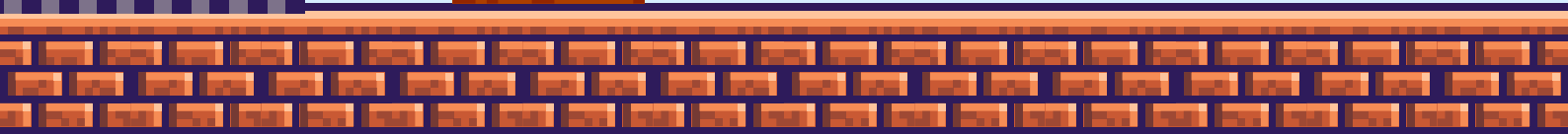
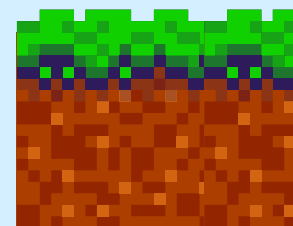
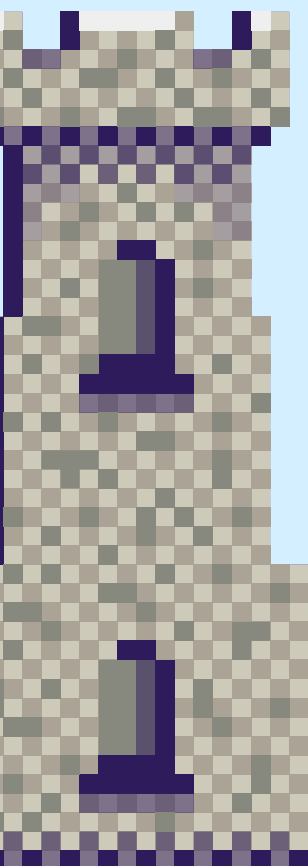




EIOMOL

MODULE 2



SOMMAIRE :

I. Expression des gènes

II. Expression des gènes procaryotes

III. Expression des gènes eucaryotes (*Pas vu ici il faudra attendre la fiche les petits potes*)



I. Expression des gènes

Selon la théorie du **dogme centrale de la biologie moléculaire** énoncée par **Francis Crick** en 1958, le flux de l'information génétique dans la cellule est **unidirectionnel**. Selon cette théorie, l'acide désoxyribonucléique ou **ADN est le substrat biochimique de l'hérédité**.

C'est lui qui contient toutes les **informations** nécessaires à la cellule et il est capable de **s'auto-répliquer** pour assurer la transmission du patrimoine héréditaire.

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**".

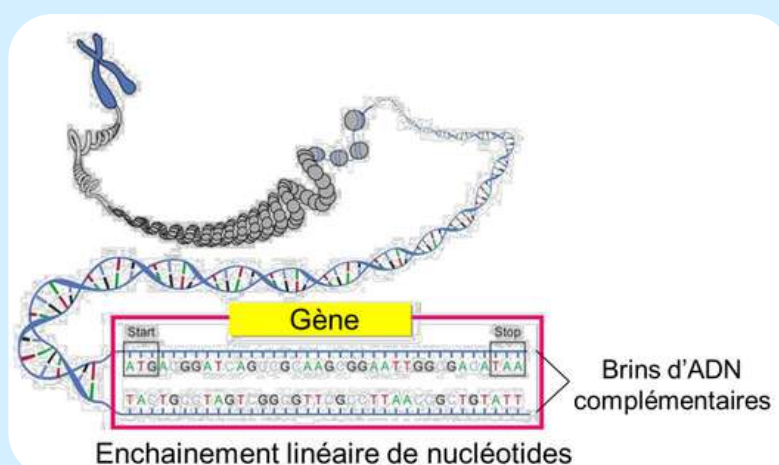
Le génome contient ce que l'on appelle des **gènes codant** et des **gènes non codant**. Ces deux types de gènes vont différer selon le **contenu** de leur information++.

L'information des gènes **codant** va servir à la **synthèse des protéines** et leur séquence de désoxyribonucléotides va être tout d'abord **transcrite** en séquence de ribonucléotides que l'on retrouvera dans l'ARN messager, puis **traduite** en une séquence d'acides aminés pour former une protéine.

Ce type de gène codant va donc subir dans son expression **deux étapes**, une étape de **transcription**, puis une étape de **traduction** ++.

L'information des gènes **non codant**, quant à elle, elle servir uniquement à la **synthèse d'ARNs non codant** comme les ARNs ribosomiaux, les ARNs de transfert, les petits ARNs nucléaires ou nucléolaires.

Elle va donc être **UNIQUEMENT transcrite**. Il n'y aura pas dans son expression d'étape de traduction. *(donc une seule étape pour les gènes non codants)*



Recap :

On retient qu'on a deux types de gènes : codant et non codant

1. Codant : Subit une expression en DEUX étapes → Transcription puis traduction
2. Non codant : Subit une expression en UNE étapes → Transcription **PAS DE TRADUCTION**

La transcription :

L'expression d'un gène codant va débiter 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.

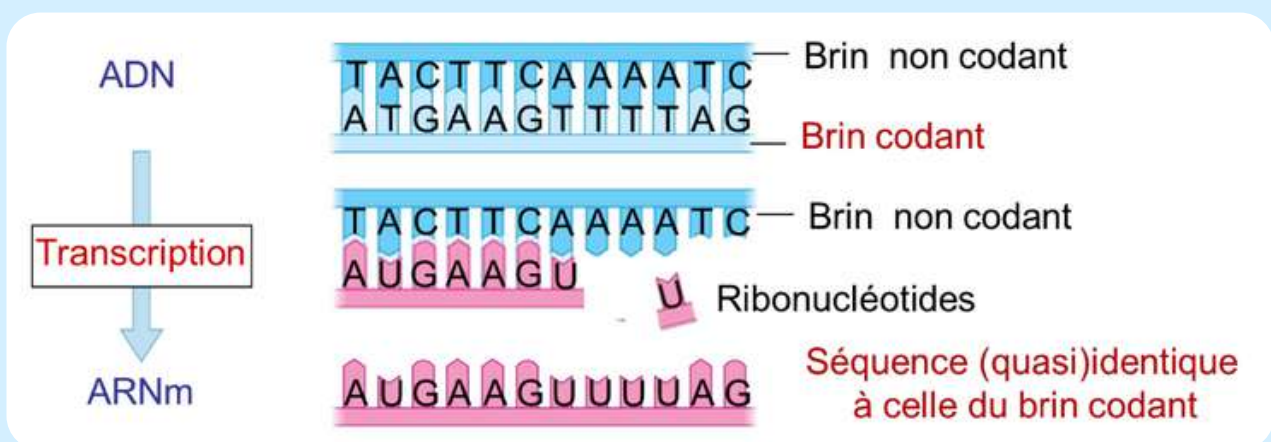
La molécule d'ADN est constituée de **deux brins**. Seul un des brins va contenir l'information qui doit être **retranscrite dans l'ARN messenger**.

L'autre brin ne contient **PAS d'information**.

Le brin qui contient l'information va ainsi être appelé **brin codant**, alors que l'autre brin va être appelé **brin non codant**.

Ce brin (non codant) joue un rôle très important dans la mesure où la transcription repose elle aussi sur le principe de **complémentarité des bases**.

