

Génétique I : Chapitre I :

La mitose et la transmission de l'information génétique.

Unité 1 : Localisation de l'information génétique au niveau cellulaire.

.1-

- Les résultats de l'expérience de la mérotomie (Doc1), montrent que la partie anucléée meurt, tandis que la partie nucléée survit, et elle est capable de croître et de se multiplier par mitose.
- Conclusion : Le noyau est indispensable à la vie, à la croissance, et à la division cellulaire.
- Les résultats de l'expérience de la greffe cellulaire interspécifique (Doc2) ; nous montrent que le chapeau formé par la cellule composée, est toujours du type de la cellule qui a participé par son noyau.
- Conclusion : Le noyau détermine les caractères héréditaires de la cellule.
- Le veau obtenu par la technique du clonage, porte les caractères héréditaires de la vache donneuse d'embryon, qui a participé avec le noyau ; et non pas les caractères héréditaires de la vache donneuse de l'ovule énucléé ; ni ceux de la vache porteuse.
- Conclusion : C'est le noyau cellulaire qui détermine les caractères héréditaires.

.2- Les cellules de l'embryon sont issues de la cellule œuf, à travers une succession de mitoses. Quelle que soit la cellule embryonnaire choisie pour en utiliser le noyau dans la technique du clonage ; on obtient toujours le même résultat. Ce qui montre que la mitose conserve l'information génétique détenue par le noyau de la cellule mère ; en l'occurrence la cellule œuf.

.3-

- Le clonage consisté à produire un certain nombre d'individus, qui sont une sorte de copies génétiques conformes à l'organisme qui a donné le noyau d'une de ses cellules.
- Dans le protocole expérimental représenté par le document 3, on peut obtenir plusieurs veaux en répétant l'expérience, et en utilisant plusieurs cellules embryonnaires.

.4- **BILAN :**

- Le noyau cellulaire est indispensable à la vie, à la croissance et à la division cellulaire.
- Le noyau détermine tous les caractères héréditaires de la cellule, et de l'organisme pluricellulaire.
- La mitose conserve l'information génétique ; c'est-à-dire que l'information génétique que l'on retrouve dans chacune des deux cellules filles, est une copie conforme de l'information génétique qui était dans la cellule mère.

U2 :

.1- Le **cycle cellulaire** est l'ensemble des étapes qui constituent la vie d'une cellule. Ce cycle est composé d'une phase de croissance durant laquelle la cellule grossit (**interphase**) et d'une phase où celle-ci se divise par **mitose**. Ainsi les cellules se multiplient par une succession indéfinie de cycles cellulaires.

.2-

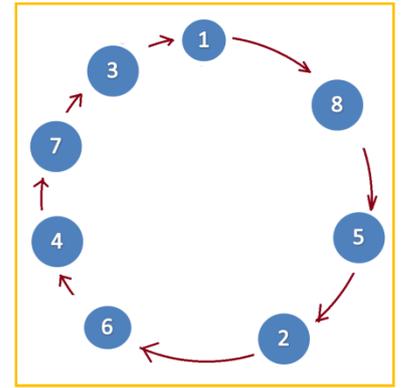
- Paroi cellulosique + membrane cytoplasmique / noyau / chromatine / enveloppe nucléaire / Cellule végétale en interphase.
- Pores nucléaires / nucléoplasme / nucléole / détail du noyau interphasique.

.3- La chromatine est constituée d'un ensemble de filaments enchevêtrés, **les nucléofilaments**.

.4- Les cellules se multiplient par une succession de cycles cellulaires. Le cycle cellulaire est l'alternance de deux phases : l'**interphase** et la **mitose**. Le noyau métaphasique est délimité par l'enveloppe nucléaire qui présente les pores nucléaires. L'enveloppe nucléaire délimite un espace qui contient les filaments de chromatine, un disque dit **nucléole** ; le tout baigne dans un liquide appelé **nucléoplasme**.

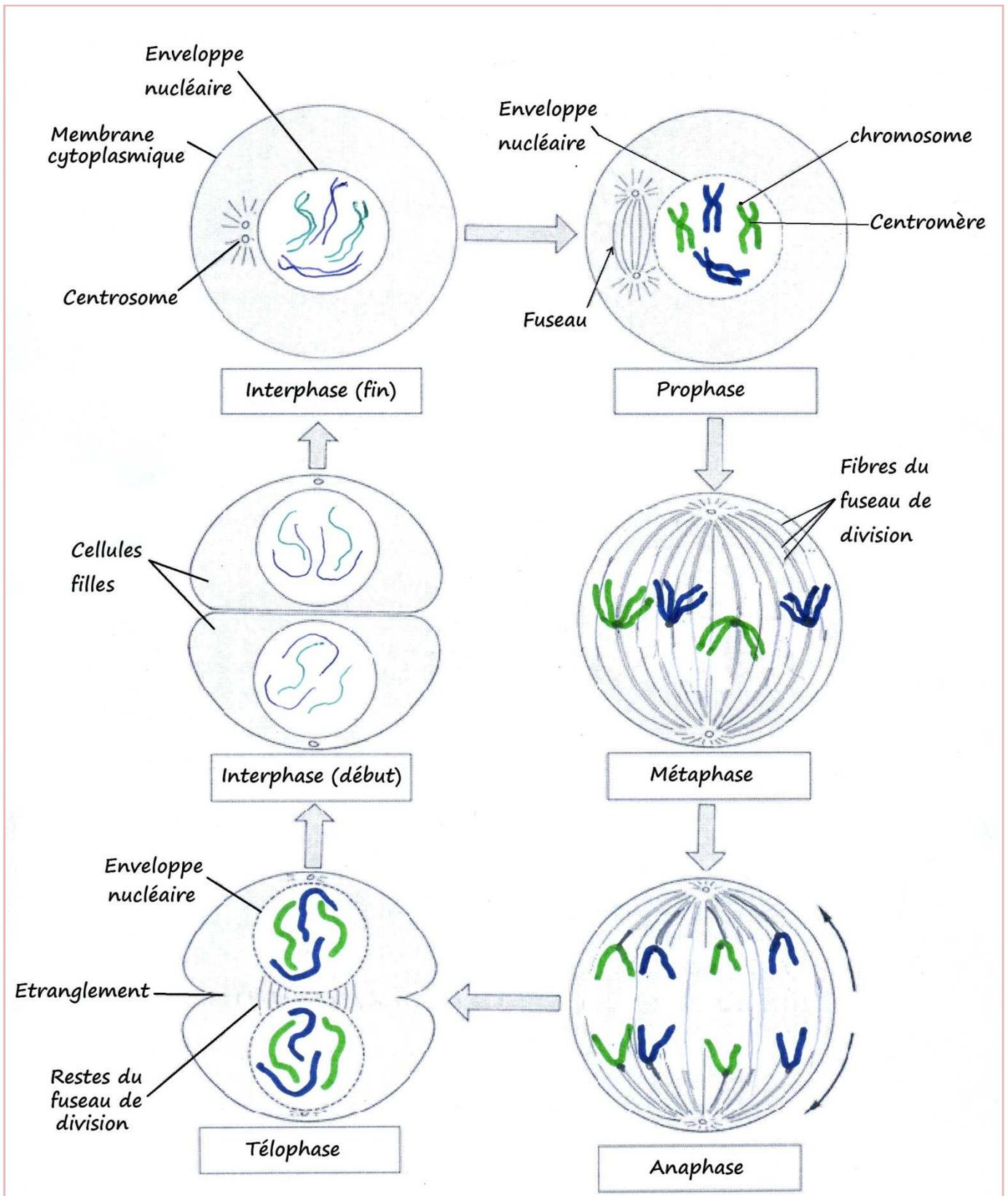
U3 :

1- Au début de la mitose on assiste à une disparition de l'enveloppe nucléaire ; et à la transformation des filaments chromatiniens en chromosomes (filaments épais et facilement visible en microscopie). Ensuite, les chromosomes sont répartis en deux lots qui se séparent. Vers la fin de la mitose la cellule mère est scindée en deux cellules filles (apparition d'une nouvelle paroi cellulosique pour la cellule végétale). Les deux lots de chromosomes vont constituer chacun un nouveau noyau entouré d'une nouvelle enveloppe nucléaire ; et les chromosomes vont se transformer en filament chromatiniens.



