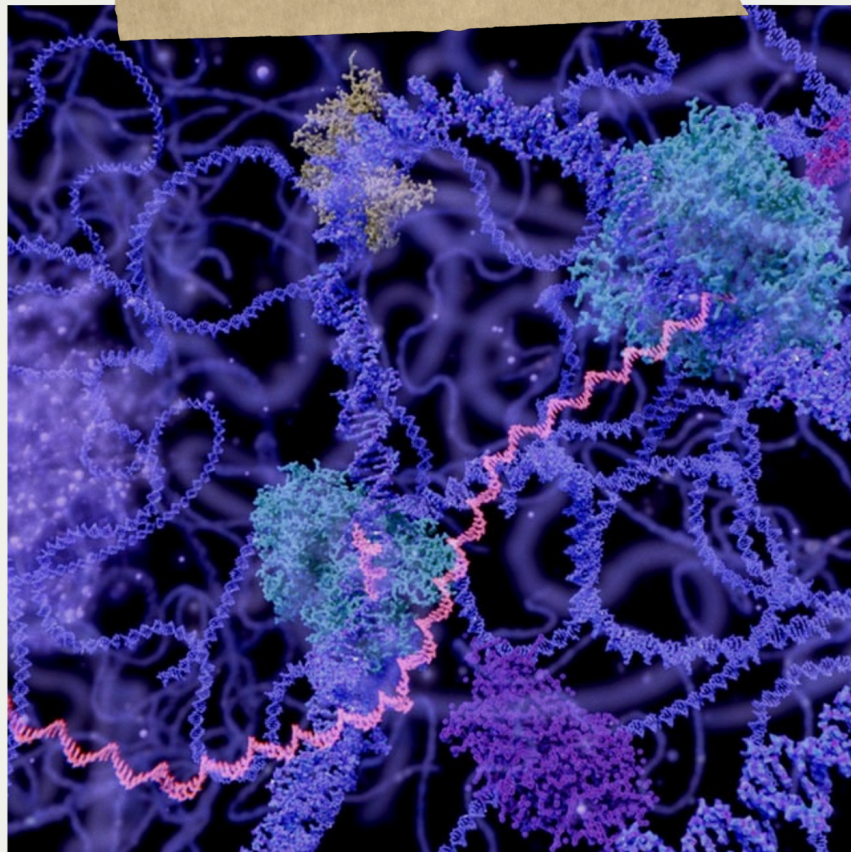


L'expression de L'information Génétique






Chapitre 4



L'expression de L'information Génétique



PASSION DE L'ENSEIGNEMENT
شغف التعليم

 PAGE INSTAGRAM : ENSEIGNEMENT_DES_SVT_WALID
 PAGE FACEBOOK : PRÉPARATION D'ENSEIGNEMENT DES SVT
 WHATSAPP : 06/99/26/56/73

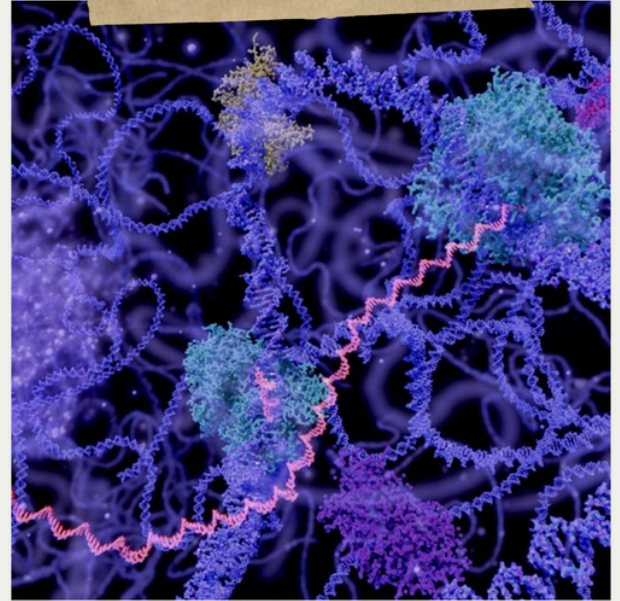
 ENSEIGNANT DES SVT - QUALIFIANT

PROF EZZAHAR WALID الأستاذ وليد الزهار

SPECIALITÉ : BIOLOGIE ET GÉOLOGIE

Sous Domaine :

Biologie Moléculaire



L'expression de L'information Génétique

I- Notion de Caractère Héritable, de Gène, d'Allèle et de Mutation :

- La Caractère Héritable
- Le Gène
- Les Allèles
- Les Mutations

II- Mécanisme de l'Expression de l'Information Génétique :

- La Transcription
- La Traduction



PASSION DE L'ENSEIGNEMENT
شغف التعليم

Formation de Préparation au
Concours d'Enseignement des SVT

Promo - 2026/2027

PROFESSEUR : الأستاذ :

✓ **PROF EZZAHAR WALID** الأستاذ وليد الزهار

ENSEIGNANT DES SVT - QUALIFIANT



[PAGE INSTAGRAM](#) : ENSEIGNEMENT_DES_SVT_WALID



[PAGE FACEBOOK](#) : PRÉPARATION D'ENSEIGNEMENT DES SVT



[WHATSAPP](#) : 06/99/26/56/73

Introduction:

La molécule d'ADN est le support de l'information génétique, il comporte toutes les informations responsables des caractères héréditaires de l'individu. L'expression de l'information génétique est le décryptage de cette information permettant aux caractères héréditaires de se manifester.

- **Quelle est la relation entre le matériel héréditaire (ADN) et l'apparition des caractères héréditaires ?**
- **Quels sont les mécanismes de l'expression de l'information génétique ?**

I – Notion de caractère, gène, allèle et de mutation:

① Relation entre information génétique et caractère:

a) Notion de caractère :

Un caractère est une manifestation physique ou physiologique que l'on peut observer directement ou non.

Certains caractères sont héréditaires, c'est-à-dire qu'ils sont hérités de nos parents, grâce aux gènes qu'ils nous ont transmis. Ils sont transmis d'une génération à l'autre.

C'est le cas de la couleur des yeux, des cheveux, de la peau, le groupe sanguin, les maladies génétiques (hémophilie, diabète de type 1, myopathie...), etc.

