

La traduction

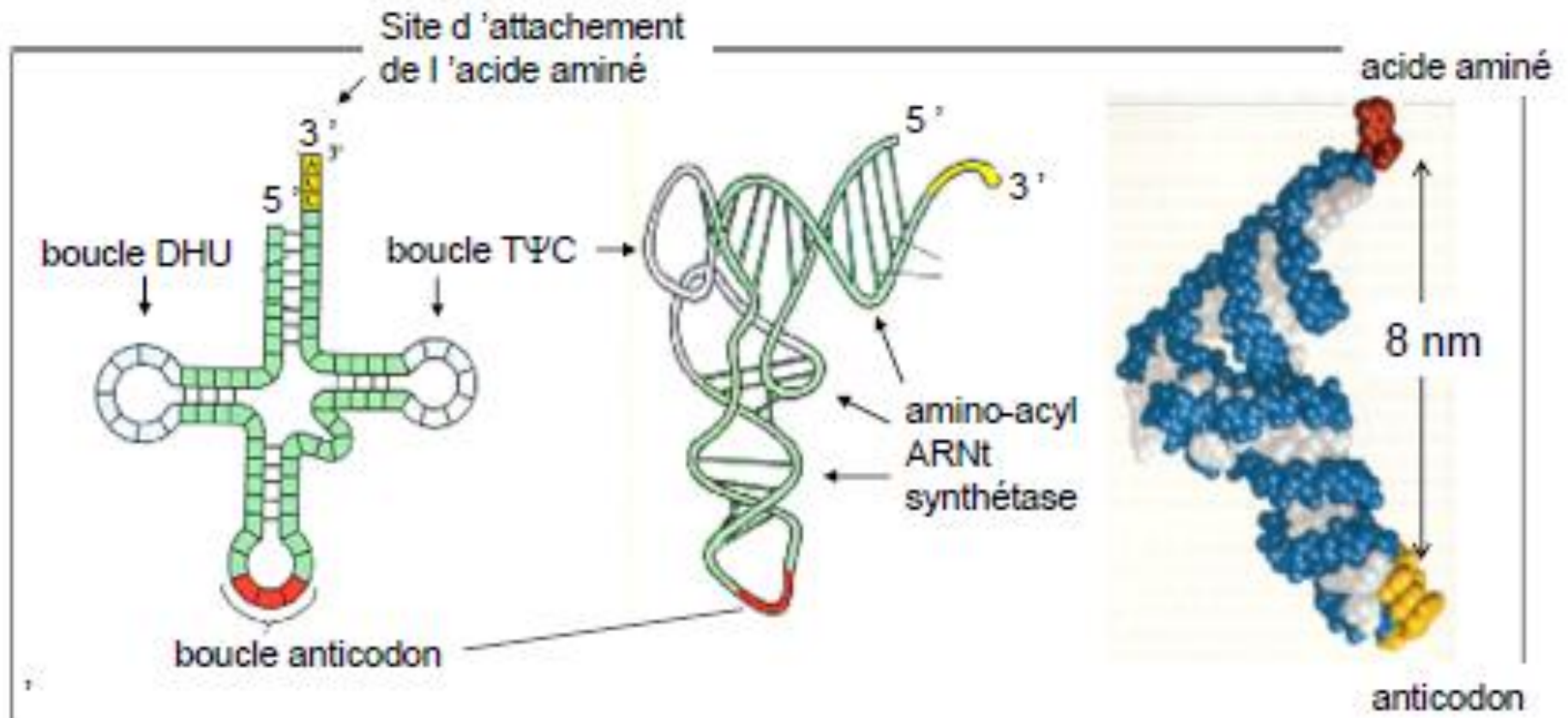
Le code génétique

Deuxième nucléotide

Premier nucléotide

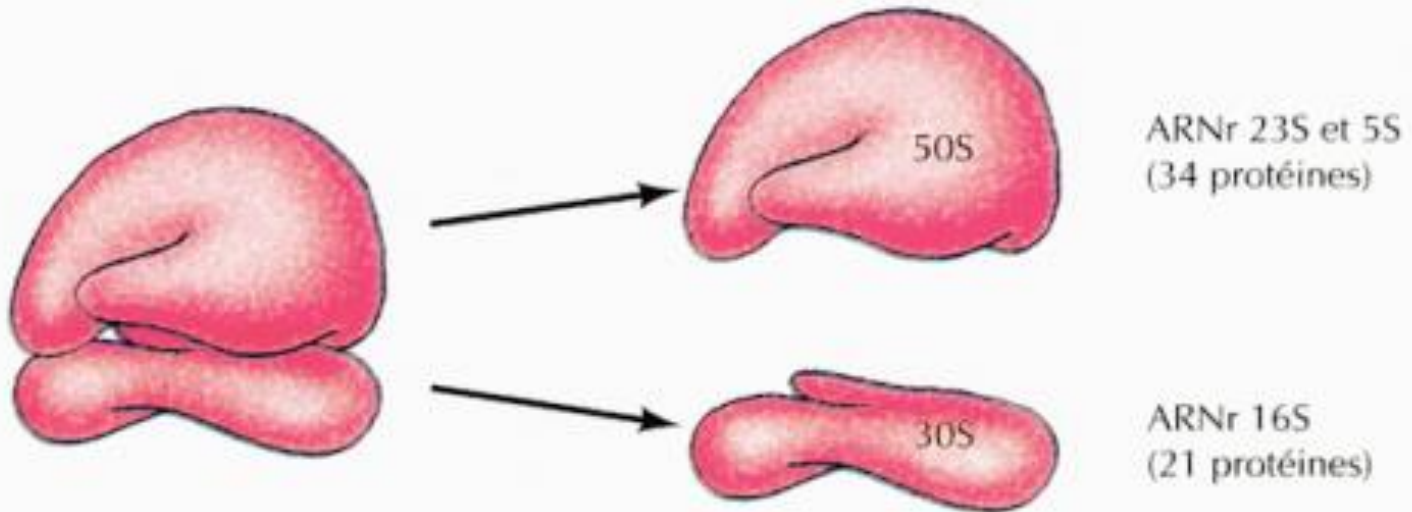
		U		C		A		G													
U	UUU	phényl-alanine	UCU	sérine	UAU	tyrosine	UGU	cystéine	U	UUA	leucine	UCA	UAG	UGA	STOP	UCC	UAG	UGG	tryptophane	C	
	UUC		UCG		UAA		UGC			A		G									
	AUU	isoleucine	ACU		thréonine	AAU	asparagine	AGU		sérine	U	AUG	méthionine	ACA	AAG	AGA	arginine	AAA	lysine	AGG	A
	AUC		ACG			AAU		AGC				CAA	glutamine	CGU		arginine		C			
AUA	CCU		proline	CAC		glutamine	CGC	arginine	A	G		CUG		CCA	CGA		CGG	G			
GUU	valine	GCU		alanine			GAU		acide aspartique			GGU	glycine	U	GUC	GCC	GCA	GCG	GAA	GAG	GAC
GUA		GAA			acide glutamique	GGG															
GUG		GAG																			

Troisième nucléotide

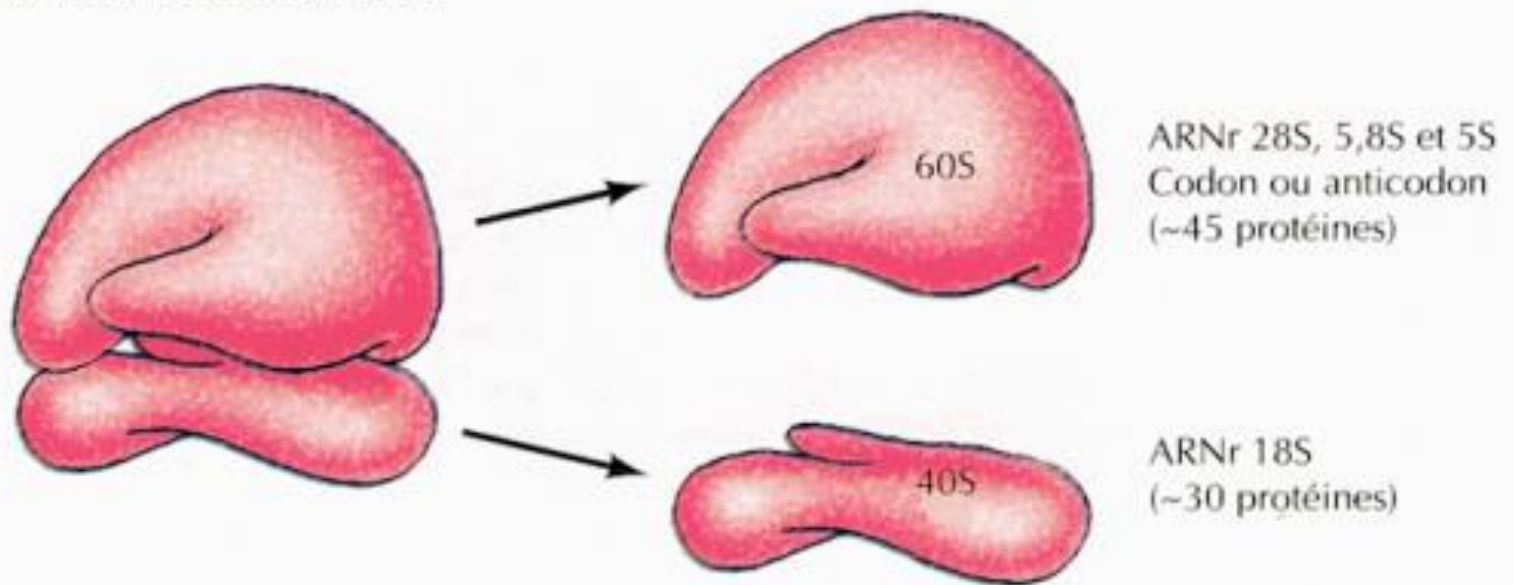


- 70 à 95 nt avec de nombreuses bases modifiées
- ≈ 50 % des bases « appariées »
- Pi en 5', boucles DHU, anticodon, TΨC, CCA en 3', sites de reconnaissance par l'amino-acyl ARNt synthétase