2- Le nombre de chromosomes est le même quel que soit la phase du cycle cellulaire. Néanmoins les chromosomes sont simples à la fin de la mitose, et réapparaissent dédoublés au début de la mitose suivante. Il y a donc une duplication des nucléofilaments au cours de l'interphase.

3- Les cellules en interphase paraissent plus nombreuses que les cellules en division car l'interphase est plus longue que la période la mitose.



Les étapes du cycle cellulaire (interphase + mitose) chez une cellule animale (2n = 4)

Les étapes du cycle cellulaire :

- **L'interphase :**

Chaque nucléofilament se duplique pour donner deux nucléofilaments identiques qui restent attachés au niveau du centromère.

Le centrosome se dédouble ; et les microtubules qui rayonnent des centrosomes constituent une formation étoilée appelée aster.

- **La prophase :**

Dans le noyau, l'enveloppe nucléaire se disloque et les nucléoles se déplacent à la périphérie du noyau et disparaissent. Les filaments de chromatine se condensent pour former des chromosomes visibles au microscope photonique. Chaque chromosome dupliqué prend la forme de deux chromatides sœurs identiques réunies par le centromère.

Dans le cytoplasme, le fuseau de division se forme progressivement ; il se compose de fibres protéiques. Ces fibres s'allongent au fur et à mesure que les centrosomes s'éloignent l'un de l'autre.

- **La métaphase :**

L'enveloppe nucléaire est entièrement détruite. Les deux centrosomes occupent chacun un pôle de la cellule. Les chromosomes sont fixés aux fibres du fuseau de division (fuseau achromatique) par les centromères.

Les chromosomes s'alignent sur la plaque équatoriale qui, comme son nom l'indique, est à égale distance des deux pôles du fuseau. Tous les centrosomes y sont alignés sur le plan équatorial.

- **L'anaphase :**

L'anaphase commence quand le centromère dédoublé de chaque chromosome se sépare en deux, libérant ainsi les chromatides sœurs. Chaque chromatide devient dès cet instant un chromosome à part entière (chromosome fils), conduit par le fuseau vers les pôles de la cellule. Les chromosomes sont alors attirés, via leur centromère, par contraction des fibres du fuseau vers les pôles (ascension polaire). À la fin de l'anaphase, les deux pôles possèdent des jeux équivalents et complets de chromosomes ; la télophase commence.

- **La télophase :**

Pendant la télophase, les noyaux fils commencent à se former aux pôles. Les enveloppes nucléaires se constituent progressivement. Les nucléoles réapparaissent, chaque chromosome perd son organisation spatiale compacte et se retransforme en filament chromatinien initial.

La mitose vient de se terminer. La division du cytoplasme, est déjà bien amorcée en général, de sorte que les deux cellules filles distinctes apparaissent peu de temps après la mitose.

- **La division du cytoplasme :**

Dans les **cellules animales**, La division du cytoplasme débute pendant la télophase, avec l'apparition du sillon de division, une invagination de la surface cellulaire à l'endroit occupé précédemment par la plaque équatoriale ; la cellule semble subir un étranglement duquel naîtront deux nouvelles cellules complètes et séparées.

Dans les **cellules végétales**, la division du cytoplasme se manifeste par l'apparition progressive d'une nouvelle paroi cellulosique au niveau du plan équatorial de la cellule mère. Des éléments membranaires se rassemblent pour former une nouvelle membrane plasmique du côté de chaque cellule filles.

.5- On peut constater de petites différences entre la mitose chez la cellule animale et chez la cellule végétale :

- Absence de centrosome chez la cellule végétale.
- Division du cytoplasme par étranglement chez la cellule animale ; et par formation d'une nouvelle paroi cellulosique chez la cellule végétale.

En dépit de ces divergences, les mécanismes fondamentaux qui assurent la transmission de l'information génétique sont les mêmes :

- La cellule duplique ses fibres de chromatine au cours de l'interphase. Ainsi, elle se prépare à la mitose en se dotant de deux copies de son programme génétique.

- A partir de la télophase et jusqu'à la fin de la mitose, les deux copies du programme génétique sont équitablement réparties entre les deux cellules filles.

L'unicité des mécanismes de conservation de l'information génétique au fil des cycles cellulaires se justifie par le fait que la cellule animale et la cellule végétale sont toutes les deux des cellules **eucaryotes**.

U4 : Le Caryotype :

1-Le **caryotype** est l'arrangement standard de l'ensemble des chromosomes métaphasiques d'une cellule, à partir d'une prise de vue microscopique. Les chromosomes sont photographiés et disposés selon un format standard : par paire et classés par taille, et par position du centromère. On attribue un numéro à chaque paire de chromosomes (numérotation normalisée).

2- Le document 4 montre que les chromosomes se distinguent par la taille et la position du centromère.

3- Le caryotype permet de distinguer entre les cellules haploïdes pour lesquelles chaque chromosome est unique, et les cellules diploïdes pour lesquelles les chromosomes sont organisés par paires de chromosomes homologues. Le caryotype permet aussi de distinguer entre les autosomes, c'est-à-dire le chromosome qui sont communs entre les deux sexes ; et les gonosomes, c'est-à-dire les chromosomes qui déterminent le sexe (X et Y). Par exemple chez l'espèce humaine on peut présenter la formule chromosomique de la manière suivante :

$$\text{♂} : 2n = 46 = 22 \text{ AA} + \text{XY}$$

$$\text{♀} : 2n = 46 = 22 \text{ AA} + \text{XX}$$

« A » signifie autosome. X et Y sont les chromosomes sexuels ou gonosomes. Le caryotype peut révéler des aberrations chromosomiques telles que la trisomie 21 (au lieu d'une paire de chromosomes n° 21 on a un triplet / $2n + 1 = 47$).

4- Le caryotype est une représentation normalisée des chromosomes métaphasiques d'une cellule eucaryote. Les chromosomes y sont classés et numérotés par paires de **chromosomes homologues**. Le caryotype permet de déterminer le nombre des chromosomes (propre à chaque espèce) ; la ploïdie d'une cellule ($2n / n$) ; distinguer entre les autosomes et les gonosomes ; et quelques fois il peut mettre en évidence des anomalies chromosomiques.

Unité 5 : L'ADN, support de l'information génétique.

1- La virulence de la souche S est due à la présence de la capsule qui protège contre le système immunitaire de l'hôte.

2- Suite à la transformation bactérienne, des bactéries de la souche R se transforment en S. La présence de la capsule est un caractère qui se conserve à travers les divisions cellulaires. C'est donc un caractère **héréditaire**.

3- Les bactéries de la souche **R** se sont transformées en **S** après avoir intégré dans leur chromosome une partie de l'ADN issu de la souche **S**. Avery et ses collaborateurs ont donc découvert que l'ADN est « le principe transformant ». Autrement dit ; l'ADN est la substance chimique susceptible de provoquer une transformation d'ordre génétique dans un être vivant ; en l'occurrence dans des cellules bactériennes.

4- Sur le plan chimique, le virus (bactériophage) est constitué d'une capsid de nature protéique, et d'un acide nucléique (ADN). On peut donc supposer que durant l'infection, le virus insère soit une partie de ses protéines, soit son acide nucléique.

5- D'après l'expérience de Hershey et Chase ; lorsqu'on utilise des virus marqués au niveau des protéines, la radioactivité reste à l'extérieur des bactéries. Et lorsqu'on utilise des virus contenant de l'ADN radioactif, la radioactivité apparaît dans le cytoplasme des bactéries. On peut donc conclure que le virus insère son ADN dans la bactérie lors de la phase d'infection.

Les nombreuses particules virales libérées par la cellule hôte, sont des copies conformes du virus qui a inséré son ADN durant la phase d'infection. On peut donc en déduire que l'ADN est le support de l'information génétique qui détermine la structure du virus.

