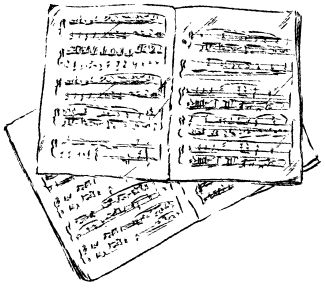
MODULE 2

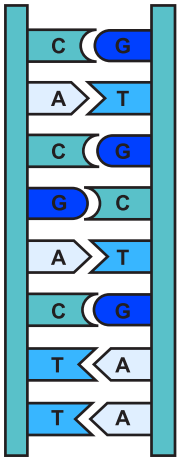
version TTR

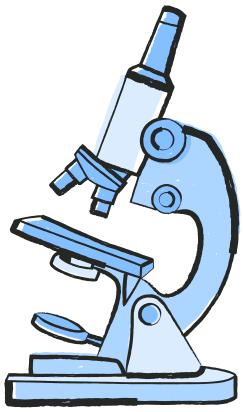






a - Transcription et traduction





Coucou les loulous, c'est parti pour le module 2 ! Bon courage !!! Ici par rapport à la version complète j'ai enlevé la partie C.

I- Principes généraux de l'expression d'un gène (Module 2a)

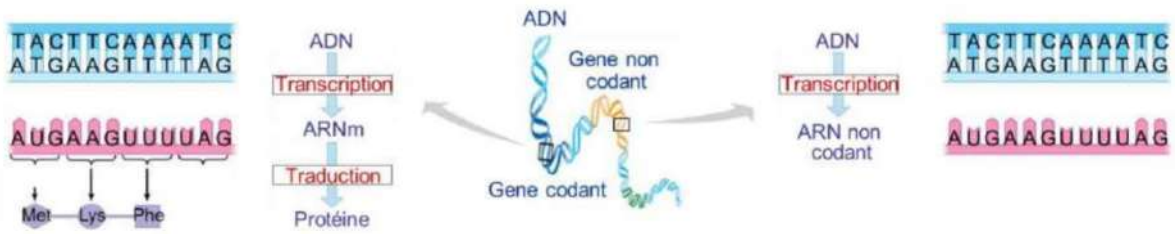
a) Généralités

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 "START" et par un signal de fin "STOP".

Le génome contient ce que l'on appelle des gènes qui vont différer selon le contenu de leur information :

Les gènes codants	Les gènes non codants
Ils servent à la synthèse des protéines Leur séquence de désoxyribonucléotides va être tout d'abord **transcrite** en séquence de ribonucléotides que l'on retrouvera dans l'ARNm, **puis traduite** en une séquence d'acides aminés pour former une protéine. Ils vont subir dans leurs expression deux étapes : une étape de transcription, puis une étape de traduction.	Ils servent uniquement à la synthèse d'ARNs non codant comme les ARNs ribosomaux, les ARNs de transfert, les petits ARNs nucléaires ou nucléolaires. Ils vont donc être uniquement transcrit. Il n'y aura PAS dans son expression d'étape de traduction.

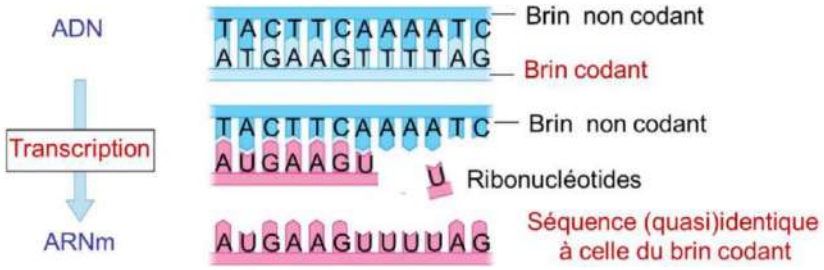


Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

b) La transcription

L'expression d'un gène codant va débuter par sa transcription.

