	ACC thréonine	AAU	asparagine	AGU AGC	sérine	UC	Troisième
		AUA	méthionine				AAA	lysine	AGA AGG	arginine	A
G	6	GUU GUC GUA GUG	GCU GCC	A alanine	GAU GAC	acide aspartique	GGU GGC GGA GGG	alvoine	U		
	G		GCA GCG		GAA GAG	acide glutamique		glycine	A G		

Document: 3

Exercice 2: (4 points)

La drépanocytose est une maladie héréditaire, les personnes qui sont atteintes ont une hémoglobine anormale désignée par(HbS) et qui provoque une déformation des globules rouges. Un sujet normal possède l'hémoglobine normale(HbA).

Chez certaines populations africaines, les personnes qui possèdent l'hémoglobine anormale (HbS) présentent une grande résistance à la malaria (maladie dont l'agent est le parasite Plasmodium).

Pour comprendre la cause de la drépanocytose on propose l'étude des documents suivants :

Le document -1- présente une partie de la séquence des nucléotides du brin transcrit correspondant à l'Allèle codant pour HbA et l'Allèle codant pour HbS, le document-2- est un extrait du tableau du code génétique.

Codon	Acide aminé	Codon	Acide aminé	Sens de lecture
CUU CUC CUA CUG	Leucine	ACU ACC ACA ACG	Thréonine	GTGGACTGACTACTCCTC
AAA AAG	Lysine	CAU CAC	Histidine	Ségment de l'Allèle HbA
GAA GAG	Acide aspartique	GAU GAC	Acide aspartique	Sens de lecture GTGGACTGACTATTCCTC
UCU UCC UCA UCG	Sérine	UGA UAA UAG	Stop (non sens)	Ségment de l'Allèle HbS
		Docu	ment 2	Document 1

- 1-En exploitant les documents 1 et 2, déterminer la séquence du polypeptide correspondant à chacun des Allèles HbA et HbS. (2 points)
- 2-Expliquer la différence observée. (2 points)