



Situation : La synthèse de protéine se fait en plusieurs étapes : La transcription consiste à produire un ARN messager à partir du brin codant de l'ADN, puis la traduction permet de produire une protéine formée d'acides aminés à partir de cet ARNm formé de nucléotides.

Problème : Comment la traduction « décode » l'ARN pour former une protéine faite d'acides aminés ?

VOTRE MISSION : Résoudre les énigmes une à une, ce qui vous mènera à la réponse

Enigme n°1 :

L'ARN est constitué d'un enchaînement ordonné de nucléotides parmi 4 possibles (A,C,G,U), alors qu'une protéine est constituée d'un enchaînement ordonné d'acides aminés parmi 20 possibles.

On peut alors formuler l'hypothèse suivante : « Il existe une correspondance, ou code, entre la séquence en nucléotide de l'ARN et la séquence en acides aminés de la protéine, tel que : un acide aminé est codé par X nucléotides (avec X= nombre entier) »

- Pour accéder à l'indice suivant vous devez trouver la plus petite valeur de X nucléotides qui permet de coder l'ensemble des 20 acides aminés. (Démarche et calculs apparents)

Quand vous pensez avoir trouvé la bonne réponse appelez la professeure pour obtenir l'enveloppe correspondant à votre réponse.

Enigme n°2 :

Une séquence de 3 nucléotides déterminant 1 acide aminé est appelée codon.

Il existe donc 64 codons différents qui constituent le **code génétique**

Les correspondances codon- acide aminé ont été découvertes par Nirenberg et Matthaei en 1961.

- Pour accéder à l'indice suivant, vous devez lire attentivement les documents présentés, et utiliser vos déductions pour compléter le code génétique fourni.

3 codons devraient être indéterminables ... lorsque vous avez rempli le code génétique à l'exception de ces 3 codons, appelez la professeure.

Enigme n°3 :

La bêta-Thalassémie est une maladie génétique qui altère l'hémoglobine du sang. Elle est due à une malfonction de l'hémoglobine. L'étude des hémoglobines des malades montre que ces protéines sont malformées, et qu'il existe plusieurs types d'hémoglobine malformées.

L'étude des ARN et protéines de plusieurs individus atteints de bêta-thalassémie doit vous permettre de déterminer le rôle des codons UAA, UAG et UGA.

Pour cela, rendez-vous dans Anagène.

- Ouvrez : Thèmes d'études > Thèmes fournis 1997 > Relation génotype-Phénotype > Phénotypes thalassémiques > Séquences nucléiques. Vous obtenez alors 9 séquences d'ADN (1 sain et 8 malades)
- Sélectionnez les séquences de l'individu sain, et des individus malades 3 et 4 et convertissez-les en ARN et en protéine en même temps.
- Etudiez les ARN et protéines obtenues afin de déterminer le rôle des codons UAA, UAG et UGA.

Appelez la professeure lorsque vous pensez avoir trouvé

Enigme n°4 :

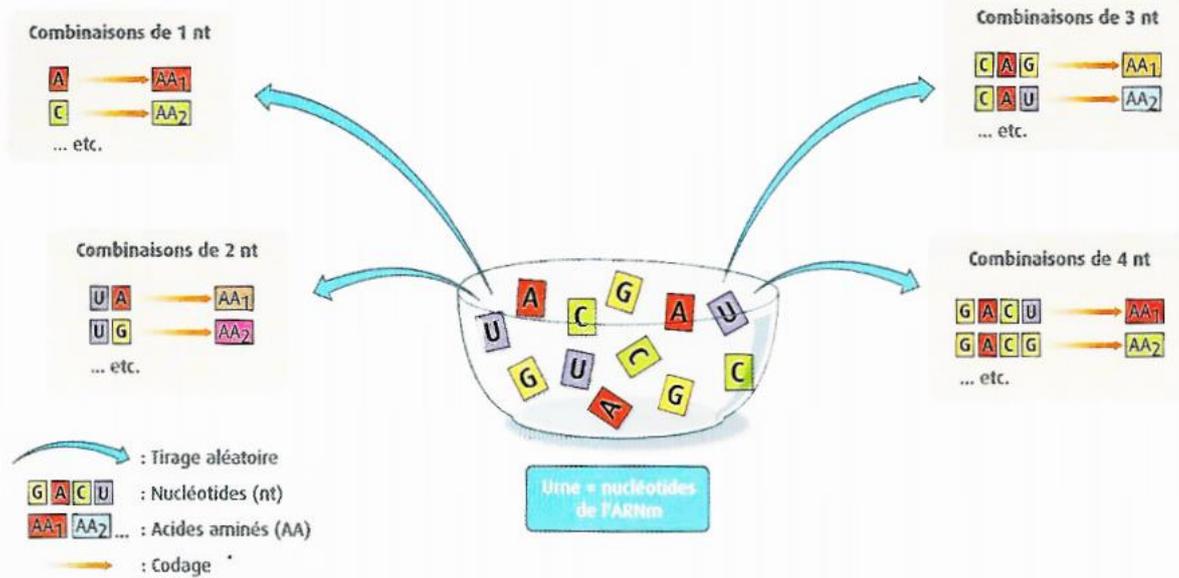
A partir des définitions, de vos précédentes déductions et des documents si dessous, déterminez si le code génétique est :

