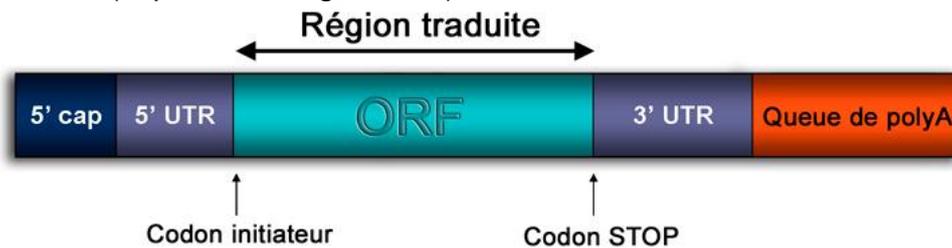


# La traduction

## I Le langage génétique

### A. Structure des ARNm

C'est la conversion d'ARNm en protéine, selon le code génétique. Seule la séquence ORF ( Open Reading Frame ) de l'ARN est traduite.



L'ARN sera traduit selon ses triplets de nucléotides ou codons. La phase de lecture (parmi les 3 possibles) effective commence par le codon **AUG** ( qui code pour Met ) ; c'est le codon initiateur. Elle se termine par un codon stop ( **UGA**, **UAA**, **UAG** ).

### B. Code génétique

La correspondance entre les codons et les acides aminés est donnée par le code génétique.

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

Le code génétique est universel et s'applique à tous les êtres vivants ( pour certains organites, le code est légèrement modifié ).

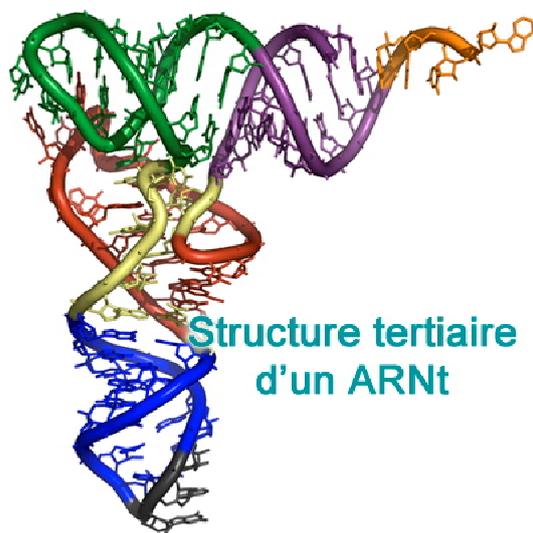
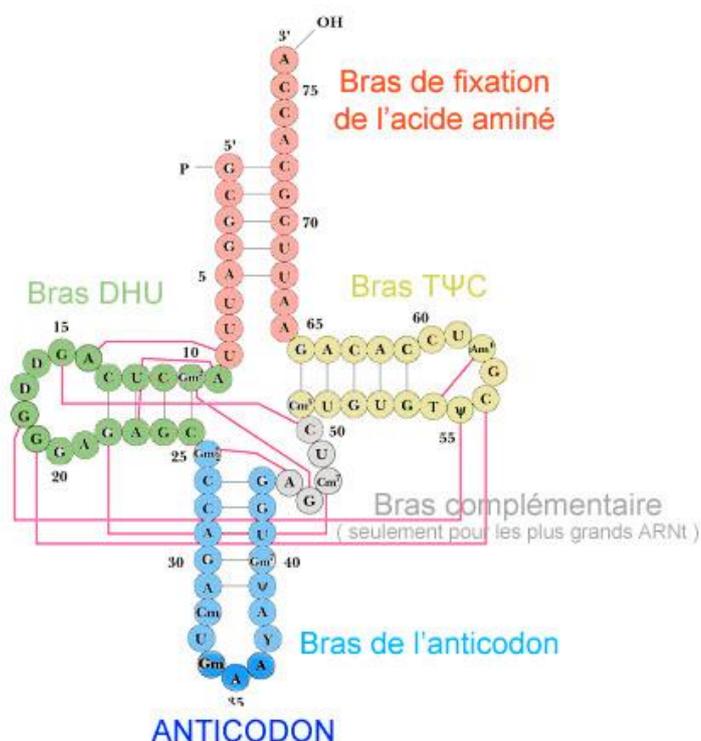
On remarque qu'il y a 64 codons différents pour seulement 20 acides aminés. On dit que le code génétique est dégénéré, parce qu'un même acide aminé peut correspondre à plusieurs codons différents.

On peut aussi remarquer que les acides aminés n'ont pas tous le même nombre de codons qui leur correspondent.

## II Les ARNt

Pour trouver la correspondance entre un acide aminé et un codon, la cellule utilise comme intermédiaire l'ARNt. D'un côté ils fixent un acide aminé, de l'autre un anticodon reconnaît le codon de l'ARNm.