Ribosome 70S de procaryote



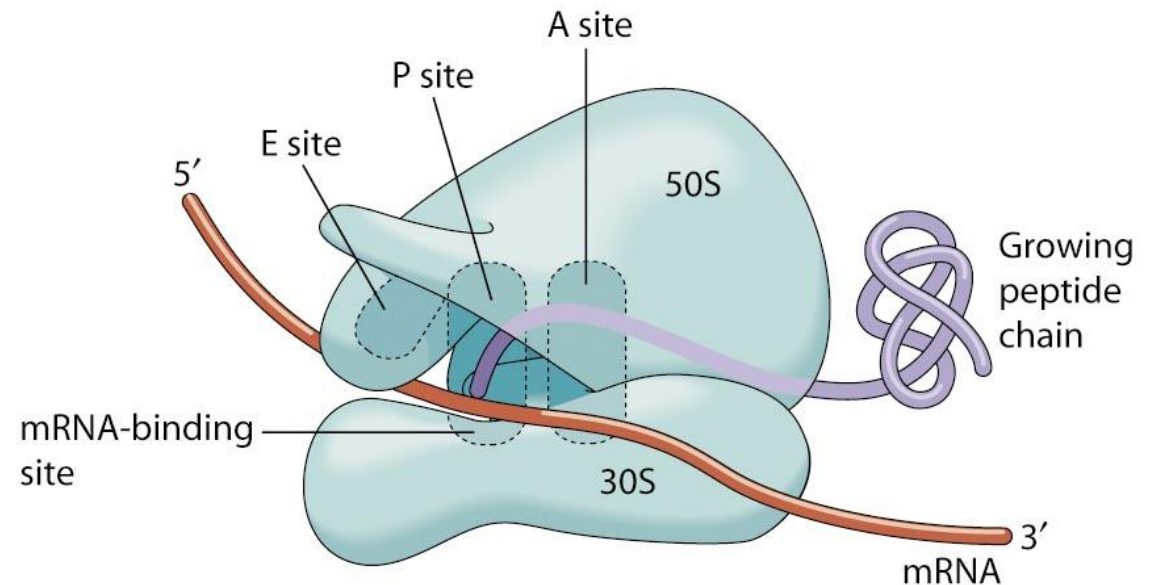
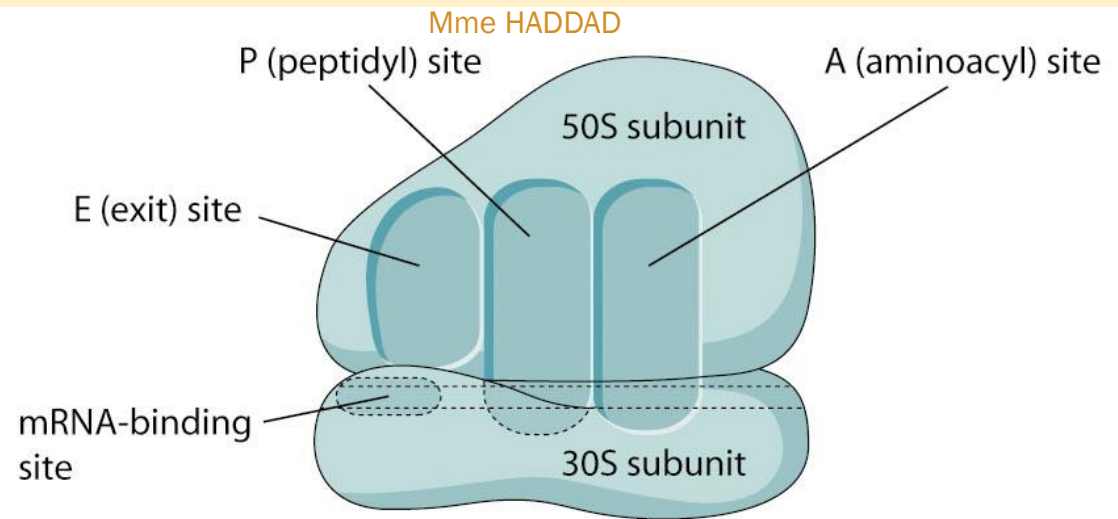
Ribosome 80S d'eucaryote



Le site A ou Aminoacyl est le site occupé par l'aminoacyl-ARNt.

Le site P ou Peptidyl est le site occupé par le peptidyl-ARNt, c'est-à-dire l'ARNt qui porte la chaîne polypeptidique en croissance.

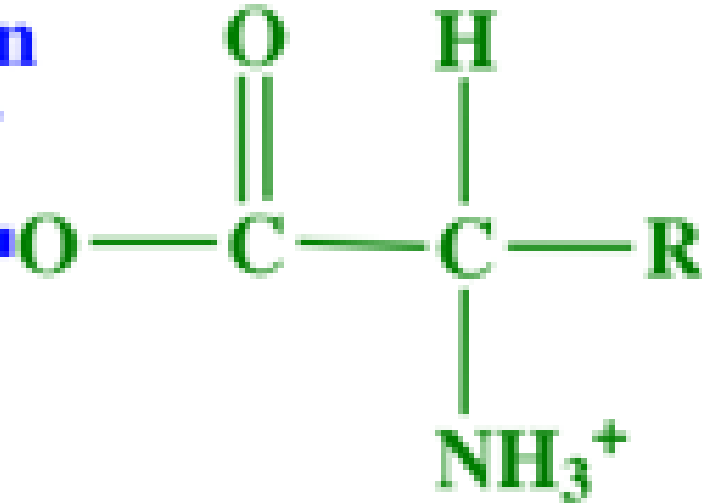
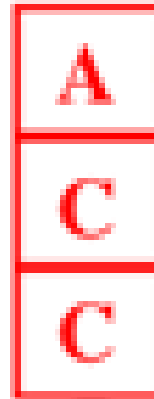
Le site E ou Exit est le site ribosomique occupé par l'ARNt qui part du ribosome.



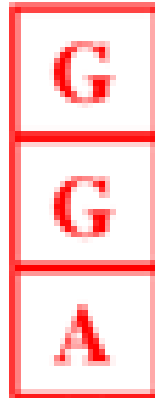
Acide aminé

Liaison ester

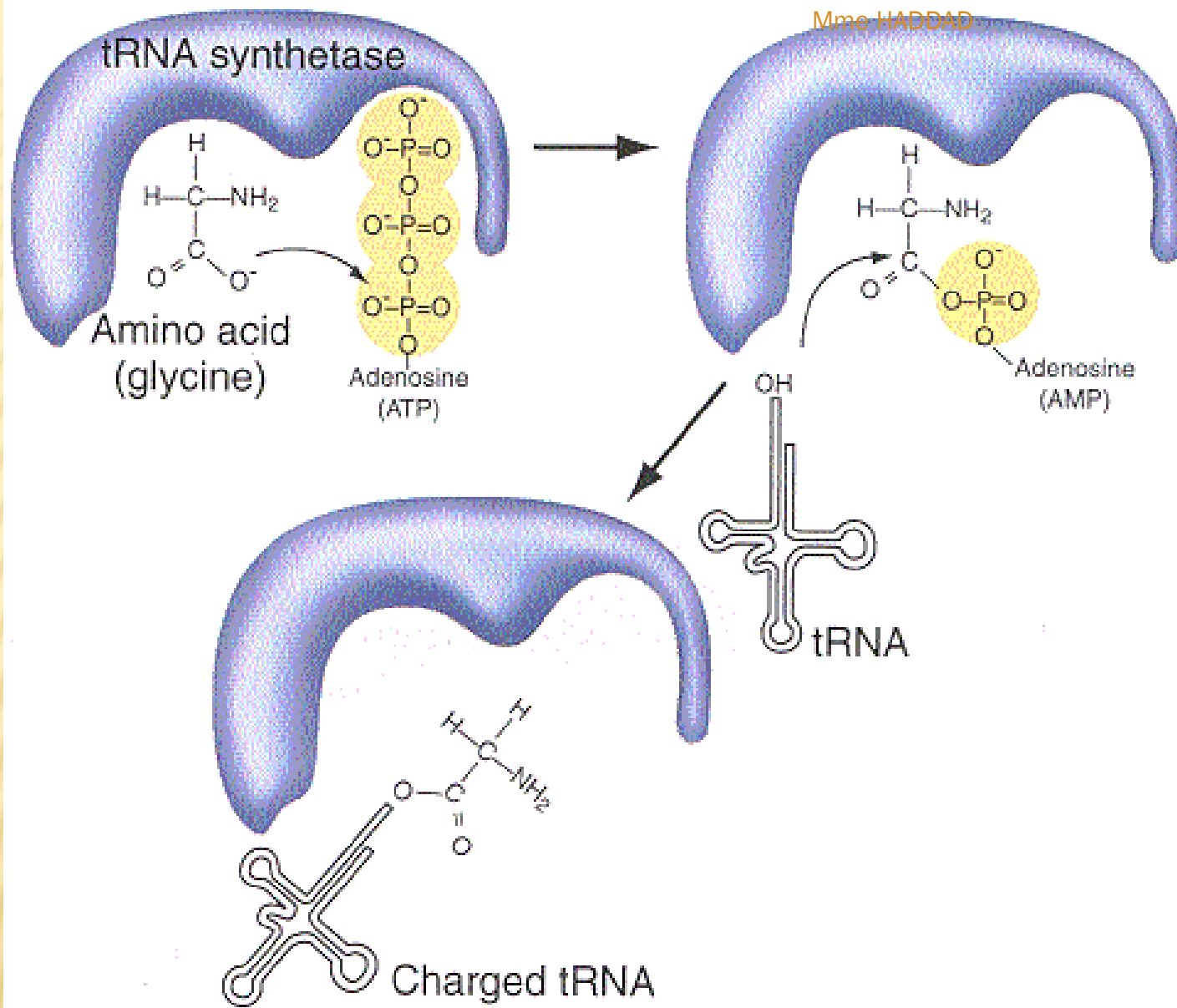
3'



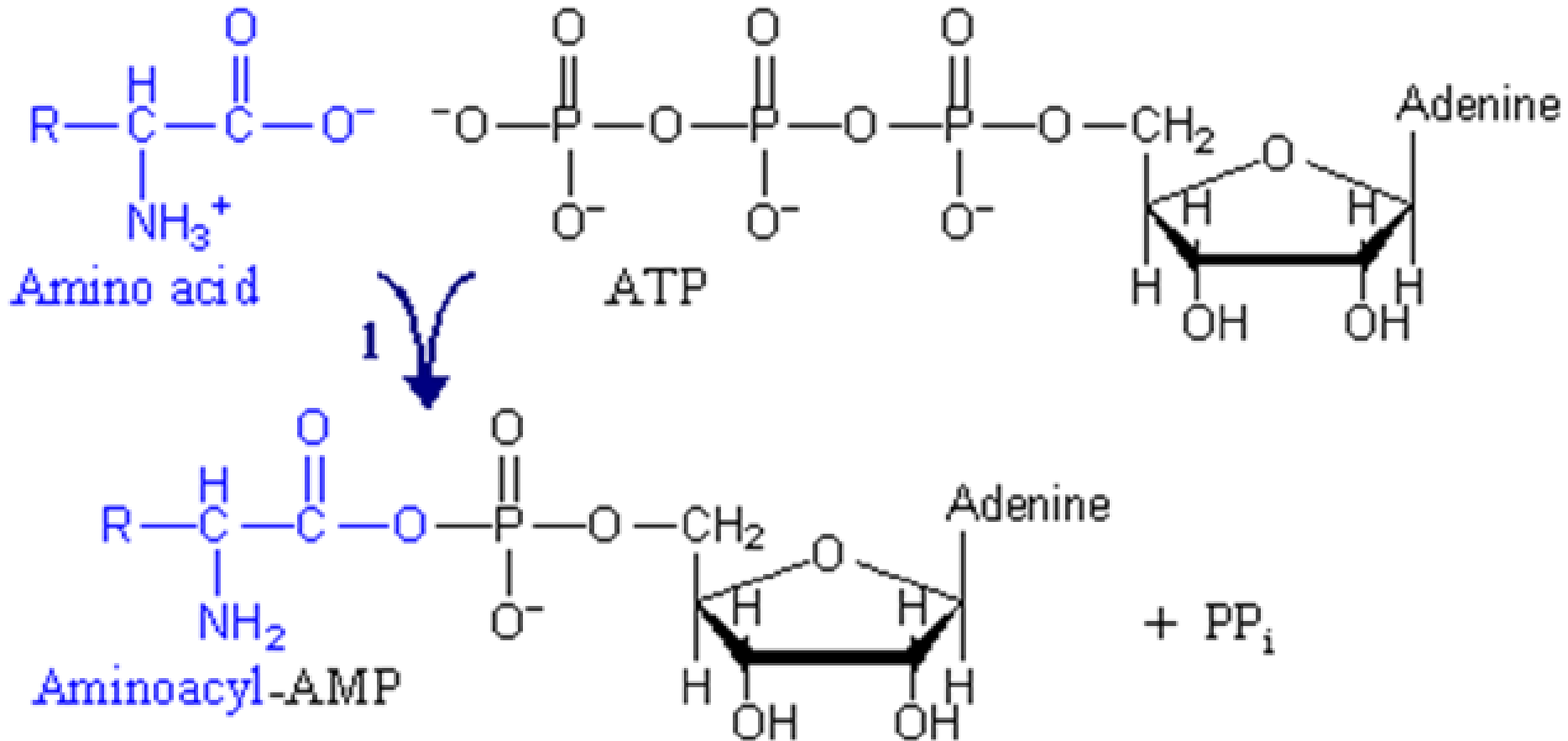
5'



