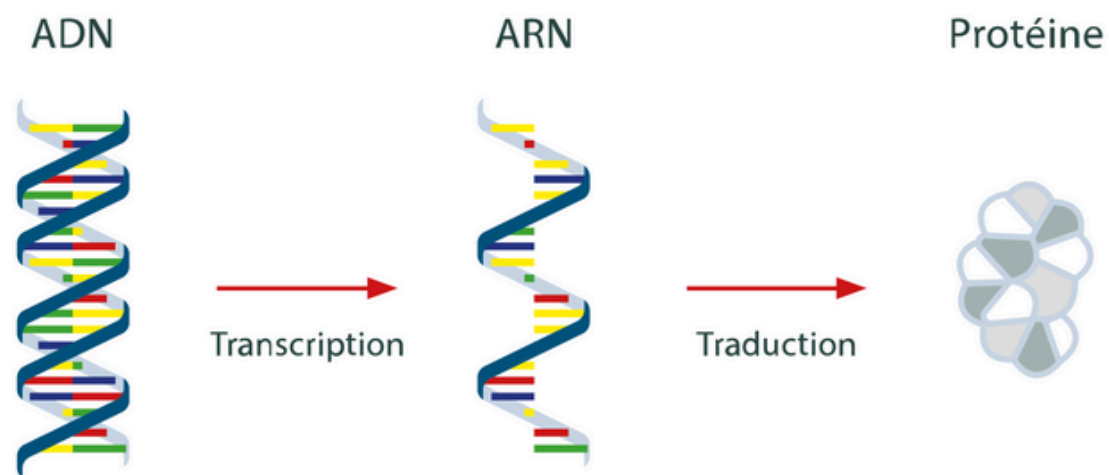


LÉCTURE 2A



Objectifs :

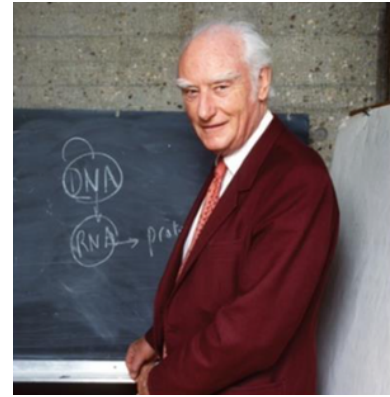
Connaître le principe général, les **acteurs** et les **étapes** de l'expression des gènes.

Connaître les **caractéristiques** du code génétique.

Savoir définir les notions de **cadre de lecture**, de **dégénérescence** du **code** et de **Wobble**.

Connaître les types de **mutations ponctuelles** et les **conséquences** qu'elles peuvent avoir sur le code génétique.

En guise d'introduction à ce module, il nous faut parler de la théorie du **dogme central** de la biologie moléculaire, théorie qui a été énoncée par **Francis Crick** en **1958**.



Selon cette théorie, **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.

L'information génétique contenue dans l'ADN va ensuite être **transcrite** dans un acide ribonucléique, **l'ARN messager**. Comme son nom l'indique, cet ARN messager va jouer le rôle **d'intermédiaire** entre le noyau et les ribosomes auxquels il va délivrer son information.

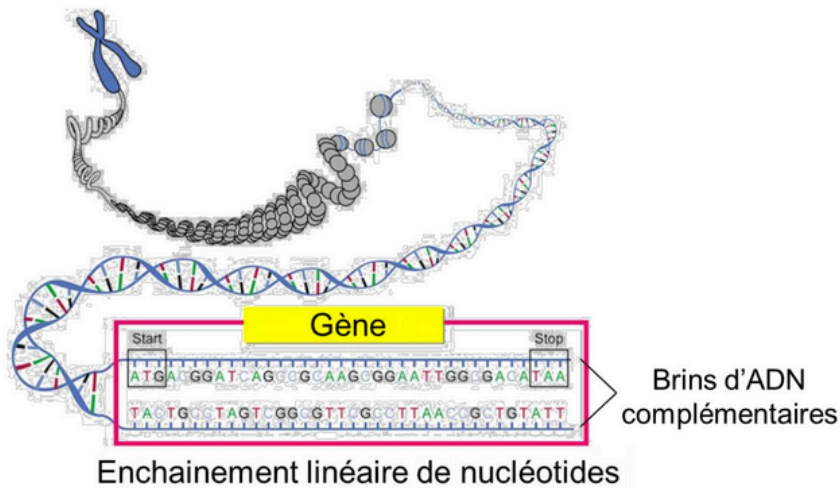
Les **ribosomes** vont ensuite déchiffrer et traduire cette information sous la forme d'une **protéine**.

⚠ Il est à noter que cette théorie simpliste ne prend pas en compte l'existence de cas spéciaux de transferts que l'on connaît aujourd'hui.

Il s'agit par exemple des **transferts rétrograde d'information de l'ARN vers l'ADN** comme on peut l'observer chez les **rétrovirus**, ou encore de la capacité qu'ont certaines plantes ou certains virus à produire de **l'ARN à partir d'ARN**.



Le matériel génétique ou génome 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**". ++



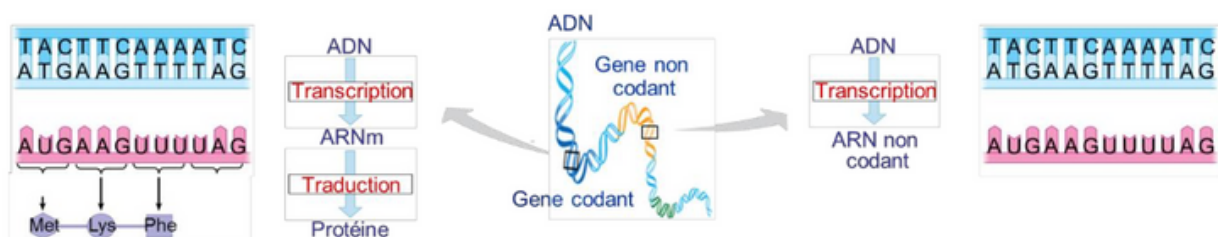
Le génome contient ce que l'on appelle des **gènes codant** et des **gènes non codant**. Ces deux types de gènes vont différer selon le **contenu** de leur information.

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. +++



La transcription :

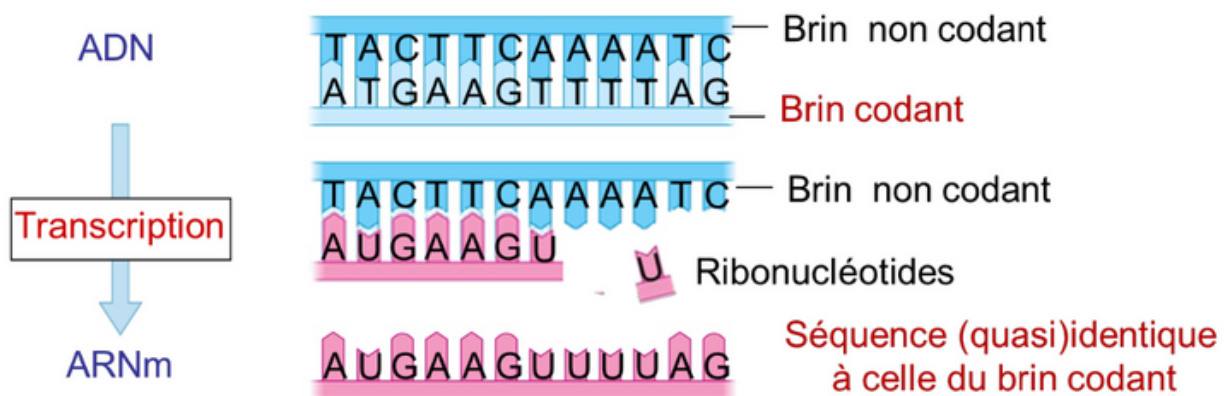
L'expression d'un gène codant va débuter par sa **transcription**. Cette étape consiste simplement à retranscrire la séquence de **désoxyribonucléotides** du gène en une séquence de **ribonucléotides** qui sera retrouvée dans **l'ARN messenger**.

Comme nous l'avons vu, la molécule d'ADN est constituée de **deux brins**. Et au niveau d'un gène, seul un des brins va **contenir l'information** qui doit être retranscrite dans l'ARN messenger. ++

L'autre brin, quant à lui, 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**.

Mais ce brin joue un rôle très important dans la mesure où la transcription repose elle aussi sur le principe de complémentarité des bases.

