

## Annexe n°1

### Document n°1 : Découverte historique de la relation ARNm/protéine.

\* En 1961, l'équipe de Francis Crick et Sydney Brenner cherche à identifier le nombre X de nucléotides (ou X est un entier) nécessaires pour coder un seul acide aminé. Cette séquence de X nucléotides est appelée un **codon**.

\* Ils utilisent des bactéries qu'ils infectent avec un virus ayant été soumis à un facteur mutagène dont la particularité est d'induire l'**addition ou le retrait de nucléotides de l'ADN viral**.



\* Crick et Brenner supposent que toute modification de l'ADN provoquera un décalage lors de la lecture de l'information génétique. Ce décalage se traduira par une modification de la séquence des acides aminés constituant les protéines produites par le virus. Toutefois, ils supposent aussi que l'ajout ou le retrait par le facteur mutagène d'un codon exactement ne modifiera que ponctuellement la séquence protéique, ce qui ne perturbera pas la fonction de la protéine. Ils suivent alors l'activité d'une protéine indispensable à l'infection des bactéries par le virus (voir tableau ci-contre).

Modification du nombre de nucléotides dans l'ADN viral	Séquence des acides aminés par rapport à la protéine virale de référence, impliquée dans l'infection
0	Identique
+ 1 ou - 1	Nombreux acides aminés différents
+ 2 ou - 2	Nombreux acides aminés différents
+ 3	Identique SAUF un acide aminé supplémentaire
- 3	Identique SAUF un acide aminé manquant

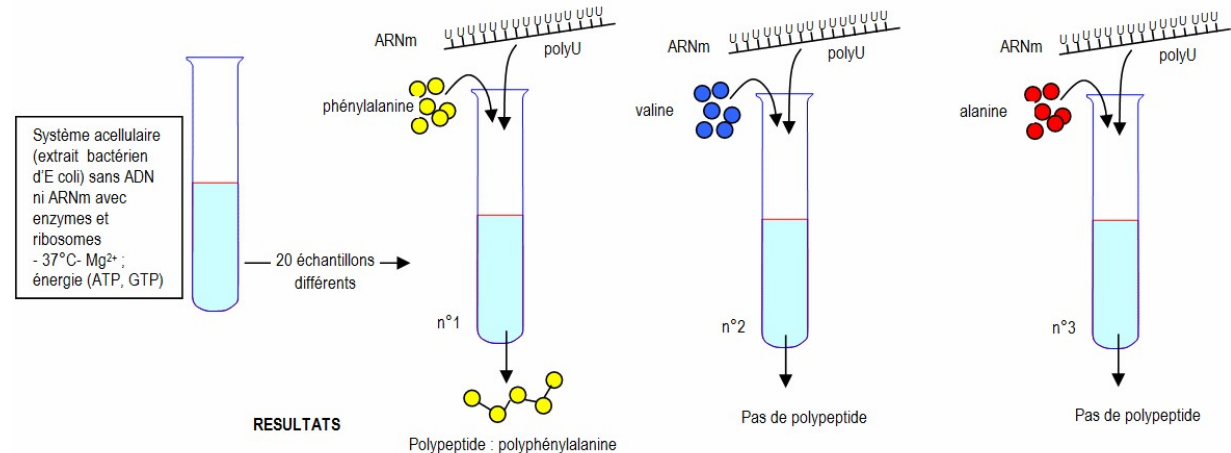
### Document n°2 : Découverte historique du code génétique

\* Au cours de la même année 1961, Nirenberg et Matthaei mettent au point un protocole permettant d'élucider le code génétique.

\* Ils préparent tout d'abord des extraits de cytoplasme dépourvus d'ARNm mais contenant les 20 acides aminés et tous les éléments nécessaires à la synthèse des protéines. Ils ajoutent ensuite à cette préparation des ARNm de synthèse dont la séquence est connue puis analysent la séquence des protéines obtenues.



\* En essayant plusieurs combinaisons de nucléotides, les scientifiques ont, en l'espace de deux ans, décrypté l'intégralité du code génétique. Ces travaux ont de plus confirmé ce qu'avait prévu l'équipe de Crick : **chaque acide aminé est codé par un triplet de nucléotides appelé codon** ; il en existe **64 différents**.



Autres expériences : avec

ARNm	polypeptide obtenu
polyA	polymère de lysine
polyC	polymère de proline