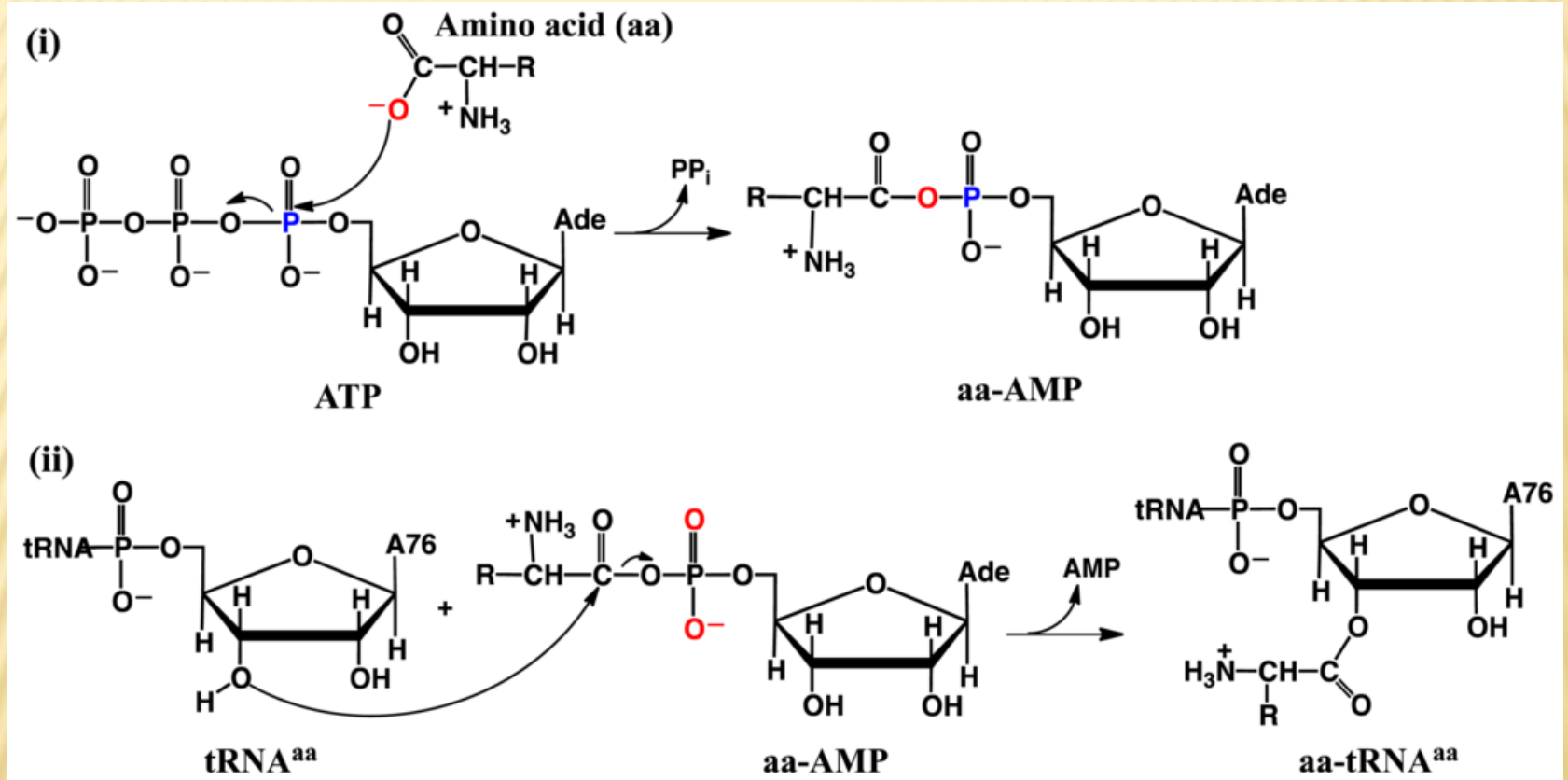
Liaison ester entre l'ARNt et son aa

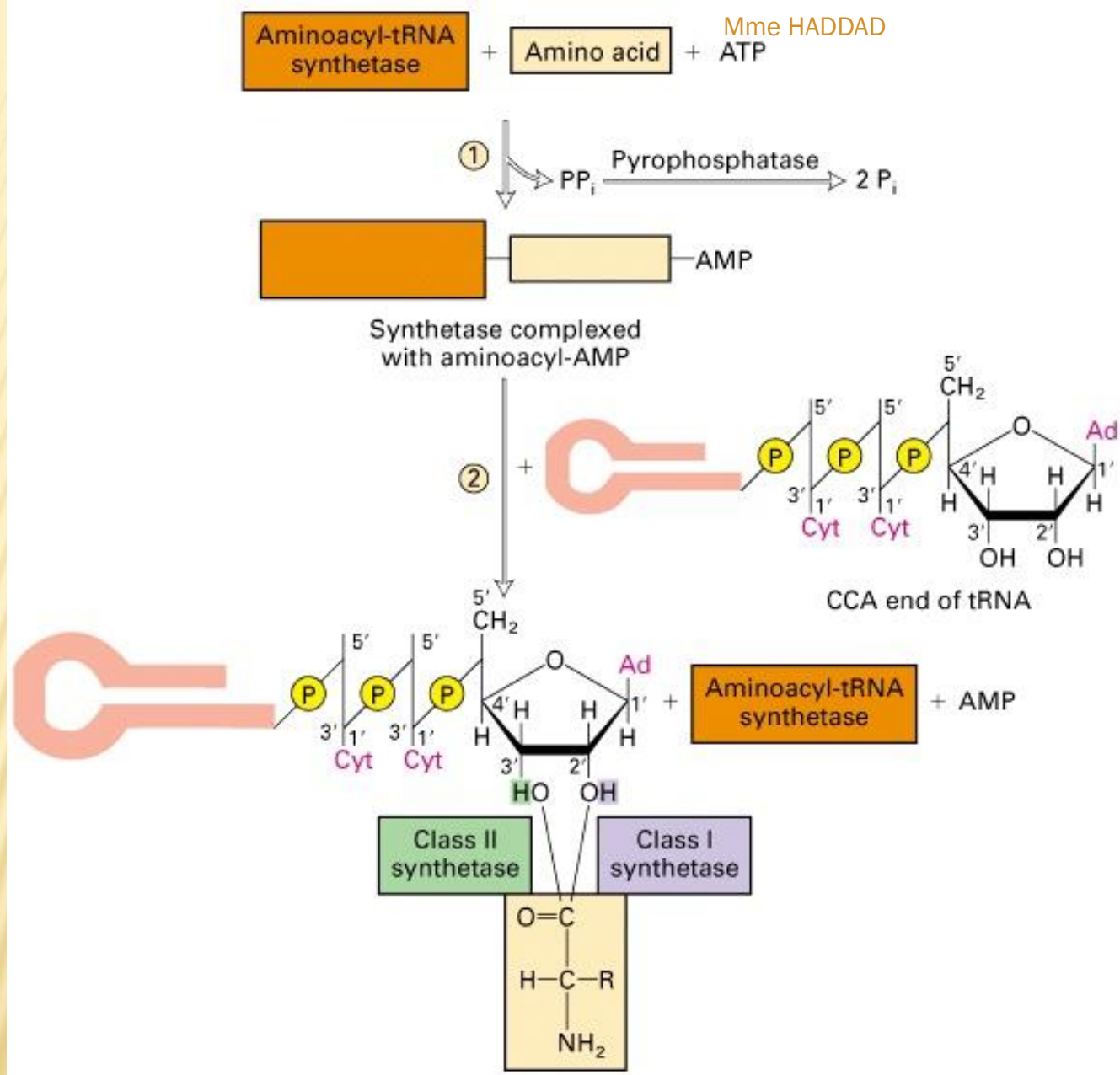


Activation des aa par les aminoacyl-ARNt-synthétases

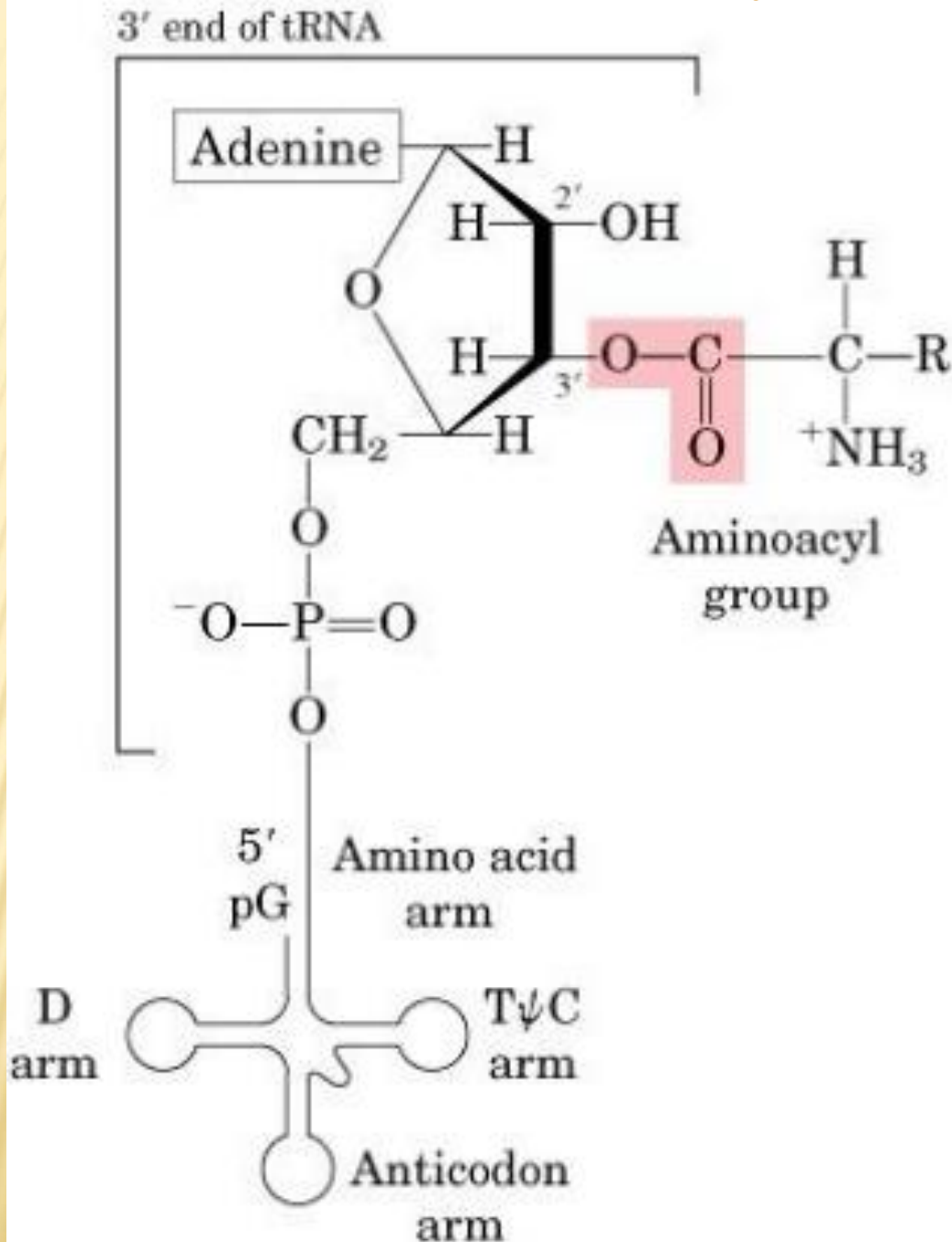


Activation des aa (formation de l' aminoacyl-AMP)

