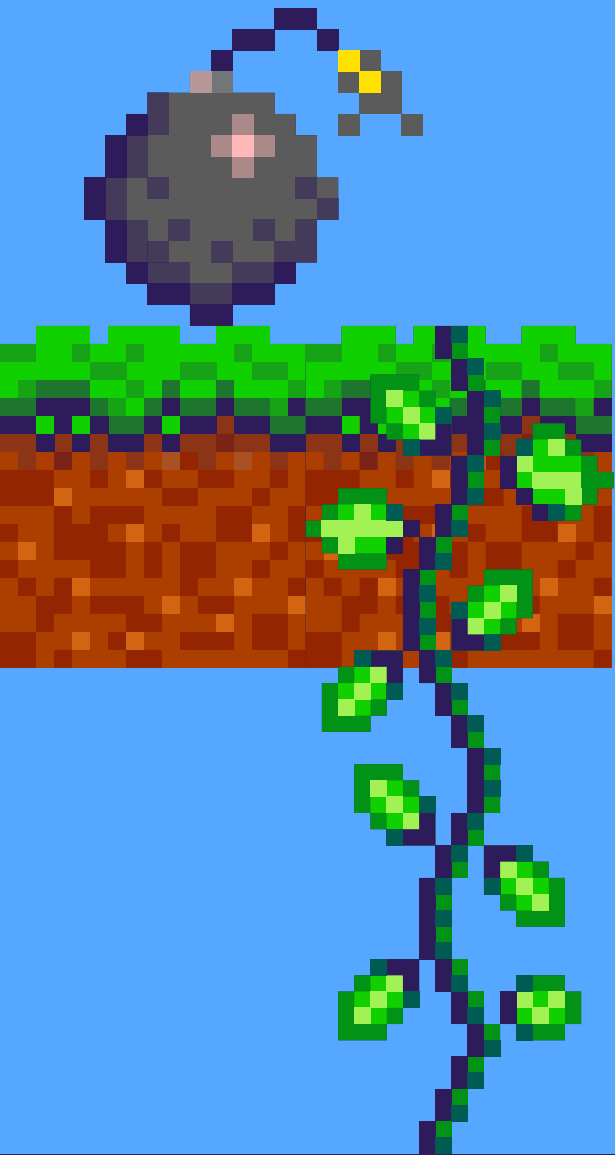


# TUT RENTRÉE MODULE 2

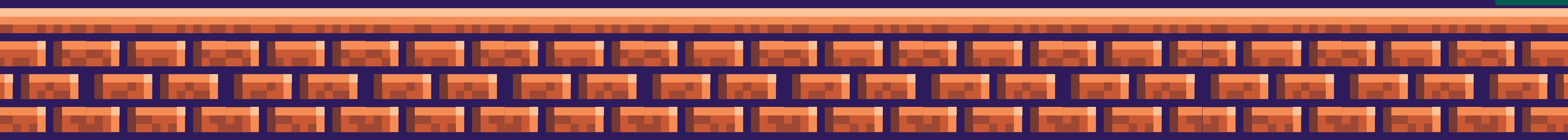
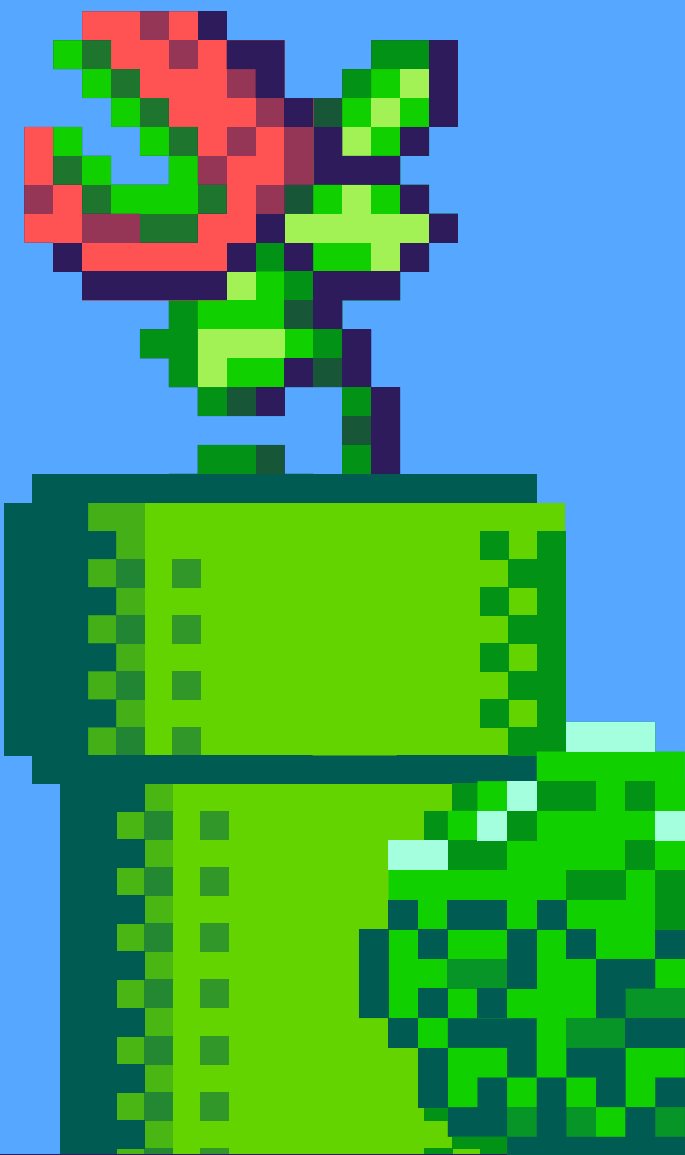
Maicrobiote

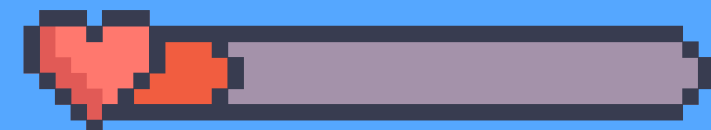
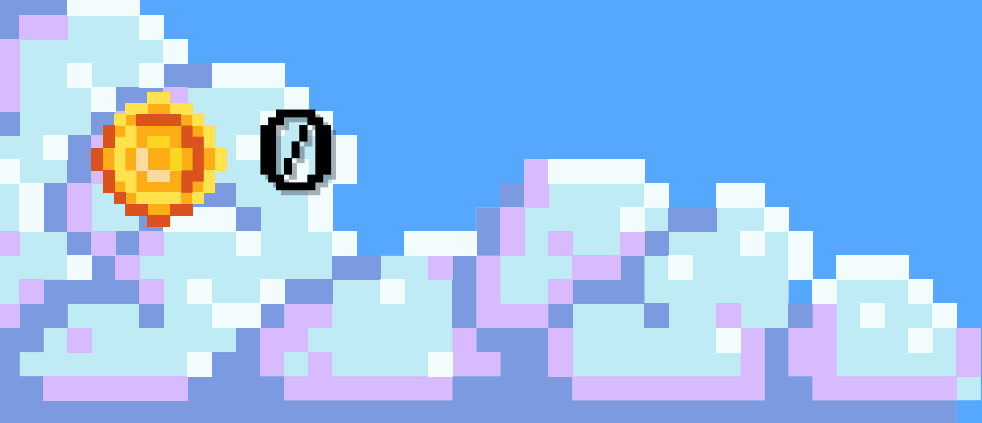


SIGN IN

START

MENU

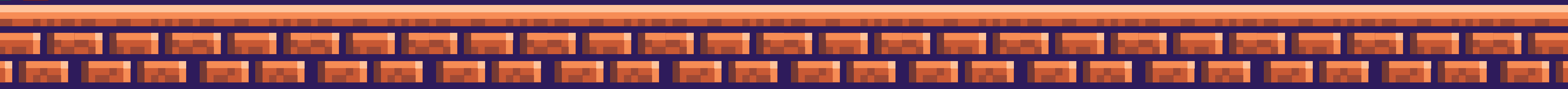
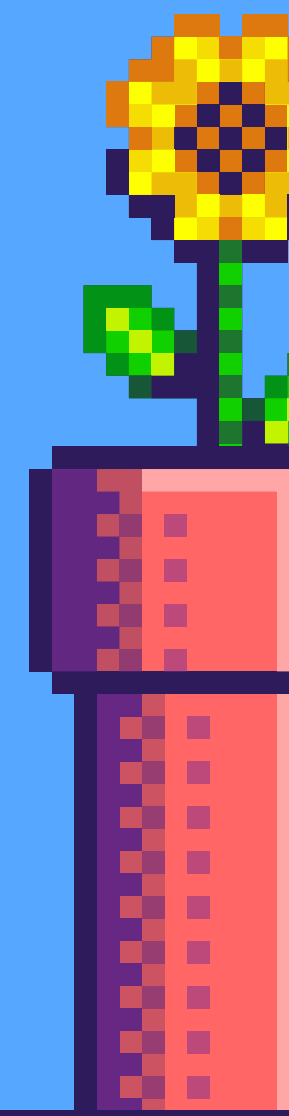
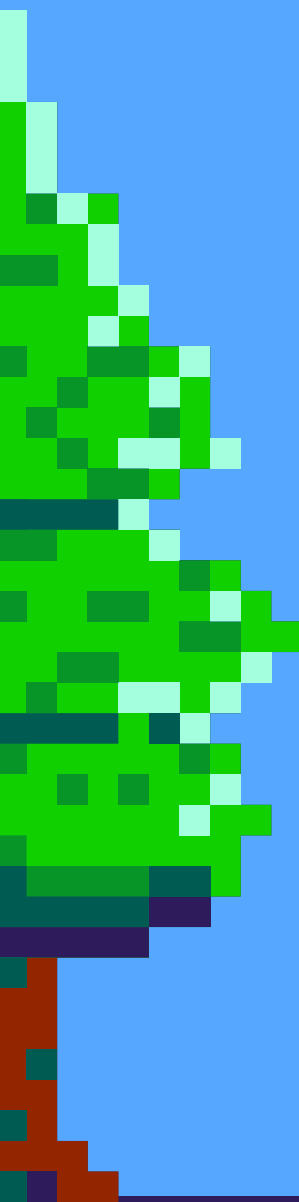


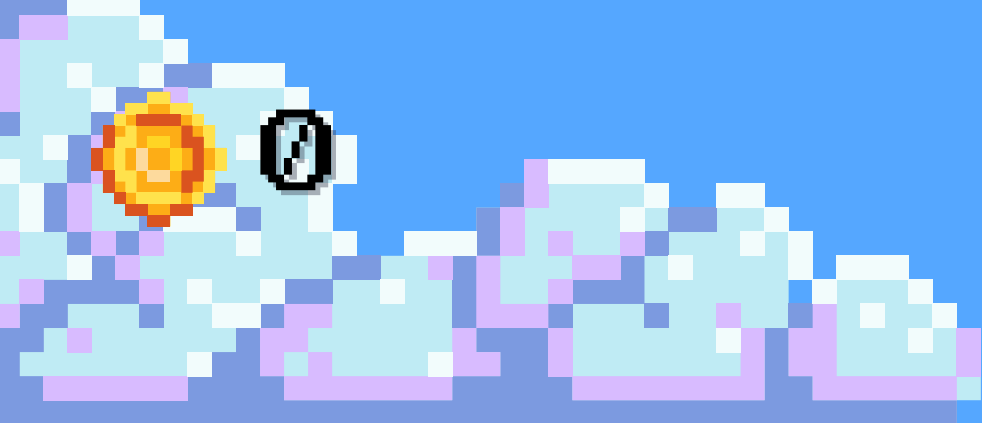


# SOMMAIRE :

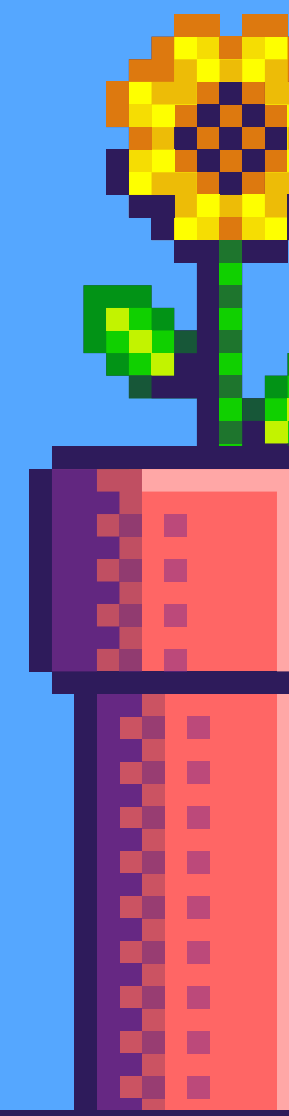
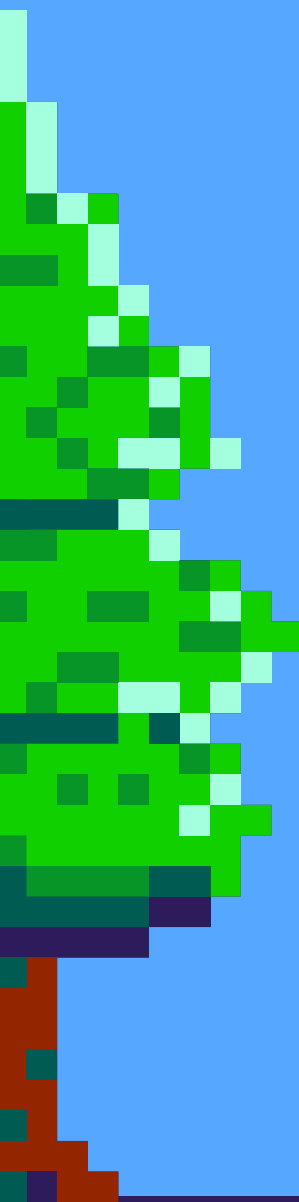
I. EXPRESSION DES GÈNES

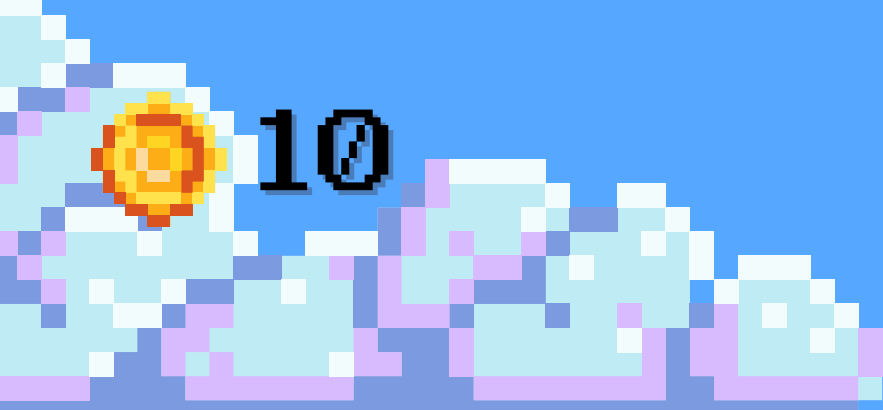
II. EXPRESSION DES GÈNES PROCARYOTES





# I. EXPRESSION DES GÈNES :

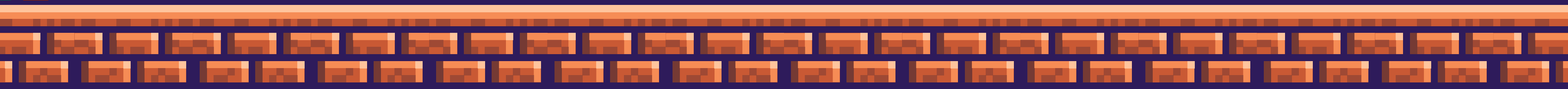
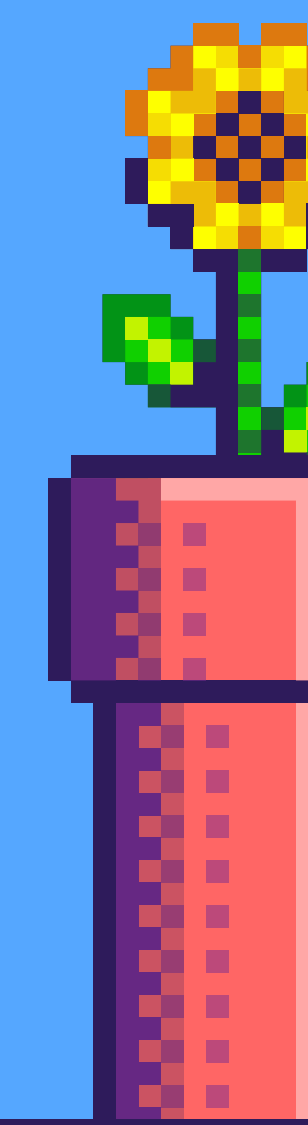


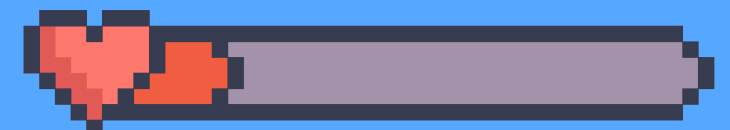
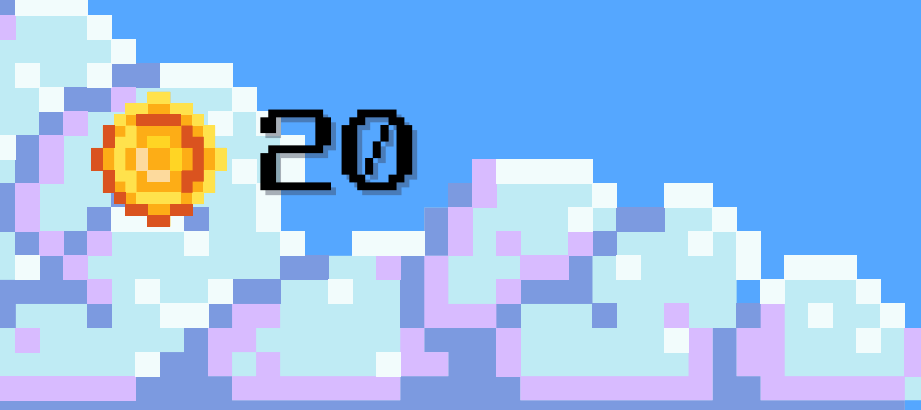


# GÉNÉRALITÉS :

Le matériel génétique ou **génom**e contient les gènes et un gène contient une **information**. C'est un enchaînement **linéaire** de nucléotides formant une séquence d'ADN délimitée par un **signal de début** qu'on appelle le signal "**Start**" et par un **signal de fin**, le signal "**Stop**".

| Gènes codants :  | Gènes non-codants :  |
|--|--|
| Servent à la synthèse de <b>protéines</b>                              | Servent uniquement à la <b>synthèse d'ARNs non codant</b> (comme les ARNs ribosomiaux, les ARNs de transfert, les petits ARNs nucléaires ou nucléolaires). |
| Expression en <b>DEUX</b> étapes : Ils seront transcrits puis traduits | Expression en <b>UNE</b> seule étape : Ils seront <b>UNIQUEMENT TRANSCRIS</b> (pas de traduction)  |

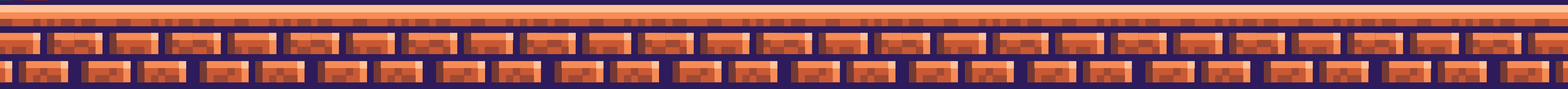
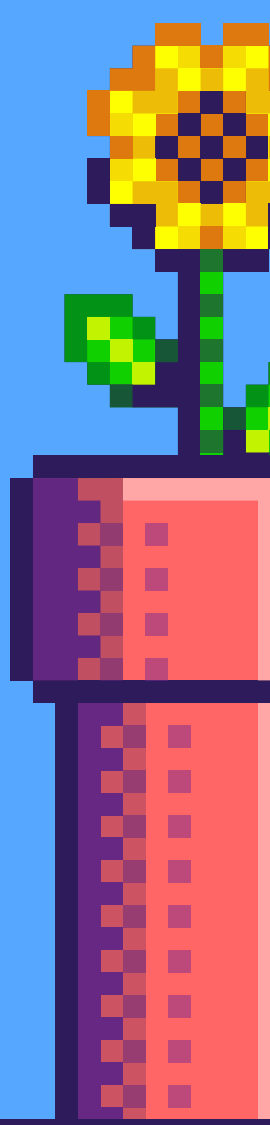
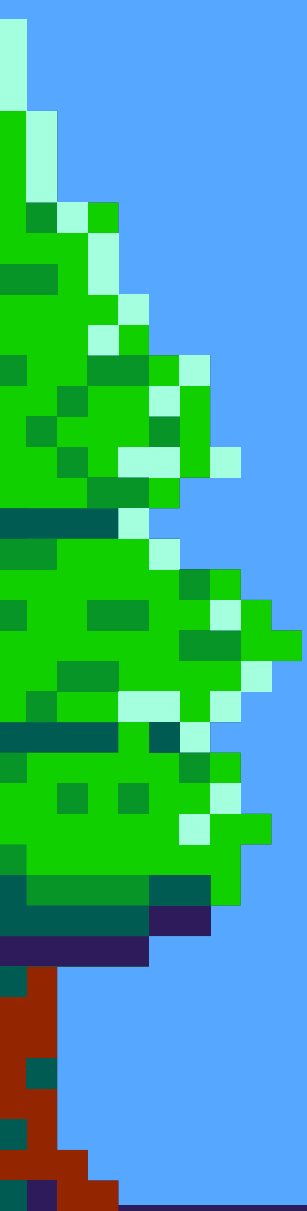




# LA TRANSCRIPTION :

L'expression d'un gène codant va débuter par sa **transcription**. Cette étape consiste simplement à retranscrire la séquence de **désoxyribonucléotides** du gène en une séquence de **ribonucléotides** qui sera retrouvée dans **l'ARN messenger**.

