

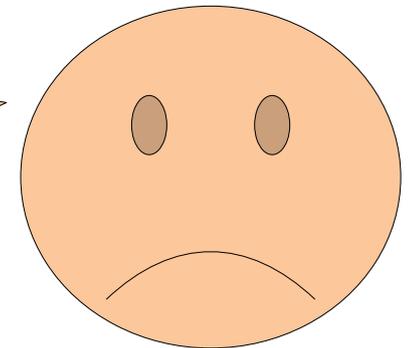
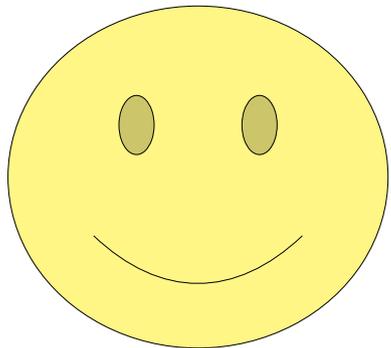
CHAPITRE IV : Les mécanismes de l'expression génétique

Leçon 9 : Le code génétique et la traduction

你好！最近怎么样？

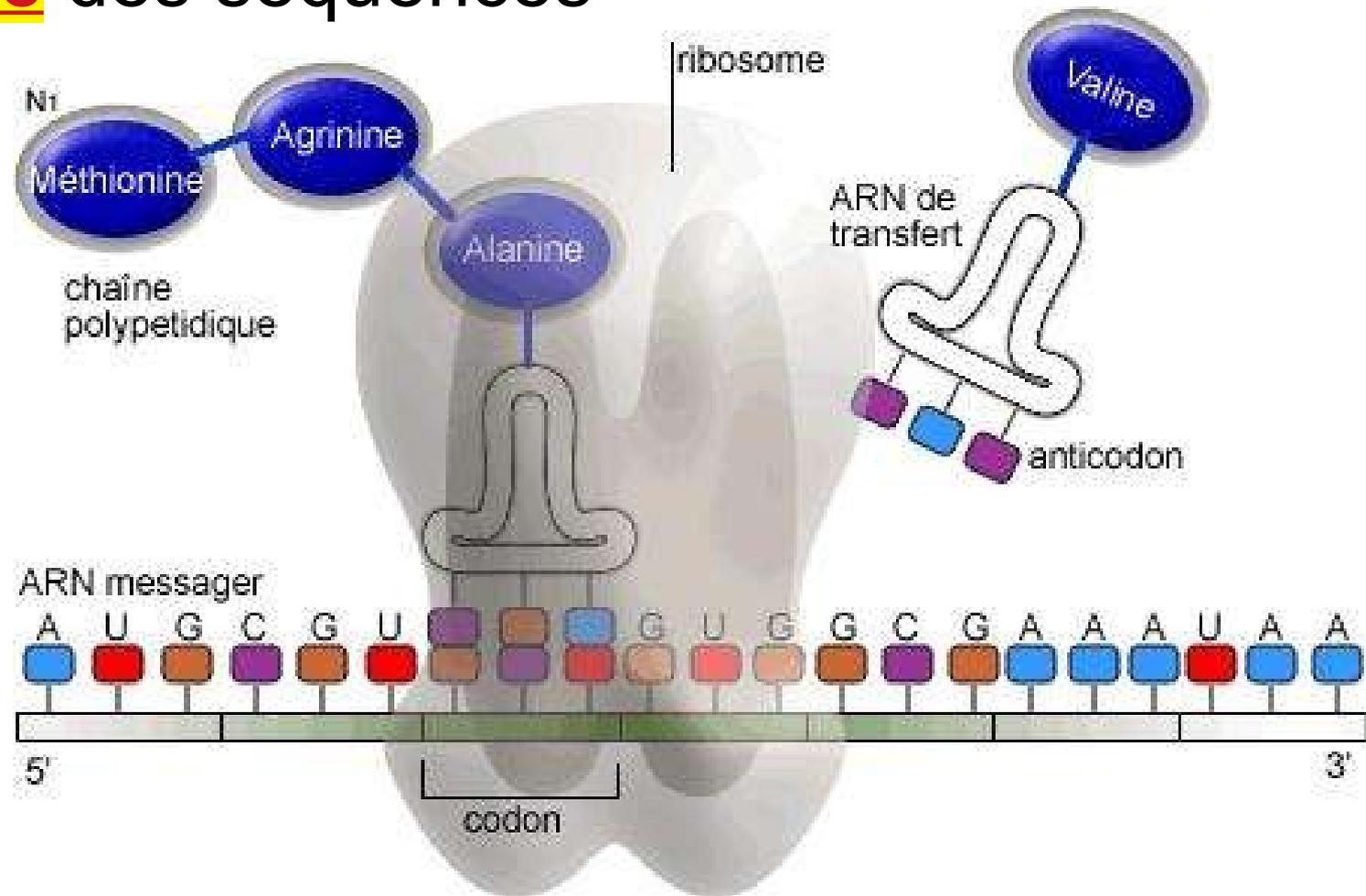
???????