- | | |
|--------------------------|---|
| 1- Universel | 5- Chevauchant (2 aa codés par un même codon) |
| 2- Non-universel | 6- Non chevauchant |
| 3- Redondant (se répète) | 7- Univoque (1 codon donne toujours le même aa) |
| 4- Non redondant | 8- Equivoque (1 codon peut donner plusieurs aa) |

- Utilisez vos réponses dans l'ordre alphabétique pour ouvrir le cadenas.

Il semblerait qu'une erreur se soit glissée dans votre démarche

> Lisez attentivement ce document, puis calculez le nombre de combinaisons possibles de 1, 2, 3, 4, ... nucléotides jusqu'à trouver combien il faut de nucléotide pour pouvoir coder les 20 acides aminés.



1 Différentes possibilités de codage de l'ARNm. Un ARNm est constitué d'un enchaînement ordonné de nucléotides parmi 4 possibles (A, U, G, C). Une protéine est constituée d'un enchaînement ordonné d'acides aminés parmi 20 possibles. Il doit donc exister une correspondance, ou code, entre une séquence de nucléotides et une séquence d'acides aminés. Plusieurs possibilités de codage sont envisageables suivant que l'on considère des combinaisons de 1 à 4 nucléotides de l'ARNm pour un acide aminé de la protéine.

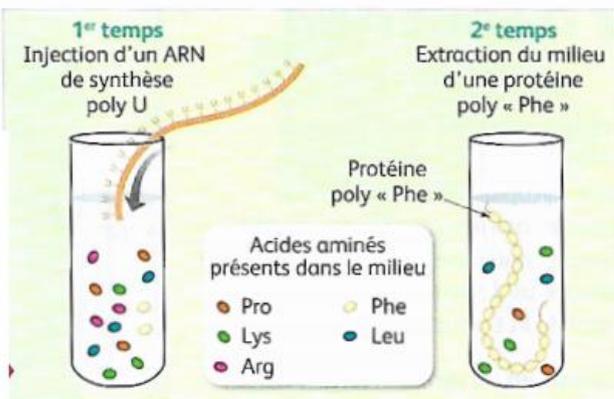
► Au cours de la même année 1961, Nirenberg et ses collaborateurs mettent au point un protocole permettant d'élucider le code génétique.

► Ils préparent tout d'abord des extraits de cytoplasme dépourvus d'ARN mais contenant les 20 acides aminés et tous les éléments nécessaires à la synthèse des protéines. Ils ajoutent ensuite à cette préparation des ARN messager de synthèse dont la séquence est connue puis analysent la séquence des protéines obtenues.

► En essayant plusieurs combinaisons de nucléotides, les scientifiques ont, en l'espace de deux ans, décrypté l'intégralité du code génétique. Ces travaux ont de plus confirmé ce qu'avait prévu l'équipe de Crick : chaque acide aminé est codé par un triplet de nucléotides appelé codon ; il en existe 64 différents.

Quelques résultats des expériences de Nirenberg et Matthaei :

ARN messenger de synthèse	Séquence protéique obtenue
Poly U : ...UUUUUUUUUUUU...	...-Phe-Phe-Phe-Phe-...
Poly A : ...AAAAAAAAAAAAA...	...-Lys-Lys-Lys-Lys-...
Poly G : ...GGGGGGGGGGGG...	...-Gly-Gly-Gly-Gly-...
Poly C : ...CCCCCCCCCCCC...	...-Pro-Pro-Pro-Pro-...
Poly UC : ...UCUCUCUCUCUC...	...-Ser-Leu-Ser-Leu-...
Poly UG : ...UGUGUGUGUGUG...	...-Cys-Val-Cys-Val-...
Poly UA : ...UAUAUAUAUAUA...	...-Tyr-Ile-Tyr-Ile-...
Poly AG : ...AGAGAGAGAGAG...	...-Arg-Glu-Arg-Glu-...
Poly AC : ...ACACACACACAC...	...-Thr-His-Thr-His-...
Poly GC : ...GCGCGCGCGCGC...	...-Ala-Arg-Ala-Arg-...
Poly UAUC : ...UAUCUAUCUAUC...	...-Tyr-Leu-Ser-Ile-...
Poly UACG : ...UACGUACGUACG...	...-Tyr-Val-Arg-Thr-...