La transcription va être assurée par une **ARN polymérase**. Cette enzyme est capable de synthétiser de **l'ARN** à partir **d'ADN**.

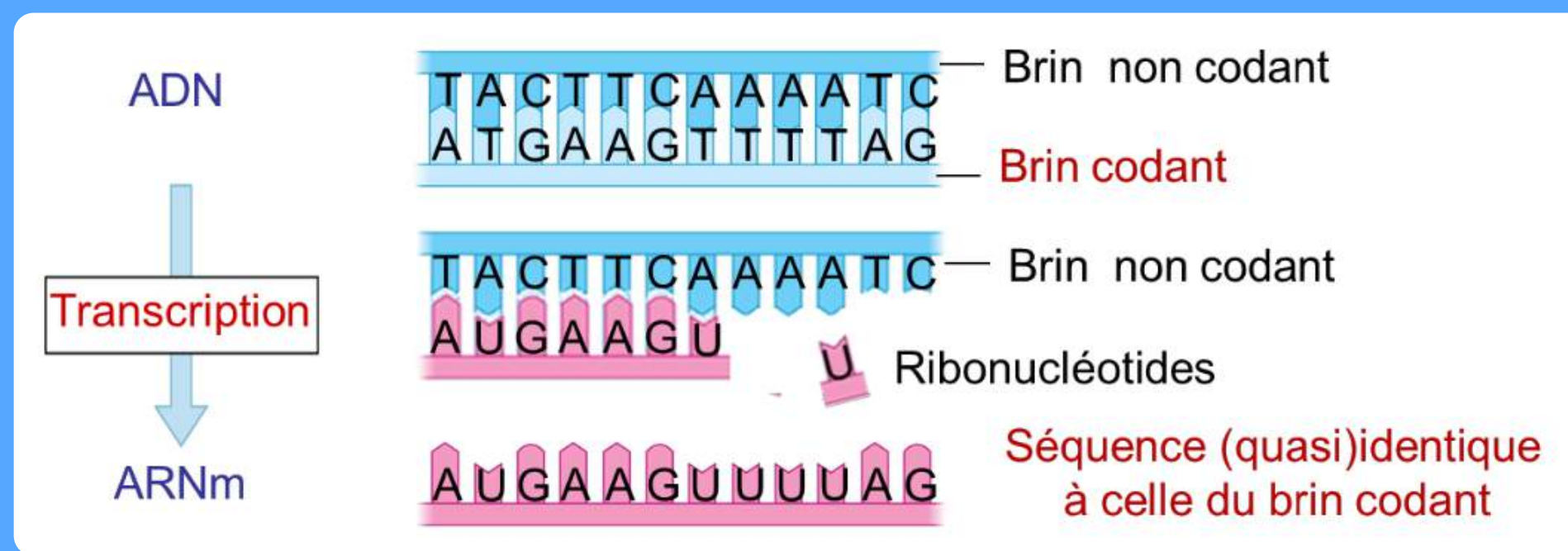


# LA TRANSCRIPTION :

La molécule d'ADN est constituée de **deux brins** :

**Le brin codant** : porte l'information devant être retranscrite dans l'ARN messenger

**Le brin non codant** : Ne contient PAS d'information. Mais la transcription repose sur lui car il va servir de matrice.

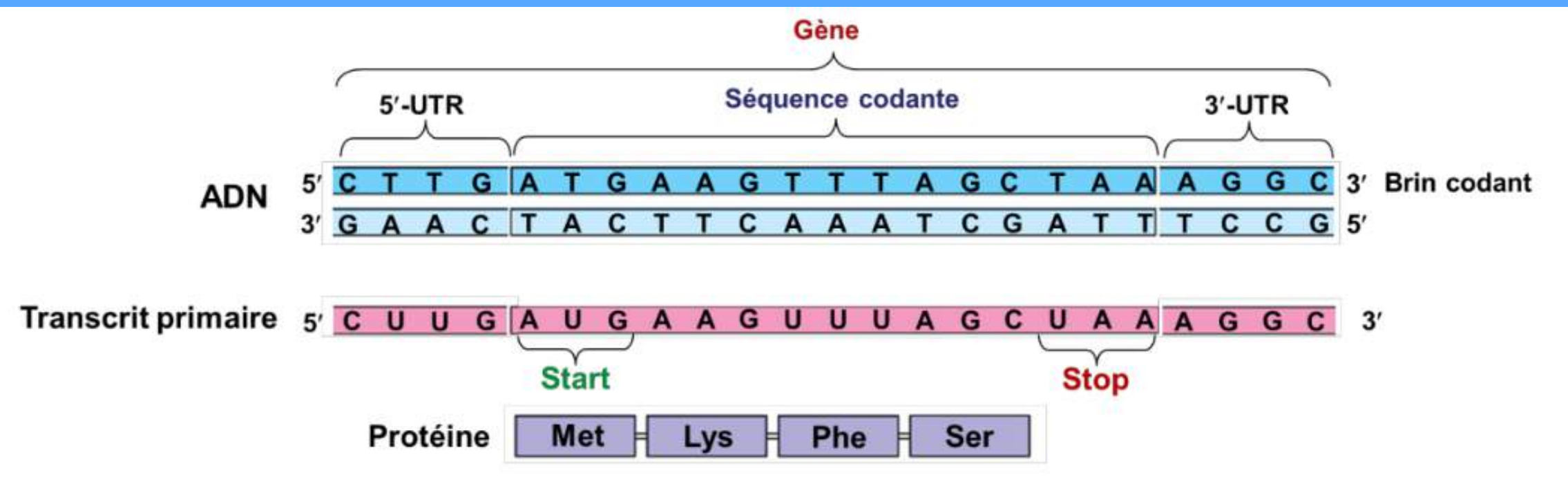


# LA TRANSCRIPTION :

Un gène contient également des séquences **non codantes**. Ces séquences encadrent en **5' et en 3'** la séquence codante du gène, mais elles ne seront **PAS traduites**. Ces régions sont appelées respectivement régions **5'-UTR** (Untranslated) et **3'-UTR**.

**L'ARN polymérase** va débiter la transcription en **amont** de la séquence codante du gène et l'achever en **aval**.

Le transcrit obtenu va être appelé **transcrit primaire** et sera utilisé tel quel chez les **procaryotes**, mais devra subir des étapes de **maturation chez les eucaryotes**.



# LA TRADUCTION :

L'expression d'un **gène codant** va s'achever par la **traduction** de l'ARN messenger. Cette étape consiste à en décoder le message pour former une **protéine**.

Dans cette étape de traduction, les **ribonucléotides** vont être **lus trois par trois**, chaque triplet de nucléotides formant un **codon**.

La traduction va ainsi débuter au niveau d'un codon qu'on appelle le **codon Start** pour s'achever au niveau d'un **codon Stop**.

C'est ensuite le **code génétique** qui va permettre d'indiquer à quel acide aminé correspond chaque codon de l'ARN messenger.



# LA TRADUCTION :

il existe  $4^3 = 64$  combinaisons de trois nucléotides pour former un **codon**.

il existe quatre possibilités de base, A, U (T), G ou C. Parmi ces 64 combinaisons, **quatre sont particulières**.

**Code génétique**

|                         |            | 2ème nucléotide du codon |     |          |          |          |     |
|-------------------------|------------|--------------------------|-----|----------|----------|----------|-----|
|                         |            | U                        | C   | A        | G        |          |     |
| 1er nucléotide du codon | U          | UUU                      | UCU | UAU      | UGU      | U        | C   |
|                         | UUC        | Phe                      | UCC | UAC      | Tyr      | UGC      | Cys |
|                         | UUA        |                          | UCA | Ser      | UAA Stop | UGA Stop | A   |
|                         | UUG        | Leu                      | UCG | UAG Stop | UGG      | Trp      | G   |
| C                       | CUU        |                          | CCU | CAU      | His      | CGU      | U   |
|                         | CUC        |                          | CCC | CAC      |          | CGC      | C   |
|                         | CUA        | Leu                      | CCA | Pro      | CAA      | Gln      | A   |
|                         | CUG        |                          | CCG | CAG      | Gln      | CGG      | G   |
| A                       | AUU        |                          | ACU | AAU      | Asn      | AGU      | U   |
|                         | AUC        | Ile                      | ACC | Thr      | AAC      | Asn      | A   |
|                         | AUA        |                          | ACA | Thr      | AAA      | Lys      | A   |
|                         | <b>AUG</b> | Met ou Start             | ACG | AAG      | Lys      | AGG      | Arg |
| G                       | GUU        |                          | GCU | GAU      | Asp      | GGU      | U   |
|                         | GUC        | Val                      | GCC | Ala      | GAC      | Asp      | C   |
|                         | GUA        |                          | GCA | Ala      | GAA      | Glu      | A   |
|                         | GUG        |                          | GCG | GAG      | Glu      | GGG      | G   |

3ème nucléotide du codon

ADN

↓ Transcription

ARNm

↓ Traduction

Protéine

# LA TRADUCTION :

## Code génétique

|                                     |                         | 2 <sup>ème</sup> nucléotide du codon |          |          |         | 3 <sup>ème</sup> nucléotide du codon |
|-------------------------------------|-------------------------|--------------------------------------|----------|----------|---------|--------------------------------------|
|                                     |                         | U                                    | C        | A        | G       |                                      |
| 1 <sup>er</sup> nucléotide du codon | U                       | UUU Phe                              | UCU Ser  | UAU Tyr  | UGU Cys | U                                    |
|                                     | UUC                     | UCC                                  | UAC      | UGC      | C       |                                      |
|                                     | UUA                     | UCA                                  | UAA Stop | UGA Stop | A       |                                      |
|                                     | UUG                     | UCG                                  | UAG Stop | UGG Trp  | G       |                                      |
| C                                   | CUU                     | CCU Pro                              | CAU His  | CGU Arg  | U       |                                      |
|                                     | CUC                     | CCC                                  | CAC      | CGC      | C       |                                      |
|                                     | CUA                     | CCA                                  | CAA      | CGA      | A       |                                      |
|                                     | CUG                     | CCG                                  | CAG      | CGG      | G       |                                      |
| A                                   | AUU                     | ACU Thr                              | AAU Asn  | AGU Ser  | U       |                                      |
|                                     | AUC                     | ACC                                  | AAC      | AGC      | C       |                                      |
|                                     | AUA                     | ACA                                  | AAA Lys  | AGA Arg  | A       |                                      |
|                                     | <b>AUG</b> Met ou Start | ACG                                  | AAG      | AGG      | G       |                                      |
| G                                   | GUU                     | GCU Ala                              | GAU Asp  | GGU Gly  | U       |                                      |
|                                     | GUC                     | GCC                                  | GAC      | GGC      | C       |                                      |
|                                     | GUA                     | GCA                                  | GAA Glu  | GGA      | A       |                                      |
|                                     | GUG                     | GCG                                  | GAG      | GGG      | G       |                                      |

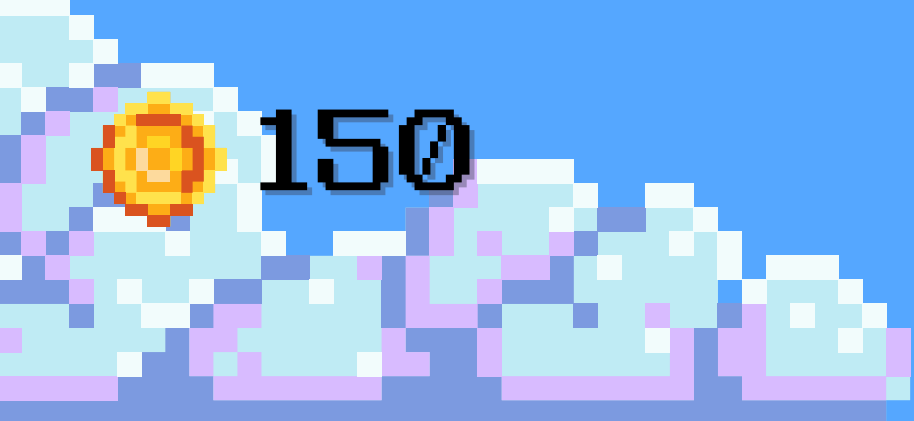
Le codon **AUG**, qui code pour la **méthionine** initie TOUJOURS la traduction et joue le rôle de **codon Start**.

Et il existe **trois codons**, les codons **UAA, UAG et UGA** qui ne codent pour **aucun acide aminé** et indiquent la fin de la traduction et de la protéine.

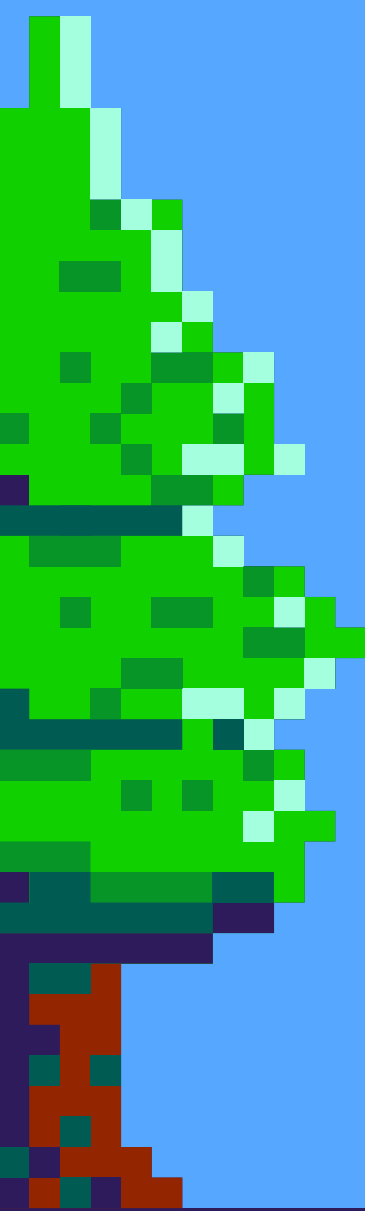
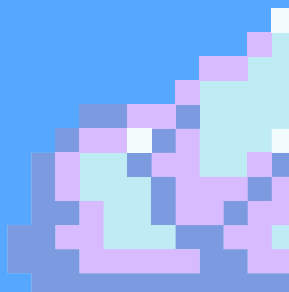
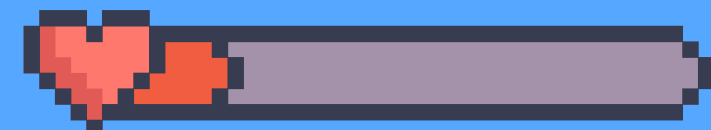


# LA TRADUCTION :

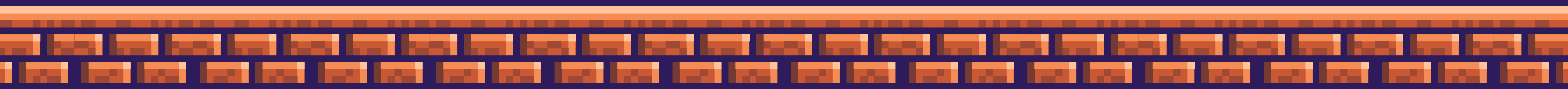
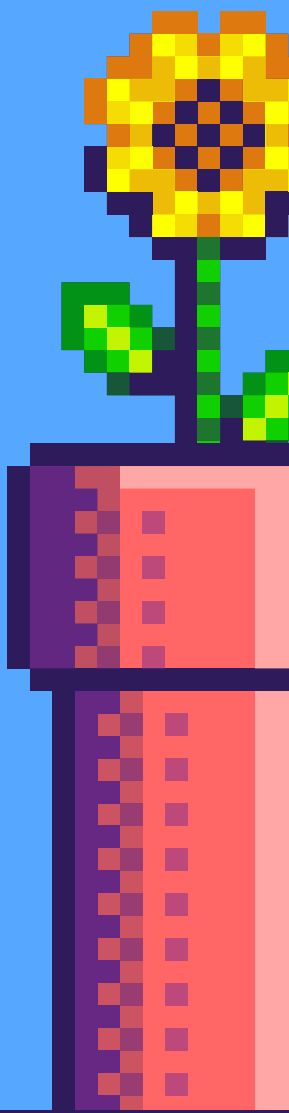
| Caractéristiques :     | Pourquoi ? :  |
|------------------------|---|
| <b>Quasi-universel</b> | La <b>plupart</b> des espèces vivantes utilisent exactement la même correspondance entre codons et acides aminés.   |
| <b>Non chevauchant</b> | Chaque nucléotide de l'ARN messenger ne peut appartenir qu'à <b>un seul codon</b> . Grâce à cela, l'ARN messenger va être décodé selon un cadre de lecture qui est fixe et précis.                              |
| <b>Non ambigu</b>      | Un codon donné doit <b>toujours</b> correspondre au même acide aminé.   |
| <b>Dégénéré</b>        | Il existe un excès de codon par rapport au nombre d'acides aminés, la majorité des acides aminés vont être spécifiés par plusieurs codons différents, <b>à l'exception de la méthionine et du tryptophane</b> . |



150



DES QUESTIONS ?

