MODULE 2A

Expression des gènes



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

*Coucou les loulous, les **rajouts** (y'en a pas trop promis) sont signalés par un **trait bleu** sur le côté, bon courageeee*

INTRODUCTION

Selon la théorie du dogme central de la biologie moléculaire, énoncée par **Francis Crick** en 1958 :

- le flux de l'information génétique dans la cellule est unidirectionnel *(en gros selon cette théorie le trajet c'est ADN → ARN → protéine)*
- l'acide désoxyribonucléique ou ADN est le substrat biochimique de l'hérédité : il 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 : 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.

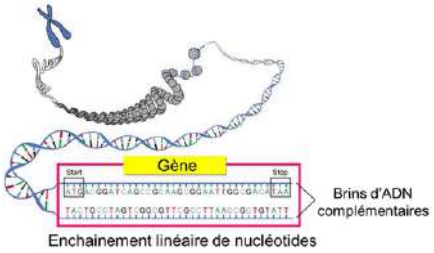


TUT RÉCAP :
En gros selon. cette théorie le trajet de l'info génétique est : ADN → ARN → protéine
Et on a :
ADN → ADN = réplication (ADN copié avant la division cellulaire, c'est lui qui contient l'information)
ADN → ARNm = transcription donc ARNm = messager intermédiaire
ARNm → protéine = traduction grâce au ribosome

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

I- Principes généraux de l'expression d'un gène

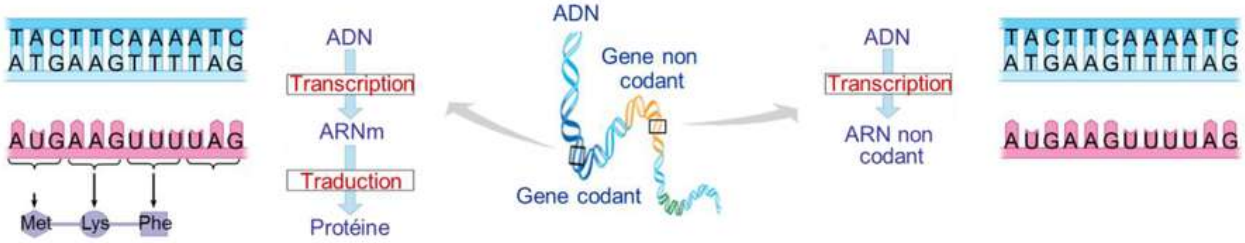
a) Généralités



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 :

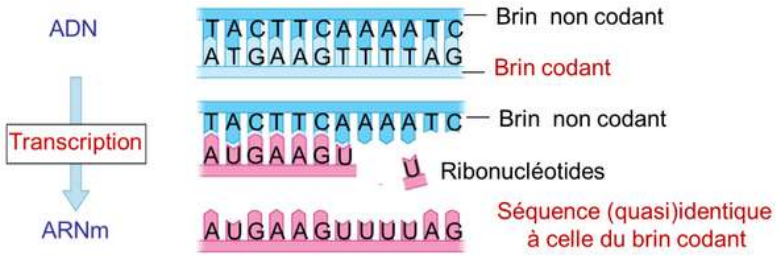
Les gènes codants	Les gènes non codants
Ils servent à la synthèse des protéines Leur séquence de désoxyribonucléotides va être tout d'abord **transcrite** en séquence de ribonucléotides que l'on retrouvera dans l'ARNm, **puis traduite** en une séquence d'acides aminés pour former une protéine. Ils vont 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

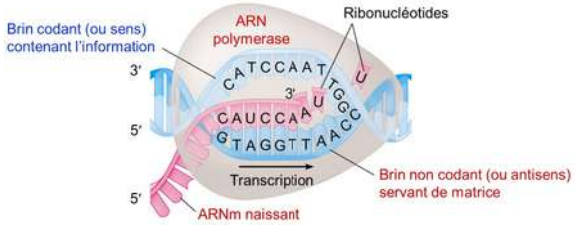
L'expression d'un gène codant va débuter par sa transcription.
Cette étape consiste simplement à retranscrire la séquence de désoxyribonucléotides du gène en une séquence de ribonucléotides qui sera retrouvée dans l'ARN messager



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.