Euh... Parlez-vous français ?



Synthèse du polypeptide

- Se déroule dans le cytoplasme
- **Colinéarité** des séquences



Le code génétique

- Propriétés majeures :

- Universel
- Univoque
- Redondant

1 ^{re} position (début du codon)	2 ^e position				3 ^e position (fin du codon)
	U	C	A	G	
U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	STOP	STOP	A
	Leu	Ser	STOP	Trp	G
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Prp	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile	Thr	Lys	Arg	A
	Met	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G

Le cadre de lecture

- Les codons ne se chevauchent pas
- Trois cadres de lecture possibles en théorie
- **Un codon = Un triplet dans le cadre de lecture**

CAGUGGAGUGCGGUU

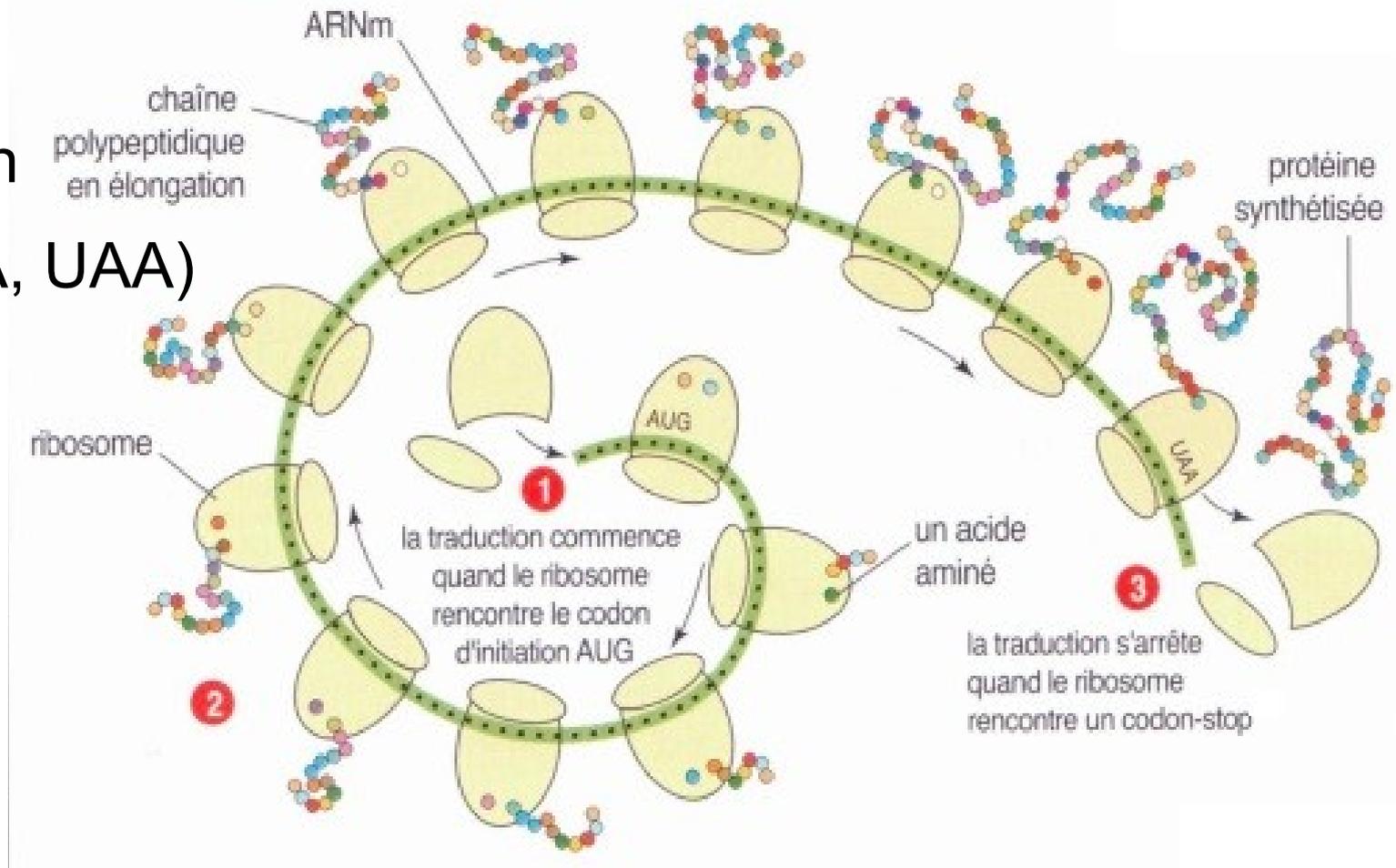
CAG	UGG	AGU	GCG	GUU
Gln	Trp	Ser	Ala	Val

C	AGU	GGA	GUG	CGU	UU
	Ser	Gly	Val	Arg	

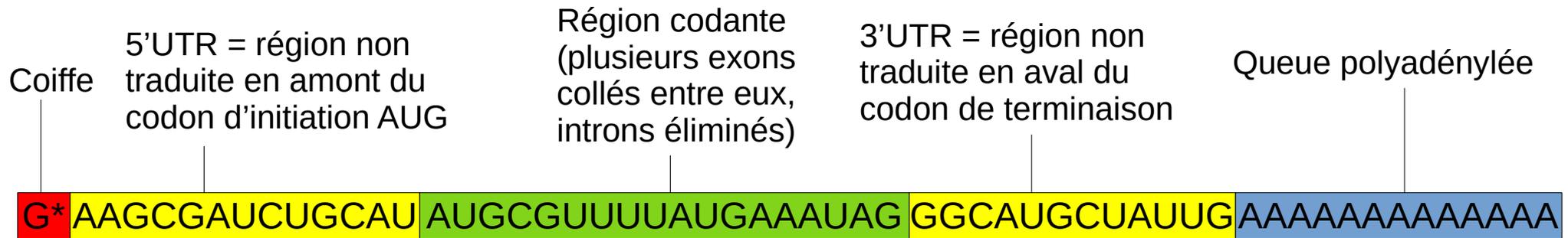
CA	GUG	GAG	UGC	GUU	U
	Val	Glu	Cys	Val	

Le mécanisme de la traduction

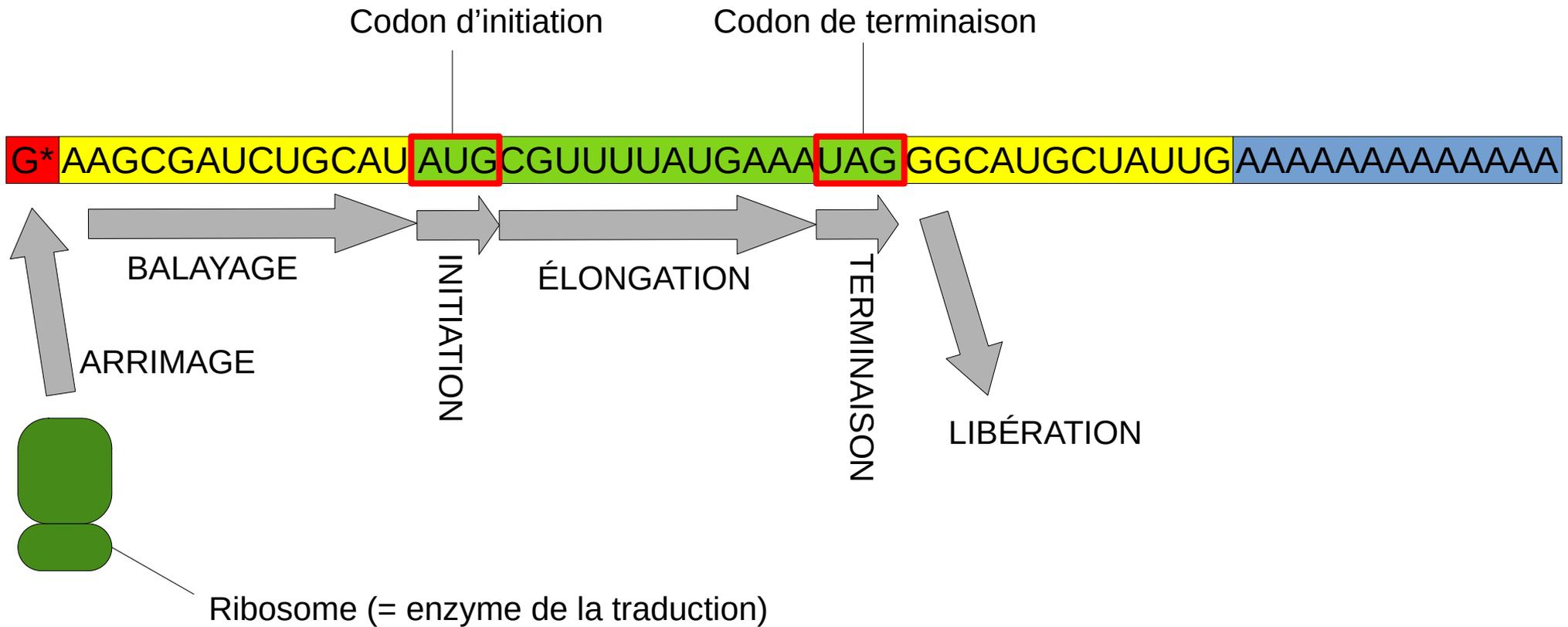
- Recrutement à la coiffe
- Initiation (AUG)
- Élongation
- Terminaison (UAG, UGA, UAA)
- Libération



La structure de l'ARNm (rappel)