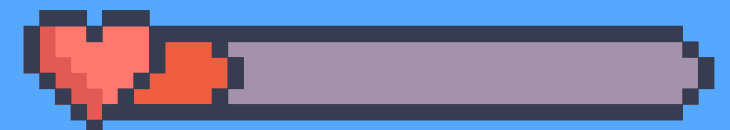
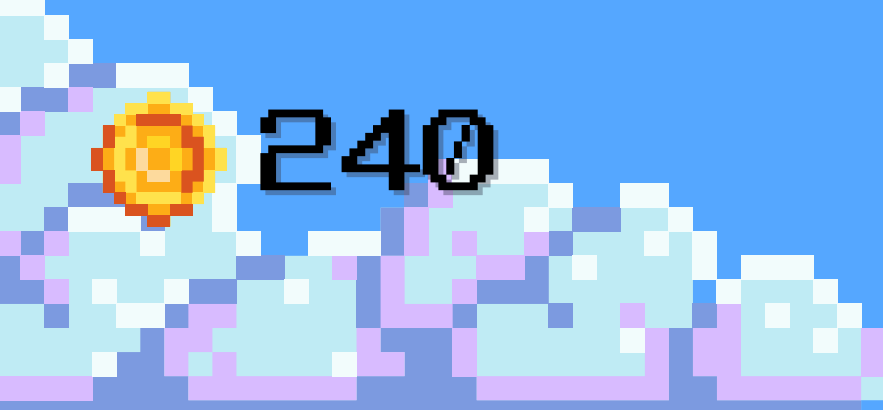




# LES MUTATIONS :

Il existe notamment les **substitutions** : C'est lorsqu'un nucléotide d'un codon est remplacé par un autre, changeant alors l'acide aminé. Elles sont alors au nombre de **trois** :

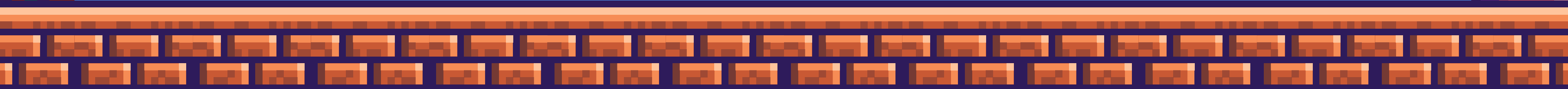
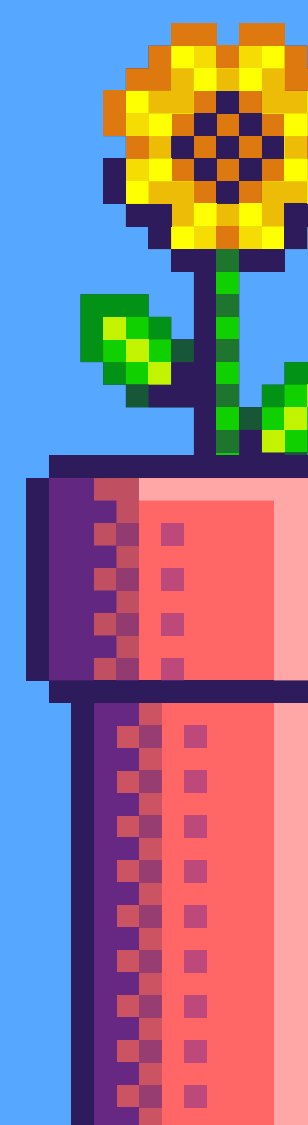
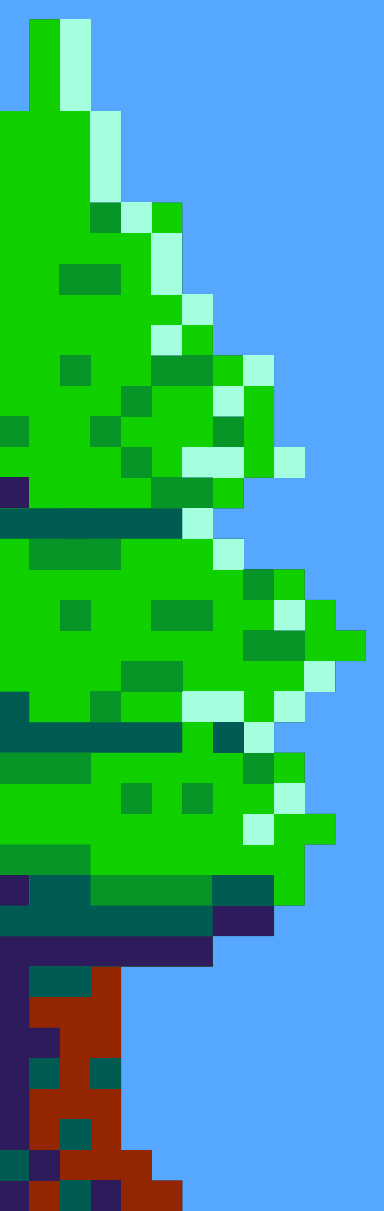
| Substitution :   | Ce qu'elle engendre :   |
|------------------|---|
| <b>FAUX sens</b> | La mutation va <b>changer</b> le sens du codon et l'acide aminé dans la séquence de la protéine.  |
| <b>NON sens</b>  | Ce type de substitution qui va cette fois-ci créer un codon qui <b>interrompt</b> la traduction.<br>Ce type de mutation remplace un codon qui spécifie un acide aminé par un <b>codon Stop</b> prématuré aboutissant à des <b>protéines tronquées</b> . |
| <b>Synonyme</b>  | L'acide aminé introduit dans la protéine sera le même malgré la mutation. Les codons sont les mêmes ( <b>codon synonymes</b> ) et aboutissent à la même protéine.   |



# LES MUTATIONS :

Il existe encore un autre type de mutations. Ce sont celles dans lesquelles les nucléotides **insérés** ou **délétés**.

|                              |   |
|------------------------------|---|
| <p><b>NON décalantes</b></p> | <p>Le nombre des nucléotides qui va être inséré ou délété peut être un <b>multiple de 3</b>. Dans ces conditions, le <b>cadre de lecture</b> de l'ARN messenger va être <b>respecté</b>.</p> <p>Et au final, dans la protéine, on observera la délétion ou l'ajout d'un acide aminé.</p>  |
| <p><b>Décalantes</b></p>     | <p>Ce sont celles dans lesquelles les nucléotides insérés ou délétés ne seront <b>PAS un multiple de 3</b>.</p> <p>Dans ce cas, la lecture de l'ARN messenger va être décalée d'un ou deux nucléotides. Il pourra ainsi y avoir présence de <b>faux sens multiples</b>, voire modification de la position du <b>codon Stop</b>.</p> |



 240

# VRAI OU FAUX :

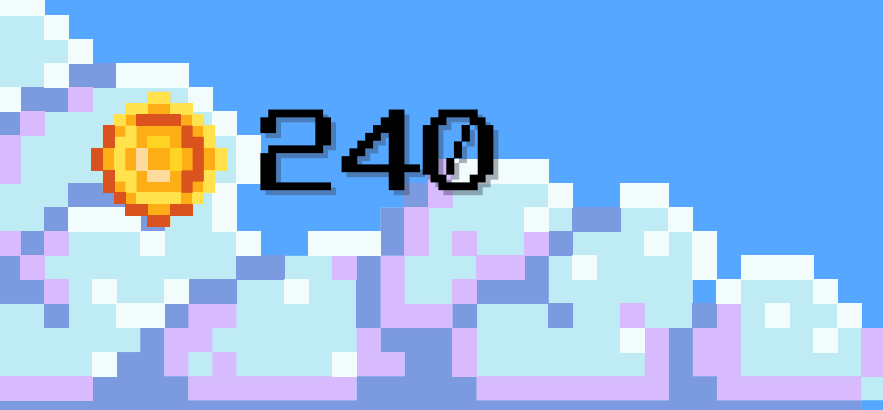
Le codon AUG code pour la méthionine et initie la traduction et joue le rôle de codon Start.



VRAI

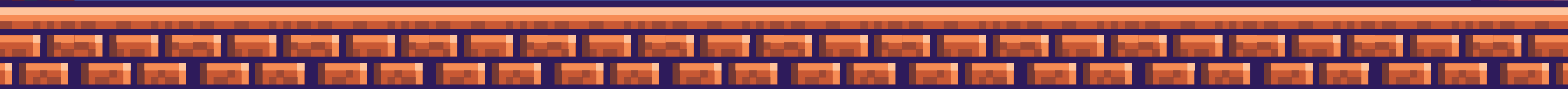
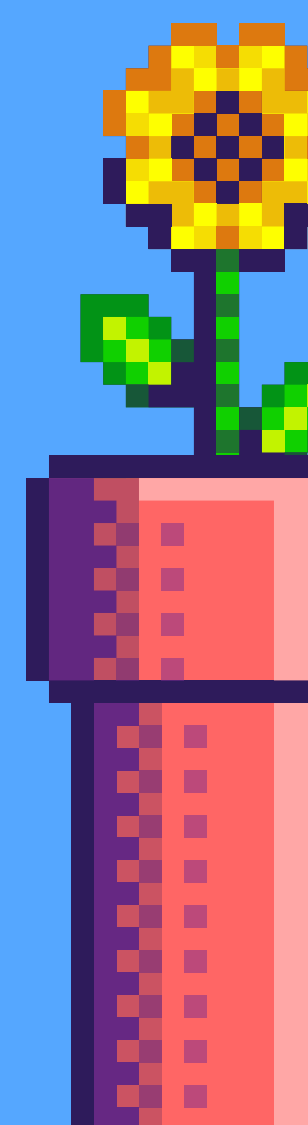
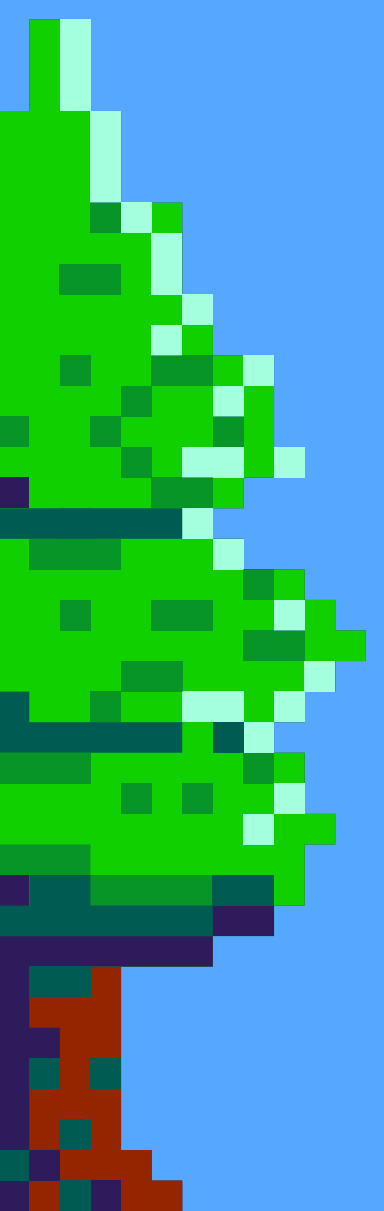
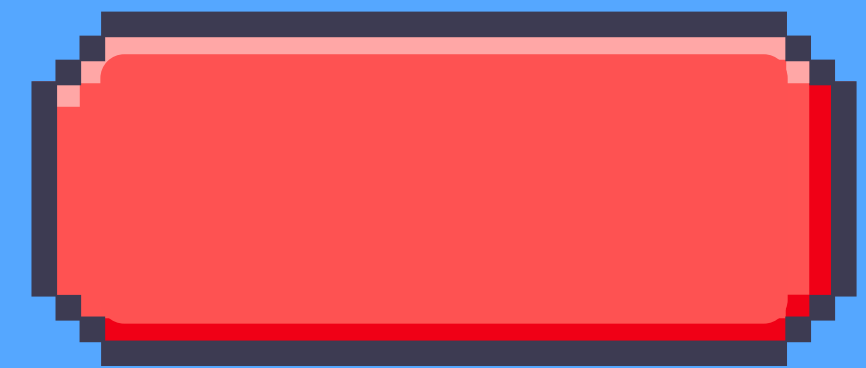


FAUX

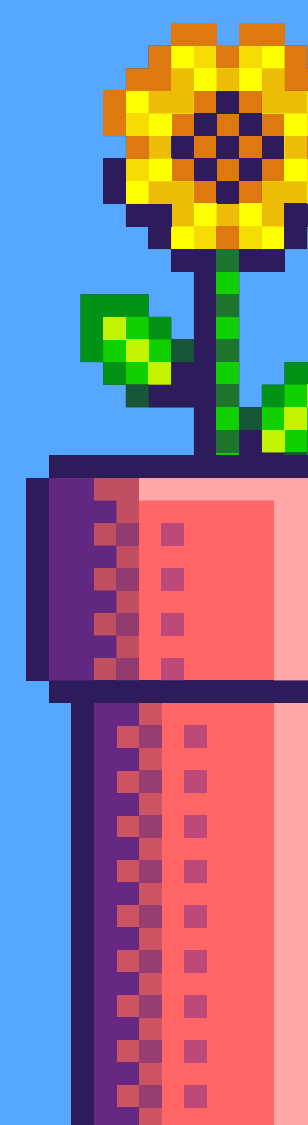
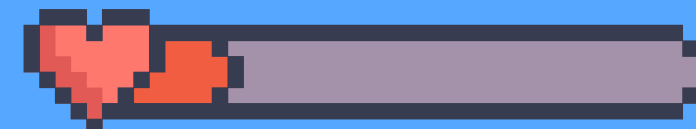


# VRAI OU FAUX :

Le codon AUG code pour la méthionine et initie la traduction et joue le rôle de codon Start.

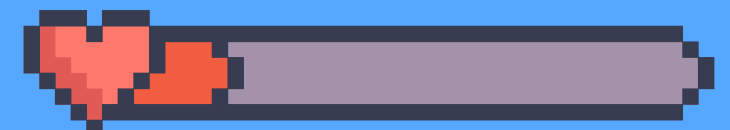


240



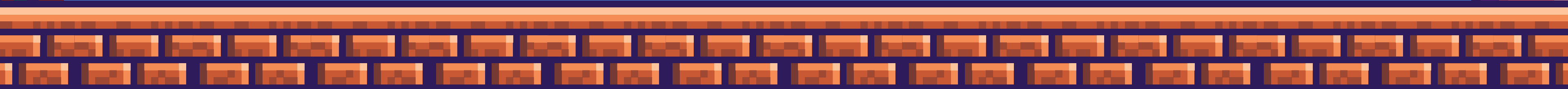
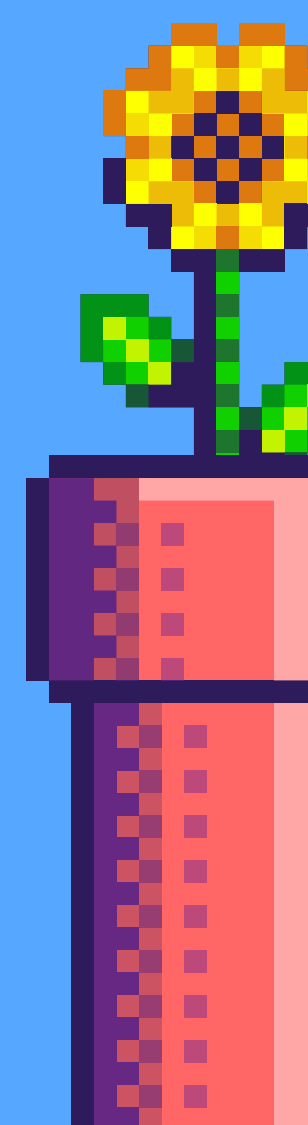
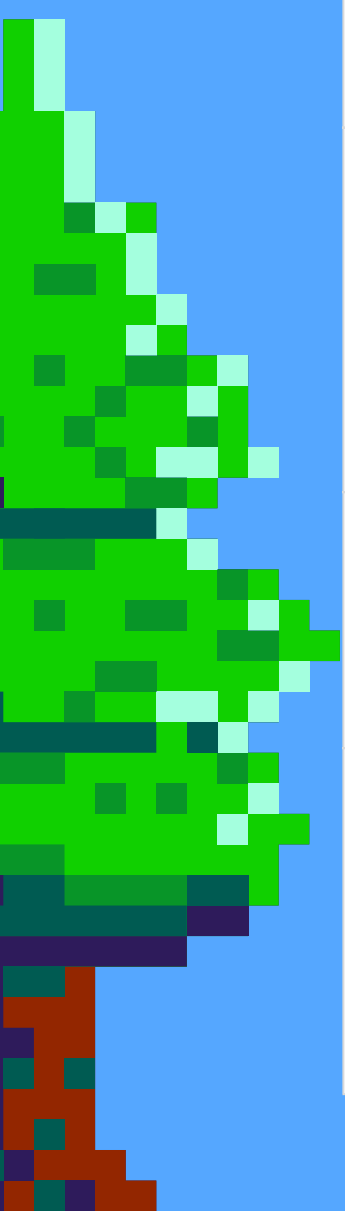


280



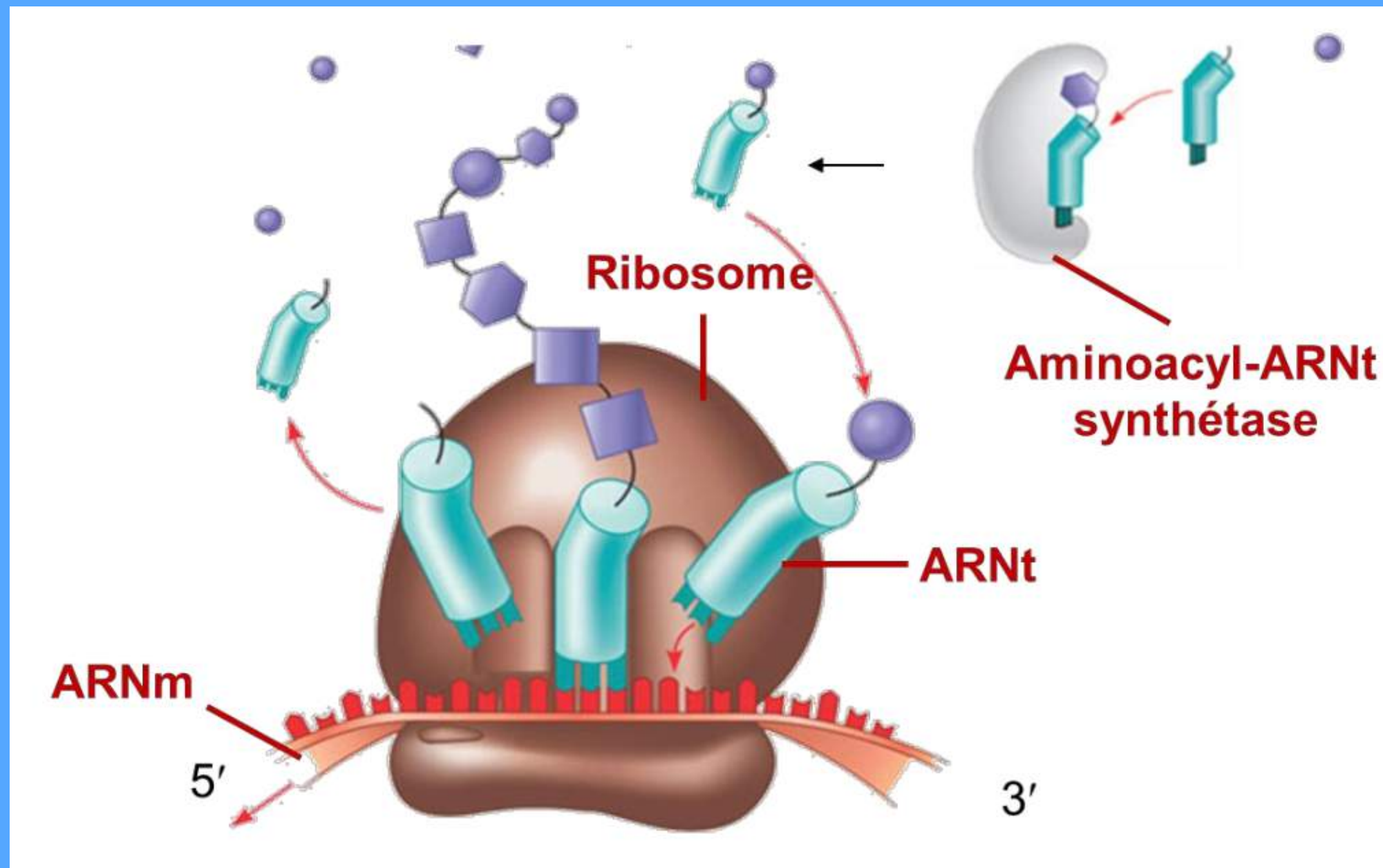
# LES ACTEURS DE LA TRADUCTION:

|                                   |  |
|-----------------------------------|--|
| <b>ARN messenger (ARNm)</b>       | Contient les instructions pour la synthèse de la protéine,   |
| <b>ARNs de transfert (ARNt)</b>   | Chargés de leur acide aminé qui vont se fixer au codon de l'ARN messenger. Chaque ARN de transfert ne pourra recevoir que l'acide aminé qui lui est spécifique.  |
| <b>Aminoacyl-ARNt synthétases</b> | Enzymes qui vont fixer les acides aminés sur les ARNs de transfert   |
| <b>Ribosomes</b>                  | Formés de protéines et d'ARNs ribosomiaux et dont le rôle va être d'accueillir les ARNs de transfert qui sont chargés et de relier entre eux les acides aminés par l'intermédiaire de <b>liaisons peptidiques</b> pour former la protéine. |



300

# LES ACTEURS DE LA TRADUCTION:



# LES ACTEURS DE LA TRADUCTION:

Chaque aminoacyl-ARNt synthétase de la cellule est **spécifique** d'un **seul et unique acide aminé**.

