

THÈME : TRANSMISSION, VARIATION ET EXPRESSION GÉNÉTIQUE

Chapitre : L'expression du patrimoine génétique

2

Les différentes étapes de l'expression génétique

1ère spé

➤ **Objectifs**

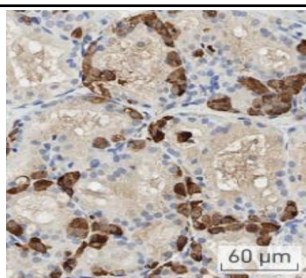
- Rechercher et exploiter des documents montrant la synthèse et la présence d'ARN dans différents types cellulaires ou dans différentes conditions expérimentales.**

➤ Compétence et capacité travaillée	Fragile 1 critère sur 3	Intermédiaire 2 critères sur 3	Avancé 3 critères sur 3 (avec aide)	Expert 3 critères sur 3 (sans aide)
UTILISER DES OUTILS ET MOBILISER DES MÉTHODES POUR APPRENDRE				
8. Rechercher, extraire et exploiter l'information utile	- Seuls quelques éléments pertinents issus des documents et/ou des connaissances.	- Les informations issues des documents et des connaissances suffisantes mais mal exploitées. - Des informations issues des documents et des connaissances correctement exploitées mais insuffisantes.	- Les informations issues des documents et des connaissances sont suffisantes. - Elles sont correctement exploitées.	- Les informations issues des documents et des connaissances sont complètes et précises. - Elles sont correctement exploitées.

Mise en situation : L'information génétique portée par un gène est transportée dans le cytoplasme grâce à l'ARN messager. Les protéines sont ensuite produites à partir de cet ARN messager.

Question scientifique : Comment l'information portée par l'ADN puis par l'ARN messager sous la forme d'une succession de nucléotides est-elle transformée en un enchaînement d'acides aminés ?

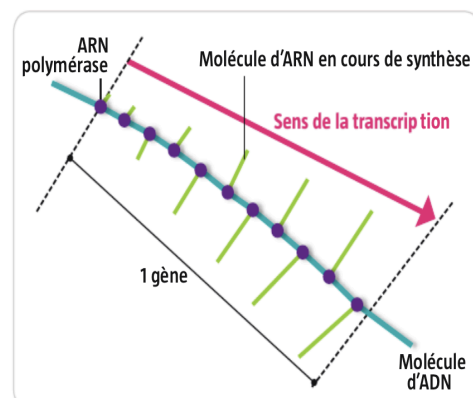
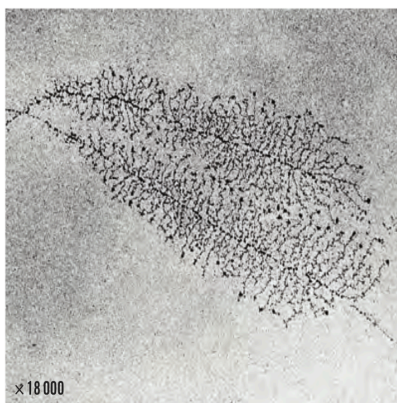
PARTIE 1 : LA PREMIÈRE ÉTAPE DE L'EXPRESSION GÉNÉTIQUE, LA TRANSCRIPTION



Dans les cellules de la thyroïde, le gène CGRP commande la synthèse d'une protéine permettant la communication entre neurones, le neurotransmetteur CGRP. De plus, il gouverne également la synthèse d'une hormone protéique, la calcitonine, intervenant dans la régulation de la quantité de calcium dans le sang (calcémie).