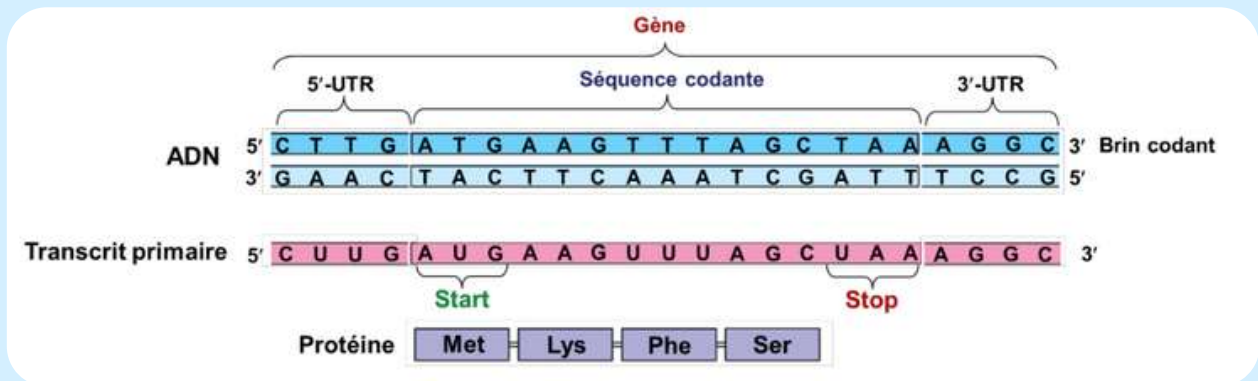
C'est donc le brin **non codant** qui va servir de **matrice** pour transcrire quasiment à l'identique l'information du brin codant dans l'ARN messenger.



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 ++**.

Et l'ARN polymérase va débiter la transcription en **amont** de la séquence codante du gène et l'achever en **aval**. Elle va donc produire un ARN qui est plus grand que celui qui correspond à la séquence codante du gène.

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**.

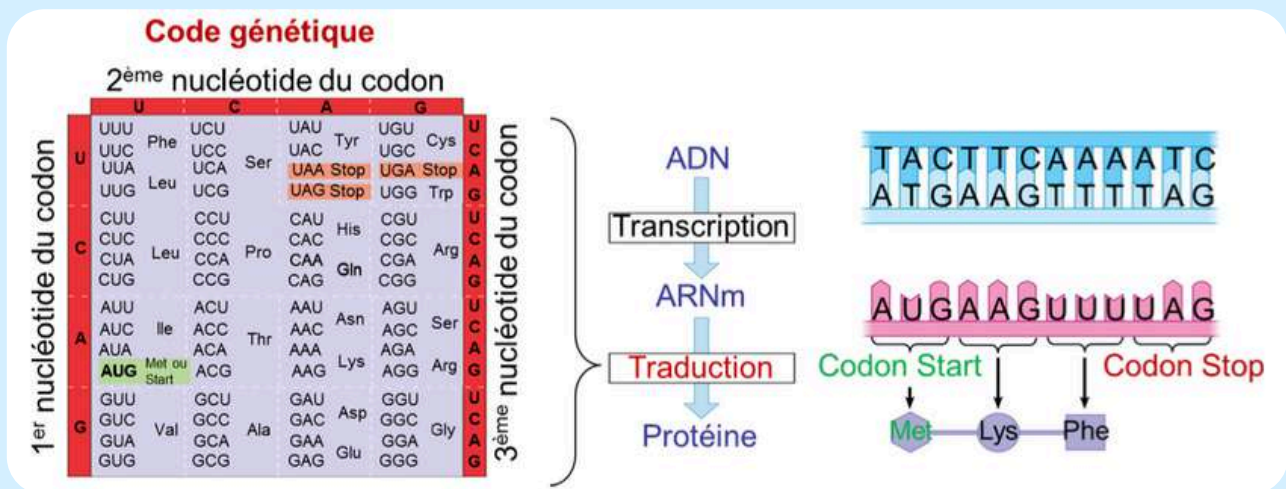


La traduction :

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.



Par recoupement, on peut savoir à quel acide aminé correspond un codon donné. On peut également noter qu'il existe $4^3 = 64$ combinaisons de trois nucléotides pour former un **codon**. En effet, à chaque position d'un triplet, il existe quatre possibilités de base, A, T(U), G ou C. Parmi ces 64 combinaisons, **quatre sont particulières**.

Tout d'abord, le codon **AUG**, qui code pour la **méthionine** initie TOUJOURS la traduction et joue le rôle de codon **Start**. Il est à noter que ce codon peut également se retrouver ailleurs dans la séquence d'un ARN messenger, où il prendra alors le même sens.

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.



Le code génétique possède certaines caractéristiques :

Caractéristiques :	Pourquoi ? :
Quasi-universel	La plupart des espèces vivantes utilisent exactement la même correspondance entre codons et acides aminés. (rares exceptions, à savoir chez les mitochondries, par exemple, qui reposent sur le sens de quelques codons).
Non chevauchant	Chaque nucléotide de l'ARN messager ne peut appartenir qu'à un seul codon . Grâce à cela, l'ARN messager va être décodé selon un cadre de lecture qui est fixe et précis.
Non ambigu	Un codon donné doit toujours correspondre au même acide aminé.
Dégénéré	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, à l'exception de la méthionine et du tryptophane .

La notion de **cadre et de lecture** est indispensable pour comprendre comment s'effectue la traduction. En théorie, il existe **trois cadres de lecture** pour déchiffrer la séquence de l'ARN messager.

Chacun de ces cadres correspond à une lecture des nucléotides de l'ARN messager **trois par trois**, et ces cadres sont décalés les uns par rapport aux autres d'un nucléotide. Leur décodage aboutirait à des **protéines différentes**.

Le cadre qui va être utilisé est appelé cadre de lecture ouvert ou **ORF** (Open Reading Frame) et est celui qui va utiliser le codon initiateur, le **codon Start** qui code pour la **méthionine**,

Ce cadre est reconnu grâce au ribosome qui va reconnaître une séquence spécifique, celle-ci étant **différente** chez les **procaryotes** où elle est appelée séquence de **Shine-Dalgarno** et chez les **eucaryotes**, où elle est alors appelée séquence de **Kozak**.



La dégénérescence du code génétique :

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



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

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

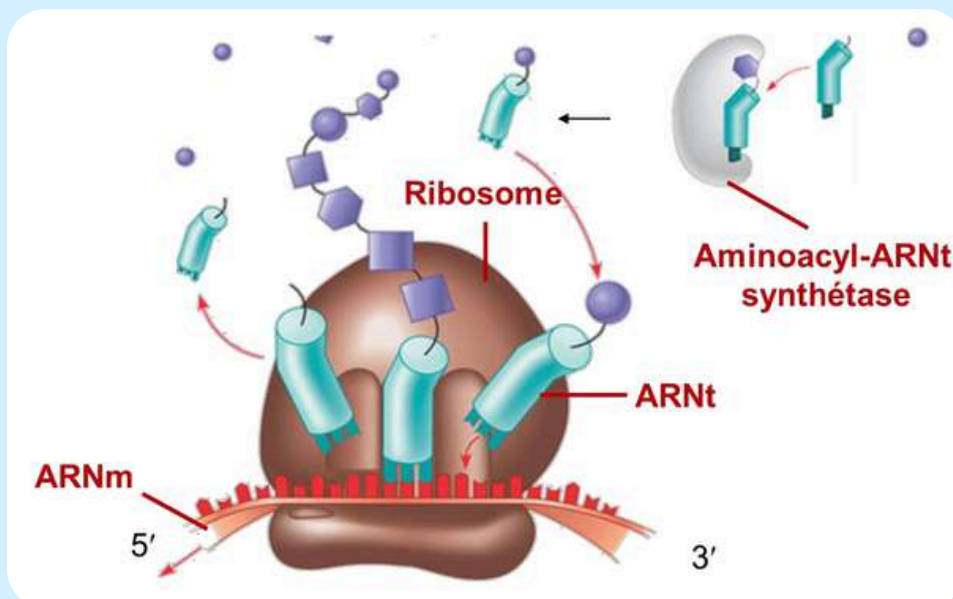


Les acteurs de la traduction :

C'est un processus qui va faire intervenir différents acteurs. Certains vont jouer un rôle structural et d'autres un rôle enzymatique.