Pour le fixer sur un ARN de transfert, elle va d'abord **l'activer grâce à l'ATP**.



Par ailleurs, ces **enzymes** ont la particularité de posséder une activité de correction d'épreuve ou **proofreading**.

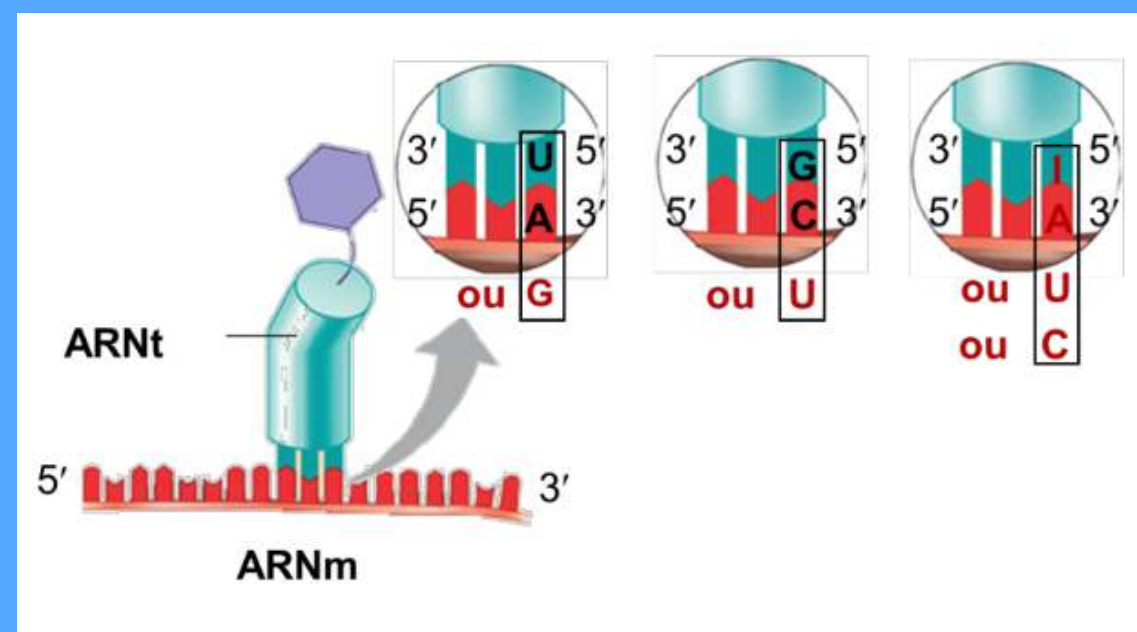
Cette activité va leur permettre **d'éliminer** un acide aminé qui aurait été fixé par erreur sur un ARN de transfert avant de le libérer, ce qui évitera ainsi son incorporation erronée et permet d'assurer la **fidélité** de la traduction.

# LE WOUBLE :

Il existe une particularité dans le **déchiffrage** du code génétique, qu'on appelle : Le wobble est un **appariement flexible** qui va se produire entre les codons de l'ARN messenger et l'anticodon de l'ARN de transfert. ⚠

Ce wobble va reposer sur un appariement qui **ne respecte pas** le **principe de complémentarité des bases**. De nouvelles paires de bases vont pouvoir se former.

Cependant, cette flexibilité va malgré tout **respecter** la règle de l'appariement entre une **purine et une pyrimidine**.



Vue simplifiée des règles du Wobble

| Anticodon (1 <sup>ère</sup> base) | Codon (3 <sup>ème</sup> base) |
|-----------------------------------|-------------------------------|
| A                                 | U                             |
| C                                 | G                             |
| U                                 | A ou G                        |
| G                                 | C ou U                        |
| I                                 | A, U ou C                     |

# DÉROULEMENT DE LA TRADUCTION :

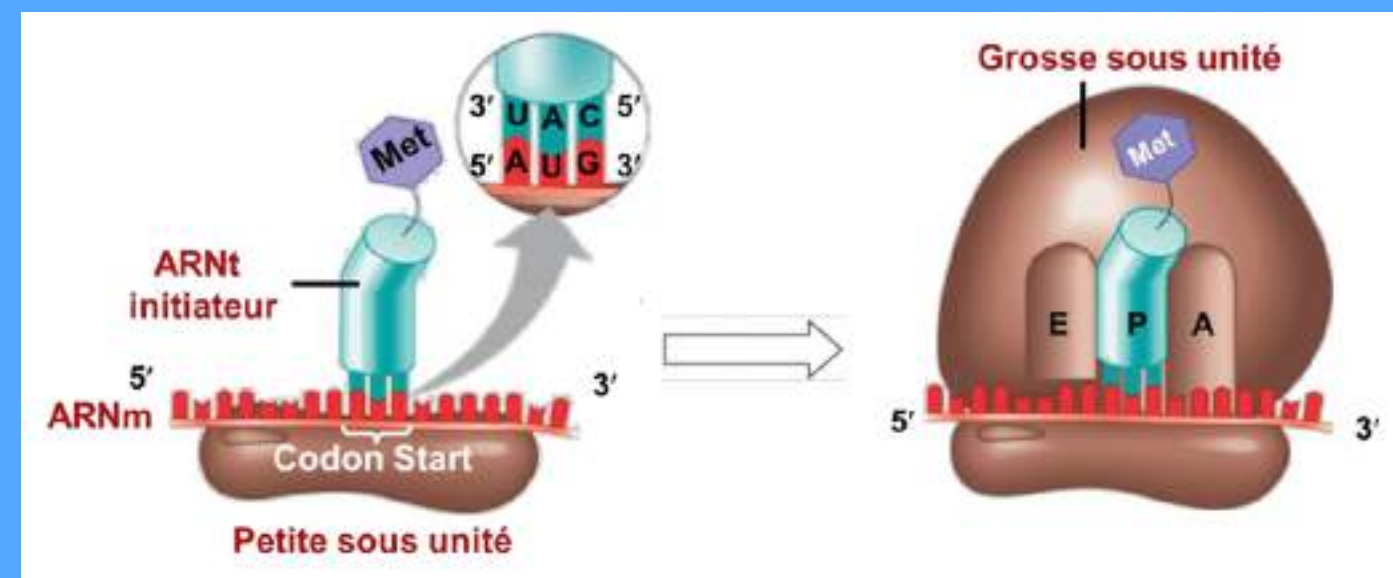
La traduction va comprendre **3 phases successives** :

1. La phase d'initiation
2. La phase d'élongation
3. La phase de terminaison

## La phase d'initiation :

Cette phase va aboutir à **l'assemblage du ribosome complet** sur l'ARN messenger au niveau du codon Start AUG, qui indique le début de la séquence codante à traduire.

La phase d'initiation de la traduction va comprendre **deux étapes**. Il va tout d'abord se former un **complexe de pré-initiation sur l'ARN messenger** puis on aura la **phase d'assemblage du ribosome complet** au niveau du codon Start.



# L'ÉLONGATION :

## La phase d'élongation :

La phase d'élongation va ensuite correspondre au **déplacement du ribosome sur l'ARN messenger** selon le cadre de lecture jusqu'au codon Stop d'arrêt de la traduction.

Le ribosome possède **deux unités** (une petite et une grosse).

## Sur la grosse unité on retrouve 3 sites :

### Le site A "acide aminé" :

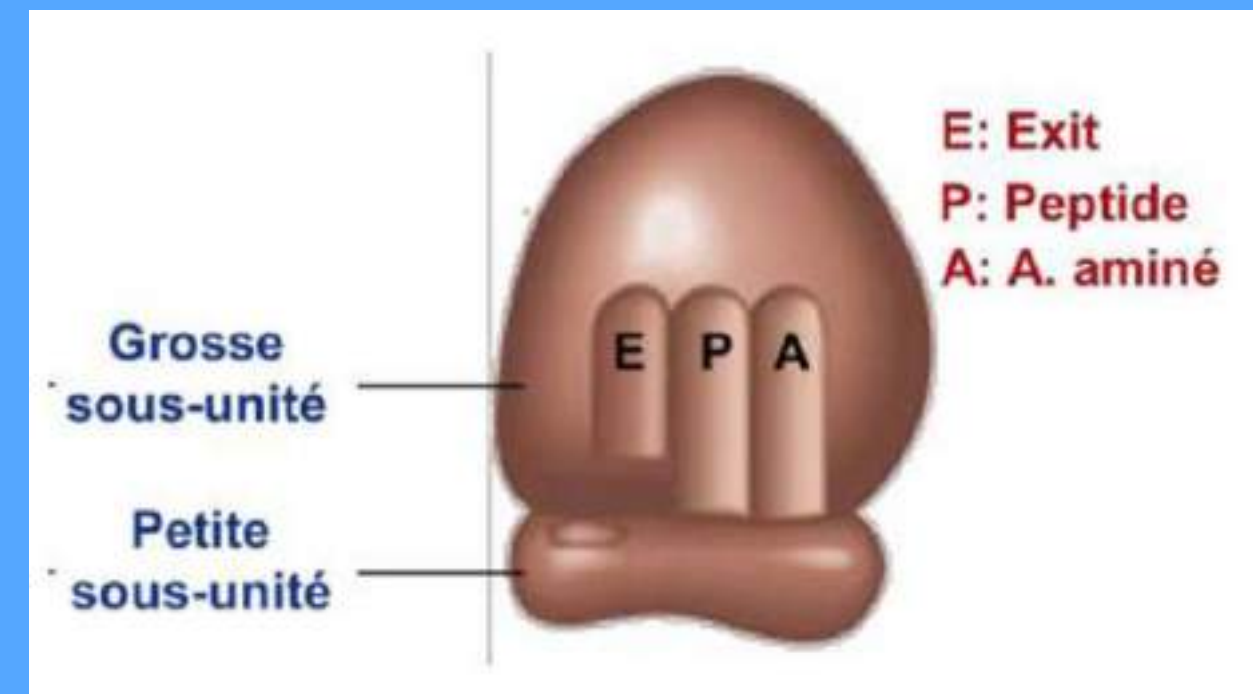
Celle par laquelle un ARN de transfert chargé de son acide aminé va pénétrer à l'intérieur du ribosome.

### Le site P pour "peptide" :

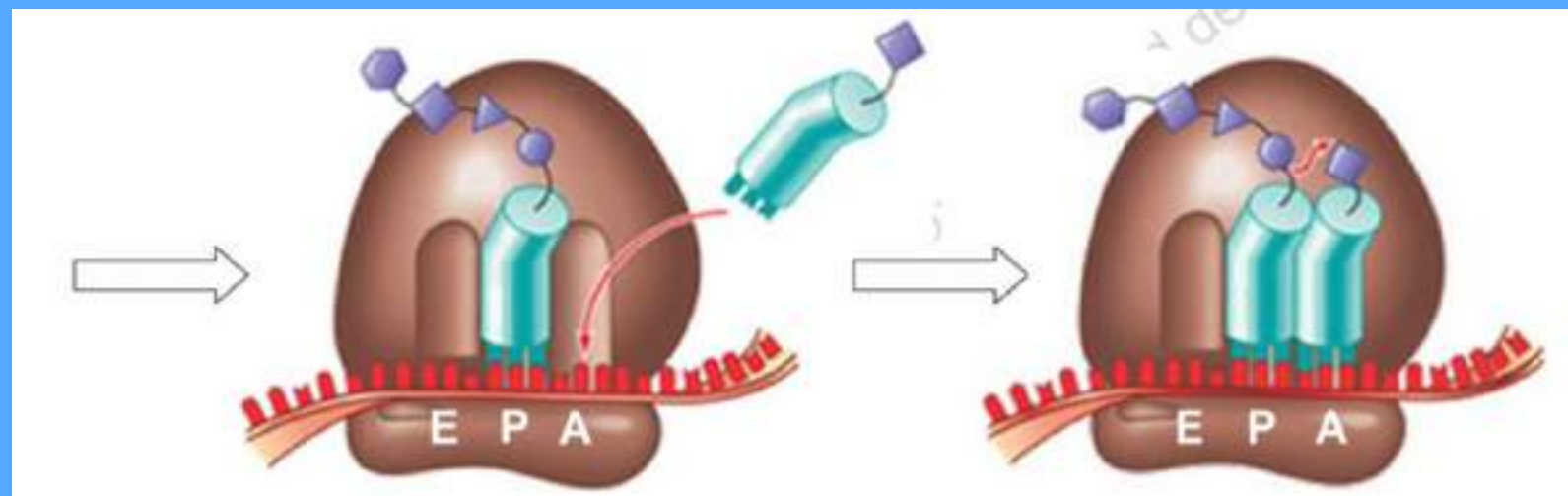
Celle au niveau de laquelle va être positionné le peptide en cours de synthèse.

### Le site E pour "exit" :

Celle par laquelle les ARNt vont sortir du ribosome.



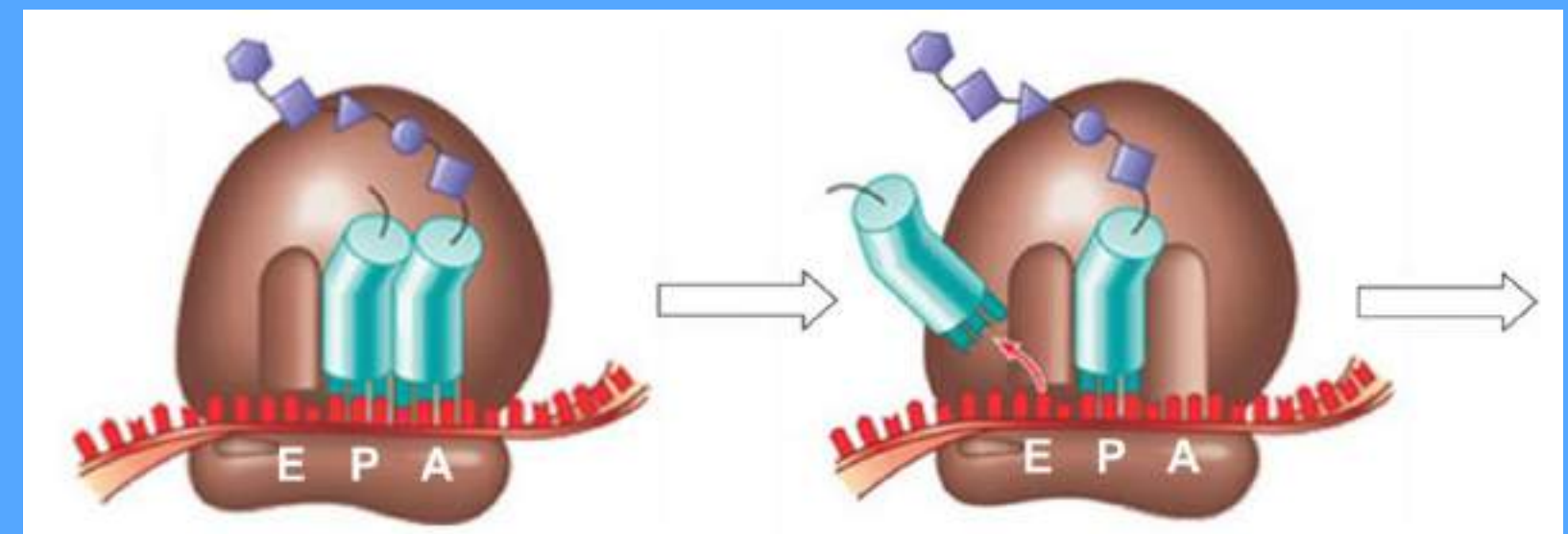
# L'ÉLONGATION :



La phase d'élongation va être simplement une **succession de cycles**. A chaque codon sur lequel va se positionner le ribosome, un ARN de transfert chargé d'un acide aminé va venir se positionner au niveau du **site A**.

Si l'appariement codon-anticodon est correct, le peptide va être transféré sur l'acide aminé qui vient d'être apporté par formation d'une **liaison peptidique**.

Ensuite, le ribosome va se déplacer à nouveau d'un codon. Le peptide qui est allongé d'un acide aminé va revenir au niveau du **site P** et l'ARN de transfert qui a été déchargé de son acide aminé va passer au niveau du **site E** et être éjecté du ribosome.

