

LA SYNTHÈSE DES PROTÉINES

Dr Omar DAHMANI, Dr Amal BELCAID, Dr Ouafa EL AZZOUZI, Dr Hayat EL HAMI

PLAN

INTRODUCTION

STRUCTURE D'UNE PROTÉINE

I- Généralités

II- AA

III- STRUCTURE PRIMAIRE

SYNTHÈSE DES PROTÉINES

I- Définition du code génétique

II- Transcription

III- Traduction

LA RÉGULATION DE LA SYNTHÈSE : QUALITATIVE ET QUANTITATIVE.

LA SYNTHÈSE DES PROTÉINES

Dr Omar DAHMANI, Dr Amal BELCAID, Dr Ouafa EL AZZOUZI, Dr Hayat EL HAMI

INTRODUCTION :

- Une protéine est un ensemble de chaînes polypeptidiques, ces chaînes sont formées d'un nombre précis d'acide aminés (AA).
- Un être humain fabrique ≈ 100.000 sortes différentes de protéines.
- Près de 50% du poids sec d'un être vivant est fait de protéines.
- La synthèse protéique nécessite 2 grandes étapes : la transcription et la traduction.
- La question nous permet de comprendre la physiopathologie de certaines anomalies génétiques (défaut de fabrication d'une protéine ou fabrication d'une protéine anormale).

LA STRUCTURE D'UNE PROTÉINE :

I- Généralités :

- Toutes les protéines sont formées d'une succession d'AA liés les uns aux autres dans un ordre précis.
- Cet ordre d'enchaînement des AA dans la chaîne polypeptidique définit la séquence ou structure primaire.
- La structure primaire détermine quelle sera la forme finale de la protéine : la chaîne d'AA aura tendance à se replier sur elle-même pour adopter la première structure tridimensionnelle précise.
- C'est cette structure finale qui détermine la fonction de la protéine dans la cellule.

II- Acide aminé :

- C'est l'élément de base des protéines.
- Au nombre de 20.
- Formé en générale d'un carbone auquel sont liés :
 - * un groupement amine (NH_2), un groupement COOH et une portion variable d'un AA à l'autre = radical.
- Dans une protéine, le groupe carboxyle d'un AA est lié au groupe aminé de l'AA suivant.

III- Structure primaire : liaison peptidique entre \neq AA.

- $\text{H}_3\text{N}^+ \text{--- AA}_1 \text{--- AA}_2 \text{--- AA}_3 \text{--- AA}_n \text{--- COO}^-$

LA SYNTHÈSE DES PROTÉINES:

I- Définition du code génétique:

- C'est la loi de correspondance entre la séquence en nucléotide de l'ADN ou de l'ARN et la séquence en AA du polypeptide correspondant.

- Les caractéristiques :
 - * Le code est par triplet de bases : codons.
 - * Présence de codons de départ et d'arrêt : AUG d'initiation ; UAA, UAG, UGA de terminaison.
 - * Le code est sans ponctuation ni chevauchement.
 - * Le code est universel.

II- La transcription : = l'encodage de l'information en ARN.

- Cette étape a lieu dans le noyau de la cellule.
- L'ARN messager est synthétisé sur le brin matrice d'ADN : se fait en 3 étapes :
 - * déroulement de la double hélice.

* association des brins complémentaires d'ARNm sur l'ADN : -A-T-C-A-G
-U-A-G-U-C

* migration de l'ARNm dans le cytoplasme. Exp :
ADN: TAC-AGT-CCA
ARN: AUG-UCA-GGU

III- La traduction:

- Cette étape a lieu dans le cytoplasme.
- L'information apportée par l'ARNm sera décodée.
- Fait intervenir le ribosome et l'ARN de transfert (ARNt)

A- Le ribosome :

- Situé dans le cytoplasme
- Le ribosome est une combinaison d'ARN ribosomique et de protéines.
- Formé de 2 sous unités placées une au dessus de l'autre.
- Sa biosynthèse a lieu au niveau du nucléole.