D'autres caractères ne sont pas héréditaires, mais plutôt liés au mode de vie ou à l'environnement. Ils peuvent donc évoluer avec le temps et, par exemple les cicatrices, qui apparaissent suite à des blessures, les maladies non héréditaires (le cancer du poumon lié à la cigarette), le bronzage dû à l'exposition au soleil, Modification de la musculature due aux exercices physiques intenses, etc.

b) Transformation bactérienne chez *Escherichia coli*: (Voir document 1)

Document 1: la transformation bactérienne chez *Escherichia coli*:

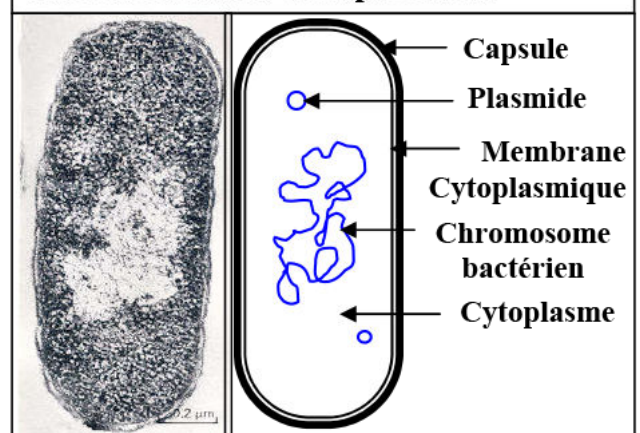
Escherichia coli, également appelée colibacille et abrégée en *E. coli* est une bactérie intestinale des Mammifères, très commune chez l'être humain (Figure 1).

★ Expérience 1:

La souche sauvage d'*Escherichia coli* est capable de se développer par fission binaire sur un milieu minimum (Mm) contenant du sucre et des sels minéraux, et forme une colonie bactérienne sous forme de clones isolés visibles à l'œil nu, sous forme de taches. Ainsi à partir de cette colonie on fait des repiquages dans différents milieux, avec un tissu stérile qu'on applique à la surface de la boîte mère, et on le dépose ensuite à la surface d'une boîte vierge.

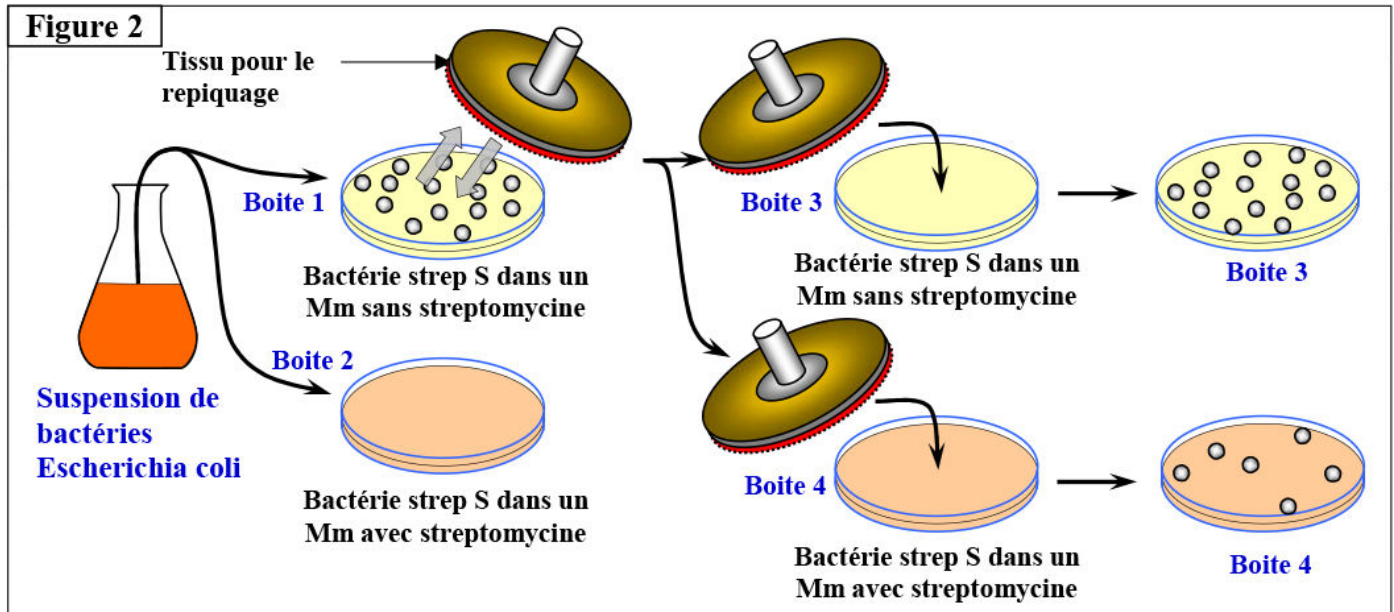
Les étapes et les résultats de cette expérience sont présentés par la figure 2.

Figure 1: Electronographie de *E. coli* avec un schéma d'interprétation.



- 1) Que peut-on conclure à partir de l'exploitation des données de ce document, sachant que le repiquage à partir de la boîte de pétrie 4, dans un milieu minimal avec streptomycine, il apparaît une très grande colonie bactérienne Strep R.

Figure 2



★ Expérience 2 :

La culture de la bactérie Strep S dans un milieu minimal dépourvue de lactose, montre que ces souches sont incapables de vivre dans un milieu ne contenant pas de lactose. Ces bactéries ont besoin de ce glucide pour vivre et sont donc symbolisées par (Strep S, Lac⁻). D'autres expériences similaires à la précédente ont montrées l'existence d'autres types de souches qui sont : (Strep S, Lac⁺), (Strep R, Lac⁺), (Strep R, Lac⁻).

- 2) Que peut-on déduire de l'analyse des résultats de cette expérience ?
- 3) En se basant sur les résultats de ces expériences et la structure de l'ADN, déduire la notion de gène, allèles et mutation.

1) Dans la boîte de pétrie 1 (Mm sans streptomycine), apparaît une très grande colonie bactérienne.

Dans la boîte de pétrie 2 (Mm avec streptomycine), n'apparaît aucune colonie bactérienne. La bactérie est sensible à cet antibiotique, c'est son caractère sauvage, on le symbolise par strep S.

Le repiquage à partir de la boîte de pétrie 1, dans un milieu minimal avec streptomycine (boîte 4), conduit à l'apparition d'une colonie bactérienne résistante à la streptomycine. On le symbolise par strep R.

La bactérie strep S a acquis donc une résistance à l'antibiotique.

Puisque le caractère strep S, et le caractère strep R sont héréditaires, ils sont donc liés à la molécule d'ADN, et la transformation de la bactérie strep S en bactérie strep R ne peut être expliquée que par une modification brusque au niveau de l'ADN.

Ce brusque changement de caractère héréditaire est appelé mutation. Le nouveau caractère est appelé caractère muté.

Le caractère muté est conservé dans l'information génétique de la bactérie et transmis aux descendants. La mutation est stable et héréditaire.

- 2) On constate que l'apparition d'une mutation dans un caractère donné, n'est pas nécessairement associée à l'apparition d'une mutation dans l'autre caractère, ce qui peut être expliqué par le fait que les deux fragments d'ADN contrôlant les deux caractères, sont différents. On déduit donc que chaque caractère héréditaire est déterminé par un fragment d'ADN (séquence de nucléotides).

3) **Un gène** : c'est l'unité d'hérédité contrôlant un caractère particulier. Il correspond à un segment d'ADN, situé à un endroit bien précis (locus) sur un chromosome.

Les allèles : Un gène peut subir une mutation et déterminer un nouveau aspect du même caractère, les différents aspects d'un même caractère sont appelés les allèles.

