



Problématique

Dans les activités précédentes, nous avons vu qu'un gène code pour une protéine ("coder" signifiant "faire fabriquer une protéine") ; exemples : le gène "SRY" qui code pour la protéine "TDF" ([activité 1](#)), les gènes qui codent pour les "opsines" ([activité 7](#)), les gènes qui codent pour les "marqueurs des globules rouges du système ABO" ([activité 12](#)). Or, un gène est une séquence de nucléotide localisé dans le noyau alors qu'une protéine est une séquence d'acides aminés localisée dans le cytoplasme. La problématique apparait alors clairement :

Comment un gène (séquence de nucléotides) localisé dans le noyau peut-il gouverner la synthèse d'une protéine (séquence d'acides aminés) localisée dans le cytoplasme ?

Objectifs

- ☉ **Saisir** des informations (visionneuse de molécules, site SVT, documents fournis et manuel).
- ☉ **Utiliser** les TICE (Logiciels "Anagène" et "Photofiltre").
- ☉ **Manipuler** et **utiliser** les techniques d'observation : réaliser une préparation microscopique avec usage d'un colorant, l'observer et la photographier.
- ☉ **Mettre en évidence** l'existence d'un acide nucléique messager (ARNm) entre le noyau et le cytoplasme et **étudier** la correspondance entre les messages portés par le gène (ADN), le messenger (ARN) et la protéine synthétisée.

Production attendue	Critères de réussite	Conseils de réalisation
<ul style="list-style-type: none"> ☉ Un schéma légendé et annoté d'une cellule avec noyau et cytoplasme <u>sur une page</u> intégrant une photographie pour répondre à la problématique. ==> supports n° 1 à n° 3. 	<ul style="list-style-type: none"> ● sur le schéma sont figurés, nommée, légendés et annotés : <ul style="list-style-type: none"> ☉ les trois molécules impliquées ainsi que leur mouvement intracellulaire éventuel, ☉ la molécule d'ADN présente dans le noyau comportera 18 nucléotides pour le brin non transcrit : ATG GTG CAC CTG ACT TGA (voir conseils), ☉ la correspondance entre ces molécules prises deux à deux (ADN-ARN et ARN-protéines) est explicitées, ☉ les arguments qui fondent ces correspondances entre molécules ou mouvements de certaines molécules, ☉ les structures cellulaires qui facilitent la correspondance entre gène et protéines, ☉ la photographie d'une cellule réalisée à la suite de l'observation microscopique de cellules d'oignon colorées au vert de méthyl-pyronine, cellule dont les deux compartiments sont reliés au schéma, ☉ le code génétique est évoqué. 	<ul style="list-style-type: none"> ● compte tenu du nombre important de supports, s'organiser au sein de chaque binôme pour se partager le travail. ● dégager de chaque support numérique présenté les informations qui vont pouvoir être la matière des annotations du schéma (ne pas rentrer dans les détails). ● utiliser "Anagène" (option "créer" du menu initial) pour saisir la séquence imposée dans la production et la traiter avec les fonctionnalités du logiciel pour obtenir les autres séquences : brin transcrit, ARNm, protéine. ● réaliser une photographie numérique après observation microscopique de la préparation réalisée avec l'oignon monté dans le vert de méthyl-pyronine puis sélectionner si possible une cellule entière.

Supports

Documents initiaux : Site SVT => le gène : [composition](#) et [localisation](#) // la protéine : [composition](#), et [localisation](#).

1 : Site SVT : relation ADN et protéines formées => une expériences montrant la relation entre nucléotides de l'ADN et les protéines produites (d'après Bordas : [doc 1 page 56](#)), effets d'une mutation de l'ADN sur la protéine produite ([exemple : la drépanocytose](#)).

2 : Site SVT et manipulation : échanges entre le noyau et le cytoplasme (découverte de l'ARN, de sa localisation et de ses propriétés) => coloration de l'épiderme d'oignon au vert de méthyl-pyronine ([protocole](#) et [secours](#)), [structure et composition comparée ADN / ARN](#), une [propriété de l'ARN](#) et une [caractéristique du noyau](#). [Pour aller plus loin : d'[autres propriétés de l'ARN](#)]

3 : Site SVT : correspondance ADN / ARN et ARN / protéines => [type de codage entre nucléotides et acides aminés](#), [séquence de l'allèle A](#) des groupes sanguins humains : exploitation par le logiciel "Anagène" (la séquence fournie est celle du **brin non transcrit** ; obtenir à l'aide d'"Anagène", le **brin transcrit**, l'**ARNm** et la **protéine** ; voir [notice "Anagène"](#)), [expérience de Nirenberg](#) (1961), le code de génétique ou code de correspondance entre nucléotides et acides aminés (d'après Bordas : [doc 3 page 57](#)).