

Éléments scientifiques attendus :

- Hybridation
- Transcription (brin transcrit = non codant) : passage du « langage » ADN au « langage » ARN
- ARN pré-messager / ARN messenger
- Maturation – Épissage
- Gènes morcelés : exons – introns

La **transcription** est la 1<sup>ère</sup> étape de la synthèse protéique, elle se déroule dans le **noyau**. Elle consiste à passer du « langage » ADN, molécule bicaténaire, en « langage » ARN, molécule monocaténaire. **Pour cela**, un seul brin sert de modèle, c'est le **brin transcrit** : une ARN polymérase construit l'ARN à partir des nucléotides libres dans le nucléoplasme et en respectant la complémentarité des séquences. **Il en résulte** une première molécule, **l'ARN pré-messager**, de longueur identique au gène. Mais cette molécule va subir une **maturation** qui va consister à la « raccourcir ».

**En effet**, les gènes des eucaryotes sont des **gènes morcelés**, formés de parties codantes (exons) et de parties non codantes (introns). Cette maturation va consister à **l'élimination des introns** et au « collage » **bout à bout des exons**. Cette opération terminée, il en résulte une molécule qualifiée d'**ARN messenger** qui va passer dans le cytoplasme pour servir à la seconde étape de la synthèse protéique, la **traduction**.

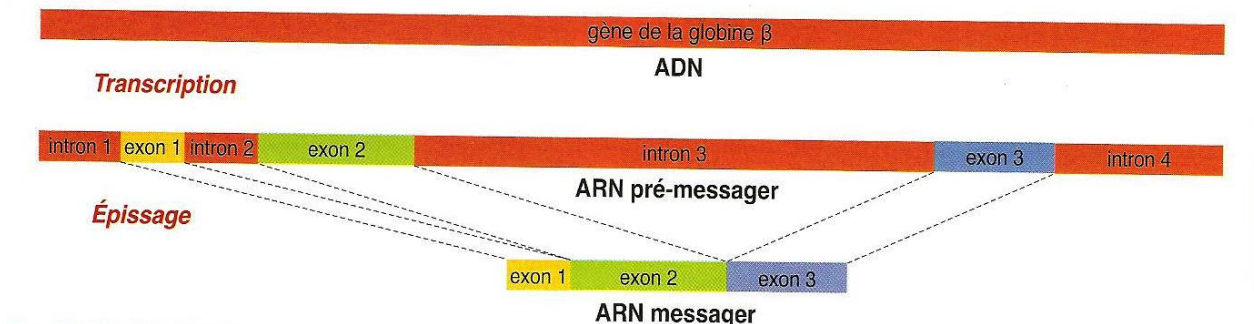
**PHOTO** : **Par conséquent**, si on **hybride** une molécule d'ARNm avec la portion du gène qui lui a donné naissance, on voit ces figures particulières avec des **boucles** (zones non hybridées) **car l'ARNm est plus court que le gène lui-même**.

Après la transcription, l'ARN pré-messager en cours de formation subit un **épissage** :

- des portions d'ARN appelées **introns** sont éliminées ;
- les autres portions d'ARN, appelées **exons**, sont liées

les unes aux autres pour former l'ARN messenger qui sera exporté vers le cytoplasme.

En moyenne, les introns représentent 90 % de la séquence totale des gènes.



Réponse :

20 exons sur 24 sont identiques chez toutes les protéines *DSCAM* par conséquent la variabilité des protéines repose sur les 4 autres exons qui sont pris parmi les 4 groupes :

- 1 exon sur les 12
- 1 exon sur les 48
- 1 exon sur les 33
- 1 exon sur le 2

Donc  $12 \times 48 \times 33 \times 2 = 38\ 016$  possibilités différentes pour synthétiser des protéines de type *DSCAM* !

Ce phénomène appelé **épissage alternatif** procure une grande flexibilité génétique en permettant à un gène de coder selon le cas pour plusieurs protéines.

Finalement, le **génom**e humain (ou celui de la *Drosophile*) est composé d'un « petit » nombre de gènes (20 000 à 25 000 environ) mais comme ce génome est très **morcelé** (beaucoup plus que chez une levure par exemple), la taille de son **protéome**, c'est-à-dire l'ensemble de son bagage protéique, est **infiniment plus grande**.