Une mutation : est une modification de l'information génétique. Les mutations se caractérisent par la rareté, la spontanéité, et la stabilité.

Bien que les mutations sont aléatoires; elles sont favorisées par plusieurs facteurs, tels que les virus et certaines substances chimiques.

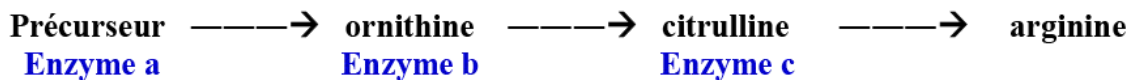
② Relation gène-protéine / protéine- caractère:

a) **Expérience de Beadle et Tatum** : (Voir document 2)

Document 2: Expérience de Beadle et Tatum:

Neurospora est un champignon microscopique haploïde qui synthétise ses acides aminés. Il est facilement cultivable sur un milieu artificiel qui ne contient que du sucre et des sels minéraux. Cependant, il existe des mutants (obtenus après irradiation aux rayons X) qui ne peuvent pas se développer sur un tel milieu, c'est le cas des mutants arg^- qui peuvent se développer si on ajoute de l'arginine dans le milieu. (L'arginine est un acide aminé qui est utilisé pour la synthèse des protéines).

La voie métabolique de la synthèse de l'arginine par *Neurospora* nécessite la présence de différentes enzymes :



Il existe de nombreux mutants arg^- , ils peuvent tous être cultivés en présence d'arginine. Dans certains cas, cet acide aminé peut être remplacé par d'autres substances : l'ornithine, la citrulline.

Dans le tableau ci-dessous, MM indique un milieu minimum ne contenant ni arginine, ni citrulline, ni ornithine. Un + indique que la souche de *Neurospora* se développe normalement, un - qu'elle ne se développe pas:

Souche	MM (milieu minimum)	MM + Ornithine	MM + Citrulline	MM + Arginine
1	+	+	+	+
2	-	-	-	+
3	-	-	+	+
4	-	+	+	+

1) Indiquer le phénotype de chaque souche: [arg^+] ou [arg^-].

2) Après avoir indiqué les enzymes fonctionnelles et les enzymes non fonctionnelles pour chaque souche, indiquer leur génotype.

3) Exploitez ces résultats pour mettre en évidence la relation gène-protéine.

1) Le phénotype de la souche 1 est [arg^+], la souche 2, 3 et 4 est [arg^-].

2) Pour la souche 1, tous les enzymes sont fonctionnels. Son génotype est donc (a^+ , b^+ , c^+).

Pour la souche 2, aucun enzyme n'est fonctionnel. Son génotype est (a^- , b^- , c^-).

Pour la souche 3, c'est l'enzyme (b) qui n'est pas fonctionnel. Son génotype est donc (a^+ , b^- , c^+).

Pour la souche 4, c'est l'enzyme (a) qui n'est pas fonctionnel. Son génotype est donc (a^- , b^+ , c^+).

3) Les souches mutantes (2, 3, 4), déficientes pour la synthèse de l'arginine et qui ne prolifèrent que si l'on ajoute au milieu le composé intermédiaire qu'elles ne savent plus fabriquer du fait d'une

protéine enzymatique non fonctionnelle. Cette expérience a montré le lien direct gène-enzyme, qui a ensuite été élargi au lien gène-protéine (car les enzymes sont des protéines).

Les travaux de Beadle et Tatum mènent à la conclusion que les gènes contrôlent la synthèse des enzymes et que chaque protéine (polypeptide) est codée par un gène.

b) L'anémie falciforme ou drépanocytose: (Voir document 3)

Document 3: L'anémie falciforme ou drépanocytose:

L'anémie falciforme est une maladie héréditaire qui est fortement répandue en Afrique et au moyen orient. Elle est caractérisée par des hématies (globules rouges) qui ont une forme de faucille ou d'un croissant (Figure 1).

Les hématies sont riches en hémoglobine qui est une protéine formée par la liaison de quatre chaînes de polypeptides: deux chaînes α de 141 acides aminés et deux chaînes β de 14 acides aminés.

Les globules rouges saines sont capables de se déplacer dans tous les vaisseaux sanguins grâce à leur souplesse due à la présence de l'hémoglobine A (HbA) (Figure 2).

Les globules rouges anormales présentent une hémoglobine S (HbS), moins soluble, se précipite sous forme d'aiguilles, d'où la déformation des hématies qui perdent leur souplesse et provoquent l'obturation des capillaires sanguins fins (Figure 3).

Figure 1 : observation microscopique des hématies chez une personne malade

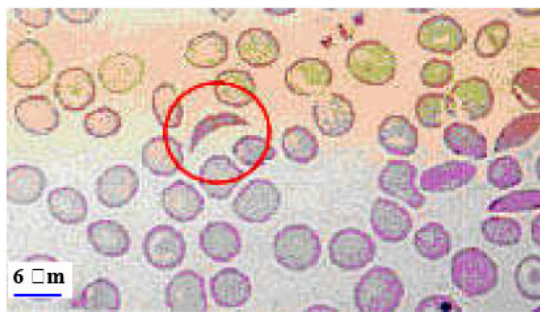


Figure 2

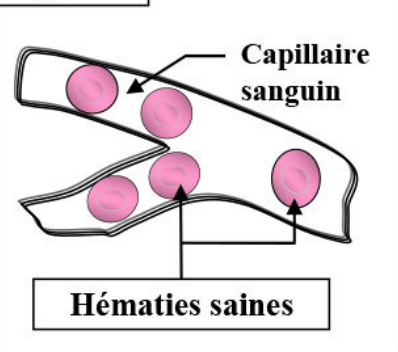
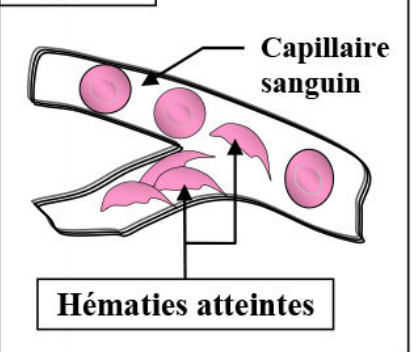


Figure 3



La figure 4 présente la séquence de nucléotides et d'acides aminés pour HbA et HbS.

- 1) Comparer les séquences des acides aminés et les séquences nucléotidiques d'ADN, chez les personnes normales, et les personnes atteintes par l'anémie falciforme.
- 2) En exploitant les données de ce document, expliquez l'origine de l'anémie falciforme.
- 3) Déduisez la relation gène-protéine / protéine-caractère

Figure 4

<p>Début de la chaîne β</p> <p>Chaîne β</p>	<p>GTGCACCTTACTCCAGAGGAG</p> <p>↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓</p> <p>CACGTGGAATGAGGTCTCCTC</p>	<p>} Portion de l'allèle responsable de l'hémoglobine HbA</p>
	<p>val his leu thr pro glu glu</p> <p>1 2 3 4 5 6 7</p>	<p>} Portion de la séquence des acides aminés de l'hémoglobine HbA</p>
<p>GTGCACCTTACTCCAGTGGAG</p> <p>↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓</p> <p>CACGTGGAATGAGGTACCTC</p>		<p>} Portion de l'allèle responsable de l'hémoglobine HbS</p>
<p>val his leu thr pro val glu</p> <p>1 2 3 4 5 6 7</p>		<p>} Portion de la séquence des acides aminés de l'hémoglobine HbS</p>

- 1) La comparaison des acides aminés des protéines HbA et HbS, montre une seule différence au niveau de l'acide aminé n° 6: acide glutamique dans HbA et valine dans HbS.