### A. Structure des ARNt :



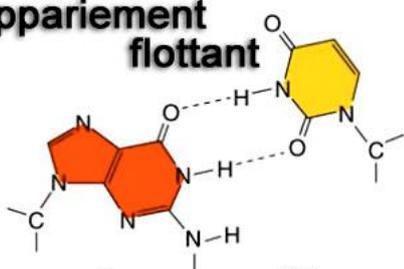
- à Les nucléotides de l'anticodon sont toujours en position 34, 35 et 36.
- à Les trois derniers nucléotides sont toujours **AAC**, ce sont eux qui vont se fixer à l'acide aminé.
- à L'appariement entre codon et anticodon se fait de manière à ce qu'un brin 5' soit face à un brin 3' et inversement.

#### I Appariement canonique :

Sachant qu'il y a 61 codons différents qui codent pour des acides aminés, on devrait en toute logique avoir 61 ARNt. Cependant il n'en est rien ; on observe que les **procaryotes** possèdent 40 ARNt et les **eucaryotes** 50 à 60 ARNt.

En fait, l'appariement entre ARNm et ARNt diffère légèrement de celui présent dans les ADN. C'est l'appariement canonique :

#### Appariement flottant



- q Nucléotides 1 et 2 du codon : appariement classique
- q Nucléotide 3 : appariement classique, mais aussi appariement entre **G** et **U** possible ! C'est l'**appariement flottant**.

Remarque : L'appariement flottant requiert un angle entre les bases important. C'est pour cela que dans l'ADN double brin, cet appariement est défavorable. De plus, seul le premier nucléotide de l'anticodon (donc celui qui se liera au dernier nucléotide du codon) a l'espace pour pouvoir former cet appariement.

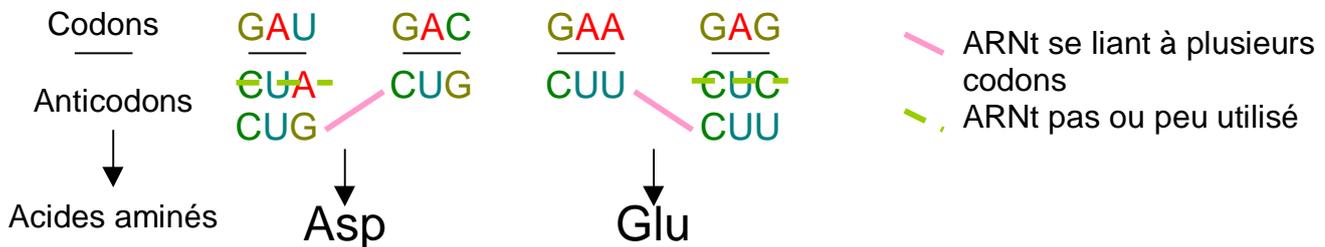
## B. Une relation entre ARNt et code génétique

On peut séparer les acides aminés par le nombre de codons qui codent pour eux :

q 4 codons : Gly, Ala ...	q 3 codons : Ile	q 6 codons : Ser, Arg, Leu
q 2 codons : Asp, Glu ...	q 1 codon : Met, Trp	

| Cases 2-2 du tableau :

Ces cases s'expliquent grâce à l'appariement flottant, qui permet à un même ARNt de se fixer à plusieurs codons, et donc de faire correspondre un seul acide aminé à plusieurs codons.

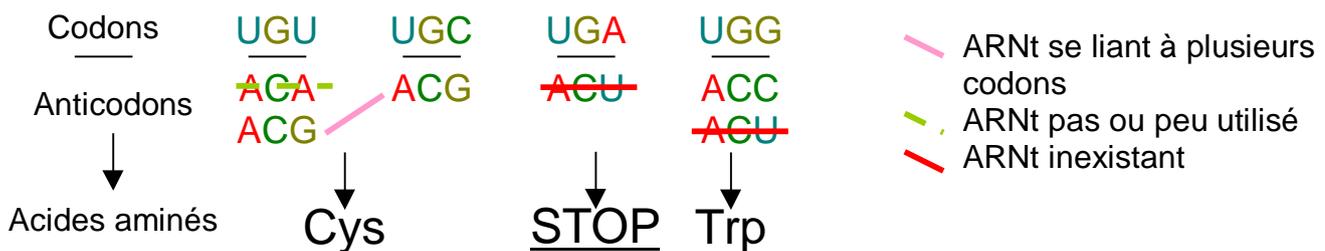


| Cases 4 du tableau :

On estime qu'au niveau de ces codons, la reconnaissance ne se porte que sur les deux premiers nucléotides, permettant ainsi une plus large résistance aux mutations. On a donc deux ARNt (parfois plus) codant pour un même acide aminé.

