

Identifiant secret

Epreuve de: CIN/N° D'INSCRIPTION pour les Etrangers: <div style="border: 1px solid black; width: 150px; height: 20px; margin: 5px 0;"></div> Nom: Prénom: Place N°: Salle:	Signatures des surveillant(e)s	Nombre de cahiers remis
---	---------------------------------------	--------------------------------

Note Attribuée: <div style="text-align: right; font-size: 1.2em;">/20</div>	Epreuve de	Identifiant secret
---	-------------------------	---------------------------

Supposez que la lecture s'effectue de gauche à droite et que les colonnes représentent l'alignement de la transcription et de la traduction.

[illegible]

Une molécule d'ADN double brin possédant la séquence indiquée ci-après produit *in vivo* un polypeptide long de quatre acides aminés :

ATG TAC TAG TAA AGT GCC TTA AAG ATC GTA CAT

3. Quel est le brin d'ADN transcrit (Haut/ Bas) et dans quel sens (Droite vers gauche/ Gauche vers droite) cette transcription a-t-elle lieu ?

NE RIEN ECRIRE ICI

4. Indiquez les extrémités 5' et 3' de chaque brin.

..... TAC ATG ATC ATT TCA CGG AAT TTC TAG CAT GTA

..... ATG TAC TAG TAA AGT GCC TTA AAG ATC GTA CAT

5. Si une inversion se produit entre les deuxième et troisième triplet à partir, **respectivement**, des extrémités gauches et droites et si le même brin d'ADN est transcrit. Quelle sera la longueur du polypeptide résultant ?

.....

.....

.....

.....

.....

.....

6. Supposez que la molécule initiale soit intacte et que le brin du bas soit transcrit de gauche à droite. Donnez la séquence des bases et indiquez les extrémités 5' et 3' de l'anticodon qui insère le quatrième acide aminé dans le polymère naissant. Quel est cet acide aminé ?

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....
.....

Exercice 2 : (4,5 pts)

Ci-dessous est notée une séquence d'ADN double brin comportant un gène codant pour une hypothétique protéine. La transcription démarre au niveau du C souligné en position 9 et la RNA polymérase transcrit de la gauche vers la droite. Les Nucléotides sont numérotés de 1 à 100.

```

      1                      25                      50
5' - GTGTCCGTCTAATATAGGAGGTGTGAGATGTTATATCCCGCCGTCAACAC - 3'
3' - CACAGGCAGATTATATCCTCCACACTCTACAATATAGGGCGGCAGTTGTG - 5'
      51                      75                      100
5' - CATCAAACAGGATAATCGCCTGCTGGGGCAAAGGCCGTGAAGGTAAAGGT - 3'
3' - GTAGTTTGTCTATTAGCGGACGACCCCGTTTCGCCACTTCCATTTCAC - 5'

```

1. Quel brin est utilisé comme matrice pour la transcription, celui du haut ou du bas ?

.....
.....
.....

2. Où se trouve le promoteur relativement au site de démarrage de la transcription ?

.....
.....
.....

3. Quels sont les 15 premiers nucléotides de l'ARNm résultant de la transcription ?
Indiquez son orientation ?

.....
.....
.....
.....

4. Quels sont les 5 premiers acides aminés traduits à partir du transcrit formé ? Indiquez les extrémités amino- ou carboxy- de la protéine.

5. Est-ce que les nucléotides TAA soulignés codent pour un codon stop ? Expliquez.

.....

.....

.....

.....

.....

.....

6. Une mutation aboutit à l'introduction d'un extra G juste après le A en position 11. Quelle est la conséquence de cette mutation sur le transcrit et la protéine qui en résulte ?

.....

.....

.....

.....

.....

.....

7. Une mutation aboutit à la substitution d'un T à la position 36 (souligné) par un G. Quelle est la conséquence de cette mutation sur la protéine produite ? Expliquez.

.....

.....

.....

.....

.....

.....

8. Une mutation aboutit à la substitution d'un C en position 48 (souligné) par un T. Quelle est la conséquence de cette mutation sur la protéine produite ? Expliquez.

.....

.....

.....

.....

.....

.....

9. Une mutation a été trouvée dans un gène codant pour un ARNt. L'ARNt sauvage reconnaît le codon GAA et est chargé avec l'acide glutamique. L'ARNt mutant est toujours chargé par de l'acide glutamique mais l'anticodon est muté et reconnaît le codon TAA. Quel effet cela aura sur la traduction ? Est-ce que la protéine traduite sera différente ?

.....

Exercise 3 : (11 pts)

Chez un champignon ascomycète à tétrades ordonnées, deux souches auxotrophes S1 [Val-] et S2 [Trp-] ont été isolées. Le croisement de chacune des souches mutantes avec la souche sauvage a fourni les résultats suivants :

S1 X S			S2 X S		
Val-	+		Val-	+	
Val-	+		Val-	+	
+	Val-		Val-	+	
+	Val-		Val-	+	
292	308		105	125	

1. Interprétez les résultats de ces croisements.

Le croisement des deux souches mutantes **S1** et **S2** entre elle a fourni, sur 1500 spores analysées, 1350 spores incapables de germer sur Milieu Minimum (Mm).

2. Interprétez le résultat de ce croisement et établir la carte génétique.

Par ailleurs, une souche S3 double auxotrophe [Trp- Ade-] a été isolée. Le croisement S3 X S1 a fourni les résultats suivants :

66 spores [Val+ Trp- Ade+]; 86 spores [Val- Trp- Ade+]; 86 spores [Val+ Trp+ Ade-];
14 spores [Val- Trp- Ade-]; 334 spores [Val+ Trp- Ade-]; 334 spores [Val- Trp+ Ade+];
14 spores [Val+ Trp+ Ade+]; 66 spores [Val- Trp+ Ade+];

3. La synthèse de l'Adénine est contrôlée par combien de couples d'allèles ? Donnez les génotypes des deux souches croisées.

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

4. Interprétez les résultats de ce croisement en précisant si les gènes sont liés ou indépendants et calculez les distances qui les séparent. (Avec correction de distances si c'est nécessaire).

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

5. Calculez le coefficient de coïncidence C et l'interférence I.

Bon travail

Code Génétique

		Deuxième lettre									
		U		C		A		G			
Première lettre	U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	U	Troisième lettre
		UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys	C	
		UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop	A	
		UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp	G	
	C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U	
		CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg	C	
		CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	A	
		CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg	G	
	A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U	
		AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser	C	
		AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg	A	
		AUG	Met	ACG	Thr	AAG	Lys	AGG	Arg	G	
	G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U	
		GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly	C	
		GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGG	Gly	A	
		GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly	G	