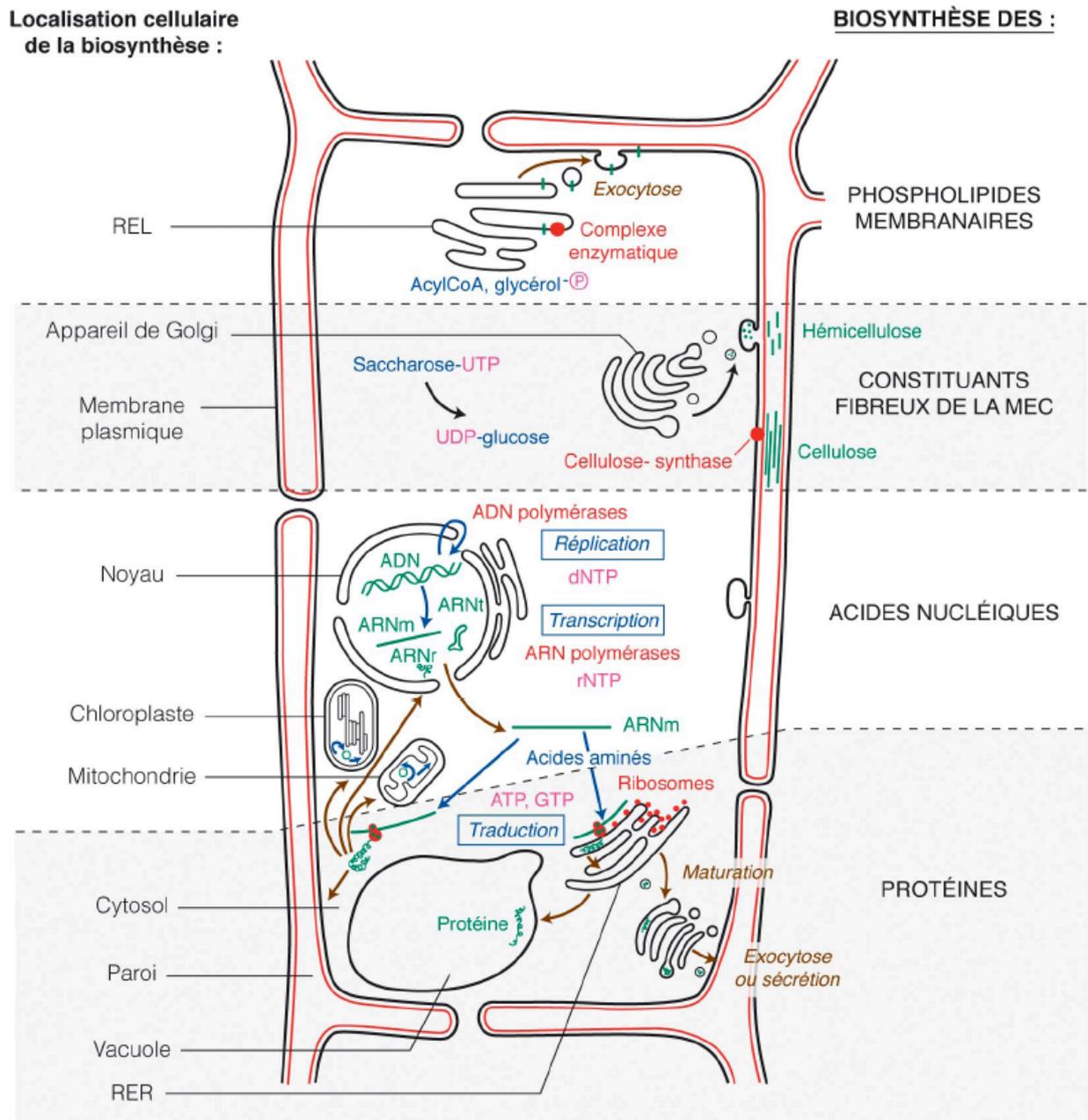


**Figure 1 : Panorama des principales biosynthèses dans la cellule eucaryote (exemple d'une cellule végétale chlorophyllienne)**

(in Segarra et al., Ellipse)