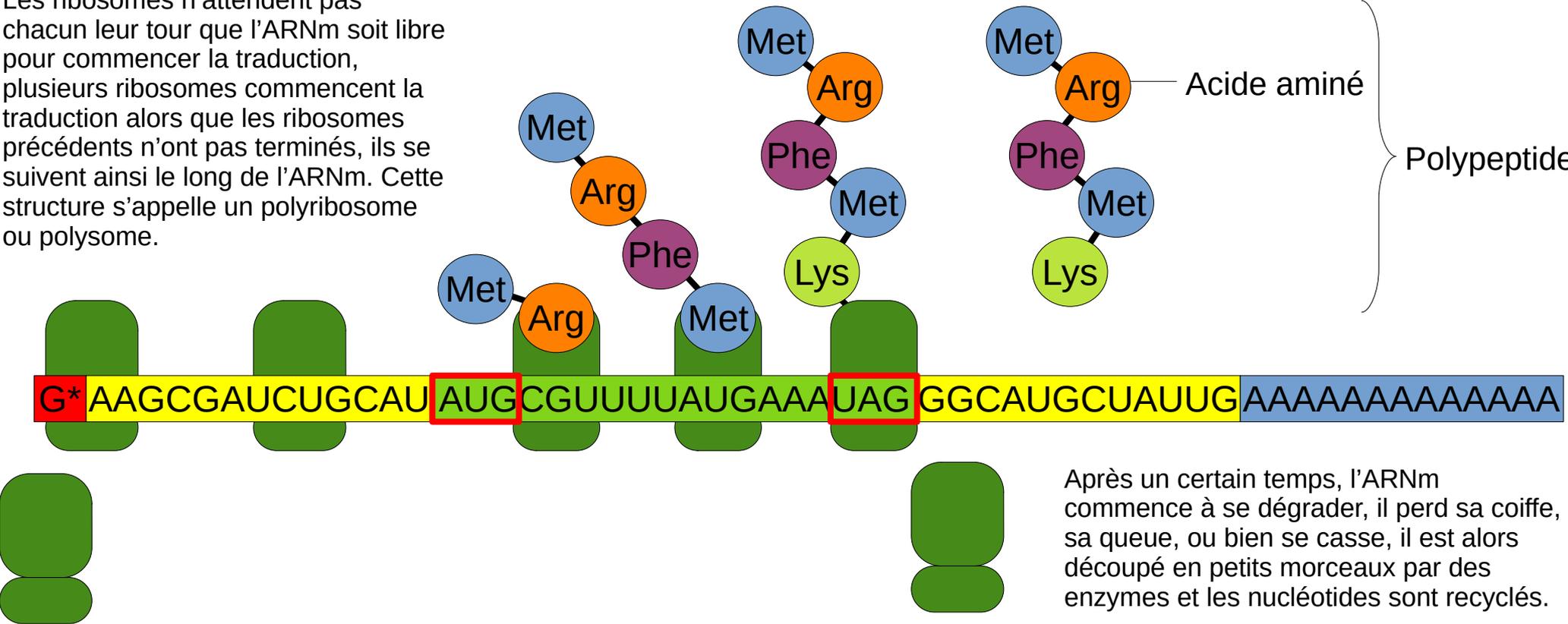


Le parcours du ribosome



La traduction par plusieurs ribosomes simultanément

Les ribosomes n'attendent pas chacun leur tour que l'ARNm soit libre pour commencer la traduction, plusieurs ribosomes commencent la traduction alors que les ribosomes précédents n'ont pas terminés, ils se suivent ainsi le long de l'ARNm. Cette structure s'appelle un polyribosome ou polysome.



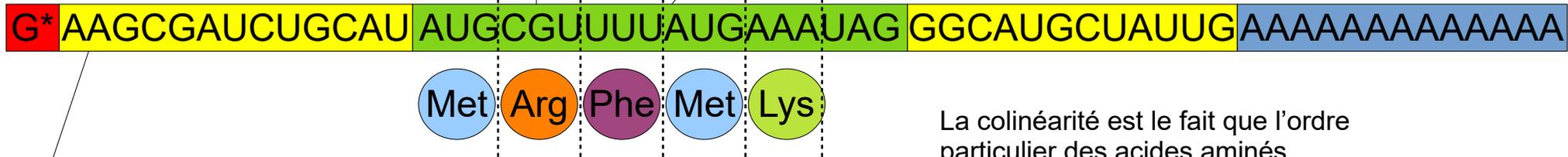
Après un certain temps, l'ARNm commence à se dégrader, il perd sa coiffe, sa queue, ou bien se casse, il est alors découpé en petits morceaux par des enzymes et les nucléotides sont recyclés.

La notion de codon