Les deux allèles diffèrent par un seul nucléotide: le deuxième nucléotide du triplet n° 6, T dans l'allèle HbA et A dans l'allèle HbS.

- 2) L'analyse la succession nucléotidique des deux portions d'allèles responsables de l'hémoglobine des hématies, montre que l'allèle HbS est donc le résultat d'une mutation de substitution de T de l'allèle sauvage HbA par A dans l'allèle muté HbS. Cette mutation provoque un changement de la protéine hémoglobine et par suite un changement de la forme de l'hématie.

- 3) La forme de l'hématie est un caractère héréditaire, déterminé par une protéine: l'hémoglobine codée par un allèle.

L'allèle sauvage produit une protéine normale qui donne à l'hématie sa forme ronde alors que l'allèle muté produit une protéine anormale qui donne à l'hématie sa forme de faucille.

On déduit donc la relation gène- protéine et protéine-caractère.

c) Conclusion:

A chaque caractère correspond une partie d'ADN appelée gène, qui supporte l'information génétique. L'ordre des nucléotides d'une séquence d'un gène détermine la séquence d'acides aminés dans la protéine.

Toute modification d'un nucléotide, au moins, de la séquence des nucléotides à la suite d'une mutation entraîne la modification de la protéine synthétisée ou de sa fonction, et, par conséquent, la modification du caractère héréditaire correspondant. Donc chaque caractère héréditaire est une expression d'un gène.

Le génotype est la composition allélique de tous les gènes d'un individu.

Le phénotype est l'ensemble des traits observables d'un individu.

II – Mécanisme de l'expression de l'information génétique:

L'ordre des nucléotides de la molécule d'ADN, détermine l'ordre et la nature des acides aminés des protéines synthétisées.

- Où se déroule donc la synthèse des protéines?
- Comment se fait la traduction de la séquence des nucléotides en séquence d'acides aminés ?

① Détermination du lieu de la synthèse des protéines:

a) Données expérimentales: (Voir document 4)

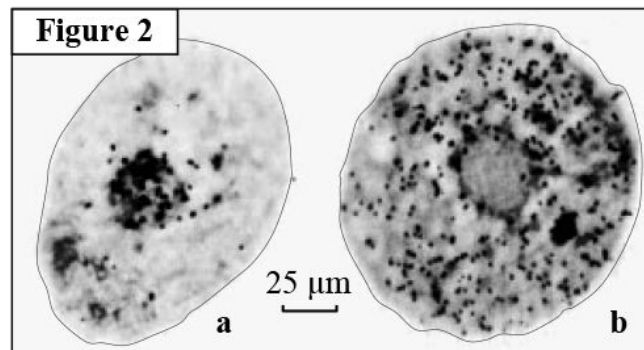
Document 4: Mise en évidence du lieu de synthèse des protéines.

⇒ Les cellules renferment une molécule qui ressemble chimiquement à la molécule d'ADN, appelée acide ribonucléique (ARN). On peut mettre en évidence les lieux de présence de ces deux molécules dans la cellule, en utilisant un mélange de deux colorants: Le vert de méthyle qui colore l'ADN en vert et la pyronine qui colore l'ARN, en rouge (Voir figure 1).



Document 4 (Suite): Mise en évidence du lieu de synthèse des protéines.

⇒ Des cellules animales sont cultivées sur un milieu contenant un acide aminé marqué (l'uracile radioactif). L'uracile diffuse à travers la membrane cytoplasmique, le cytoplasme et le noyau deviennent radioactifs. Le noyau radioactif est greffé dans un cytoplasme d'amibe sans noyau, quelques minutes avant la mise en culture sur un milieu neutre. On réalise ensuite une autoradiographie de la préparation, après 5 min (figure 2, a), et après 15 min (figure 2, b).



A partir de l'exploitation de ces données expérimentales :

- 1) Identifier la localisation de l'ARN dans la cellule.
- 2) Formuler une hypothèse à propos du rôle de l'ARN dans la synthèse des protéines.

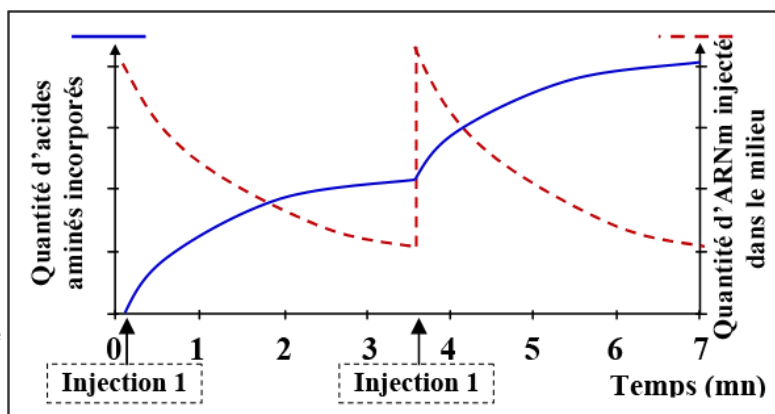
b) Exploitation des résultats:

- 1) La figure 1 : On constate l'apparition de la coloration verte dans le noyau, alors que la coloration rose apparaît dans le cytoplasme.
L'ADN est donc localisé dans le noyau, alors que l'ARN est présent dans le cytoplasme.
La figure 2 : L'uracile radioactif (Précurseur de l'ARN) est d'abord incorporé à des molécules d'ARN dans le noyau (figure a), puis cette molécule d'ARN radioactive, migre vers le cytoplasme (figure b).
- 2) Ces constats suggèrent que les molécules d'ARN servent d'intermédiaire entre l'ADN du noyau et les polypeptides synthétisés dans le cytoplasme.
L'ARN est le «messenger» entre le noyau et le cytoplasme, il est nommé ARN messager ou ARNm.

c) Expérience pour confirmer l'hypothèse précédente: (Voir document 5)

Document 5: Synthèse des protéines in vitro.

Un système de synthèse de protéines peut être réalisé in vitro à partir d'extrait bactériens. Le milieu utilisé contient tout les éléments cytoplasmiques bactériens, des acides aminés, mais pas d'ADN. On étudie la quantité d'acides aminés incorporés dans des protéines au cours du temps, après ajout d'ARNm dans le milieu. Le graphe ci-contre présente les résultats de cette expérience.



Que peut-on déduire de l'analyse de ces résultats ?