BRCGAGUAO, GUU**OU**AGC AACGUA**EZ** **REU**AGUAGCAUC GCC **DEUGUODER** AAGE **UGCODE**
GGAENEUAUAUAQUE UAA **AUGAAUANUAUENANUAC**, GCCUUAU**UA**E**Z** **GU**CO**AUAR**
DCGAUCAS CU**CE** **CRCGANE DU** UCG**QUE**AA**AE**ACCAC**CE** ...

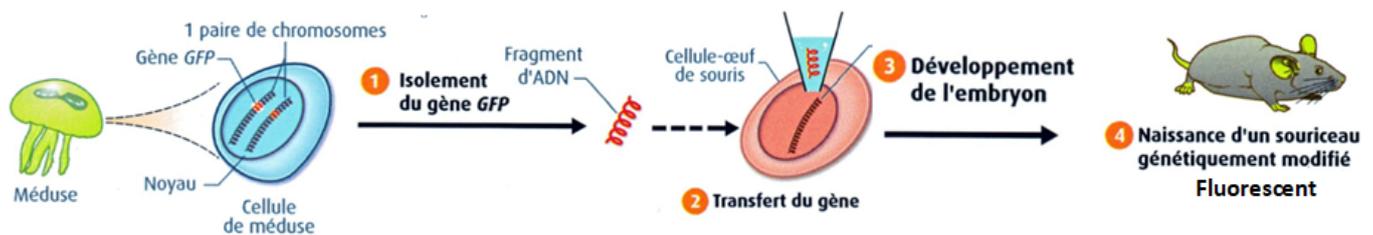
		Deuxième nucléotide							
		U	C	A	G				
U	U	UUC	Leu	UCC	Ser			UGC	Cys
	U	UUA	Leu	UCA	Ser				
	U	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG		UGG	Trp
	U	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His		
C	C			CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg
	C	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg
	C	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser
A	A			ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser
	A					AAG	Lys	AGG	Arg
	A	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly
G	G	GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly
	G			GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly
	G								

		Deuxième nucléotide							
		U	C	A	G				
U	U	UUC	Leu	UCC	Ser			UGC	Cys
	U	UUA	Leu	UCA	Ser				
	U	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG		UGG	Trp
	U	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His		
C	C			CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg
	C	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg
	C	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser
A	A			ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser
	A					AAG	Lys	AGG	Arg
	A	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly
G	G	GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly
	G			GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly
	G								

Une expérience de transgénèse

La méduse *Aequora victoria*, possède une protéine appelée GFP (Green Fluorescent Protein) qui à la particularité de produire une fluorescence verte.

L'expérience suivante consiste à transférer le gène codant la protéine GFP dans un organisme receveur, qu'on appelle alors un Organisme Génétiquement Modifié (OGM)

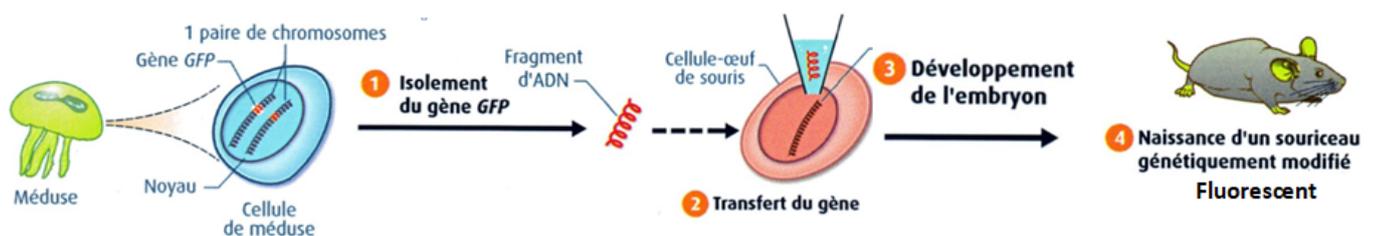


Cette expérience peut-être réalisée en transférant le gène GFP dans des cellules-œufs de plante, de mammifère, de champignon Les organismes génétiquement modifiés possèdent alors le caractère fluorescence verte.

Une expérience de transgénèse

La méduse *Aequora victoria*, possède une protéine appelée GFP (Green Fluorescent Protein) qui à la particularité de produire une fluorescence verte.

L'expérience suivante consiste à transférer le gène codant la protéine GFP dans un organisme receveur, qu'on appelle alors un Organisme Génétiquement Modifié (OGM)



Cette expérience peut-être réalisée en transférant le gène GFP dans des cellules-œufs de plante, de mammifère, de champignon Les organismes génétiquement modifiés possèdent alors le caractère fluorescence verte.