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

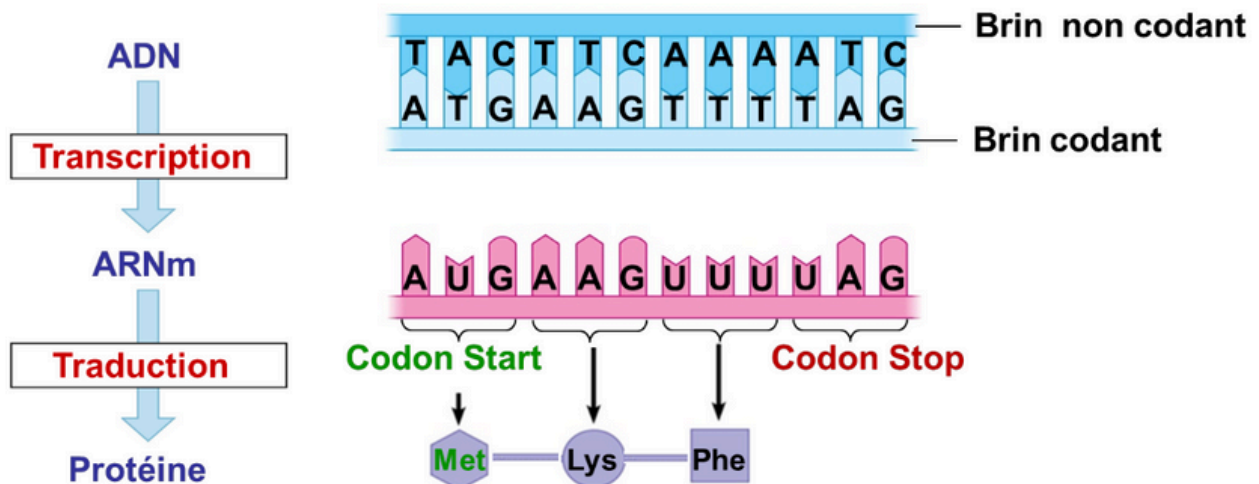


La traduction :

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**.

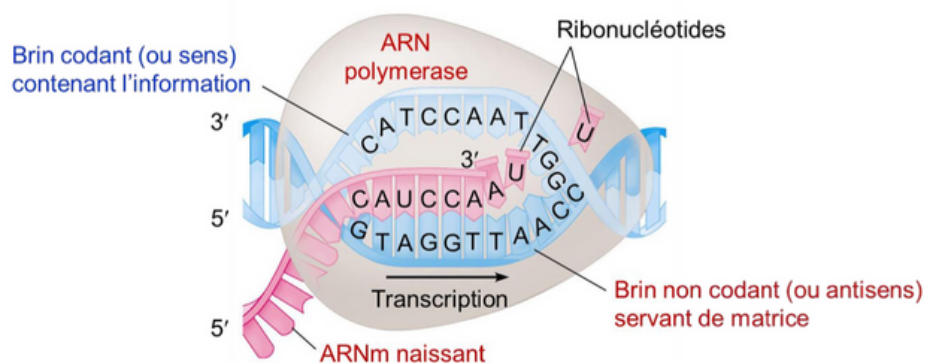
Dans cette étape de traduction, les **ribonucléotides** vont être lus **trois par trois ++**, chaque triplet de nucléotides formant un **codon**.

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 **transcription** va être assurée par une **ARN polymérase**. Cette **enzyme** est capable de **synthétiser de l'ARN à partir d'ADN**. Elle va se fixer à l'ADN à proximité du gène à transcrire une fois que les brins auront été dissociés.

Il va ici se former ce qu'on appelle une **bulle de transcription**. Elle va ensuite sélectionner et relier entre eux un à un dans le **sens 5'-3'** les ribonucléotides qui seront complémentaires du brin non codant, **sans pour cela avoir besoin de d'amorce nucléotidique**. *(Pour la réplication on avait besoin d'une amorce pas pour la transcription pas besoin)*

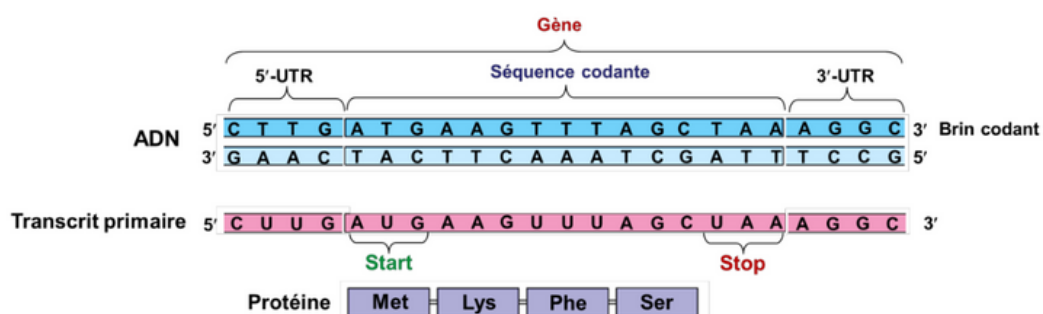


Comme nous l'avons vu précédemment, c'est la **séquence codante** d'un gène qui va servir à la synthèse d'une **protéine**. L'information qui est contenue dans cette séquence codante va tout d'abord être **retranscrite** dans l'**ARN messager**, puis la suite de **codons** de l'ARN messager va être **décodée** grâce au **code génétique** pour assurer la synthèse de la **protéine**.

Pendant, 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.

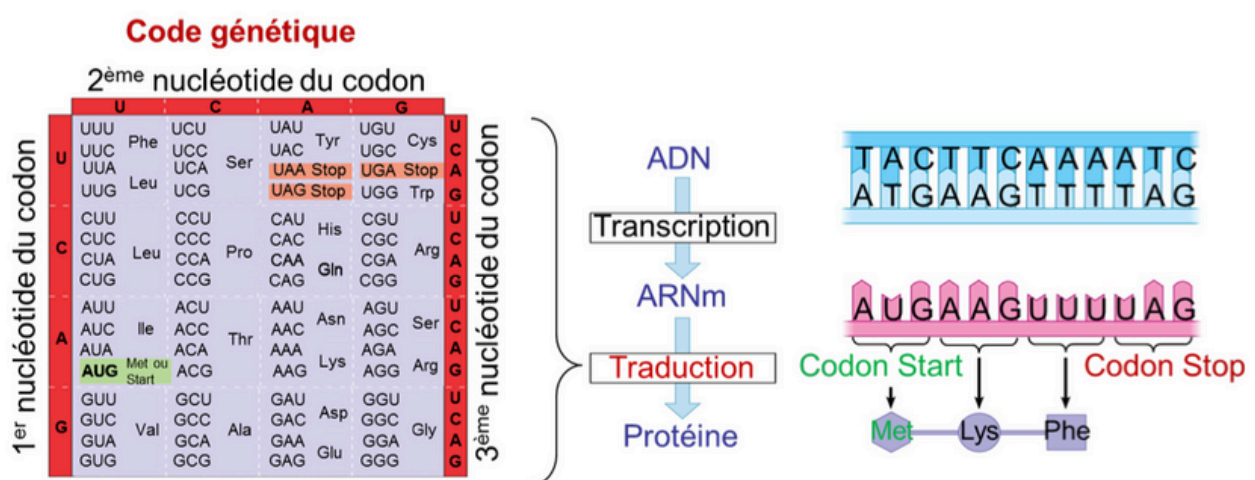
Le transcrit obtenu va être appelé **transcrit primaire** et sera utilisé **tel quel** chez les **procaryotes**, mais devra subir des étapes de **maturation** chez les **eucaryotes**.



C'est le **code génétique** qui va permettre de déchiffrer l'information de l'ARN et qui va indiquer pour chaque codon à quel acide aminé il correspond. Le tableau à gauche de l'écran liste toutes les possibilités de codons différents et donne leur correspondance. *(Non ce n'est pas à apprendre)*

Le sens d'un codon donné, par exemple le codon CAA va se trouver à l'intersection de trois coordonnées avec à gauche, la lettre correspondant au premier nucléotide, en haut celle correspondant au second nucléotide et à droite, celle correspondant au dernier nucléotide. *(Comprenez juste comment on lit le tableau, le reste n'est pas important à savoir)*

Ainsi, 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. La première est qu'il est **quasi-universel** et la plupart des espèces vivantes utilisent exactement la même correspondance entre codons et acides aminés.

En effet, il n'existe que de rares exceptions, à savoir chez les **mitochondries**, par exemple, qui reposent sur le sens de quelques codons.

La seconde est que le code génétique est **non chevauchant**. Cela signifie que 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.

Ensuite, le code génétique doit être **non ambigu**. En effet, un codon donné doit toujours correspondre au même acide aminé.

Et enfin, le code génétique est dit **dégénéré**. Comme 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.

| 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. |

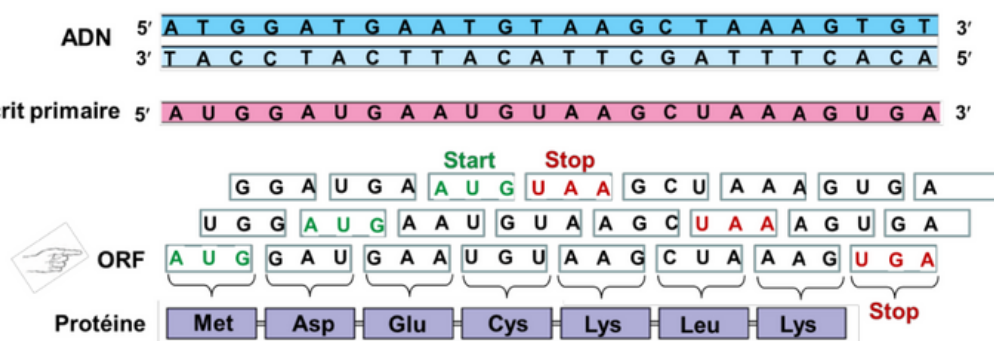
RECAP : ♥



Ainsi, sur l'exemple ci-dessous, le **premier** cadre correspond à l'utilisation du codon **GGA**. Le **second** cadre est décalé en amont et correspond à l'utilisation du codon **UGG**. Enfin, le **troisième** est encore décalé d'un nucléotide en amont et correspond à l'utilisation du codon **AUG**.