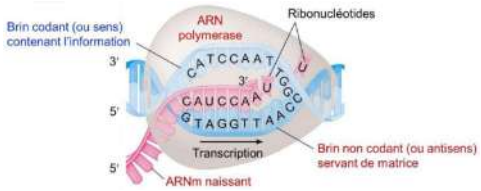
Cette étape consiste simplement à retranscrire la séquence de désoxyribonucléotides du gène en une séquence de ribonucléotides qui sera retrouvée dans l'ARN messager



La molécule d'ADN est constituée de deux brins :

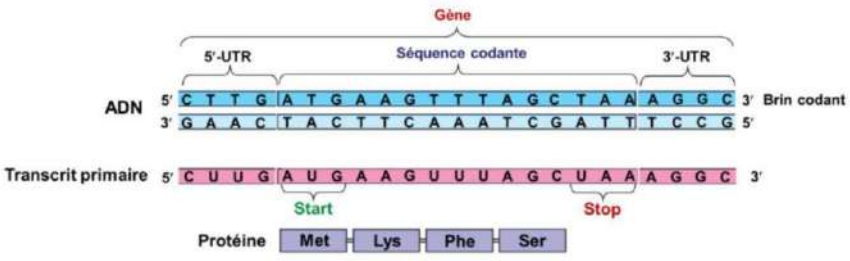
- Le brin codant : **contient l'information** qui doit être retranscrite dans l'ARN messager.
- Le brin non codant : **ne contient PAS d'information**. Mais ce brin joue un rôle très important dans la mesure où la transcription repose elle aussi sur le principe de **complémentarité des bases** et que c'est ce brin non codant qui va servir de matrice pour transcrire quasiment à l'identique l'information du brin codant dans l'ARN messager.

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



Ici c'est la séquence codante d'un gène qui va servir à la synthèse d'une protéine. 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 débuter 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.

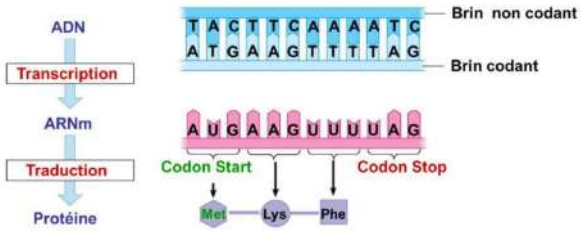


Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

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) La traduction

L'expression d'un gène codant va s'achever par la traduction de l'ARN messager. 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.

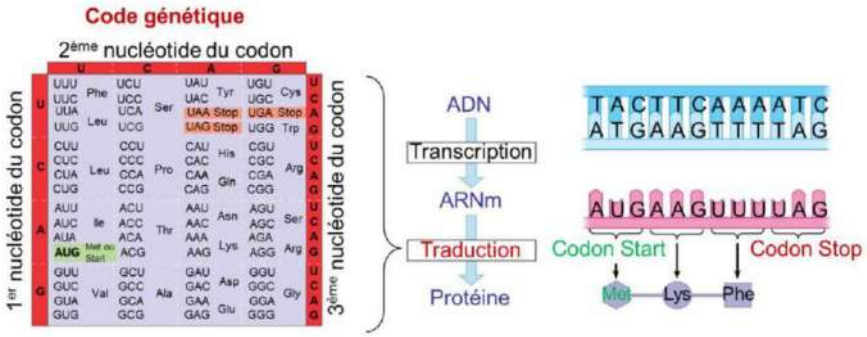


La traduction va ainsi débuter au niveau d'un codon START pour s'achever au niveau d'un codon STOP.

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

d) Le Code Génétique :

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.



Ainsi, par recoupement, on peut savoir à quel acide aminé correspond un codon donné. On peut également noter qu'il existe **4^3 soit 64 combinaisons** de trois nucléotides pour former un codon. En effet, à chaque position d'un triplé, il existe quatre possibilités de base : - **A, U, G ou C**.

