

## Chapitre 04 : Expression des gènes

L'expression du génome aboutit à la synthèse dans les cellules de macromolécules acides nucléiques et protéines, dont la structure primaire est déterminée par celle de l'ADN.

- Cette expression se fait par deux mécanismes principaux :

- la structure primaire de l'ADN s'exprime d'abord par la synthèse d'acides ribonucléiques dont la structure primaire est parallèle à celle d'ADN. C'est **la transcription**.

- la structure transcrite sur certains ARN, dits « messagers », s'exprime enfin par la synthèse de protéines dont la structure primaire traduit en acides aminés l'information portée par la structure primaire de l'ADN. C'est **la traduction**.

- La traduction est faite dans le cytoplasme des cellules :

- soit pour libérer des protéines cytoplasmiques,

- soit pour conduire ces protéines dans les membranes ou les organites de la cellule (réticulum endoplasmique, appareil de Golgi, membrane plasmique, lysosomes, mitochondries, noyau, etc...),

- soit pour excréter ces protéines à travers les membranes vers l'extérieur de la cellule.

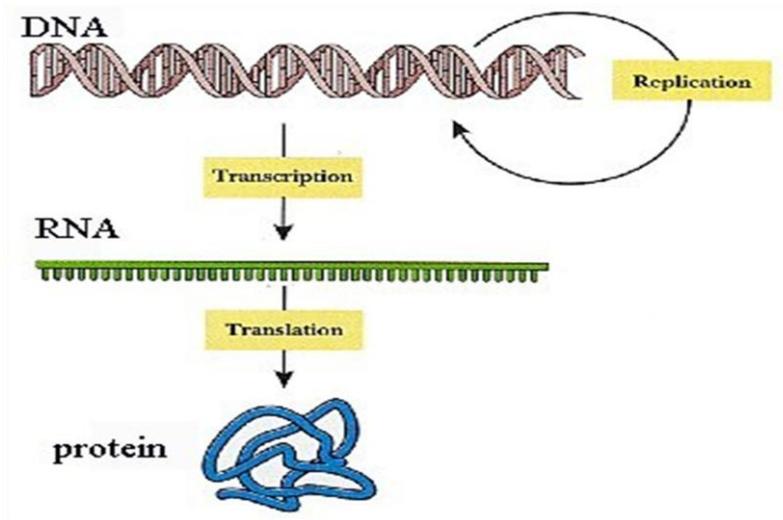
### I. Transcription

Plusieurs expériences telles que l'utilisation d'acides aminés radioactifs ont montré que la synthèse des protéines se fait dans le cytoplasme alors que l'information génétique est localisée dans le noyau. Ces observations ont permis de comprendre que la synthèse protéique ne se fait pas directement à partir de la molécule d'ADN d'où la nécessité d'un intermédiaire capable de se déplacer entre le noyau et le cytoplasme pour transporter l'information génétique jusqu'à la machine de synthèse protéique. Cet intermédiaire est l'ARN messager.

Ainsi, on comprend que l'expression de l'information génétique se fait en deux étapes:

- Transcription: la conversion du gène en ARNm

- Traduction: la conversion de l'ARNm en protéine.



**Figure 1.** Le dogme central de la biologie moléculaire.

La transcription est assurée par des protéines appelées ARN polymérases qui se fixent sur des séquences spécifiques de l'ADN, appelées promoteurs de transcription, et ouvrent le duplexe d'ADN en séparant les brins, ce qui lui permet alors d'utiliser l'un des deux brins d'ADN comme matrice pour polymériser un brin d'ARN complémentaire. Comme les ADN polymérases, les ARN polymérases fonctionnent toutes dans le sens 5' → 3'. Elles utilisent des ribonucléotides triphosphates ou NTP (ATP, GTP, CTP et UTP) pour allonger l'ARN, de la même manière que les ADN polymérases utilisent des dNTP. La polymérisation se produit avec hydrolyse du triphosphate. Une partie de l'énergie ainsi libérée est utilisée pour permettre l'avancement de l'enzyme qui doit fondre progressivement le duplexe d'ADN à mesure qu'elle avance. La région de l'ADN ouverte par l'ARN polymérase s'appelle la bulle de transcription.

### 1.1. Les éléments nécessaires à la transcription

- La synthèse d'un ARN nécessite :
  - La présence de nucléotides propres au ARN, c'est-à-dire contenant du ribose, des bases A, U, G et C et sous forme de nucleosides triphosphates : ATP, UTP, CTP, et GTP (on écrit souvent pour les dénommer NTP).
  - La présence d'une enzyme : l'ARN -polymérase .
  - La présence de l'ADN matrice

Trois classes d'ARN sont produites par transcription de l'ADN aussi bien chez les procaryotes que chez les eucaryotes. Ces classes sont représentées par :

- **L'ARNm** : portant le message de l'ADN qui est destiné à être traduit en protéines au niveau des ribosomes.
- **L'ARNr** : qui associé à des protéines forme les particules sur les quelles sont synthétisées les protéines, les ribosomes.

- **L'ARNt**: qui véhicule les acides aminés vers les ribosomes et choisit l'emplacement que chacun doit occuper.