En pratique, **un seul cadre de lecture va être utilisé** et une seule protéine sera obtenue. 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**, et ainsi on obtiendra **une seule et unique protéine**.

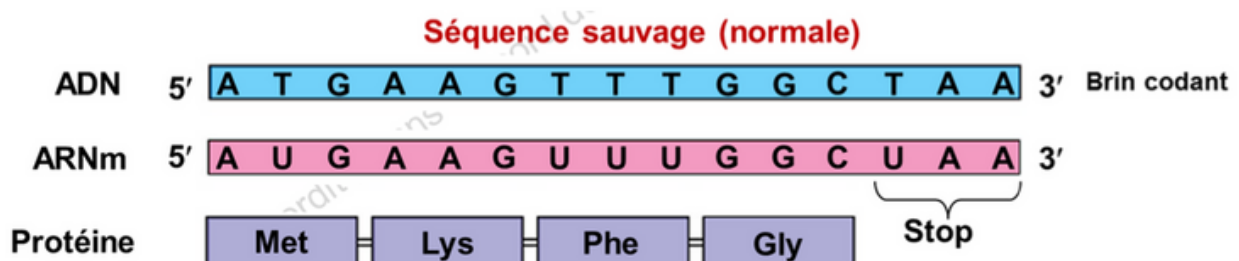
Les deux autres cadres théoriques sont dits **bloqués**, car ils contiennent généralement un codon **Stop prématuré** et ainsi, leur traduction aboutirait à des **protéines tronquées**.



Comment la cellule va-t-elle reconnaître ce cadre ouvert de lecture ? Eh bien, c'est par l'intermédiaire du **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**.

Intéressons-nous maintenant à la **dégénérescence** du code génétique et à l'effet des **mutations** de l'ADN sur le message génétique. Comme nous l'avons vu, le code génétique est **dégénéré** et ainsi plusieurs codons vont pouvoir spécifier le même acide aminé.

Ci-dessous est représentée la séquence **normale** dite **sauvage** d'un gène avec son brin codant, la séquence correspondante de l'ARN messenger qui est transcrit et la séquence correspondante de la protéine qui est traduite.

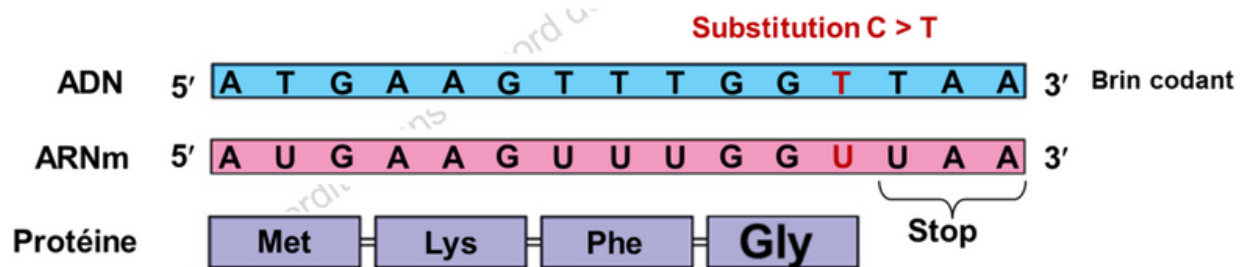


Le **remplacement** d'un nucléotide dans un codon est appelé **substitution** et ce remplacement peut parfois conduire à un **codon synonyme**, c'est à dire qui spécifie le **même acide aminé**.

Dans l'exemple ci-dessous, la substitution d'une cytosine en thymine dans l'ADN va induire le remplacement de la cytosine en uracile dans l'ARN messenger.

Mais l'acide aminé qui sera introduit dans la protéine sera le même, à savoir la glycine, car les codons GGU et GGC spécifient le même acide aminé et sont donc des **codons synonymes**.

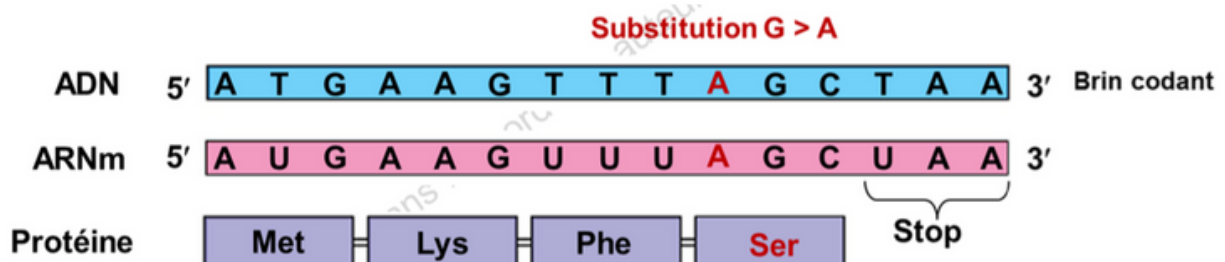
Ce type de substitution va être appelé **mutation silencieuse** ou **mutation neutre** car elle ne change ni l'acide aminé codé ni la protéine synthétisée après la traduction.



Il existe un autre type de **substitution** dans lequel la mutation va créer un codon spécifiant un acide aminé **différent** à celui de départ.

Dans l'exemple ci-dessous, le remplacement d'une guanine par une adénine dans l'ADN, va se traduire par le remplacement d'une guanine par l'adénine au niveau de l'ARN messenger et par le remplacement de la glycine par une sérine dans la séquence de la protéine.

Ici, la mutation **va changer le sens du codon** et **l'acide aminé** dans la séquence de la protéine. En effet, le codon GGC et le codon AGC spécifient des acides aminés différents. Ainsi, ce type de mutation va être appelée mutation **faux sens**.

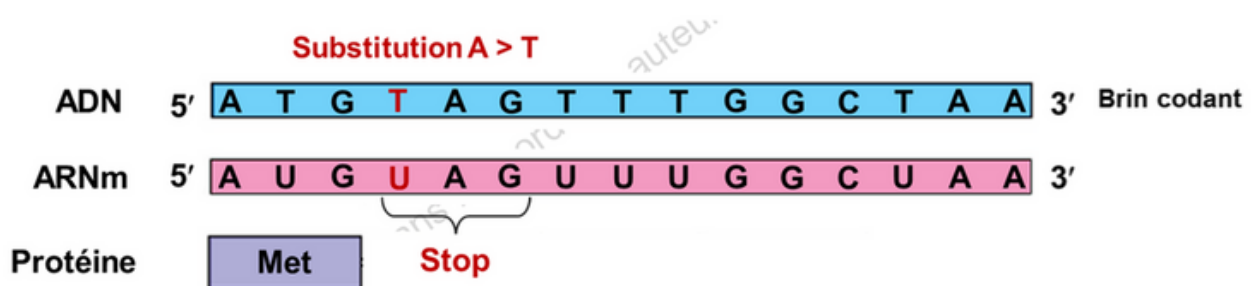


Il existe un **troisième** type de substitution qui va cette fois-ci créer un codon qui **interrompt** la traduction.

Dans l'exemple ci-dessous, l'adénine est remplacée par une thymine au niveau du brin codant, l'adénine va être remplacée par une uracile au niveau de l'ARN messager.

Et ce codon UAG qui est créé va être reconnu comme un codon Stop et aboutir à l'arrêt de la synthèse de la protéine qui est tronquée.

Ce type de mutation remplace un codon qui spécifie un acide aminé par un **codon Stop prématuré**. Ces mutations sont donc appelées mutations non-sens et aboutissent à des **protéines tronquées**.



| 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. |

RECAP : ♥



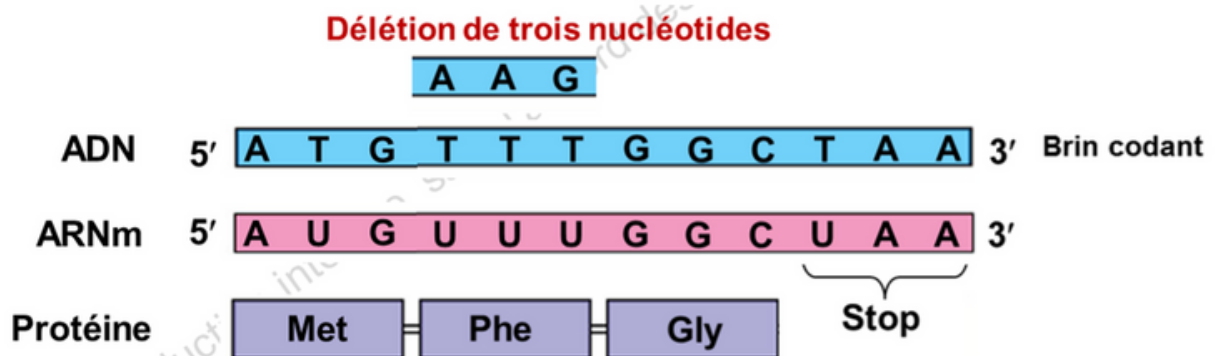
A côté des substitutions, il existe un autre type de mutations qui **ajoutent ou suppriment** un certain nombre de nucléotides dans la séquence de l'ADN.