ARN messenger (ARNm)	Contient les instructions pour la synthèse de la protéine,
ARNs de transfert (ARNt)	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.
Aminoacyl-ARNt synthétases	Enzymes qui vont fixer les acides aminés sur les ARNs de transfert
Ribosomes	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 liaisons peptidiques pour former la protéine.

Ce sont les ARNs de transfert qui vont apporter les acides aminés au ribosome. Ce sont des molécules qui sont formées d'une tige dite acceptrice et de trois boucles.

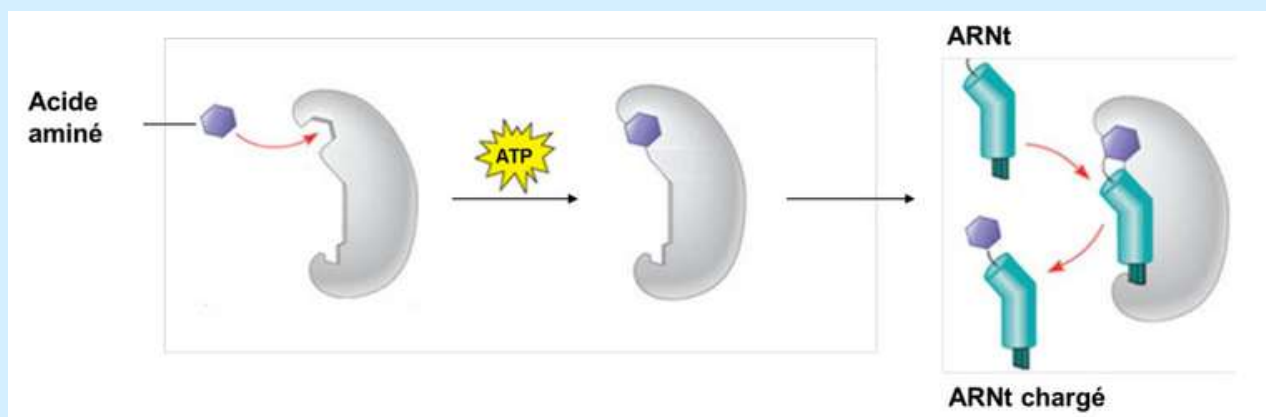


Les aminoacyl-ARNt synthétases sont un autre acteur très important de la traduction. En effet, ce sont elles qui vont venir fixer de façon très spécifique les acides aminés aux ARNs de transfert.

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**.

Elle va pouvoir être ensuite capable de le fixer non pas sur un, **mais sur plusieurs ARNs** de transfert qu'on va appeler des ARNs de transfert isoaccepteurs.

(Les gars c'est important de bien comprendre ici que les aminoacyl-ARNt synthétases sont spécifiques à 1 seul acide aminé mais peuvent fixer cet acide aminé a plusieurs ARN de transfert)



Par ailleurs, ces **enzymes** ont la particularité de posséder elles aussi, comme les polymérases, 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.



Il existe une particularité dans le déchiffrage du code génétique, qu'on appelle le **wobble**. Le wobble est un **appariement flexible** qui va se produire entre les codons de l'ARN messager 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**. En effet, 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**.

L'intérêt du wobble, c'est qu'il va permettre à **l'anticodon d'un ARN de transfert** de s'apparier avec plusieurs codons qui spécifient le même acide aminé, c'est à dire des codons synonymes, et ainsi de réduire le nombre d'ARNs de transfert qui seront nécessaires pour la traduction.

Vue simplifiée des règles du Wobble

Anticodon (1 ^{ère} base)	Codon (3 ^{ème} base)
A	U
C	G
U	A ou G
G	C ou U
I	A, U ou C



Le 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

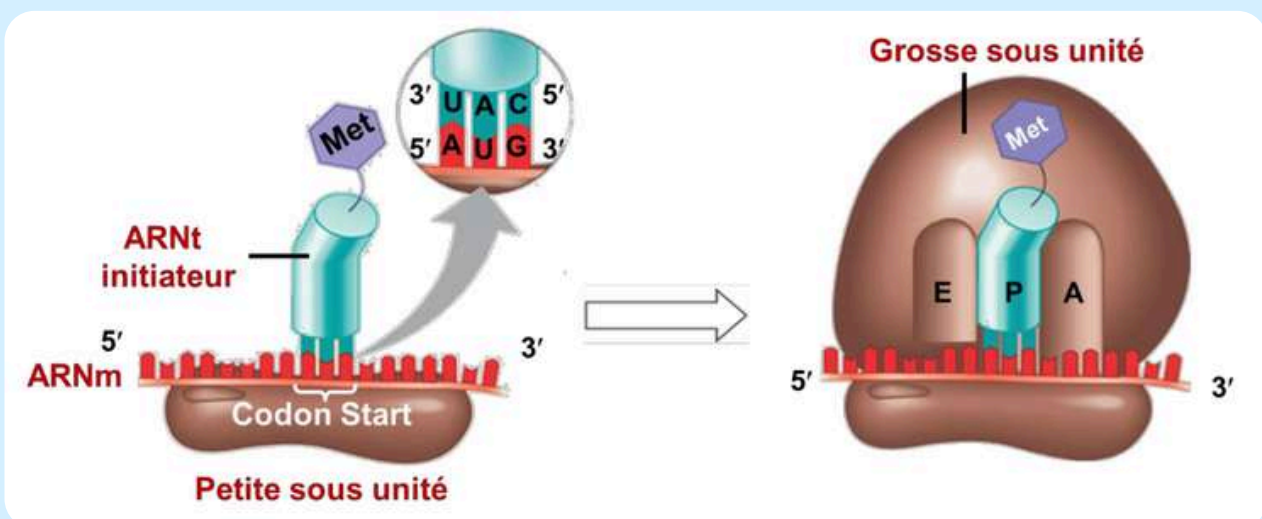
La phase d'initiation :

Cette phase va aboutir à l'assemblage du ribosome complet sur l'ARN messager 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 messager**. Ce complexe va se former à deux endroits différents chez les procaryotes et chez les eucaryotes.

Il va se former directement au niveau du codon Start chez les procaryotes, mais va se former bien en amont chez les eucaryotes.

La deuxième étape de l'initiation de la traduction va correspondre à la **phase d'assemblage du ribosome complet au niveau du codon Start**.



