

# Biologie Moléculaire



## La synthèse des protéines.

### I. Généralités

**Le matériel génétique ou génome contient les gènes**

Un **gène** contient une **information** sous la forme d'une **suite de nucléotides** et **s'exprime** lorsque cette information est **utilisée**.

GENES CODANTS	GENES NON CODANTS
Leur information sert à la <b>synthèse des protéines</b>	Leur information ne sert qu'à la <b>synthèse des autres ARNs</b> ( <i>ARNr, ARNt, petits ARN nucléaires ou nucléolaires</i> )
<b>Transcrits</b> en pré-ARNm puis <b>modifiés</b> en ARNm mature ( <b>maturation</b> )	<b>Uniquement transcrit</b> dans le noyau ( <b>non traduit</b> )
L'ARNm rejoint le cytosol et sa séquence est <b>traduite</b> en acides aminés	Certains de ces ARNs <b>restent dans le noyau</b> , d'autres rejoignent le <b>cytosol</b> <b>Tous participent à l'expression des gènes codants !</b>

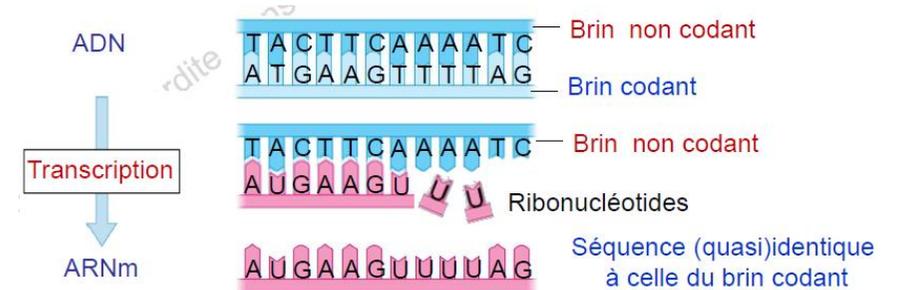
L'expression d'un gène codant **début**e par sa **transcription en ARNm** dans le **noyau** et **s'achève** par la **traduction** de l'ARNm en **protéine**.

Un gène est une séquence d'ADN **double brin**. L'un des brins contient l'information du gène à retranscrire dans l'ARNm (**brin codant**), l'autre brin ne contenant pas d'information (**brin non codant**).

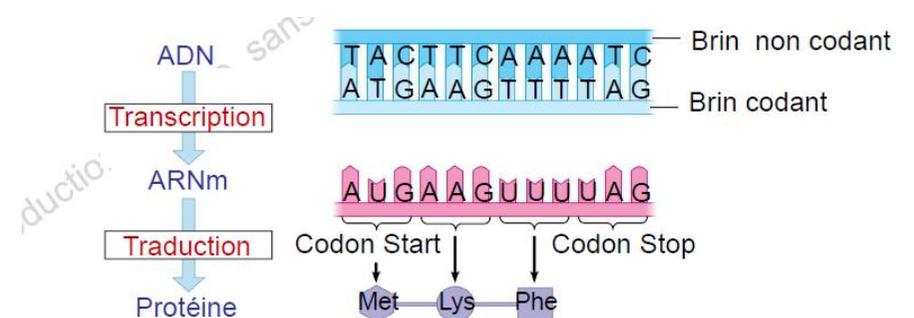
Comme la transcription repose sur le **principe de complémentarité**, le brin **non codant** sert de **matrice** pour former l'ARNm à partir de rNTPs.

L'information du **brin codant** est celle qui figure dans le **brin d'ARNm**.

C'est donc le brin complémentaire **non codant** qui sert de **matrice** pour la transcription selon le principe de complémentarité.



L'ARNm rejoint le **cytosol** où sa séquence de **ribonucléotides** est traduite en une séquence d'**acides aminés** pour former la **protéine**. Cette étape de traduction repose sur un code appelé **code génétique** qui indique à quel **acide aminé** correspond chaque **triplet de nucléotides (codons)** de l'ARNm.



**ATTENTION** : Le brin **codant** contient l'**information** mais le brin **non codant** sert de **matrice** lors de la **transcription**.

## II. Structure d'un gène codant eucaryote

Un gène codant eucaryote comprend deux régions :

### A. Une région destinée à être transcrite (unité de transcription)

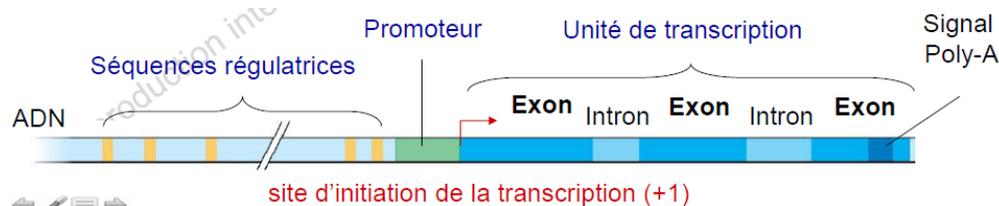
C'est un ensemble de séquences **transcrites** mais **pas forcément traduites** !

Cette succession de séquences **codantes (EXONS)** et **non codantes (INTRONS)** est transcrite du signal d'initiation (nucléotide +1) au signal de terminaison (signal Poly-A).

**ATTENTION** : Transcription et traduction commencent et ne finissent pas au même endroit !

### B. Des régions situées en amont et non transcrites

1. **Le promoteur** : situé près du site d'initiation de la transcription et constitué de la séquence TATAA (TATA box), il fixe le complexe assurant la transcription
2. **Des séquences distales et proximales** : plus éloignées, elles assurent la **régulation de la transcription**.



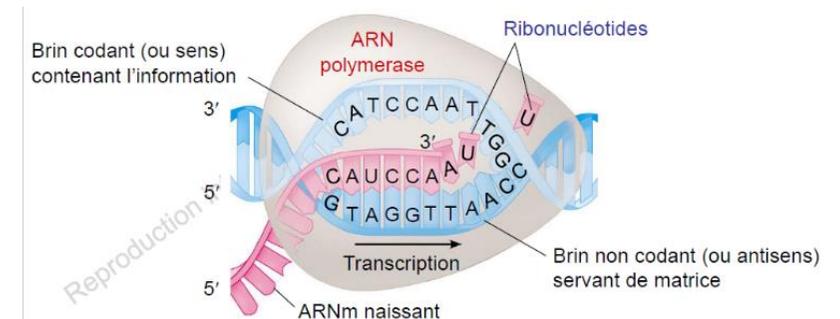
## C. L'ARN polymérase II

Chez les eucaryotes, c'est l'**ARN polymérase II** qui transcrit les gènes codants.