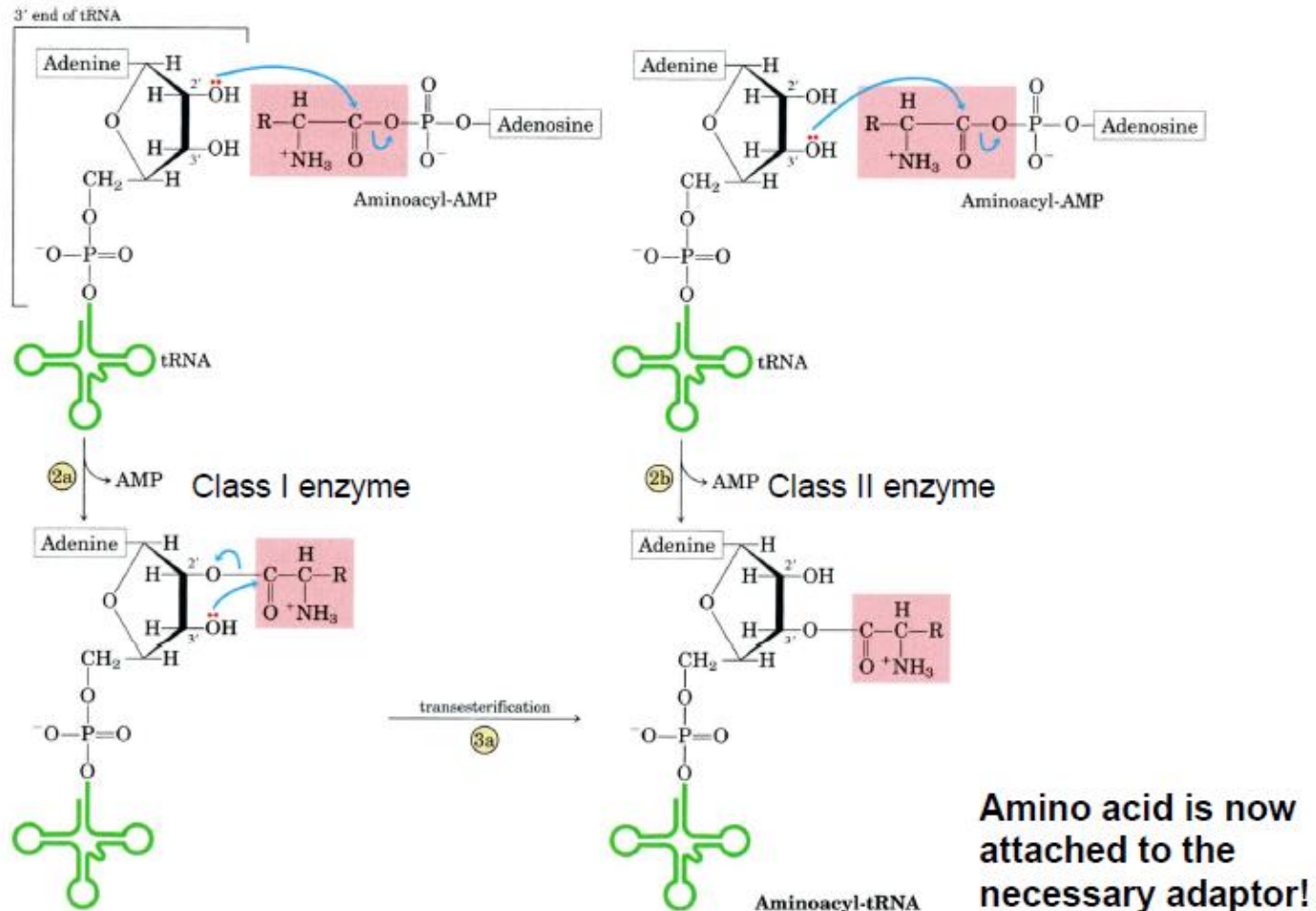




Étapes de formation de l' aminoacyl-ARNt

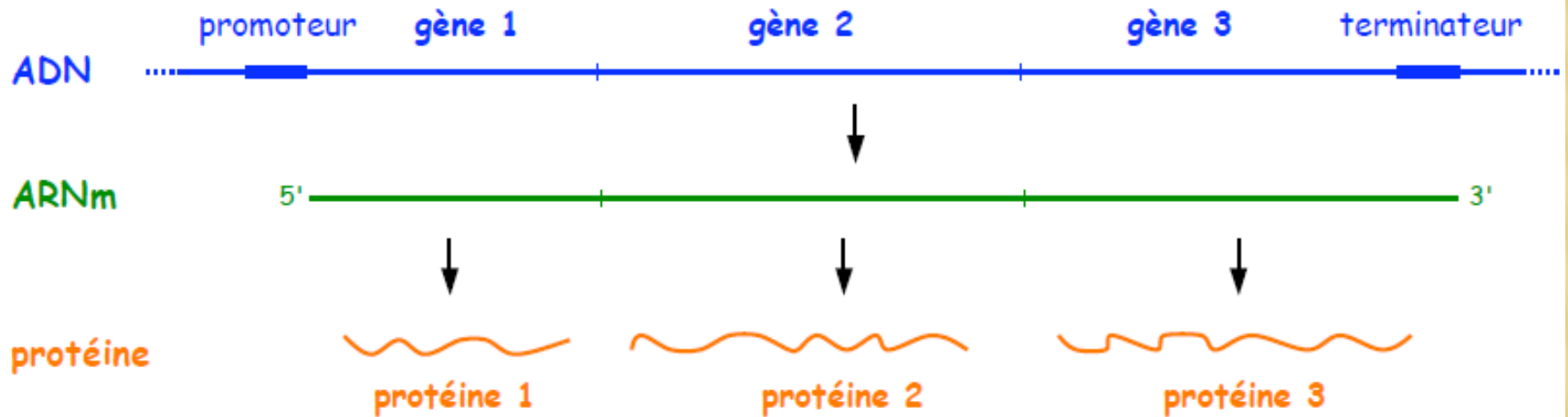


Conversion of aminoacyl-AMP to aminoacyl-tRNA



Étapes de formation de l' aminoacyl-ARNt

Transcription polycistronique

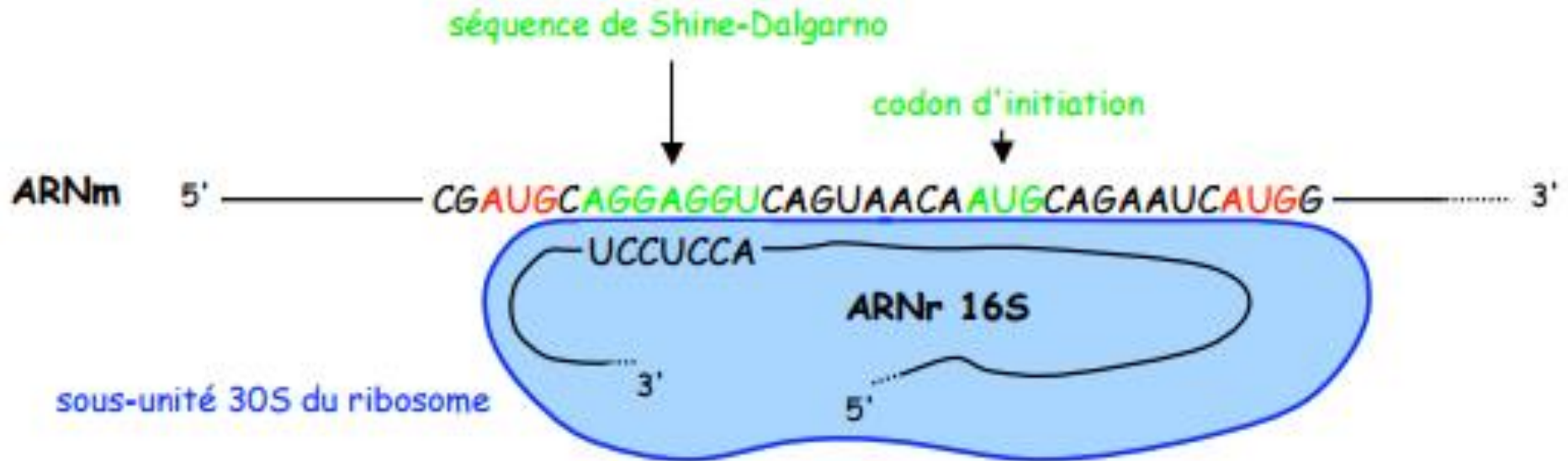


ex : opéron lactose d'*E. coli* (gènes Z, Y et A)

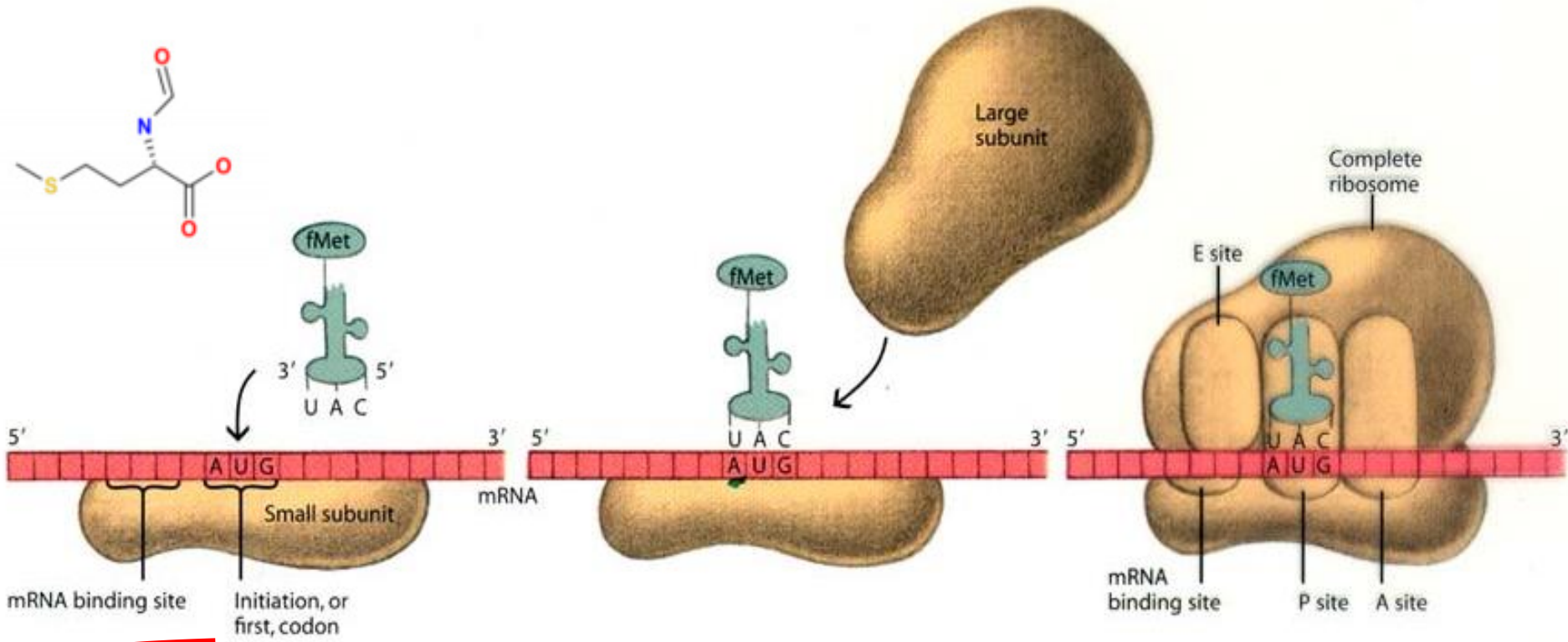
quel est le bon codon d'initiation de la traduction?