Parmi ces 64 combinaisons, quatre sont particulières +++ *(c'est les seuls à retenir, pas besoin d'apprendre tout le tableau)* :

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

- Le codon **AUG** : il code pour la méthionine et initie toujours la traduction => codon START. (Il est à noter que ce codon peut également se retrouver ailleurs dans la séquence d'un ARN messager, où il prendra alors le même sens)

- Les codons **UAA**, **UAG** et **UGA** : ils ne codent pour AUCUN acide aminé et indiquent la fin de la traduction et de la protéine => codon STOP.

e) Les caractéristiques du code génétique : +++

Quasi-universel	La plupart des espèces vivantes utilisent exactement la même correspondance entre codons et acides aminés. Il n'existe que de 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. L'ARN messager va ainsi être décodé selon un cadre de lecture qui est fixe et précis.
Non ambigu	Un codon donné correspond toujours 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.

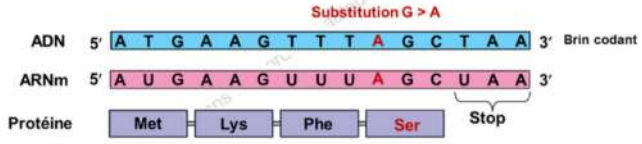
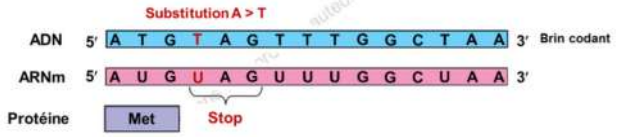
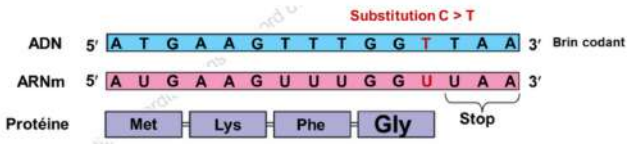
f) Les mutations

Toutefois, l'information contenu dans les gènes n'est pas invariable, elle peut être amenée à être modifiée notamment au travers des différentes mutations impactant la lecture et surtout la traduction du code génétique.

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

1- Les substitutions

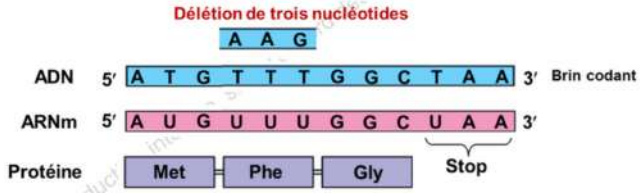
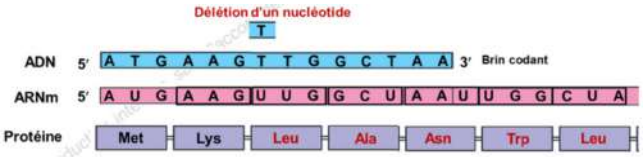
Le remplacement d'un nucléotide dans un codon est appelé substitution. Les mutations induites par les substitutions sont de 3 types :

mutation FAUX sens	La mutation va créer un codon correspondant à un acide aminé différent à celui de départ. La mutation va changer le sens du codon et l'acide aminé dans la séquence de la protéine. 
mutation NON sens	Ce type de substitution qui va cette fois-ci créer un codon qui interrompt la traduction. Le codon muté va être reconnu comme un codon Stop prématuré aboutissant à l'arrêt de la synthèse de la protéine tronquée. 
mutation synonyme	L'acide aminé qui sera introduit dans la protéine sera le même malgré la mutation car les codons correspondent au 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 

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

2) Les additions ou délétions

Elles ajoutent ou suppriment un certain nombre de nucléotides dans la séquence de l'ADN. Et sont de 2 types :

Non Décalante	Le nombre des nucléotides qui va être inséré ou délété peut être un multiple de 3. Le cadre de lecture de l'ARN messager va être respecté. Il y aura 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. 
Décalante	Les nucléotides insérés ou délétés ne seront pas un multiple de 3. 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. 

g) Les acteurs de la traduction

La traduction va faire intervenir différents acteurs. Certains vont jouer un rôle structural et d'autres un rôle enzymatique :

