




## Le déchiffrement progressif du code génétique.


- Lancez le logiciel **Anagène**. Ouvrez le fichier d'ADN de synthèse nommé « **polynucleo.edi** ».
- Convertissez la séquence **polyA** en **ARNm** et en **protéine** :

Sélectionnez la ligne de votre **ADN** dans la fenêtre d'affichage, cliquez ensuite sur « **traiter** » et « **convertir les séquences** » ou sur l'icône . Choisissez les cases « **ARN messenger** », « **peptidique** » et « **traduction simple** ».





- Notez la longueur de la séquence d'ARNm et celle du polypeptide qui résulte de la traduction du message génétique à l'aide de l'icône .

 **1. Que constatez-vous en termes de longueur de molécule ? Que peut-on en déduire concernant le mode de lecture des ARN par la cellule ?**

- Faites de même avec les séquences « **polyT** », « **polyG** », « **polyC** », « **polyAT** », « **polyATGC** ».

 **2. L'hypothèse énoncée précédemment est-elle vérifiée ? Il existe 4 types de nucléotides différents ; ceux-ci codent pour 20 acides aminés ; combien cela fait-il de combinaisons possibles dans l'hypothèse émise ? Quel problème cela pose-t-il ?**

- Pour répondre à ce problème, vous allez synthétiser 4 molécules d'ARNm particulières de trois nucléotides chacune : sélectionnez « **Fichier** » puis « **Créer...** » ; choisissez « **ARN** » et validez. Entrez comme séquence **GUU**. Refaites l'opération 3 fois avec les séquences suivantes : **GUC**, **GUA** et **GUG**. Refaites la même chose avec les séquences suivantes **AAU**, **AAC**, **AAA**, **AAG**.


A.R.N. 1		0 GUU
A.R.N. 2		0 GUC
A.R.N. 3		0 GUA
A.R.N. 4		0 GUG


- Sélectionnez les 8 séquences et convertissez les séquences en séquences protéiques ().

 **3. Que peut-on en déduire ?**

- Sélectionnez la séquence « **polyCTAG** ». Faites les mêmes opérations de transcription et de traduction que précédemment.

 **4. Quelle nouvelle conclusion apporte l'étude de la séquence « polyCTAG » ?**

- Il existe trois triplets de ce type (on appelle **codon** tout triplet de nucléotides) : ce sont les **codons-stop** (ou codons non-sens). Vous pouvez observer la totalité du code génétique en cliquant sur l'icône .

 **5. Envisagez la conséquence sur la synthèse d'une protéine d'une mutation entraînant l'apparition d'un codon ATC dans le brin transcrit de l'ADN codant pour cette protéine.**