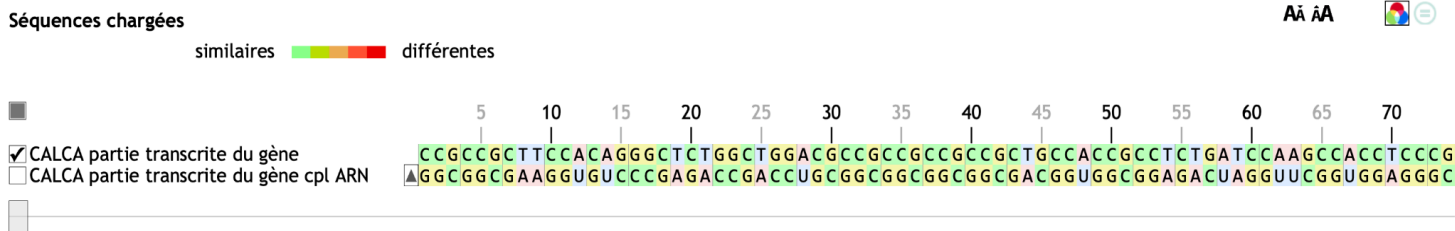
Document 1 : La calcitonine, une hormone protéique.

L'enzyme ARN polymérase détecte une région particulière de l'ADN appelé promoteur, qui indique le début du gène à transcrire. L'ARN polymérase sépare la double hélice d'ADN et se déplace le long d'un des brins en synthétisant les ARN à l'aide des nucléotides présents dans le noyau. La transcription permet à la cellule de fabriquer les ARN messager.



Document 2 : La Transcription de l'ADN en ARN messager.

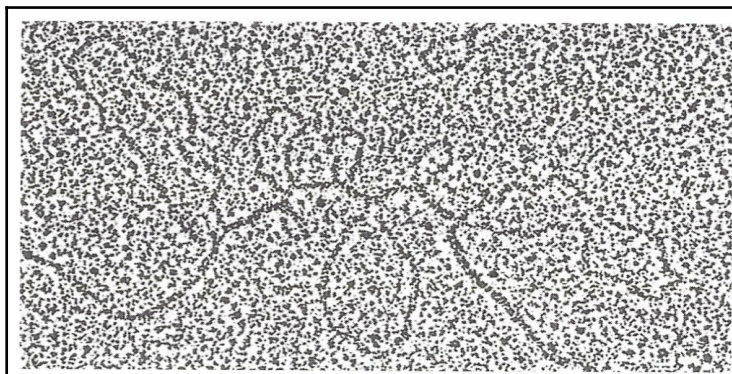
1. À partir du logiciel [Géniegen 2](#), réaliser la transcription du gène CGRP.



Capture d'écran de la transcription du gène CGRP en ARN CGRP.

2. Réaliser un schéma fonctionnel de la transcription de gène CGRP pour 15 nucléotides.

PARTIE 2 : LA DEUXIÈME ÉTAPE DE L'EXPRESSION GÉNÉTIQUE, LA MATURATION

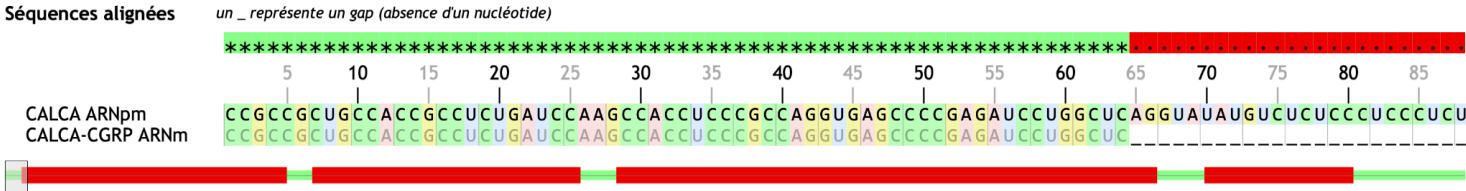


Lors de la Transcription réalisée dans le noyau, la molécule d'ARN produite devra subir un ensemble de modifications préalables à son départ vers le cytoplasme.

