CORRECTION DÉTAILLÉE

ADN, gènes, allèles et mutations : comparer des séquences simples

Troisième · 45 min · Progression proposée au cycle 4

Les séries de résultats de ces exercices sont construites pour l'activité et ne proviennent pas d'une étude réelle.

Exercice 1 : correction

1. A2 : rang 18, C remplacé par T, substitution (TAC devient TAT). A3 : rang 10, A remplacé par T, substitution (AAA devient TAA). A4 : rang 5, A remplacé par T, substitution (GAA devient GTA). A5 : le C de rang 7 a disparu, délétion d'un nucléotide, ce qui explique les 20 nucléotides.
2. A1 : Met, Glu, Leu, Lys, Gly, Tyr, arrêt (6 acides aminés). A2 : identique à A1. A3 : Met, Glu, Leu, puis arrêt (3 acides aminés). A4 : Met, Val, Leu, Lys, Gly, Tyr (6 acides aminés). A5 : Met, Glu, Leu, Lys, Ala, Thr, puis il reste GA, sans codon d'arrêt lu.
3. A2 : silencieuse. A3 : non-sens. A4 : faux-sens (Glu remplacé par Val). A5 : décalage du cadre de lecture, car une seule base est perdue.
4. Les deux mutations changent une base, mais pas le même codon. TAC et TAT désignent tous deux Tyr, donc la protéine est inchangée. AAA devient TAA, un codon d'arrêt, donc la protéine est tronquée. L'effet dépend du codon obtenu, pas du nombre de bases modifiées.

Critères de réussite : rangs corrects, traduction complète, vocabulaire exact. Pour A5, remarquez que Leu et Lys restent identiques à A1 : le décalage ne modifie pas toujours immédiatement l'acide aminé, mais les codons suivants (Ala, Thr) diffèrent de Gly et Tyr.

Exercice 2 : correction

1. P1 : 80/80 = 100 %. P2 : 79/80 = 98,75 %, soit environ 99 %. P3 : 41/80 = 51,25 %, soit environ 51 %. P4 : 0 %. P5 : 5/80 = 6,25 %, soit environ 6 %.
2. Un seul exemplaire fonctionnel sur deux donnerait 80 / 2 = 40 u.a./mg. La valeur mesurée, 41 u.a./mg, en est très proche (1 u.a./mg d'écart). Un seul allèle A1 suffit donc à produire de l'enzyme et une fleur violette.
3. Avec A3, le fragment traduit compte 3 acides aminés sur 6, soit 3/6 = 50 % du fragment traduit de référence. Ce pourcentage ne concerne que ce fragment partiel et illustratif, pas la protéine complète, qui compte en réalité plusieurs centaines d'acides aminés. Le fragment commençant par ATG, l'arrêt survient très tôt dans la lecture : la protéine complète serait donc fortement raccourcie, privée de la quasi-totalité de sa séquence. Une protéine aussi tronquée a peu de chances de se replier en enzyme active, ce qui est cohérent avec l'activité nulle mesurée pour P4 et ses fleurs blanches. C'est une explication cohérente, pas une preuve : la forme de la protéine n'est pas observée, et on ne déduit pas la fonction d'une enzyme d'un fragment seul.
4. Facteur testé : le génotype (A4/A4 contre A1/A1). Facteurs constants : lumière, température, arrosage, substrat, âge et stade de floraison, partie de la plante prélevée. Répétitions : au moins 10 plantes par génotype, pour ne pas conclure sur un individu isolé. Mesures : activité enzymatique par la même méthode, et couleur évaluée de la même façon. On compare ensuite les moyennes des deux groupes.

Critères de réussite : calculs avec unités, comparaison chiffrée, protocole qui ne modifie qu'un facteur à la fois.

Exercice 3 : correction

1. Chaque parent donne A1 ou A3 avec une probabilité de 1/2. On obtient A1/A1 (1/4), A1/A3 (1/2) et A3/A3 (1/4). Les fleurs sont blanches seulement pour A3/A3, soit une probabilité de 1/4 (25 %).
2. Attendus : 80 × 1/4 = 20 blanches et 60 violettes. Observés : 17 blanches et 63 violettes, soit un écart de 3 plantes, c'est-à-dire 3/80 = 3,75 % de l'effectif. Cet écart est modéré et s'explique par le hasard de la rencontre des gamètes : il ne remet pas en cause le modèle. Les effectifs ne sont pas censés tomber exactement sur les valeurs attendues.
3. Parmi les violettes (3/4 des descendants), les A1/A3 représentent 1/2, soit (1/2)/(3/4) = 2/3, environ 67 %. Cela fait environ 40 plantes sur 60 attendues. Le phénotype ne permet pas de les distinguer des A1/A1 : il faudrait lire la séquence du gène ou les croiser avec des plantes A3/A3.
4. Première affirmation : fausse. Une plante blanche A3/A3 possède bien le gène, mais ses deux allèles sont non fonctionnels (codon d'arrêt, activité nulle). Seconde affirmation : fausse. Une mutation survient au hasard, pas pour répondre à un besoin. Les documents montrent seulement qu'une substitution a produit A3 et que cet allèle est ensuite transmis. De plus, A1 est dominant sur A3 pour le phénotype, mais A3 n'a pas disparu chez les hétérozygotes puisque des plantes blanches apparaissent dans la descendance.
5. Il s'agit d'une espèce fictive, d'un seul croisement et de 80 descendants : on ne peut pas généraliser à d'autres gènes ou espèces. Les résultats illustrent un modèle, ils ne le démontrent pas universellement.

Critères de réussite : probabilités exactes, comparaison chiffrée attendus et observés, distinction nette entre phénotype et génotype, vocabulaire rigoureux.

Page de la ressource : https://svtlab.fr/ressources/adn-alleles-mutations-3e/

Sources du cadre pédagogique :

Programme et ressources Éduscol : https://eduscol.education.gouv.fr/5742/ressources-d-accompagnement-du-programme-de-sciences-de-la-vie-et-de-la-terre-au-cycle-4