On constate qu'après chaque injection d'ARNm, la quantité d'acides aminés incorporés dans les protéines augmente, avec une diminution de la quantité d'ARNm.
On déduit de ces résultats qu'il existe une relation directe entre la synthèse des protéines et la présence d'ARNm, c'est-à-dire que l'ARNm est en fait le médiateur entre le matériel génétique au niveau du noyau et la synthèse protéique au niveau du cytoplasme.

② Structure de la molécule d'ARN: (Voir document 6)

Document 6: Structure de la molécule d'ARN.

Le schéma suivant présente la séquence de nucléotides de la partie du gène responsable de la synthèse de l'hémoglobine HbA (Normale) et la molécule d'ARNm correspondante.

GUGCACCUUACUCCAGAGGAG

U = Uracile = base azoté

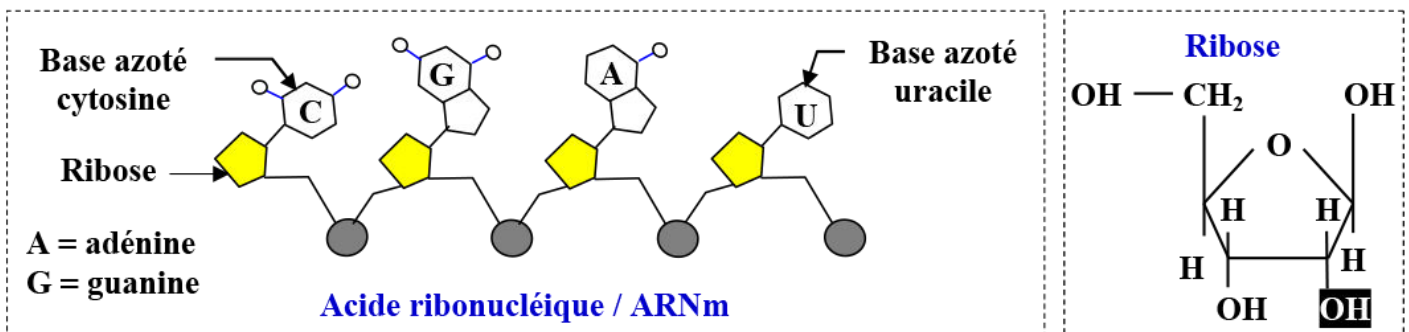
Portion de l'ARNm responsable de la
synthèse de HbA

GTGCACCTTACTCCAGAGGAG

CACGTGGAATGAGGTCTCCTC

Portion du gène responsable de la
synthèse de HbA

Le schéma ci-dessous, présente la structure de la molécule d'ADN :



En exploitant les données de ce document déduire la structure de l'ARN.

La molécule d'ARN est une molécule simple brin (Monocaténaire) à la différence de l'ADN qui est bicaténaire (double hélice). D'autre part, les molécules d'ARN sont très courtes, de masse moléculaire inférieure à celle de l'ADN.

L'ARN est très proche chimiquement de l'ADN, il est constitué de nucléotides. Chacun de ces nucléotides contient:

- ✓ Un acide phosphorique.
- ✓ Un pentose: le ribose ($C_5H_{10}O_5$), au lieu du désoxyribose.
- ✓ Une base azotée : Adénine (A) ou Cytosine (C) ou Guanine (G) ou Uracile (U).

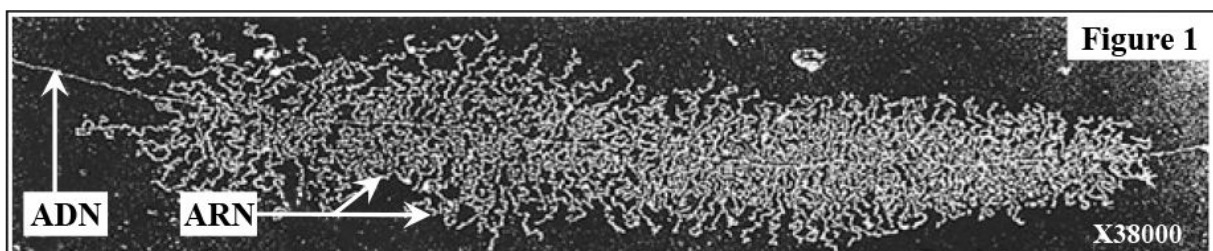
① Les étapes de l'expression de l'information génétique:

a) La transcription: synthèse de l'ARN (Voir document 7)

Document 7: La transcription de l'ARN.

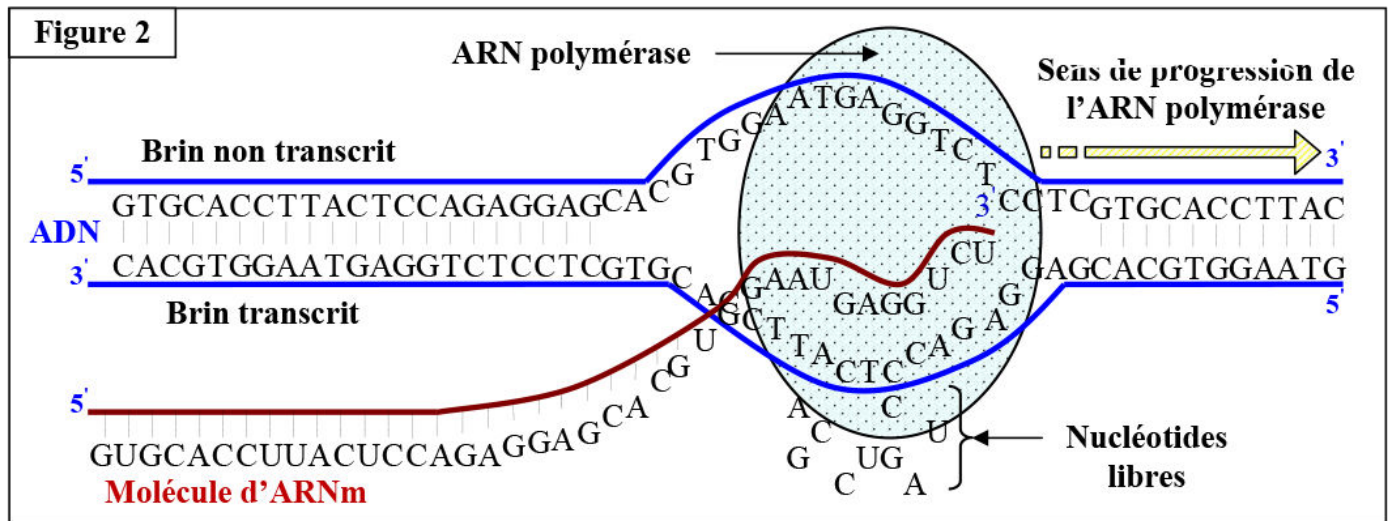
Les molécules d'ARN sont synthétisées dans le noyau et migrent ensuite dans le cytoplasme en traversant la membrane nucléaire. Ces molécules permettent l'expression du message génétique porté par l'ADN. C'est pour ça qu'on parle d'ARN messager ou ARNm.