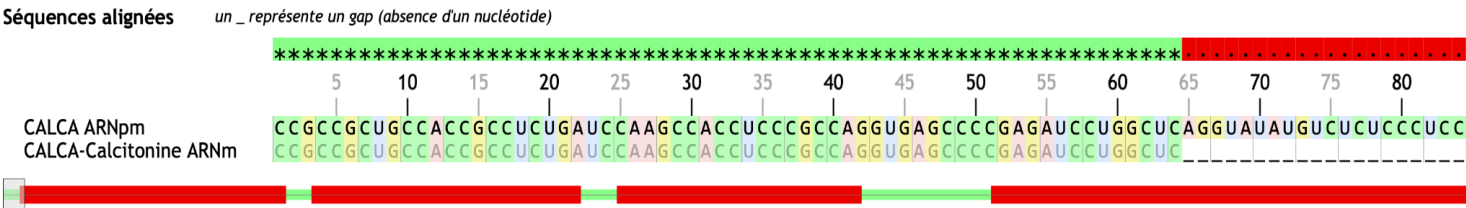
En effet, en 1977, Chambon et son équipe étudient le gène de l'ovalbumine, la principale protéine du blanc d'oeuf. Ils mélangent l'ADN dénaturé du gène et son ARN messenger cytoplasmique. En observant au microscope électronique les résultats de cette hybridation, ils constatent qu'elle n'est pas totale, il découvre alors l'ARN pré-messenger.

Document 3 : Hybridation ADN/ARN.

3. À partir du logiciel [Géniegen 2](#), comparer l'ARN pré-messenger et l'ARN messenger CGRP.



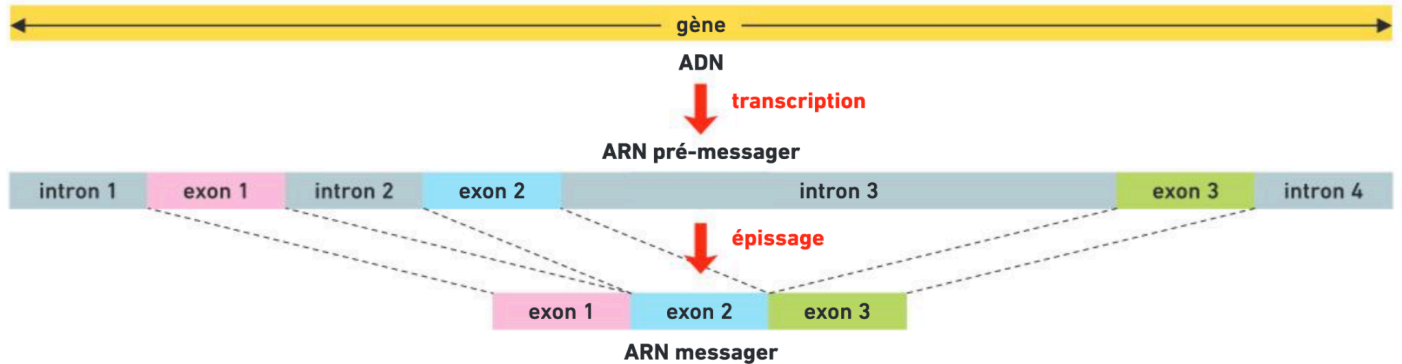
Capture d'écran comparant l'ARN pm et l'ARNm CGRP.



Capture d'écran comparant l'ARN pm et l'ARNm Calcitonine.