**Elle se fixe au promoteur du gène et recopie l'unité de transcription**

Elle relie entre eux les rNTPs complémentaires du brin non codant dans le sens **5' → 3'**, du site d'initiation de la transcription au signal Poly-A.

Sa liaison au **promoteur** et son **activation** requièrent d'autres **protéines**.

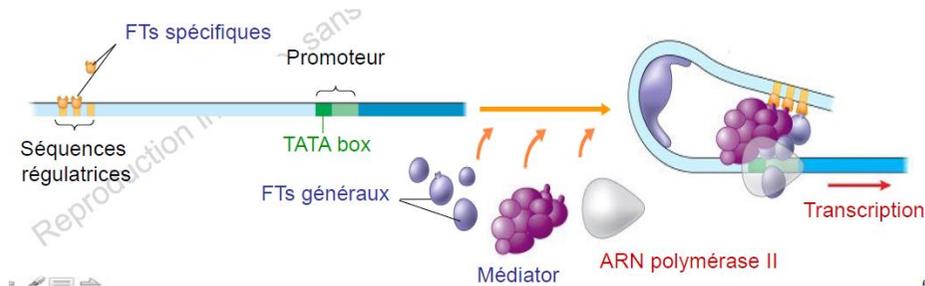


## D. La séquence TATA box

La TATA box **recrute la machinerie basale** de transcription qui comprend :

- **L'ARN polymérase II**, dont l'extrémité **C-term** peut être phosphorylée
- Les facteurs généraux de transcription (**TFII A, B, D, E, F, H**) qui permettent à l'ARN polymérase II de se fixer au promoteur et l'activent

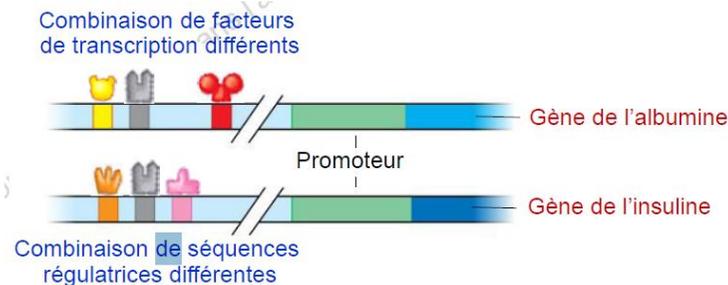
## E. Les séquences régulatrices



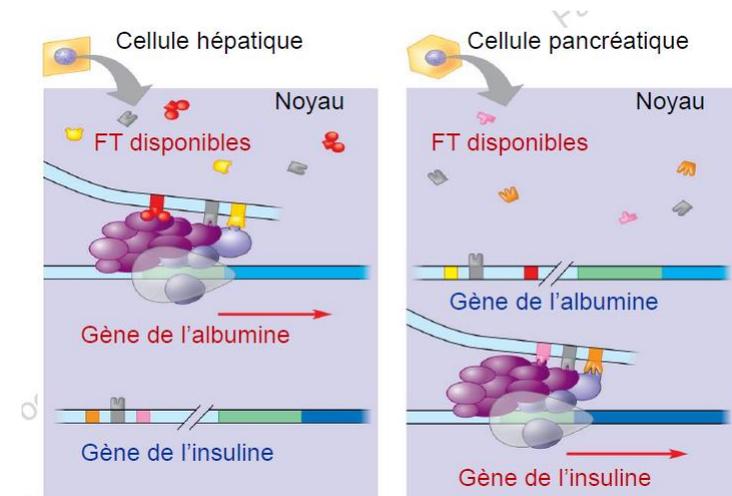
Les **séquences régulatrices d'amont** fixent d'autres protéines. Ces protéines **activent** (*enhancer*) ou **répriment** (*repressor*) la transcription.

### Les séquences régulatrices des gènes codants varient

Chaque gène possède sa **propre combinaison** de séquences régulatrices. Une séquence **donnée** ne peut fixer qu'un facteur de transcription **donné**. L'ensemble des séquences régulatrices d'un gène permet la fixation d'une **combinaison particulière** de **facteurs de transcription**. Ainsi, chaque gène est régulé par une **combinaison** de facteurs de transcription.



**Le gène ne s'exprimera qu'en leur présence,  
Variable selon le type cellulaire**



Chaque gène recrute donc une **combinaison variable** de **FT spécifiques** qui permettent l'assemblage de la machinerie basale de transcription.

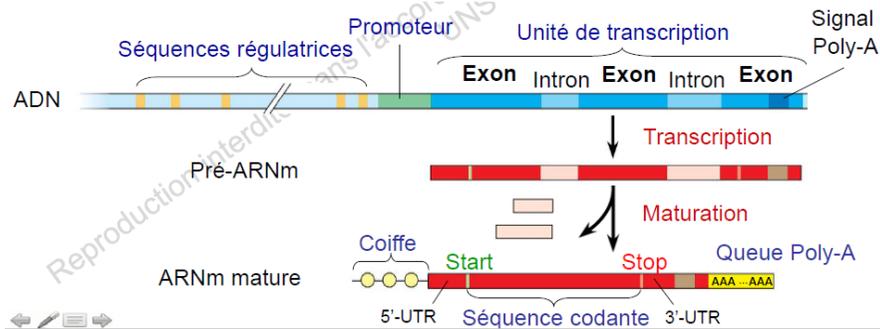
## F. L'ARN pré-messager

**Un gène codant eucaryote est transcrit  
en ARN pré-messager**

Ce transcrit primaire subit une **maturation** pour pouvoir être traduit.

Des modifications **co-transcriptionnelles** assurent sa maturation en ARNm :

- L'ajout d'une « **coiffe** » à l'extrémité 5' et d'une « **queue** » **Poly-A** en 3'
- L'**excision** (élimination) des **introns** et l'**épissage** des **exons** (ligation) de telle sorte que sa séquence codante entre les signaux **Start/Stop** soit **ininterrompue**.