6- La molécule d'ADN a un caractère universel. C'est le support de l'information génétique dans l'ensemble du monde vivant ; hormis quelques virus qui ont comme support de l'information génétique l'ARN au lieu de l'ADN. Ce sont les rétrovirus.

Unité 6 : Structure du chromosome des eucaryotes.

.1- Le chromosome est constitué d'ADN, et de deux types de protéines, les histones et les non histones.

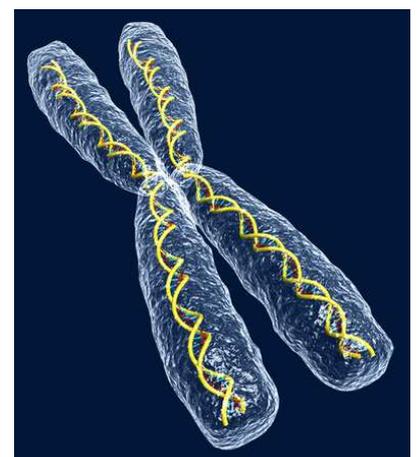
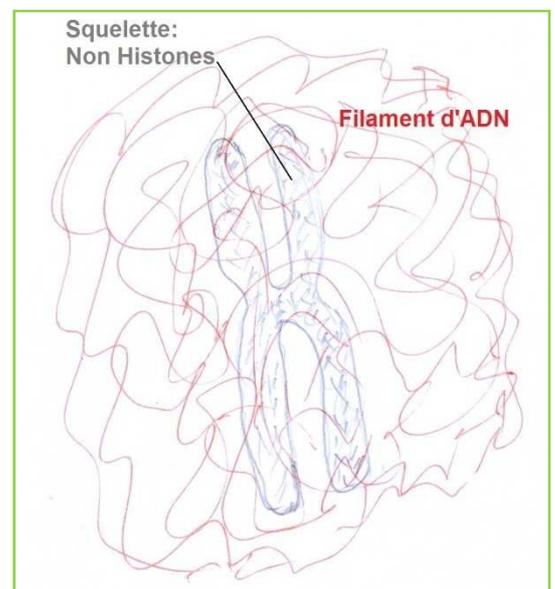
.2- L'ADN est une macromolécule sous forme de filament très long et en même temps très fin.

.3- Les histones servent à condenser l'ADN au sein du chromosome.

.4- schéma (ci-contre).

.5- À partir de la prophase, et d'une façon progressive, les fibres de chromatine se transforment en chromosomes métaphasiques par spiralisation et condensation. Vers la fin de la mitose, les chromosomes fils se transforment à nouveau en fibres de chromatine, par déspiralisation et décondensation.

.6- En plus des protéines (histones et non histones), le chromosome métaphasique est un chromosome dédoublé. Il contient deux molécules d'ADN identiques ; une dans chaque chromatide (schéma).



Unité 7 : Structure de la molécule d'ADN.

1- Voir Doc3.

2- Le désoxyribose occupe une place importante dans la structure du nucléotide. Ainsi par le carbone 1' il se lie à la base azotée ; par le carbone 5', il se lie au groupe phosphates du même nucléotide ; et par le carbone 3', il est lié au groupe phosphates du nucléotide voisin.

3- L'égalité des proportions AT d'une part et GC d'autre part, est expliquée par la structure en double hélice. C'est-à-dire l'ADN est constitué de deux chaînes nucléotidiques dont la cohésion est assurée par les liaisons hydrogène spécifiques. On trouve toujours A devant T ; et G devant C (voir schéma ci-contre).

4-

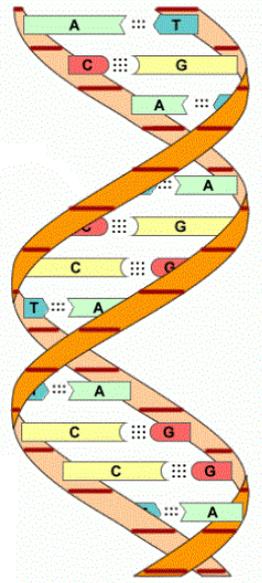
α : Succession des résidus désoxyribose et groupes phosphate.

β • Ce sont les liaisons hydrogène.

γ : Ce sont les bases azotées.

5- Le modèle «c» donne un volume aux atomes. Ce qui fait disparaître les vides que l'on retrouve dans les autres modèles.

6- **Bilan** : La molécule d'ADN est une double hélice. Elle est formée de-deux chaînes nucléotidiques antiparallèles, dont la cohésion est assurée par les liaisons hydrogène spécifiques entre les bases azotées qui sont en vis-à-vis (AT et GC). Ainsi à partir de la séquence nucléotidique d'une chaîne on peut déduire la séquence de l'autre chaîne. On dit que les deux chaînes sont complémentaires.



Unité 8 : Evolution de la quantité d'ADN dans la cellule au cours du cycle cellulaire / Cycle chromosomique.

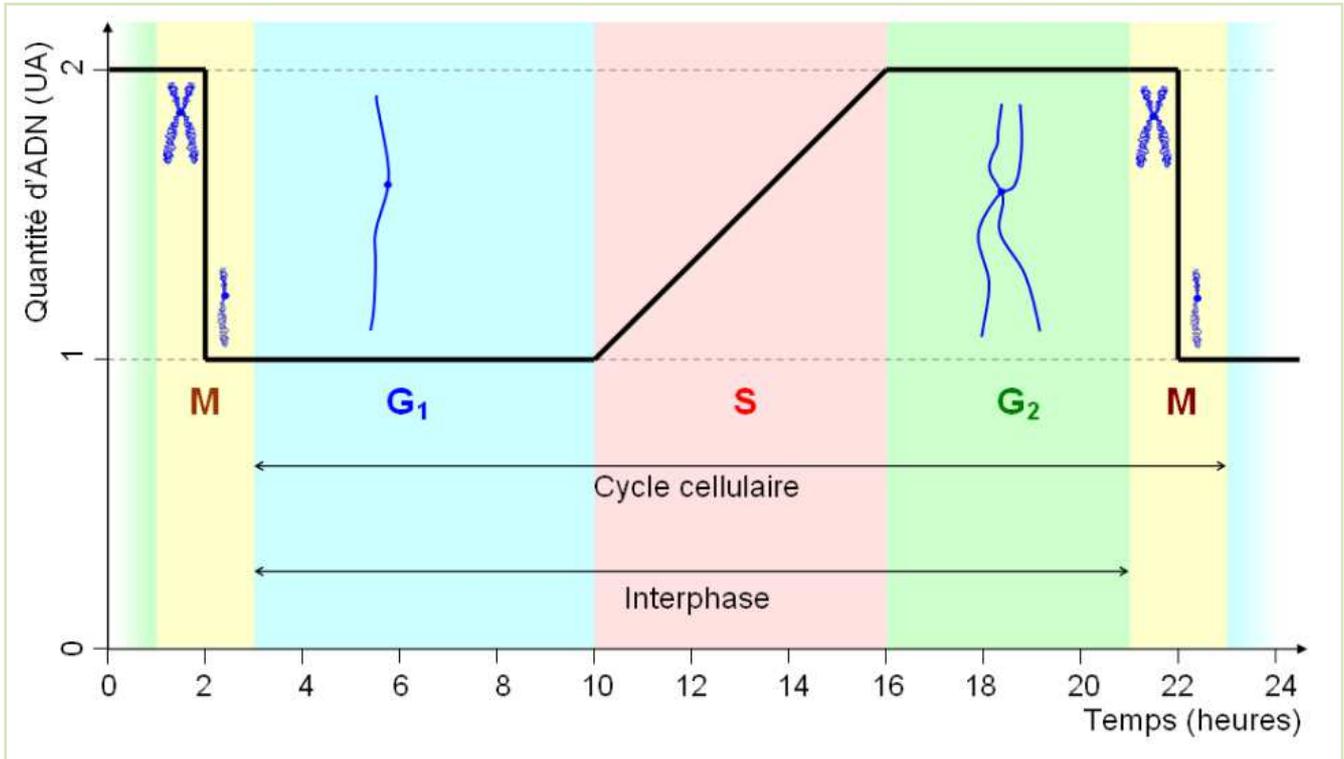
1- Prenons par exemple le cas des cellules diploïdes de l'homme ($2n = 46$) et de la drosophile ($2n = 8$). Pour les phases du cycle cellulaire, on choisit G1, S, et G2 pour l'interphase ; et la métaphase pour la mitose.