**Figure 2 : conversion des petites molécules**  
(d'après M. Gazeau)

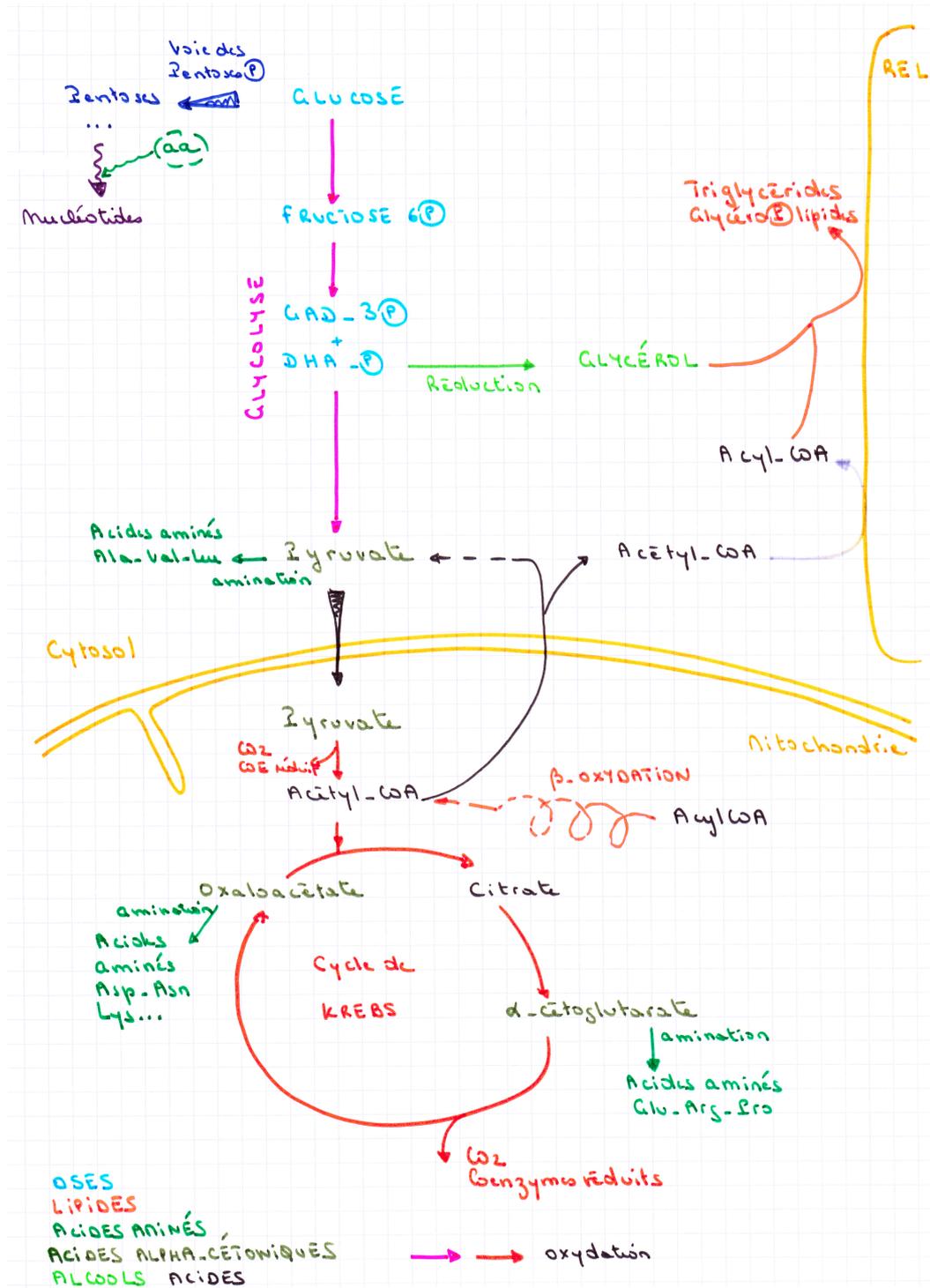
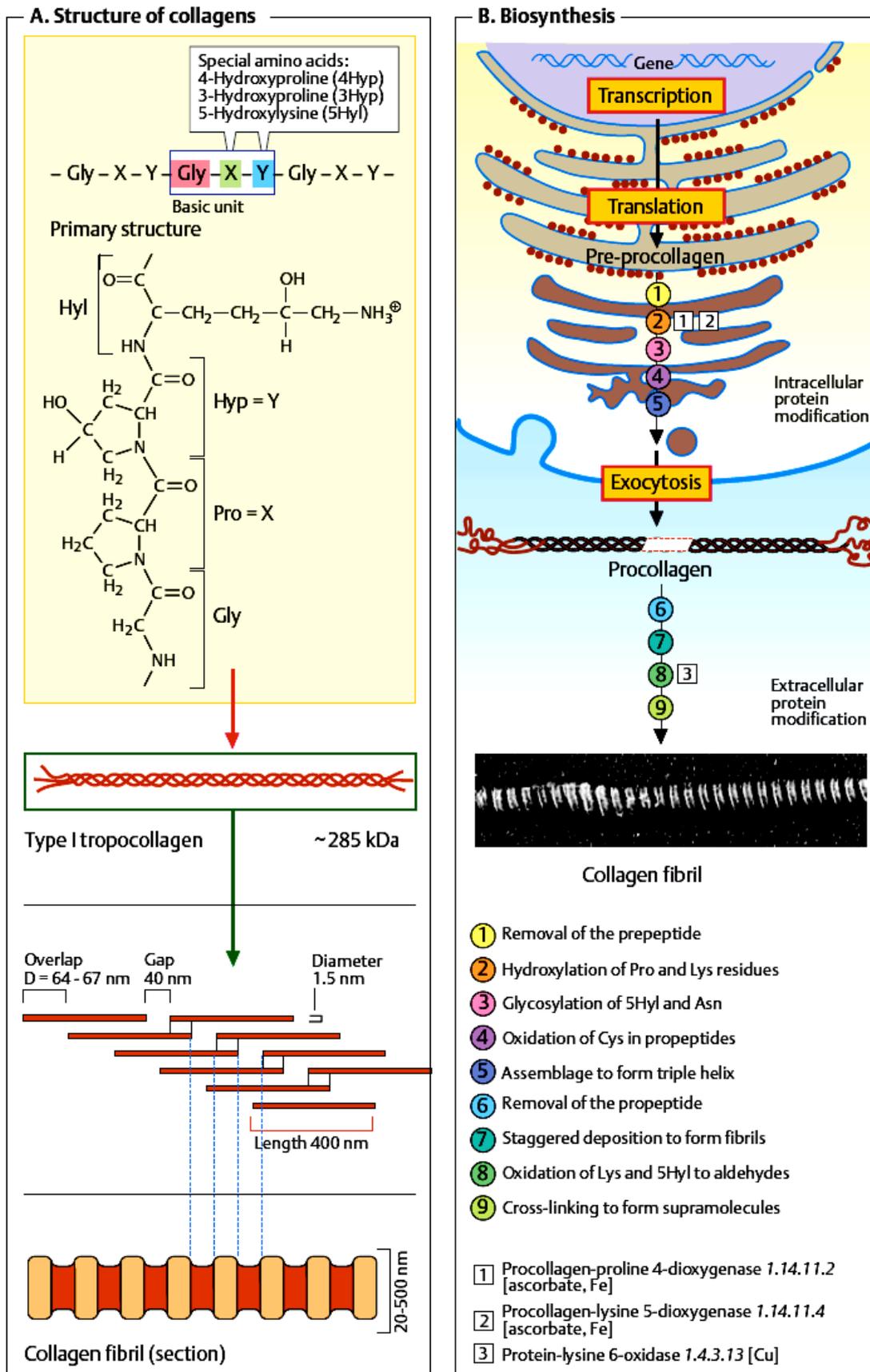
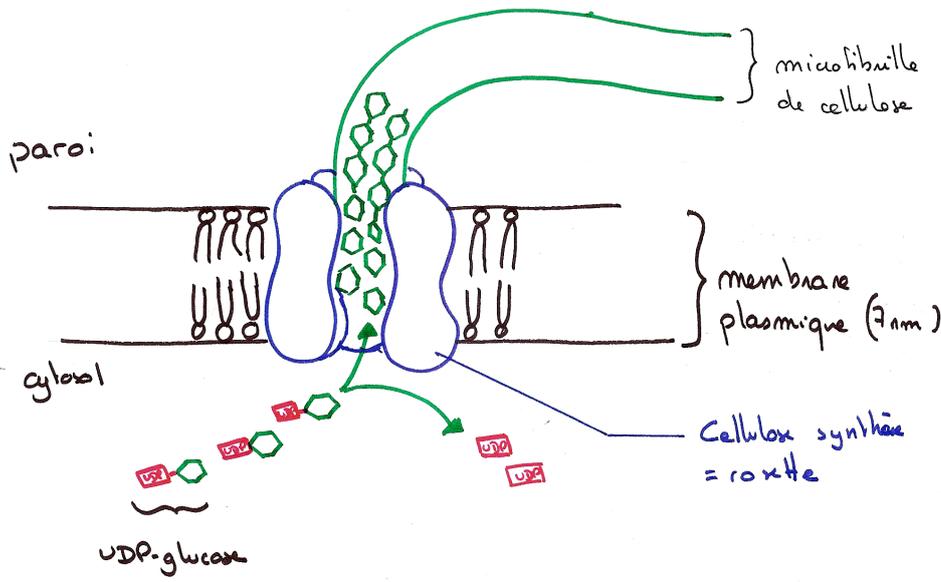
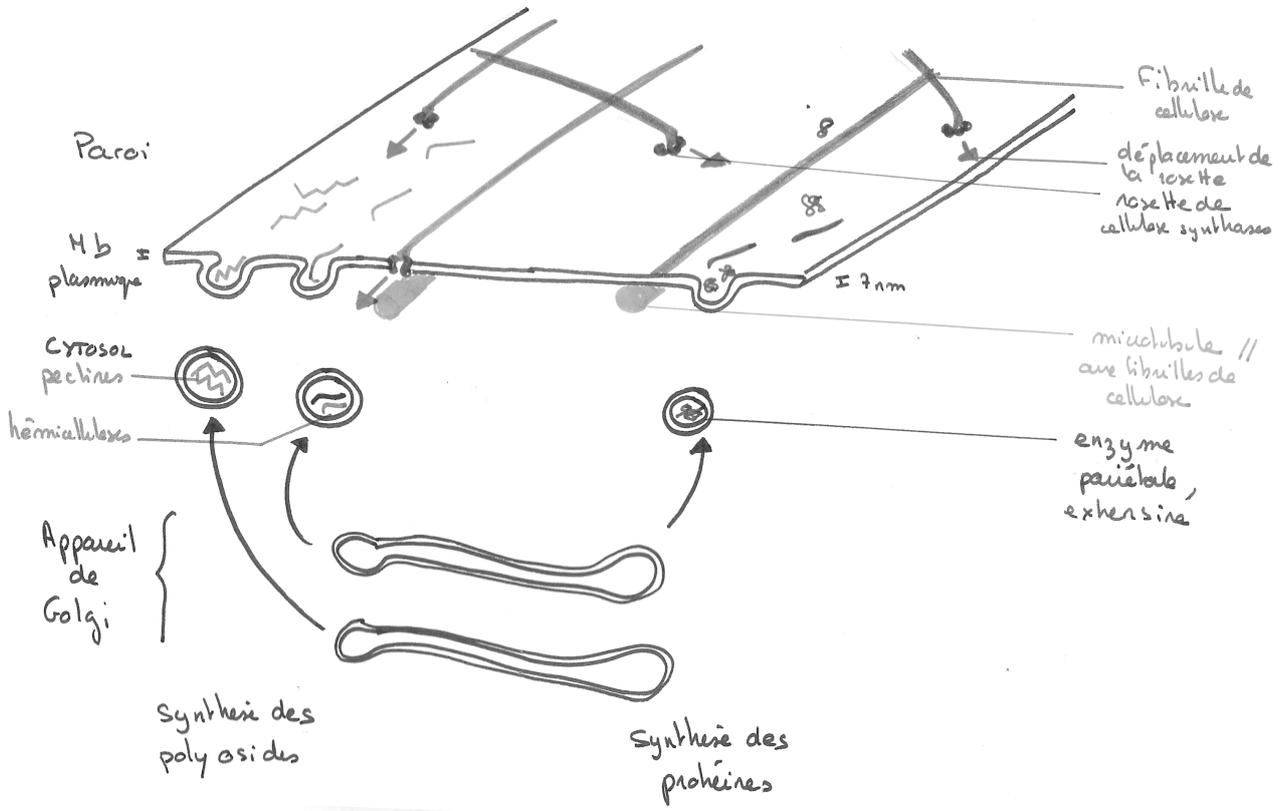