- **Quelle est la différence entre un triplet et un codon ?** – Un triplet est n'importe quel groupe de trois nucléotides successifs sur l'ARN ou sur l'ADN. Un codon est un triplet particulier sur l'ARN qui correspond à un acide aminé, autrement dit qui se trouve dans le cadre de lecture dans la région codante (ce qui exclut les introns).

Ce CGU est un codon,
il correspond à l'acide
aminé Arginine

Ce UAU n'est pas un codon, il ne
correspond pas à un acide aminé,
c'est un triplet décalé par rapport
au cadre de lecture

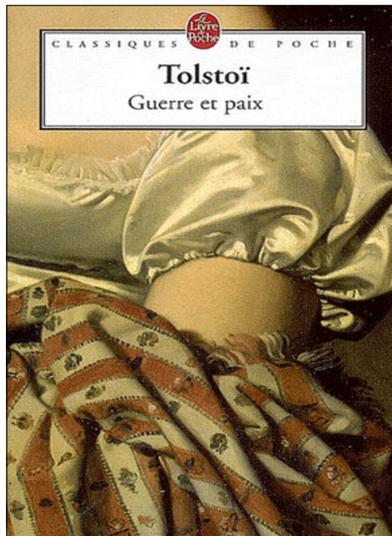


Ce AAG n'est pas un codon, il n'est
pas dans la région codante

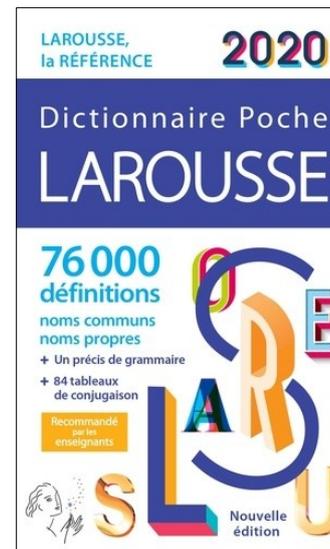
La colinéarité est le fait que l'ordre
particulier des acides aminés
correspond à la succession des
nucléotides. On dit que les séquences
sont colinéaires.