ARNm 5' ————— CG AUGC CAGGAGGUCAGUAACA AUGC CAGAAUC AUGG ————— 3'

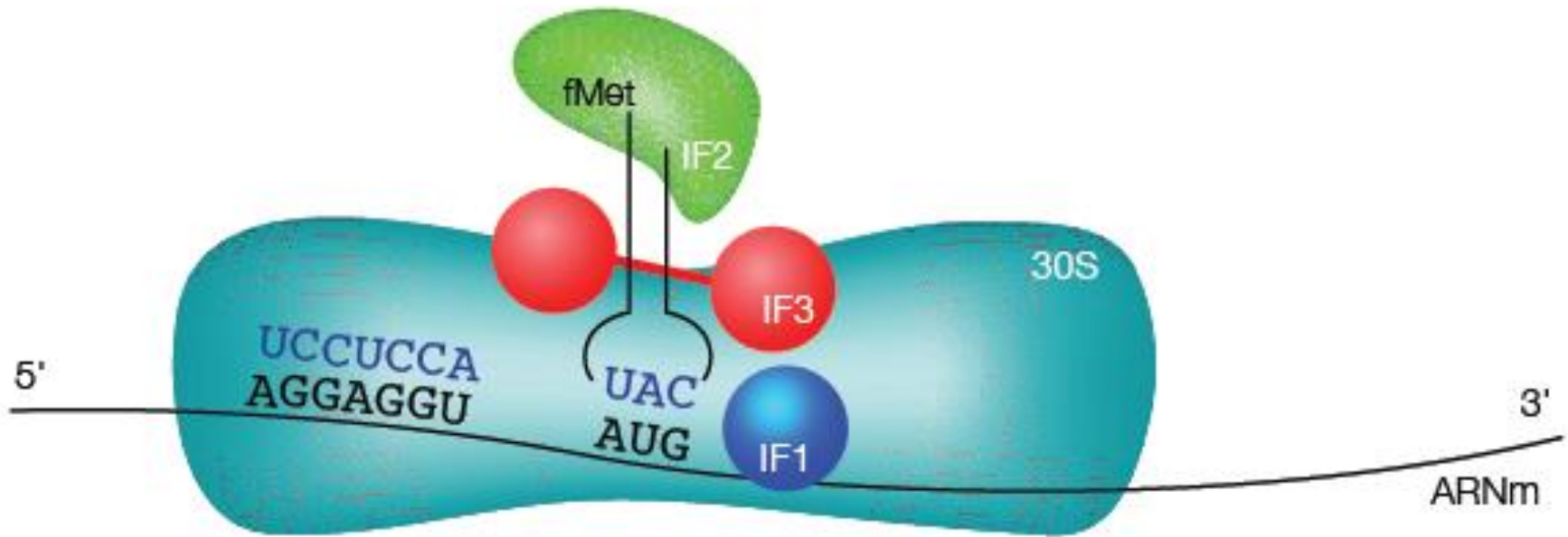
La séquence de Shine-Dalgarno permet le positionnement correct du ribosome sur l'ARNm.



Initiation de la traduction chez les procaryotes



Initiation de la traduction chez les procaryotes

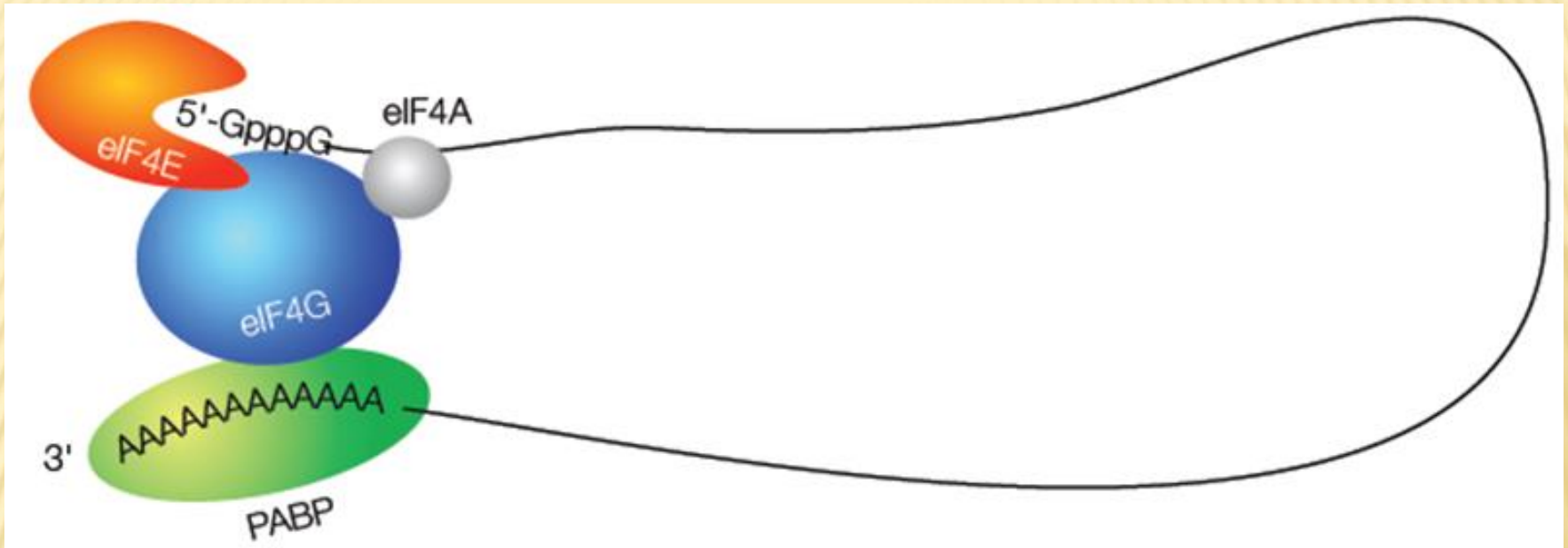


Initiation de la traduction chez les procaryotes

IF 3: stimule l'interaction de l'ARNm avec la petite su 30S

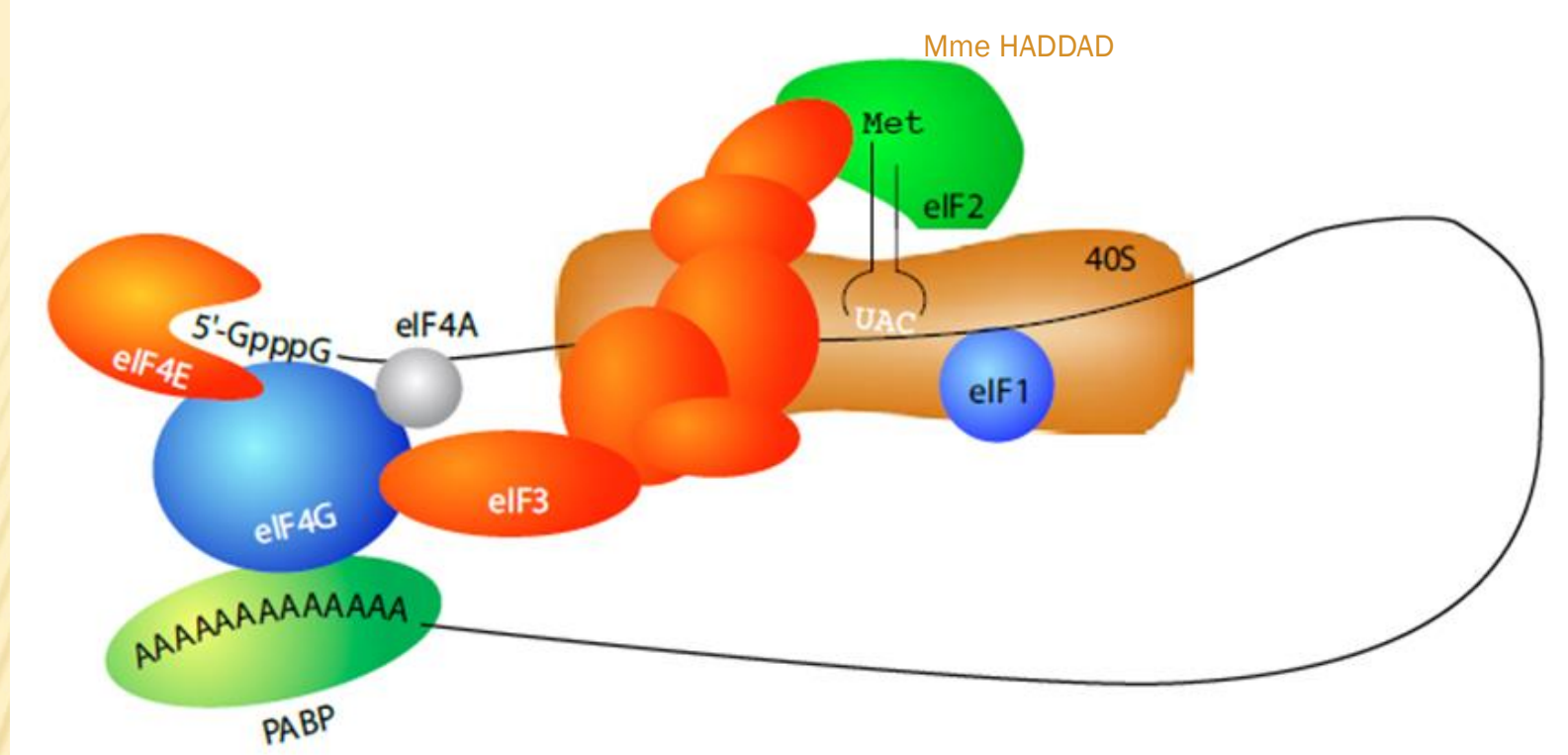
IF2 fixé au GTP stimule le recrutement de l'ARNt –fmet

IF1: occupe le site A de la su 30S pour assurer le positionnement de l'ARNt-fmet dans le site P



Initiation de la traduction chez les eucaryotes

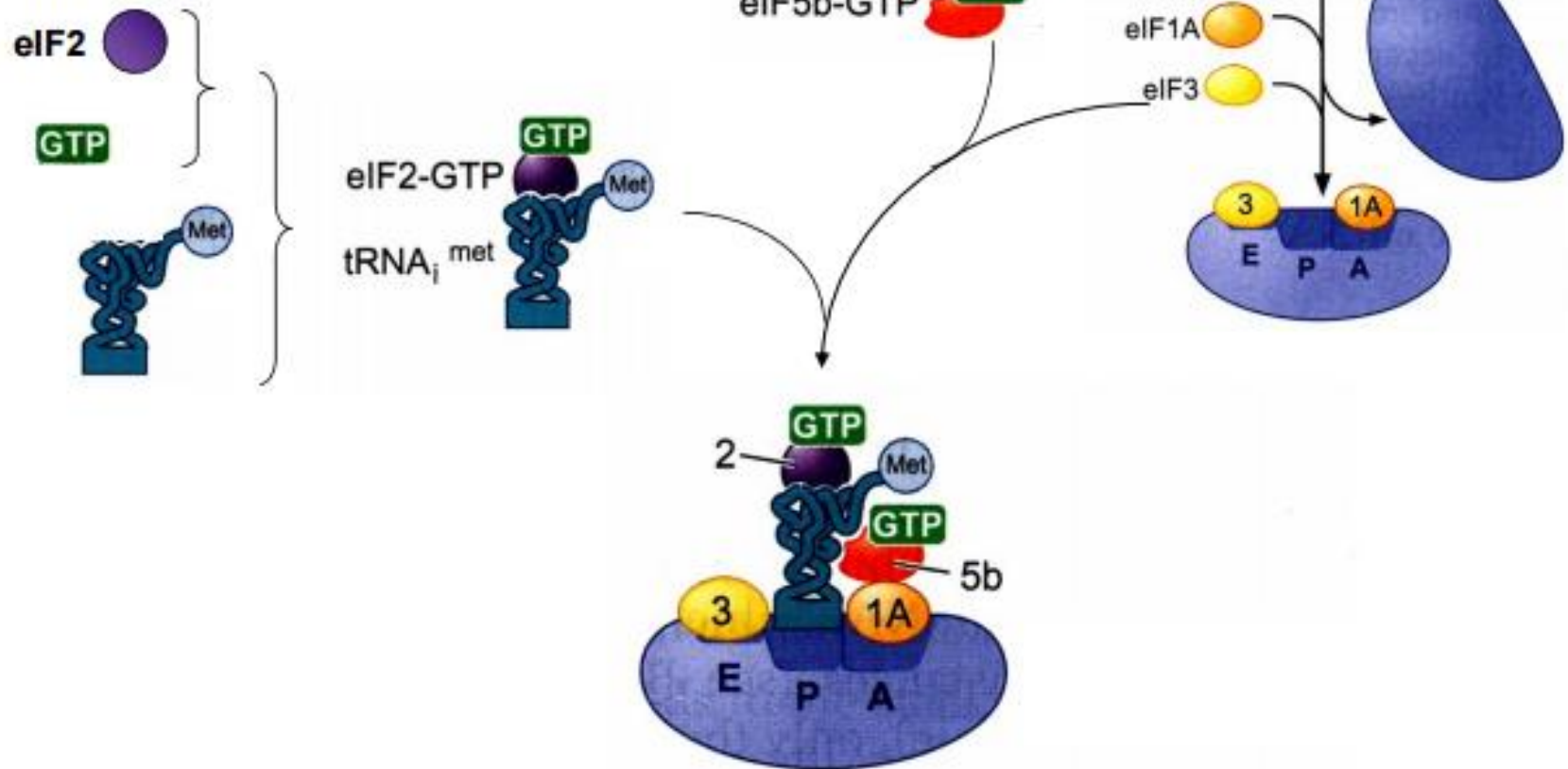
Un complexe de 4 à 6 protéines comprenant une hélicase s'associe à l'extrémité 5' de l'ARNm