La phase d'élongation :

La phase d'élongation va ensuite correspondre au **déplacement du ribosome sur l'ARN messager** 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" :

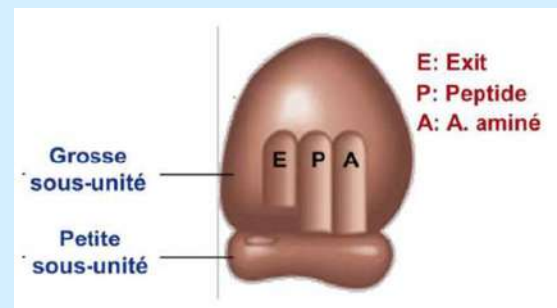
Celle par laquelle un ARN de transfert chargé de son acide aminé va pénétrer à l'intérieur du ribosome.

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.



Tut'tips

Pour ne pas me tromper je me disais :

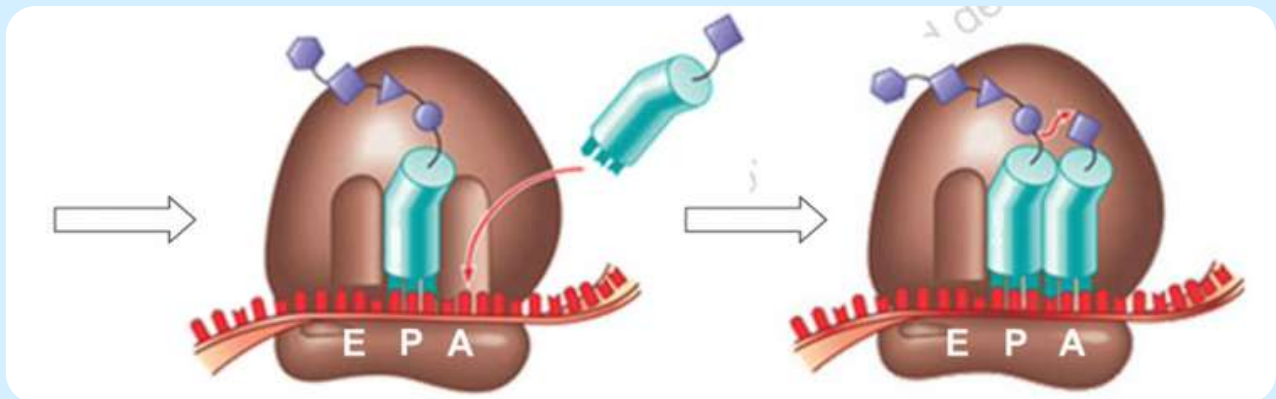
A comme **arrivé**

P c'est celui du milieu c'est celui où le peptide est de **Passage**

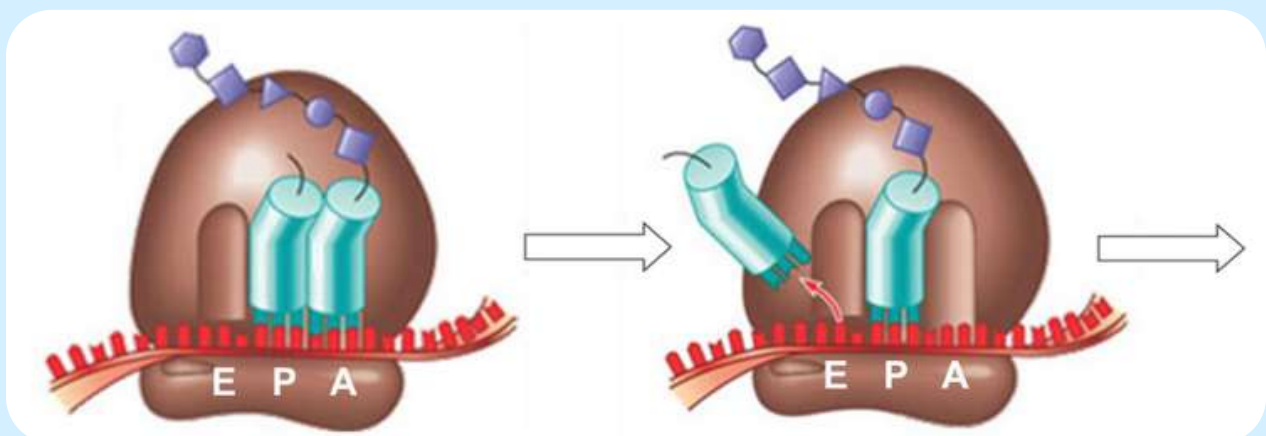
et **E** je pensais à **éjecter** (**exit** marche aussi)

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**.

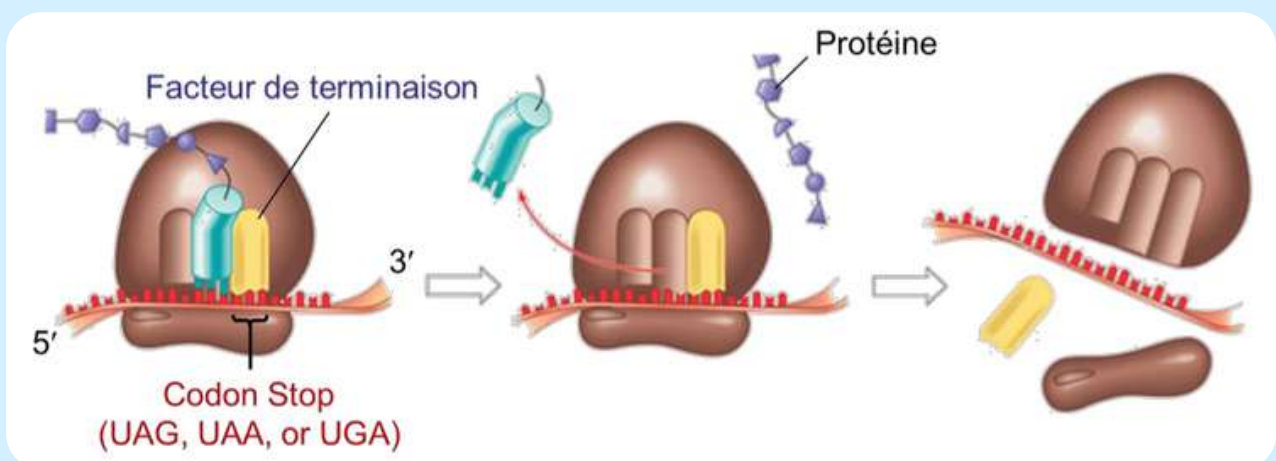


La phase de terminaison :

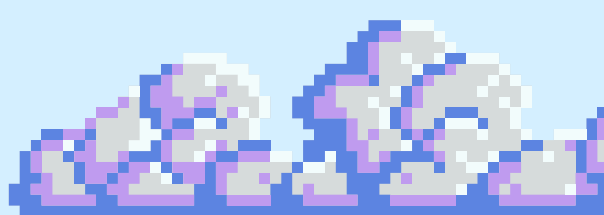
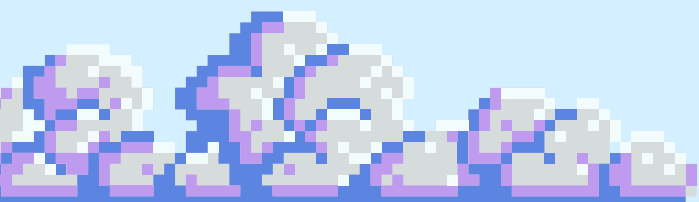
La phase de terminaison va tout simplement correspondre à la fin de la traduction qui se produit au niveau du codon Stop avec libération de la protéine complète.

⚠ 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.

