




L'information génétique portée par un gène est transportée dans le cytoplasme grâce à des molécules informatives codées : les ARN messagers.

Le passage de la séquence de nucléotides d'ARNm à la séquence des acides aminés qui constitueront le polypeptide de la protéine nécessite un système de correspondance : le code génétique.

C'est la correspondance entre une information écrite en nucléotides (4 : A, U, C et G) et une molécule formée à partir de 20 types d'acides aminés.

**On cherche à comprendre quelles sont les caractéristiques du code génétique.**

RAISONNER	
	<p>Les ARNm sont constitués d'un langage formé à partir de l'enchaînement de 4 nucléotides. Cette séquence permet de synthétiser la séquence d'acides aminés des protéines. Or, il n'existe que 20 types d'acides aminés différents pour synthétiser l'immense variété des protéines du monde vivant.</p> <p>Indiquer le nombre de combinaisons de nucléotides nécessaires pour coder chacun des 20 acides aminés.</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Si un seul nucléotide codait pour un acide aminé, il y aurait ..... combinaisons possibles.</li> <li>- Si 2 nucléotides codaient pour un acide aminé, il y aurait ..... combinaisons possibles.</li> <li>- Si 3 nucléotides codaient pour un acide aminé, il y aurait ..... combinaisons possibles.</li> </ul> <p>A ce stade, <b>formuler une hypothèse</b> sur le nombre de nucléotides qui codent pour un acide aminé.</p>

UTILISER DES TECHNIQUES : Logiciel Anagène de visualisation des séquences d'ADN, d'ARN et de protéines		Matériel à disposition
	<p><b>Ouvrir</b> le logiciel Anagène</p> <p><b>Utiliser</b> les fonctionnalités du logiciel pour obtenir la traduction de l'ARNm codant en séquence peptidiques (protéines)</p> <p><b>Votre hypothèse semble-t-elle se confirmer ? Quelle remarque peut-on faire dans ce cas ?</b></p> <p>Le bouton  indique les propriétés des molécules sélectionnées</p> <p>Afin de confirmer votre remarque, vous allez synthétiser des molécules d'ARNm constituées uniquement de trois nucléotides chacune.</p> <p><b>Utiliser</b> les fonctionnalités du logiciel pour créer les 4 molécules d'ARN suivantes : <b>GUU, GUC, GUA</b> et <b>GUG</b> puis <b>AAU, AAC, AAA, AAG</b>.</p> <p><b>Effectuez</b> ensuite la traduction de ces ARN.</p> <p><b>Votre remarque est-elle confirmée ?</b></p> <p><b>Fermez toutes les fenêtres du logiciel sans enregistrer.</b></p> <p><b>Utiliser</b> les fonctionnalités du logiciel pour obtenir la traduction de l'ARNm codant en séquence peptidiques (protéines)</p> <p>Dirigez-vous, pour la séquence d'ARNm, à l'aide de l'onglet déroulant, au niveau des nucléotides 442 à 444.</p> <p><b>Que constatez-vous ?</b></p> <p><b>Utiliser</b> les fonctionnalités du logiciel pour obtenir la traduction de l'ARNm codant après lui avoir enlevé 1, puis 2 .... jusqu'à 6 nucléotides.</p>	<p>Logiciel Anagène</p> <p>Fiche technique</p>

**Exercice**

Voici la séquence d'un morceau d'ARNm codant pour une protéine importante appelée l'insuline.

.....GGCUUCUUCUACACUCCUAAGACUUUUAGCGGC.....

1 - Reconstituer la séquence des acides aminés de ce morceau de protéine.

2 - Représenter la portion de gène contenant l'information nécessaire à la synthèse de cette chaîne d'acides aminés. Distinguer le brin transcrit (matrice) du brin non transcrit (codant).

3 - Peut-on à partir d'une séquence d'acides aminés trouver facilement l'ARNm qui correspond à cette séquence. Détailler votre réponse.