Figure 3 : synthèse du collagène



**Figure 4 : mise en place de la paroi primaire : coopération entre RE, appareil de Golgi et cellulose synthases**



**Figure 5 : bilan sur la diversité des biosynthèses dans une cellule eucaryote**

	<b>Localisation de la biosynthèse</b>	<b>Molécules élémentaires</b>	<b>Coût énergétique de la biosynthèse</b>	<b>Rôle des biomolécules synthétisées</b>
<b>Acides nucléiques</b>	Noyau, organites semi-autonomes	dNTP, rNTP	ATP	Informationnel, catalytique
<b>Protéines</b>	Ribosomes libres dans le cytosol ou liés au réticulum endoplasmique, appareil de Golgi	Acides aminés	ATP, GTP	Structural, métabolique, informationnel, catalytique. Interactions avec le milieu.
<b>Molécules fibreuses des MEC</b>	Réseau endomembranaire, membrane plasmique et milieu extracellulaire	Acides aminés UDP-glucose	ATP, GTP	Structural. Interactions avec le milieu.
<b>Phospholipides membranaires</b>	Réticulum endoplasmique lisse	acylCoA, glycérol-phosphate	CTP	Structural. Interactions avec le milieu.

**Figure 6 : détermination du code génétique**

(in Griffith et al., De Boeck 2002)

On synthétise un ARNm en mettant des proportions connues de nucléotides : on peut donc déterminer la probabilité de formation d'un codon. Si un codon code pour un acide aminé, les fréquences des aa dans le peptide synthétisé doivent correspondre aux fréquences des codons.

Les fréquences attendues de différents codons dans des ARNm synthétiques constitués de  $\frac{3}{4}$  d'uracile et de  $\frac{1}{4}$  de guanine

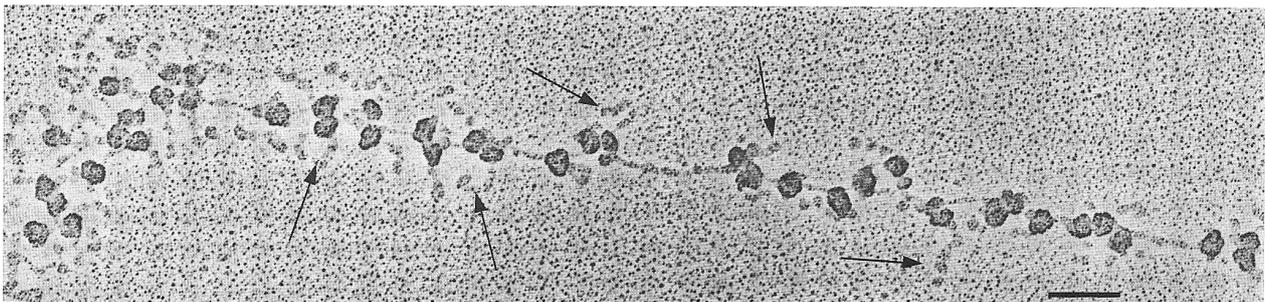
Codon	Probabilité	Rapport*
UUU	$p(\text{UUU}) = \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{27}{64}$	1,00
UUG	$p(\text{UUG}) = \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{9}{64}$	0,33
UGU	$p(\text{UGU}) = \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{9}{64}$	0,33
GUU	$p(\text{GUU}) = \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{9}{64}$	0,33
UGG	$p(\text{UGG}) = \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{3}{64}$	0,11
GGU	$p(\text{GGU}) = \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{3}{64}$	0,11
GUG	$p(\text{GUG}) = \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{3}{64}$	0,11
GGG	$p(\text{GGG}) = \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{64}$	0,03

\* La fréquence de UUU est utilisée comme la fréquence de base par rapport à laquelle les fréquences des autres codons sont mesurées pour établir les rapports respectifs. Le rapport pour UUG, par exemple, est calculé par :  $p(\text{UUG})/p(\text{UUU}) = 0,33$ .

**Figure 7 : le code génétique**

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

**Figure 8 : la traduction se fait sur des polyribosomes**  
(in Voet et Voet, De Boeck, 2003)



Micrographies électroniques de polysomes de cellules de glande séricigène du ver à soie *Bombyx mori*. L'extrémité 3' de l'ARNm est à gauche. Les flèches indiquent les polypeptides de fibroïne.

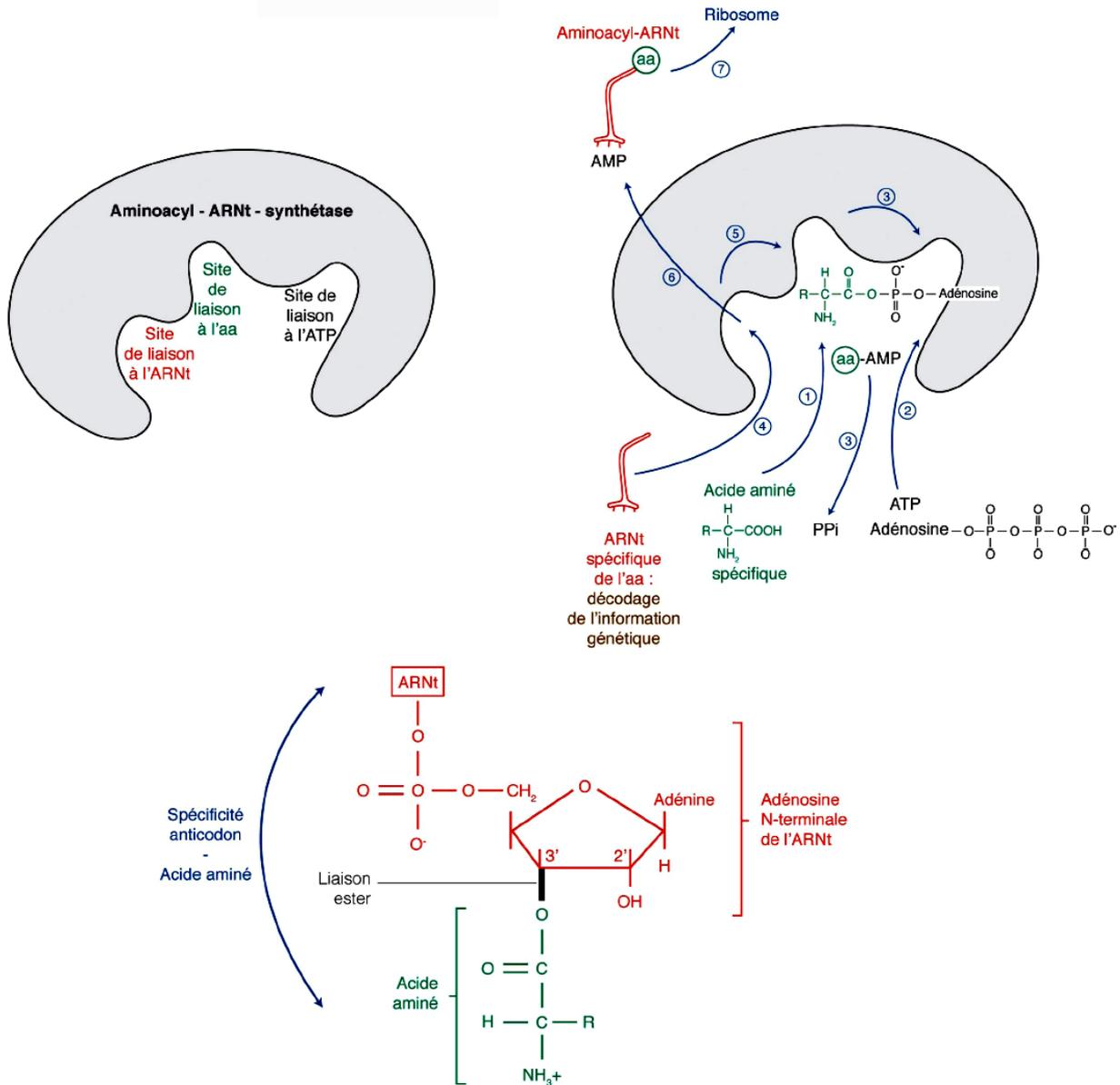
La barre correspond à 0,1 µm. [Avec la permission d'Oscar L. Miller, Jr. Et Steven L. McKnight, Université de Virginie.]

