

Elément de correction devoir de secours exercice I (ADN-Protéines)

Domaine évalué	Items attendus	Contenu attendu / précision	Schéma attendu
Introduction	Problématisation	Identifier que le même gène peut produire plusieurs protéines ; poser la question du mécanisme	
	Annonce de plan	Mention des trois étapes : transcription, maturation, conséquence sur protéines	
1. Transcription	Rôle de la transcription	Transformation d'un gène en pré-ARNm ; dépend de protéines régulatrices	Schéma 1 : localiser le noyau ; représenter le gène (promoteur + exons/introns) ; flèche vers pré-ARNm
	Régulation de la transcription	Activation/inhibition selon signaux cellulaires ; expression différentielle	Ajout dans le schéma 1 d'un facteur de transcription sur le promoteur
2. Maturation du pré-ARNm	Structure du pré-ARNm	Présence d'introns et d'exons	Inclus dans schéma 2
2.a. Épissage	Épissage simple	Retrait des introns, exons assemblés	Schéma 2A : pré-ARNm → ARNm avec tous les exons regroupés
2.b. Modifications post-transcriptionnelles	Coiffe 5' et queue poly-A	<i>Rôle de stabilisation de l'ARNm ; influence sur sa durée de vie</i>	Schéma 2C : ARNm avec coiffe 5', queue poly-A 3'
3. Lien ARNm → protéines	Relation séquence ARNm / séquence protéique	Ce n'est pas le mécanisme qui est attendu, mais l'idée que différentes séquences d'ARNm donnent des protéines différentes	Schéma 3 : ARNm A → protéine A ; ARNm B → protéine B (domaines différents)
	Diversité fonctionnelle	Protéines obtenues non identiques → fonctions cellulaires variées	Ajout au schéma 3 d'un domaine fonctionnel différent coloré
Conclusion	Synthèse	Rappeler les deux niveaux clés : transcription + maturation	Aucun

En italique optionel

Construction logique par rapport au sujet : le candidat a compris le sujet		Construction scientifique non logique : le candidat n'a pas compris le sujet			
Les idées clés sont toutes traitées. Connaissances complètes et exactes. Arguments exacts, suffisants et pertinents (bien associés ou à propos).	<i>Idées clés incomplètes mais adossées à des connaissances suffisantes</i> Arguments exacts avec des arguments manquants ou des erreurs dans les arguments présentés ou <i>Connaissances insuffisantes mais exactes et associées à des arguments recevables (exacts et à propos)</i>	<i>Connaissances insuffisantes et non étayées par des arguments ou les arguments ne sont pas exacts ou pertinents (non ou mal associés ou non à propos)</i>	De rares éléments exacts pour répondre à la question posée (Connaissances et arguments)	Aucun élément (connaissances et arguments) pour répondre correctement à la question	
7 OU 6	5	4 3	2	1	0
La qualité de l'exposé permet de discriminer les points attribués.					

1- Construction scientifique logique par rapport au sujet

Le candidat a compris le sens du sujet et il construit un propos logique.

2b- Complétude des idées clés

Les idées essentielles pour la construction scientifique sont présentes.

2a- Connaissances complètes et exactes, les arguments sont exacts et suffisants

Les connaissances associées aux idées clés sont présentes.

On n'attend pas l'exhaustivité de tous les termes (même ceux libellés dans le programme) mais que la notion soit comprise et exprimée avec rigueur et précision.

On attend des arguments pertinents (expérience, observation, exemple...) dans la synthèse.

3- Qualité de l'exposé

Qualité formelle : syntaxe, grammaire (formulation scientifique compréhensible des idées ...), orthographe, schéma(s) clair(s) légendé(s) et titré(s) et à propos, mise en page, facilité de lecture, présentation attrayante....

Exemple de rédaction :

Toutes les cellules d'un organisme eucaryote possèdent le même patrimoine génétique. Pourtant, elles produisent des protéines différentes, ce qui leur confère des structures et des fonctions spécialisées. Cette diversité protéique peut même provenir d'un même gène, alors que sa séquence nucléotidique est unique.

Dès lors, comment l'expression d'un seul gène peut-elle permettre la synthèse de plusieurs protéines distinctes dans une cellule eucaryote ?

Pour répondre à cette question, nous verrons d'abord que la transcription est une étape de régulation permettant un contrôle différentiel de l'expression génétique. Nous montrerons ensuite que la maturation du pré-ARNm, en particulier l'épissage alternatif, peut générer plusieurs ARNm différents à partir d'un même gène. Enfin, nous expliquerons en quoi cette diversité d'ARNm conduit logiquement à la synthèse de protéines distinctes.

1. La transcription : une étape de régulation qui conditionne l'expression d'un gène

(Schéma attendu : localisation nucléaire + séquence régulatrice → transcription du pré-ARNm)

Dans le noyau des cellules eucaryotes, l'expression d'un gène débute par sa transcription en un pré-ARNm. Cette étape dépend de la fixation de protéines régulatrices sur des séquences spécifiques de l'ADN.

Selon les signaux reçus par la cellule (hormonaux, environnementaux...), la transcription peut être activée ou inhibée.

Ainsi, un gène peut être transcrit dans une cellule mais pas dans une autre, entraînant une production sélective de certains ARNm et, à terme, de certaines protéines.

2. La maturation du pré-ARNm : un levier essentiel pour créer plusieurs ARNm différents

a. L'épissage des introns et des exons

(Schéma attendu : pré-ARNm avec introns/exons → épissage simple → épissage alternatif)

Le pré-ARNm contient des séquences non codantes (introns) et des séquences codantes (exons).

L'épissage consiste à éliminer les introns et à assembler les exons entre eux.

Cet assemblage peut être alternatif : selon les exons retenus ou exclus, différents ARNm sont produits.

Un même gène peut ainsi donner plusieurs combinaisons d'exons, donc plusieurs séquences codantes distinctes.

b. Autres modifications post-transcriptionnelles

L'ajout d'une coiffe en 5' et d'une queue poly-A en 3' stabilise l'ARNm.

Les variations de longueur ou de stabilité des ARNm influencent leur durée de vie dans le cytoplasme.

La quantité de protéines produites peut donc différer selon la stabilité de chaque ARNm.

3. Conséquences sur la traduction cytoplasmique : une diversité protéique issue d'un même gène

(Schéma attendu : ARNm différent → protéine A / protéine B avec domaines différents)

Bien que le mécanisme de traduction ne soit pas détaillé ici, il est essentiel de rappeler que la séquence de l'ARNm détermine directement la séquence en acides aminés de la protéine.

Ainsi, des ARNm issus d'épissages différents conduisent à la synthèse de protéines qui ne possèdent pas exactement les mêmes domaines fonctionnels.

Ces protéines peuvent alors exercer des fonctions distinctes dans la cellule, contribuant à la spécialisation cellulaire malgré un génome identique.

Un même gène peut conduire à la synthèse de protéines différentes grâce à deux niveaux majeurs de régulation :

- (1) le contrôle de la transcription, qui détermine si un gène est exprimé ou non, et

- (2) la maturation du pré-ARNm, notamment l'épissage alternatif, qui génère plusieurs ARNm codant pour des protéines distinctes.

Ces mécanismes expliquent comment des cellules pourtant dotées du même génome peuvent produire des protéines variées et assurer des fonctions spécialisées.