	Quantité d'ADN/cellule		Nombre de molécules d'ADN / cellule		Aspect du chromosome	
	Homme	Drosophile	Homme	Drosophile	Homme	Drosophile
G1	q		46	8		
S	$> q ; < 2q$		~	~		
G2	2q		92	16		
Interphase	2q		92	16		

2- Le phénomène qui a lieu au cours de la phase **S** est le dédoublement des filaments chromatiniens. Autrement dit la duplication de l'ADN (passage de q à 2 q).

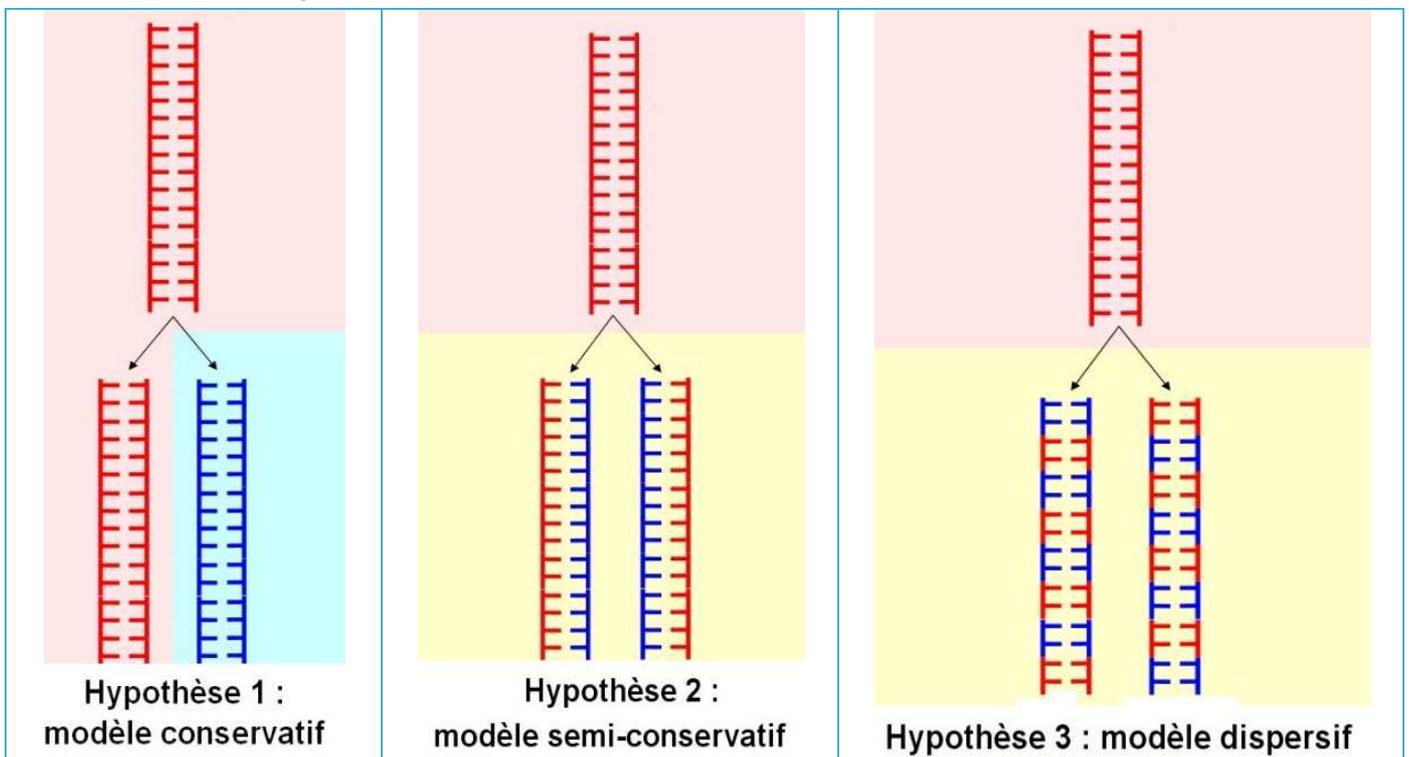
3- Le cycle chromosomique permet d'élucider la transmission et la conservation de l'information génétique à travers les cycles cellulaires. Au cours de l'interphase, le dédoublement des filaments de chromatine signifie la préparation de deux copies du programme génétique que détient le noyau cellulaire. Ce qui se passe lors de la mitose, et surtout à partir de l'anaphase, va permettre une répartition des deux copies du programme génétique sur les deux cellules filles.

Il faut noter aussi qu'au cours des cycles cellulaires, il y a conservation du nombre des chromosomes et de la ploïdie ($n/2n$).



Unité 9 : Mécanisme de la duplication de l'ADN.

1- Le modèle le plus vraisemblable est le modèle semi-conservatif, car il permet d'expliquer la conservation des séquences nucléotidiques ; donc la conservation de l'information génétique.

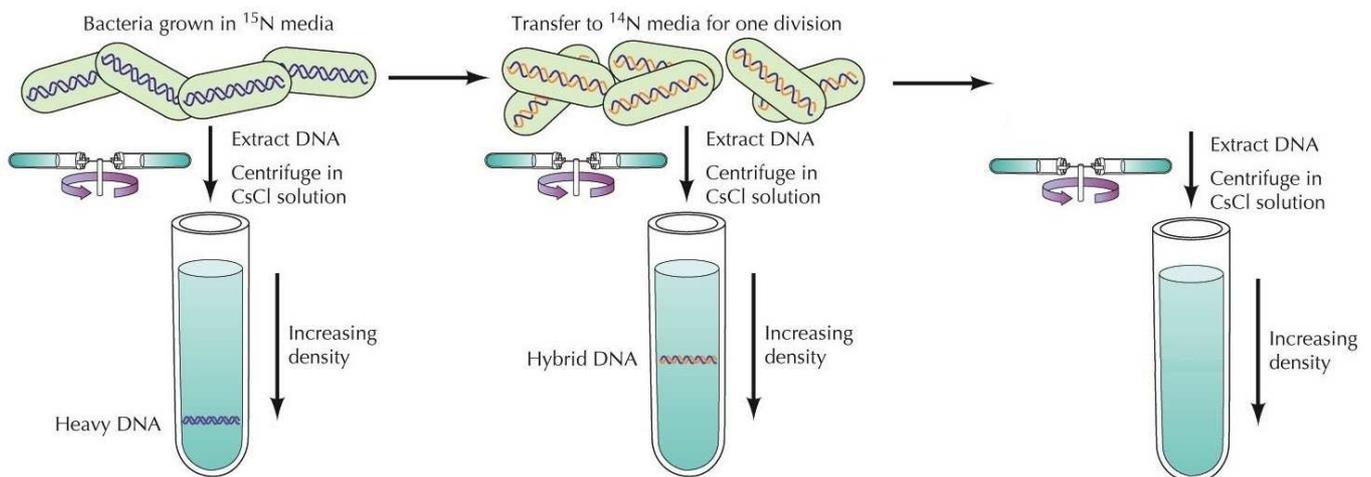


2-

Le résultat de l'expérience de Meselson Stahl est le suivant :

- L'ADN extrait des bactéries ayant séjourné dans le milieu ^{14}N pour une génération, est d'une densité intermédiaire $d = 1,72$. Donc de l'ADN hybride (un brin lourd et un brin léger).
- L'ADN extrait des cellules bactériennes ayant séjourné dans le milieu ^{14}N pour deux générations est constitué de deux types de molécules : 50 % de l'ADN hybride ; et 50 % de l'ADN léger ; $d = 1,65$ (c'est-à-dire les deux brins contiennent du ^{14}N).

