

ATELIER ANAGÈNE 2**Activité 2** : Étude de l'expression de l'information génétique
Du gène à la protéine : deux étapes successives ?

Ce travail constitue une approche pratique de la transcription et de la traduction.

+ Place dans les Programmes :

Cette séance vous permettra de monter des TP dans le cadre du programme suivant :

✓ Programme de Chimie-Biochimie Sciences du Vivant en Terminale STL :**➤ Thème 4 : Les systèmes vivants contiennent, échangent et utilisent de l'information génétique**

• Partie 4.3. La séquence codante d'un gène permet l'expression d'un caractère via la synthèse d'une protéine.

« La séquence d'ADN du brin codant d'un gène est transcrite en une séquence d'ARN : c'est la **transcription**. Dans le cas de l'ARN messager, la séquence codante est traduite en une séquence d'acides aminés selon le code génétique universel : c'est la **traduction**. »

+ Objectifs de connaissances :

- Découvrir les différences entre ADN et ARN ;
- Découvrir le premier mécanisme de l'information génétique : transcription ;
- Transcrire une séquence d'ADN en ARN m ;
- Mettre en évidence l'existence de gènes morcelés et comprendre le phénomène de l'épissage.

+ Objectifs de méthode :


- Utiliser le logiciel Anagène dans le respect strict des consignes
- Communiquer à travers des réponses précises utilisant des termes scientifiques ;
- Exploiter un document (graphique, texte)
- Saisir des informations afin d'identifier une mutation et préciser sa nature par comparaison simple
- Émettre des hypothèses.


PRÉREQUIS : Ces activités devront être précédées d'une comparaison de la molécule d'ADN et d'ARN (structure spatiale avec Rastop ou exploitation de documents...).


II Première étape = Étude du mécanisme de la transcription

Problématique : Comment faire pour que la lecture successive des nucléotides de l'ADN d'un gène conduise à un assemblage successif des nucléotides de l'ARN messager ?

1- ● Lancer le logiciel Anagène 2 :

→ **Ouvrir** la « banque de séquences fournies » puis le « dossier  ».

Quelles sont les informations fournies concernant la séquence  ?


2- ● → **Sélectionner** alors cette séquence .

3- ● **Convertir la séquence** de façon à afficher dans une nouvelle fenêtre le brin non transcrit codant pour l'allèle B des groupes sanguins et l'ARN m correspondant.

4-  **Comparer** le brin non transcrit de l'allèle B des groupes sanguins avec l'ARNm.

5- ● **Convertir la séquence** de façon à afficher le brin transcrit et l'ARN m correspondant.

6-  **Comparer** le brin transcrit de l'allèle B des groupes sanguins avec l'ARNm.

7-  Sachant que **l'ARN m est grâce à une enzyme l'ARN polymérase**, par **complémentarité d'un des brins de l'ADN** (*il est plus judicieux de placer un document pour faire trouver aux élèves que l'ARN est fabriqué par complémentarité des bases azotées*), en déduire quel est le brin transcrit ou non transcrit qui servira de « brin matrice » ?

8- ● **Relever** respectivement le nombre exact de nucléotides de la molécule d'ADN, puis de la molécule d'ARNm.

Bilan intermédiaire 1 : À partir des informations récoltées, demander aux élèves de construire un **schéma de la transcription** en y faisant figurer au moins les annotations suivantes : *brin transcrit, ARN polymérase, molécule d'ADN, ARN en cours de synthèse.*

9- ● Effacer toutes les séquences.






III) Deuxième étape = Étude du mécanisme de la traduction

Problématique : Comment faire pour que la lecture successive d'une séquence de nucléotides constituant l'ARN messager conduise à une séquence d'acides aminés constituant une protéine ?

A) Quel est le système de codage permettant le passage d'un message en « nucléotides » à un message en « acides aminés » ?

📄 **Donnée 1** : La relation entre un « message » écrit avec les 4 bases azotées des acides nucléiques et sa traduction sous forme de protéine (enchaînement d'acides aminés différents) n'est pas évidente au premier abord. Il a fallu deux ans (entre 1961 et 1963) pour que cette relation soit comprise.

1- Sur le logiciel Anagène 2 ouvert :

→ **Ouvrir** la « banque de séquences fournies » puis le « dossier »  LES CHAÎNES DE L'HÉMOGLOBINE ,
 Bêta
 puis  Séquences normales et  beta.pro
 et  betacod.am

2- **Déplacer la séquence** de façon à afficher l'ARN m au-dessus de la protéine correspondante.

3- Uniquement en utilisant l'échelle, relever le **nombre total de nucléotides de l'ARN m** du gène de la globine bêta.

4- Uniquement en utilisant l'échelle, relever le **nombre total d'acides aminés constituant la protéine** (globine bêta). *Demander de l'aide si besoin.*

Bilan intermédiaire 2 : Cela permet de faire constater aux élèves par exemple en leur demandant de faire un calcul simple qu'un acide aminé est codé par 3 nucléotides.