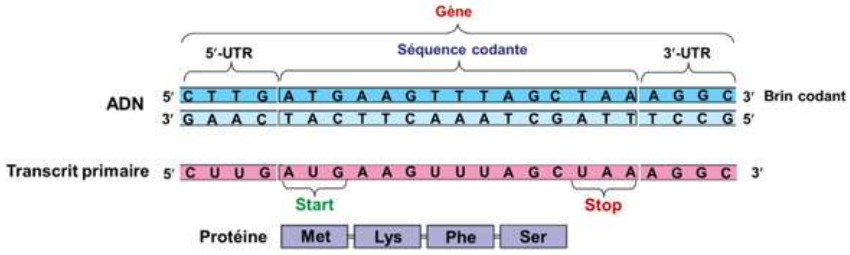
La transcription va être assurée par une **ARN polymérase**. Cette enzyme est capable de synthétiser de l'ARN à partir d'ADN.



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.

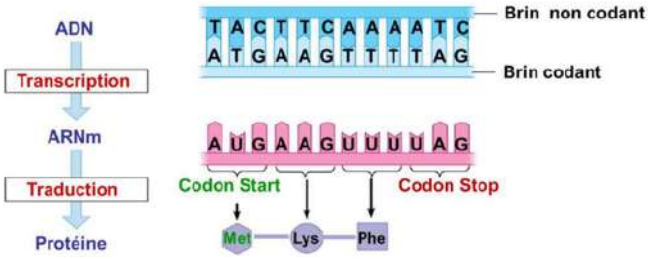


Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

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

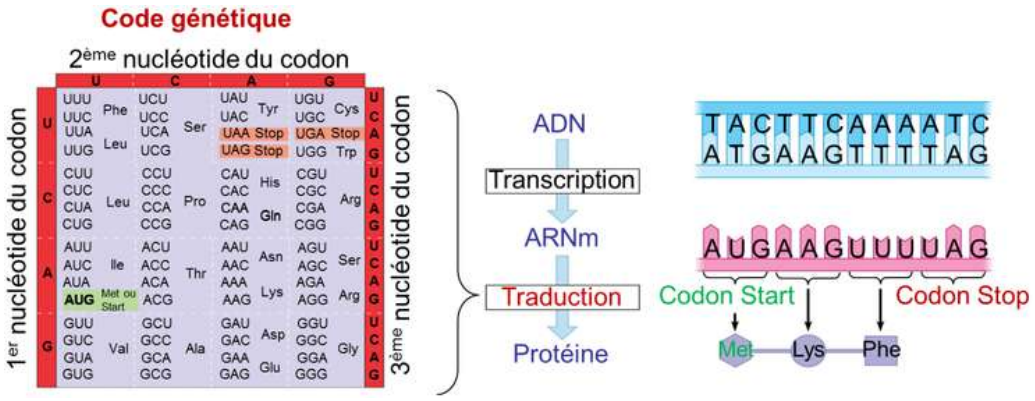
L'expression d'un gène codant va s'achever par la traduction de l'ARN messager. Cette étape consiste à en décoder le message pour former une protéine. Dans cette étape de traduction, les ribonucléotides vont être lus trois par trois, chaque triplet de nucléotides formant un codon.



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.

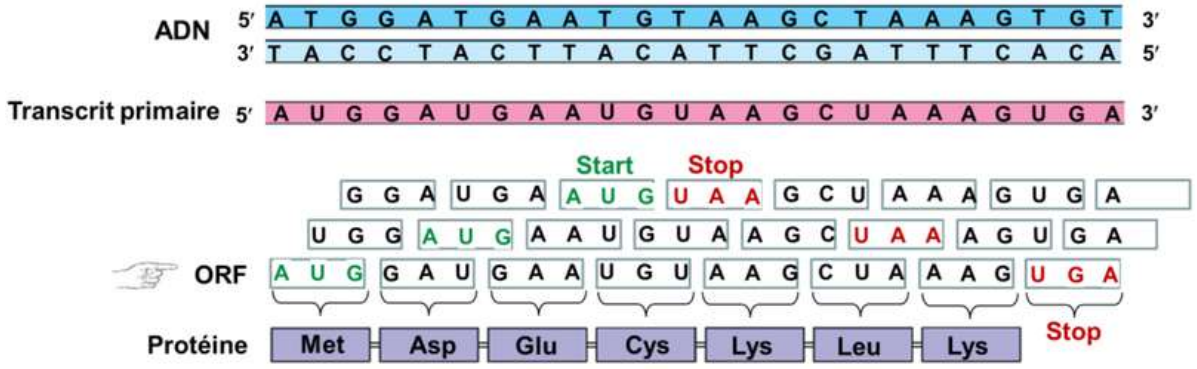
Le cadre de lecture

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 tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

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 ?