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 messenger va être respecté. ++**

Il y aura simplement **addition ou suppression** dans la protéine d'autant d'acides aminés que de triplets ont été ajoutés ou supprimés, sans modification des autres acides aminés préexistants.

Ici, on peut observer une délétion de trois nucléotides dans la séquence de l'ADN. La même délétion va se produire au niveau de l'ARN messenger. Et au final, dans la protéine, on observera la délétion d'un acide aminé.

Mais le cadre de lecture en amont et en aval de cette délétion est respecté. On retrouve toujours la méthionine et la glycine.



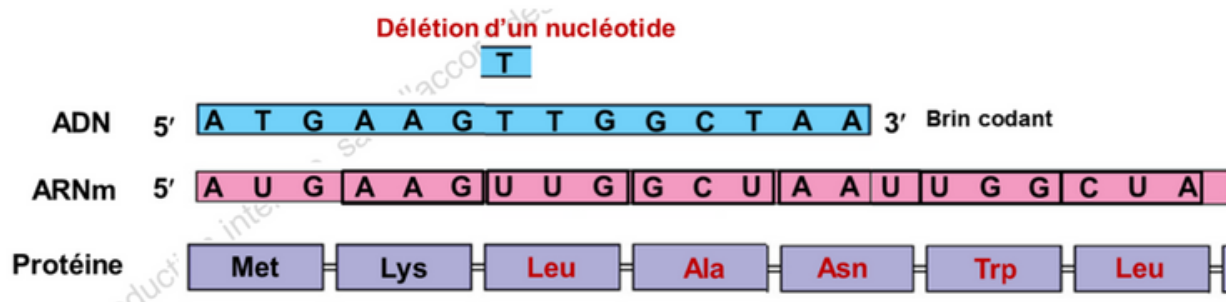
Il existe encore un autre type de mutations. Ce sont celles dans lesquelles les nucléotides insérés ou délétés ne seront **PAS un multiple de 3**.

Dans ce cas, **la lecture de l'ARN messenger 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**.

Dans l'exemple ci-dessous, une thymine est supprimée de la séquence du brin codant. Cette suppression va se répercuter sur l'ARN messenger par la suppression d'une uracile et le décalage total du cadre de lecture.

Ainsi, le codon Stop UAA qui était initialement présent va disparaître. En amont de ce codon UAA, du fait de la délétion, la signification des codons qui spécifiaient la phénylalanine et la glycine va être modifiée.

Et du fait de la **disparition du codon Stop**, le décodage de l'ARN messenger va se poursuivre au-delà de la séquence de la protéine de départ.



NON décalantes

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 messenger va être **respecté**.

Et au final, dans la protéine, on observera la délétion d'un acide aminé.

Décalantes

Ce sont celles dans lesquelles les nucléotides insérés ou délétés ne seront **PAS un multiple de 3**.

Dans ce cas, la lecture de l'ARN messenger 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**.

RECAP : ❤️



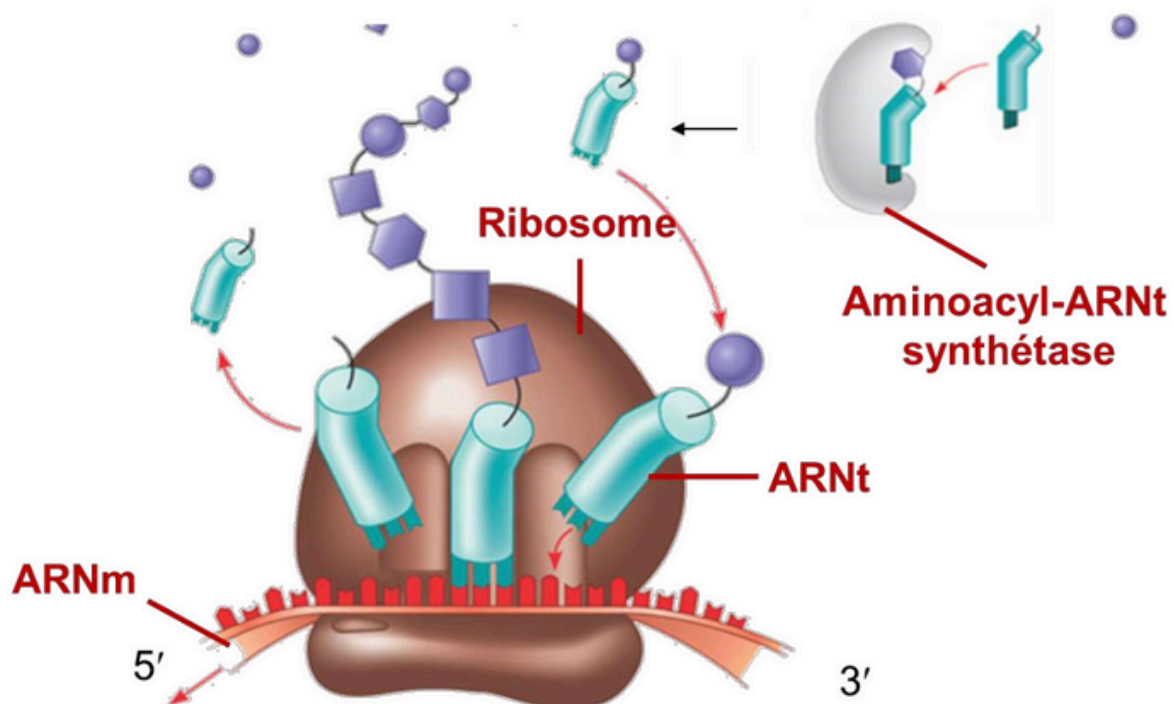
La traduction :

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

Il s'agit notamment :

- De l'**ARN messager** qui contient les instructions pour la synthèse de la protéine,
- Des **ARNs de transfert** chargés de leur acide aminé qui vont se fixer au codon de l'ARN messager,
- Des **aminoacyl-ARNt synthétases** qui sont des enzymes qui vont fixer les acides aminés sur les ARNs de transfert
- Et enfin des **ribosomes** qui sont formés de protéines et d'ARNs ribosomaux 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.

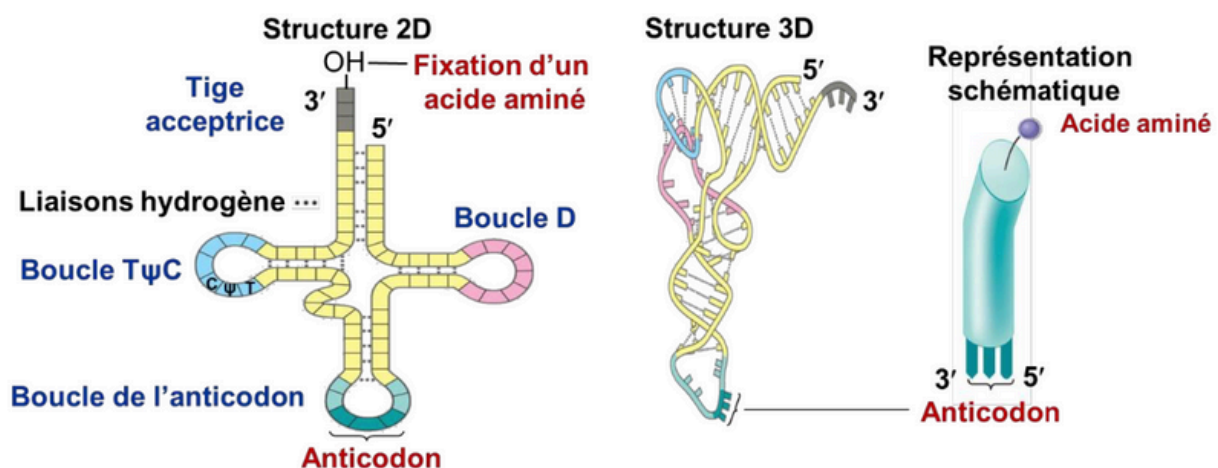


Sur le schéma ci-dessous est représentée la structure bidimensionnelle et tridimensionnelle d'un ARN de transfert. La **tige acceptrice** peut être chargée avec un acide aminé à son **extrémité 3'-OH**.

Chaque ARN de transfert ne pourra recevoir que l'acide aminé qui lui est **spécifique**. À côté de cette tige, un ARN de transfert possède **trois boucles**. La boucle **T ψ C**, la **boucle D** et la boucle de **l'anticodon**.

Cette boucle de **l'anticodon** contient une séquence de **trois nucléotides qu'on appelle l'anticodon**. Cette séquence va être **spécifique de chaque ARN de transfert**.

Et c'est par l'intermédiaire de cette séquence que l'ARN de transfert va venir se fixer par **complémentarité** au codon de l'ARN messager qui spécifie l'acide aminé fixé sur l'ARN de transfert.



Les ARNs de transferts vont être produits à partir de **gènes non codant**, tout d'abord sous la forme de **précurseurs** ou **pré-ARNs de transfert**. Ces pré-ARNs de transfert vont devoir subir une étape de **maturation**.