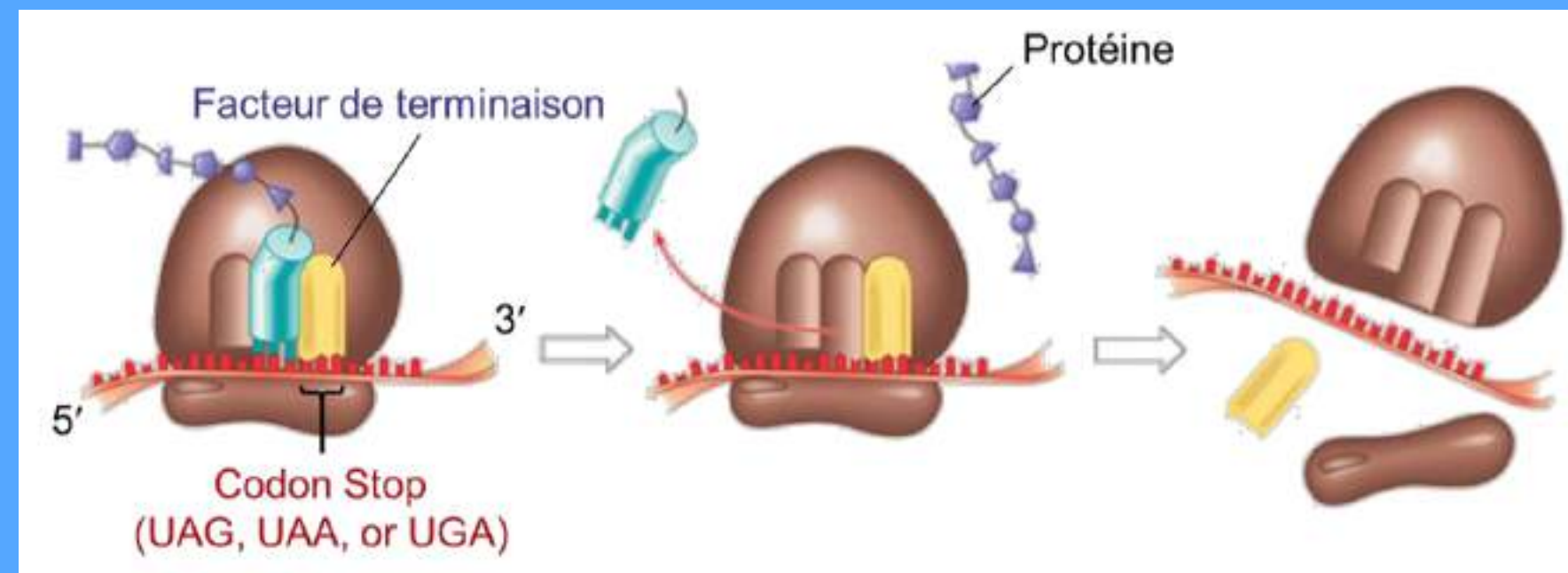


# LA TERMINAISON :

Enfin, la phase de terminaison va tout simplement correspondre à la fin de la traduction qui se produit au niveau du codon Stop avec libération de la protéine complète.

⚠ A ce niveau, il n'y aura **PAS d'ARN** de transfert qui va se positionner, mais une **protéine** qu'on appelle un facteur de terminaison.

Celle-ci va donc pénétrer au niveau du site A du ribosome, ce qui va avoir pour conséquence que la protéine va être libérée et que le ribosome va se **dissocier** pour participer éventuellement à un autre cycle de traduction.



 620

# VRAI OU FAUX :

La petite unité du ribosome est composé de trois sites : A, P, E.



VRAI

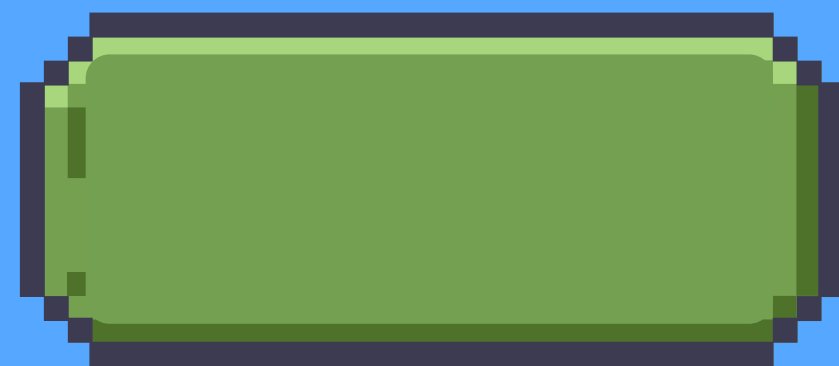


FAUX

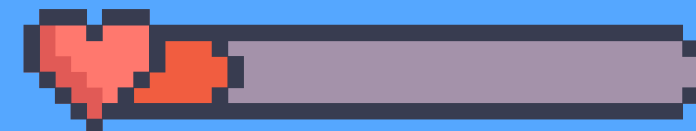
 660

# VRAI OU FAUX :

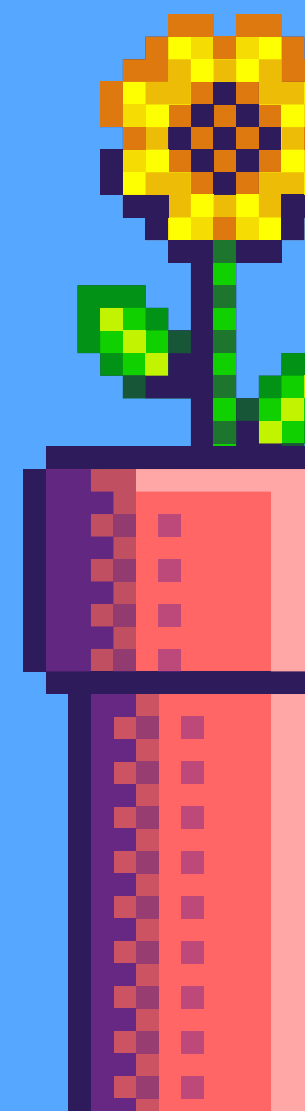
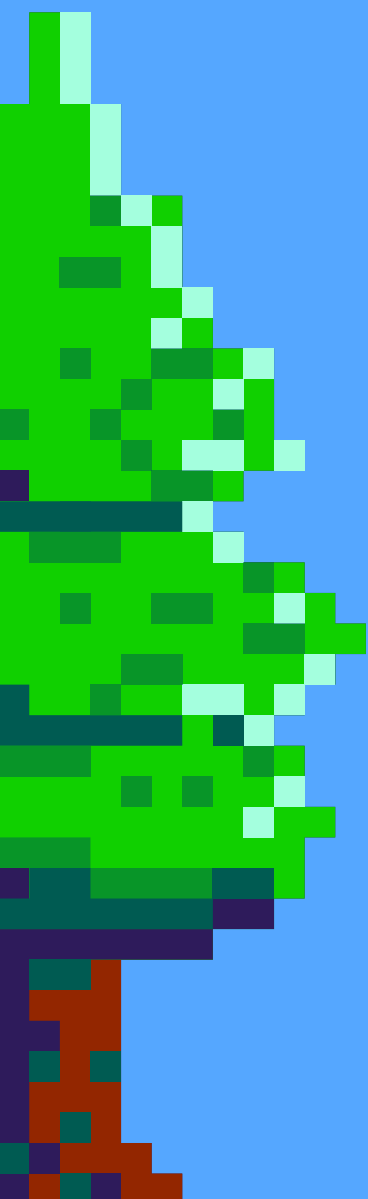
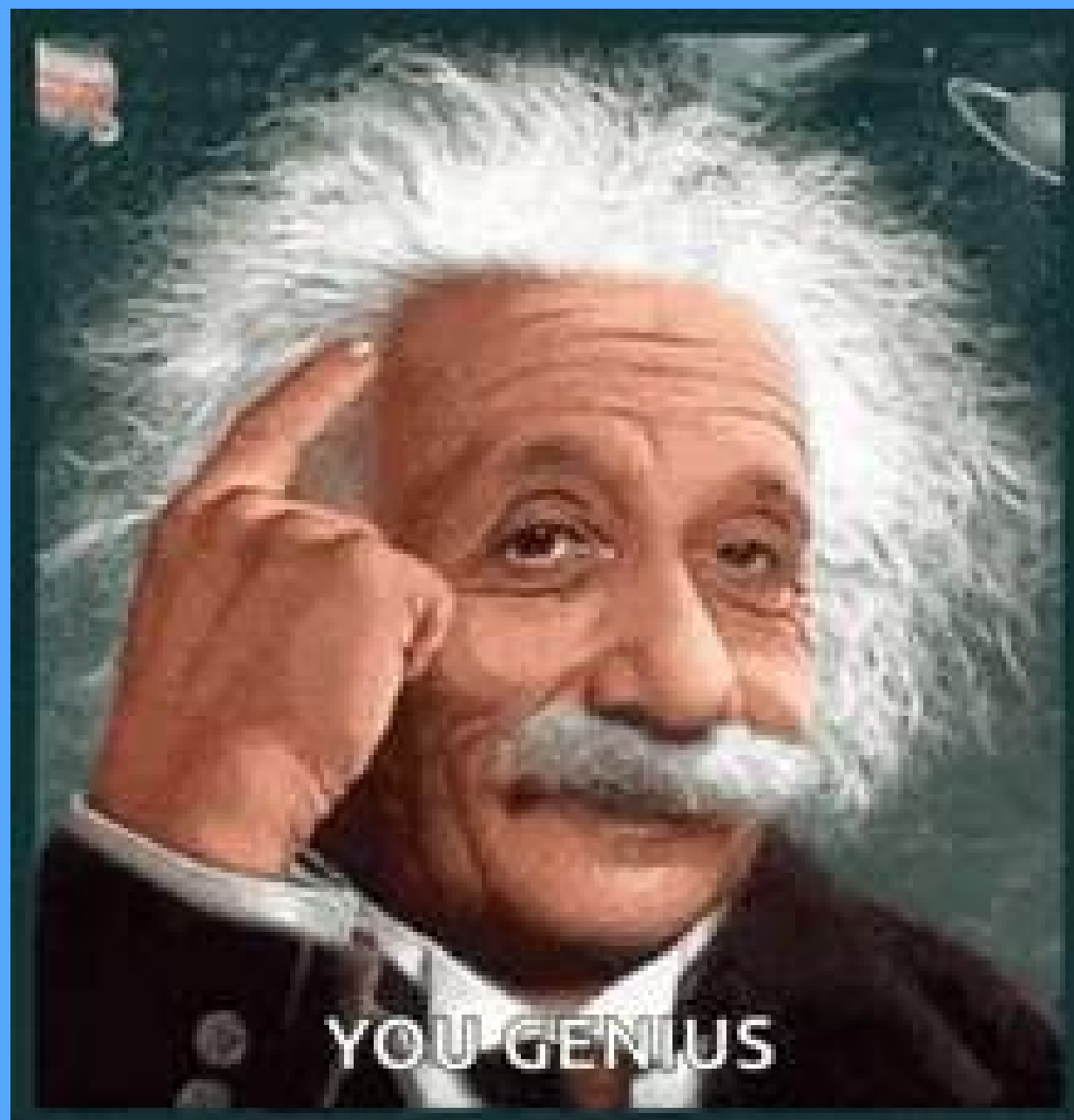
La ~~petite~~ **GROSSE** unité du ribosome est composé de trois sites : A, P, E.



680



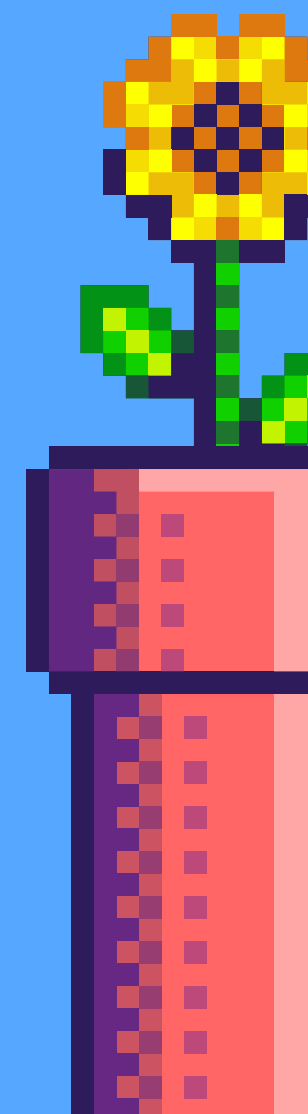
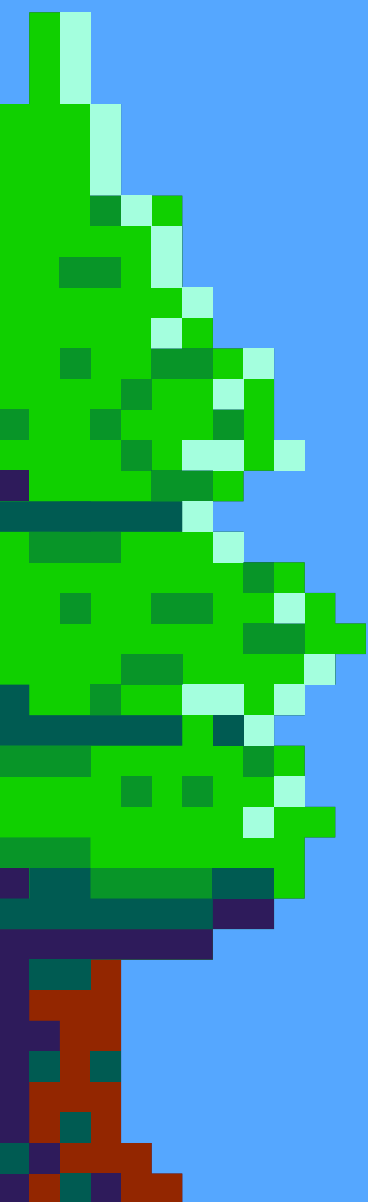
BIEN JOUÉ :



730



## II. EXPRESSION DES GÈNES PROCARYOTES



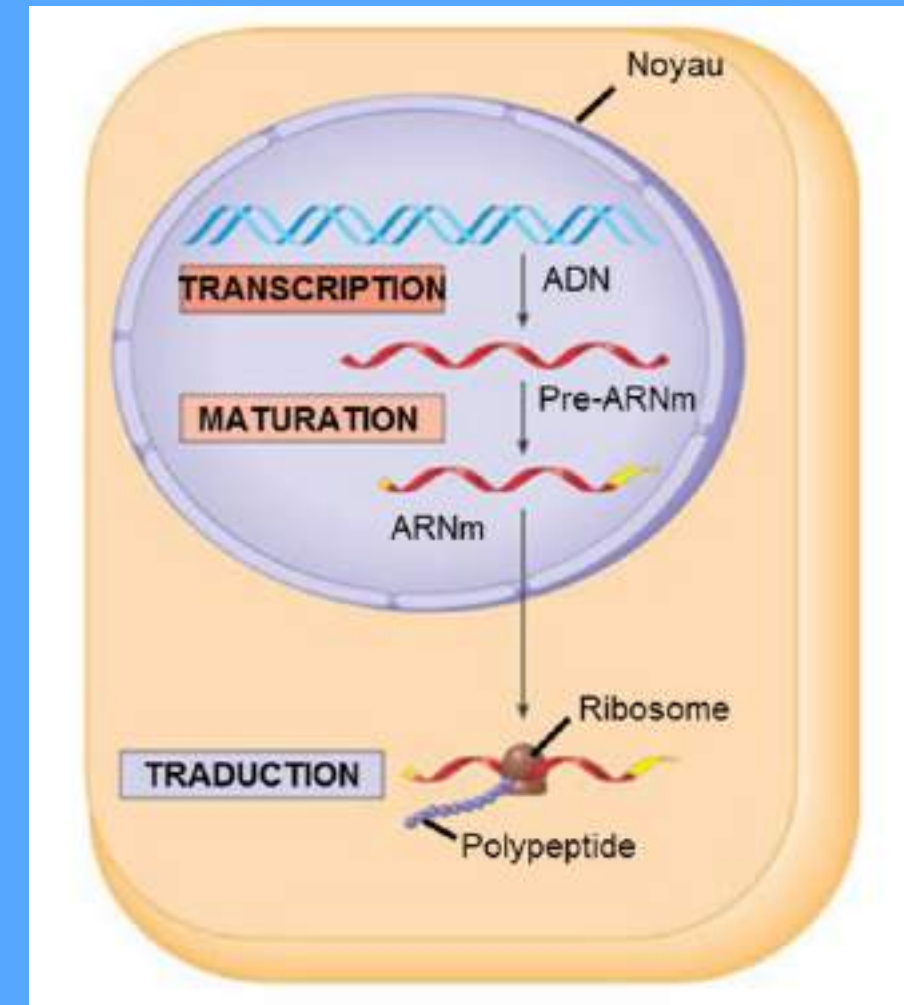
750

# PROCARYOTE VS EUKARYOTES

Chez les **procaryotes** du fait de l'absence de noyau, **la transcription et la traduction vont pouvoir être simultanées**. La régulation de l'expression des gènes est donc purement transcriptionnelle chez les procaryotes.

Chez les **eucaryotes**, au contraire, la transcription et la traduction vont être des étapes bien **distinctes** du fait de l'existence du **noyau**.

L'ARN messenger va d'abord être **transcrit** à partir de l'ADN dans le **noyau**, puis va devoir subir une étape de **maturation** avant seulement de pouvoir rejoindre le **cytosol** et les ribosomes au niveau desquels la **traduction** de la protéine va avoir lieu.



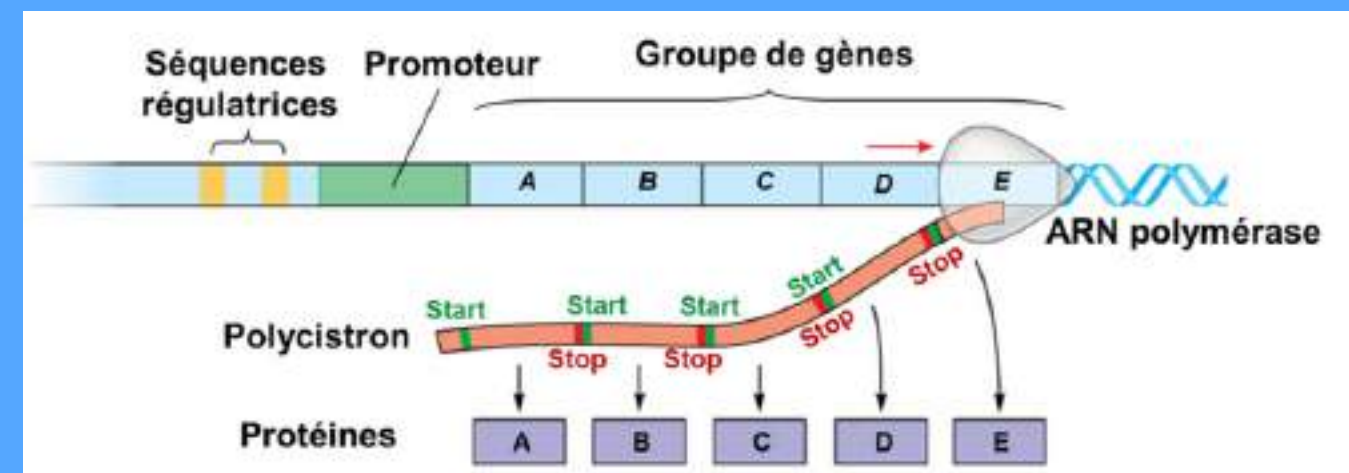
# LES PROCARYOTES :

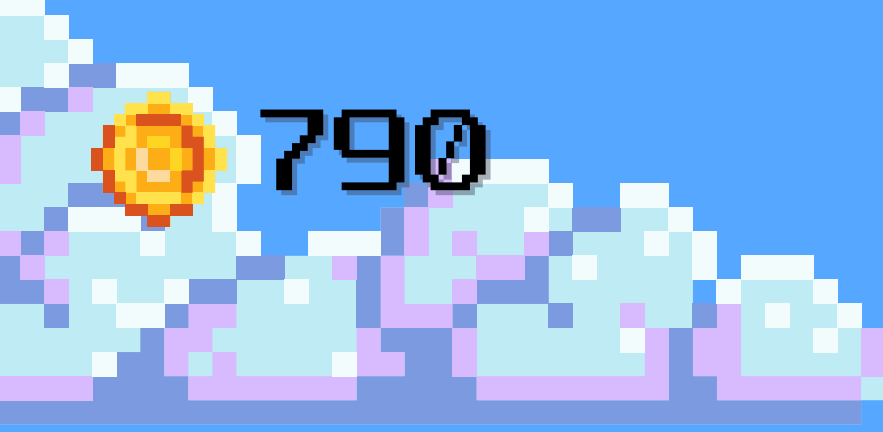
Les gènes procaryotes est d'être organisés sous la forme **d'opérons** et d'être **compacts**. Un opéron est un **regroupement de gènes** qui vont être soumis à une **régulation commune**.