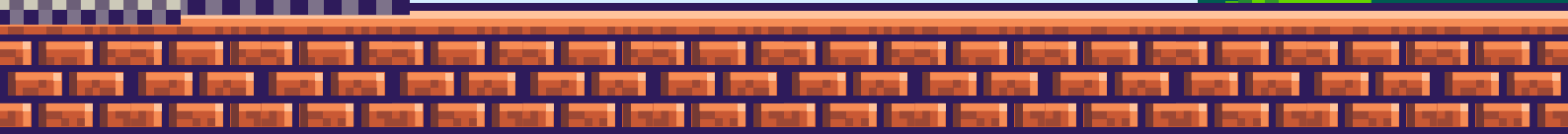
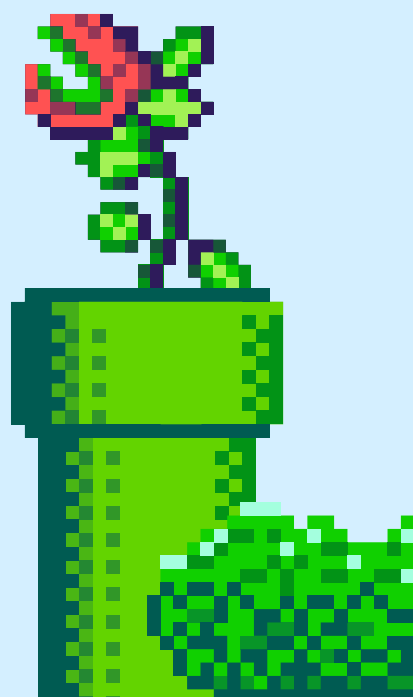
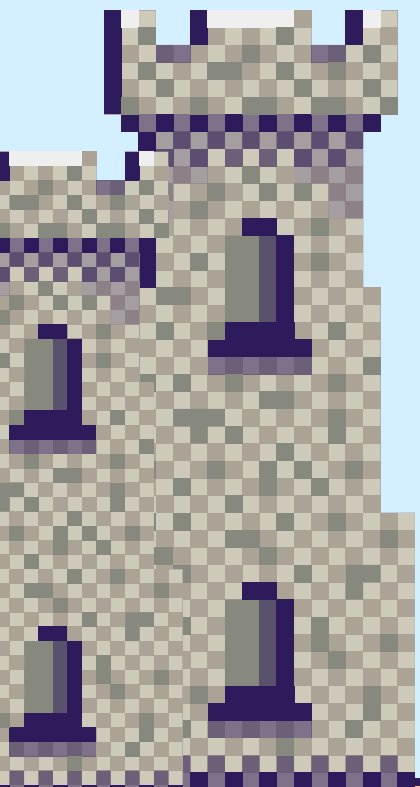
Celle-ci va donc pénétrer au niveau du site A du ribosome, ce qui va avoir pour conséquence que la protéine va être libérée et que le ribosome va se **dissocier** pour participer éventuellement à un autre cycle de traduction.



La dernière notion qu'il faut avoir à l'esprit, c'est qu'un ARN messager va être traduit de façon **simultanée** par de **nombreux ribosomes**.



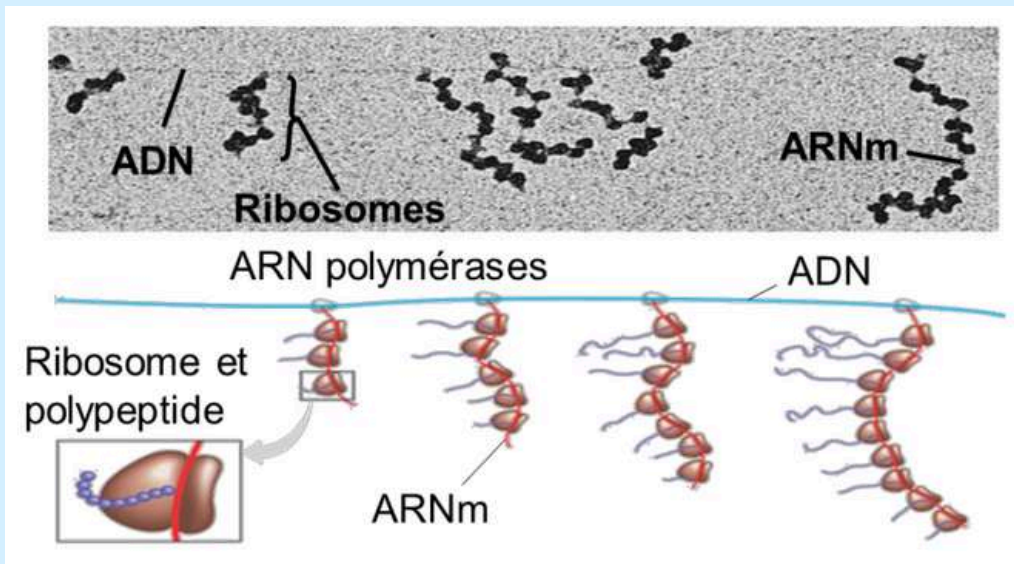
PAUSE TIME



II. Expression des gènes procaryotes

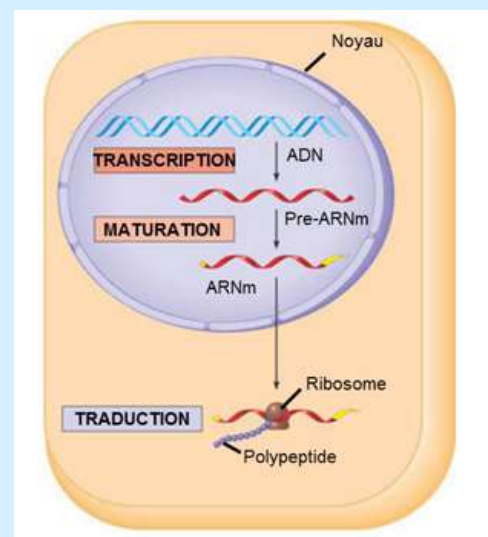
Nous avons vu que l'expression des gènes se déroulait en **deux étapes**, la **transcription**, puis la **traduction**.

En réalité, cette distinction n'est pas si nette chez les **procaryotes** du fait de l'absence de noyau. En effet, chez les procaryotes, **la transcription et la traduction vont pouvoir être simultanées**.



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

En effet, l'ARN messager 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.



Chez les procaryotes :

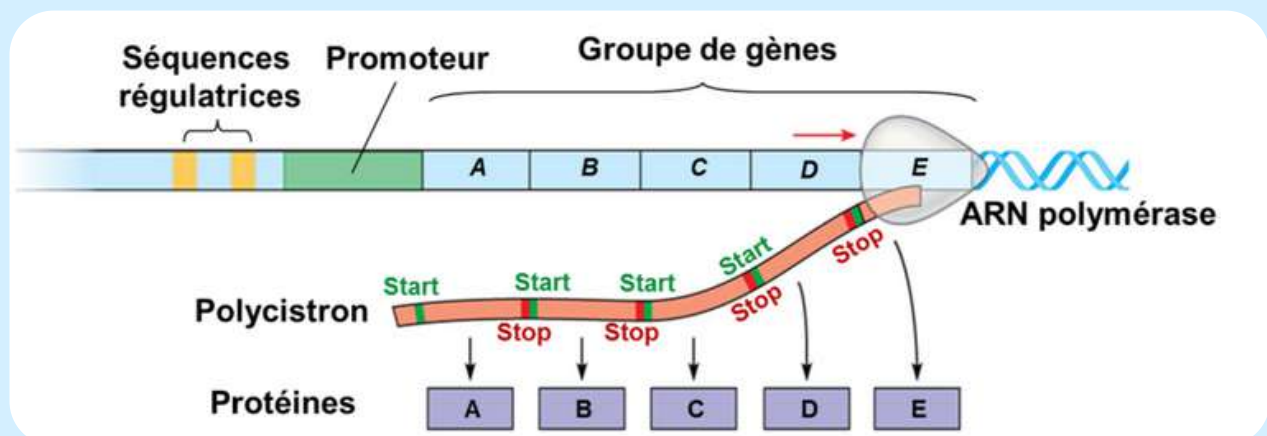
Les gènes procaryotes est d'être organisés sous la forme **d'opérons** et d'être **compacts ++**. Un opéron est un **regroupement de gènes** qui vont être soumis à une **régulation commune**.