5- **Rappeler le nombre d'acides aminés naturels.** *Vous pouvez vérifier à l'aide des informations fournies par le logiciel sur la protéine bêta pro par exemple.*

📄 **Donnée 2** : Pour établir la correspondance entre les associations de bases des acides nucléiques et les acides aminés, Nirenberg et Khorana réalisent l'expérience suivante en 1961 : ils mettent au point un système in vitro de synthèse protéique (à partir d'extraits bactériens) auquel il faut ajouter l'ARN messager (ARN m) codant pour la protéine à synthétiser.

Dans 20 tubes à essais, ils incubent un ARN m formé uniquement d'un seul type de nucléotide par exemple un ARNm formé d'uracile (poly U = UUUUUUUU...) et ils ajoutent dans chaque tube, un acide aminé radioactif différent et tous les composants nécessaires à la synthèse protéique. Après synthèse protéique, les protéines sont isolées par précipitation et on mesure leur radioactivité pour chacun des 20 tubes.

6- Sur la barre d'outils du logiciel, cliquer sur **AUG** .

7- Entrer le codon UUU : en déduire l'acide aminé codé par UUU.

8- Déterminer la correspondance en acides aminés des codons **AAA** et **AAG**.

Bilan intermédiaire 3 : Faire le point avec les élèves sur la définition d'un codon et faire le lien avec les découvertes bilan intermédiaire 2.

📄 **Donnée 3** : Nirenberg réalise une deuxième expérience comme précédemment (système acellulaire + ARNm + acides aminés) en utilisant un ARNm de séquence ACACACACACACAC.....

↳ cette deuxième expérience permet la synthèse d'un peptide de séquence
Thr - His - Thr - His - Thr - His - Thr - His - ...

9- Justifier la synthèse du peptide obtenu dans cette expérience.

📄 **Donnée 4** : Nirenberg réalise enfin une troisième expérience utilisant un **ARN m de séquence AACACAACAAC...**

↪ cette troisième expérience permet la synthèse de **3 peptides de séquence respective.**

10- 🟡 En vous aidant du code génétique, trouver les 3 peptides synthétisés dans l'expérience 3.

11- 🟡 Déduire de ces résultats la séquence des bases azotées constitutives de l'ARNm codant pour la Thréonine (Thr).


Bilan intermédiaire 4 : Faire le point avec les élèves sur le code génétique entièrement décrypté en 1965. Il existe ainsi 64 associations possibles de 3 nucléotides.

12- 🟡 Déterminer la correspondance en acides aminés des codons **CGC, AGA** et **CGU**.

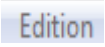
13- 🟡 À partir de votre découverte précédente (Q12), expliquer pourquoi les biologistes disent que le code génétique est redondant.

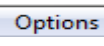
B} Quel est le mécanisme de la traduction ?

14- 🟡 Effacer la séquence protéique.

→ **Ouvrir** la « banque de séquences fournies » puis le « dossier  LES CHAÎNES DE L'HÉMOGLOBINE ». Sélectionner alors 2 fois de suite la séquence « **alphacod.arn** » pour qu'elle s'affiche deux fois.

15- 🟡 Sélectionner la première séquence **alphacod.arn** ; puis **réaliser une conversion en séquence peptidique (traduction simple)**

16- 🟡 Sélectionner la deuxième séquence **alphacod.arn** ; dans le menu  vous voyez apparaître « **inverser la séquence** » : que constatez-vous ?

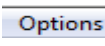
17- 🟡 Dans le menu  enlever la protection des données ; vous pouvez désormais inverser la séquence **alphacod.arn** : elle se nomme alors **ialphacod.arn**

18- 🟡 Réaliser une **conversion de ialphacod.arn en séquence peptidique.**


19- 📄 **Comparer** les deux séquences protéiques. Qu'en déduisez-vous ?


20- 🟡 Effacer la séquence protéique inversée et ialphacod.arn.

→ **Ouvrir** la « banque de séquences fournies » puis le « dossier  LES CHAÎNES DE L'HÉMOGLOBINE » et betacod.arn et gammacod.arn. **Sélectionner** chacune des 3 séquences.

21- 🟡 Dans le menu , cocher « **règles en triplet** » : vous voyez apparaître plus clairement les codons (triplets de nucléotides). Vous pouvez également vous placer sur un codon par exemple le 1^{er} et cliquer sur « **grand curseur** » : un **codon** est alors **mis en évidence** (cela facilite les comparaisons lors des mutations) sur plusieurs séquences et **non un seul nucléotide**.

22- 🟡 Encadrer le premier codon de chacune des 3 séquences d'ARN. **Que remarquez-vous au début de chacune des 3 séquences d'ARN ?**

23- 🟡 Aller à la fin des 3 séquences puis aligner les séquences : pour cela, cliquer sur  pour décaler les codons jusqu'à aligner les séquences.

24- 🟡 Encadrer le dernier codon des 3 séquences d'ARN. **Que remarquez-vous à la fin des 3 séquences d'ARN ?** (vous pouvez utiliser le code génétique  pour expliciter votre réponse). Proposer une signification possible pour ces codons.

Bilan final : Le code génétique a entièrement été décrypté en 1965. Il existe ainsi 64 associations possibles de 3 nucléotides. L'ARN m est lu selon un sens donné ; la séquence en nucléotides de l'ARN m est le support d'une information. Il existe un début et une fin au sein de la molécule d'ARNm.