2 <sup>e</sup> lettre 1 <sup>e</sup> lettre	U		C		A		G		3 <sup>e</sup> lettre	
U	UUU	Phénylalanine	UCU	Sérine Ser	UAU	Tyrosine Tyr	UGU	Cystéine Cys	U	
	UUC	Phe	UCC		UAC	UAG	non-sens STOP	UGA	non-sens STOP	C
	UUA	Leucine Leu	UCA		UAA	non-sens STOP	UGG	Tryptophane Trp	A	
	UUG		UCG		UAG	non-sens STOP	U			
C	CUU	Leucine Leu	CCU	Proline Pro	CAU	Histidine His	CGU	Arginine Arg	C	
	CUC		CCC		CAC	CGC				
	CUA		CCA		CAA	CGA				
	CUG		CCG		CAG	CGG				
A	AUU	Isoleucine Ileu	ACU	Thréonine Thr	AAU	Asparagine Asn	AGU	Sérine Ser	U	
	AUC		ACC		AAC	AGC	C			
	AUA		ACA		AAA	Lysine Lys	AGA	Arginine Arg	A	
	AUG	Méthionine Met	ACG		AAG	AGG	G			
G	GUU	Valine Val	GCU	Alanine Ala	GAU	Acide aspartique Asp	GGU	Glycine Gly	U	
	GUC		GCC		GAC	GGC	C			
	GUA		GCA		GAA	GGA	A			
	GUG		GCG		GAG	GGG	G			

Les propriétés du code génétique sont donc les suivantes :

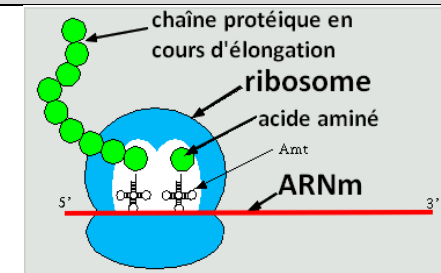
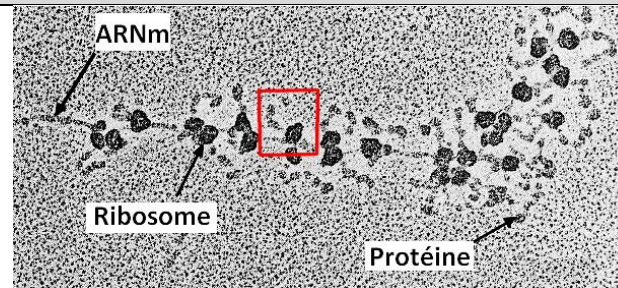
- Il assure la correspondance entre nucléotides et acides aminés. Chaque acide aminé est codé par un triplet de nucléotides : un codon
- Il est redondant : un acide aminé peut-être codé par plusieurs codons.
- Certains codons permettent l'arrêt de la synthèse : les codons stop (au nombre de 3)
- Il est universel.

On cherche maintenant à comprendre comment sont produites les protéines à partir de ces ARN messagers.

### DOCUMENTS DE RÉFÉRENCE

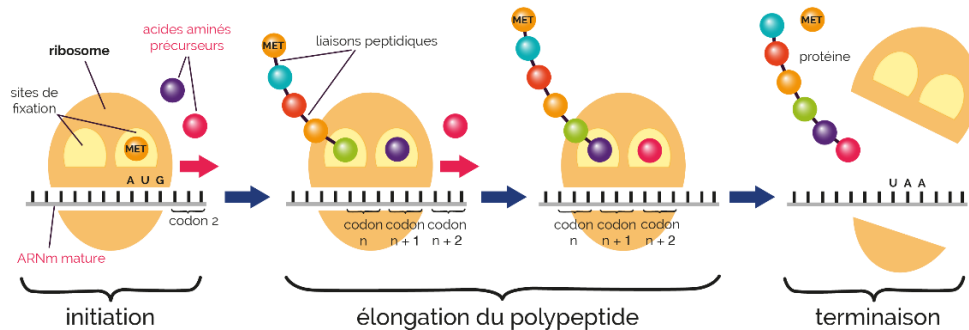
#### Les polysomes

Au cours de la seconde étape de la synthèse protéique, des figures particulières apparaissent dans le cytoplasme ressemblant à des « colliers de perles » : ce sont les polysomes (a) - (b) interprétation de l'encadré - (c) un ribosome est constitué de deux sous-unités