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.

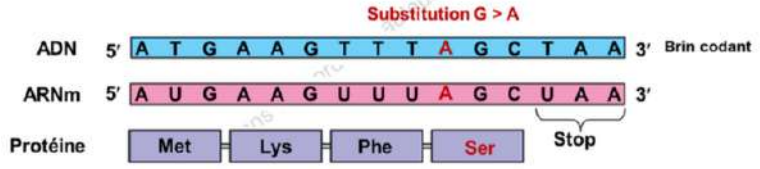
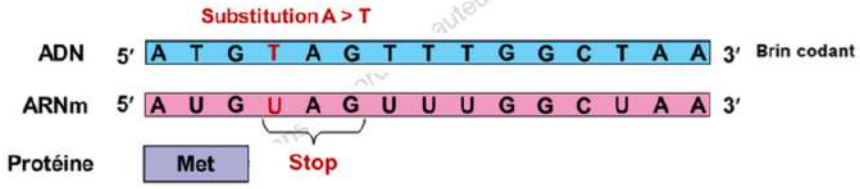
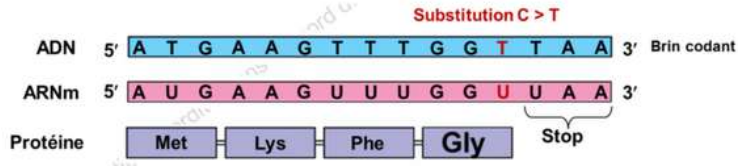
II- Les mutations

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 

Comme y'a encore un trou je vous mets des photos de vos tuts préférés qui dorment paisiblement

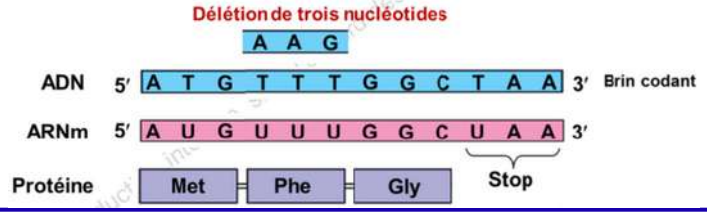
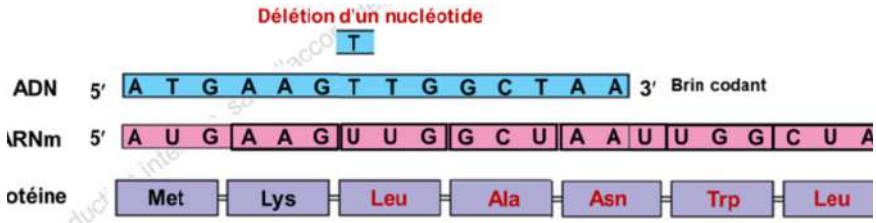





Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

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. 

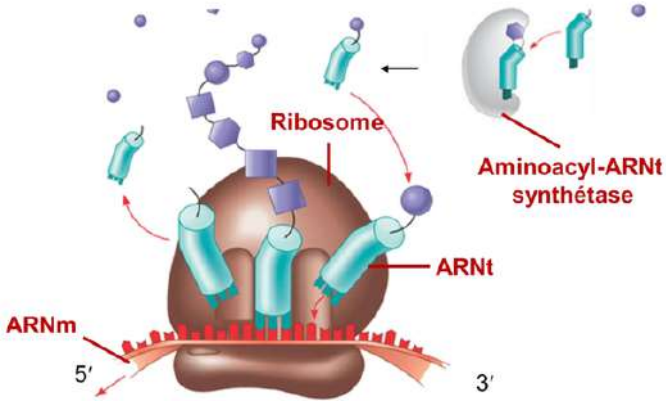
III- Les acteurs de la traduction

La traduction va faire intervenir différents acteurs. Certains vont jouer un rôle structural et d'autres un rôle enzymatique :
Ici pour bien comprendre je vous conseille de suivre avec le schéma qui est juste sous le tableau à la page suivante.