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 messager qu'on appelle un **polycistron** et qui sera **immédiatement mature**.

C'est cette organisation qui explique et autorise la simultanéité de la transcription et de la traduction chez les procaryotes.



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.

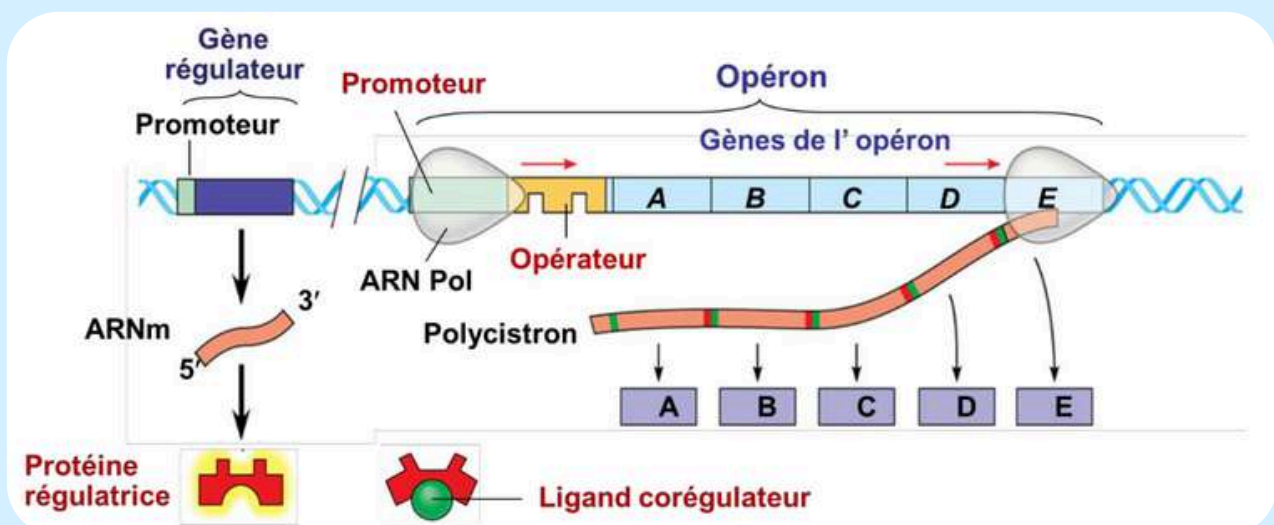
Le plus fréquemment retrouvé dans les gènes est celui qu'on appelle la **TATA box**, constituée par la séquence **TATAA**.

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 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.



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

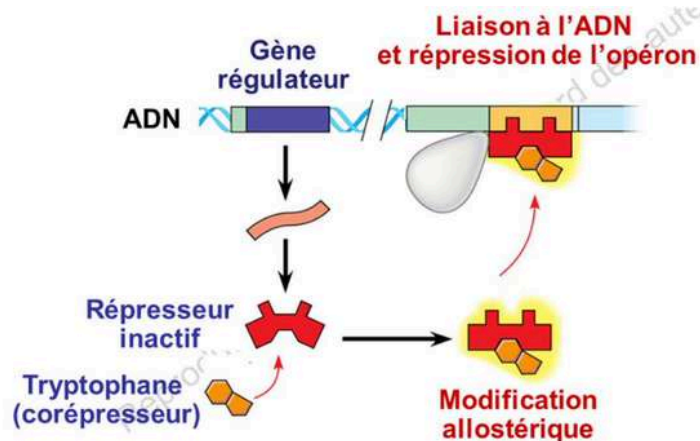
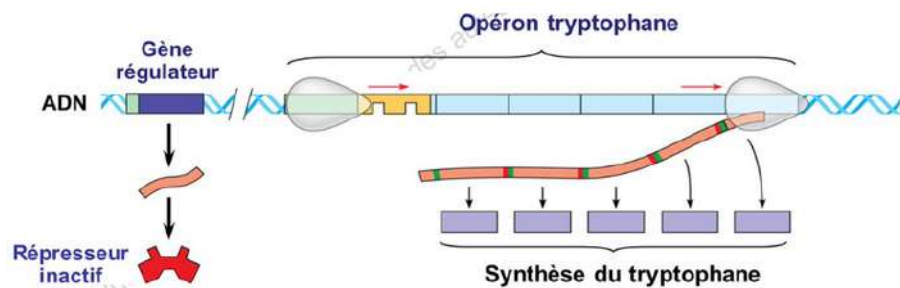
Opéron répressible

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**.



Opéron inductible

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

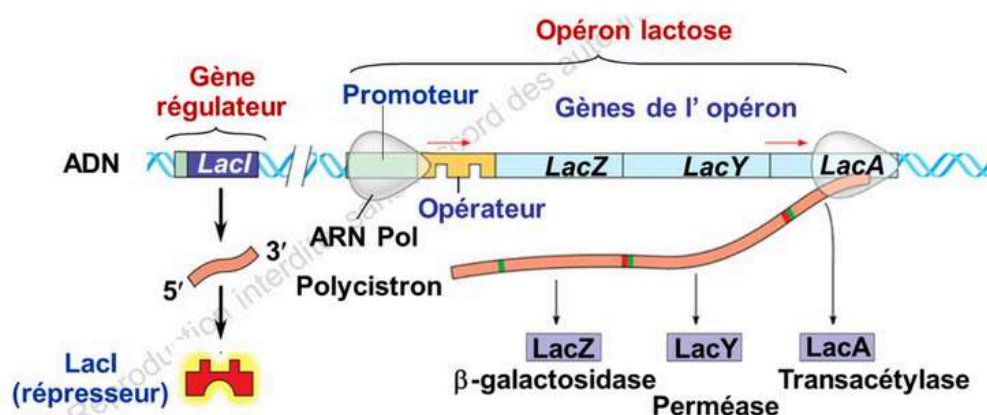
Ce type d'opéron contient généralement des gènes impliqués dans une voie **CATABOLIQUE** permettant la **dégradation** d'une molécule, comme par exemple l'opéron qui permet de catabolisme du **lactose**.

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'expriment**.

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.