Initiation de la traduction chez les eucaryotes

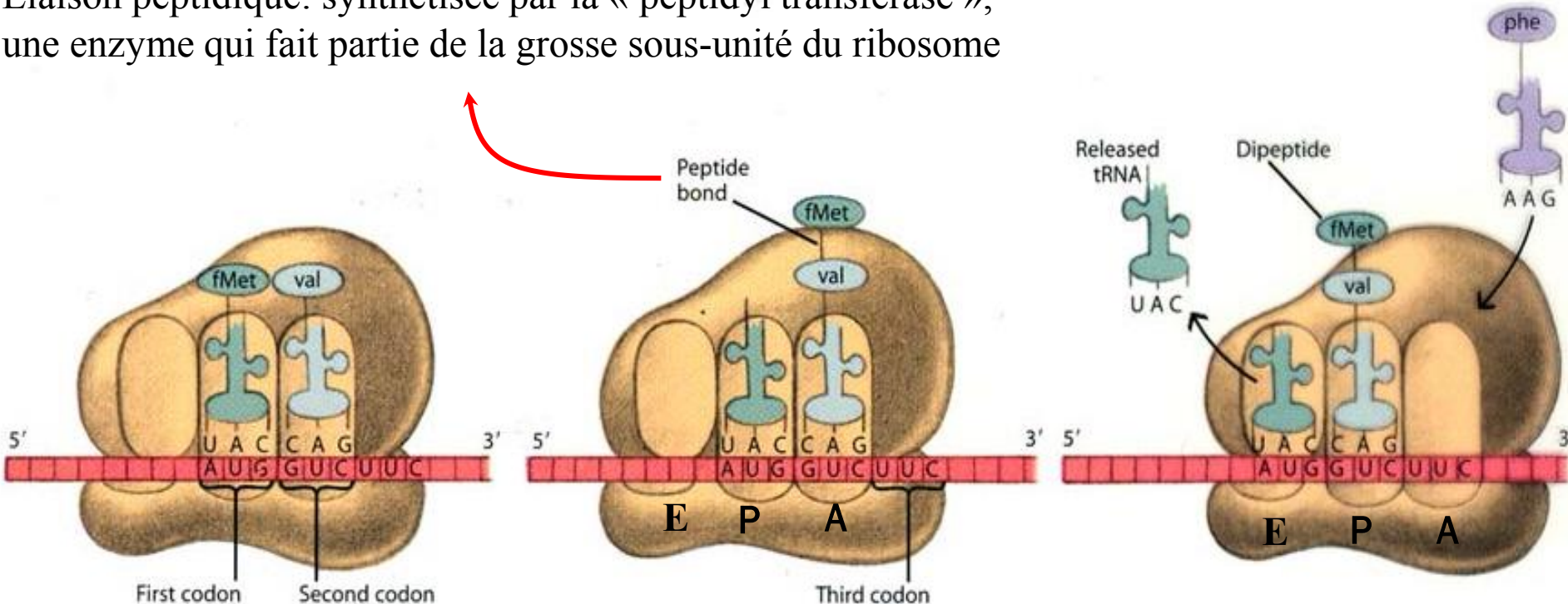
- eIF3 stimule le recrutement de 40S qui balaie l'ARNm en utilisant l'activité hélicase de eIF4A.
- Lorsque la su 40S arrive sur le codon AUG, elle recrute met-ARNt associé à eIF2/GTP. (dans le site P)
- eIF1 participe au positionnement de met-ARNt dans le site P.
- Hydrolyse du GTP par eIF2, dissociation des eIFet recrutement de 60S

Phase d'initiation



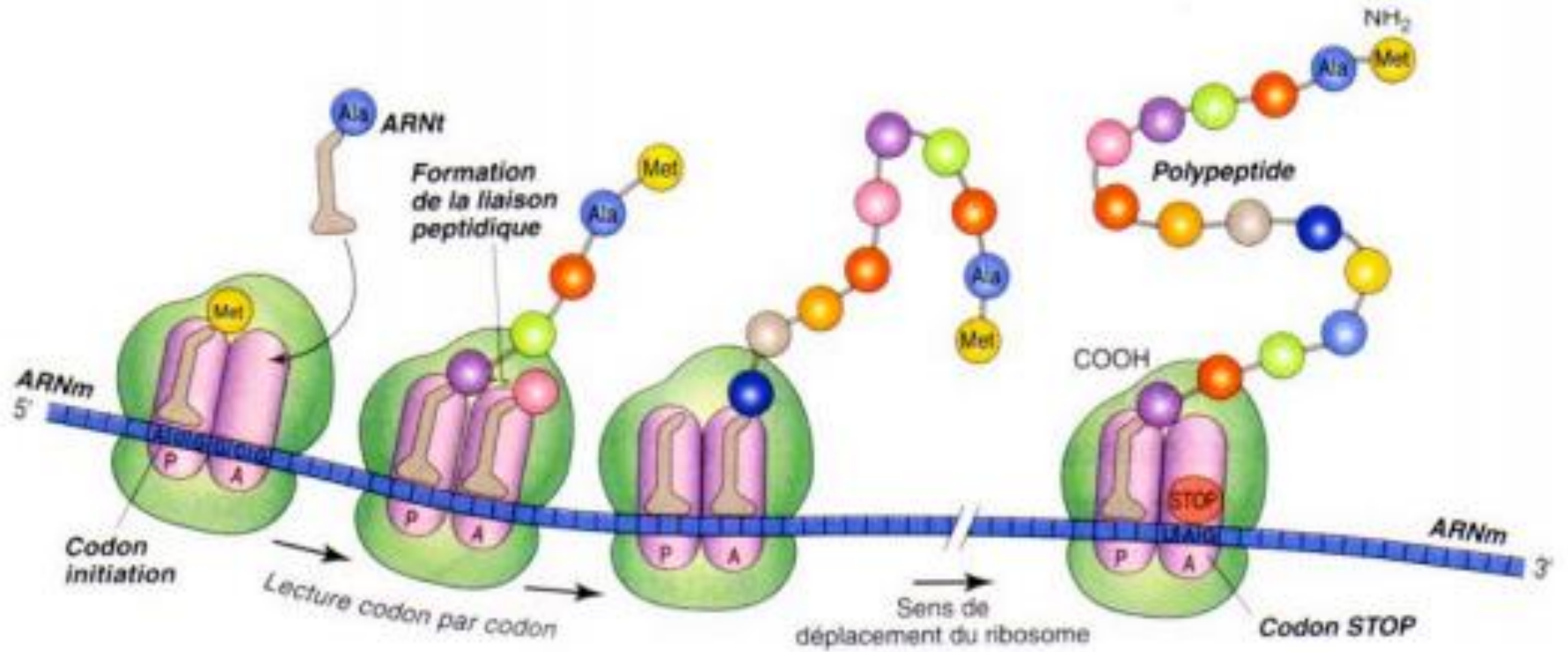
Initiation de la traduction chez les eucaryotes

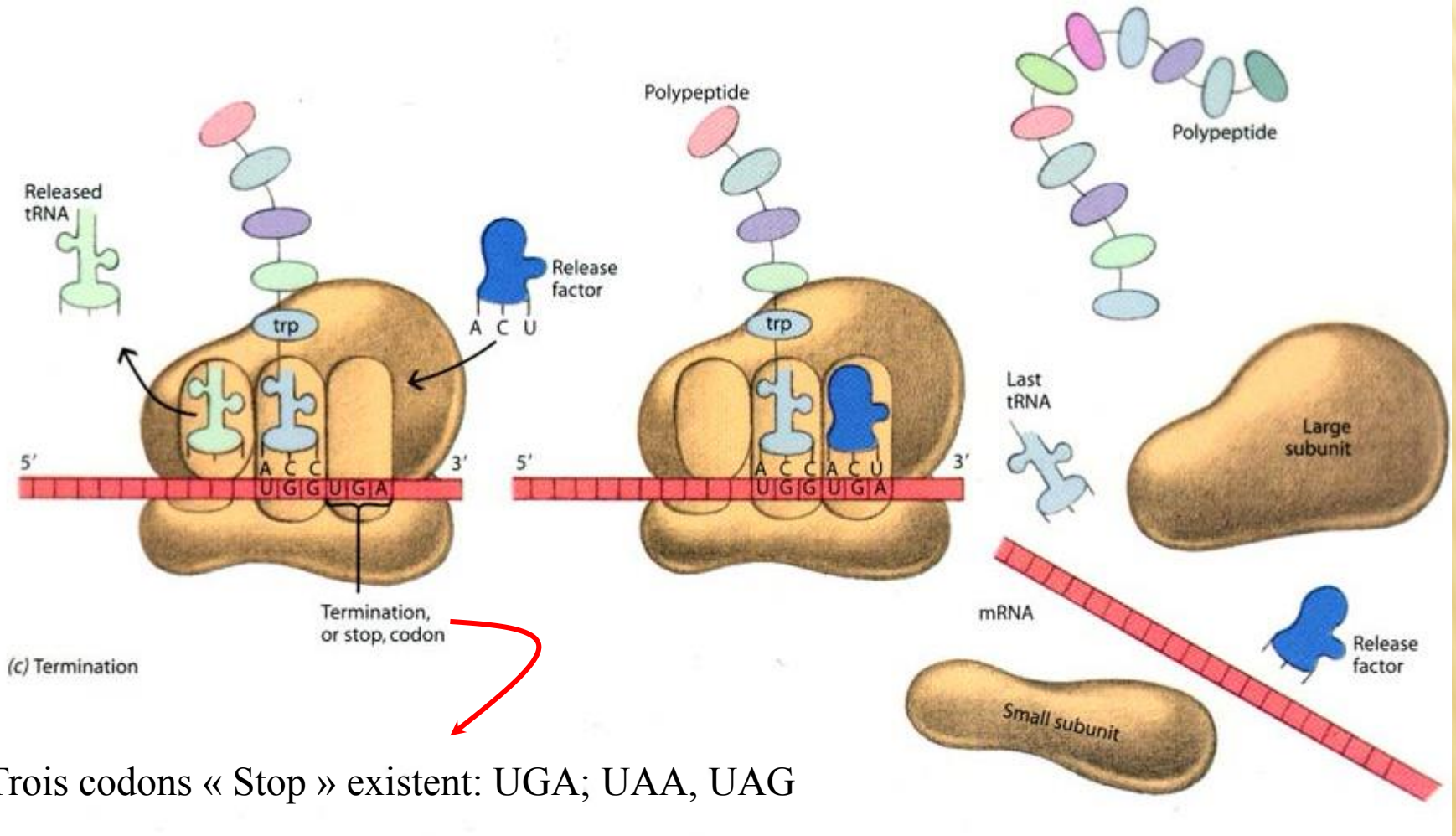
Liaison peptidique: synthétisée par la « peptidyl transférase »,
une enzyme qui fait partie de la grosse sous-unité du ribosome