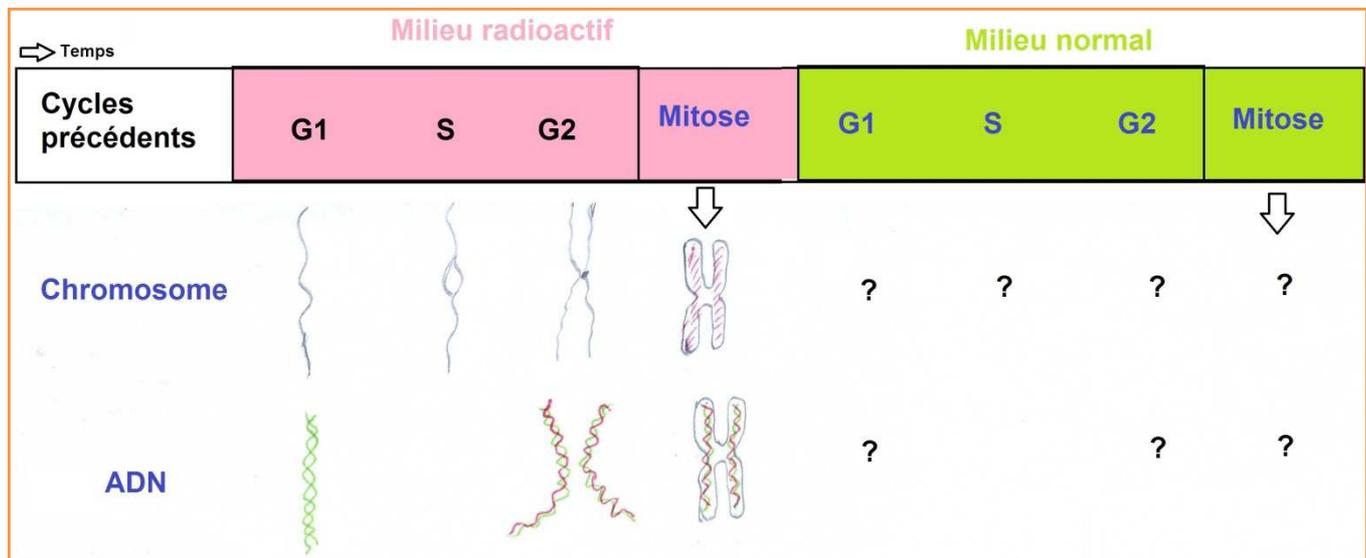
Ce résultat ne concorde qu'avec l'hypothèse du modèle semi-conservatif. Le schéma suivant précise la relation entre les résultats de l'expérience et le modèle qui est donc validé.



Le résultat de l'expérience de Taylor est le suivant :

- Pour les cellules qui ont séjourné dans le milieu radioactif pour une durée d'un cycle, les chromosomes métaphasiques sont radioactifs au niveau des deux chromatides.
- Pour les cellules qui ont été transférées après dans un milieu ordinaire (non radioactif), pour la durée d'un cycle supplémentaire, les chromosomes métaphasiques sont radioactifs au niveau d'une seule chromatides pour chaque chromosome.

La confrontation de ce résultat avec les trois modèles montre que celui-ci ne peut pas être en accord qu'avec le modèle semi conservatif (voir les schémas suivants).



3- Suite à la duplication semi-conservative de l'ADN qui respecte la complémentarité entre les nucléotides des brins anciens et ceux des brins néoformés (liaisons hydrogène); les deux molécules qui résultent de la duplication, portent les mêmes séquences nucléotidiques en comparaison avec la molécule de départ. Ainsi il y a conservation de l'information génétique.

4- BILAN :

La **réplication** est le processus au cours duquel l'ADN est synthétisé grâce à **l'ADN polymérase**. Ce mécanisme permet d'obtenir, à partir d'une molécule d'ADN, deux molécules identiques à la molécule initiale.

Puisque les deux chaînes de l'ADN parental se séparent et que deux nouveaux brins sont formés, on qualifie ce processus de **semi-conservateur**.

L'ADN a l'importante propriété de pouvoir être reproduit à l'identique, ce qui permet à l'information génétique de se transmettre d'une cellule mère aux cellules filles lors de la division cellulaire.

La conservation de l'information génétique n'est autre que la conservation des **séquences nucléotidiques** dans les deux **brins** de la molécule d'**ADN**.

CHAPITRE II : EXPRESSION DE L'INFORMATION GENETIQUE.

Unité 1 : Le gène, l'unité fonctionnelle de l'information génétique.

1- D'après le document 3, l'expérience nous montre que parmi 100 million de bactéries, on a deux qui sont résistantes à l'antibiotique. Le reste, c'est des bactéries sensibles. Si la forme résistante est le résultat d'une mutation, on peut donc déduire que les mutations sont rares.

2- La diversité génétique au sein de la même espèce est le résultat de l'accumulation des mutations au fil des générations. En effet, les individus qui appartiennent à la même espèce portent les mêmes gènes ; mais ils diffèrent par les allèles (les versions des gènes). Une mutation transforme un allèle en un autre allèle.

3-

- D'après les résultats de l'expérience des mutations multiples, on peut déduire les caractéristiques des trois clones 1 ; 2 ; 3. Par exemple, le clone qui peut vivre sans avoir besoin de l'acide aminé Thréonine est noté T^+ . Dans le cas inverse on note T^- .

Clone 1
Clone 2			
Clone 3			

- Si l'on suppose que les formes (+) sont les formes originelles ; et les formes (-) résultent de mutations ; on peut constater que lorsqu'une mutation touche un caractère héréditaire, cela ne veut pas dire forcément qu'elle va toucher les autres caractères héréditaires. On dit que les mutations sont caractérisées par **l'indépendance**. Cette indépendance est interprétée comme suit : A chaque caractère héréditaire correspond une partie de la molécule d'ADN. Cette partie s'appelle « **le gène** ». Donc on établit la relation : « **Un gène a un caractère héréditaire** ».

4- **BILAN** : Les expériences réalisées sur les bactéries ont permis de donner les premières bases du concept de gène. L'étude des mutations a permis notamment de mettre en évidence l'indépendance de celles-ci. L'indépendance des mutations traduit l'indépendance des caractères héréditaires eux même. En effet, chaque caractère héréditaire possède son propre **gène** qui est une portion de la molécule d'ADN. La diversité génétique au sein de la même espèce est due à la diversité des allèles ; les différentes versions des gènes. La diversité allélique est due aux mutations qui s'accumulent au fil des générations.

Unité 2 : La relation : gène / protéine / caractère.

.1- La malformation des hématies chez les personnes atteintes de l'anémie falciforme est dû au fait que ces hématies contiennent de l'hémoglobine anormale.

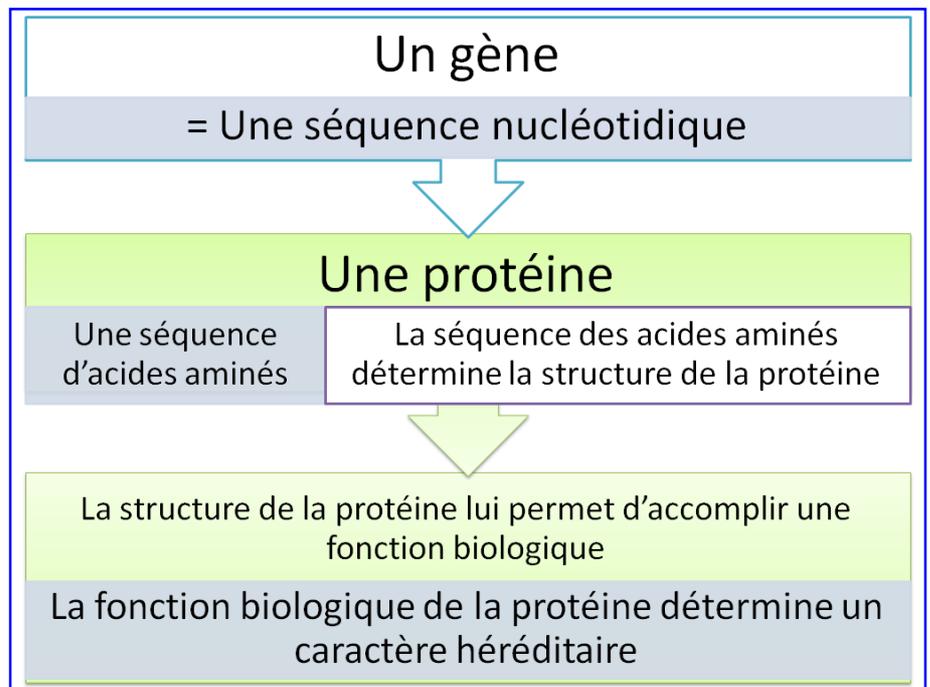
.2- La séquence nucléotidique de l'allèle mutant diffère de celle de l'allèle normal au niveau d'un nucléotide dans chaque brin (A au lieu de T et T au lieu de A). On observe aussi qu'il y a une différence au niveau de la séquence des acides aminés dans la protéine (l'hémoglobine). Ainsi on a l'acide aminé valine au lieu du glutamate.