**Dessin d'interprétation**

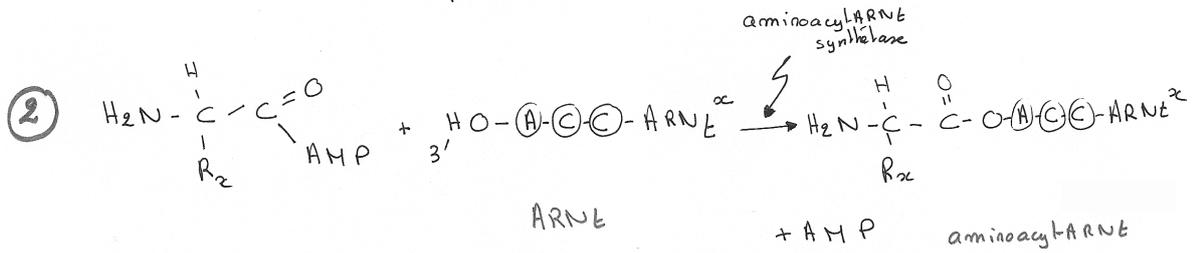
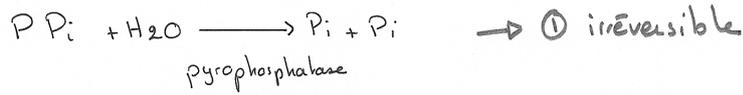
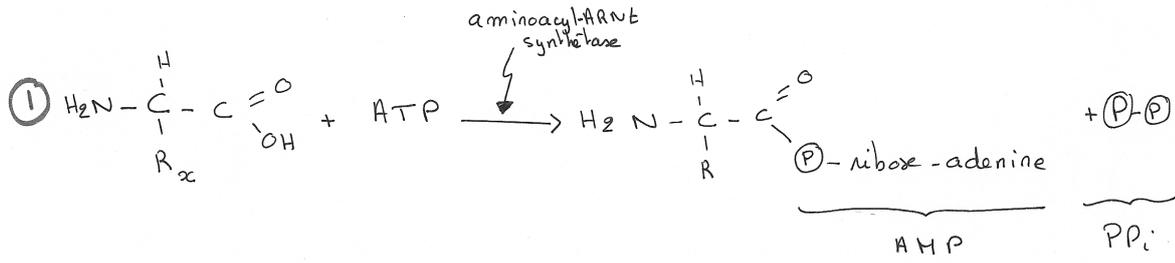
**Figure 9 : activation des acides aminés (à titre de document pour l'agro)**

La synthèse se fait en **2 étapes** :

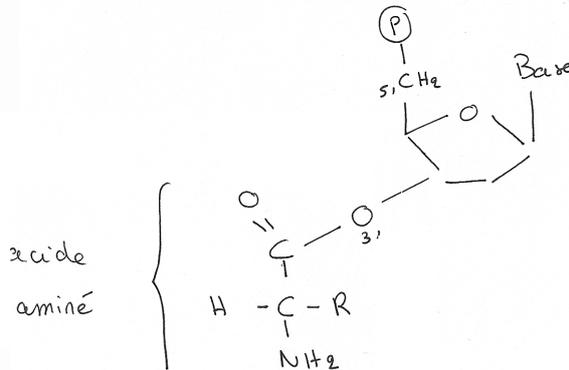
- l'**acide aminé est adénylé** par la synthétase ⇔ un groupement AMP est fixé : l'énergie provient de l'hydrolyse d'un ATP ( $ATP \rightarrow AMP + PPi$ )
- l'aa adénylé reste fixé à la synthétase : le groupement carboxyle, lié à l'AMP, est transféré sur le groupement hydroxyle du ribose de l'extrémité 3'-OH de l'ARNt. : il se forme un **aminoacyl-ARNt**.



Activation des acides aminés



Liaison aminoacyl-ARNt :



**Effet wobble**

Base en 5' dans l'anticodon	Base en 3' dans le codon
C	G
A	U
G	U ou C
U	A ou G
I	A ou U ou C