Cette régulation va être assurée par un **promoteur** et d'autres séquences régulatrices qui sont situées en **amont** du bloc de gènes.

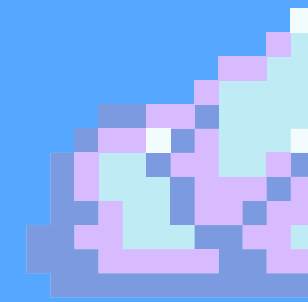
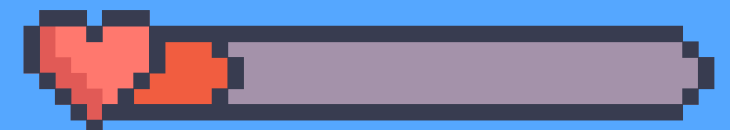
L'intérêt de cette régulation commune va être de pouvoir **activer ou réprimer** simultanément **l'expression** de gènes qui sont impliqués dans une même fonction.

Un opéron contient sous une forme **compacte** la séquence codante de **plusieurs gènes**. Ces séquences codantes sont mises bout à bout et **ininterrompues**, de telle sorte que l'opéron entier pourra être transcrit sous la forme d'un unique et long ARN messenger qu'on appelle un **polycistron** et qui sera **immédiatement mature**.





# LA RÉGULATION D'UN OPÉRON :



La régulation d'un opéron va faire intervenir **deux types d'éléments**.

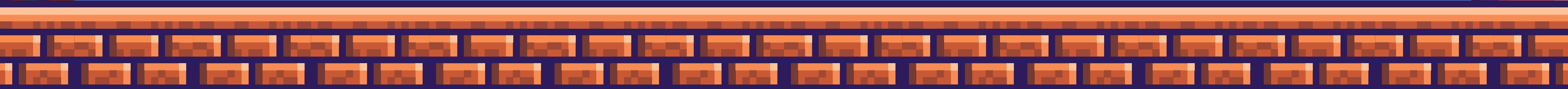
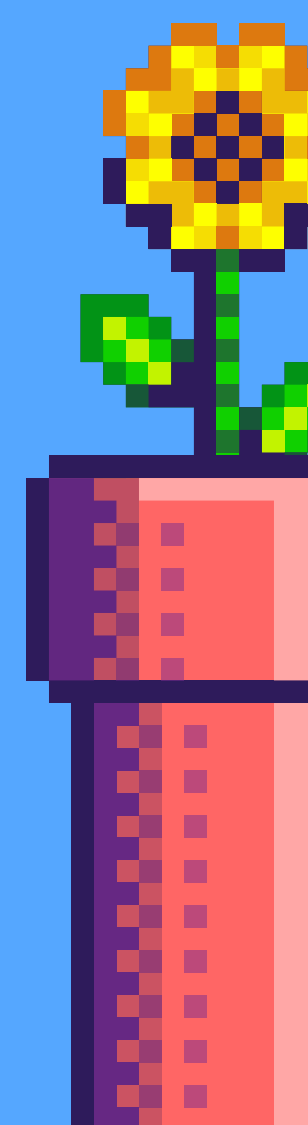
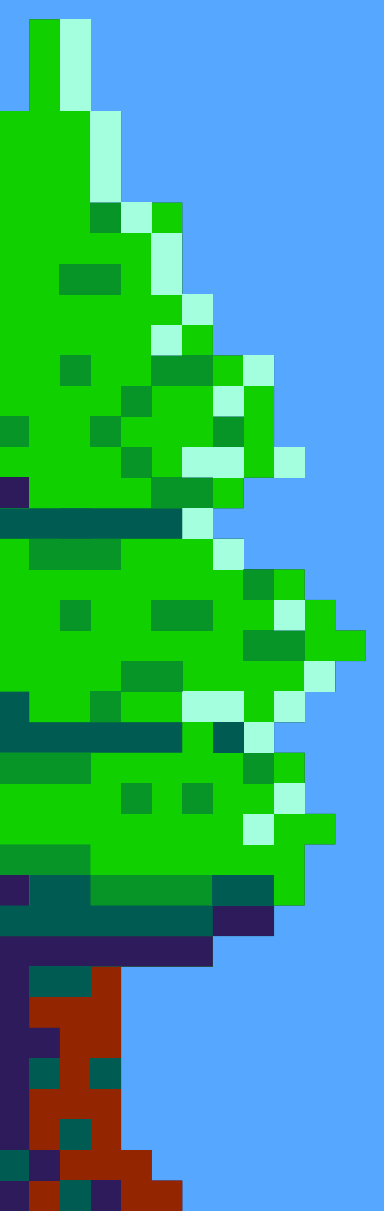
Elle va reposer d'une part sur des segments d'ADN qu'on appelle des éléments **cisrégulateurs**. On parle ici de **régulation en cis** car ces éléments sont formés de séquences d'ADN contenues dans **l'opéron lui-même**.

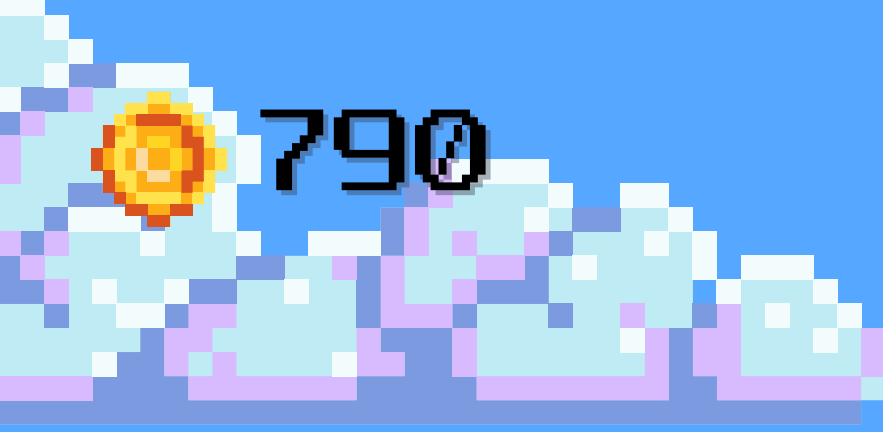
Le motif qui est formé par ces séquences régulatrices va constituer un signal de fixation pour des protéines régulatrices impliquées, selon les cas, dans **l'activation** ou dans la **répression** de la transcription.

Le **promoteur** est un type de séquence régulatrice qui va être reconnu par l'ARN polymérase et au niveau de laquelle elle va se fixer pour initier la transcription.

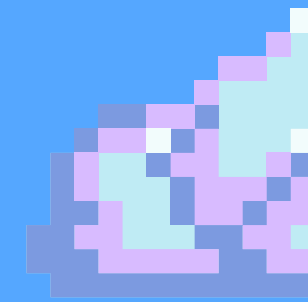
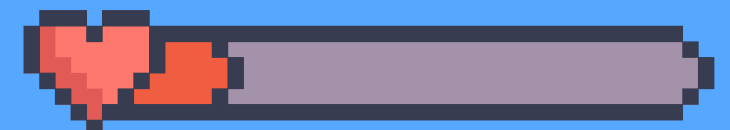
Le plus fréquemment retrouvé dans les gènes est celui qu'on appelle la **TATA box**, constituée par la séquence **TATAA**.

D'autres séquences **cisrégulatrices** plus ou moins éloignées du promoteur vont également participer à la régulation de l'opéron, comme par exemple la séquence appelée **opérateur**.





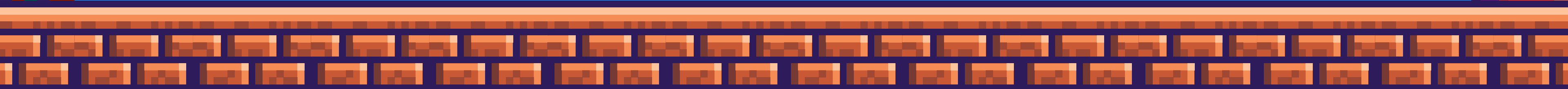
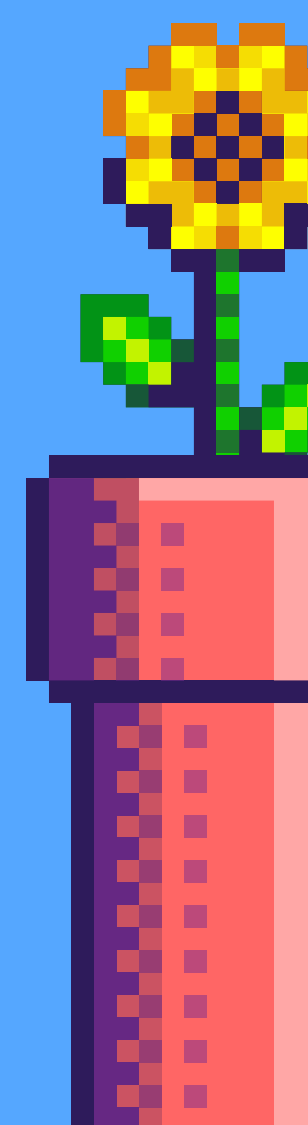
# LA RÉGULATION D'UN OPÉRON :



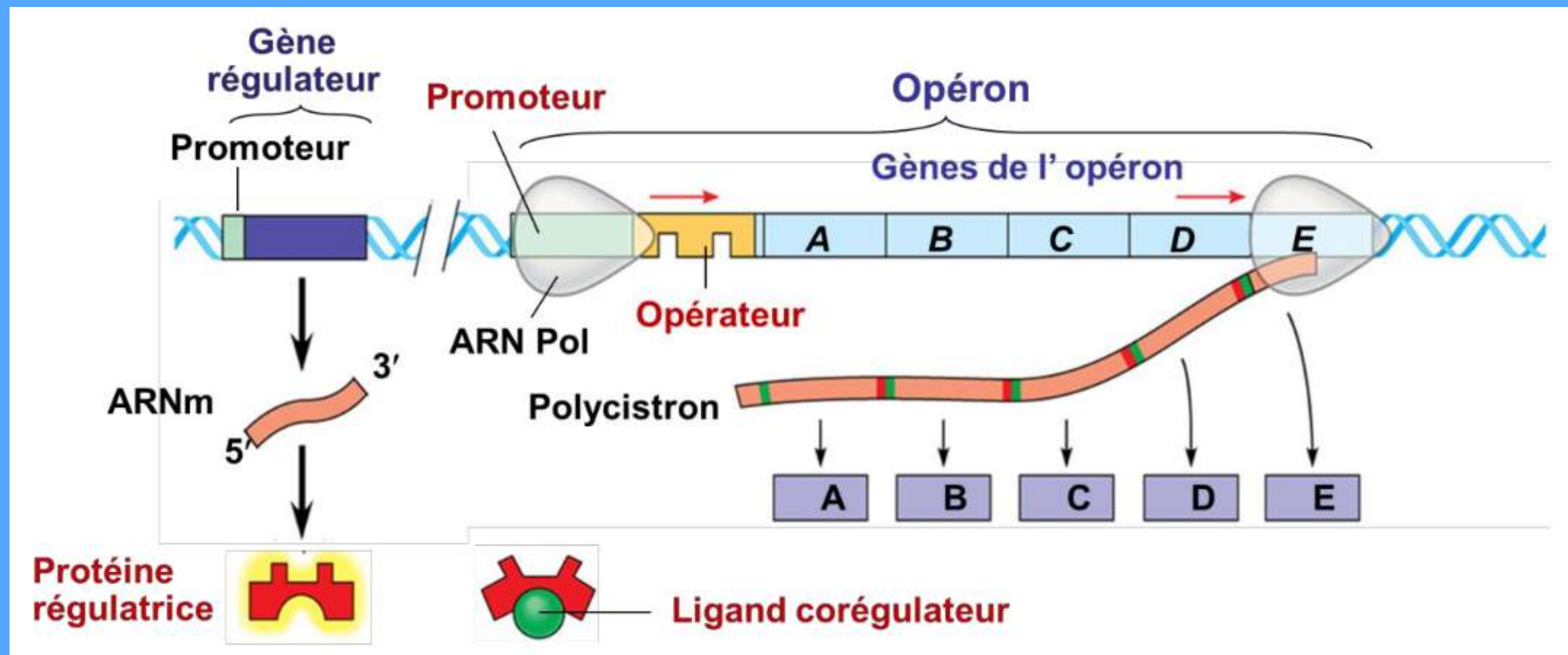
La régulation d'un opéron va également reposer sur des protéines qu'on appelle des facteurs **transrégulateurs**. Ces protéines sont celles qui vont **activer ou réprimer** la transcription en se fixant à l'ADN au niveau de la séquence régulatrice qui leur est spécifique.

On parle ici de régulation en trans, car le gène qui code pour une protéine régulatrice est situé à **distance de l'opéron** et possède lui-même son propre promoteur et ses séquences régulatrices.

Enfin, en plus d'un domaine de liaison à l'ADN, ces protéines régulatrices possèdent un domaine de liaison à de petites molécules qu'on appelle des **ligands** et dont la fixation va modifier leur conformation et leur activité.



# LA RÉGULATION D'UN OPÉRON :



# LES OPÉRONS :

On distingue **deux types** d'opérons selon leur mode de régulation.

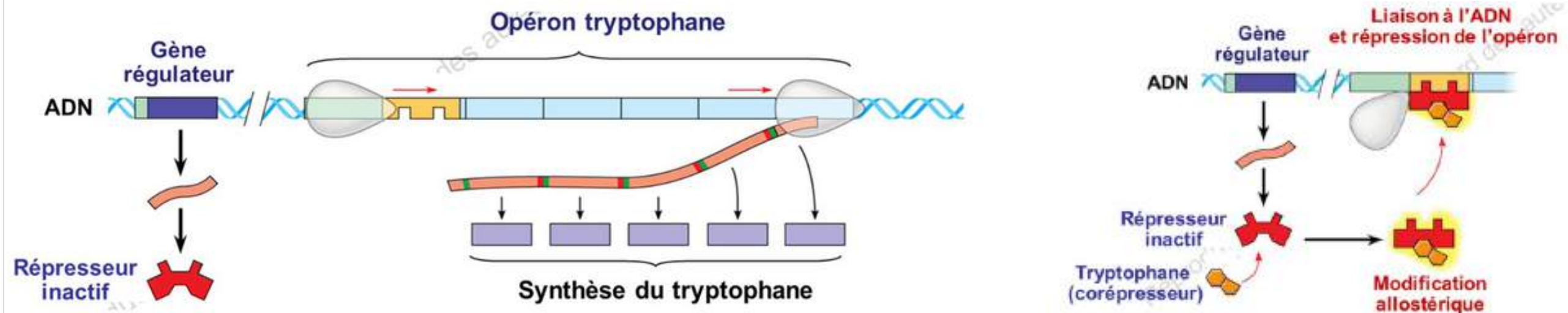
## Opéron répressible

Un opéron dit **répressible** est un opéron qui va **s'exprimer de façon constitutive**.

Ce type d'opéron contient généralement des gènes impliqués dans une voie **ANABOLIQUE** permettant la synthèse d'une molécule, comme par exemple le l'opéron qui permet la **synthèse du tryptophane**.

En **l'absence** de la molécule, l'opéron répressible va s'exprimer et permettre la synthèse de la molécule qui fait défaut.

Lorsque cette molécule va être disponible pour la cellule, elle va jouer le rôle de **ligand corépresseur** en se fixant sur une protéine régulatrice répressive et en l'activant.



# LES OPÉRONS :

## Opéron inductible

Un opéron qui sera dit **inductible** est cette fois-ci un opéron qui est **réprimé de façon constitutive**.

Ce type d'opéron contient généralement des gènes impliqués dans une voie **CATABOLIQUE** permettant la dégradation d'une molécule, comme par exemple l'opéron qui permet de **catabolisme du lactose**.

En **l'absence** de la molécule, l'opéron et l'expression des gènes cataboliques sont **réprimés** par une protéine répressive fixée à sa séquence d'ADN cible.

Lorsque la molécule devient disponible pour la cellule, elle va jouer le rôle de **ligand inducteur** en se fixant sur la protéine régulatrice et en **l'inactivant**. Ainsi, l'opéron et les gènes du catabolisme de la molécule **s'exprimer**.

L'opéron lactose est donc un **opéron inductible** que l'on retrouve chez la bactérie *Escherichia coli*. Cette bactérie est capable de proliférer en présence de **glucose ou de lactose**, mais lorsque les deux nutriments sont présents dans le milieu de culture, sa préférence va d'abord à l'utilisation du **glucose**.

Ce n'est que lorsque le **glucose va être épuisé** que le lactose va être utilisé après un temps de latence qui est nécessaire à l'activation de l'expression de l'opéron et des gènes du catabolisme du lactose.

# L'OPÉRON LACTOSE :

L'opéron lactose comprend **3 gènes** (Lac Z, Lac Y, Lac A) et leurs séquences régulatrices communes. Le gène **Lac I** situé à distance, code un **répresseur de la transcription de l'opéron**.

L'opérateur est un élément cisrégulateur capable de fixer la protéine LacI. Il s'agit en réalité d'un ensemble comprenant trois séquences appelées **O1, O2 et O3**.

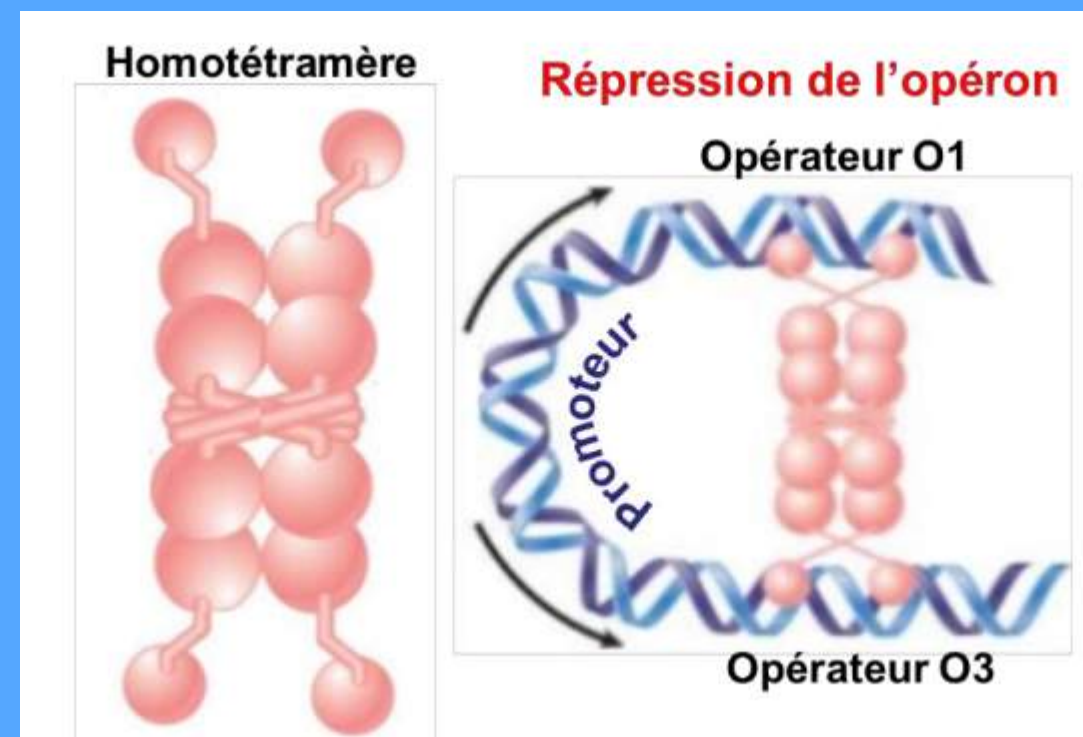
Les séquences O1 et O3 encadrent le promoteur de l'opéron et la séquence O2 est située plus en aval.