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

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

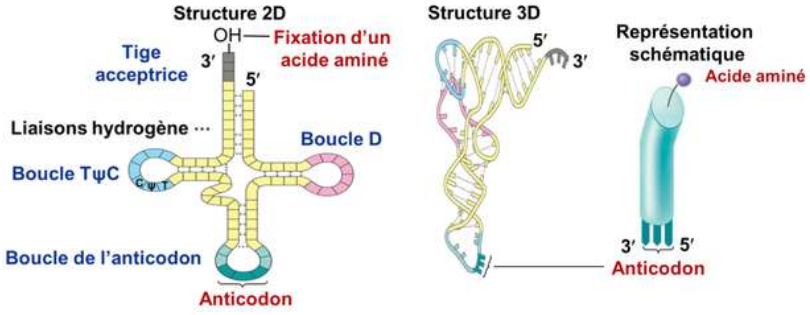
ARNs de transfert (ARNt)	Chargés de leur acide aminé qui vont se fixer au codon de l'ARN messager. Chaque ARN de transfert ne pourra recevoir que l'acide aminé qui lui est spécifique.
Les aminoacyl-ARNt synthétases	Des enzymes qui vont fixer de façon spécifique les acides aminés sur les ARNs de transfert.
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



Voilà pour bien comprendre le tableau suivez avec ce schéma !

Les ARNs de transferts :

Ce sont les ARNs de transfert qui vont **apporter les acides aminés au ribosome**.
Sur le schéma ci-dessous est représentée la structure bidimensionnelle et tridimensionnelle d'un ARN de transfert.
Chaque ARN de transfert ne pourra recevoir que l'acide aminé qui lui est spécifique.



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

Ce sont des molécules qui sont formées :

- D'une **tige dite acceptrice** : peut être chargée avec un acide aminé à son extrémité 3'-OH
- De trois boucles : la **boucle TψC**, 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 (=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 % des bases de l'ARN de transfert vont être modifiées en ce qu'on appelle des bases mineures.

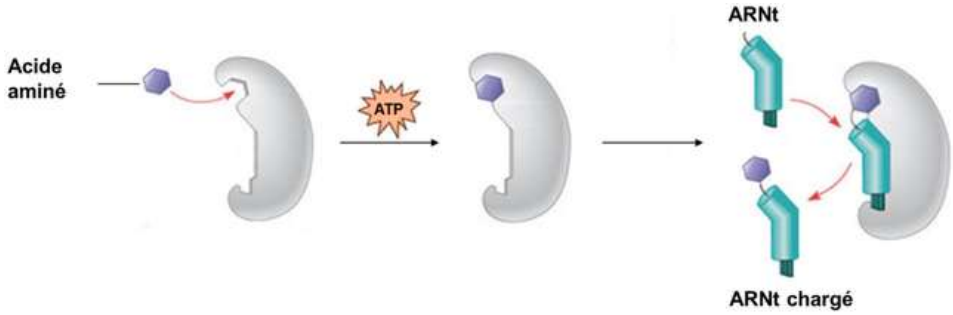
Ainsi, l'ARN de transfert mature va contenir des bases inhabituelles comme l'inosine, la pseudo-uridine, voire même la **thymine** qui **normalement est spécifique de l'ADN** (c'est le cas notamment de la ribothymidine qu'on va trouver dans la boucle TψC), ou encore la dihydrouridine.

Ici il faut surtout retenir qu'en gros la thymine peut être retrouvée dans l'ARN ++

Les aminoacyls-ARNt synthétases

Les **aminoacyl-ARNt synthétases** 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**.



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

(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.

Le wooble

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.
(Rappel 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 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 :

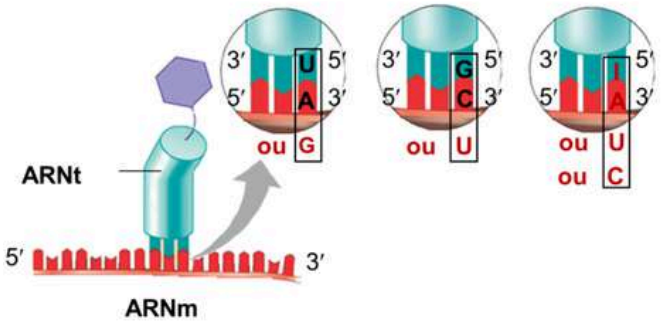
- l'uracile de l'anticodon va pouvoir s'apparier pour former la paire de base habituelle avec l'adénine, mais également avec la guanine.
- La guanine va pouvoir s'apparier de façon normale avec la cytosine, mais également avec l'uracile.
- L'inosine, qui est une des bases modifiées des ARNs de transfert, 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.

Je ne pense pas que ce soit très important de retenir le tableau mais on sait jamais.

