

**Noms des élèves :** .....

# Jeu : Trouver le code du trésor

## La traduction de l'ARN en protéines

**Objectif** : Comprendre le système de traduction d'un message écrit en nucléotides en une information fonctionnelle sous forme d'une séquence d'acides aminés.

# Consigne

Pour ouvrir le coffre et trouver le trésor, vous devez réussir à déchiffrer le code génétique. Des indices et des énigmes vous donneront accès au code d'accès du coffre dans lequel se trouve le trésor.

Vous avez 1h20 pour y parvenir.

## **ÉNIGME N°1 : Le décodage de l'ARNm**

Les ARNm sont constitués d'une chaîne constituée de 4 types de nucléotides A, U, C et G. Nous avons vu que l'ARN est une copie de la séquence d'ADN d'un gène réalisée dans le noyau. Cela s'appelle la transcription. Cet ARN part ensuite dans le cytoplasme, en sortant par les pores de la membrane nucléaire.

Il existe 20 acides aminés différents pour synthétiser l'ensemble des protéines du monde vivant. La séquence des nucléotides de l'ARNm est un code qui permet de synthétiser la séquence d'acides aminés des protéines.

**Comment se réalise le passage du langage nucléotidique à 4 nucléotides, en langage protéique à 20 acides aminés ?**

Pour obtenir le 1er chiffre du code, vous devez trouver la plus petite valeur de X nucléotides qui permet de coder l'ensemble des 20 acides aminés. Le nombre X cherché sera le 1er chiffre du code du cadenas.

## Comment faire ?

- 1- Vous disposez d'un récipient qui contient des perles de 4 couleurs différentes. Chaque couleur symbolise un des 4 nucléotides A, U, G, C. A vous d'attribuer une couleur à un nucléotide.

2- Procéder à des tirages successifs de perles :

  - Tirer les perles une par une.
  - Tirer les perles deux par deux.
  - Tirer les perles trois par trois.
  - Tirer les perles quatre par quatre.

3- Déterminer le nombre de combinaisons possible si on prend les nucléotides 1 par 1 ; 2 par 2 ; 3 par 3 ; ou 4 par 4. Le noter ci-dessous :

Si je tire	1 par 1	J'ai .....	combinasions possibles
Si je tire	2 par 2	J'ai .....	combinasions possibles
Si je tire	3 par 3	J'ai .....	combinasions possibles
Si je tire	4 par 4	J'ai .....	combinasions possibles

4- Quel est le nombre X de nucléotides le plus petit qui permet d'avoir assez de codes pour coder les 20 acides aminés qui existent ?

**Le 1<sup>er</sup> chiffre du cadenas est ce nombre X :**

**CODE1 du Cadenas:** \_ x x x

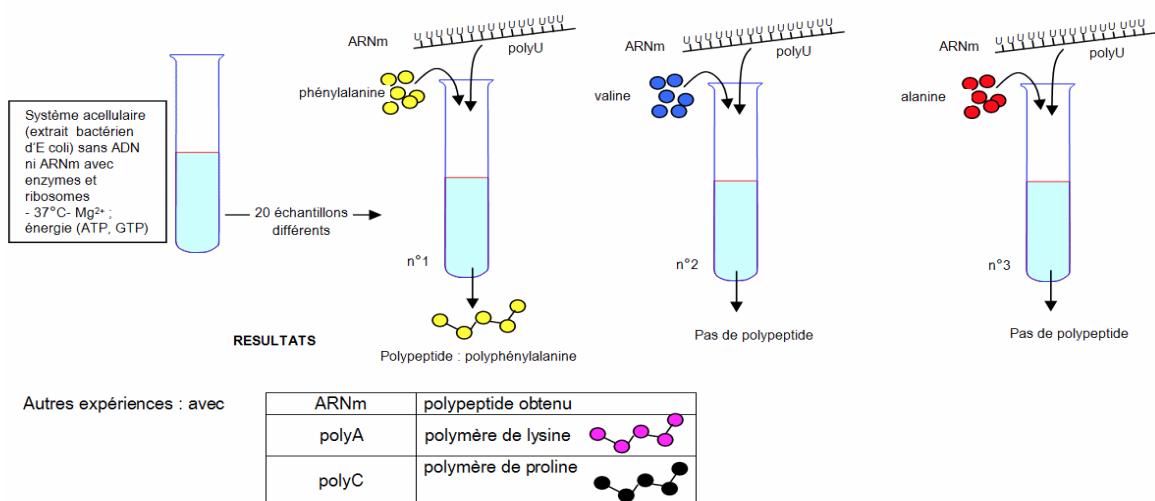
Noms des élèves : .....