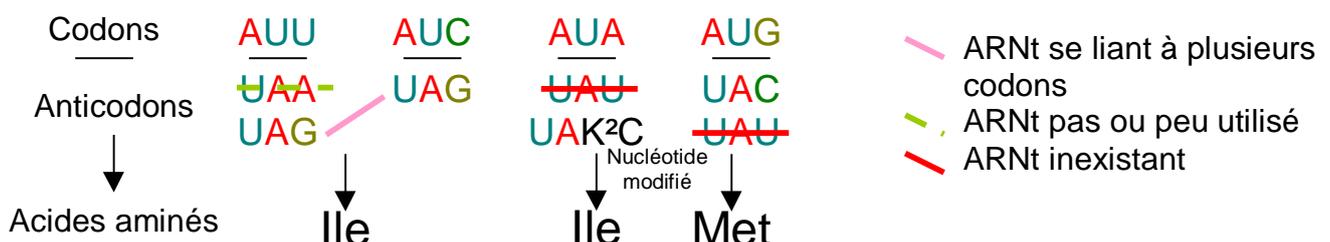
| Case Cys-Cys-STOP-Trp :

Cette case est unique. Elle s'explique par le fait qu'un ARNt n'existe pas pour le codon STOP. C'est d'ailleurs ce qui déclenche les mécanismes de fin de traduction de l'ARN.



| Case Ile-Ile-Ile-Met :

Cette case est unique. Pour que les deux derniers codons puissent correspondre à des acides aminés différents, l'ARNt en commun n'existe pas ; un codon portant un nucléotide modifié permet la correspondance avec un nouvel ARNt.

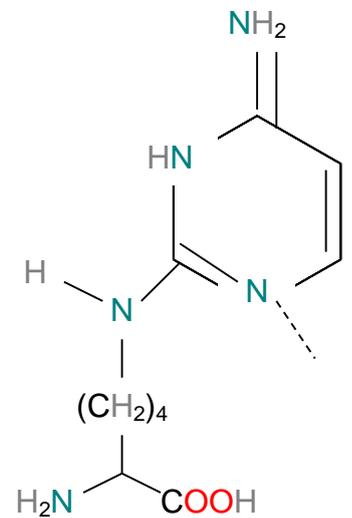


### C. Nucléotides modifiés

- q Lysidine K<sup>2</sup>C : Cytosine portant sur son 2° carbone l'amine du résidu Lysine

Lysidine

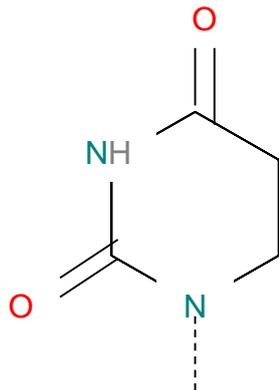
à Ce nucléotide modifié s'apparie avec A



- q Dihydro-uridine D : Uridine avec la double liaison 5-6 hydrogénée

Dihydro-uridine

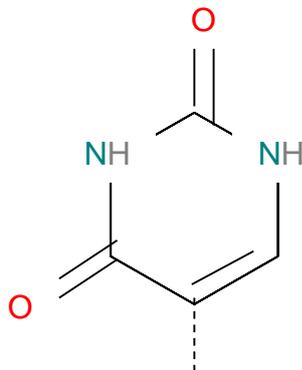
à Présent dans la boucle DHU



- q Pseudo-uridine T̄ : Retournement de l'Uridine selon l'axe du 6° carbone et du 3° azote