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

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

Le ribosome

Il s'agit d'une structure macromoléculaire qui est constituée de deux sous unités et qui va assurer la traduction.

- La **petite** sous unité du ribosome va avoir pour rôle de **se fixer à l'ARN messager.** C'est elle qui va décoder l'information contenue dans l'ARN messager en s'assurant de la **correspondance entre codons et anticodons**.
- 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**.

Sur la grosse unité on retrouve 3 sites :

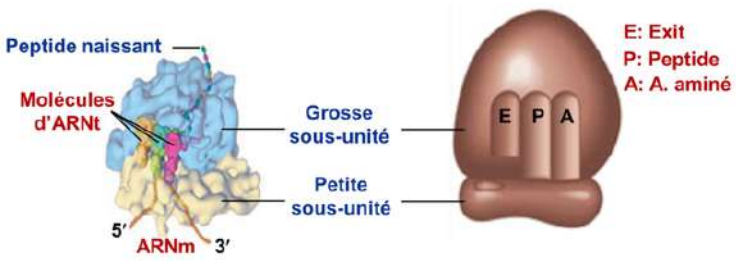
- Le site **A "acide aminé"** : Celle par laquelle un ARN de transfert chargé de son acide aminé va pénétrer à l'intérieur du ribosome.
- Le site **P pour "peptide"** : Celle au niveau de laquelle va être positionné le peptide en cours de synthèse.
- Le site **E pour "exit"** : Celle par laquelle les 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)

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

La **grosse** sous unité contient un ARN ribosomal particulier qui joue le rôle d'enzyme (activité peptidyltransférase) formant les liaisons peptidique entre les acides aminés qui sont apportés par les ARNs de transfert.



IV- Le 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

1)La phase d'initiation :

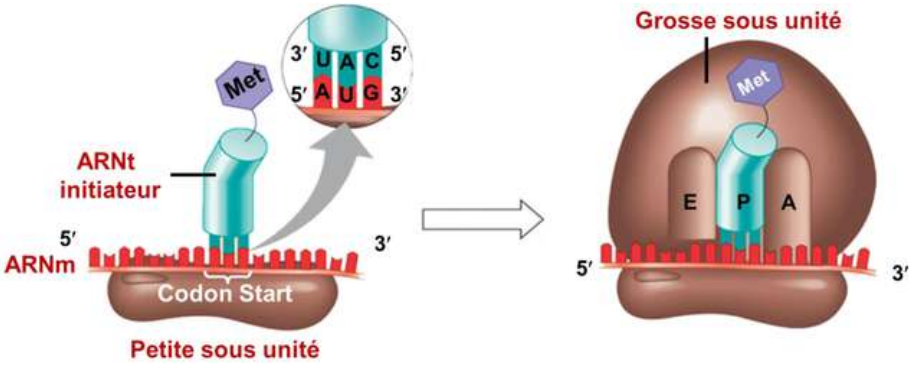
Cette phase va aboutir à l'assemblage du ribosome complet sur l'ARN messager au niveau du codon Start AUG, qui indique le début de la séquence codante à traduire.

Elle va comprendre deux étapes :

- **Formation d'un complexe de pré-initiation sur l'ARN messager** : 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 ~~de l'ARN messager~~ **DU RIBOSOME** et l'ARN de transfert initiateur qui porte la méthionine.

- **Assemblage du ribosome complet au niveau du codon Start :** 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.



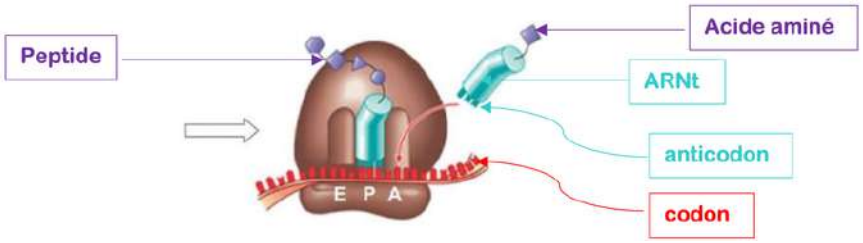
Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

2) La phase d'élongation

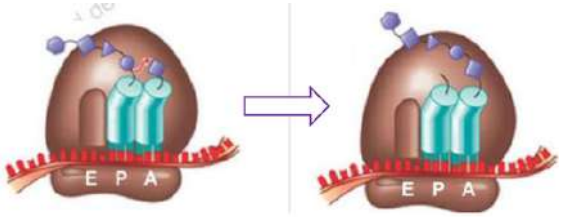
Elle correspond au déplacement du ribosome sur l'ARN messager selon le cadre de lecture jusqu'au codon Stop d'arrêt de la traduction. A chacun des codons, un nouvel acide aminé va être incorporé au peptide en cours de synthèse, par formation d'une liaison peptidique.

