

Corrigé de la partie II



Commentaire

2^{ème} Partie :

- La question 1 est une question d'application d'une procédure supposée connue et une description de cette procédure
- La question 2 implique une comparaison (a) une application de la démarche inverse de la 1^{ère} question (b) et fait appel à la définition de la mutation (c).

Corrigé

2^{ème} Partie

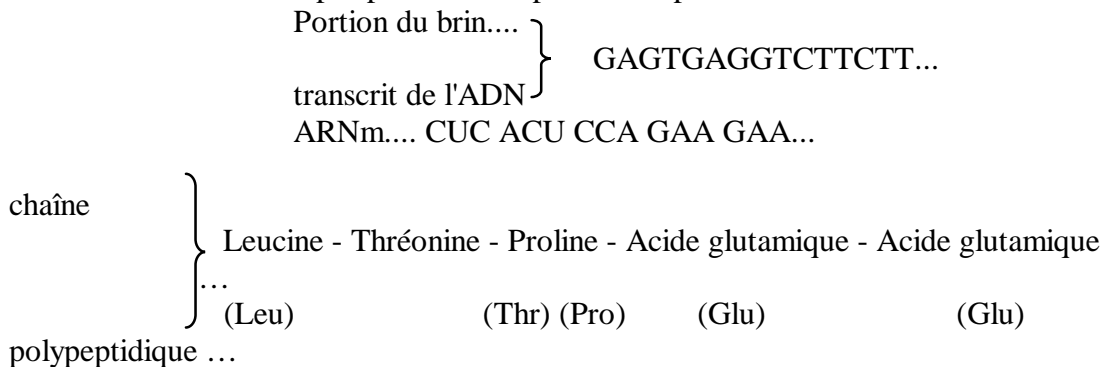
1.

Pour déterminer la chaîne polypeptidique correspondant au fragment du brin d'ADN transcrit, on suit la démarche suivante :

- on recherche la séquence de bases azotées de l'ARN messager (ARNm) formé grâce à la transcription de l'ADN qui est basée sur la complémentarité entre les bases azotées.

	Bases azotées			
ADN codant	A	T	G	C
ARNm	U	A	C	G

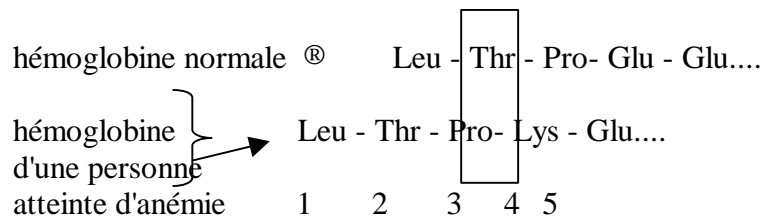
- On recherche la séquence d'acides aminés de la chaîne polypeptidique formée grâce à la traduction, en utilisant le code génétique pour associer à chaque triplet de bases azotées (ou codon) de l'ARNm un acide aminé. Ces 2 étapes peuvent être présentées par le schéma suivant :



2.

- a) On note une différence entre l'hémoglobine normale et celle d'une personne atteinte d'anémie.

Les deux séquences polypeptidiques homologues sont identiques sauf à la position 4 : l'acide glutamique est remplacé par la lysine.



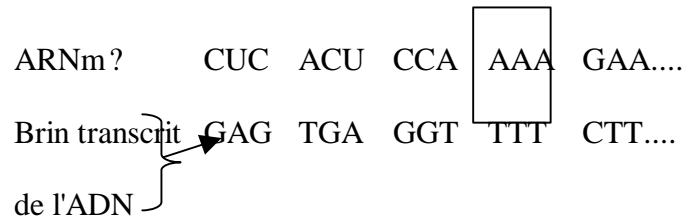
b) Séquence de bases azotées correspondant à la portion d'ADN codant pour

l'hémoglobine anormale.

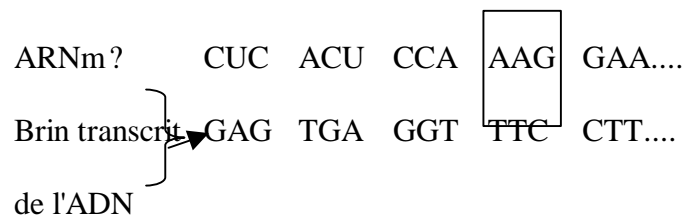
Le code génétique montre que la lysine peut être codée par les codons AAA ou AAG de l'ARNm.

Deux séquences de l'ADN codant pour l'hémoglobine anormale sont alors possibles : on les détermine à partir de l'ARNm.

1^{er} Cas :



2^{ème} cas :



c) L'anomalie est dite héréditaire puisqu'elle est due à une mutation de l'ADN codant pour l'hémoglobine. L'ADN est un support de l'information génétique transmissible.