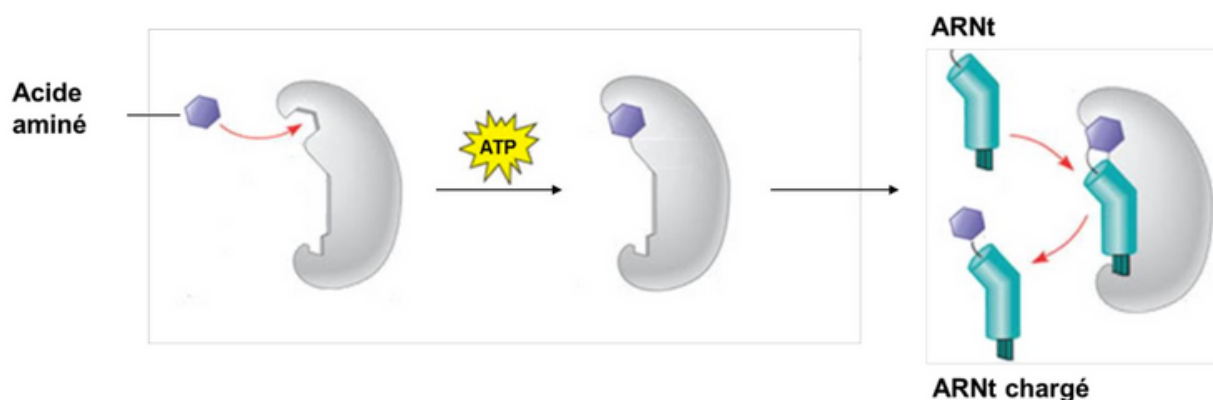
Cette étape de maturation va consister en des **modifications de nombreuses bases**. Environ 10 à 25 pour cent des bases de l'ARN de transfert vont être modifiées en ce qu'on appelle des bases **mineures**.

Ainsi, l'ARN de transfert mature va contenir des bases **inhabituelles** comme l'**inosine**, la **pseudo-uridine**, voire même la **thymine** qui normalement est spécifique de l'ADN (c'est le cas notamment de la ribothymidine qu'on va trouver dans la boucle T ψ C), ou encore la **dihydrouridine**, pour ne citer que quelques-unes d'entre elles.

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**.



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 déchiffrement 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**.

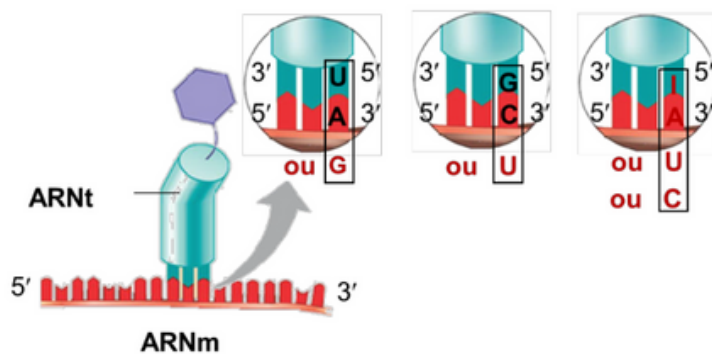
Ce wobble va reposer sur un appariement qui **NE RESPECTE PAS** le principe de **complémentarité des bases**. En effet, de nouvelles paires de bases vont pouvoir se former entre l'uracile, la guanine ou l'inosine qui sont situées en première position de l'anticodon, ce qui correspond à la troisième base du codon.

En effet, un brin d'un ARN de transfert ou un brin d'ARN messager vont s'apparier de façon **antiparallèle**. En regard de l'extrémité 5' d'un ARN de transfert, on aura l'extrémité 3' d'un ARN messager.

Et on voit sur le schéma ci-dessous que l'uracile de l'anticodon va pouvoir s'apparier pour former la paire de base habituelle avec l'adénine, mais également avec la guanine.

La guanine va pouvoir s'apparier de façon normale avec la cytosine, mais également avec l'uracile. Et enfin, l'inosine, qui est une des bases modifiées des ARNs de transfert, va quant à elle pouvoir s'associer avec une adénine, une uracile ou une cytosine.

Ces différentes possibilités d'appariement sont représentées de façon simplifiée dans le tableau à droite de l'écran. 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 ^{ère} base) | Codon (3 ^{ème} base) |
|-----------------------------------|-------------------------------|
| A | U |
| C | G |
| U | A ou G |
| G | C ou U |
| I | A, U ou C |

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.



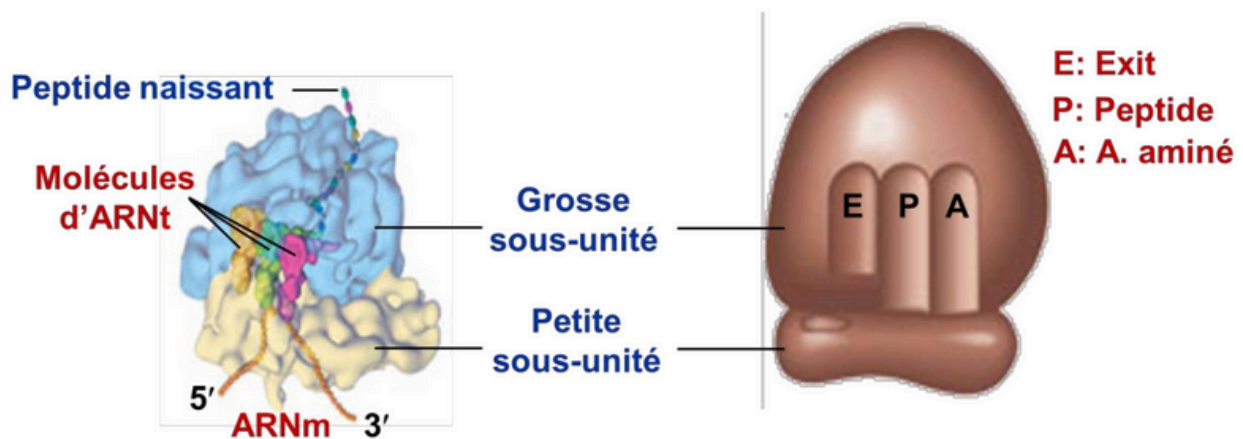
La **petite** sous unité du ribosome va avoir pour rôle de se **fixer à l'ARN messager**.

La **grosse** sous unité du ribosome va se fixer à la petite sous unité et elle va posséder à la fois un rôle **structural** et un rôle **fonctionnel**. +++

Cette grosse sous unité contient en effet trois sites qu'on appelle les sites **E, P et A** qui vont avoir pour but d'accueillir les ARNs de transfert.

La cavité **E** pour "**exit**" va être celle par laquelle les ARNs de transfert vont sortir du ribosome, la cavité **P** va être celle au niveau de laquelle va être positionné le **peptide en cours de synthèse**, et la cavité **A** va être celle par laquelle un ARN de transfert chargé de son acide aminé va **pénétrer** à l'intérieur du ribosome.

Et le ribosome, la grosse sous unité notamment, contient un **ARN ribosomal** particulier qui joue le rôle **d'enzyme** formant les **liaisons peptidique** entre les acides aminés qui sont apportés par les ARNs de transfert.



Le déroulement de la traduction :

La traduction va donc comprendre trois phases successives.

Une première phase appelée 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'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.

Et à chacun des codons, un nouvel acide aminé va être incorporé au peptide en cours de synthèse par formation d'une **liaison peptidique**.

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.

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. 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**.

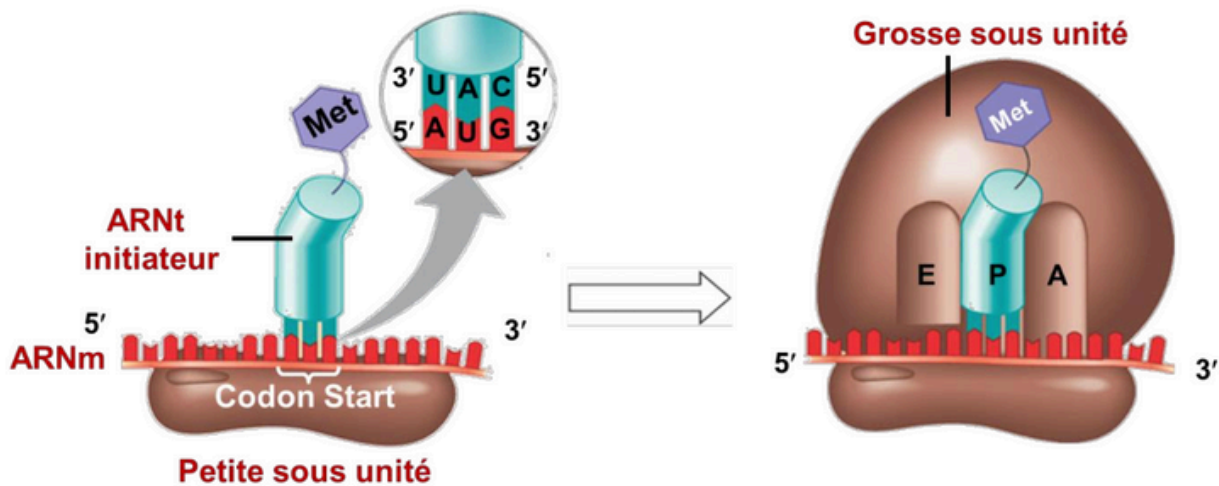
Ce complexe de pré-initiation va notamment comprendre la **petite sous unité du ribosome** et l'ARN de transfert initiateur qui porte la méthionine.