Pseudo-uridine

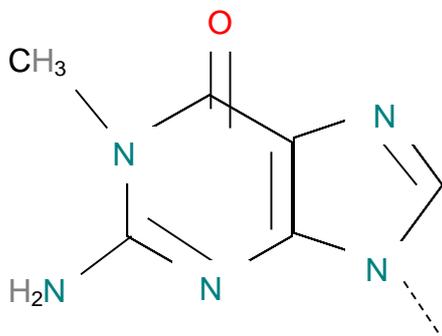
à Présent dans la boucle T̄ C



- q 1-méthylguanosine m<sup>1</sup>G : Guanosine méthylée sur le 1° azote

1-méthylguanosine

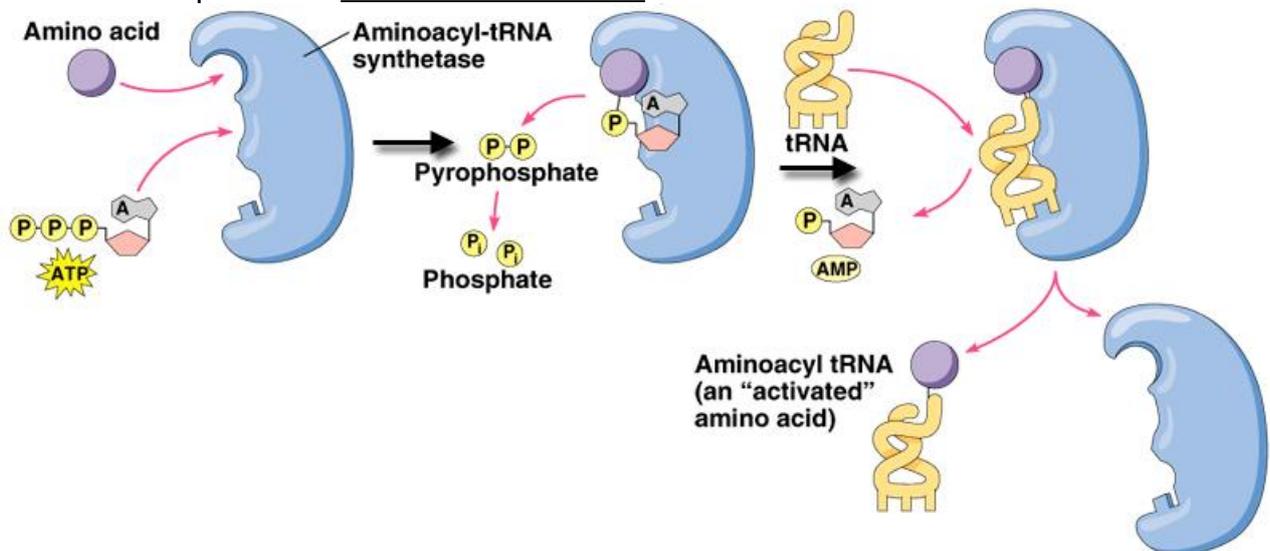
à En position 37 de l'ARNt (après l'anticodon)



### D. Fixation de l'acide aminé à l'ARNt

La réaction est difficile dans les conditions physiologiques. Cette réaction est donc catalysée par l'aminacyl-ARNt-synthétase. Il existe une enzyme pour

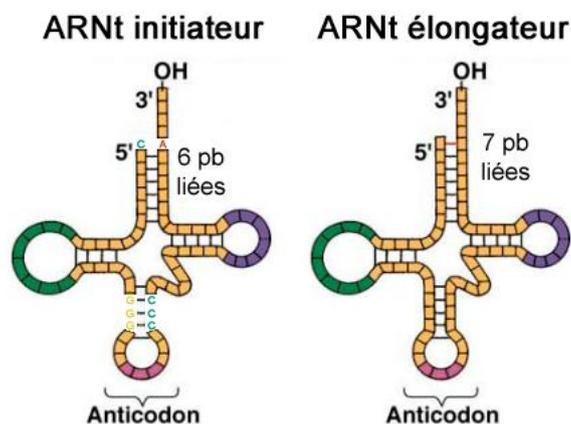
chaque acide aminé (soit 20 enzymes). L'acide aminé est ensuite activé par une molécule d'**ATP**. Enfin, la protéine va reconnaître l'un des ARNt spécifiques de l'acide aminé puis va le fixer à l'Adénine en 3' de l'ARNt.



Remarque : La reconnaissance de l'ARNt se fait à plusieurs endroits de l'ARNt appelés les éléments d'identité. Ainsi on retrouve parmi ces éléments : l'*anticodon*, le *bras DHU*, le *bras variable supplémentaire*, la *base discriminante 73* ou le *bras accepteur*. Les deux derniers semblent avoir une importance particulière.

### E. ARNt initiateur

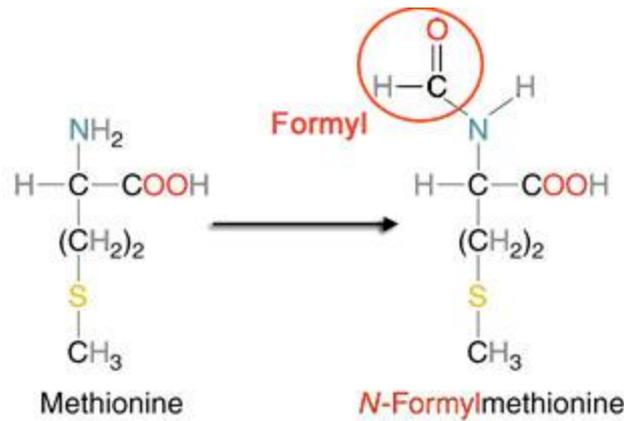
Comment la cellule arrive-t-elle à différencier l'ARNt initiateur des autres ARNt codant pour la Méthionine ? Il existe en fait des différences structurales entre ces ARNt.