On peut interpréter ces différences si l'on tient compte au fait que la séquence nucléotidique dans le gène **code** pour la séquence des acides aminés dans la protéine.

.3- **La relation entre le gène et la protéine** : Un gène est une séquence de nucléotides au niveau de l'ADN. La cellule dispose d'un mécanisme de décodage qui permet de traduire une séquence nucléotidique en une séquence d'acides aminés au niveau de la protéine. C'est l'expression de l'information génétique.

.4- **BILAN** : (voir schéma ci-contre)

Un allèle mutant dans certains cas code pour une protéine anormale, qui n'accomplit pas ou accomplit mal sa fonction biologique. Ceci est dû à une séquence d'acides aminés et une structure anormales. Le caractère héréditaire prend donc un aspect anormal.



Unité 3 : La synthèse des protéines.

Doc 1 : Nécessité d'un code génétique

Comment établir une correspondance entre une séquence nucléotidique et une séquence d'acides aminés ??

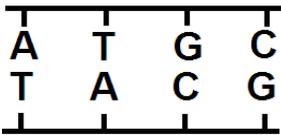
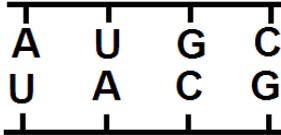
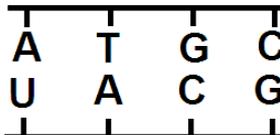
Nous avons 4 nucléotides et 20 acides aminés. Si l'on attribue un nucléotide à chaque acide aminé, on ne peut pas couvrir les 20 acides aminés ($4 < 20$). De même, si on attribue une paire de nucléotide à chaque acide aminé ; cela reste insuffisant car $4^2 = 16$; et $16 < 20$. Si on attribue un triplet de nucléotides à chaque acide aminé on va couvrir tous les acides aminés ; et on aura même des redondances ; c'est-à-dire des répétitions. Autrement dit, un acide aminé peut être codé par plusieurs triplets. $4^3 = 64$; et $64 \gg 20$.

Ce raisonnement théorique a pu être confirmé par les expériences qui ont permis de découvrir le code génétique.

Doc 2 :

Le traitement des cellules par des colorants spécifiques à l'ADN et à l'ARN montre, au niveau des observations microscopiques, que l'ADN se trouve uniquement au niveau du noyau ; alors que l'ARN se retrouve à la fois dans le noyau et dans le cytoplasme.

Doc 3 : Structure de l'ARN / tableau comparatif ADN / ARN.

ADN	ARN	
Bicaténaire = double brin = double hélice.	Monocaténaire = simple brin = une seule chaîne polypeptidique.	
Très longue car elle comporte plusieurs gènes.	Très courte car elle représente un seul gène.	
Sucre : Désoxyribose.	Sucre : Ribose.	
Bases azotées : A / T / G / C	Bases azotées : A / U / G / C	
Règles d'appariement :		
ADN / ADN	ARN / ARN	ADN / ARN
		

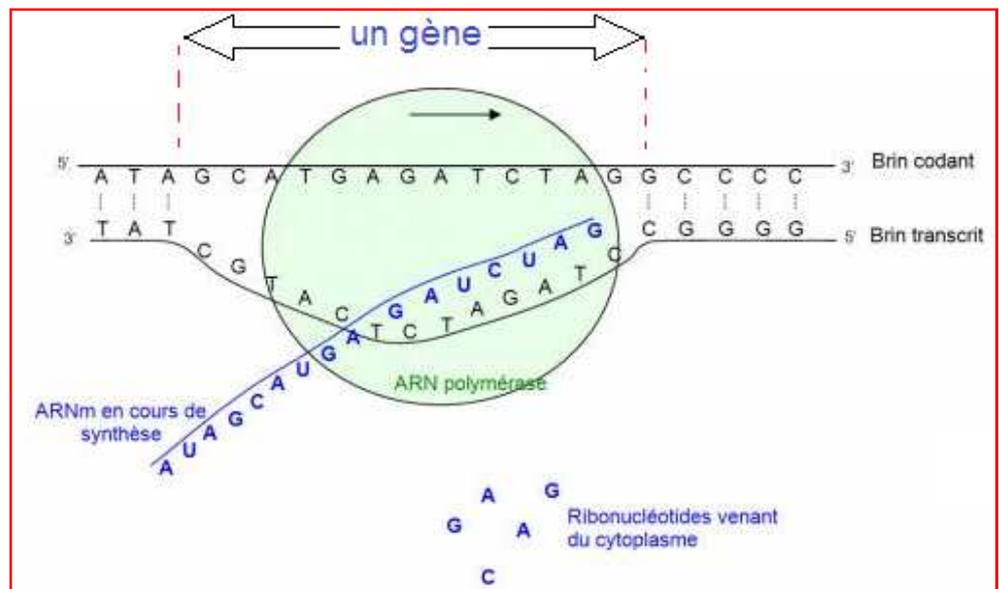
Doc 4 : Localiser la synthèse de l'ARN : interpréter les résultats de l'expérience.

- L'apparition de la radioactivité dans le noyau de la cellule **A** signifie que les nucléotides qui vont participer à la synthèse de l'ARN, ont passé du milieu extracellulaire au noyau.
- Dans le cas physiologique naturel, c'est la cellule elle-même qui synthétise les nucléotides à partir des nutriments.
- La réapparition de la radioactivité au niveau du cytoplasme de la cellule **B** signifie que les molécules d'ARN synthétisées au niveau du noyau, ont quitté celui-ci pour passer dans le cytoplasme.
- la synthèse des molécules d'ARN nécessite les conditions suivantes :
 - Des nucléotides libres propres à l'ARN (A / U / G / C).
 - Des enzymes, notamment « **l'ARN polymérase** ».
 - Une source d'énergie (ATP).
 - Un brin d'ADN qui va servir de modèle pour avoir des séquences nucléotidiques bien précises (le brin transcrit).

– Schéma de la transcription (voir figure ci-contre).

– Une molécule d'ARN peut être considérée comme une

copie d'un gène, ou plutôt une séquence nucléotidique complémentaire à la séquence nucléotidique d'un gène.



Doc 5 : La synthèse des protéines in vitro et la recherche du code génétique.