Figure 11 : vue d'ensemble de la traduction

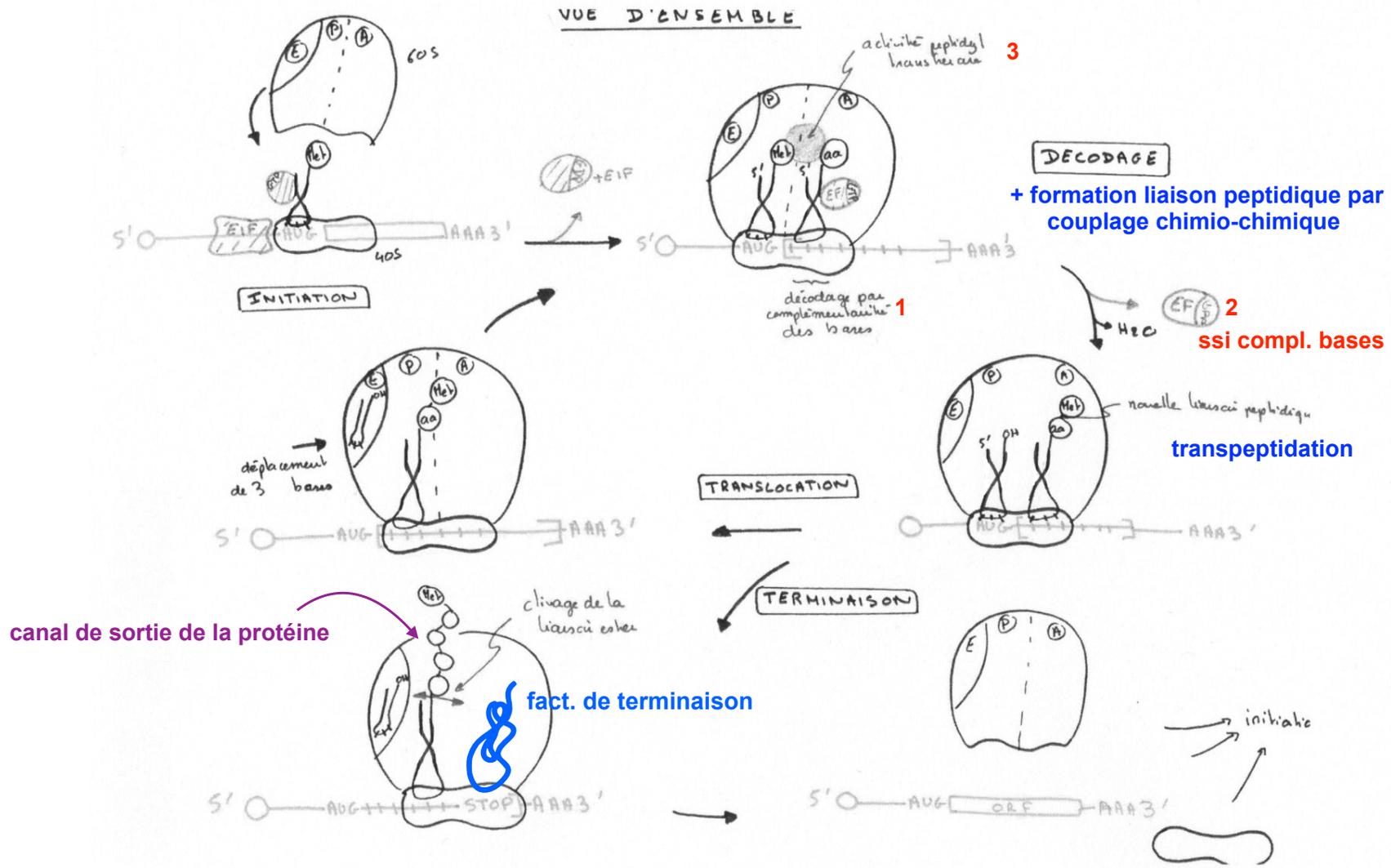


Figure 12 : initiation de la traduction

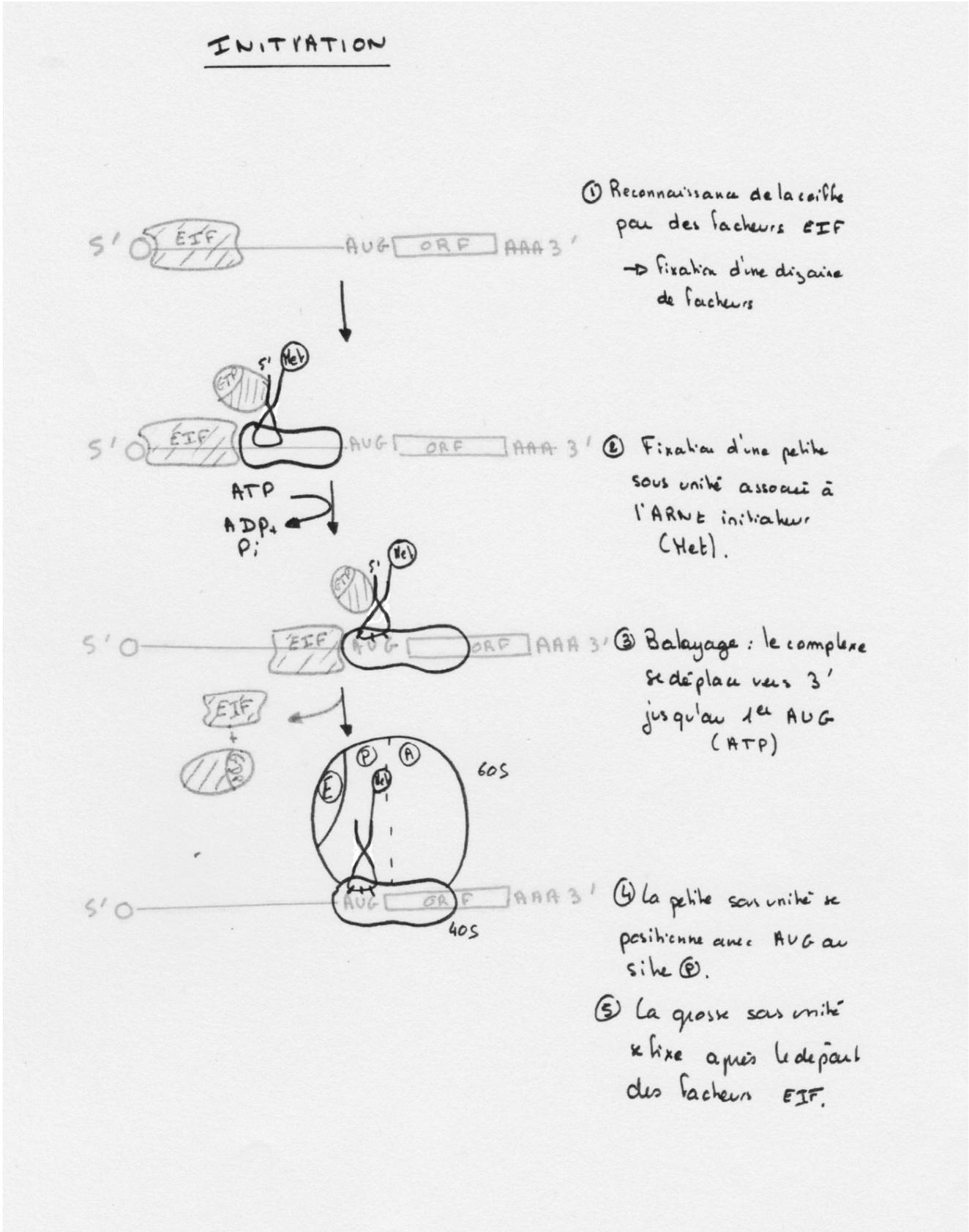
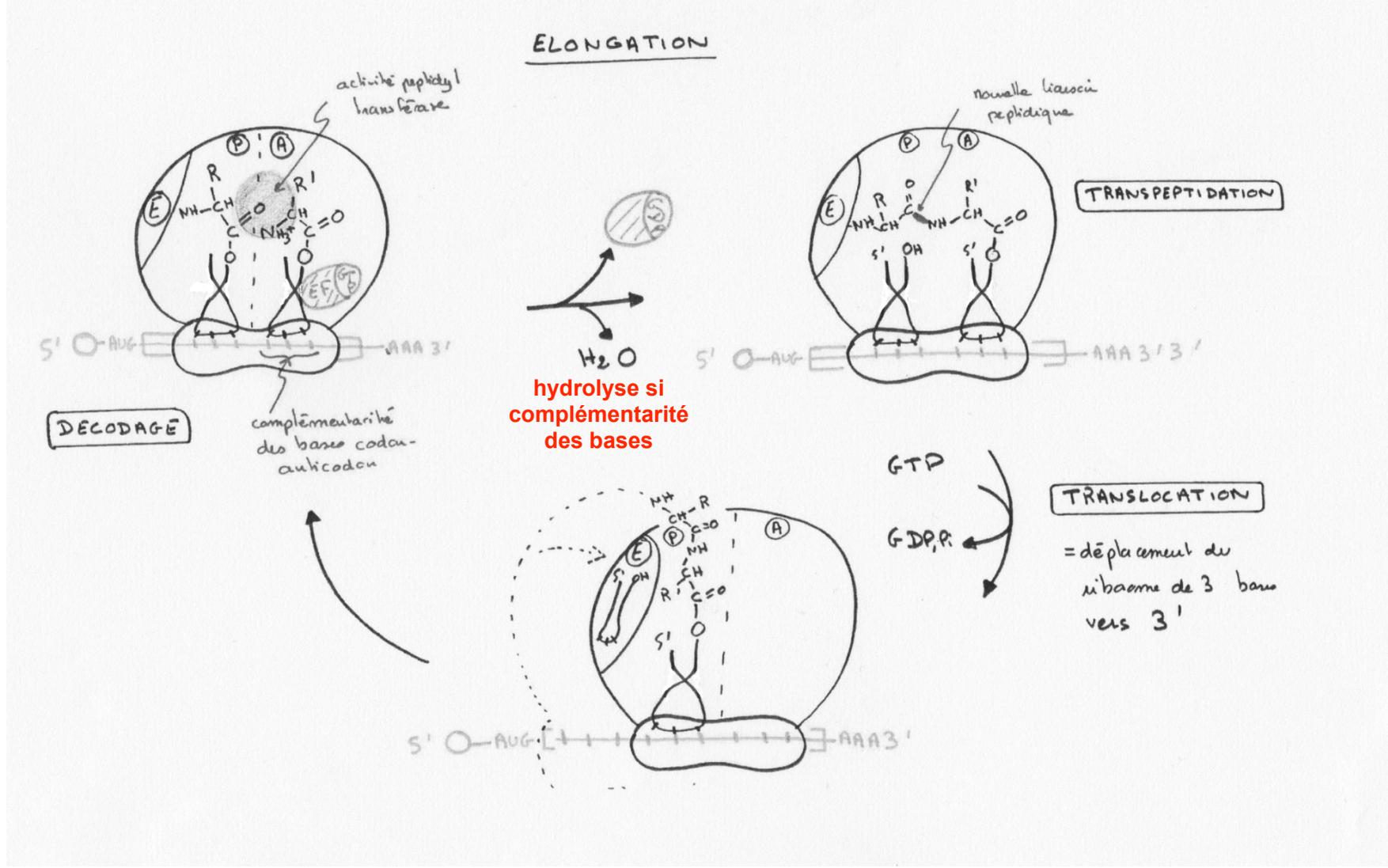