Ces différences permettent aux ARNt de se lier à des protéines différentes (les facteurs d'initiation ou les facteurs d'élongation), modifiant ainsi leur devenir dans la traduction.

! Formylation de la Méthionine :

Chez les bactéries, le premier acide aminé Méthionine est légèrement modifié. Une enzyme (la formylase) ajoute un groupement formyl sur l'amine la Méthionine.



Celle-ci ne pouvant plus former de liaison peptidique du côté N-ter, ce mécanisme aurait comme but d'empêcher la formation d'une chaîne polypeptidique de N-ter en C-ter.

### III Mécanisme de la traduction

#### A. Endroit de la traduction : le ribosome

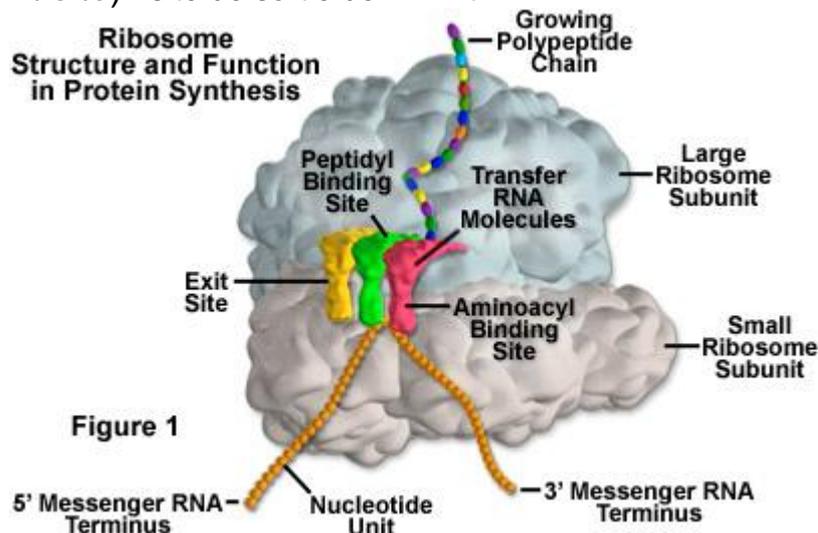
Le ribosome est un complexe ribonucléoprotéique (ARNr + protéines) formé de deux sous-unités (L et S).

Sous-unité	Taille	ARNr	Protéines
Grande sous-unité L	50S	23S et 5S	30
	60S	28S, 5S et 5,8S	50
Petite sous-unité S	30S	16S	20
	40S	18S	30

*Légende :*  
Procaroyotes  
Eucaryotes

On distingue plusieurs sites dans le ribosome relatifs à l'ARNt :

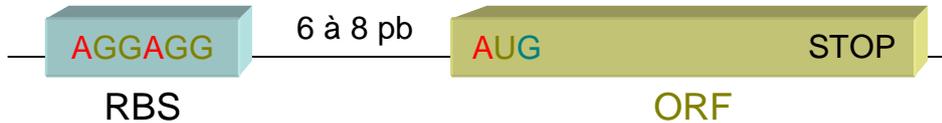
- q **Site A** (*Aminoacyl binding site*) : l'acide aminé de l'ARNt est le dernier de la chaîne polypeptidique actuelle
- q **Site P** (*Peptidyl binding site*) : l'acide aminé de l'ARNt est à l'intérieur de la chaîne polypeptidique actuelle
- q **Site E** (*Exit site*) : site de sortie de l'ARNt



## B. Séquence d'initiation de la traduction

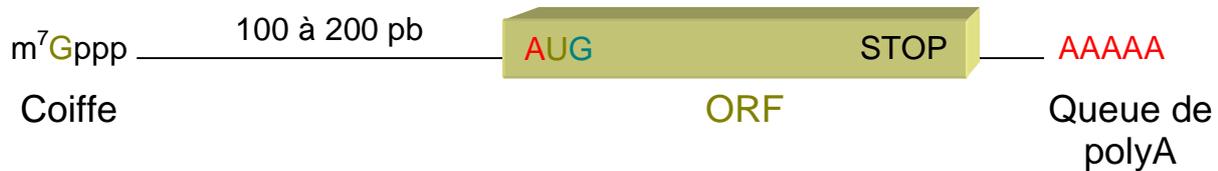
Seul l'ORF (ou les ORF dans le cas des opérons) est traduite dans l'ARNm. C'est pour cela que l'ARNm doit posséder une structure qui permet au complexe traductionnel d'identifier le début de l'ORF.

q Chez les **procaryotes** : séquence RBS (*Ribosome Binding Site*)



Cette séquence est complémentaire d'une autre se trouvant sur l'ARNr 16S du ribosome à possibilité de complexation.