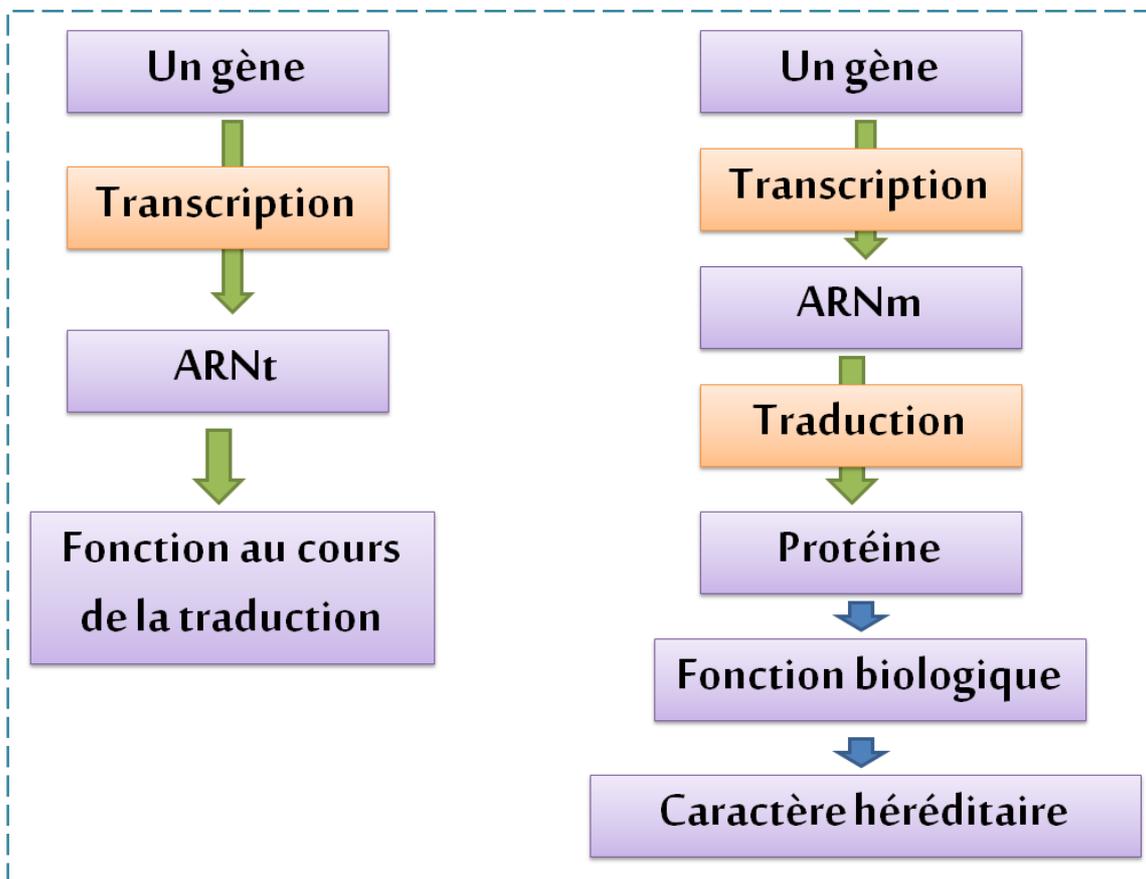
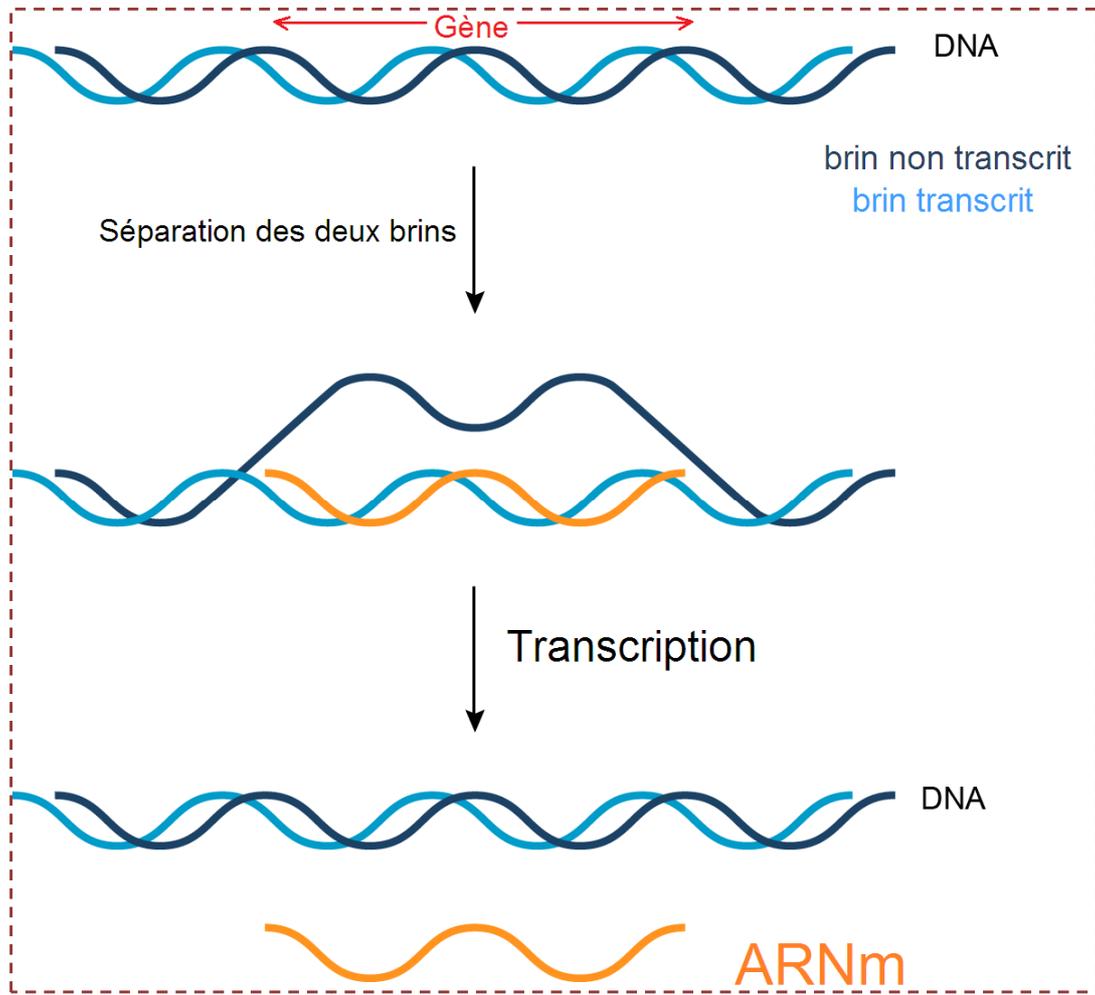
Dans les expériences de la synthèse des protéines in vitro, on fait varier à chaque fois la séquence nucléotidique de l'**ARN messager** synthétisé artificiellement. Ainsi on a pu découvrir **le code génétique** ; c'est-à-dire la règle de correspondance entre les triplets de nucléotides de l'**ARNm (les cordons)**, et les acides aminés.

Doc 6 : Le code génétique.

Le code génétique se caractérise par la redondance (abondance de répétitions). Ainsi la majorité des acides aminés disposent de plusieurs codons (de un jusqu'à six). Soixante et un codons couvrent vingt acides aminés. Trois codons sont appelés des codons **non-sens** puisqu'ils ne codent pour aucun acide aminé. Ce sont les codons **stop**.

Doc 7 : Les trois types d'ARN :

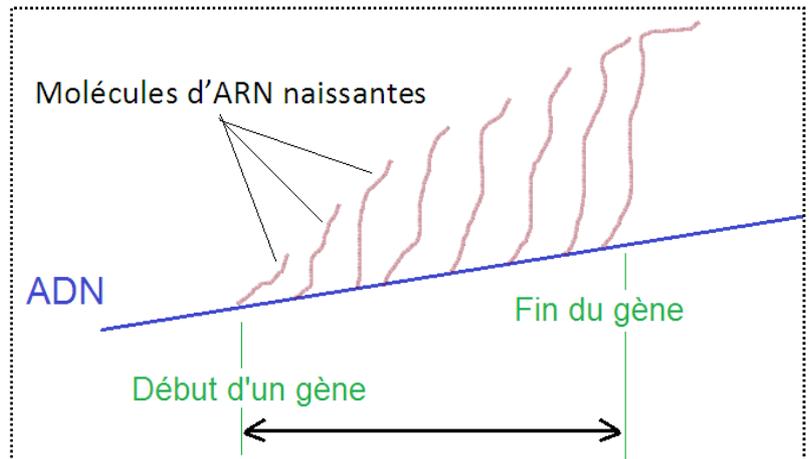
- **La synthèse des protéines s'effectue en deux étapes :**
 - **La transcription** au niveau du noyau ; c'est-à-dire la synthèse des molécules d'ARN à partir des gènes. Chaque gène correspond à une molécule d'ARN spécifique.
 - **La traduction** qui a lieu dans le cytoplasme : C'est le décodage du message de l'ARN messager (ARNm) pour synthétiser une chaîne polypeptidique spécifique (protéine).
- **Comparer les trois types d'ARN :**
 - L'ARN ribosomal (**ARNr**) fait partie de la structure du ribosome. En effet, le ribosome est une association de plusieurs molécules protéiques et de molécules d'ARNr.
 - L'ARN messager (**ARNm**) : C'est l'intermédiaire entre le gène et la protéine en termes d'information génétique.
 - L'ARN de transfert (**ARNt**) : Soixante et un gènes codent pour soixante et une molécules d'ARNt. Les molécules d'ARNt ont des tâches précises au cours de la traduction.