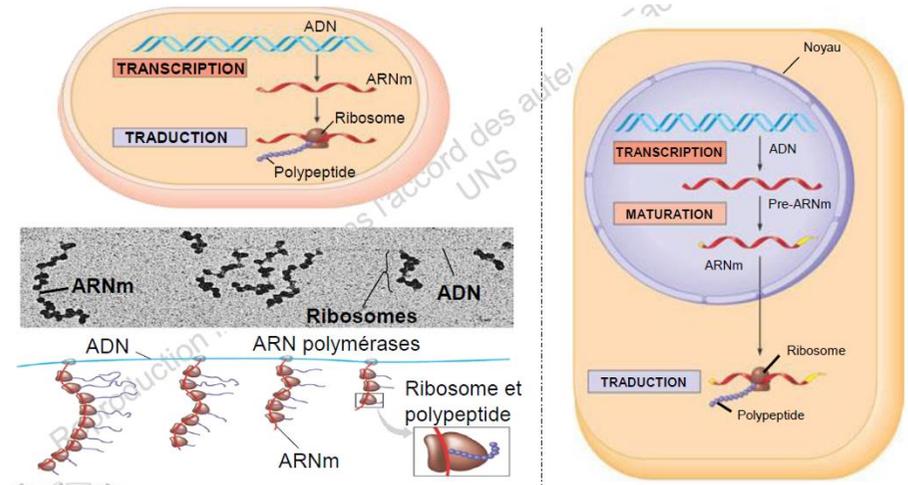
**ATTENTION : Gènes codants et non codants sont transcrits par la même ARN polymérase !**

Elle est assistée du facteur  $\sigma$  (sigma) chargé de reconnaître le promoteur.

Il n'existe pas de facteurs généraux de transcription.

### III. L'expression des gènes chez les procaryotes

L'expression des gènes est différente chez les procaryotes



PROCARYOTES	EUCARYOTES
Les gènes sont <b>compacts et regroupés (absence d'introns)</b> et régulés par les <b>mêmes séquences régulatrices</b>	Les gènes sont <b>morcelés (grâce aux introns)</b> et régulés <b>individuellement</b>
ADN <b>non associé</b> à des protéines <b>histones</b> La transcription débute sans décompaction des nucléosomes	ADN <b>associé</b> à des protéines <b>histones</b>
Une <b>séquence régulatrice unique</b> contrôle un <b>ensemble de gènes (= opéron)</b>	<b>Plusieurs séquences régulatrices</b> proximales et distales
<b>Opéron</b> transcrit en un <b>long ARNm</b> ne nécessitant <b>pas de maturation</b>	Gène transcrit en un <b>pré-ARNm</b> nécessitant des <b>maturations</b>
<b>Transcription et traduction simultanées</b> <b>Pas de membrane</b> séparant le <b>nucléoïde</b> du cytosol	<b>La transcription précède la traduction</b> <b>Membrane</b> séparant le <b>noyau</b> du cytosol

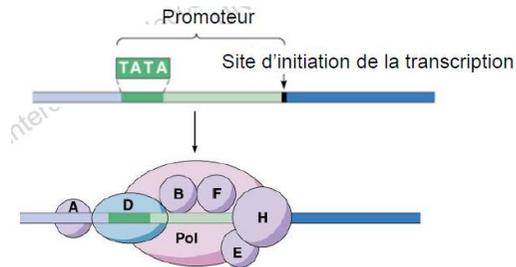
### IV. Les étapes de la transcription

#### A. Initiation de la transcription

**L'initiation de la transcription nécessite plusieurs étapes**

- Elle débute par la fixation du complexe TFIID sur le promoteur. Il se lie à la TATA Box grâce à l'une de ses **sous-unités** appelée **TBP** !
- Les autres complexes et l'ARN polymérase II sont ensuite **recrutés**.

L'ensemble forme la machinerie basale de transcription encore **INACTIVE** tant que l'**extrémité C-terminale** de l'ARN polymérase n'est pas **phosphorylée** !



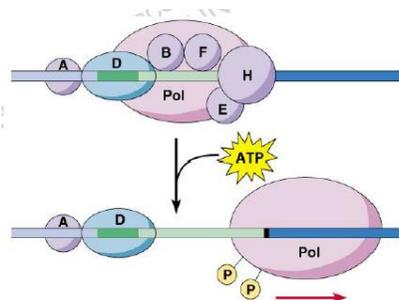
**L'ARN polymérase II ne peut pas se fixer seule au promoteur !**

-Le complexe **TFIIH** phosphoryle l'extrémité C-terminale de l'ARN Pol II.

Elle est **activée** et la transcription de l'ARNm débute (phase d'**élongation**).

-La maturation de l'ARN pré-messager débute **simultanément** ! D'autres **phosphorylations** de l'extrémité C-terminale recrutent les **enzymes de maturation** du pré-ARNm (couplage élongation-maturation).

**La transcription débute avec la phosphorylation de la polymérase**



## B. Élongation de la transcription

La maturation de l'ARNm débute **SIMULTANEMENT** à la transcription (couplage élongation/maturation) : d'autres **phosphorylations** de l'extrémité C-term de l'ARN Pol II recrutent **successivement** les enzymes de **maturation du pré-ARNm**.

L'ARN polymérase utilise le **brin non codant (=antisens)** comme **matrice**, afin de **transcrire** le message qui est celui du **brin sens** par complémentarité des bases puisque les deux brins sont ... **complémentaires** ! L'ARN Pol II relie donc entre eux les rNTPs complémentaires du brin non codant.

**La synthèse se fait dans le sens 5' - 3' et s'arrête au signal Poly-A**

## C. Terminaison de la transcription

Les gènes eucaryotes ne possèdent pas de séquence signalant à la machinerie basale de transcription où s'arrêter.

La transcription s'arrête vers la **séquence de polyadénylation AAUAAA**.

## D. Modifications co-transcriptionnelles

Un gène codant eucaryote est transcrit dans un premier temps en **ARN pré-messager** (transcrit primaire).