q Chez les **eucaryotes** : premier codon AUG après la coiffe

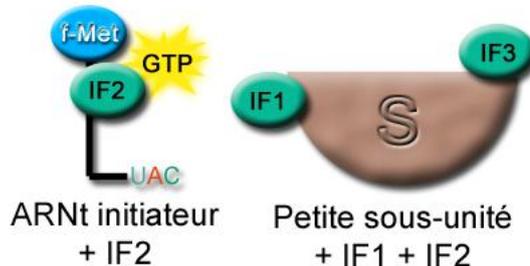


## C. Initiation de la traduction

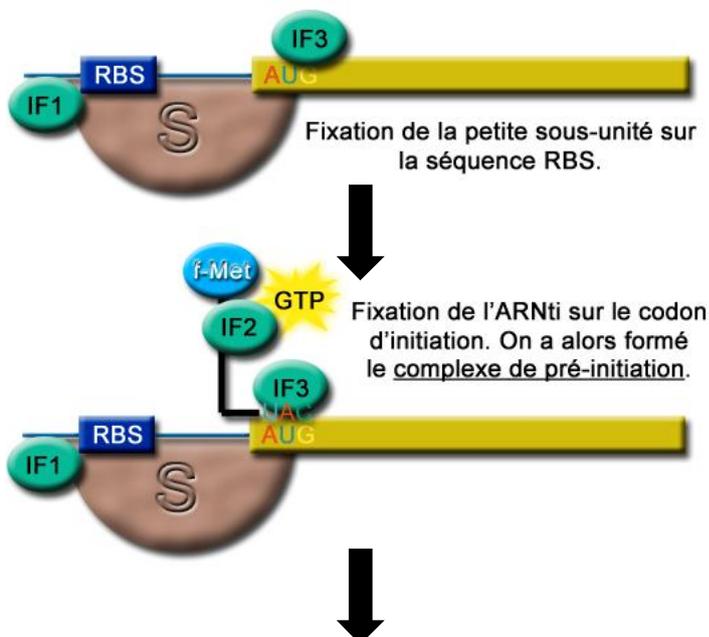
1) Chez les procaryotes

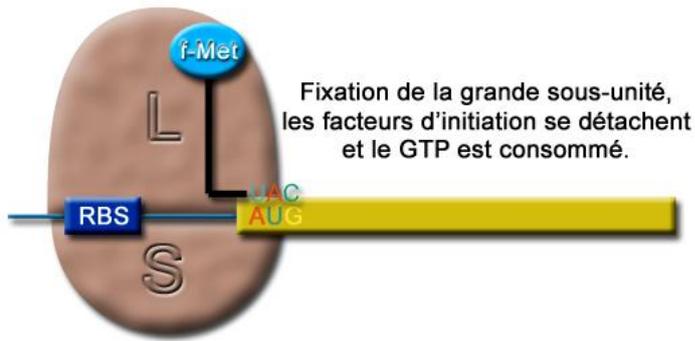
I Préparation :

Tout d'abord, les facteurs d'initiation (IF1, IF2 et IF3) vont initier la traduction en se liant aux molécules protagonistes (ribosome, ARN<sub>t</sub><sub>i</sub>).



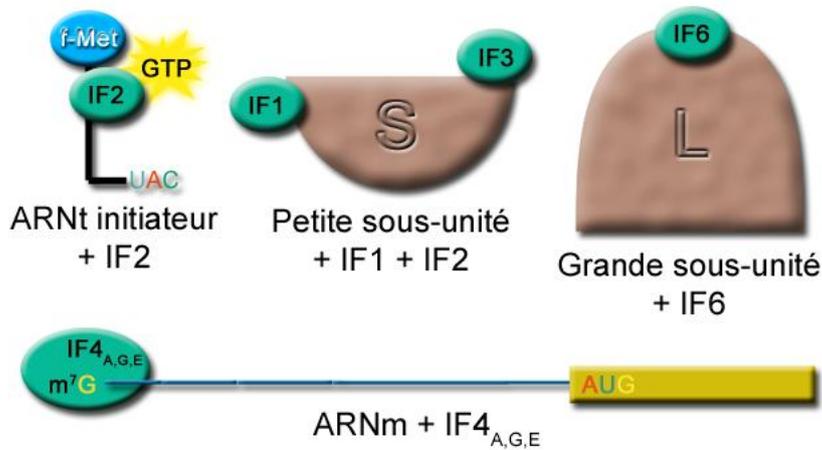
I Mécanisme :