## ÉNIGME N°2 : Le déchiffrement du code génétique

Nous venons de voir qu'il faut une séquence de 3 nucléotides appelée codon, pour coder un acide aminé. Il existe donc 64 codons différents (combinaisons possibles) qui constituent le code génétique. Les correspondances codon- acide aminé ont été découvertes par Nirenberg et Matthaei en 1961.

*Nirenberg et Matthaei réalisent l'expérience qui ouvre la voie au déchiffrage du code génétique. Ils mettent au point une méthode de synthèse protéique avec des extraits d'E. coli (une bactérie), de l'ATP, les 20 acides aminés et un ARN messager synthétique. En utilisant un ARN de synthèse poly U, poly A ou poly C, ils obtiennent respectivement un polymère de phénylalanine, de lysine, ou de proline. Khorana et son équipe finissent ensuite le déchiffrage du code avec des ARN messagers synthétiques comprenant de nombreux polynucléotides définis. »*

### Expérience de Nirenberg et Matthaei (1961)



Expérience de Nirenberg et Matthaei (1961) d'après banque de schéma SVT ac Dijon

Quelques résultats des expériences de Nirenberg et Matthaei :

ARN messager de synthèse	Séquence protéique obtenue
Poly U : ...UUUUUUUUUUUU...	...-Phe-Phe-Phe-Phe-...
Poly A : ...AAAAAAA...	...-Lys-Lys-Lys-Lys-...
Poly G : ...GGGGGGGGGG...	...-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-...

A partir des expériences de Nirenberg et Matthaei, compléter toutes les cases du tableau du code génétique suivant. Le 2<sup>em</sup> chiffre du cadenas correspond au nombre de codons codant pour l'acide aminé Leucine (LEU).

Tableau du code génétique à compléter (énigmes 2 et 3)

Deuxième nucléotide

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

Codon

Acide aminé

Troisième nucléotide

Le 2<sup>eme</sup> chiffre du cadenas est le nombre de codons codant pour la Leucine (LEU) :

CODE 2 du Cadenas :    x \_ x x

Noms des élèves : .....

### **ÉNIGME N°3 : De l'ARNm à la protéine : Les outils de la traduction**

Il existe des codons particuliers permettant à la machinerie cellulaire d'identifier le début et la fin du message génétique sur chaque molécule d'ARN.

On peut les mettre en évidence en analysant des séquences d'ARN et les séquences de protéines correspondantes à l'aide du logiciel Geniegen2.

#### Comment faire ?

- Ouvrir le logiciel Geniegen2, en ligne sur Internet. Il faut donc maintenant allumer les ordinateurs.
- Une fois sur le site cliquer sur « ouvrir la banque de séquence »
- Saisir en haut dans « saisissez quelques mots clés » : taper « béta » ; puis ne laisser de sélectionné en dessous que « ARN ».
- Sélectionner en dessous, en cliquant dessus, l'ARNm (cod) qui signifie « codant » de la chaîne Béta de l'hémoglobine.
- Saisir à nouveau en haut dans « saisissez quelques mots clés » : taper « alpha » ; puis ne laisser de sélectionné en dessous que « ARN ».
- Sélectionner en dessous, en cliquant dessus, l'ARNm (cod) qui signifie « codant » de la chaîne Alpha de l'hémoglobine.
- Vérifier que vous avez bien les deux séquences qui apparaissent à droite, puis cliquer en bas sur « charger ces séquences ».