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



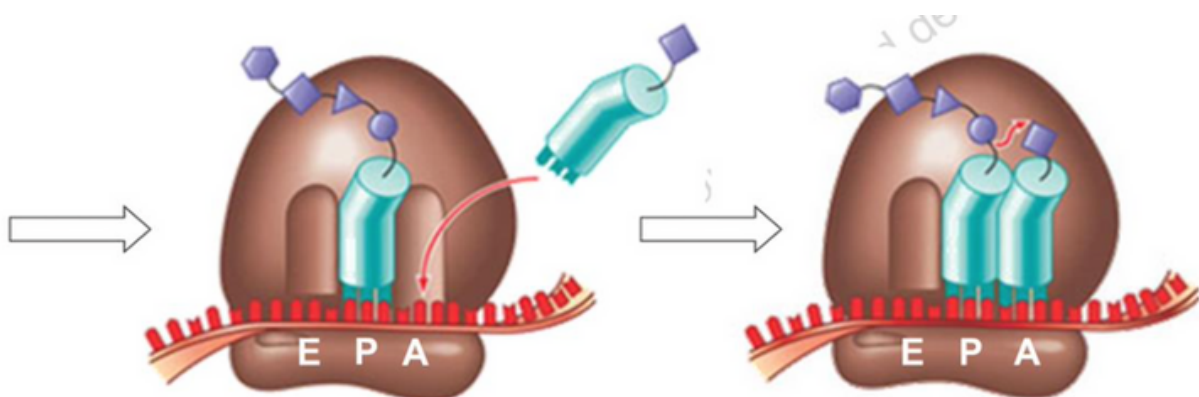
Et comme je viens de le préciser, cet assemblage va nécessiter tout d'abord le **déplacement** du complexe de pré- initiation sur l'ARN messager chez les eucaryotes, jusqu'à ce que soit rencontré le codon Start d'initiation de la traduction.

Et à ce stade, une fois que la grosse sous unité va venir rejoindre la petite sous unité sur l'ARN messager, l'ARN de transfert initiateur et la **méthionine vont être positionnés au niveau du site P du ribosome.**



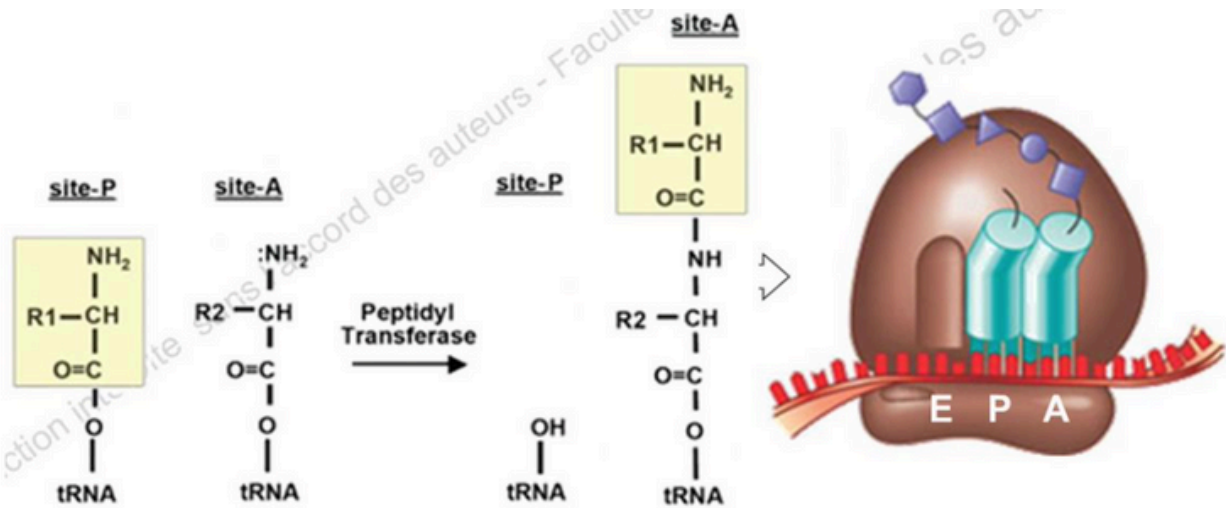
Ensuite, la phase d'élongation va être simplement une **succession de cycles**. A chaque codon sur lequel va se positionner le ribosome, un ARN de transfert chargé d'un acide aminé va venir se positionner au niveau du **site A**.

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**.

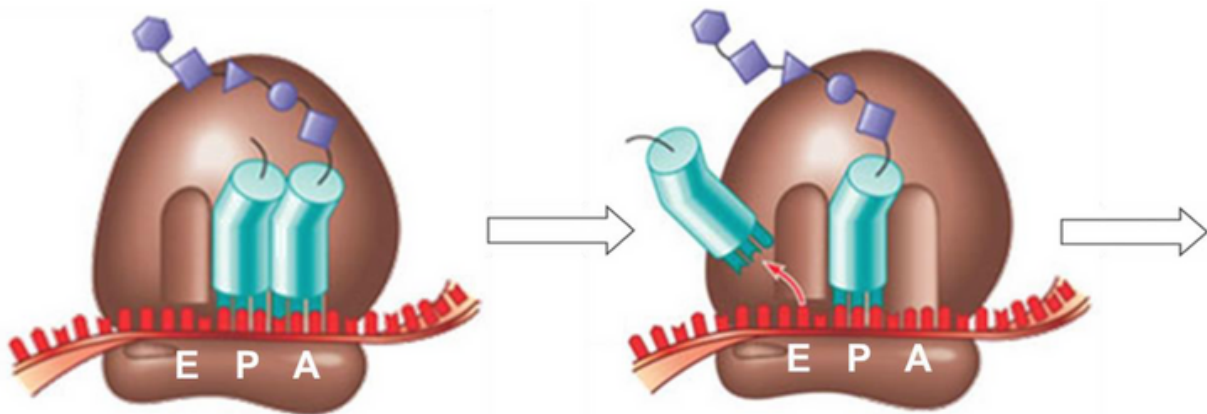


Cette liaison peptidique va être réalisée grâce à l'activité **peptidyltransférase** d'un **ARN ribosomal de la grosse sous unité**.

Ainsi, le peptide va se trouver allongé d'un acide aminé, mais positionné cette fois-ci au niveau du site A du ribosome.



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**.

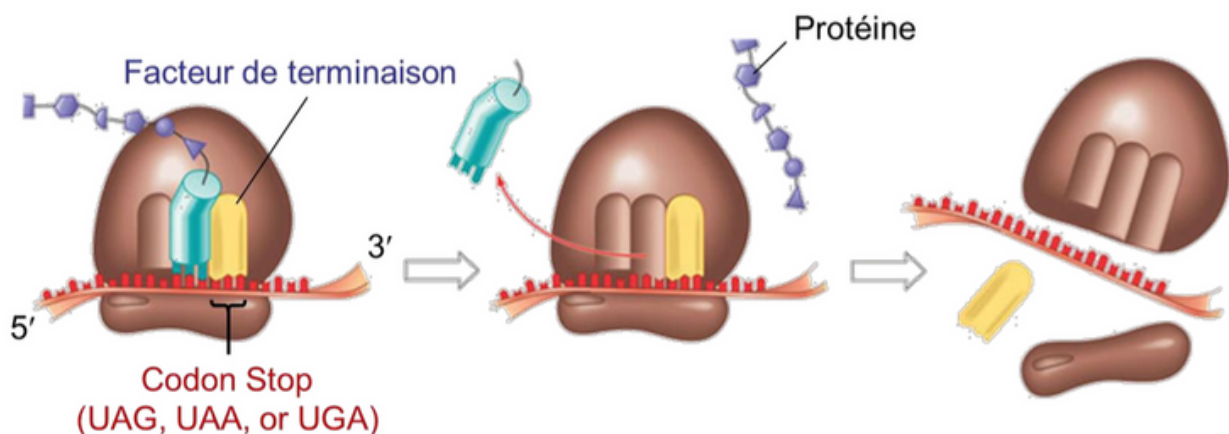


Le cycle va ainsi recommencer de codon en codon avec l'arrivée au site A d'un nouvel ARN de transfert chargé et ainsi de suite....

L'étape de **terminaison** va correspondre à **l'arrêt** de la traduction une fois la synthèse de la protéine complète. La traduction va s'achever lorsque le ribosome va rencontrer un **codon Stop**.