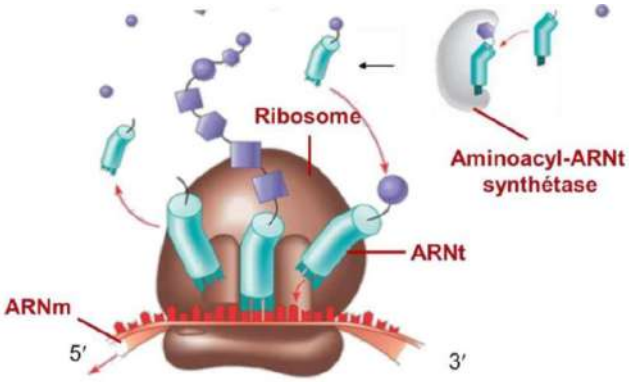
ARN messager (ARNm)	Contient les instructions pour la synthèse de la protéine

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

ARNs de transfert (ARNt)	Chargés de leur acide aminé qui vont se fixer au codon de l'ARN messager. Chaque ARN de transfert ne pourra recevoir que l'acide aminé qui lui est spécifique.
Les aminoacyl-ARNt synthétases	Des enzymes qui vont fixer de façon spécifique les acides aminés sur les ARNs de transfert.
Les ribosomes	Formés de protéines et d'ARNs ribosomaux. 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. *(sa structure sera détaillée dans la fiche complète)*



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.

(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)

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

Par ailleurs, ces enzymes ont la particularité de posséder elles aussi, comme les polymérases, une activité de correction d'épreuve ou proofreading.



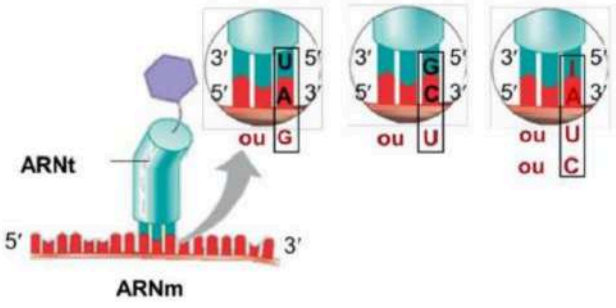
Cette activité va leur permettre d'éliminer un acide aminé qui aurait été fixé par erreur sur un ARN de transfert avant de le libérer, ce qui évitera ainsi son incorporation erronée et permet d'assurer la fidélité de la traduction.

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

(Anticodon : séquence contenue dans l'ARNt permettant de se fixer spécifiquement, par complémentarité au codon de l'ARNm spécifiant l'acide aminé contenu dans l'ARNt)

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 (1ère base)	Codon (3ème base)
A	U
C	G
U	A ou G
G	C ou U
I	A, U ou C

h) Déroulement de la traduction

La traduction va comprendre 3 phases successives (comme la réplication) :

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

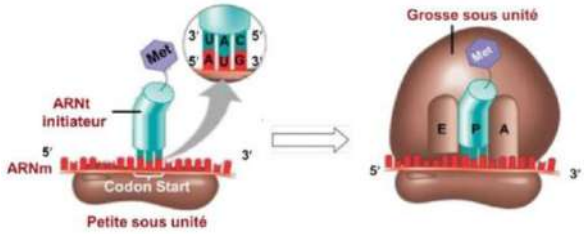
Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

1- 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.

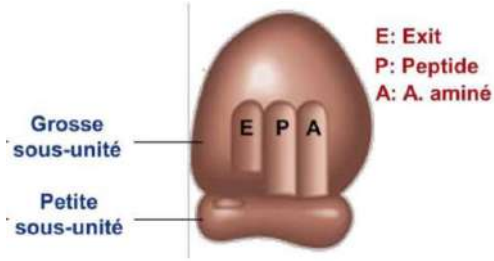
Elle va comprendre deux étapes :

- **Formation d'un complexe de pré-initiation sur l'ARN messager**.
- **Assemblage du ribosome complet au niveau du codon Start**.



2- La phase d'élongation

Elle correspond 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.