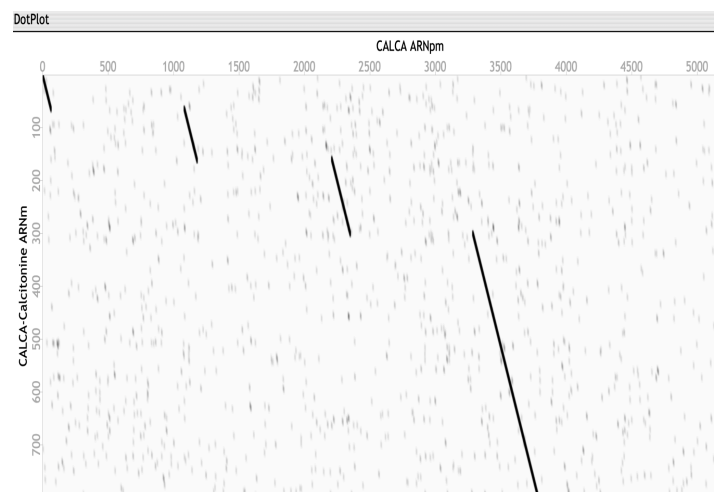
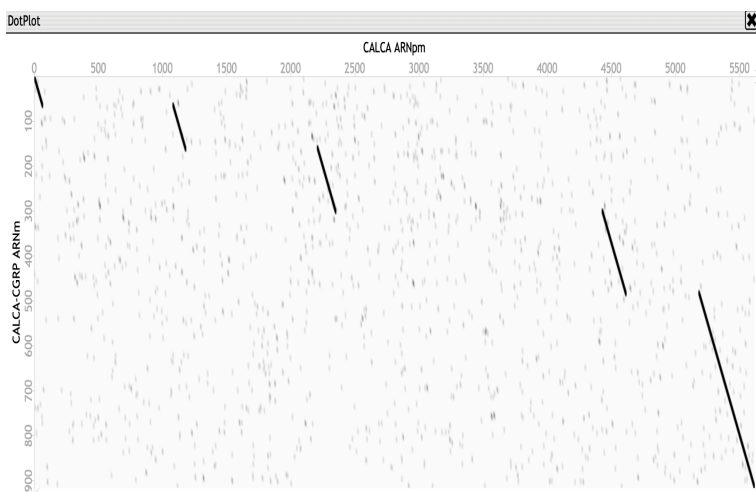
Les gènes des eucaryotes sont morcelés. La totalité de la séquence d'un gène est d'abord transcrite et forme l'ARN pré-messager. Après la transcription, l'ARN pré-messager subit un épissage, qui consiste à éliminer les séquences non codantes appelées introns. Les séquences codantes, appelées exons, sont conservées et liées les unes aux autres pour former l'ARN messager qui sera exporté vers le cytoplasme. En moyenne, les introns représentent 80 à 90 % de la séquence totale d'un gène.

Il est possible de déterminer le nombre d'introns et d'exons d'un gène en réalisant un graphique de ressemblance entre ARN pré-messager et ARN messager appelé "dotplot". Les portions identiques dans les deux séquences apparaissent sous forme de lignes.



Document 4 : Du gène à l'ARN messager.

4. À partir du logiciel [Géniegen 2](#), réaliser un dotplot entre l'ARN pré-messager du gène CGRP et l'ARN messager de la CGRP, puis réaliser un dotplot entre l'ARN pré-messager du gène CGRP et l'ARN messager du calcitonine.



Capture d'écran comparant un DotPlot ARNpm/ARNm CGRP et ARNpm/ARNm Calcitonine

5. Réaliser un schéma fonctionnel de la maturation de l'ARN pré-messager CGRP en ARN messager CGRP.

	E1	E2	E3	E4	E5	E6	I1	I2	I3	I4	I5
ARN pm	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ARNm Calcitonine	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
ARNm CGRP	+	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-

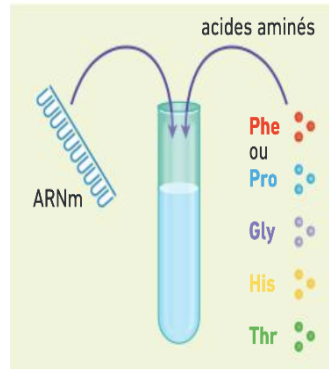
L'ARNm de la calcitonine possède les exons 1, 2, 3 et 4.

L'ARNm de la CGRP possède les exons 1, 2, 3, 5 et 6.

PARTIE 3 : LA TROISIÈME ÉTAPE DE L'EXPRESSION GÉNÉTIQUE, LA TRADUCTION

Dans les années 1960, Nirenberg parvient à préparer des ARNm artificiels formés d'un seul type de nucléotide.

En assemblant tous les éléments indispensables à la synthèse de protéines, il obtient in vitro un polypeptide formé d'un seul type de protéine.