La figure 1 présente une observation au microscope électronique montrant la relation entre l'ADN et l'ARNm.



Document 7 (Suite): La transcription de l'ARN.

La figure 2 représente un schéma d'interprétation du phénomène de la transcription de la molécule d'ARN.



- 1) Décrie la structure observée sur la figure 1.
- 2) En se basant sur les données de la figure 2, décrire le déroulement des étapes de la transcription.

- 1) La figure 1 montre une structure dit en «arbre de Noël». Le «tronc» de l'arbre est constitué de l'ADN et les «branches» sont des molécules d'ARN en cours de synthèse. Celles-ci sont plus courtes vers le début de la région transcrite et plus longues vers la fin.
- 2) L'ARNm est formé à partir d'un unique brin d'ADN d'un gène. Ce brin d'ADN porte le nom de brin transcrit (ou brin matrice).
La transcription de l'ARN se fait dans le noyau sous l'action d'une enzyme appelé l'ARN polymérase. Elle se déroule selon les étapes suivantes :

- ✓ **L'initiation** : Sur l'ADN, chaque gène est précédé d'une séquence, qui indique à la fois le brin à transcrire et le début de la zone à transcrire. Celui-ci permet également la fixation de l'ARN polymérase.
Une fois fixé sur l'ADN, L'ARN polymérase provoque localement l'ouverture de la double hélice d'ADN.
- ✓ **L'élongation**: L'ARN polymérase progresse le long de l'ADN suivant le sens 3'→5', et en respectant la complémentarité des bases azotées, il associe à chaque désoxyribonucléotide un ribonucléotide complémentaire (A à T, C à G, G à C et U à A). L'ARN obtenu est donc complémentaire du brin transcrit et identique, aux uraciles et riboses près, au brin non transcrit.
- ✓ **La terminaison**: Quand l'ARN polymérase rencontre sur l'ADN un site de terminaison il y a la libération de l'ARN qui pourra quitter le noyau en empruntant les pores nucléaires.

b) La traduction: synthèse des protéines

⇒ **Notion de code génétique** : (Voir document 8)

Document 7: La traduction (Synthèse des protéines).

Le code génétique définit la correspondance entre la séquence nucléotidique de l'ARNm et la séquence en acides aminés de la protéine.

- 1) L'ARNm est un message écrit par 4 lettres: U, A, C et G, alors que les protéines se composent de 20 acides aminés différents. Comment se fait la concordance entre les deux expressions?

Les protéines peuvent être synthétisées *in vitro*, en présence d'enzymes spécifiques; d'une source d'énergie; des acides aminés; des ribosomes et de l'ARN.

En 1961, Nirenberg et Matthaei ont pu isoler une enzyme capable de polymériser les nucléotides et de synthétiser une molécule qui ressemble à la molécule d'ARNm.

La séquence nucléotidique de l'ARNm synthétisée est déterminée par l'expérimentateur. Par exemple une séquence constituée de nucléotides ne contenant que la base uracile, c'est un ARNm «poly U».

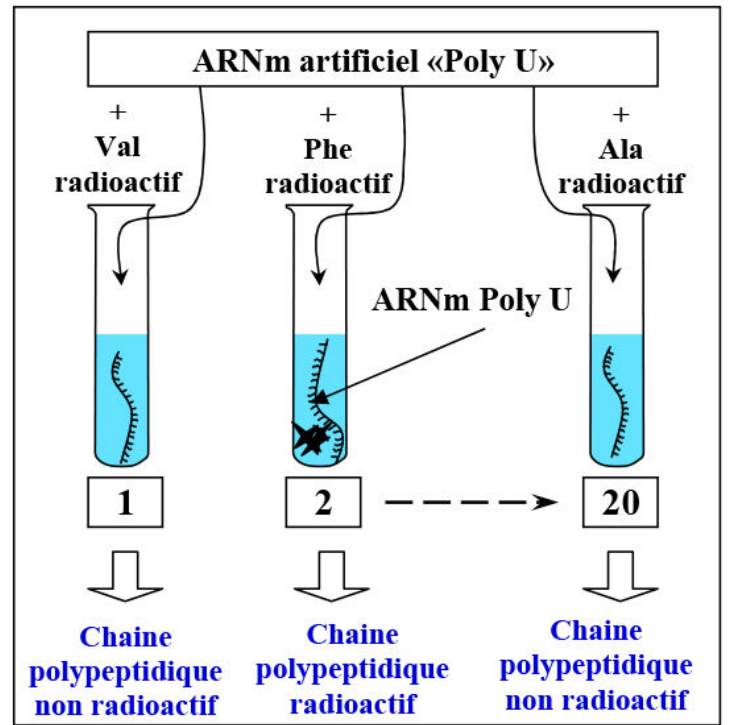
Dans 20 tubes à essai, sous 37 °C, on place l'ARN «poly U» synthétisée, puis on ajoute 20 acides aminés par tube. Chaque tube est caractérisé par le fait qu'un acide aminé est marqué avec du carbone radioactif ^{14}C (Figure ci-contre).

A la fin de l'expérience, un seul tube parmi les 20, présente un polypeptide radioactif, c'est le tube caractérisé par la présence de l'acide aminé phénylalanine radioactif.

Si on utilise un ARNm Poly C, on obtient une séquence de proline (Pro).

Si on utilise un ARNm Poly GU, on obtient une séquence de deux acides aminés: valine (Val) et cystéine (Cys).

- 2) Que peut-on déduire de l'analyse ces résultats expérimentaux?



- 1) La combinaison des 4 bases (A, U, C et G) va permettre de "coder" pour les 20 acides aminés:

- ✓ Si on fait correspondre à chaque acide aminé, un nucléotide (A, U, C ou G), seulement 4 acides aminés vont être signifiés (codé).
- ✓ Si on fait correspondre à chaque acide aminé, 2 nucléotides (A, U, C ou G), seulement 4^2 c'est-à-dire 16 acides aminés vont être signifiés (codé).
- ✓ Donc il faut qu'un acide aminé soit signifié par un groupe de 3 bases azotées dans l'ARNm; ce groupe de 3 bases, est appelé "codon". Comme il y a 4 bases, il y a 4^3 combinaisons différentes (64 codons).

- 2) D'après les résultats de ces expériences :

- ✓ L'ARNm poly U, est une suite de nucléotides UUUUUU..., qui met en place un acide aminé précis: la phénylalanine. Donc le triplet UUU code pour la phénylalanine.
- ✓ L'ARNm poly C, est une suite de nucléotides CCCCCC..., qui met en place un acide aminé précis: la proline. Donc le triplet CCC code pour la proline
- ✓ L'ARNm poly GU, est une suite de nucléotides GUGUGU..., qui met en place l'acide aminé valine et l'acide aminé cystéine. Donc le triplet GUG code pour la valine et le triplet UGU code pour la cystéine.

