

<b>TP N°6</b>	<b>DU GÈNE À LA PROTÉINE : LE CODE GÉNÉTIQUE ET LA TRADUCTION</b>	<b>Durée : 1 h 30</b>
---------------	---	---------------------------

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.

**Problème : Quelles sont les caractéristiques de ce code génétique ?**

Capacités et attitudes : Utiliser un logiciel.

Lancez « Anagène »


1- **Affichez** les séquences des 2 brins de l'ADN, de l'ARNm codant et du polypeptide correspondant :

Sélectionnez « **fichier** » « **thèmes d'études...** » « **Thèmes fournis 1997** » « **Expression de l'information génétique** » puis « **globine bêta** » « **gène et ARNm codant** » puis refaites l'opération et sélectionnez « **séquence peptidique** ».

2- **Convertissez** la séquence d'ARNm codant en polypeptide :

Sélectionnez la ligne « **bêta ARNm codant** » dans la fenêtre d'affichage, cliquez ensuite sur « **Traiter** » et « **convertir les séquences** ».

Choisissez « **peptidique** » « **traduction simple** » et cochez « **résultat dans la fenêtre d'affichage / édition** ».

Le bouton  indique les propriétés des molécules sélectionnées. En vous aidant de cette fonctionnalité, notez la longueur de la séquence d'ARNm et celle du polypeptide qui résulte de la traduction du message génétique.

**Formulez une première hypothèse sur le nombre de nucléotides qui codent pour un acide aminé.**

3- **Fermez** toutes les fenêtres sans quitter le logiciel.

Il existe 4 types de nucléotides différents ; ceux-ci codent pour 20 acides aminés !

- Si un seul nucléotide codait pour un acide aminé, il y aurait \_\_\_\_ combinaisons possibles.

- Si 2 nucléotides codaient pour un acide aminé, il y aurait \_\_\_\_ combinaisons possibles.

- Si 3 nucléotides codaient pour un acide aminé, il y aurait \_\_\_\_ combinaisons possibles.

**Étant donné qu'il n'y a que 20 acides aminés, quelle remarque pouvez-vous faire ?**

Pour répondre à cette remarque, vous allez synthétiser 4 molécules d'ARNm particulières de trois nucléotides chacune : sélectionnez «

**Fichier** » puis « **Créer...** » ;

Choisissez « **ARN** » et validez.

Entrez comme séquence **GUU**. Refaites l'opération 3 fois avec les séquences suivantes : **GUC**, **GUA** et **GUG**.

Refaites la même chose avec les séquences suivantes **AAU**, **AAC**, **AAA**, **AAG**.

Sélectionnez les 8 séquences et convertissez les séquences en séquences protéiques.

A.R.N. 1	◀▶	OGUU
A.R.N. 2	◀▶	OGUC
A.R.N. 3	◀▶	OGUA
A.R.N. 4	◀▶	OGUG

**L'hypothèse d'un codage par triplets est-elle validée ?**

**Quelles conclusions en tirez-vous ?**

4- Fermez toutes les fenêtres et ouvrez à nouveau les séquences d'ADN, d'ARNm et peptidique de la chaîne  $\beta$  de l'hémoglobine

Choisissez « **expression de l'information génétique** » puis « **globine bêta** » « **gène et ARNm codant** » puis refaites l'opération et sélectionnez « **séquence peptidique** ».

Dirigez-vous, pour la séquence d'ARNm, à l'aide de l'onglet déroulant, au niveau des nucléotides 441 à 444.

**Que constatez-vous au niveau de la protéine ?**

5- Ouvrez dans « thème d'étude » « **expression de l'information génétique** » puis « **globine alpha** » « **gène et ARNm codant** »

Effectuez une traduction simple de l'ARNm

Dirigez-vous, pour la séquence d'ARNm, à l'aide de l'onglet déroulant, au niveau des nucléotides 427 à 429.

**Que constatez-vous au niveau de la protéine ?**

Il existe trois triplets de ce type (on appelle **codon** tout triplet de nucléotides) : ce sont les codons-stop (ou codons nonsens).

6- Fermez toutes les fenêtres et ouvrez à nouveau les séquences d'ADN, d'ARNm et peptidique de la chaîne  $\beta$  de l'hémoglobine


Choisissez « **expression de l'information génétique** » puis « **globine bêta** » « **gène et ARNm codant** ».

Insérez une base de votre choix dans la molécule bêta ARNm codant, puis faites ensuite une traduction simple.

**Que constatez-vous ?**

Effectuez le même travail en supprimant une base de votre choix.

**Que constatez-vous ?**

Vous pouvez observer la totalité du code génétique en cliquant sur l'icône 

Il est possible de faire traduire un ARNm de globine humaine dans une cellule de germe de blé.

**Quelle information supplémentaire cela vous apporte-t-il sur le code génétique ?**

### 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.

**Corriger avec le logiciel cet exercice**

Cliquer sur " Fichier ", " Créer ". Indiquer le type et donner un nom à la séquence que vous allez créer, puis commencer la saisie dans la fenêtre d'affichage. " Traiter ", " Convertir les séquences ". Afficher les séquences d'ADN et du Peptide.

### Correction Activité 3 : Exercice d'évaluation

1.

The screenshot shows two windows from a sequence editor. The top window, titled "Edition des séquences", displays the mRNA sequence "GGCUUCUUCUACACUCCUAAGACUUUUAGCGGC" with a scale from 1 to 40. The bottom window, titled "Conversion", shows the same sequence converted to the amino acid sequence "GlyPhePheTyrThrProLysThrPheSerGly".

2.

The screenshot shows the "Conversion" window with three lines of sequence: "Conversion de A.R.N. 1", "GGCTTCTTCTACACTCCTAAGACTTTTAGCGGC", and "CCGAAGAAGATGTGAGGATTCTGAAAATCGCCG". A callout box labeled "Brin non transcrit" points to the first line, and another callout box labeled "Brin Transcrit" points to the second line.

3. Non car le code génétique est redondant, un même acide aminé peut être codé par différents triplet de nucléotides ou codons