Ici suivez bien les schémas pour comprendre

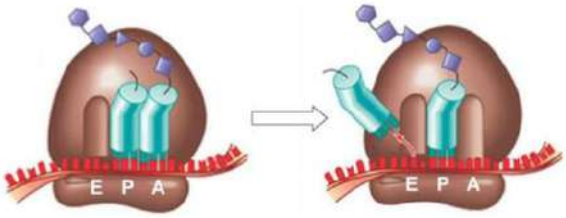
1) A chaque codon sur lequel va se positionner le ribosome, un ARN de transfert chargé d'un acide aminé va venir se positionner au niveau du site A.



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...

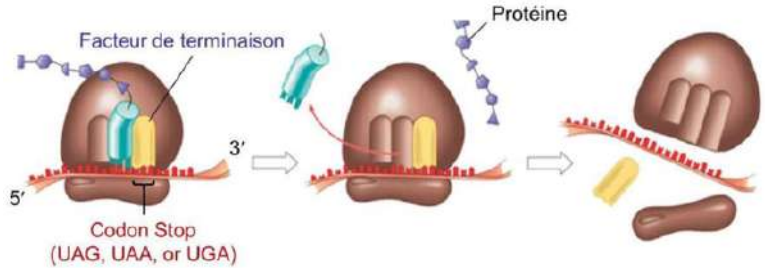
Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

3- La phase de terminaison :

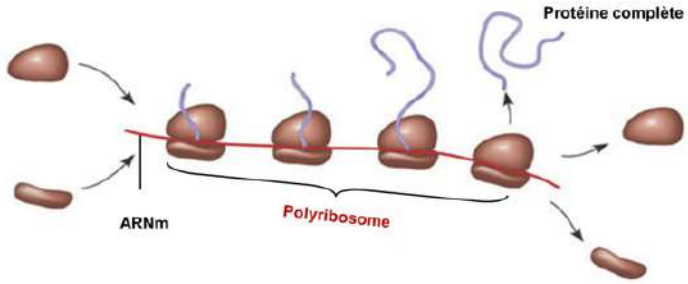
Correspond à la fin de la traduction qui se produit au niveau du codon STOP avec libération de la protéine complète.

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

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.
Comme on peut le voir sur le schéma ci-dessous, on a de représenté un ARN messager 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 messager - 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.

Et voilà il reste plus que le récapppp, en attendant pour combler le trou je vous mets cette fois des photos de mon chat lpbbbbb :







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

BIG RÉCAPPPPPP

L'expression des gènes correspond à un transfert d'information génétique :

- Un gène est une séquence d'ADN qui contient une information
- L'information des gènes qu'on appelle codant va fournir les instructions pour la synthèse d'une protéine. Son expression va comprendre une étape de transcription et une étape de traduction.
- L'information des gènes appelés non codant va être utilisée pour synthétiser un ARN. Son expression va se limiter à une étape de transcription.

La transcription d'un gène va reposer sur le principe de complémentarité des bases

- Elle fait 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 messager 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 messager 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 messager 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 messager.
- Le déchiffrage de l'information de l'ARN messager va être réalisée 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.

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

🎷DÉDIS VERSION MUSIQUEEEEE 🎹
(c'était quand même le thème de la TTR)



Dédi à The Weeknd
Dédi au concert de The Weeknd du coup
Dédi à ma playlist trèsssss aléatoire 🎶
Dédi aux karaokés (merci Valentin et Marie) avant le début des cours 🎤
Dédi aux Make u moove bien sûr 🕺
Antidédi aux aigris qui faisaient pas le Make u moove 😞
Dédi à la star acccc (branchez vous star ac jvous promet c'est trop bien)
Dédi à Olivia Rodrigo, Taylor Swift (re dédi à valentin dcp), Sabrina Carpenter, Bruno Mars
Dédi à Axel et à sa playlist
Dédi à Adele bien sûrrrr
Dédi à Someone Like You et à Lena du coup
Dédi aux chansons tristes
Dédi à Dadju aussi
Dédi à la musique tout simplement
Dédi au piano c'est trop bien (même si ça fait 3 ans que j'ai pas joué)