Figure 13 : élongation de la traduction



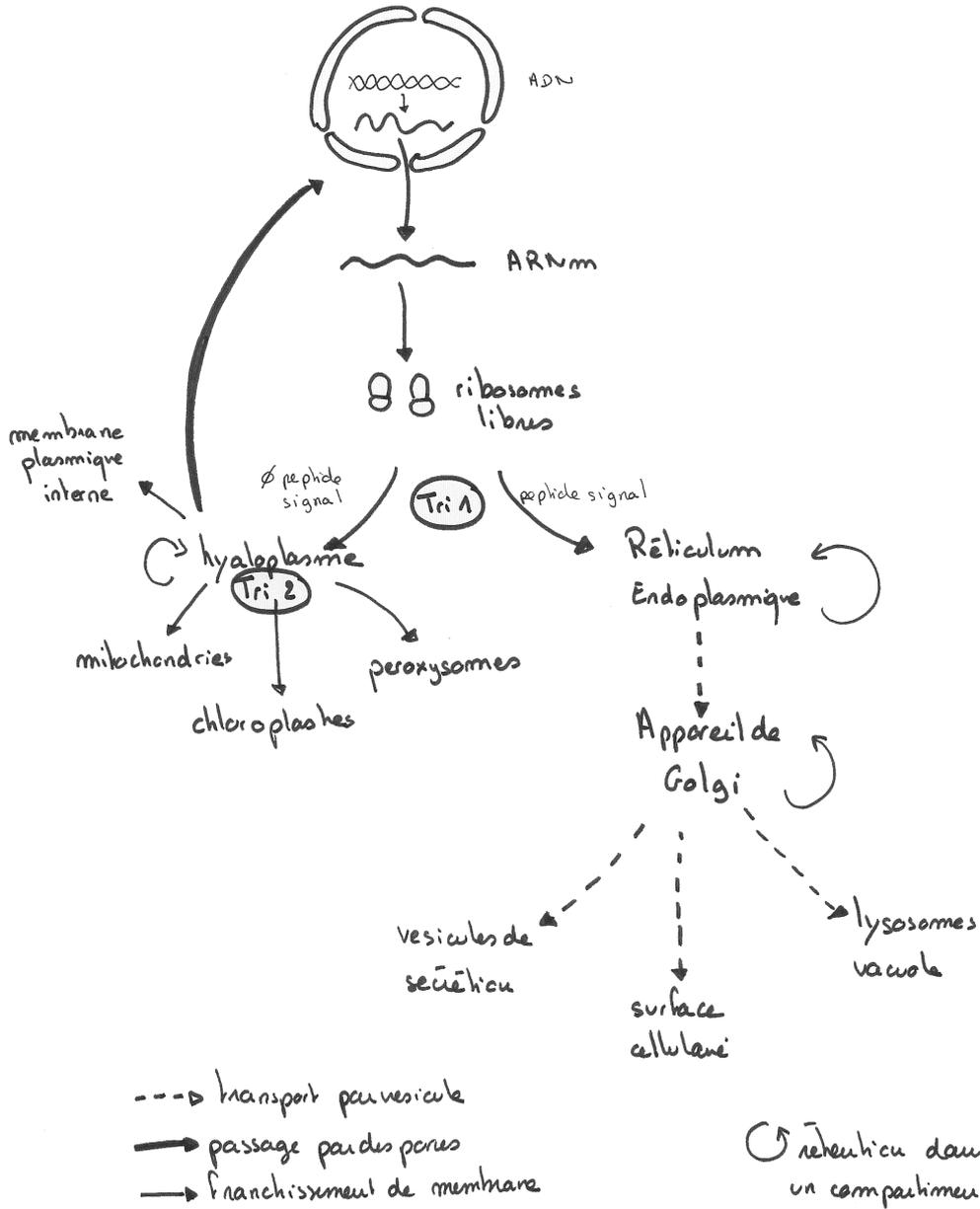
**Figure 14 : deux niveaux de tri des protéines dans une cellule eucaryote**

1<sup>er</sup> niveau : traduction au niveau du cytosol/ REG

- **traduction au niveau** de ribosomes liés au **REG** : présence d'une séquence signal
- traduction des protéines au niveau de ribosomes libres dans le **cytoplasme** : absence d'une séquence signal

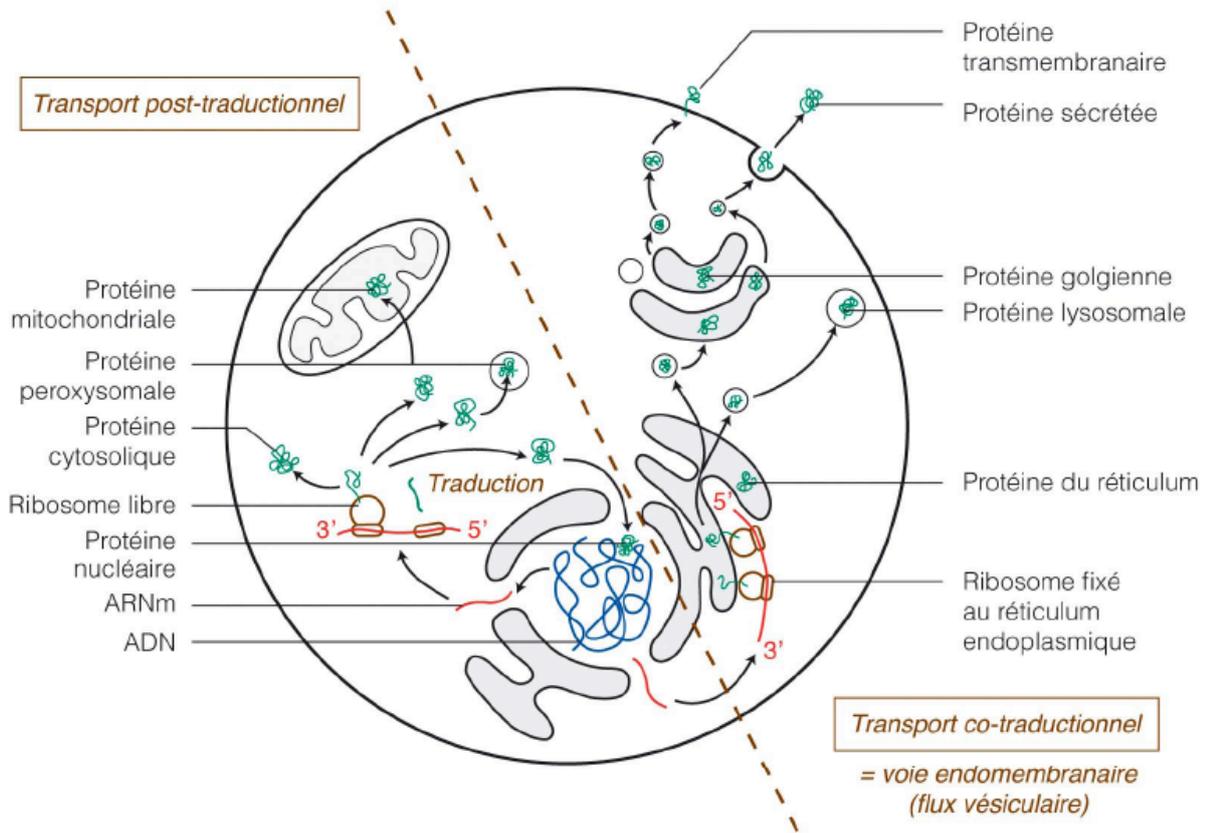
2<sup>ème</sup> niveau de tri : au sein des protéines traduites dans le cytoplasme :

Au sein des protéines qui sont traduites dans le cytoplasme, plusieurs destinations possibles : cytoplasme, noyau, organites semi autonomes, face interne de la membrane.

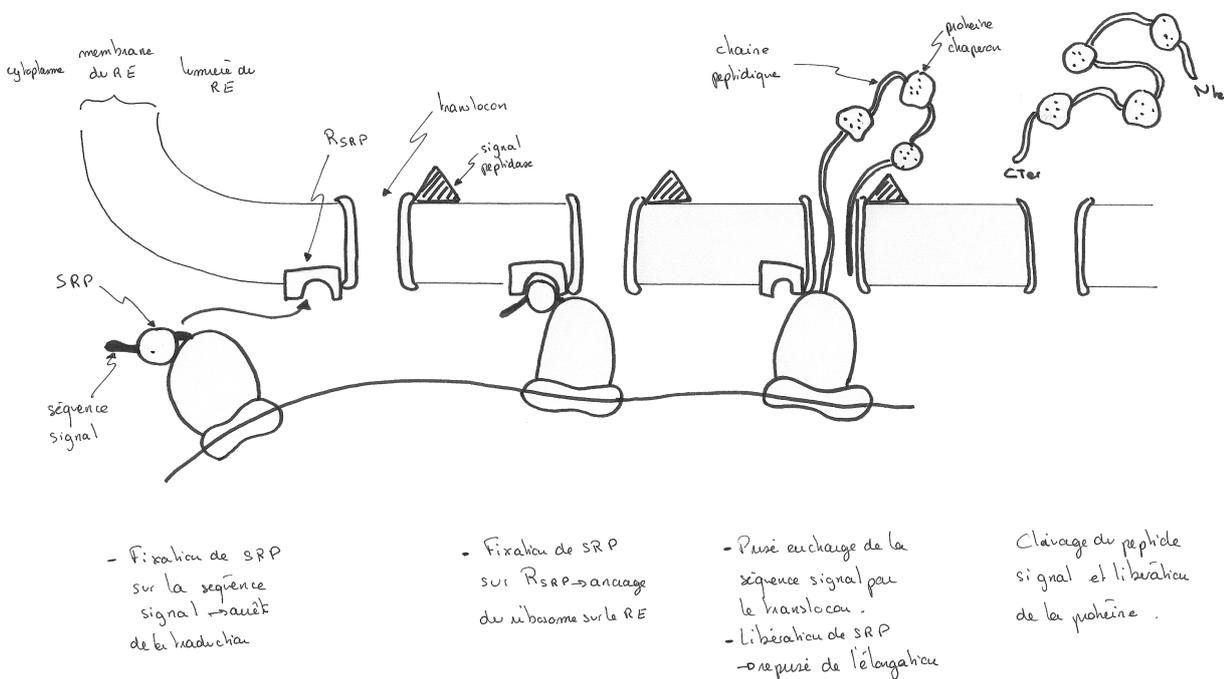


Voies de circulation des protéines dans une cellule eucaryote

**Figure 15 : les deux niveaux de tri des protéines sont associés à des transports co ou post-traductionnels**  
(in Segarra et al., Ellipse)