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**. +++

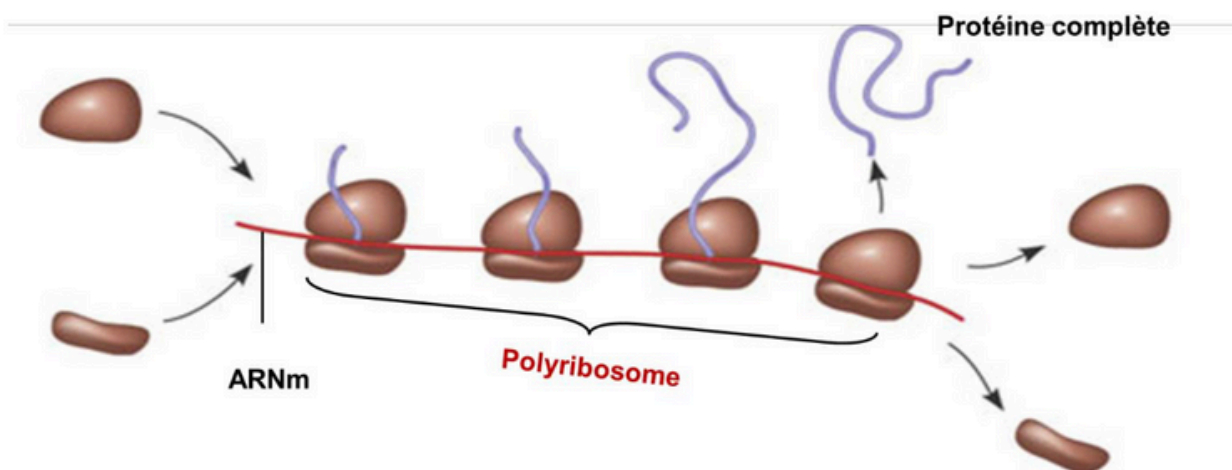
Celle-ci va donc pénétrer au niveau du site A du ribosome, ce qui va avoir pour conséquence que la protéine va être libérée et que le ribosome va se dissocier pour participer éventuellement à un autre cycle de traduction.



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

Comme on peut le voir sur le schéma ci-dessous, on a représenté un ARN messenger sur lequel sont positionnés de multiples ribosomes et au niveau de chacun d'entre eux, la protéine qui est en cours de synthèse plus ou moins avancée.

Et l'ensemble **ARN messenger - Ribosomes** forme ce qu'on appelle un **polyribosome**. L'intérêt de la formation de ce polyribosome, c'est que **l'efficacité** et la **rapidité** de la traduction vont pouvoir être augmentées en fonction des besoins.



Conclusion :

En résumé, **l'expression des gènes correspond à un transfert d'information génétique.**

Un gène est une **séquence d'ADN** qui contient une **information** et l'information des gènes qu'on appelle **codant** va fournir les instructions pour la synthèse d'une **protéine**, tandis que l'information des gènes appelés **non codant** va être utilisée pour synthétiser un **ARN**.

L'expression des gènes codant va comprendre une étape de **transcription** et une étape de **traduction**, alors que l'expression des **gènes non codant** va se limiter à une étape de **transcription**.

La **transcription** d'un gène va reposer sur le principe de **complémentarité des bases** et va faire intervenir une **ARN polymérase** qui est une enzyme capable de synthétiser une molécule **d'ARN** en prenant comme modèle une séquence d'ADN.

La transcription d'un gène **codant** va produire un **ARN messenger** et la transcription des gènes **non codant** va produire divers autres types **d'ARNs appelés ARNs non codant**.

La **traduction** est la seconde étape de l'expression des gènes codant. Elle correspond à la conversion de la **séquence codante de l'ARN messenger** en une **séquence d'acides aminés** et elle repose sur le **code génétique**.

C'est le code génétique qui établit la **correspondance** entre un ou plusieurs codons synonymes et un acide aminé. Le code est dit **dégénéré**, ce qui va lui permettre de **minimiser l'effet de certaines mutations**.

Ce sont les **ARNs de transferts** qui vont assurer la **correspondance** entre les codons de l'ARN messenger et les acides aminés.

Un ARN de transfert est associé à un acide aminé par une **aminoacyl-ARNt synthétase** et il possède une séquence appelée **anticodon** qui lui permet de **s'apparier** de façon **flexible** à un ou plusieurs codons de l'ARN messenger.

Le déchiffrement de l'information de l'ARN messenger va être réalisé au sein du **ribosome** depuis le codon Start d'initiation de la traduction jusqu'au codon Stop, et ce, selon **un cadre de lecture fixe** pour aboutir à la synthèse d'une protéine.



On passe comme a chaque fois aux QCM, please faites les ce sont ceux du prof :

Question 1 : Selon le dogme central de la Biologie moléculaire, l'expression d'un gène correspond à un transfert d'information génétique

Vrai

Faux

Question 2 : Complétez le texte :

Un gène contient une sous la forme d'un enchainement linéaire de nucléotides délimité par un signal de début et de fin. Un gène est destiné à produire une protéine et son expression comprend

Un gène est destiné à produire un ARN et son expression se limite à la transcription.

Question 3 : Complétez les blancs. :

La d'un gène codant consiste à retranscrire sa séquence de désoxyribonucléotides en Elle utilise la des bases et le brin pour transcrire quasiment à l'identique l'information du brin dans l'ARN

Question 4 : Complétez :

L'expression d'un gène codant s'achève par la qui consiste à le message de l'ARN messenger pour former une protéine. Les sont lus trois par trois, chaque de nucléotides formant un

La traduction débute au niveau d'un codon pour s'achever au niveau d'un codon Elle repose sur le code génétique qui indique à quel correspond chaque codon de l'ARNm.



Question 5 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

- A) La séquence codante d'un gène est encadrée en amont et en aval par des séquences non codantes qui ne seront pas traduites (régions 5' et 3'-UTR)
- B) L'ARN polymérase débute la transcription d'un gène au niveau de sa séquence codante
- C) Un transcrit primaire eucaryote devra subir des modifications avant d'être traduit

Question 6 : Complétez le texte :

Un acide aminé est le plus souvent spécifié par plusieurs codons appelés codons synonymes.

Le premier et le deuxième nucléotide des codons spécifiant un acide aminé donné sont le plus souvent

Question 7 : Le cadre ouvert de lecture (Open Reading Frame ou ORF) d'un ARN messager est celui qui débute par l'utilisation du codon AUG et permet la synthèse complète de la protéine

Vrai

Faux

Question 8 : Complétez :

La du code génétique abolit l'effet de certaines mutations

Comme plusieurs peuvent spécifier le même, le remplacement d'un nucléotide dans un codon, appelé, peut dans certains cas conduire à un codon

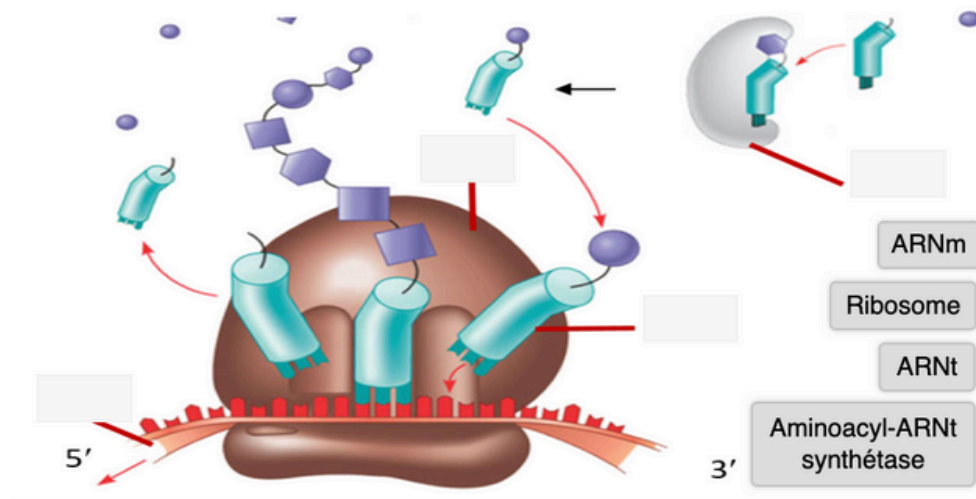
Une mutation ne change ni l'acide aminé codé ni la protéine synthétisée après la traduction.



Question 9 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

- A) Une mutation faux-sens change le sens du codon et l'acide aminé dans la séquence de la protéine
- B) Une mutation non-sens est sans effet sur le code génétique
- C) Une mutation décalant le cadre de lecture ajoute ou supprime un nombre de nucléotides multiple de trois

Question 10 :



Question 11 : Complétez :

Les de transfert sont formés d'une tige dite acceptrice et de trois boucles.
 La tige acceptrice peut être chargée avec un à son extrémité 3'-OH
 Chaque ARNt ne peut recevoir que l'acide aminé qui lui est

Une spécifique de chaque ARNt appelée se fixe par complémentarité
 au de l'ARNm spécifiant l'acide aminé fixé sur l'ARNt.

Un ARNt est transcrit sous forme de qui subit de nombreuses
 modifications de bases en bases

- acide aminé
- mineures
- codon
- anticodon
- séquence
- ARNs
- spécifique
- pré-ARNt



Question 12 : Une aminoacyl-ARNt synthétase est spécifique d'un seul ARN de transfert mais peut lui fixer un ou plusieurs acides aminés

Vrai

Faux

Question 13 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) à propos du Wobble:

- A) C'est un appariement flexible qui se produit entre l'anticodon de l'ARNm et le codon de l'ARNt
- B) Il permet à un ARNt de s'apparier avec plusieurs codons synonymes
- C) L'inosine est une base modifiée de l'ARNt qui participe au Wobble

Question 14 : Chez les eucaryotes, la petite sous-unité du ribosome doit se déplacer sur l'ARNm jusqu'au codon Start pour l'assemblage du ribosome

Vrai

Faux

Question 15 :

Replacez dans l'ordre les étapes d'un cycle de traduction

- Le peptide est transféré au site P
- Un ARNt chargé se positionne au site A
- Le peptide est transféré au site A
- Le ribosome se déplace d'un codon

4

1

3

2

Question 16 : Choisissez l'affirmation exacte.