Des modifications co-transcriptionnelles assurent sa maturation en ARNm :

- L'ajout d'une **coiffe** à l'extrémité 5' (coiffe) et de la **queue Poly-**

A en 3'

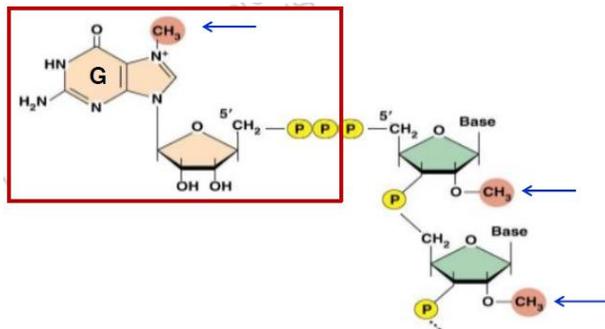
- L'**excision** (élimination) des introns et l'**épissage** des exons (ligation)

**L'ARNm mature aura une séquence codante ininterrompue et encadrée par les signaux Start/Stop**

## 1. La coiffe de l'ARNm

La coiffe comprend plusieurs modifications de l'**extrémité 5'** :

- Ajout d'un nucléotide à **guanine** à l'**extrémité 5'-P** du transcrit et **méthylation** (-CH<sub>3</sub>) de la **guanine** ajoutée et du **ribose** des **deux premiers** nucléotides.
- La coiffe **protègera** le transcrit de la **dégradation**, augmentant sa durée de vie, et est **nécessaire** à sa **reconnaissance** par les **ribosomes**.

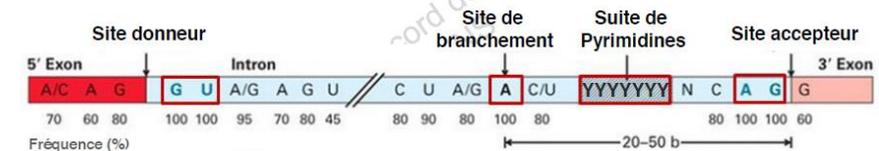


## 2. L'épissage des introns (régions transcrites mais non codantes)

**L'épissage fait intervenir des séquences introniques appelées consensus**

Elles sont **quasi invariables** et retrouvées dans **tous les gènes codants** :

- Site **donneur d'épissage (GU)** au début et **accepteur (AG)** à la fin de l'intron.
- Site de **branchement (A)** et **suite de pyrimidines (Y)** avant la fin de l'intron.



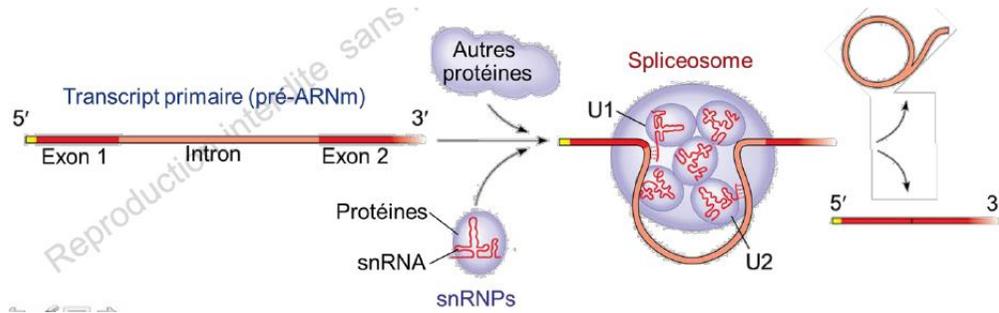
**Le spliceosome est le complexe enzymatique qui assure l'épissage**

Il est formé par les **ribonucléoprotéines U1, U2, U4, U5 et U6** constituées de **diverses protéines** et des **petits ARNs nucléaires (snRNAs)** correspondants.

**Les ribonucléoprotéines snRNPs « repèrent » et définissent les introns.**

Le site **donneur** et de **branchement** fixent respectivement le complexe **U1** et **U2** via leur **snRNA** respectif qui s'apparie par complémentarité avec l'ARNm.

Les **complexes U1 et U2** recrutent les **autres complexes** ce qui permet de **rapprocher les exons** pour les réactions suivantes : l'**intron est éliminé** sous la forme d'un lasso (ou lariat) et les **exons sont reliés** entre eux !

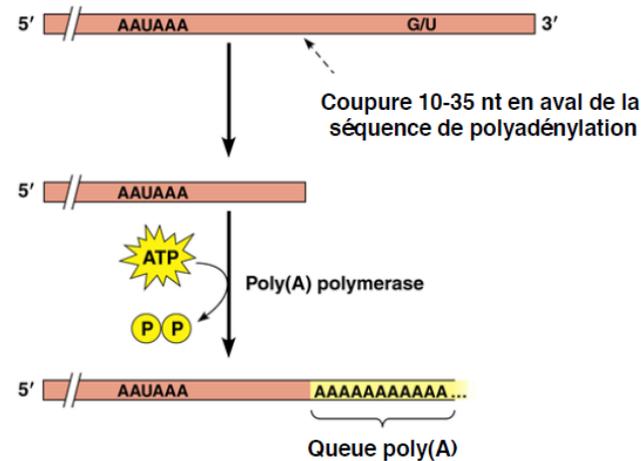


### 3. La polyadénylation de l'ADN

La transcription s'interrompt vers la **séquence de polyadénylation AAUAAA**.

Des complexes coupent le **pré-ARNm** quelques nucléotides après ce signal.

La **Poly (A) polymérase** vient ajouter une **queue poly A** d'environ 250 nucléotides.

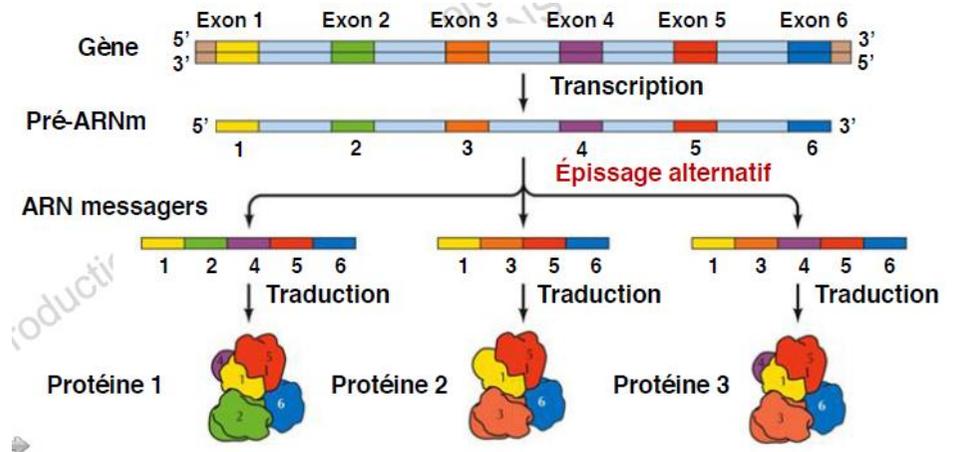


La polyadénylation **ralentit** aussi la **dégradation** du transcrit mature.