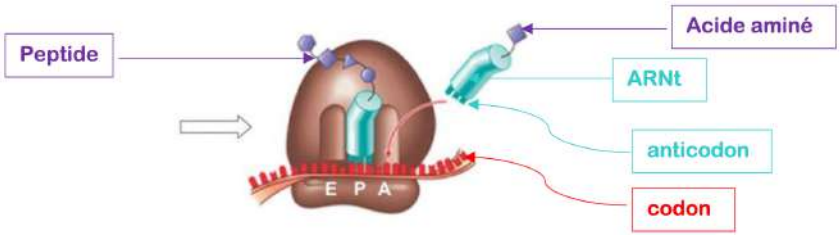
Tut'mnémo

- A comme arrivé
- P c'est celui du milieu c'est celui où le peptide est de Passage
- E comme éjecter (exit marche aussi)

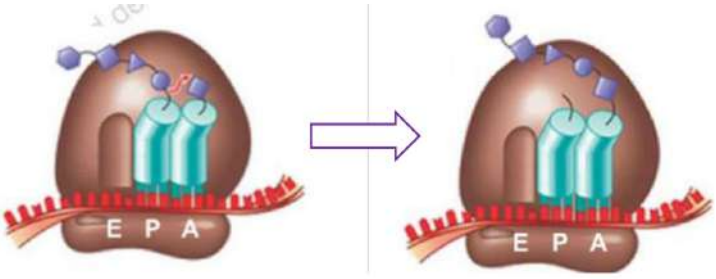
La phase d'élongation va être simplement une succession de cycles :

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

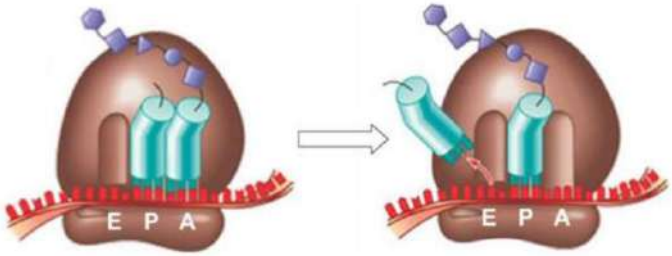
1) A chaque codon sur lequel va se positionner le ribosome, un ARN de transfert chargé d'un acide aminé va venir se positionner au niveau du site A.



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



3) 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...

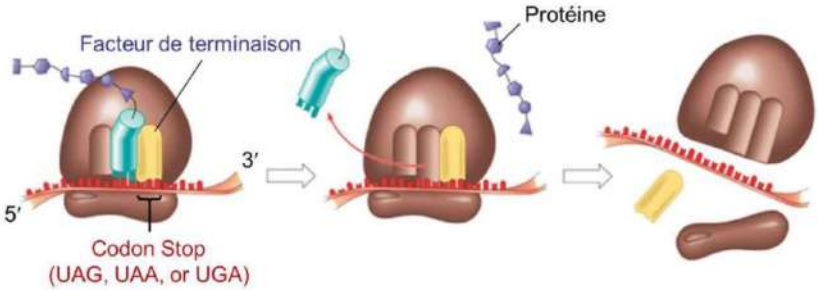
3- La phase de terminaison :

Correspond à la fin de la traduction qui se produit au niveau du codon STOP avec libération de la protéine complète.

Attention : il n'y aura **pas d'ARN de transfert** qui va se positionner, mais une protéine qu'on appelle un facteur de terminaison.

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

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.

Et voilà les loulous, bravo d'en être arrivé jusque là ! Maintenant prenez une pause bien méritée.
Les dédis sont sur la page suivante…

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

DÉDIS version musique

(bah oui c’est quand même le thème de la TTR)

Dédi à The Weeknd (concert incroyableee)
Dédi à Olivia Rodrigo (son dernier album >>>)
Dédi à Lana Del Rey, Bruno Mars, Gracie Abrams, ...
Dédi à la star ac quand même
Dédi à Billie, Adèle et enfin Sienna spiro !