On déduit que chaque triplet de nucléotide de l'ARNm code pour un acide aminé déterminé, ce triplet est appelé codon.

On peut former $4^3 = 64$ triplets différents. Sur ces 64 triplets possibles, 61 codent pour les 20 acides aminés.

La plupart des acides aminés sont codés par plusieurs triplets de nucléotides (que l'on nomme codons synonymes).

3 triplets UAA, UAG et UGA sont non sens et représente stop la fin du message.

La détermination des acides aminés correspondants à chaque triplet a permis la réalisation du code génétique (Voir document 8):

Document 8: Le code génétique (Signification des codons de l'ARNm).

		Deuxième lettre										
		U		C		A		G				
Première lettre	U	UUU	Phénylalanine (Phe)	UCU	Serine (Ser)	UAU	Tyrosine (Tyr)	UGU	Cystéine (Cys)	U		
		UUC		UCC			UAC		UGC	C		
		UUA	Leucine (Leu)	UCA		Non sens Stop	UAA	Non sens Stop	UGA	Non sens - Stop	A	
		UUG		UCG			UAG		UGG	Tryptophane (Trp)	G	
	C	CUU	Leucine (Leu)	CCU	Proline (Pro)		CAU		Histidine (His)	CGU	Arginine (Arg)	U
		CUC		CCC			CAC		CGC	C		
		CUA		CCA		CAA	CGA	A				
		CUG		CCG		CAG	CGG	G				
	A	AUU	Isoleucine (Ile)	ACU	Thréonine (Thr)	AAU	Asparagine (Asn)	AGU	Serine (Ser)	U		
		AUC		ACC		AAC	AGC	C				
		AUA		ACA		AAA	AGA	A				
		AUG	Méthionine (Met)	ACG		AAG	Lysine (Lys)	AGG	Arginine (Arg)	G		
	G	GUU	Valine (Val)	GCU	Alanine (Ala)	GAU	Acide aspartique (Asp)	GGU	Glycine (Gly)	U		
		GUC		GCC		GAC	GGC	C				
		GUA		GCA		GAA	GGA	A				
		GUG		GCG		GAG	GGG	G				
		Troisième lettre										

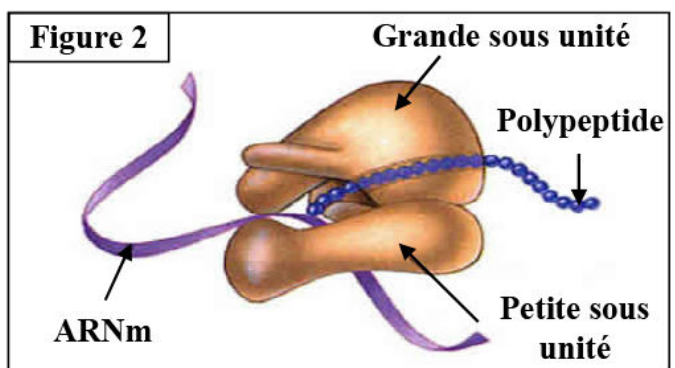
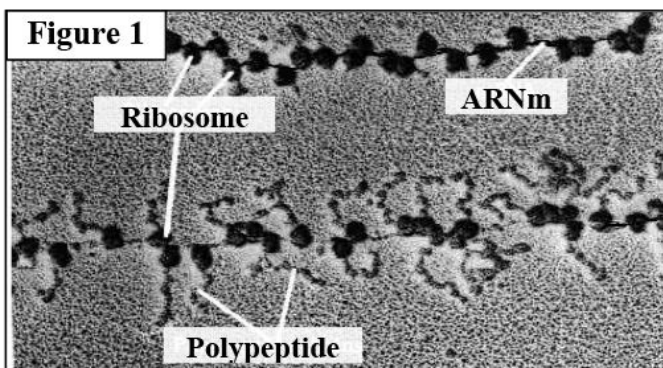
⇒ Les éléments nécessaires à la traduction: (Voir document 9)

Document 9: Les éléments nécessaires à la traduction.

La traduction de l'information génétique transcrite sur un ARNm se fait dans le cytoplasme, par une collaboration entre les ribosomes et un type d'ARN appelé ARN de transfert ou ARNt.

- ★ La figure 1: Electronographie montrant des ribosomes attachés au filament d'ARNm, formant des polysomes.
- ★ La figure 2: Schéma montrant la structure d'un ribosome.
- ★ La figure 3: Schéma simplifié de la molécule d'ARN de transfert ou ARNt.

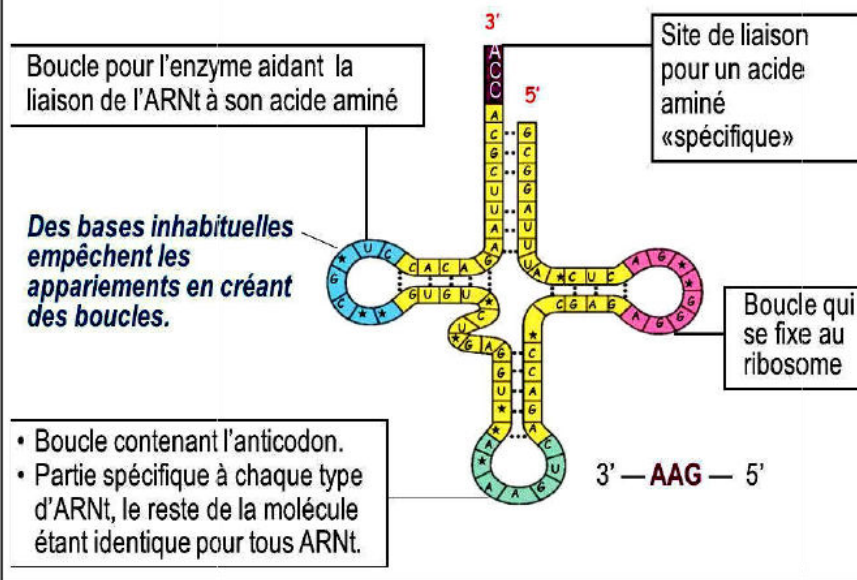
En exploitant les données de ce document, décrire les éléments nécessaires à la synthèse des protéines.



Document 9 (Suite): Les éléments nécessaires à la traduction.

Figure 3

→ La molécule possède trois boucles jouant chacune un rôle.
En écrasant l'ARNt, la molécule prend la forme d'un trèfle. Les trois feuilles du trèfle (trois boucles) jouent des rôles importants.



En plus de l'ARN messager (ARNm), La traduction nécessite la collaboration entre les ribosomes, un type d'ARN appelé ARN de transfert ou ARNt, des acides aminés, le Mg^{2+} , le GTP et l'ATP. (Voir document 9)

★ Les ribosomes:

Le ribosome est un organe cytoplasmique globulaire formé de 2 sous unités : une grande et une petite. Le ribosome est formé de protéines et d'ARN ribosomique (ARNr) qui lui permet la reconnaissance de l'ARNm.

Le rôle du ribosome est de construire la liaison peptidique entre les acides aminés correspondants à la succession des codons de l'ARNm pendant la traduction.