## E. Un seul gène pour plusieurs ARNm

### Plusieurs ARNm différents sont issus d'un seul gène

- Le transcrit **primaire** (pré-ARNm) lui-même peut être **variable** : utilisation de **sites alternatifs** d'initiation/terminaison de la transcription.
- Le transcrit **mature** (ARNm) peut varier selon les exons qu'il contient : le phénomène d'épissage alternatif aboutit à différents ARN messagers !
- Ces différents ARNm sont traduits en protéines différentes



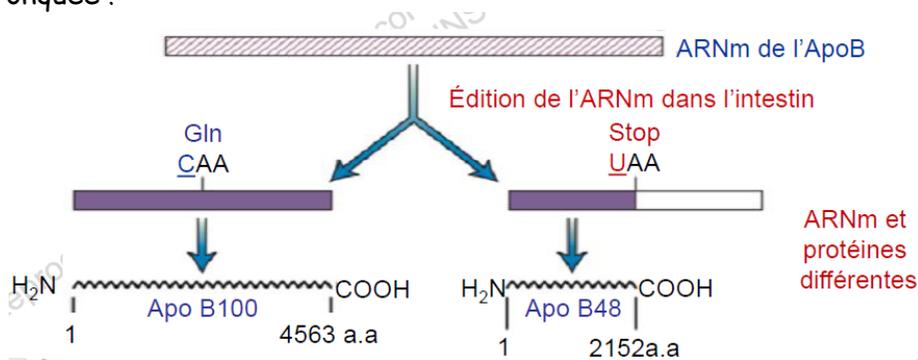
## F. Modifications post-transcriptionnelles

**La séquence d'un ARNm mature peut encore être changée (édition)**

Exemple de l'ARNm de l'apolipoprotéine B (ApoB) :

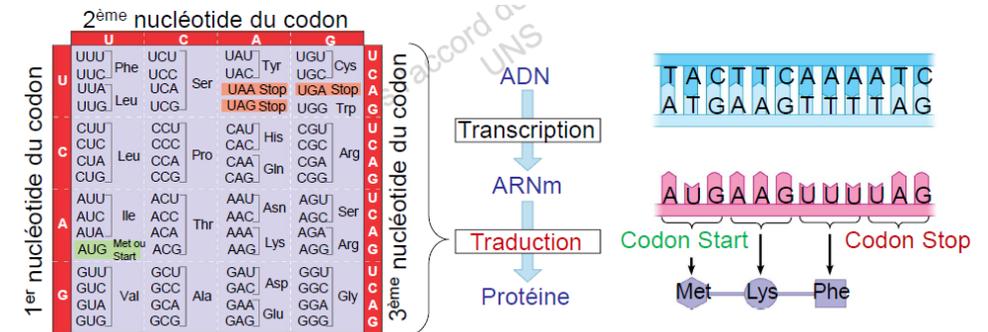
- Dans le **foie**, cet ARNm n'est **pas modifié** et est traduit en **ApoB100**.
- Dans l'**intestin**, une **cytosine** de l'ARNm est **désaminée** en uracile.

Il y **arrêt de la traduction** (codon **Stop**) et production d'**ApoB48**, tronquée !



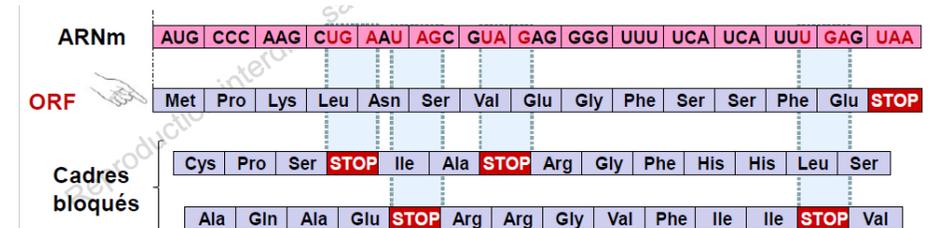
- **Non-ambigu** : un codon donné correspond toujours au même AA.
- **Dégénéré** : plusieurs codons spécifient le même AA sauf pour la méthionine et le tryptophane.

**ATTENTION** : il y a **61 combinaisons** pour **20 AA** !



**Il existe 3 cadres de lecture de l'ARNm en théorie**

Un seul aboutit à la synthèse de la protéine attendue : le **cadre ORF**, débutant au codon **AUG** repéré grâce à la **séquence Kozak**. Les **2 autres** sont **décalés** par rapport au cadre ORF, les protéines formées sont **différentes** et souvent stoppées par un **codon STOP prématuré**.



## V. Le code génétique et ses caractéristiques

Le code génétique assure la **correspondance codon/ acide aminé**. Il existe **4 puissance 3 combinaisons** de **3 nucléotides** pour former un **codon**.

On retrouve 1 codon **Start (AUG)** qui **initie** la traduction (code pour une **méthionine**), et **3 codons Stop (UAA / UAG / UGA)** qui **terminent** la traduction.

Ce code est :

- **Quasi-universel** : toutes les espèces utilisent la même correspondance codon/AA. Il y a quelques rares exceptions comme les **mitochondries**.
- **Non-chevauchant** : chaque nucléotide de l'ARNm appartient à un seul codon.

## VI. Mutations du code génétique

Certaines mutations de l'ADN modifient le code génétique.

Parmi les substitutions (c'est-à-dire celles qui changent un nucléotide) on trouve :

- ✓ Les mutations silencieuses (elles sont **neutres**) : ne changent pas l'acide aminé codé.
- ✓ Les mutations faux sens : remplacent un AA par un autre.
- ✓ Les mutations non-sens : introduisent un **codon STOP prématuré**.