**Figure 17 : translocation co-traductionnelle dans le RE**



Translocation co-traductionnelle dans le RE

### Figure 16 : Mise en évidence expérimentale d'une insertion cotraductionnelle à l'intérieur de la lumière du REG

➤ Réalisation d'une traduction *in vitro* par un « extrait acellulaire » (début années 1970) :

On extrait à partir de certaines cellules (de jeunes globules rouges) tous les constituants nécessaires à la traduction : ribosomes, enzymes, ARNt, facteurs protéiques divers, système de fourniture d'ATP, des acides aminés dont certains sont rendus radioactifs. On élimine également au préalable, grâce à l'action d'une RNase, tous les ARN endogènes qui pourraient être présents. Il suffit alors de rajouter à cet extrait acellulaire des ARNm synthétisés par l'expérimentateur pour faire débiter la synthèse d'une protéine de son choix.

Résultat : on obtient toujours une chaîne polypeptidique plus longue que celle réalisée *in vivo* par le REG cellulaire

➤ Ajout à l'extrait acellulaire de microsomes (vésicules formées à partir de fragments de membranes de REG)

Résultat : on obtient à nouveau une forme normale, plus courte, de la protéine.

➤ En fin d'expérience, ajout d'une protéase :

1- cas de la traduction *in vitro*, en l'absence de microsomes : on observe l'hydrolyse des protéines « longues » synthétisées

2- cas de la traduction *in vitro*, en présence de microsomes : les protéines « courtes » nouvellement synthétisées ne sont pas hydrolysées

3- cas de la traduction *in vitro*, en présence de microsomes + action d'un détergent : les protéines « courtes » nouvellement synthétisées sont hydrolysées

Interprétation :

**Cas 1 :**

.....

.....

**Cas 2 :**

.....

.....

.....

**Cas 3 :**

.....

.....

.....

**Bilan :**

.....

.....

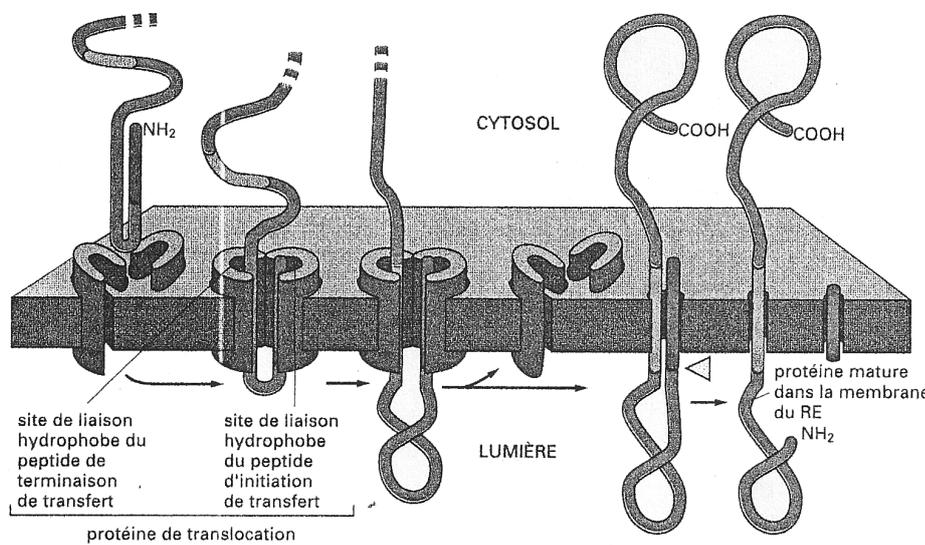
.....

**Figure 18 : intégration d'une protéine dans la membrane du RE  
(à titre de document)**

Elles présentent de longs segments hydrophobes internes, le long de la chaîne polypeptidique, qui fonctionnent comme des séquences d'ancrage. Ainsi, au cours de la synthèse par le ribosome, la protéine est enchâssée progressivement dans la bicouche, tout en disposant les domaines hydrophiles de part et d'autre.

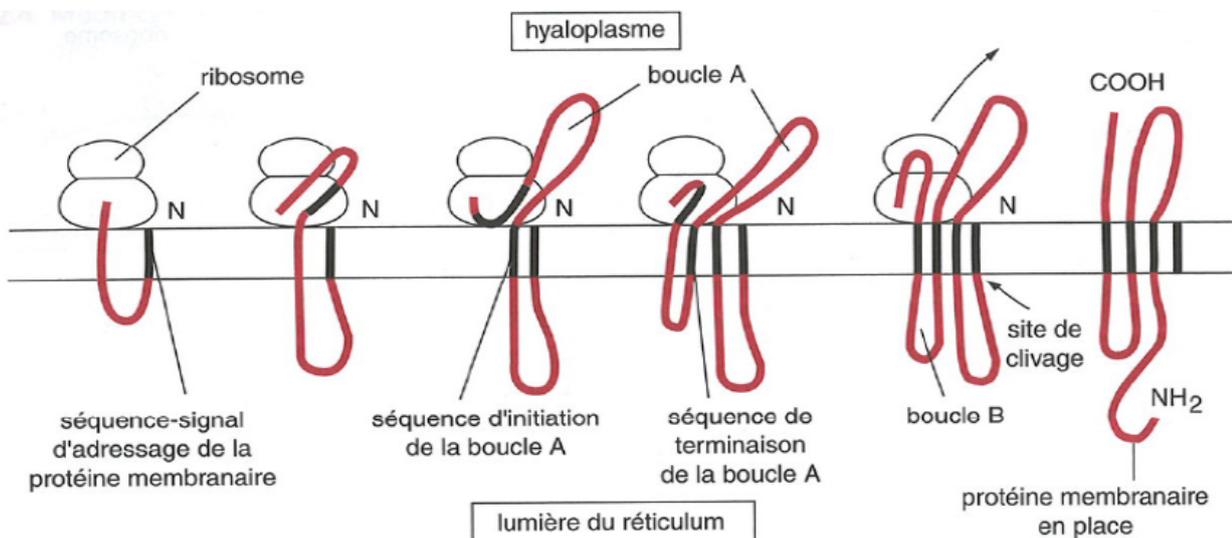
À la différence de la séquence signal, ces séquences ne subissent évidemment pas de clivage.

**Cas d'une protéine à traversée unique**



Mécanisme d'intégration cotraductionnelle dans la membrane du reticulum endoplasmique d'une protéine transmembranaire à traversée unique.

**La combinaison des signaux d'initiation et de terminaison détermine la topologie de la protéine**



### Figure 19 : translocation post-traductionnelle dans une mitochondrie

- 1) reconnaissance par le récepteur TOM de la séquence signal d'adressage à la mitochondrie
- 2) après transport de la protéine via les complexes TOM et TIM, clivage de la partie N-terminale de la séquence signal
- 3) reconnaissance de la deuxième partie de la séquence signal, clivage de celle-ci et adressage de la protéine à la membrane inter