- A) L'expression d'un gène codant se limite à l'étape de transcription
- B) L'information d'un gène codant sert à la synthèse d'une protéine

Question 17 : Choisissez l'affirmation exacte.

- A) L'enzyme assurant la transcription des gènes est une ADN polymérase
- B) La transcription utilise le principe de complémentarité des bases et le brin d'ADN non codant d'un gène pour retranscrire son information sous la forme d'ARN

Question 18 : Choisissez l'affirmation exacte.

- A) Le code génétique est dit dégénéré car un codon donné peut correspondre à plusieurs acides aminés
- B) La traduction est une étape de l'expression des gènes codant qui repose sur la conversion des codons de l'ARNm en acides aminés selon le code génétique



CORRECTION !

Question 1 : Selon le dogme central de la Biologie moléculaire, l'expression d'un gène correspond à un transfert d'information génétique

Vrai

Faux

Le transfert se fait le plus souvent de l'ADN vers l'ARN et les protéines

Question 2 : Complétez le texte :

Un gène contient une **.INFORMATION** sous la forme d'un enchainement linéaire de nucléotides délimité par un signal de début et de fin. Un gène **CODANT** est destiné à produire une protéine et son expression comprend **DEUX ÉTAPES**.

Un gène **NON CODANT** est destiné à produire un ARN et son expression se limite à **UNE ÉTAPE** la transcription.

Question 3 : Complétez les blancs. :

La **TRANSCRIPTION** d'un gène codant consiste à retranscrire sa séquence de désoxyribonucléotides en **RIBONUCLÉOTIDES** Elle utilise la **COMPLÉMENTARITÉ** des bases et le brin pour transcrire quasiment à l'identique l'information du brin **CODANT** dans l'ARN **MESSAGER** .

Question 4 : Complétez :

L'expression d'un gène codant s'achève par la **TRADUCTION** qui consiste à **DÉCODER** le message de l'ARN messenger pour former une protéine. Les **RIBONUCLÉOTIDES** sont lus trois par trois, chaque **TRIPLET** de nucléotides formant un **CODON**.

La traduction débute au niveau d'un codon **START** pour s'achever au niveau d'un codon **STOP**. Elle repose sur le code génétique qui indique à quel **ACIDE AMINÉ** correspond chaque codon de l'ARNm.



Question 5 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

A) La séquence codante d'un gène est encadrée en amont et en aval par des séquences non codantes qui ne seront pas traduites (régions 5' et 3'-UTR)

B) L'ARN polymérase débute la transcription d'un gène au niveau de sa séquence codante
→ Non, elle débute en amont et s'arrête en aval et produit donc un ARN plus grand que celui qui correspond à la séquence codante du gène

C) Un transcrit primaire eucaryote devra subir des modifications avant d'être traduit

Question 6 : Complétez le texte :

Un acide aminé est le plus souvent spécifié par plusieurs codons **DIFFÉRENTS** appelés codons synonymes.

Le premier et le deuxième nucléotide des codons spécifiant un acide aminé donné sont le plus souvent **IDENTIQUES**.

Question 7 : Le cadre ouvert de lecture (Open Reading Frame ou ORF) d'un ARN messager est celui qui débute par l'utilisation du codon AUG et permet la synthèse complète de la protéine

Vrai

Faux

Les autres cadres contiennent souvent un codon stop prématuré et aboutissent à une protéine tronquée.

Question 8 : Complétez :

La **DÉGÉNÉRESCENCE** du code génétique abolit l'effet de certaines mutations

Comme plusieurs **CODONS** peuvent spécifier le même **ACIDE AMINÉ**, le remplacement d'un nucléotide dans un codon, appelé **SUBSTITUTION**, peut dans certains cas conduire à un codon **SYNONYME**.

Une mutation **NEUTRE** ne change ni l'acide aminé codé ni la protéine synthétisée après la traduction.



Question 9 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

A) Une mutation faux-sens change le sens du codon et l'acide aminé dans la séquence de la protéine

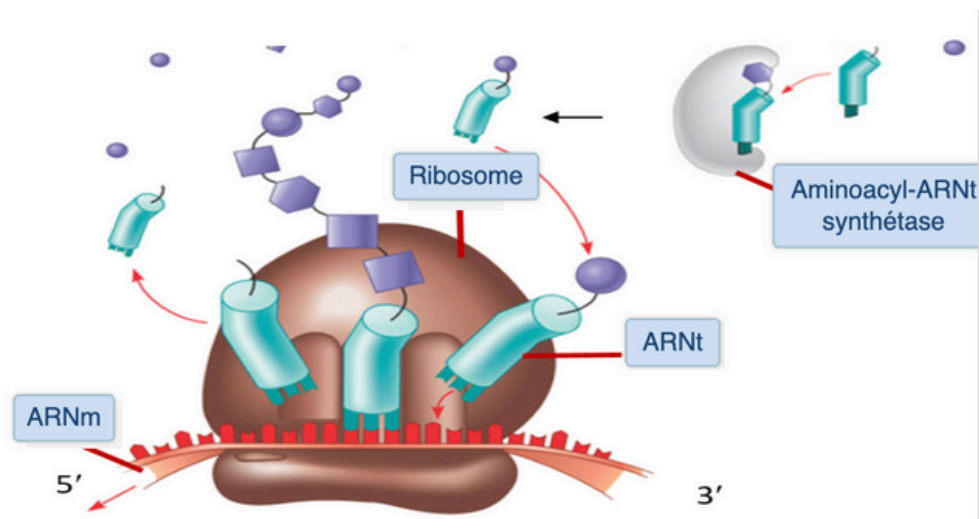
B) Une mutation non-sens est sans effet sur le code génétique

→ Ce type de mutation remplace un codon spécifiant un acide aminé par un codon Stop

C) Une mutation décalant le cadre de lecture ajoute ou supprime un nombre de nucléotides multiple de trois

→ Si le nombre de nucléotides est un multiple de trois, le cadre de lecture sera respecté

Question 10 :



Question 11 : Complétez :

Les **ARNs** de transfert sont formés d'une tige dite acceptrice et de trois boucles.

La tige acceptrice peut être chargée avec un **ACIDE AMINÉ** à son extrémité 3'-OH

Chaque ARNt ne peut recevoir que l'acide aminé qui lui est **SPÉCIFIQUE**.

Une **SÉQUENCE** spécifique de chaque ARNt appelée **ANTICODON** se fixe par complémentarité au **CODON** de l'ARNm spécifiant l'acide aminé fixé sur l'ARNt.

Un ARNt est transcrit sous forme de **PRÉ-ARNt** qui subit de nombreuses modifications de bases en bases **MINEURS**.

Question 12 : Une aminoacyl-ARNt synthétase est spécifique d'un seul ARN de transfert mais peut lui fixer un ou plusieurs acides aminés

Vrai

Faux

C'est l'inverse, elle est spécifique d'un seul acide aminé mais peut le fixer sur un ou plusieurs ARNt dits isoaccepteurs

Question 13 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) à propos du Wobble:

A) C'est un appariement flexible qui se produit entre l'anticodon de l'ARNm et le codon de l'ARNt

B) Il permet à un ARNt de s'apparier avec plusieurs codons synonymes

C) L'inosine est une base modifiée de l'ARNt qui participe au Wobble

Question 14 : Chez les eucaryotes, la petite sous-unité du ribosome doit se déplacer sur l'ARNm jusqu'au codon Start pour l'assemblage du ribosome

Vrai

Faux

Elle se fixe à l'extrémité 5' de l'ARNm au niveau de la coiffe et doit ensuite scanner l'ARNm à la recherche du codon Start

Question 15 :

Remplacez dans l'ordre les étapes d'un cycle de traduction

4 ✓ - Le peptide est transféré au site P

1 ✓ - Un ARNt chargé se positionne au site A

2 ✓ - Le peptide est transféré au site A

3 ✓ - Le ribosome se déplace d'un codon



Question 16 : Choisissez l'affirmation exacte.

A) L'expression d'un gène codant se limite à l'étape de transcription

B) L'information d'un gène codant sert à la synthèse d'une protéine

Question 17 : Choisissez l'affirmation exacte.

A) L'enzyme assurant la transcription des gènes est une ADN polymérase

B) La transcription utilise le principe de complémentarité des bases et le brin d'ADN non codant d'un gène pour retranscrire son information sous la forme d'ARN

Question 18 : Choisissez l'affirmation exacte.

A) Le code génétique est dit dégénéré car un codon donné peut correspondre à plusieurs acides aminés

B) La traduction est une étape de l'expression des gènes codant qui repose sur la conversion des codons de l'ARNm en acides aminés selon le code génétique