# L'OPÉRON LACTOSE :

Si le lactose n'est pas présent, LacI est sous la forme d'un **homotétramère** et **enfèrme le promoteur**.

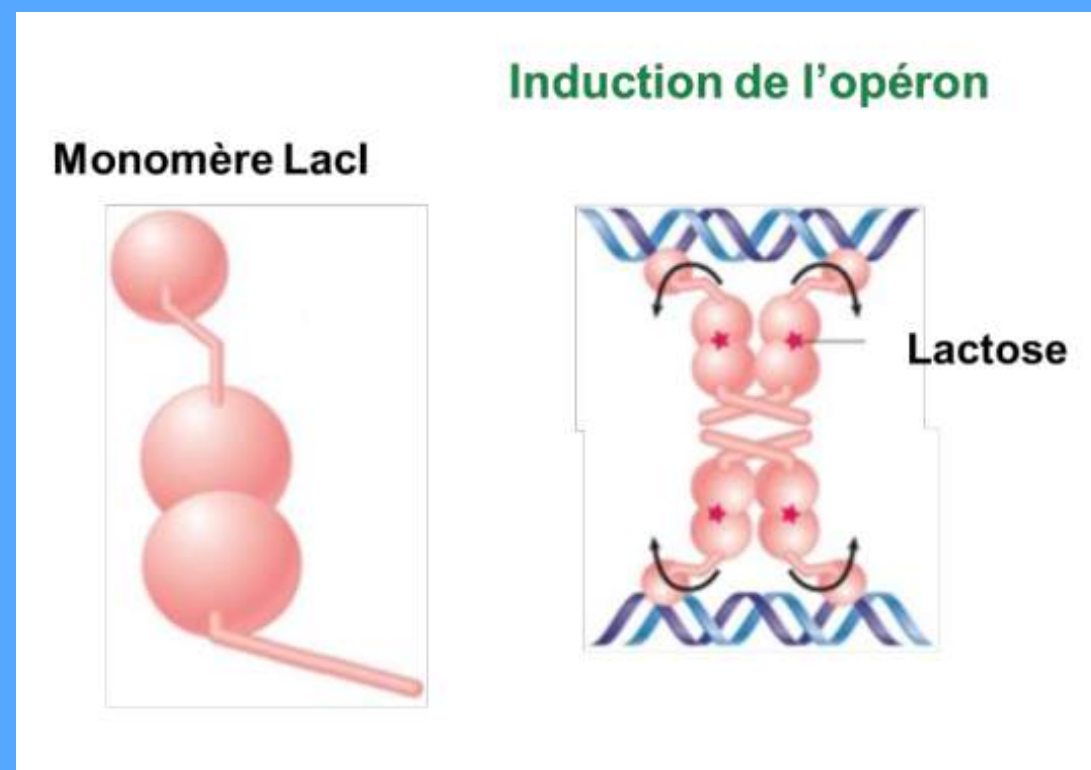
Ainsi, l'association de deux sous unités de LacI fixées à la séquence opératrice O1 avec deux autres sous unités fixées à la séquence opératrice O3 va imposer une **torsion** à l'ADN et **enfermer** le promoteur dans une boucle, le rendant ainsi **inaccessible**.



# L'OPÉRON LACTOSE :

La protéine LacI possède également un domaine de liaison du **lactose**. Si le lactose est présent, la fixation du lactose sur la protéine LacI va modifier sa conformation et empêcher sa liaison à l'ADN, ce qui va libérer le promoteur et **autoriser** la transcription de l'opéron.

La régulation ne dépend pas uniquement de lactose mais aussi du glucose.



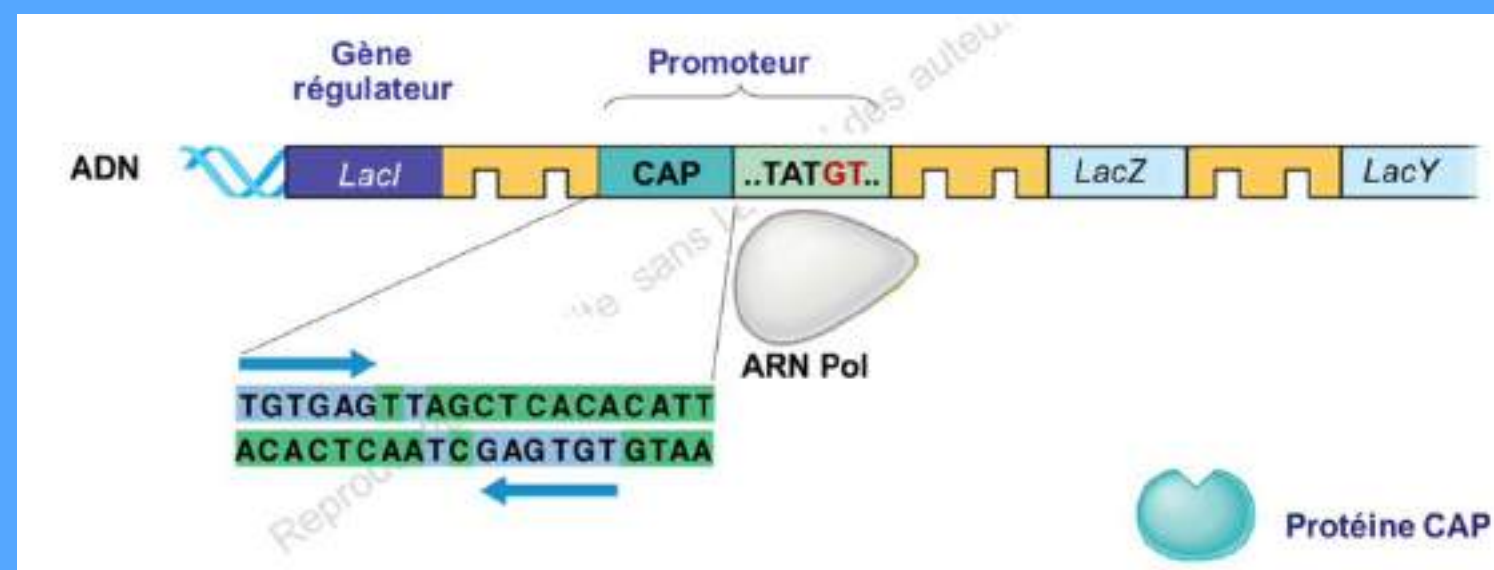
# RÉGULATION DE L'OPÉRON LACTOSE :

Deux autres éléments vont participer à la régulation de l'opéron. Il s'agit tout d'abord de la **séquence CAP** qui est située en amont de la TATA box. Cette séquence est un élément **cisrégulateur** de l'opéron. Cette séquence CAP va constituer un motif de fixation pour une protéine qui **facilite** la liaison de l'ARN polymérase au promoteur.

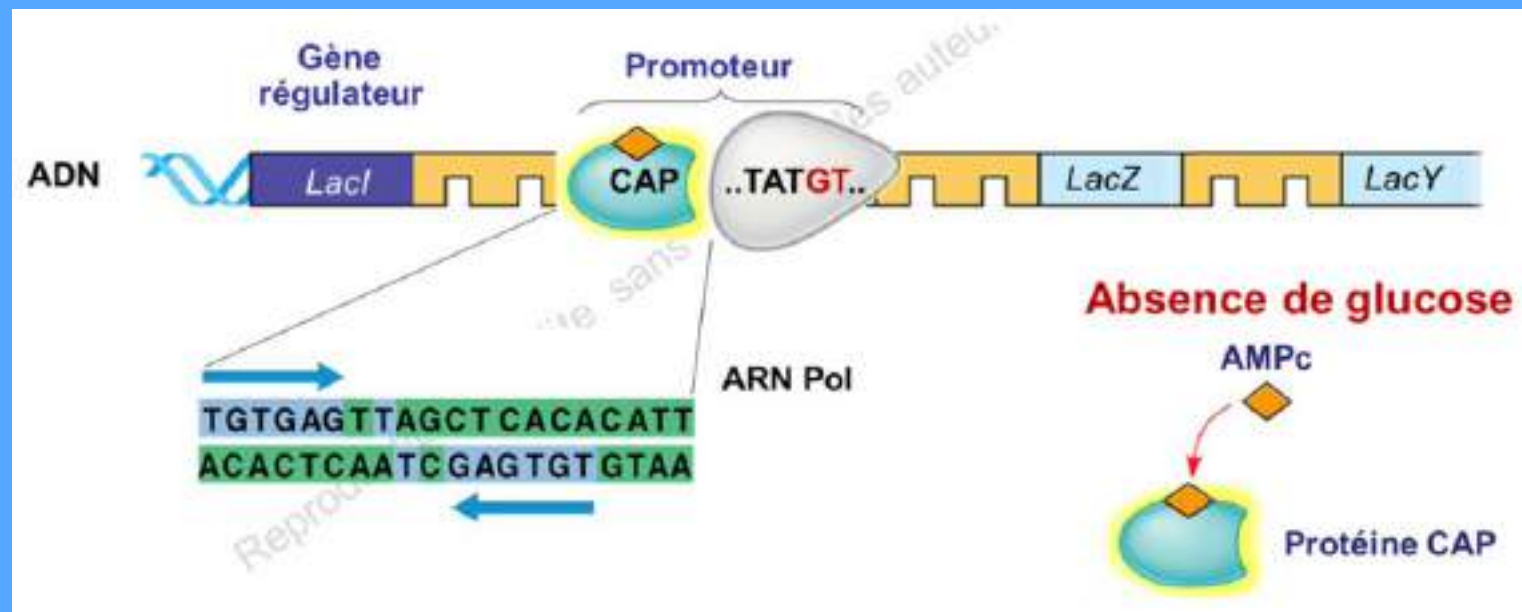
En effet, la **polymérase** a une **affinité faible pour son promoteur** et elle doit être **stabilisée**.

La séquence CAP peut se fixer un monomère d'une protéine qu'on appelle **CAP** pour Catabolite Activator Protein.

Cette protéine est un facteur **transrégulateur** activateur de l'opéron. Elle possède un domaine de liaison pour une petite molécule qu'on appelle **l'AMP cyclique** et dont **la production dans la cellule est inversement corrélée à la présence de glucose**.

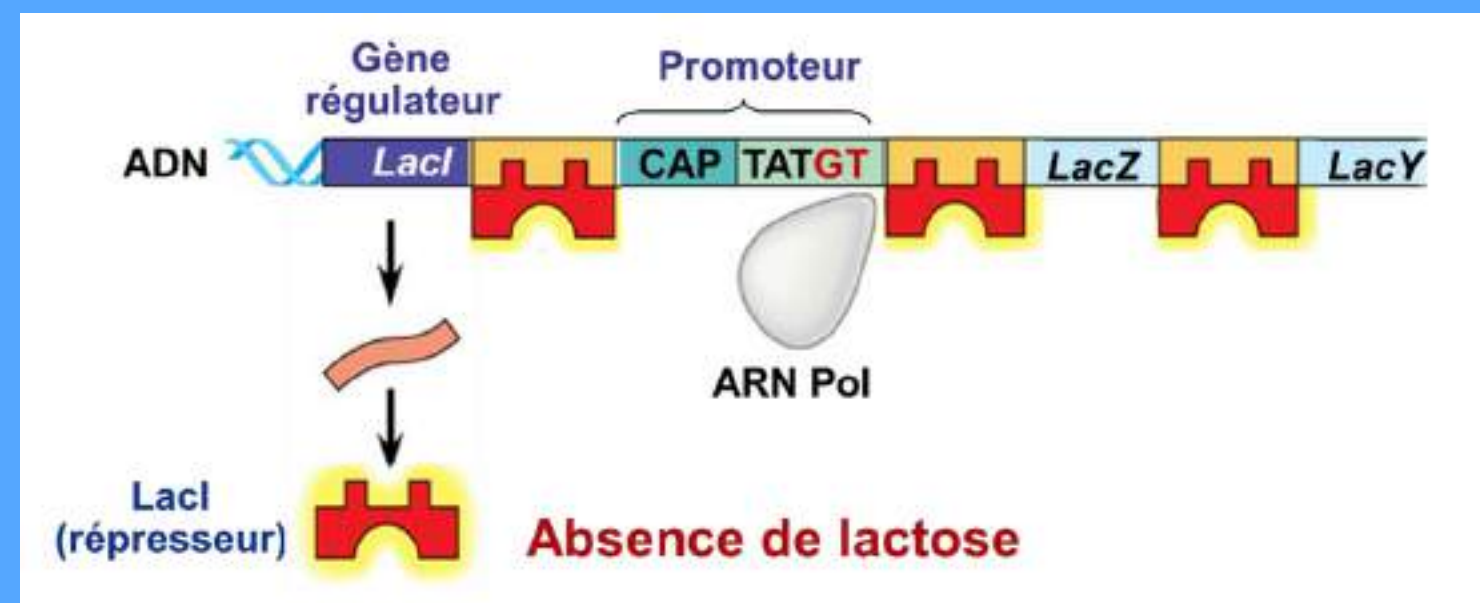


# RÉGULATION DE L'OPÉRON LACTOSE :

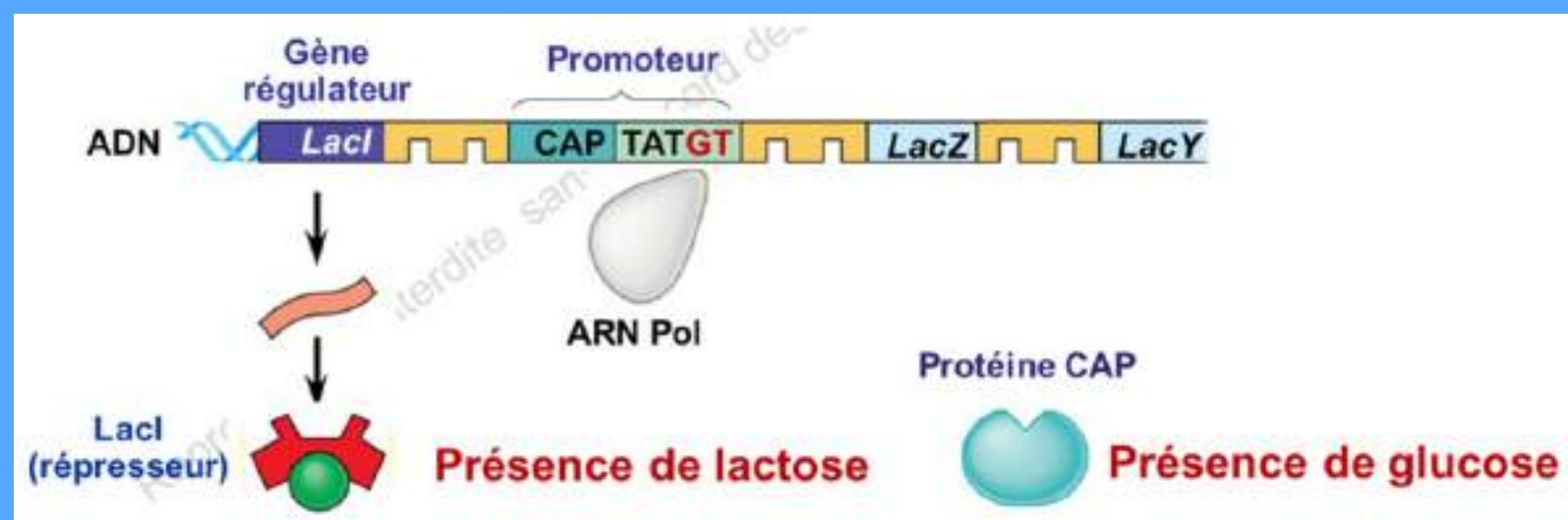
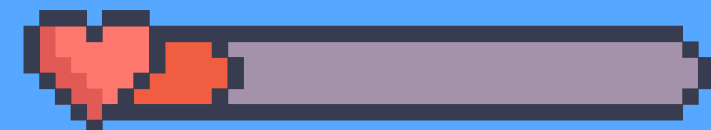


En absence de **glucose**, la protéine CAP va pouvoir fixer l'AMP cyclique et passer dans une conformation **active**. Elle pourra alors ainsi se lier à sa séquence cible sur le promoteur et stabiliser l'ARN polymérase. On va pouvoir ainsi distinguer trois états transcriptionnels de l'opéron.

En l'**absence de lactose**, l'opéron va être dans un état **réprimé**. La protéine *LacI* est en effet dans une conformation qui lui permet de se fixer aux séquences opératrices et d'enfermer le promoteur, bloquant ainsi la fixation de l'ARN polymérase et la transcription.



# RÉGULATION DE L'OPÉRON LACTOSE :

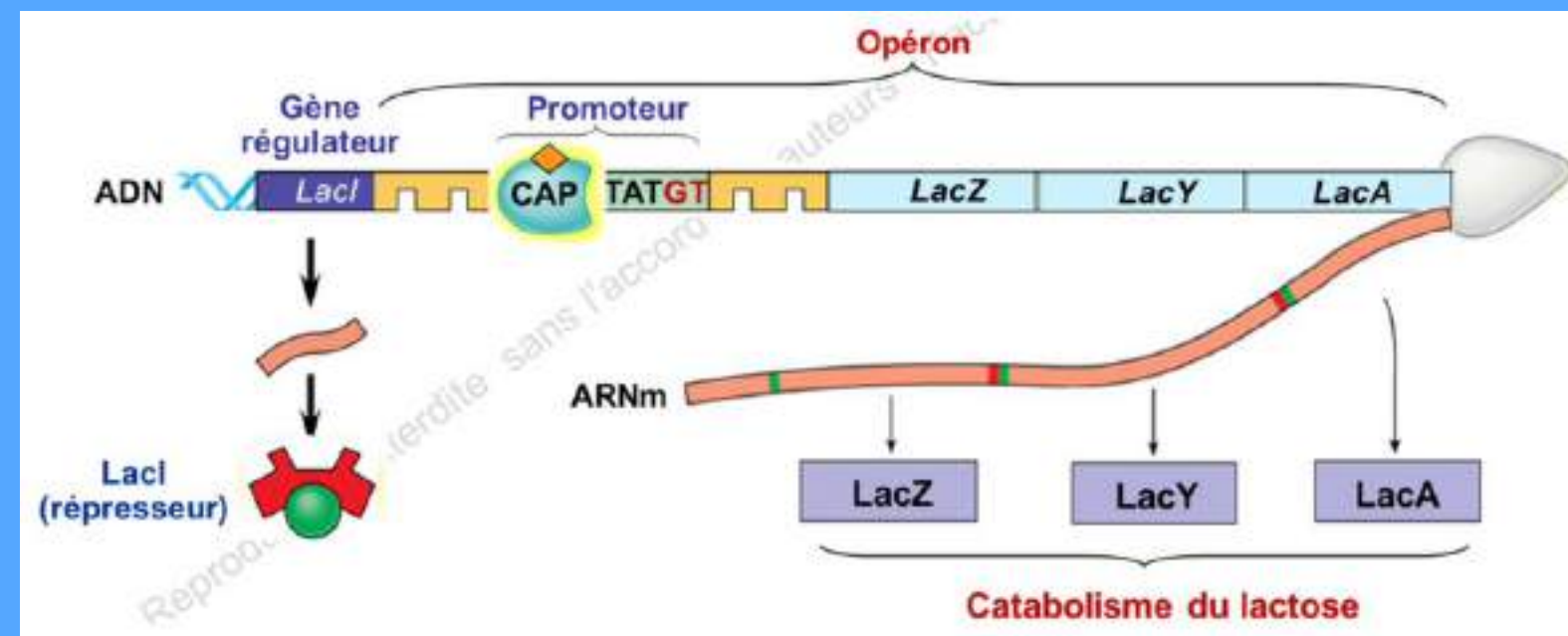


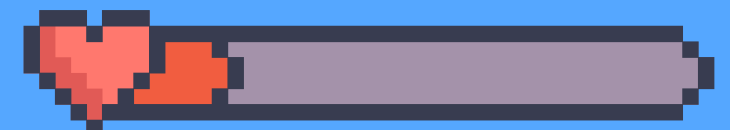
En présence de **lactose et de glucose**, l'opéron va être dans un état **permissif**. En effet, le lactose va jouer son rôle **inducteur**. Il va se fixer au répresseur LacI et changer sa conformation, ce qui l'empêche de se fixer à l'opérateur.