Parmi les insertions/délétions (celles qui modifient le nombre de nucléotides) on trouve :

- ✓ Les multiples de 3 : on peut avoir ajout d'un AA ou d'un STOP mais le cadre de lecture est respecté.
- ✓ Les non multiples de 3 : le cadre de lecture en aval peut être décalé et il peut y avoir la présence de mutations **faux sens multiples** ainsi que des **Stop prématurés**. Elles peuvent également former une mutation non -sens et dans ce cas il y a une **absence totale** de la synthèse de la protéine.

Le code génétique est organisé en **16 boîtes de 4 codons**, où seul le **3<sup>ème</sup> nucléotide change**. Dans la majorité des cas, l'AA codé par la boîte est le même. Si ce n'est pas le cas, il est de **même polarité**.

		2 <sup>ème</sup> nucléotide du codon					
		U	C	A	G		
Boîte Phénylalanine- Leucine	UUU	Phe	Ser	Tyr	Cys	U	
	UUC	Phe	Ser	Tyr	Cys	C	
	UUA	Leu	Ser	Stop	Stop	A	
	UUG	Leu	Ser	Stop	Trp	G	
1 <sup>er</sup> nucléotide du codon	CUU	Leu	Pro	His	Arg	U	3 <sup>ème</sup> nucléotide du codon
	CUC	Leu	Pro	His	Arg	C	
	CUA	Leu	Pro	Gln	Arg	A	
	CUG	Leu	Pro	Gln	Arg	G	
A	AUU	Ile	Thr	Asn	Ser	U	
	AUC	Ile	Thr	Asn	Ser	C	
	AUA	Ile	Thr	Lys	Arg	A	
	AUG	Met	Thr	Lys	Arg	G	
G	GUU	Val	Ala	Asp	Gly	U	Boîte Glycine
	GUC	Val	Ala	Asp	Gly	C	
	GUA	Val	Ala	Glu	Gly	A	
	GUG	Val	Ala	Glu	Gly	G	

L'organisation du code permet de **minimiser les effets des mutations** : l'importance du nucléotide varie selon sa position :

- Une mutation du **3<sup>ème</sup> nucléotide** est souvent **neutre** et sans conséquence sur la protéine ;
- Une mutation du **2<sup>ème</sup> nucléotide** induit souvent une **mutation faux sens non conservative** (les conséquences sont donc plus sévères) ;
- Une mutation du **1<sup>er</sup> nucléotide** induit souvent une **mutation faux-sens conservative**.

## VII. La synthèse des protéines

La synthèse des protéines nécessitent **différents acteurs** qui peuvent avoir un rôle :

❖ **Structural :**

- L'**ARN messenger (ARNm)** : sa structure primaire contient les instructions pour la synthèse des protéines.
- L'**ARN de transfert (ARNt)** : se fixe sur l'ARNm par complémentarité de la séquence codon/anticodon et apporte les AA grâce à sa tige acceptrice.
- L'**ARN ribosomal (ARNr)** : s'associent avec des protéines pour former des ribosomes.

❖ **Fonctionnel :** (ce sont des enzymes)

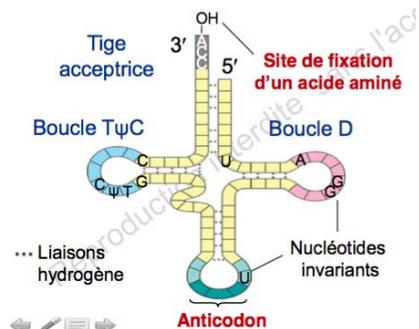
- Les **AminoAcyls ARNt synthétases** : fixent l'ARNt sur les protéines. Elles sont **spécifiques** d'un AA classique, il n'y a donc pas d'aaRs pour la sélénocystéine !  
Elles peuvent fixent l'AA sur des ARNt isoaccepteurs grâce à l'ATP, et possèdent également une activité de **proofreading**.
- Un **ARN ribosomal** : permet de relier les AA par des **liaisons peptidiques** pour former la protéine.

Les ARN de transfert : ils sont formés d'une tige acceptrice et de 3 boucles. L'AA est fixé à l'extrémité 3'OH de la tige acceptrice.

Attention, chaque ARNt est spécifique d'un AA.

Ils sont d'abord transcrit sous la forme d'un pré-ARNt qui va subir 10 à 25% de modification de base. L'ARNt contient donc des bases qu'on appelle mineures, telles que :

- L'**Inosine** : formée par la désamination fréquente de l'adénine en hypoxanthine ;
- La **Pseudo-uridine**, la **Dihydrouridine**, la **Méthyluridine** : ce sont des dérivés de l'uridine ;
- La **thymine** (celle de l'ADN).

A. **Spécificités du code génétique**

La fiabilité de la traduction est assurée par 2 mécanismes :

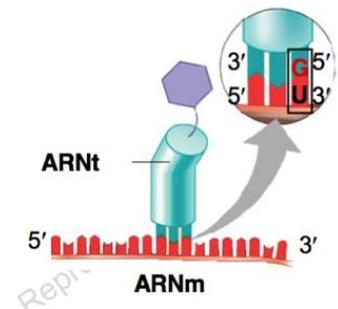
- La spécificité de l'appariement entre l'anticodon de l'ARNt et le codon de l'ARNm : c'est l'association inhabituelle de la 1<sup>ère</sup> base de l'anticodon et de la 3<sup>ème</sup> base du codon

Il devrait exister **61 ARNt** mais un **appariement flexible en 5' (wobble)** réduit ce nombre à **48** et permet de **minimiser** l'effet des mutations.

Ce wobble **ne respecte donc pas le principe de complémentarité**.

De nouvelles paires de bases peuvent se former entre :

Anticodon (1 <sup>ère</sup> base)	Codon (3 <sup>ème</sup> base)
A	U
C	G
U	A et G
G	C et U
I	A, U et C



Mais attention, la **règle purine-pyrimidine** est le plus souvent **respectée** !

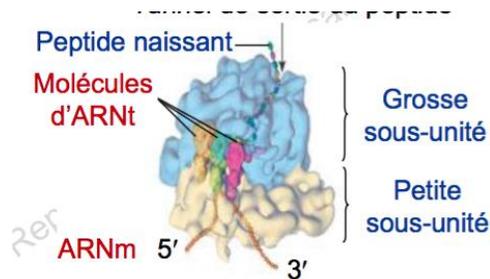
- La spécificité de l'appariement entre la protéine et son ARNt : elle est assurée par des enzymes (20) : les **aminoacyls ARNt synthétase (aaRs)**.