.....▶
Translocation

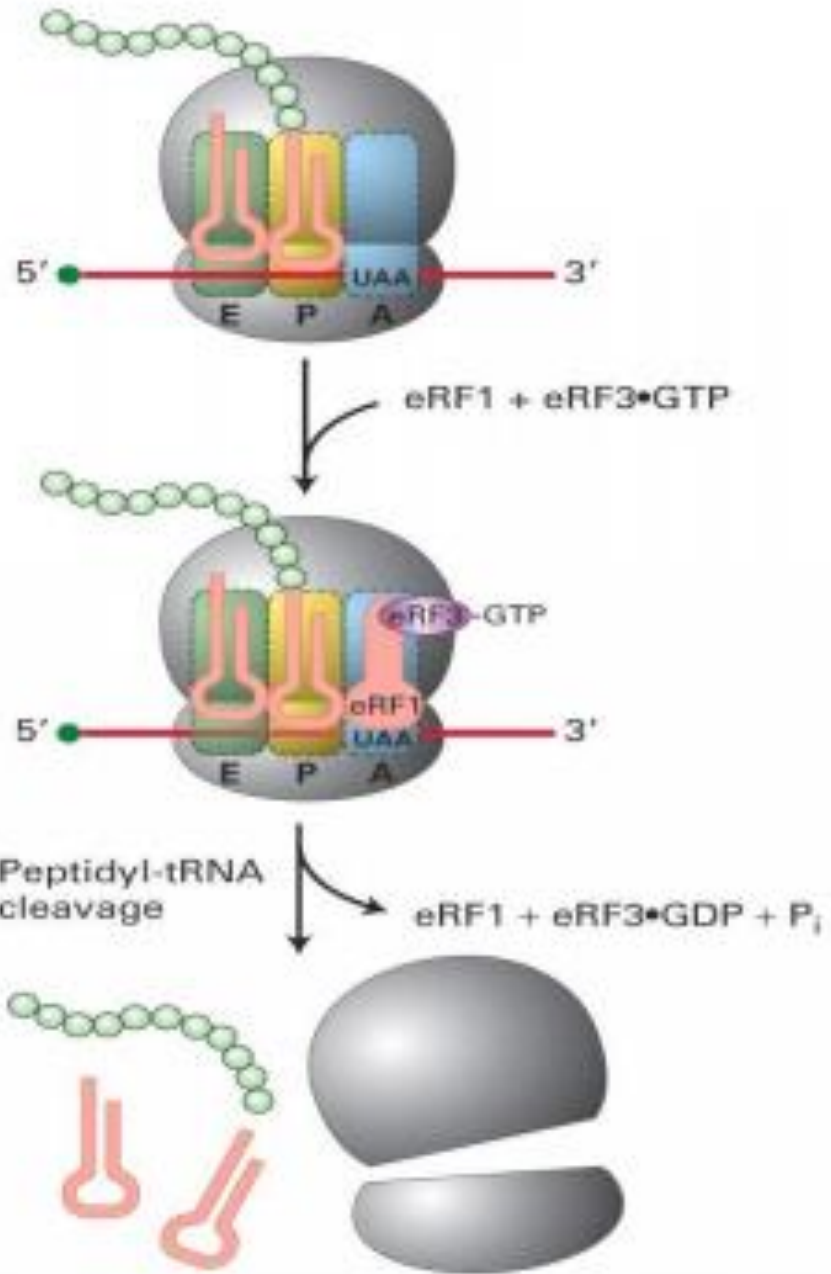
Élongation de la traduction chez les procaryotes



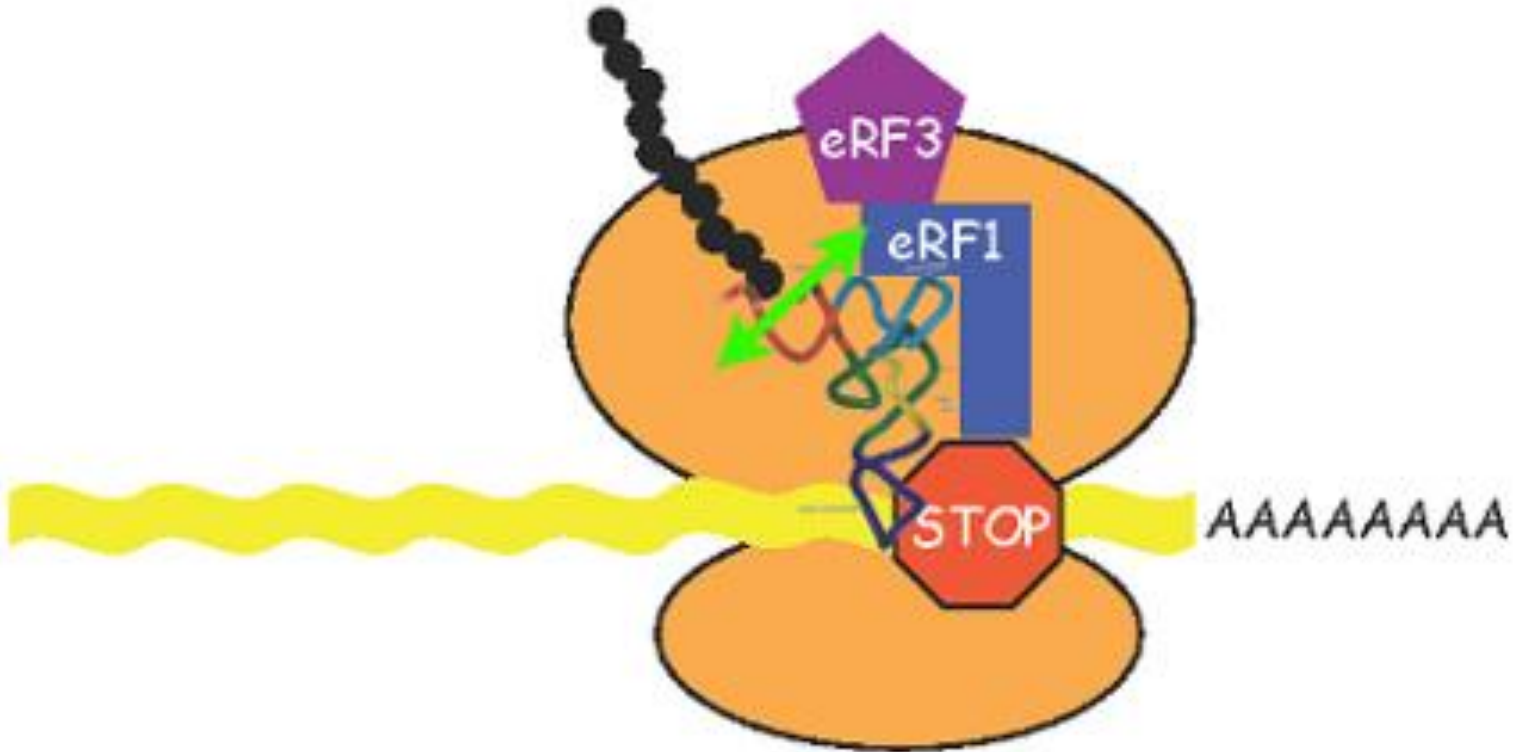


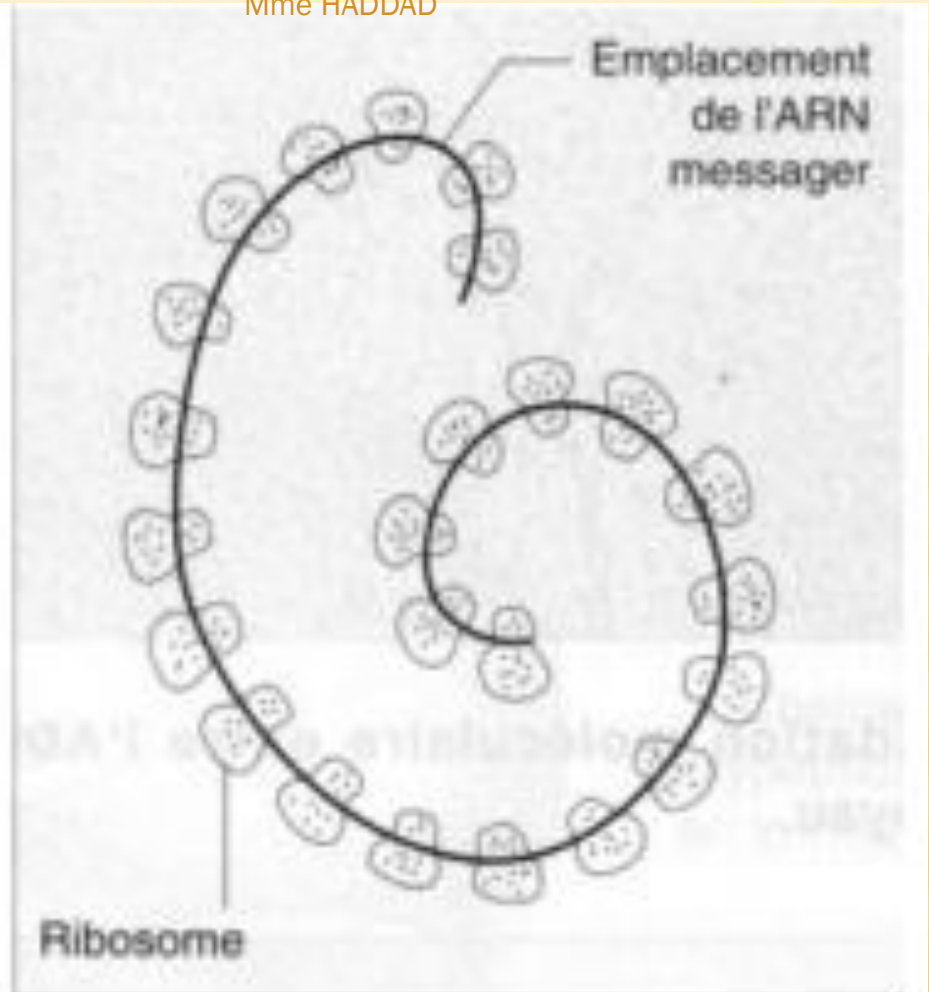
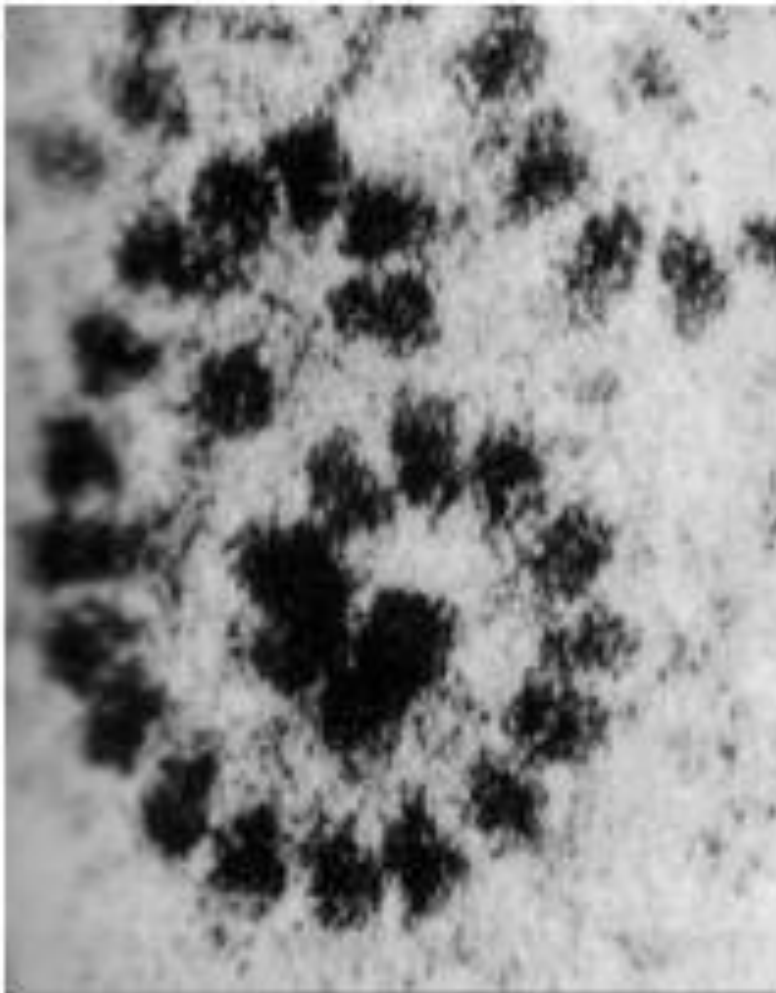
Trois codons « Stop » existent: UGA; UAA, UAG