Code génétique et Information génétique

- L'**information génétique** se trouve dans les allèles, c'est la succession des nucléotides qui permet de produire des polypeptides particuliers. Elle est donc *différente* d'un organisme à l'autre (sauf pour les clones).
- Le **code génétique** est le tableau qui permet de lire les codons et de les faire correspondre aux acides aminés. Il est donc *identique* chez tous les organismes (à quelques rares exceptions près qui ont un code génétique très légèrement différent).



L'information génétique est le roman, le texte est différent d'un roman à l'autre, mais tous les romans utilisent les mêmes mots

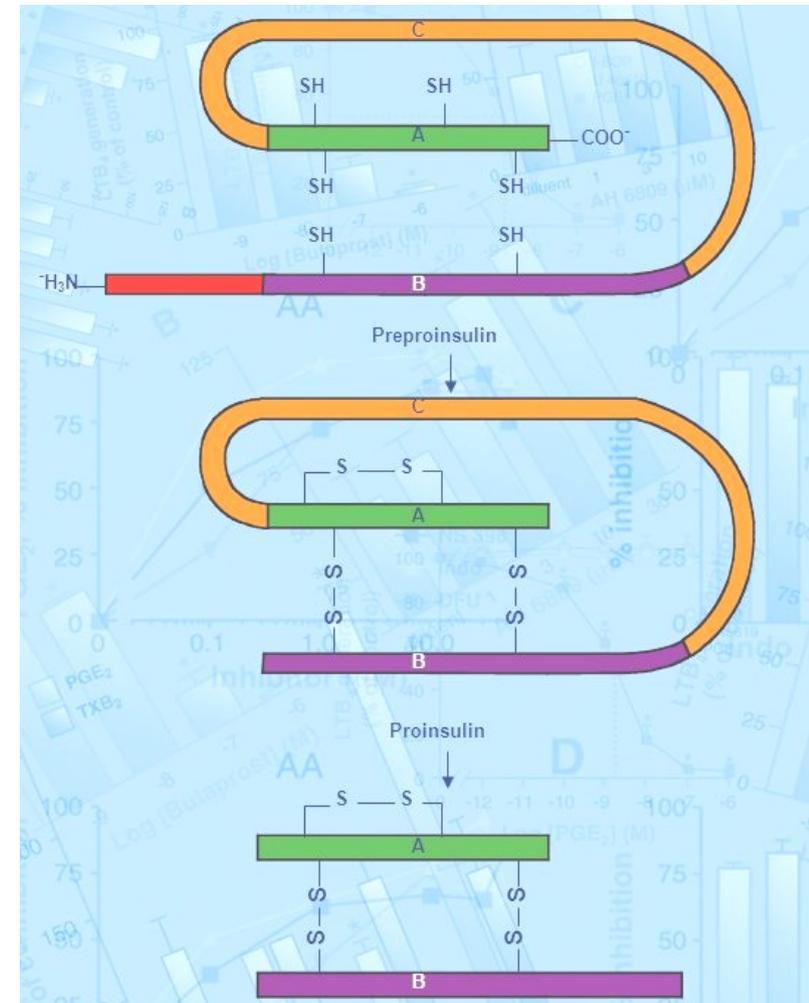


Le code génétique est le dictionnaire, il permet de lire tous les romans

Modifications post-traductionnelles

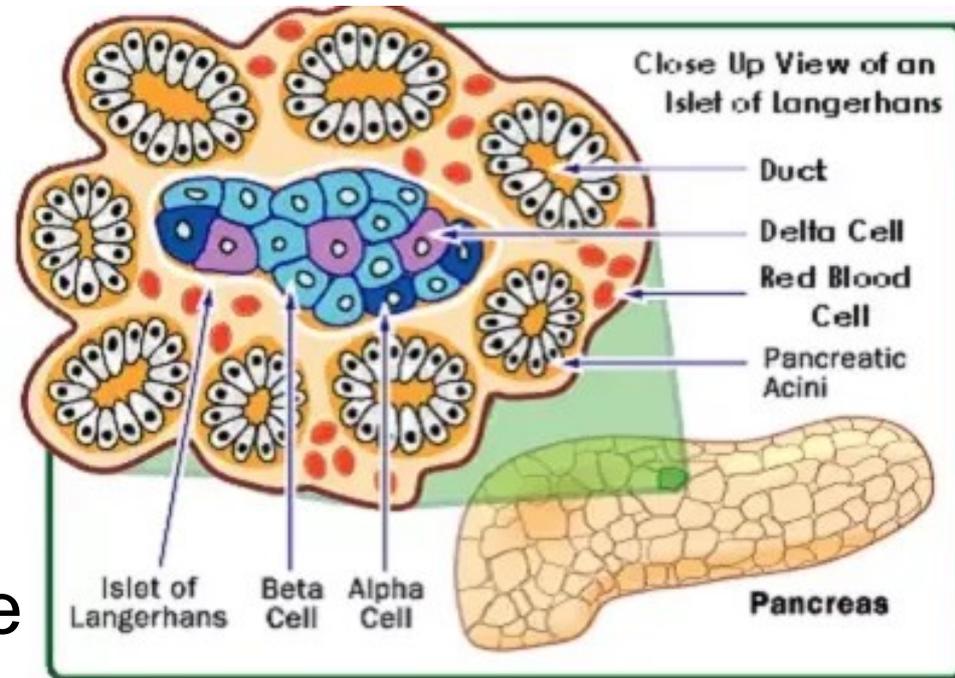
- La **méthionine initiale** correspondant au 1^{er} AUG est **souvent excisée** (mais pas toujours)
- Attention à la numérotation des codons et des acides aminés !
- Nombreuses autres modifications possibles