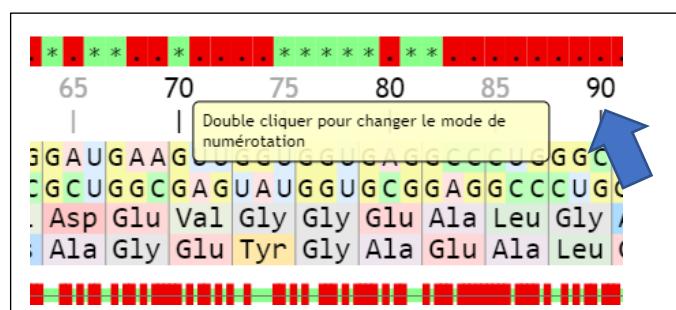
#### **1. Par quel codon commence chaque ARNm codant ? .....**

- Afin d'afficher les séquences en acides aminés correspondantes, sélectionner les 2 molécules d'ARN puis cliquer sur « Action » → « traduire les séquences sélectionnées » → « A partir du début de la séquence »

#### **2. Le 1<sup>er</sup> codon dit « initiateur » code pour quel acide aminé ? .....**

- Afin de pouvoir comparer ARN et protéine, il faut changer l'échelle de repérage des nucléotides en échelle d'acides aminés.

On passe de la numérotation des nucléotides de l'ARN aux numéros des acides aminés de la protéine, en double cliquant sur les chiffres en haut.



- Aller à la fin de la séquence. Noter ci-dessous à quoi correspond en acide aminé la fin de la séquence de la chaîne Béta de l'hémoglobine (HBB)

#### **3. CACUAA → .....**

- Aller à la fin de la séquence. Noter ci-dessous à quoi correspond en acide aminé la fin de la séquence de la chaîne Alpha de l'hémoglobine (HBA)

#### **4. CGUUAA → .....**

Pour trouver le 3<sup>em</sup> chiffre du code du cadenas, il faut relever le numéro du codon « stop » qui termine la protéine de la chaîne Alpha de l'hémoglobine. Additionner les chiffres de ce nombre pour trouver le 3<sup>em</sup> chiffre du cadenas.

**CODE3 du Cadenas: x x \_ x**

**Noms des élèves :** .....

## **ÉNIGME N°4 : Savoir traduire un ARNm**

Il existe des codons particuliers permettant à la machinerie cellulaire d'identifier le début et la fin du message génétique sur chaque molécule d'ARN. Nous vous invitons ici à réaliser vous-même la traduction d'un ARN m.

## Comment faire ?

- Réouvrir le logiciel Geniegen2, en ligne sur Internet.
  - Une fois sur le site cliquer sur « ouvrir la banque de séquence »
  - Saisir en haut dans « saisissez quelques mots clés » : taper « béta » ; puis ne laisser de sélectionné en dessous que « ARN ».
  - Sélectionner en dessous, en cliquant dessus, l'ARNm complet et l'ARNm codant (cod) de la chaîne Béta de l'hémoglobine.
  - Vérifier que vous avez bien les deux séquences qui apparaissent à droite, puis cliquer en bas sur « charger ces séquences ».
  - Débrouillez-vous, maintenant que vous savez faire, pour aligner et comparer les deux séquences d'ARN.

**1. Ces deux ARN ont-ils la même longueur ? Que remarquez-vous comme différence entre l'ARNm complet, et l'ARNm dit codant ?**

.....  
.....  
.....  
.....

**2. Par quel codon commence l'ARNm dit codant ? Pour quel acide aminé code-t-il ?**

**Codon :** Acide aminé : .....

**3. Par quel codon finit l'ARNm dit codant ? Pour quoi code-t-il ?**

Codon : **UAA** code pour : **STOP**

4. Que veut donc dire « ARNm codant » par rapport à « l'ARNm complet » ?

.....  
.....  
.....

Maintenant que vous avez compris. Reprenez le code génétique, et traduisez cet ARNm complet. Ecrire le peptide (petite protéine) correspondant dessous.

AAUUGGAACUGUCAUGAAGUUUGCGUAUUGCCACGCAAAUACACGGUGAGGGAUUGGA

ACGACGCAAUAGACUACAAUAUCGUCUGGCAAUCGAGUAACAUAGUUGAACGCA

GAGCUAUUUACGGGACGUCAAACCGUUUCACAUGCCCGGAUGCUCGAUUUAACG

Pour trouver le 4<sup>em</sup> et dernier chiffre du code du cadenas, il faut compter le nombre d'acides aminés que contient votre peptide, et en additionner les chiffres.

**5. De combien d'acides aminés est constitué ce peptide : .....**

**CODE 4 du Cadenas:** x x x \_