Terminaison de la traduction



Terminaison de la traduction
Procaryotes: RF1/RF2, RF3
Eucaryotes: eRF1, eRF3

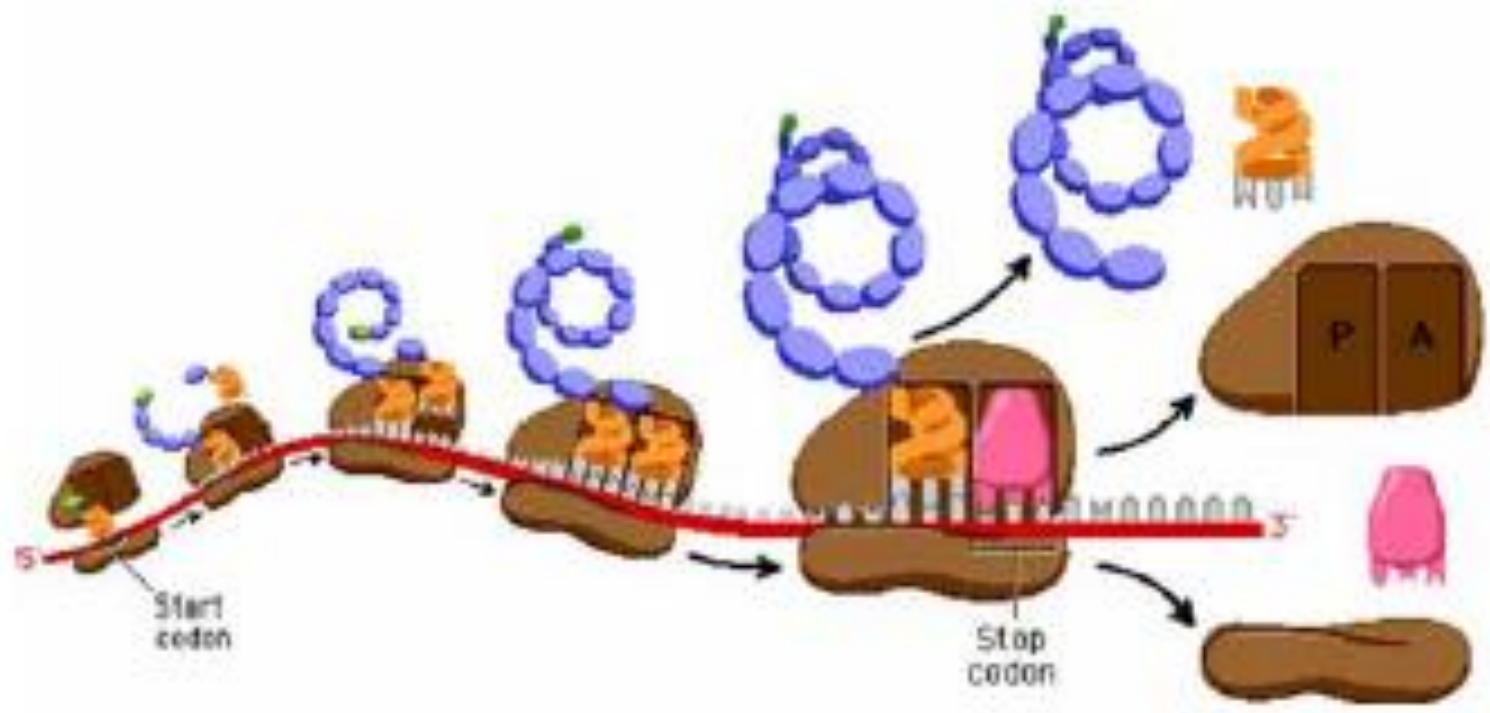




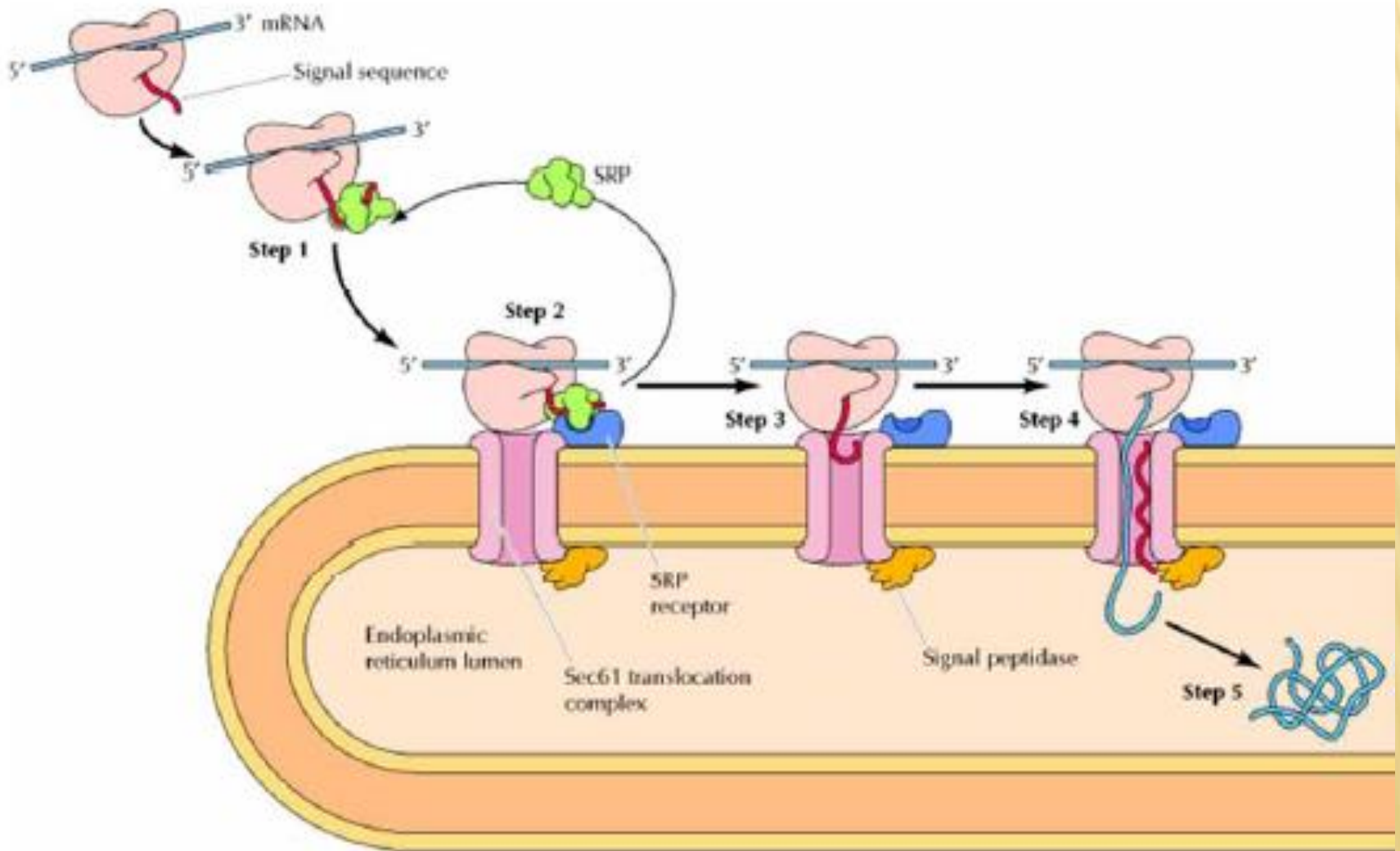
Micrographie à très fort grossissement d'une portion cytoplasme d'une cellule en activité.

Le polyribosome

Les polysomes

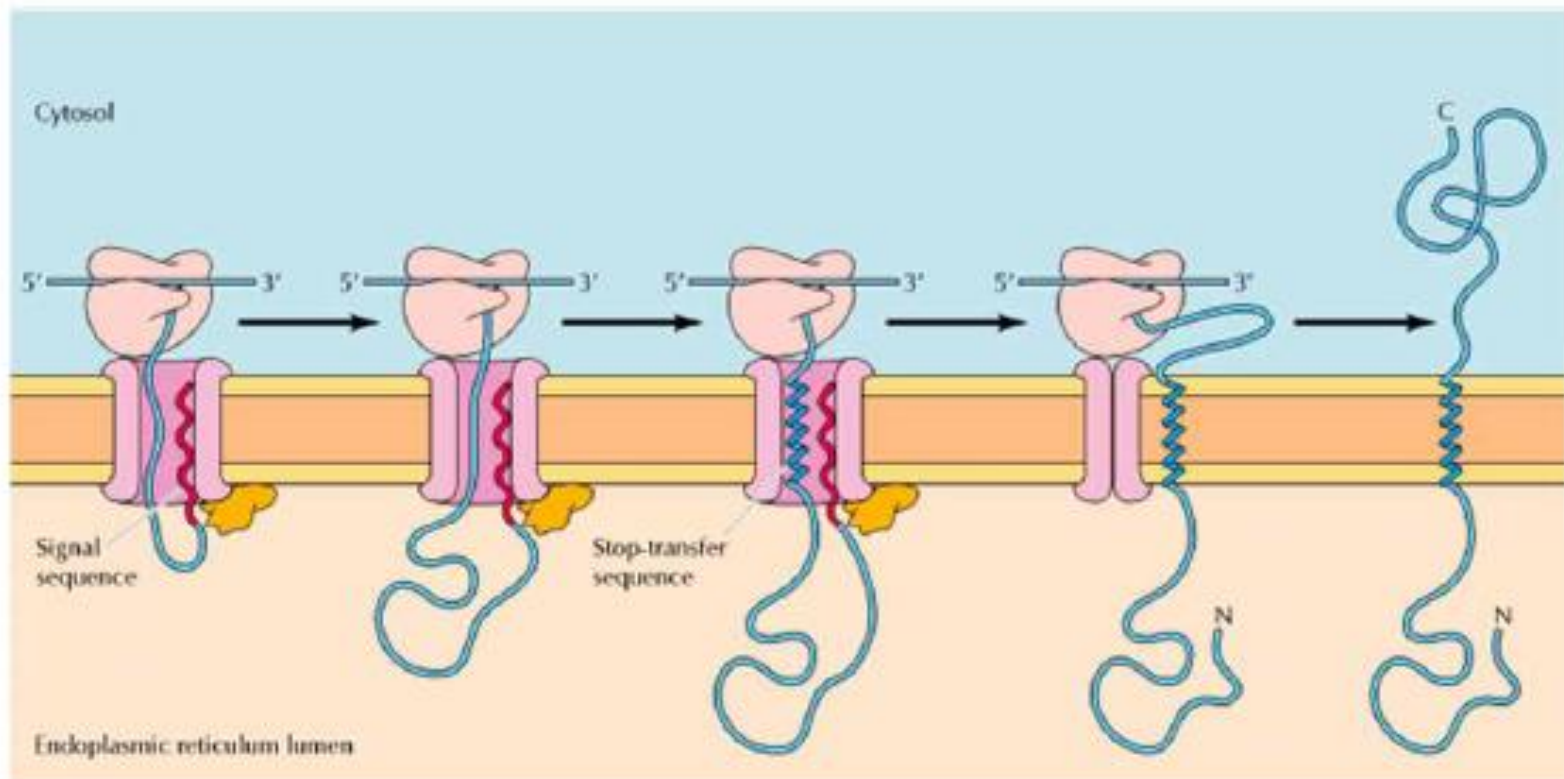


Translocation co-traductionnelle



SRP: *signal recognition particle*

Synthèse des Protéines membranaires



Synthèse des Protéines membranaires