La synthèse de l'insuline



L'expression du génotype à différents niveaux d'organisation

- Régulation par des facteurs internes (état de la cellule, communication intercellulaire, etc.)
- Régulation par des facteurs externes (environnement)
- Expression hiérarchisée :
 - Génotype
 - Phénotype moléculaire
 - Phénotype cellulaire
 - Phénotype macroscopique



L'albinisme OCA1A

Comparaison avec alignement

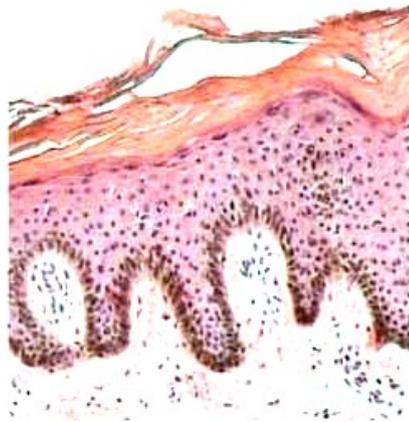
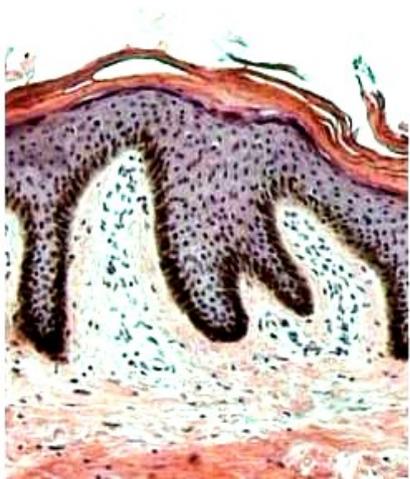
	365	370	375	380	385
Traitement	<	>	0		
Identités	<	>	0	*****	*****
TyrCod1.adn	<	>	0	ATGCACAATGCCTTGCACATCTATATGAATGGAACAATGTCCCAGGTACAGGGATCTGCCAACGATCCTATCTT	
TyrAlbA1.adn	<	>	0	-----A-----	
Traitement	<	>	0		
Identités	<	>	0	* * * * *	* * * *
Pro-TyrCod1.adn	<	>	0	MethHisAsnAlaLeuHisIleTyrMetAsnGlyThrMetSerGlnValGlnGlySerAlaAsnAspProIlePh	
Pro-TyrAlbA1.adn	<	>	0	- - - - -	Asn- - -

Génotype

Tyrosine → L-Dopa ~~→~~ Dopaquinone → Mélanine

Tyrosinase

Phénotype moléculaire



Phénotype cellulaire

Phénotype macroscopique

