



## Problématique

L'activité précédente a montré que dans le noyau, l'un des 2 brins d'ADN est transcrit en ARNm (c'est la transcription) ; l'ARNm, molécule éphémère, migre alors vers le cytoplasme et c'est dans ce compartiment cellulaire que la synthèse protéique (enchaînement des acides aminés et spatialisation du polypeptide) se produit. La question qui se pose est donc :

**Par quel processus une séquence de ribonucléotides de l'ARNm est-elle traduite en une séquence d'acides aminés ?**

## Objectifs

- 🕒 **Saisir** des informations (à partir de textes historiques, d'électronographies et de logiciels)
- 🕒 **Maîtriser** l'outil informatique (logiciel « Anagène »)
- 🕒 **Mettre en relation** des informations
- 🕒 **Réaliser** un schéma de synthèse
- 🕒 **Comprendre** la relation ARNm / protéine

### Production attendue

- 🕒 un **texte** d'une demi page et un **schéma annoté** présenté sur une page en format paysage pour répondre à la problématique.  
=> supports n°1 à n°7.

### Critères de réussite

- le texte, **complémentaire** du schéma, **dégage** d'une part, les caractéristiques du message porté par l'ARNm et d'autre part, celles du code génétique (code de correspondance entre l'ARNm et la chaîne polypeptidique synthétisée).
- le schéma **illustre** le mécanisme de traduction (processus par lequel le message porté par l'ARNm est traduit en séquence de polypeptides) ; les différents acteurs de la traduction (molécules et organites) **sont représentés**.

### Conseils de réalisation

- **étudier** en premier lieu les 4 premiers supports ; **travailler** par groupe de 2 (**choisir** des fichiers d'anagène différents et **confronter** les observations qu'ils permettent de **tirer**).
- **prendre** en compte les apports du logiciel ADN / ARN et de l'électronographie pour **réaliser** le schéma du mécanisme de traduction ; **distinguer** sur ce schéma début (= initiation), milieu (= élongation) et fin (= terminaison) de la traduction.

## Supports

- 1 : Site SVT** : relation ARNm / chaîne polypeptidique => type de codage
- 2 : Site SVT** : expérience historique de Nirenberg et Matthaei (1961)
- 3 : Logiciel Anagène (dossier Logiciels SVT) et notice du logiciel** : comparaison d'une séquence de  $\beta$  globine « normale » et de quatre séquences de  $\beta$  globine d'individus souffrant de diverses formes de thalassémie => choix d'un des 2 fichiers proposé sur le serveur. Les 4 séquences proposées correspondent à des brins **non transcrits** de l'ADN.
  - 🕒 **Thalassémie** : une thalassémie est une forme d'anémie héréditaire associée à une hémoglobinopathie (= hémoglobine anormale). On distingue les  $\alpha$  thalassémie et les  $\beta$  thalassémie. Dans ce dernier cas dont l'étude est proposée ici, les chaînes  $\beta$  d'hémoglobines sont souvent absentes. Les symptômes sont : une sévère anémie, une hypertrophie de la rate, des déformations du crâne et des os longs.
  - 🕒 **Pour charger puis ouvrir le fichier** : **télécharger** l'un des 2 fichiers « thalassemie\_1 » ou « thalassemie\_2 » dans le dossier « Mes documents » de l'ordinateur (clic droit de souris sur l'un de ces fichiers, puis **choisir** "enregistrer la cible sous"), puis, après avoir **ouvert** « Anagène » **cliquer** successivement sur « fichier » / « ouvrir » / « mes documents » et **choisir** le fichier téléchargé. On peut **télécharger** successivement les 2 fichiers si on le désire puis **ouvrir** dans la même fenêtre d'anagène toutes les séquences d'ADN que ces 2 fichiers contiennent.
  - 🕒 **Rappel des fonctionnalités d'Anagène (en 1ère S)** : **comparer** des séquences, **convertir** des séquences (ARNm et chaînes polypeptidiques), **obtenir** des informations sur la fréquence des nucléotides ou des acides aminés...
- 4 : Site SVT** : le code génétique (d'après Manuel Bordas)
- 5 : Site SVT** : localisation de la traduction protéique dans le cytoplasme (électronographie)
- 6 : Site SVT** : électronographie d'une synthèse protéique
- 7 : Site SVT** : « ADN/ARN » (P. Cosantino) : **prendre** le 4ème module (traduction) et **choisir** le « mode exercice » ; la séquence saisie sera constituée au moins de 24 codons (= triplets de nucléotides) et aura les caractéristiques d'un ARNm.