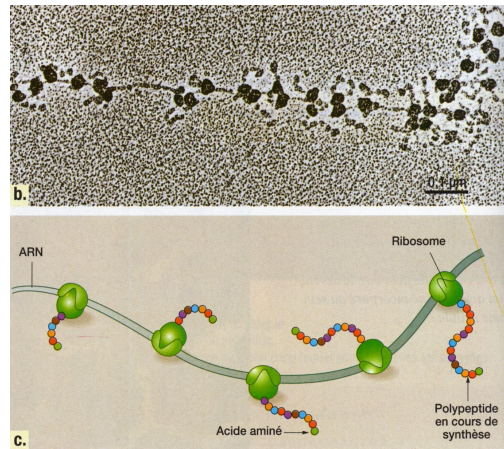


TP : A la découverte d'un code secret !

Le document ci-dessous correspond à un ARN en cours de traduction grâce à de petite particule appelée ribosome, le dessin c étant une interprétation de microscopie b.



Introduction : Comment se fait le passage de l'ARNm à la protéine ?

Cette traduction nécessite d'utiliser un code de correspondance entre nucléotides et acides aminés : le code génétique. Qu'est-ce que c'est ?

1) Approche théorique du code génétique :

Information : 20 acides aminés différents constituent les protéines mais seulement 4 nucléotides différents composent les ARNm.

1. Est-il possible que :

- a) 1 nucléotide code pour 1 acide aminé ?
- b) 2 nucléotides codent pour 1 acide aminé ?
- c) 3 nucléotides codent pour 1 acide aminé ?

Pour chacune de ces trois hypothèses, justifiez votre réponse en

- Écrivant toutes les combinaisons possibles dans un tableau à 2 entrées (pour b) puis à 3 entrées (pour c)
- Comptant le nombre de possibilités offertes par l'hypothèse retenue

2) Approche expérimentale :

Actions	« Mode d'emploi » du logiciel Anagène
- Créer une séquence de 9 nucléotides identiques. - Traduire vos séquences	- aller dans « fichier » puis « créer » et à vous de jouer en cliquant sur les icônes ! - aller dans « traiter » puis « convertir des séquences » et choisir « traduction simple » (afficher ARNm et peptide)

ARNm à créer	2. Peptide traduit ?	3. Relation nucléotides/acide aminé ?
a) AAAAAAAAAA		
b) UUUUUUUUUU		
c) CCCCCCCCCC		
d) GGGGGGGGGG		

a) À la vue du nombre d'acides aminés enchaînés, la possibilité que vous aviez retenue était-elle la bonne ? Justifier.

On appelle « codon » les nucléotides de l'ARNm codant pour un acide aminé.

ATTENTION ! Toujours fermer la fenêtre de conversion avant de créer une nouvelle séquence.

b) D'après la question 1 (et maintenant que vous savez quelle possibilité est la bonne), **il existe donc combien de combinaisons (codons) possibles pour seulement 20 acides aminés.**

Proposer une/des hypothèse(s) pour résoudre ce problème.

c) Créer les séquences proposées ci-dessous ; les traduire et en déduire une propriété du code génétique.

ARNm à créer	Peptide traduit ?	Propriété du code génétique déduite ?
e) AAAAAUAAA		
f) AAAAAGAAA		
g) AAUAAAAA		

d) Votre/vos hypothèse(s) est/sont-elles(s) vérifiée(s) ? Justifier.

ATTENTION ! Supprimer les séquences « a » à « g » avant de continuer.

3) la traduction in vivo

In vivo, la traduction n'est pas aussi systématique que le laissait croire l'expérience précédente : certaines contraintes supplémentaires sont à prendre en compte.

« Mode d'emploi »

- aller dans « fichier », « banque de séquences », choisir « le système ABO des groupes sanguins » puis « seq ocod.adn »
- aller dans « traiter », « convertir des séquences » et choisir « **traduction des phases ouvertes de lecture** » (afficher ARNm et peptide)

La conversion se fait ici en commençant par la 1^{ère} base (C1), la 2^{ème} (C2) ou la 3^{ème} (C3).

On réalise alors un *décalage du « cadre de lecture »* de l'ARNm.

Les parties traduites sont appelées « phases ouvertes de lecture ».

a) Début de la traduction

- Quel est le point commun à toutes les séquences traduites au niveau de la protéine ? Au niveau de l'ARNm ?

Ce « point commun » n'est pas retrouvé, ensuite, dans toutes les protéines cellulaires.

- Proposer une hypothèse pour expliquer ceci.

b) Fin de la traduction

- En vous aidant de ce que vous avez vu à la question 3 du II, déterminer comment se terminent les séquences traduites au niveau de l'ARNm ?
- Combien de codons de « fin de traduction » existe-t-il ?
- tous les cas existants sont représentés ici – Vous pouvez vous aider du tableau du code génétique (menu – informations - tableau du code génétique)

c) Récapitulatif

- Proposer un schéma précisant les longueurs relatives de l'ARNm et de la protéine, en vous appuyant sur ce que vous savez du début et de la fin de la traduction.

Rappel : un schéma doit impérativement comporter une légende !