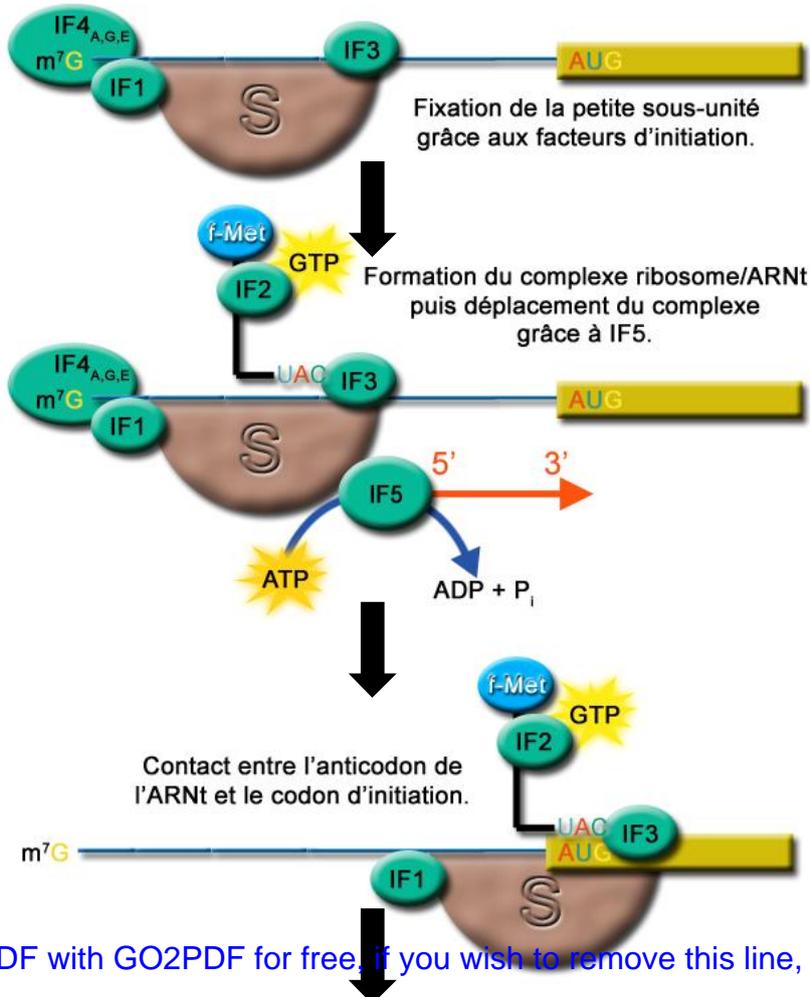


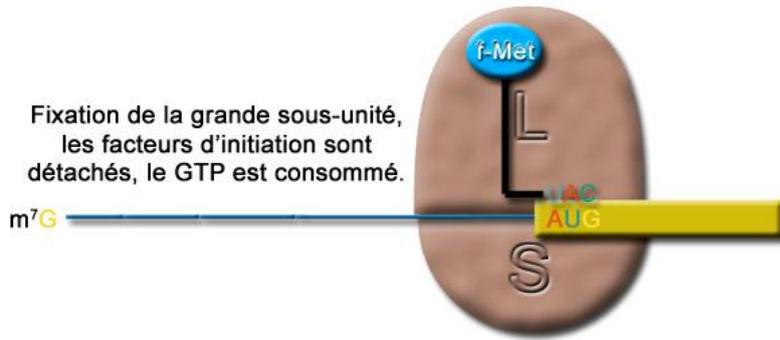
## 2) Chez les eucaryotes

Comme pour les procaryotes, les facteurs d'initiation vont se lier aux molécules protagonistes afin d'initier la traduction.