ARNm ajouté	Polypeptide produit
Poly-U (UUUU...)	Polymère de phénylalanine
Poly-C (CCCC...)	Polymère de proline
Poly-G (GGGG...)	Polymère de glycine
Poly-AC (ACACAC...)	Polymère de thréonine et d'histidine

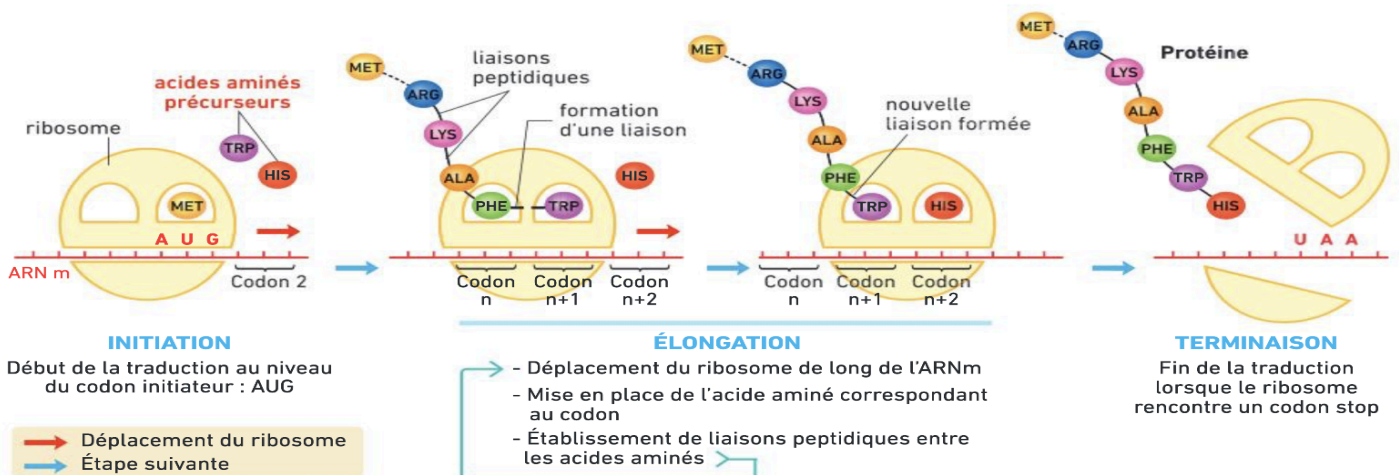
Document 5 : L'expérience de Nirenberg (1960).

		2 ^e nucléotide							
		U	C	A	G				
1 ^{er} nucléotide	U	UUU	phénylalanine	UCU	sérine	UAU	tyrosine	UGU	cystéine
		UUC		UCC		UAC		UGC	
		UUA		UCA		UAA	codon(s) stop	UGA	codon(s) stop
	UUG	leucine	UCG		UAG	codon(s) stop	UGG	tryptophane	
	C	CUU		CCU	proline	CAU	histidine	CGU	
		CUC	leucine	CCC		CAC		CGC	arginine
		CUA		CCA		CAA		CGA	
	CUG		CCG		CAG	glutamine	CGG		
	A	AUU		ACU	thréonine	AAU	asparagine	AGU	sérine
		AUC	isoleucine	ACC		AAC		AGA	
		AUA		ACA		AAA		AGG	arginine
	AUG	méthionine	ACG		AAG	lysine	AGG	arginine	
G	GUU		GCU	alanine	GAU	acide aspartique	GGU		
	GUC	valine	GCC		GAC		GGC	glycine	
	GUA		GCA		GAA	acide glutamique	GGA		
GUG		GCG		GAG		GGG			

Cette méthodologie permet d'aboutir en 1965 au décryptage complet du code génétique, c'est à dire le système qui fait correspondre une succession ordonnée de nucléotides sur l'ARNm d'un gène et une succession ordonnée d'acides aminés sur la protéine qu'il code. Il existe 64 associations possibles de 3 nucléotides, appelé codon. À chaque codon de l'ARNm correspond à un acide aminé, toujours le même. 3 codons n'ont pas d'acide aminé dédié, ce sont les codons stop.

Document 6 : Le code génétique.

Dans le cytoplasme des cellules, les acides aminés s'assemblent pour former des protéines au niveau de minuscules structures protéiques, les ribosomes. Chaque ribosome est constitué d'une petite sous-unité capable de se lier à l'ARNm et d'une grosse sous-unité qui peut abriter deux acides aminés. Un ribosome parcourt de l'ARNm et assemble au fur et à mesure les acides aminés en suivant les règles de correspondance du code génétique.



Document 7 : La traduction, acteurs et mécanismes.