B- Les ARN de transfert : ARNt

- Petite molécule en forme de trèfle avec un tige et 3 feuilles composée chacune d'un bras et d'une boule.
- Son rôle est d'amener les AAs jusqu'au brin d'ARN.
- Sur un bras, il porte l'anticodon : séquence amplifiée de l'un des codons de l'ARNm.
- A son extrémité est fixé un AA particulier.
- NB : plusieurs ARNt peuvent transporter le même AA, ils sont dits ARNt iso accepteurs.

C- Les étapes de la traduction :

1- Initiation : = attachement de l'ARNm sur le ribosome

- Début au niveau du codon d'initiation AUG.
- Intervention du segment en 5' de l'ARNm, d'une coiffe méthylée et le facteur protéique : EIF.
- NB : le codon AUG est reconnu par le méthionyl-ARNt initiateur (M-ARNt-I)

2- Elongation :

- Le M-ARNt-I reconnaît AUG et se fixe sur le site p du ribosome.
- Au site A se fixe l'amino-acyl ARNt qui correspond au codon qui suit AUG.
- L'enzyme peptidyl transférase catalyse la liaison entre méthionine et AA1.
- Le dipeptide formé est fixé au site A sur l'ARNt.
- Le ribosome avance d'un codon le long de l'ARNm dans le sens 5'-3' (le peptidyl ARNt sur site p) le site A vacant → fixation d'un nouveau amino acyl ARNt.
- Renouvellement de cette opération jusqu'à ce que le ribosome arrive sur un site de terminaison.
- Cette étape nécessite des facteurs protéiques : FEe1 et FEe2.

3- Terminaison :

- Arrêt de la traduction au niveau des codons stop : UAA-UAG-UGA → libération de la chaîne polypeptidique.

D- La synthèse des protéines et compartimentation cellulaire :

- Les protéines synthétisées sont soit secrétées par la cellule soit restent libres dans le cytoplasme.

- Pour les protéines sécrétées : Les ARNm s'associent spécifiquement avec les ribosomes du réticulum endoplasmique granuleux, le signal qui permet cette association est une séquence de plusieurs codons du côté 3' du codon d'initiation AUG. Cette séquence sera traduite en 15 à 30 AA dans la partie N-terminale de la protéine qui va être sécrétée.

- On appelle peptide signal, la séquence de 15 à 30 AA sur N terminal d'une protéine sécrétée et qui sera clivée lors de l'excrétion.

E- Les modifications post traductionnelles :

- La chaîne polypeptidique doit subir une série de modifications pour être activée :

* modifications covalentes : - clivage des liaisons peptidiques.

- modification des résidus glycosylation-phosphorylation.

* modifications non covalentes : - pliements

- association à d'autres chaînes polypeptidiques identiques ou non et à des ligands : vitamines ou métaux.

REGULATION DE LA SYNTHÈSE DES PROTÉINES :

I- Qualitative :

- Toutes les cellules de l'organisme ont le même génome, mais selon leur différenciation elles synthétisent des protéines différentes correspondant à une spécialisation de la fonction cellulaire.

- L'inactivation de certaines portions d'ADN pourrait être chimique ou bien résulter d'un système de répression dont les histones jouent un rôle important.

II- Quantitative :

- Les gènes de structure qui codent des protéines intervenant dans la même fonction métabolique seraient situés au niveau de sites voisins sur un même chromosome.

- L'existence de ce gène serait sous la dépendance d'un gène opérateur et c'est à ce niveau qu'agit le gène régulateur qui code une protéine pouvant se fixer sur le gène opérateur en le bloquant.

CONCLUSION

- Les mutations au niveau de l'ADN codant fournissent des protéines qui peuvent être responsables de maladies héréditaires.

- Les processus de synthèse protéique jouent un rôle également dans l'infection virale, la cancérisation et l'immunité.

*

**