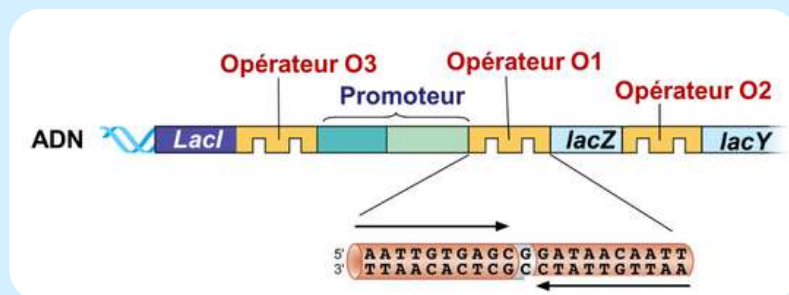


Le gène *LacI* situé à distance code pour un répresseur de la transcription de l'opéron. Cette protéine appelée *LacI* va réprimer de façon constitutive l'expression de l'opéron. En effet, elle est capable de se fixer aux séquences opératrices et de bloquer le passage de l'ARN polymérase.

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. Ces séquences ont la particularité de pouvoir se lire dans les deux sens et de constituer un palindrome presque parfait.

Ainsi, chacune est constituée d'une séquence répétée quasi-identique sur les deux brins, la séquence de chaque brin formant ainsi un motif de fixation spécifique pour un monomère de la protéine *LacI*.

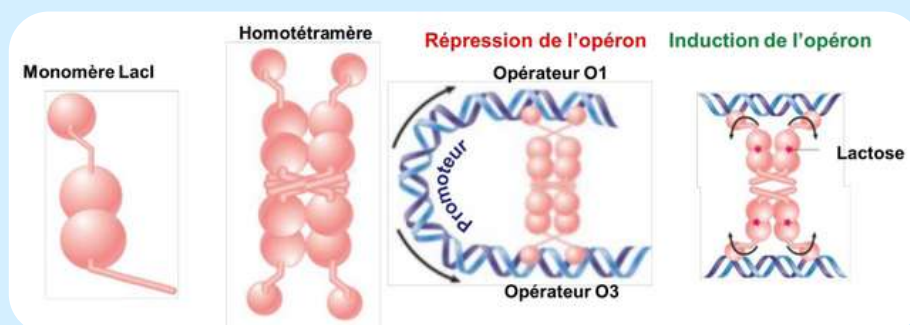


Au final, chaque opérateur va pouvoir fixer deux monomères de la protéine *LacI*. Ainsi, la protéine *LacI* va réprimer l'opéron en se fixant aux séquences opératrices. Elle va exercer cette répression sous la forme d'un **homotétramère**.

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**.

La protéine *LacI* possède également un domaine de liaison du **lactose**. 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.



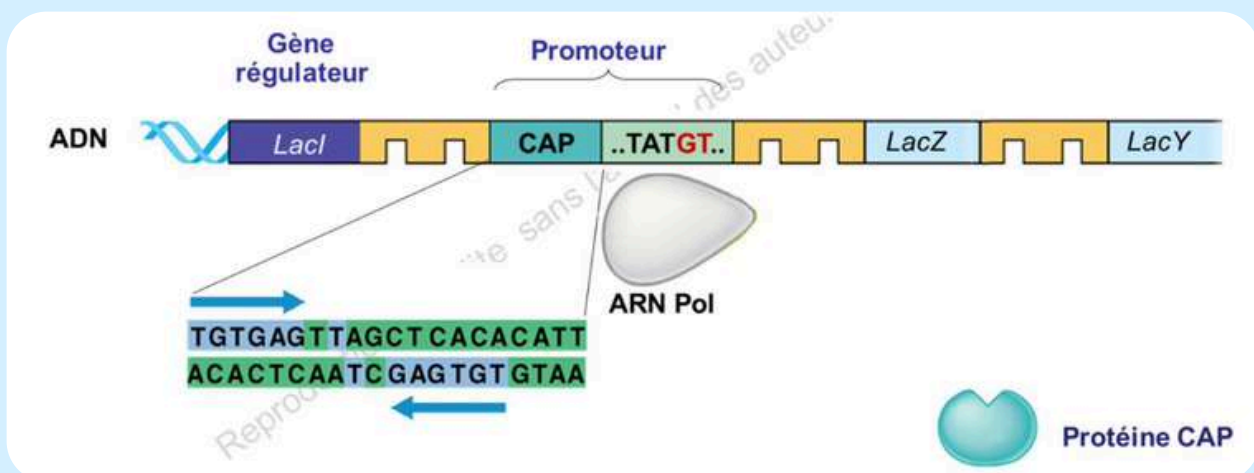
Deux autres éléments vont participer à la régulation de l'opéron. Il s'agit tout d'abord de la **séquence CAP** qui est située en amont de la TATA box. Cette séquence est un élément **cisrégulateur** de l'opéron.

Cette séquence CAP va constituer un motif de fixation pour une protéine qui **facilite** la liaison de l'ARN polymérase au promoteur.

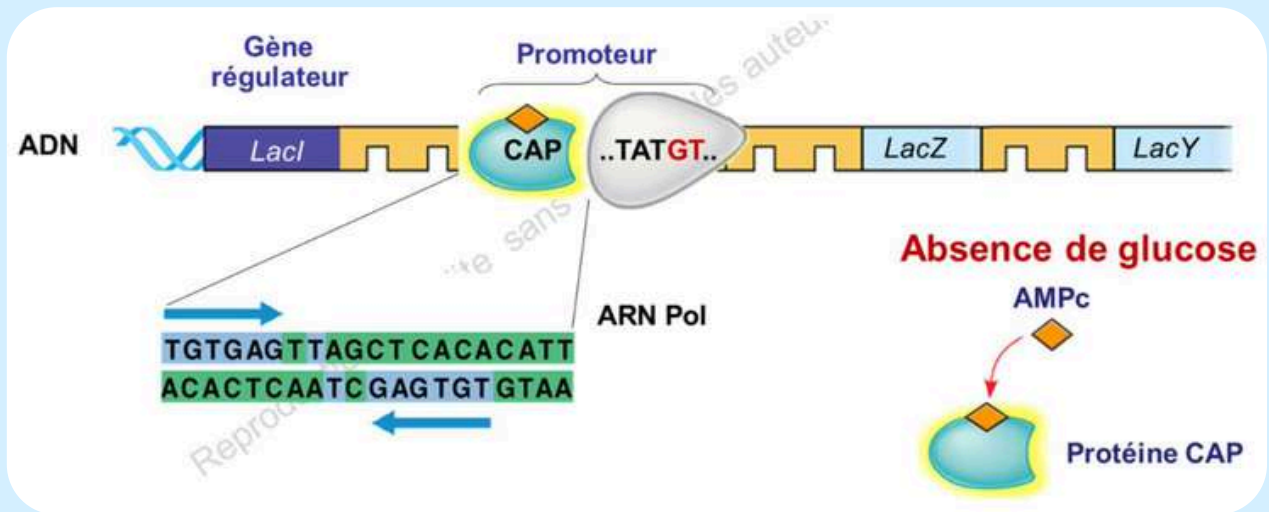
En effet, la **polymérase** a une **affinité faible pour son promoteur** et elle doit être **stabilisée**, car la séquence de la TATA box du promoteur est imparfaite (TATGT par rapport à la séquence de référence TATAA).

La séquence CAP est constituée de **deux séquences répétées inversées** qui peuvent chacune 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**.