Chacun est **spécifique d'un AA** mais peut le fixer sur un ou plusieurs ARNt, ce sont les **ARNt isoaccepteurs**.

## B. La traduction

Elle est assurée par le **ribosome**. Il est composé de **2 sous-unités** ayant des fonctions spécifiques :

- La petite sous-unité : se lie à l'ARNm et **décodes** l'information en assurant la **correspondance codon/anticodon**. Elle est appelée **30s** chez les **procaryotes** et **40s** chez les **eucaryotes**.



- La grosse sous-unité : se lie à la petite s.u et **fabrique** la protéine. Elle a un rôle **structural** et **fonctionnel**. Elle est appelée **50s** chez les **procaryotes** et **60s** chez les **eucaryotes**.

Elle se divise en **3 sites** :

- le **A** qui accueille l'ARNt avec l'AA
- le **P** qui forme le peptide
- le **E** qui éjecte l'ARNt.

C'est l'**ARN 28s** (enzyme) qui forme la liaison peptidique.

La petite et la grosse s.u **diffèrent** par leurs contenus en ARNr et en protéines.

## C. Reprogrammation :

Le code génétique peut être **reprogrammé**. On note que les **sélénoprotéines** sont des protéines contenant la **sélénocystéine**. C'est un **AA rare** pour lequel il n'existe **pas de codon**, mais qui peut être incorporé durant la traduction.

C'est la reprogrammation du **codon Stop UGA** qui est à son origine. La sélénocystéine possède son propre ARNt : **ARNt<sup>(ser)sec</sup>** mais il n'existe pas d'enzyme pouvant le fixer sur son ARNt ...

Il est d'abord chargé avec la **sérine** puis après réaction chimique, la **sélénocystéine** est chargée sur son ARNt.

Cette reprogrammation est liée à l'ARNm des sélénoprotéines. Leurs **extrémités 3'UTR** contiennent une séquence particulière, appelée **SECIS**.

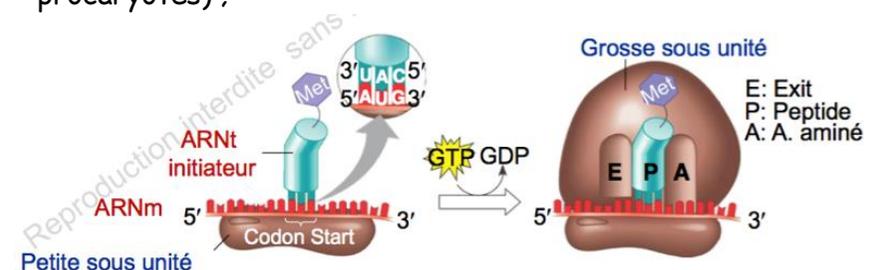
Cette extrémité se replie en **épingle à cheveu**, et elle est alors reconnue par 2 protéines qui apportent l'ARNt<sup>(ser)sec</sup>.

La sélénocystéine est alors **incorporée au codon UGA**.

La traduction se fait en 3 étapes successives :

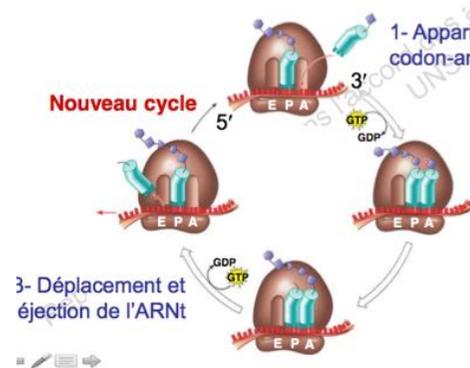
L'initiation en 2 étapes :

- 1) Fixation du **complexe de pré-initiation** composé de la **petite sous-unité** et d'un **ARNt initiateur** portant la **méthionine** (se fixe sur la coiffe pour les eucaryotes, sur le codon AUG pour les procaryotes) :



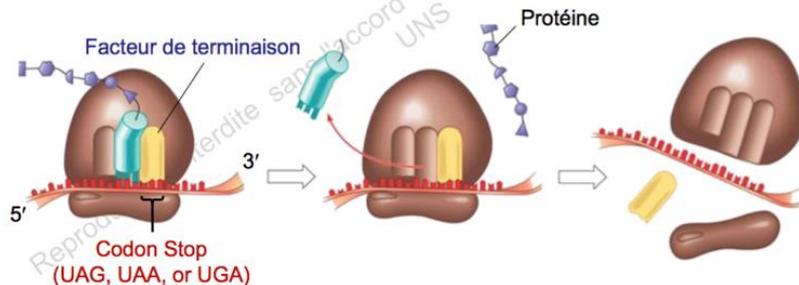
- 2) Fixation de la **grosse s.u** sur la petite s.u après reconnaissance du codon initiateur par l'ARN, formation du **ribosome**.

L'**élongation** (succession de cycles), le ribosome se déplace de codon en codon si l'appariement codon/ anticodon est correct.



La **terminaison** s'effectue lorsque le ribosome rencontre un codon STOP.

Il n'y a **pas d'ARNt** correspondant au **codon STOP**, c'est un facteur de terminaison qui se fixe à la place. La protéine est libérée et le ribosome **se dissocie**.



De **nombreux ribosomes** se fixent sur un ARNm, sa traduction est donc assurée **simultanément** à différents endroits. C'est ce qu'on appelle un **polyribosome** ou **polysome**.