## I Mécanisme

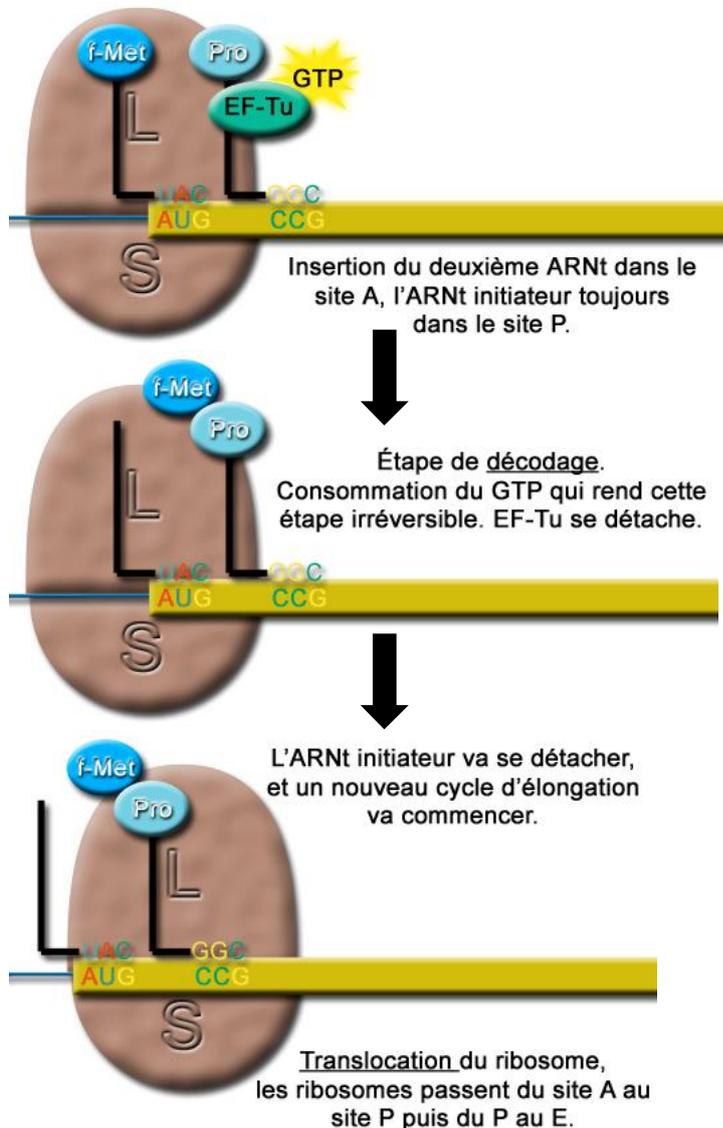




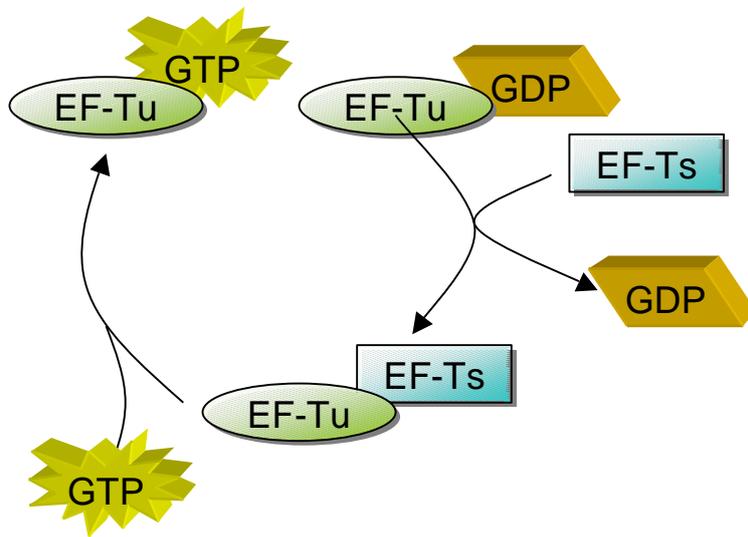
## D. Élongation de la traduction

Les ARNt élongateurs se lient aux facteurs d'élongation, puis s'insèrent dans le site A du ribosome.

| Mécanisme :



| Régénération des EF-Tu :



Remarque : Chez les eucaryotes, *EF-Tu* s'appelle *EF-1 $\beta$*  et *EF-Ts* s'appelle *EF-1 $\alpha$* .

### E. Terminaison de la traduction

Chez les **procaryotes**, en fonction du codon stop rencontré par le ribosome, le facteur de terminaison (*Release Factor*) sera différent : pour **UAG** il faut **RF1**, pour **UGA** il faut **RF2** et pour **UAA** un des deux. Celui-ci va décrocher la chaîne polypeptidique. **RF3** ainsi que **RFF** (*Ribosome Recycling Factor*) vont ensuite séparer les différents composants du ribosome.

Chez les **eucaryotes**, seul **eRF3** est requis.

### F. Bilan énergétique

Pour synthétiser une molécule à  $n$  acides aminés, il faut brûler  $3 + 4n$  équivalents d'**ATP**.

## IV Modifications post-traductionnelles

La protéine n'est pas tout de suite fonctionnelle, elle doit d'abord subir certaines modifications post-traductionnelles.

q Repliement de la protéine :

La protéine peut spontanément ou à l'aide d'une enzyme former des structures secondaires (hélices, feuillets ...). Certains acides aminés sont aussi capables de former des ponts disulfures.

q Fixations :

La chaîne polypeptidique peut subir quelques modifications à l'intérieur des réticulum endoplasmiques ou de l'appareil de Golgi la fixation de lipides ou de glucides.

q Maturation protéolytique :

Une enzyme peut découper la chaîne polypeptidique à certains endroits, la rendant fonctionnelle (ex : proinsuline à insuline).

q Mise en place des protéines :

Déplacement vers certains organites : les membranes, milieu mitochondrial, milieu extracellulaire ...

q Dégradation :

Mécanisme permettant de recycler les acides aminés.