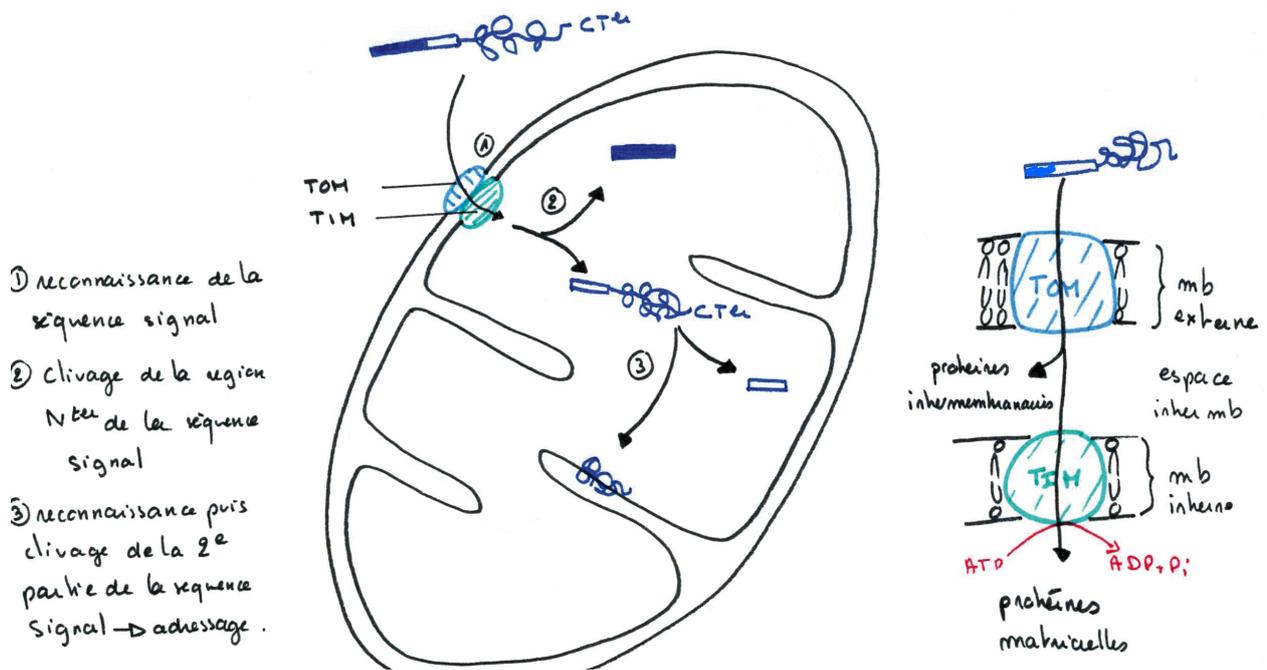
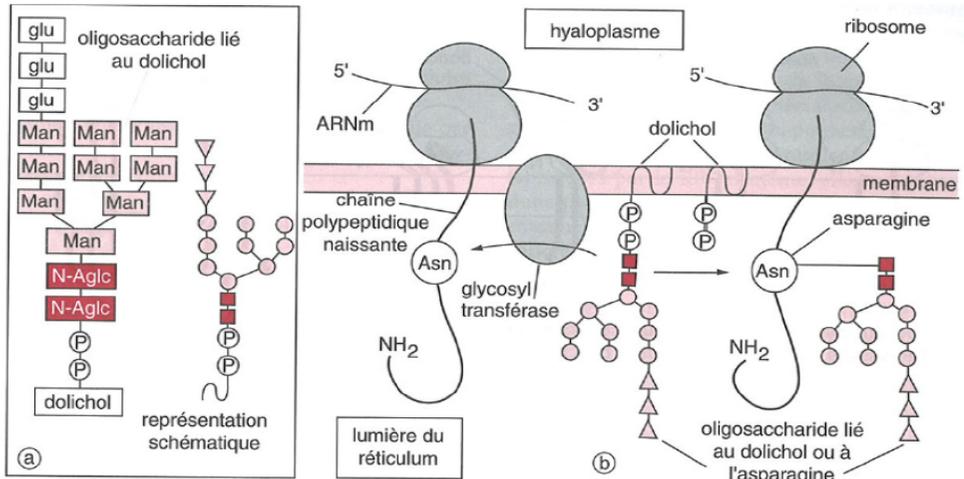
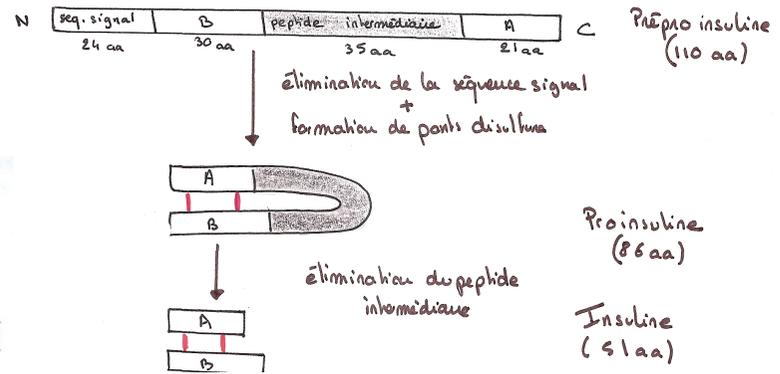


Figure 20 : modifications posttraductionnelles des protéines

**N-glycosylation (dans le RE d'une cellule Eucaryote)**



**Maturation de l'insuline**



**Maturation des protéines dans l'appareil de Golgi**

(in Breuil, Tec et doc)

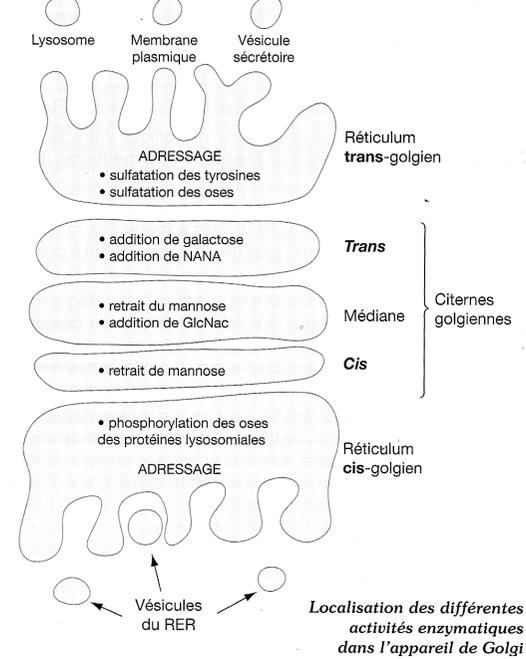
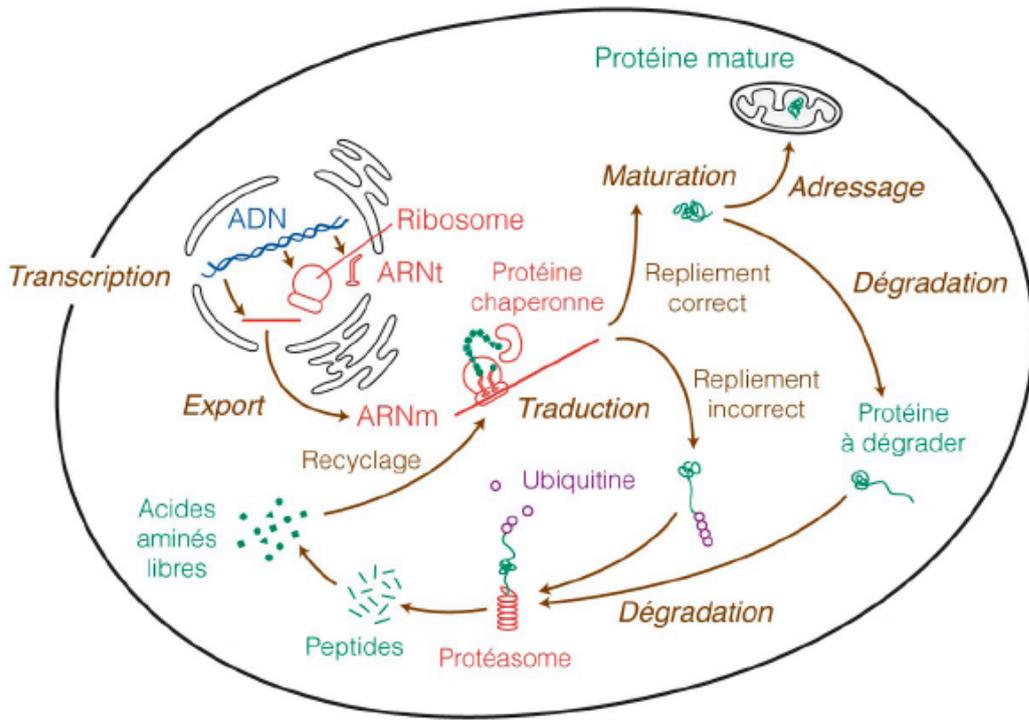


Figure 21 : Schéma Bilan





**BIOSYNTHESES DANS UNE CELLULE EUCLARYOTE**  
 ex: FIBROBLASTE (10µm)