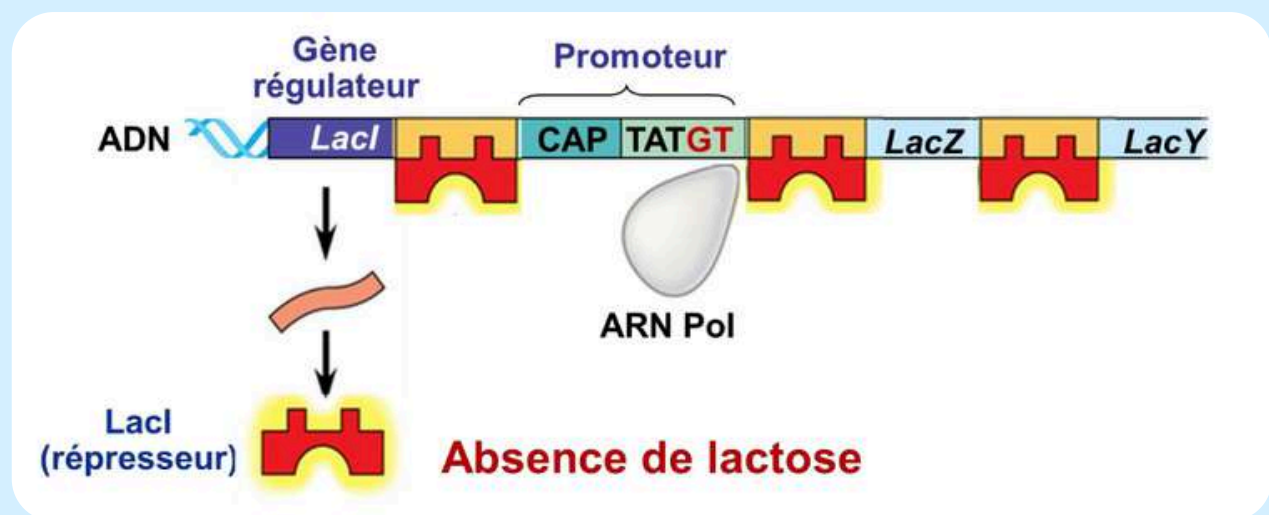


Ainsi, en absence de **glucose**, la protéine CAP va pouvoir fixer l'AMP cyclique et passer dans une conformation **active**. Elle pourra alors ainsi se lier à sa séquence cible sur le promoteur et stabiliser l'ARN polymérase.



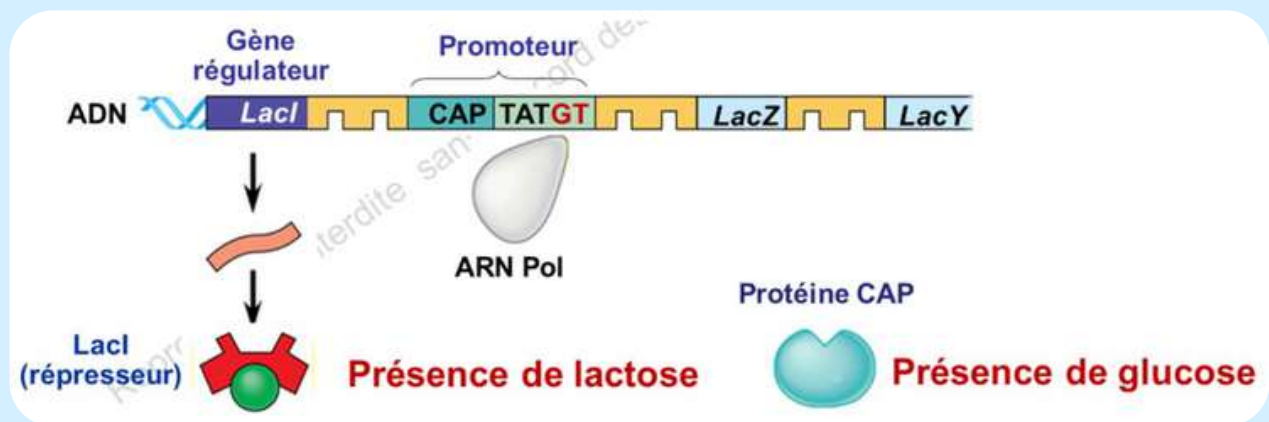
En résumé, on va pouvoir ainsi distinguer **trois états transcriptionnels de l'opéron**.

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.



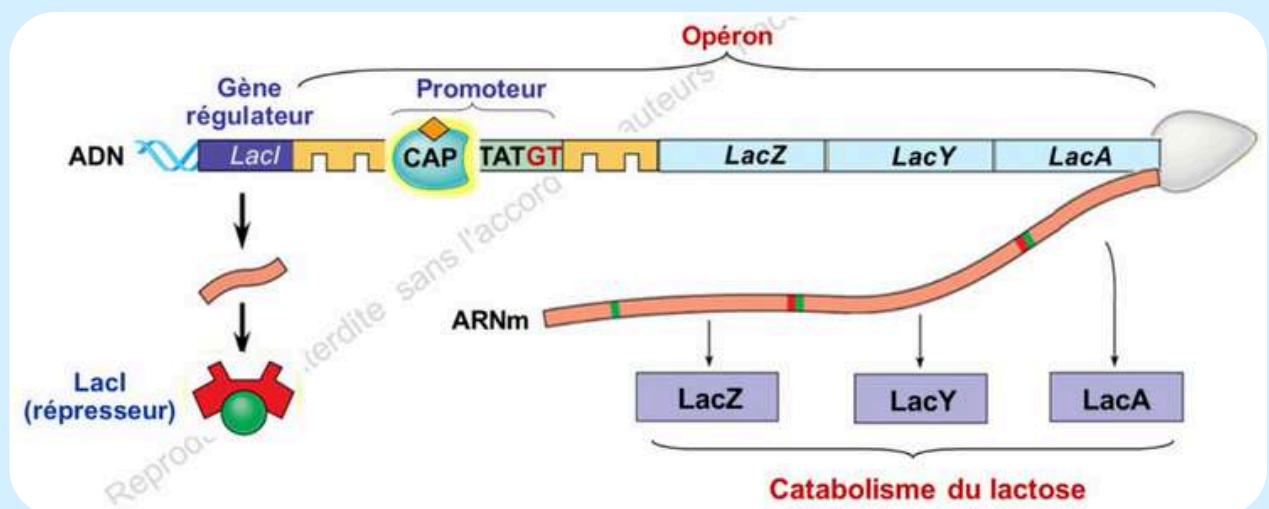
En présence de **lactose et de glucose**, l'opéron va être dans un état **permissif**. En effet, le lactose va jouer son rôle **inducteur**. Il va se fixer au répresseur LacI et changer sa conformation, ce qui l'empêche de se fixer à l'opérateur.

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. Le lactose va se fixer au répresseur et l'empêcher de se lier à l'opérateur.

L'AMP cyclique va activer la protéine CAP qui lie le promoteur. Ainsi, la protéine CAP va **stabiliser** l'ARN polymérase, laquelle transcrit de façon **optimale** les gènes de l'opéron, activant ainsi le catabolisme du lactose.



Bravo les petits potes c'est la fin de ce cours.

Le module 2 n'est pas complet ici, mais vous avez déjà bien avancé !

Je sais que l'année est intense et que, parfois, on doute de soi ou de ses capacités à passer en P2.

Gardez confiance : vous en êtes capables, alors ne lâchez rien (faites des qcm +++).

Si quelque chose n'est pas clair, posez vos questions, il n'existe pas de question bête.

Et surtout, prenez soin de vous : dormez suffisamment, mangez correctement, et accordez-vous de vraies pauses +++.