Document 8 : les deux phases de la synthèse des protéines.

Transcription :

Synthèse des molécules d'ARN. Chaque molécule d'ARN est une sorte de copie complémentaire à la séquence nucléotidique du **brin transcrit** au niveau d'un gène.



Traduction :

Le ribosome parcourt l'ARNm à partir d'une région proche de l'extrémité 5' jusqu'à une région proche de l'extrémité 3'. Au fur et à mesure la polymérisation des acides aminés va aboutir à la synthèse d'une chaîne polypeptidique ; une protéine.

Document 9 :

La traduction comporte trois étapes : L'initiation, l'élongation et la terminaison.

- **Initiation** : Le ribosome se fixe à l'ARNm au niveau d'une zone proche de l'extrémité 5'. Plus précisément au niveau d'un codon dit, « codon d'initiation » (AUG). C'est aussi le codon qui correspond à l'acide aminé « méthionine », le premier acide aminé.
- **Elongation** : Le ribosome se déplace tout au long de l'ARNm en se rapprochant de l'extrémité 3'. Au fur et à mesure, le ribosome aidé par une multitude d'enzymes va lier les acides aminés, l'un après l'autre, par des liaisons peptidiques (liaisons covalentes). C'est alors la polymérisation des acides aminés qui va donner une chaîne polypeptidique qui devient de plus en plus longue. D'où l'appellation « élongation ».
- **Terminaison** : Dans une zone proche de l'extrémité 3', le ribosome va trouver un parmi les trois codons « stop ». C'est là que l'opération va s'arrêter ; et le ribosome va se détacher de l'ARNm ; et ainsi sera achevée la synthèse de la chaîne polypeptidique qui sera à son tour libérée.
- Durant toutes les phases de la traduction, le ribosome procède à la « lecture » des codons l'un après l'autre ; et à chaque fois il place l'acide aminé convenable. Et ce dans le cadre du code génétique. La traduction signifie donc la traduction d'une séquence nucléotidique d'ARNm en une séquence d'acides aminés.

Document 10 : Structure fonctionnelle du ribosome.

Le ribosome est une association de molécules protéiques et de molécules d'ARN ribosomal (ARNr). Il est constitué de deux sous-unités dites, la grande sous-unité et la petite sous-unité. Le ribosome a une activité **catalytique**, puisqu'il catalyse un certain nombre de réactions biochimiques lors de la traduction.

Le ribosome porte deux sites destinés à la fixation de deux molécules d'ARNt ; le site **A** et le site **P** ; en plus d'un site pour la fixation d'une molécule d'ARNm.

Document 11 : Les étapes de la polymérisation des acides aminés.

Au début de la traduction, la petite sous-unité du ribosome se lit à l'ARNm. Ensuite elle est rejointe par la grande sous-unité.

Comment passer d'un polypeptide à **n** acides aminés à un polypeptide à **n+1** acides aminés ? Le mécanisme en question se répète d'une façon cyclique durant toute la phase de l'élongation.

L'ARNt porteur du polypeptide occupe le site **P** ; et il y a toujours une complémentarité entre le **codon** de l'ARNm et l'**anticodon** de l'ARNt.

L'ARNt porteur du nouvel acide aminé se fixe sur le site **A**. Et puis, des enzymes vont nouer une liaison peptidique entre ledit nouvel acide aminé et la chaîne peptidique. La liaison entre l'ARNt qui occupe le site **P** et la chaîne polypeptidique, quand à elle, va se rompre.

L'ARNt devenu libre va quitter le site **P**. Cet ARNt est prêt pour fixer une autre molécule du même acide aminé.

Le ribosome se déplace vers 3' d'une distance qui correspond à un codon. Ainsi le site **A** devient libre et prêt pour recevoir la molécule d'ARNt qui porte l'acide aminé suivant. et ainsi de suite

Document 12 : Rôle des enzymes qui fixent les acides aminés sur les ARNt.

Il existe une famille d'enzymes qui catalysent la réaction de liaison entre l'extrémité 3' d'une molécule d'ARNt et un acide aminé spécifique. Ceci doit se faire dans le respect du code génétique. C'est pourquoi le fonctionnement de ces enzymes est essentiel à la fidélité de la traduction dudit code génétique, car c'est elles qui garantissent que l'acide aminé qui est ainsi lié à l'extrémité 3' de l'ARNt correspond bien au bon anticodon.

DOCUMENT 13 : LA SYNTHÈSE DES PROTÉINES : TRANSCRIPTION ET TRADUCTION.

L'expression de l'information génétique se manifeste par la synthèse des protéines. Cette expression se déroule en deux phases : la transcription au niveau du noyau ; et la traduction au niveau du cytoplasme (eucaryotes).

Transcription : C'est la synthèse des molécules d'ARN catalysée par l'ARN-polymérase (enzyme).

La séquence nucléotidique d'une molécule d'ARN est complémentaire au brin transcrit au niveau d'un gène.

Les molécules synthétisées sont des ARNt, des ARNr et des ARNm.

Après leur synthèse les ARN quittent le noyau pour rejoindre le cytoplasme.

La traduction : C'est le décryptage, dans le cadre du code génétique, des codons portés par l'ARNm, pour synthétiser une chaîne polypeptidique (protéine) qui est une séquence précise d'acides aminés.

La traduction suscite l'intervention des ribosomes, des ARNt, d'une source d'énergie (ATP), d'une multitude d'enzymes, et bien évidemment des molécules de base qui sont les acides aminés.

À PROPOS DES MUTATIONS :

Le gène est l'unité fonctionnelle de l'information génétique. C'est une partie de la molécule d'ADN qui code pour une protéine. Chaque protéine accomplit une fonction biologique précise.

La diversité allélique au sein de chaque espèce est due aux mutations. Une mutation est une modification rare, accidentelle ou provoquée (virus ; radiations ... etc), de l'information génétique. Elle est le résultat d'une sorte d'erreur qui survient lors de la duplication de l'ADN.

On peut subdiviser les cellules d'un organisme pluricellulaire diploïde en deux catégories : les cellules du soma et les cellules germinales. Les mutations ne peuvent pas se transmettre à travers la reproduction sauf si elles touchent les cellules germinales.

Les mutations ont lieu au niveau de l'ADN. Mais leur effet apparaît au niveau de l'ARNm et de la protéine.

Une mutation peut être due à une insertion, une délétion, ou une substitution d'un ou plusieurs nucléotides. Il existe aussi des mutations plus ou moins complexes.

Pour les mutations du type substitution, on distingue trois catégories :

- **Les mutations silencieuses** qui n'ont pas d'effet sur la séquence polypeptidique. En effet, un codon qui correspond à un acide aminé, se transforme en un autre qui code pour le même acide aminé. Ceci est dû à la redondance du code génétique.
- **Les substitutions faux-sens** qui aboutissent à la substitution d'un acide aminé par un autre.
- **Les substitutions non-sens** aboutissent à l'apparition d'un codon stop, au niveau duquel s'arrête la traduction. La synthèse de la protéine est donc inachevée.

Les mutations du type insertion ou délétion provoquent un **décalage du cadre de lecture**. En effet, la séquence polypeptidique est totalement modifiée à partir du point qui correspond à la mutation.