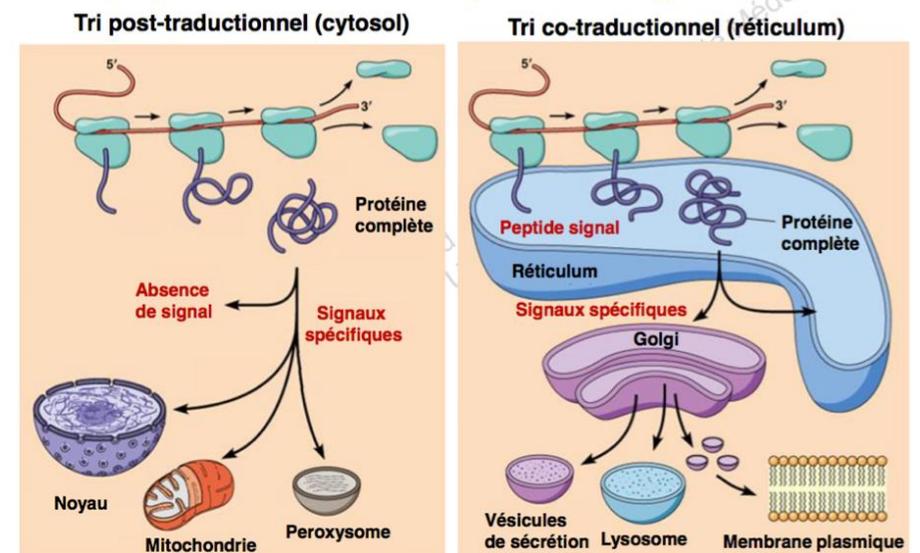
L'**efficacité** et la **rapidité** de la traduction est ainsi **augmentée**.

## D. Adressage des protéines

C'est un **tri sélectif** de la protéine vers son site d'action. Il se fait grâce à un **signal protéique** ou **non** situé dans la séquence. Chaque compartiment possède un **signal spécifique**.

On a **2 mécanismes** de tri :

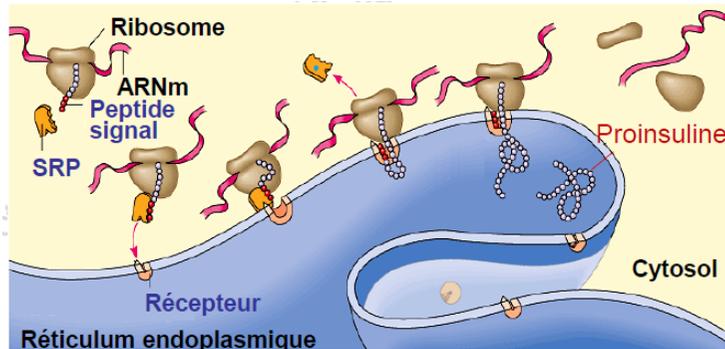
- **Post-traductionnel cytosolique** : (quand la protéine est **finie**). La protéine reste dans le cytosol ou va dans le noyau, les mitochondries ou les peroxysomes en fonction de son signal.



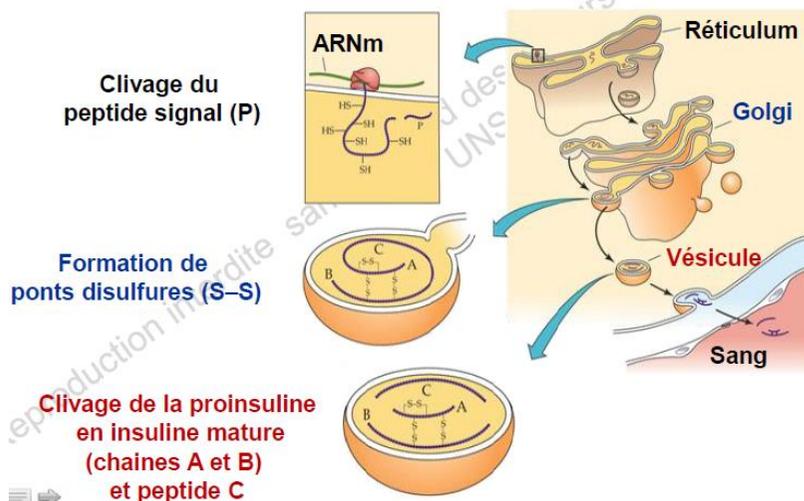
- **Co-traductionnel** : (se fait **au cours de la synthèse** de la protéine, par un ribosome libre présent grâce à un **peptide signal**). Le ribosome se fixe au REG où la synthèse va s'achever. Ensuite si **d'autres signaux** sont présents, la protéine peut aller dans le golgi, le lysosome ou la membrane.

## E. Synthèse de l'insuline

L'**insuline** possède un **peptide signal** et doit être **secrétée**. Sa synthèse est achevée dans le **REG**, où son ribosome et ARNm sont venus se fixer pendant l'élongation grâce à sa **protéine de reconnaissance** (SRP) et à son récepteur qui forme un canal membranaire.



La synthèse s'achève à ce canal jusqu'à formation de la **pro insuline**. Cette pro insuline possède un signal pour le **golgi** où elle subit une **maturation**. Puis elle est **secrétée** dans la circulation par **exocytose**.



## VIII. Points clés

### Les gènes codants eucaryotes permettent la synthèse des protéines :

- Ils possèdent un promoteur et des séquences régulatrices **non transcrits** !
- Le **promoteur minimal** est **constant** dans la plupart des gènes, il est constitué par la **TATA box** qui fixe la machinerie basale.
- Les **séquences régulatrices** sont **variables** selon les gènes, elles fixent les **FT spécifiques** qui régulent la machinerie basale.
- Leur séquence transcrite est **morcelée** (présence d'introns).

### Ils sont transcrits par l'ARN Pol II chez les eucaryotes :

- Elle utilise le principe de **complémentarité des bases**.
- Le transcrit primaire subit une **maturation** (coiffe, polyadénylation, épissage).
- Plusieurs **ARNm** et **protéines** peuvent provenir d'un **seul gène**.

### La traduction d'un ARNm en protéine repose sur le code génétique :

- Il est quasi-universel, non ambigu, non chevauchant et dégénéré.
- La traduction respecte le cadre ORF par le codon AUG.
- Une mutation faux-sens, non-sens, avec décalage perturbe le message.

### Elle fait intervenir les ARNt chargés et les ARN ribosomiaux :

- Chaque aminoacyl-ARNt synthétase est spécifique d'un AA.
- Elle le fixe sur un ou plusieurs ARNt isoaccepteurs.
- L'appariement de l'anticodon d'un ARNt est flexible en 5'.
- Le ribosome se fixe à l'ARNm et relie entre eux les AA.

### Chaque protéine subit une maturation et un tri sélectif :

- Son tri repose sur la présence ou l'absence de signal spécifique.