★ L'ARN de transfert (ARNt)

L'ARNt est une molécule simple brin d'ARN «monocaténaire», long de 70 à 100 nucléotides, et qui se replie sur lui-même pour former une structure en 3D.

L'ARNt permet la correspondance entre les codons de l'ARNm et les acides aminés. Pour cela, il présente deux zones importantes:

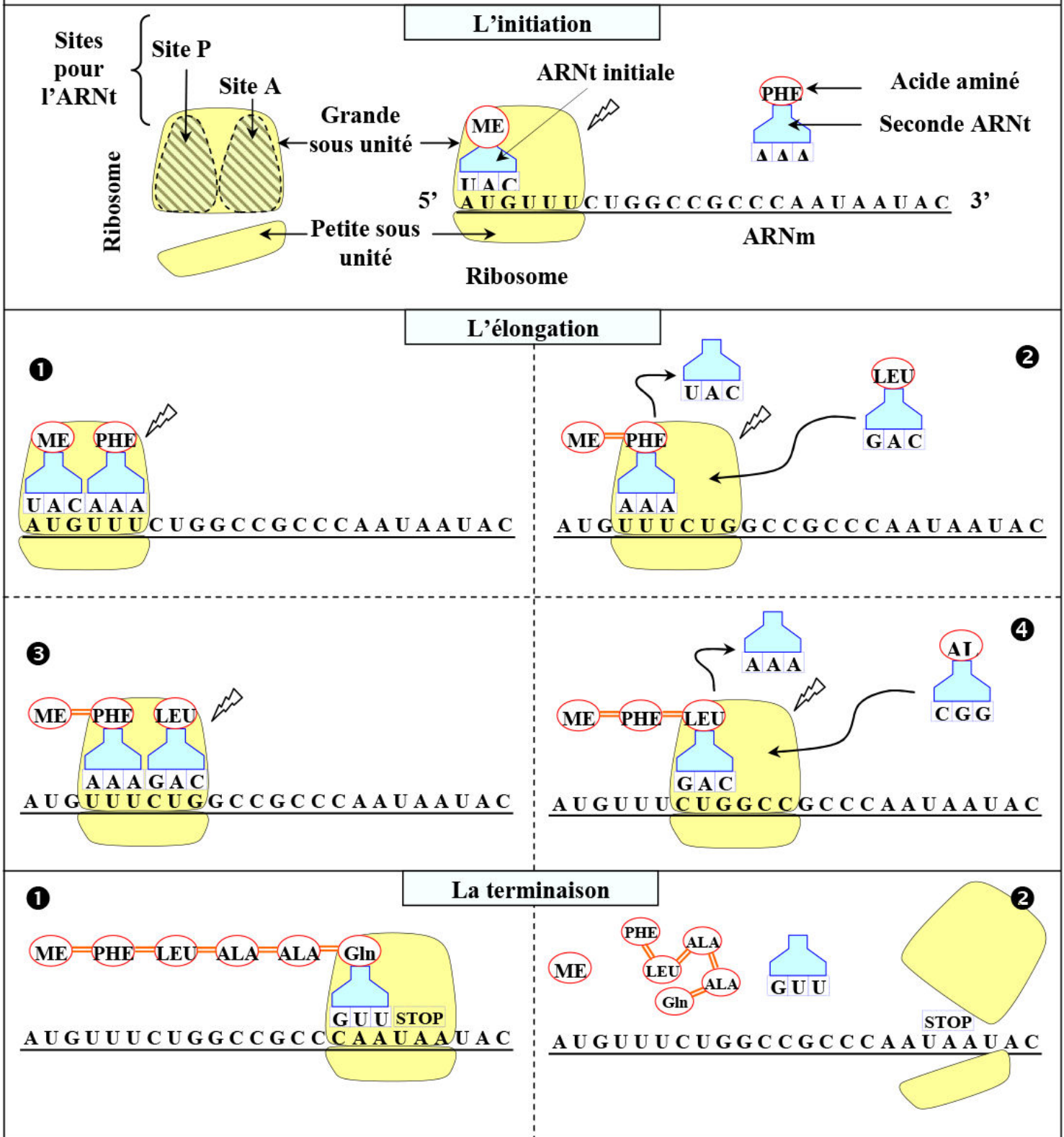
- ✓ Un site de fixation de l'acide aminé, c'est l'extrémité 3', non appariée.
- ✓ Un site qui permet la reconnaissance du codon correspondant à l'acide aminé porté. Ce site est formé de trois nucléotides complémentaires au codon de l'ARNm, on parle d'anticodon.

⇒ **Les étapes de la traduction:** (Voir document 10)

Document 10: Les étapes e la traduction (Synthèse des protéines).

La traduction débute au codon d'initiation et s'arrête au codon stop. Les ribosomes parcourent l'ARNm depuis le codon d'initiation jusqu'au codon stop assurant ainsi la mise en place séquentielle des acides aminés.

La traduction se déroule selon les étapes présentées par la figure ci-dessous. Décrire ces étapes.



Les ribosomes sont les ateliers de la synthèse des protéines. Ils permettent de décoder de façon ordonnée la séquence d'ARNm en acides aminés. Ils lisent l'ARNm dans un seul sens (de façon unidirectionnelle).

La traduction se déroule en 3 étapes:

★ **L'initiation:**

La synthèse des protéines débute toujours par l'incorporation du même acide aminé : Méthionine, codé par un codon initiateur AUG à l'extrémité 5'.

L'ARNt initiateur portant la méthionine se lie à la petite sous unité du ribosome, indiquant ainsi le début du message.

La grande sous unité s'installe ensuite. Ainsi le ribosome devient fonctionnel.

★ **L'élongation:**

Fixation d'un nouveau ARNt portant un autre acide aminé, sur le site A.

Quand les deux acides aminés sont côte à côte sur les sites P et A, le ribosome entraîne la fabrication d'une liaison peptidique.

La liaison entre la méthionine et l'ARNt initiateur se casse, ce dernier quitte le ribosome laissant le site P vide.

Le ribosome se décale de la longueur d'un codon sur l'ARNm vers l'extrémité 3'. Ce qui permet au deuxième ARNt de porter le deuxième acide aminé sur le site P, alors le site A devient vide pour être occupé de nouveau par un troisième ARNt portant un troisième acide aminé, d'où l'intégration à chaque pas d'un acide aminé dans la chaîne peptidique.

★ **La terminaison:**

Il y a arrêt de la synthèse quand le ribosome lit un codon stop (ou non sens) : UAA; UAG; UGA.

Car aucun ARNt ne contient l'anticodon correspondant à l'un de ces trois codons. La protéine se libère et les deux sous unités du ribosome se détachent de l'ARNm.



PASSION DE L'ENSEIGNEMENT
شغف التعليم

الأسّاذ : PROFESSEUR :

 **PROF EZZAHAR WALID** **الأسّاذ وليد الزهار**

ENSEIGNANT DES SVT - QUALIFIANT