Mais le **glucose** qui est ici présent va jouer un rôle **répresseur**. Il va **empêcher** la production d'AMP cyclique, l'activation de la protéine CAP et sa liaison à sa séquence cible. Ainsi, **l'affinité** de la polymérase pour le promoteur et la transcription restent **faibles**.

Enfin, en présence de **lactose** seul, l'opéron va être dans un état **pleinement activé**. Ici, les effets inducteurs du lactose et de l'AMP cyclique vont s'additionner.

L'AMP cyclique va activer la protéine CAP qui lie le promoteur. Ainsi, la protéine CAP va **stabiliser** l'ARN polymérase.



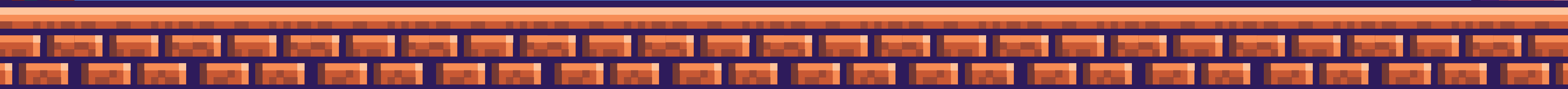
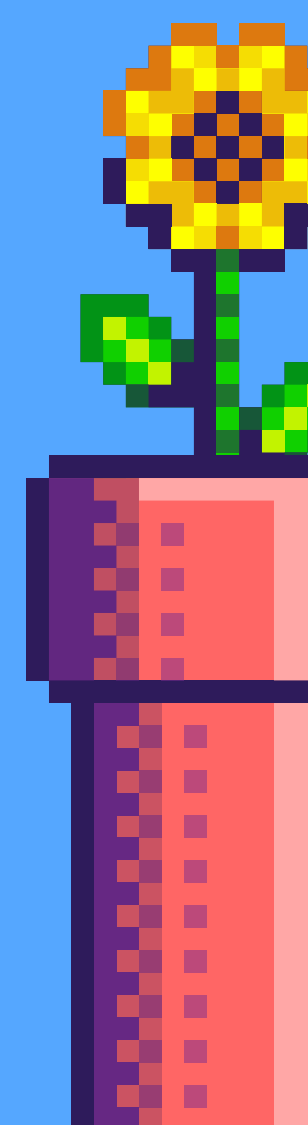
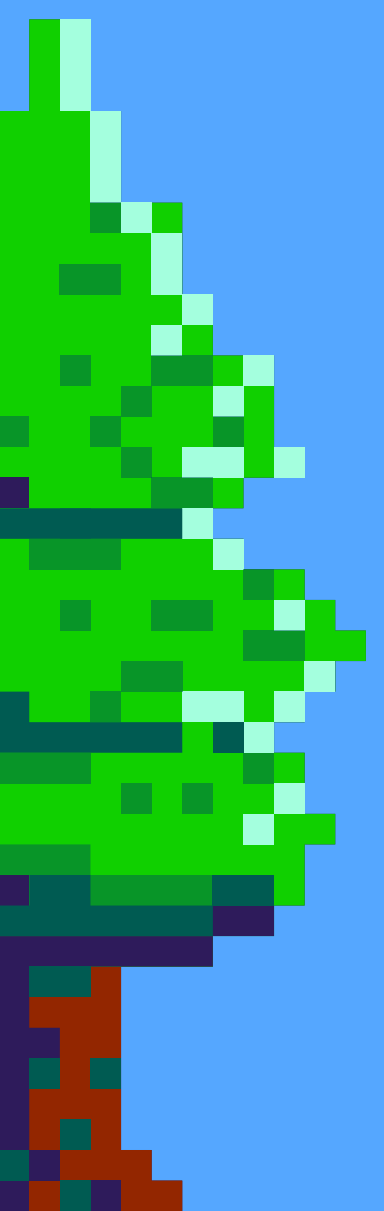


# VRAI OU FAUX :

L'opéron lactose est un opéron répréssible, il est donc impliqué dans les voies ANABOLIQUES.

VRAI

FAUX

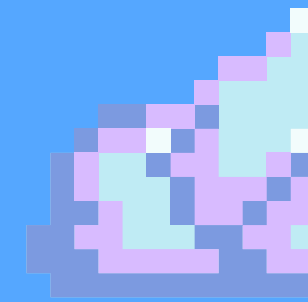




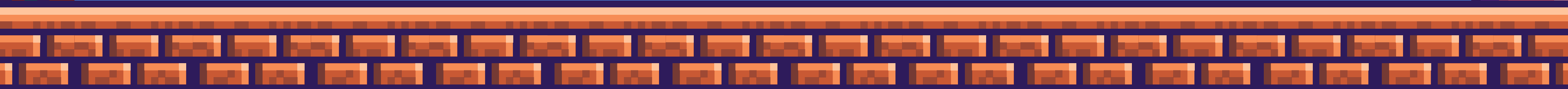
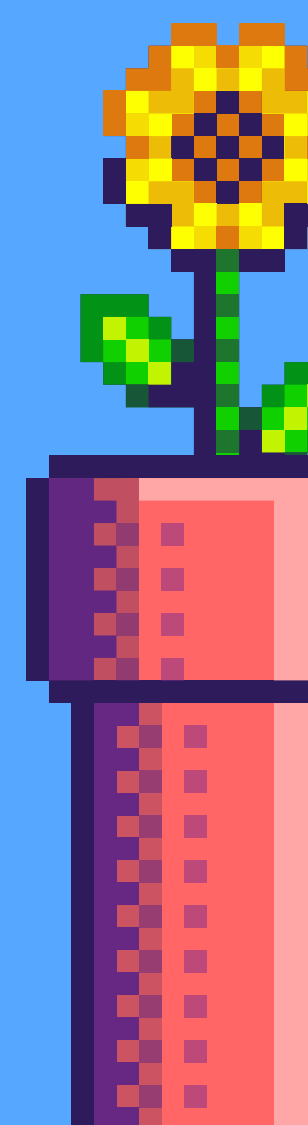
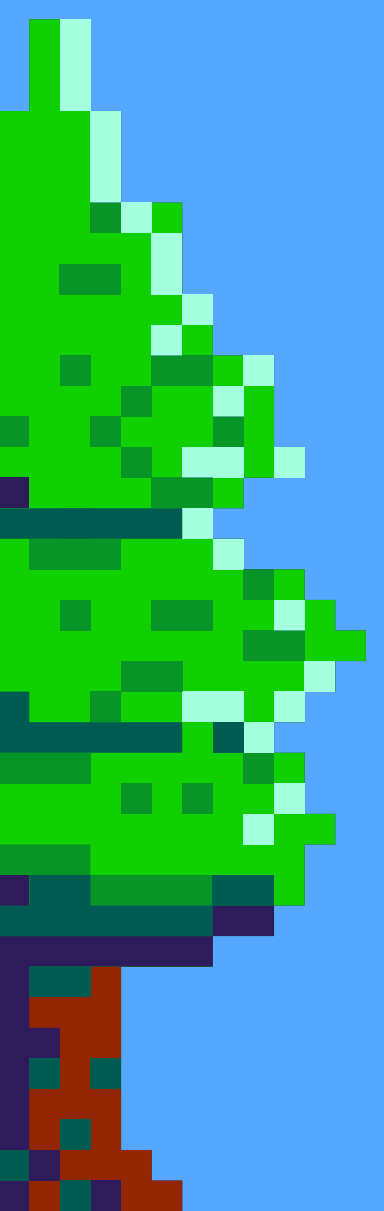
1000



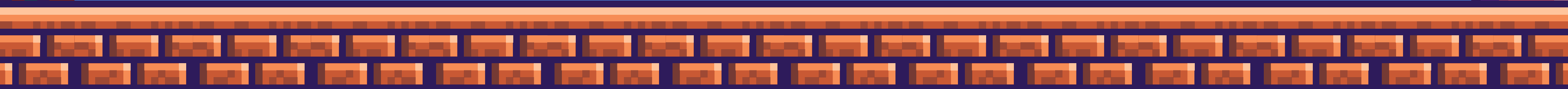
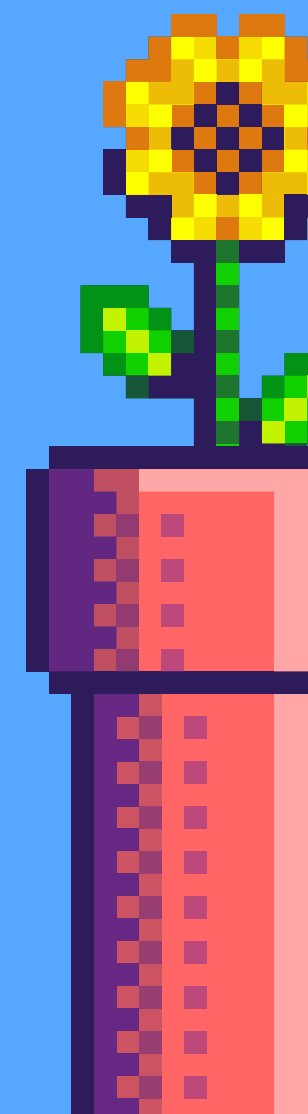
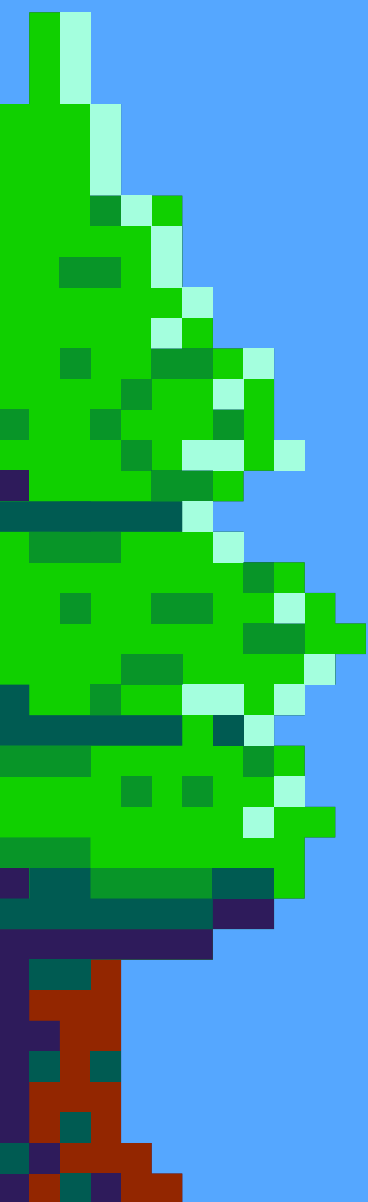
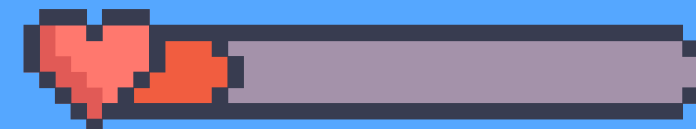
# VRAI OU FAUX :

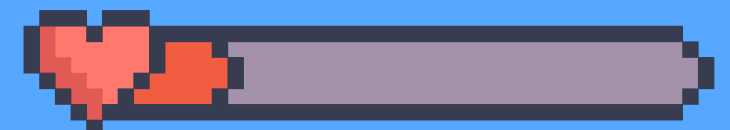


L'opéron ~~lactose~~ **permettant la synthèse du tryptophane** est un opéron répréssible, il est donc impliqué dans les voies ANABOLIQUES.



1000



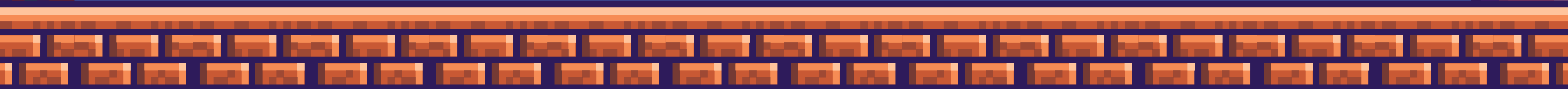
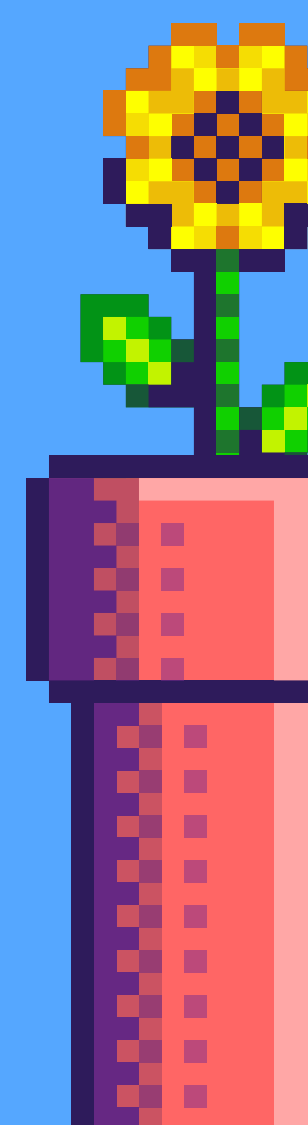
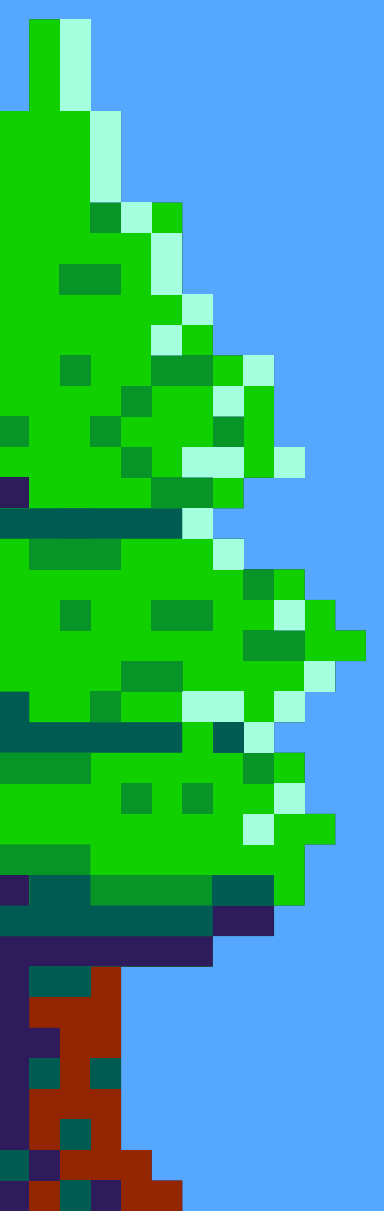


# VRAI OU FAUX :

On distingue trois états transcriptionnels de l'opéron lactose et en présence uniquement de lactose il est dans un état pleinement actif.

VRAI

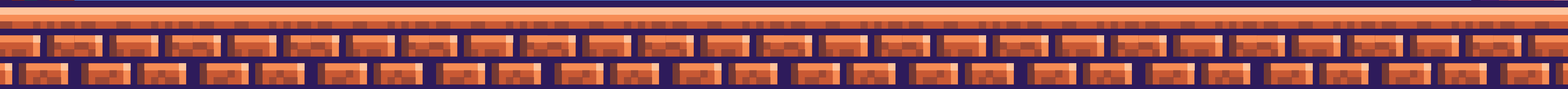
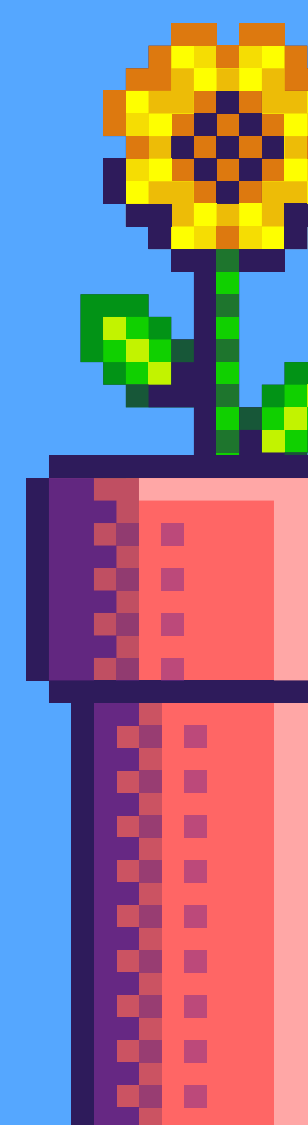
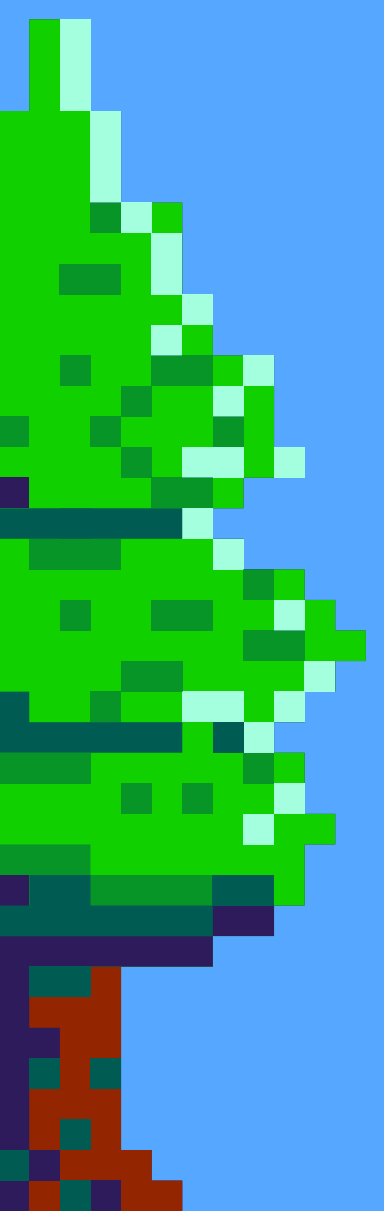
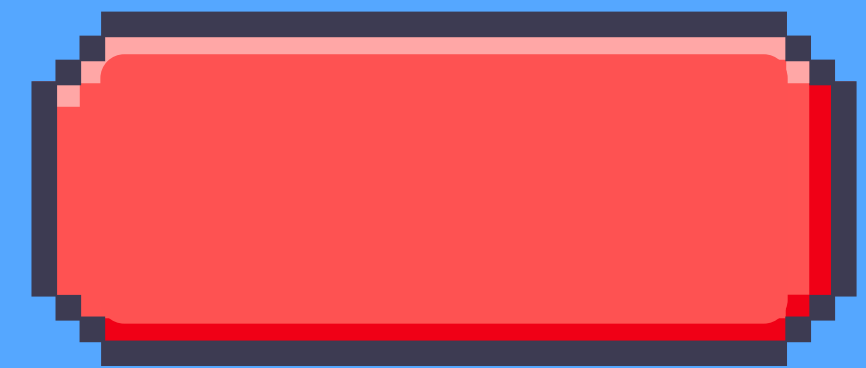
FAUX





# VRAI OU FAUX :

On distingue trois états transcriptionnels de l'opéron lactose et en présence uniquement de lactose il est dans un état pleinement actif.



1000