Éléments rajoutés aux extraits cytoplasmiques	Résultats de l'expérience
ARNm seul	Pas de protéine
Ribosomes seuls	Pas de protéine
ARNm + ribosomes	Présence de protéines radioactives
ARNm lapin + ribosomes de poulet	Présence de protéines radioactives de lapin
ARNm de poulet + ribosomes de lapin	Présence de protéines radioactives de poulet

Résultats expérimentaux de traductions *in vitro*. ARNm = ARN messager.



### COMMUNIQUER SES OBSERVATIONS et RÉPONDRE À LA PROBLÉMATIQUE



**Relever** les données qui permettent de dire que les ribosomes sont nécessaires à la synthèse protéique mais qu'ils ne contiennent pas d'information génétique.

A l'aide des informations des animations et de la vidéo, **récrivez** une synthèse des 3 étapes de la traduction.

**Réaliser un schéma fonctionnel** de la traduction, mettant en évidence la fonction du ribosome, en particulier son déplacement par rapport à l'ARNm et son intervention dans l'assemblage de la séquence de nucléotides suivante :

ATGTTAGTTCCTAGCTG ( brin non transcrit )

#### Matériel à disposition dans le dossier ressource

- Animation traduction.pps
- Animation traduc2.exe

Vidéo :

<https://www.youtube.com/watch?v=1YvgBWpB4Qw>

Pour le schéma : Utilisez une page entière, titrez, utilisez de la couleur - Légendez sans erreur - Soyez explicites (nom des étapes, phases)

Correction

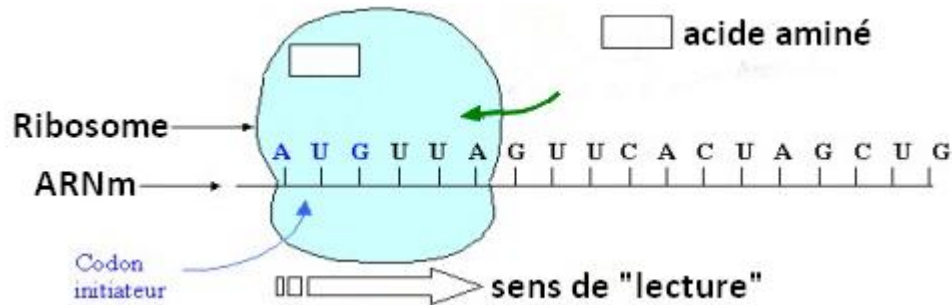
Pour parvenir à montrer le sens de lecture de l'ARNm, il faut procéder à la traduction simple d'une séquence d'A.R.N.m dans un sens donné, puis effectuer la même action sur la séquence inversée de cette même molécule d'ARNm. On constate que la traduction de l'ARNm inversé n'aboutit pas du tout à la même protéine. Le sens de lecture de l'ARNm est donc crucial pour produire la bonne protéine.

On constate que la suppression d'un ou 2 nucléotides change la nature des acides aminés produit (la séquence protéique est modifiée avec souvent un arrêt de la séquence)

. Par contre, si on supprime 3 nucléotides, cela correspond à la suppression d'un acide aminé sans modification du reste de la séquence

. L'ajout d'un acide aminé est donc corrélé à un code de 3 nucléotides (CODONS) = **Trois nucléotides codent la mise en place d'un acide aminé**

### 1. Initiation



### 2. Élongation (à poursuivre)