**Rôle des différents ARNs**

| Type d'ARN                                                                                                   | Fonctionne dans                             | Fonction                                                     |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------|--------------------------------------------------------------|
| ARN messager (ARNm)<br>     | Noyau, migre dans le cytoplasme (ribosomes) | Transporte l'information de la séquence ADN vers le ribosome |
| ARN de transfert (ARNt)<br> | Cytoplasme                                  | Lie l'ARNm avec les acides aminés                            |
| ARN ribosomal (ARNr)<br>    | Cytoplasme                                  | Structure des ribosomes                                      |

La transcription de l'ARNm est suivie de la traduction (traduit en protéines). Par contre, l'ARNr et l'ARNt ne seront pas traduits en protéines. La transcription pour ces derniers n'est donc pas suivie de traduction. Au cours de ce processus un ARN est formé par copie d'une portion d'ADN, Il est important de préciser que :

Tout l'ADN n'est pas transcrit, mais seulement certaines portions d'ADN. On appelle « gènes » les séquences d'ADN transcrites. Ainsi, un ARN copie de la séquence d'ADN d'un gène est produit.

Seul l'un des 2 brins d'ADN est copié, mais ce n'est pas toujours le même brin. En effet, pour certains gènes se sera un brin, pour d'autres gènes se sera l'autre brin. L'ARN est produit en utilisant le brin matrice et la molécule d'ARN synthétisée est une copie du brin non matrice (appelée aussi brin sens positif ou brin codant).

La synthèse d'un ARN à partir d'ADN s'effectue toujours :

- Dans le sens 5' à 3'
- De manière antiparallèle par rapport à la portion d'ADN copiée.
- De façon complémentaire (appariements G et C et A et U).

(5') CGCTATAGCGTT T (3') Brin non transcrit ou brin codant  
(3') GCGATATCGCAA (5') Brin transcrit ou brin matrice  
(5') CGCUAUAGCGUUU (3') Transcrit primaire

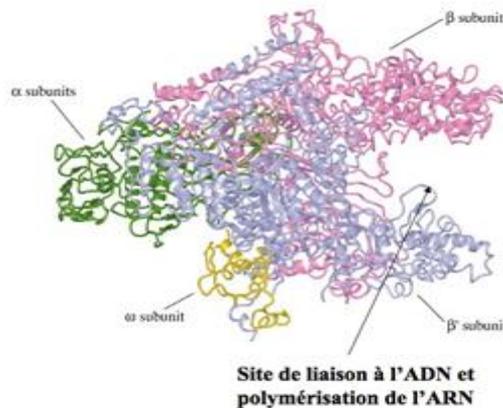
**Figure 2.** La transcription de l'un des deux brins d'ADN

La transcription est divisée en 3 phases : initiation, élongation et terminaison.

### 1.2. Transcription chez les procaryotes

Chez ces organismes, une unique ARN polymérase est responsable de la transcription de l'ensemble des ARN.

L'ARN polymérase d'*E. Coli* est une enzyme assez complexe, composée de quatre sous unités : deux  $\alpha$ , une  $\beta$ , une  $\beta'$  et d'autres éléments protéiques établissent des liaisons temporaires avec ce complexe.



**Figure 3.** L'ARN polymérase d'*E.coli*

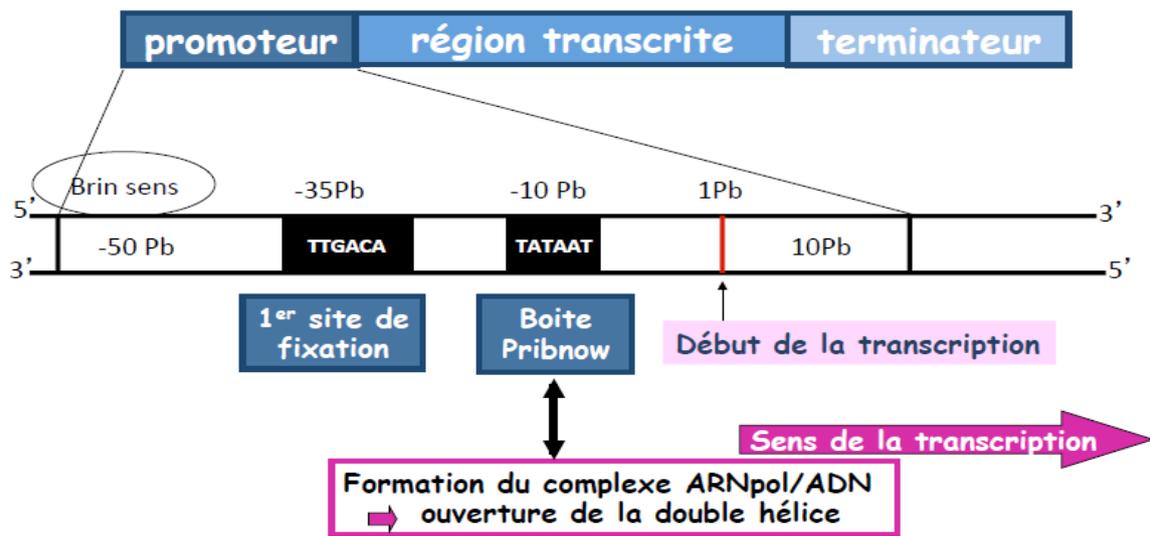
#### a. Initiation

La transcription est un phénomène sélectif : tout l'ADN n'est pas transcrit. Elle ne peut démarrer de façon aléatoire, mais elle doit être initiée au début d'un gène. Le signal de début de transcription est le « promoteur ». C'est une région d'ADN comprenant environ 40 paires de nucléotides situés juste avant le début de la région où démarrera la transcription.

Plus d'une centaine de promoteurs d'*E.coli* ont été séquencés et l'alignement des séquences par rapport au point de départ de la transcription fait ressortir ce que l'on appelle des séquences consensus (d'homogénéité) c'est à dire qui se retrouvent très fréquemment, au même endroit dans les différents promoteurs. Elles sont appelées séquences consensus (de similitude).

La séquence « -35 »: située approximativement à 35 paires de nucléotides en amont du point de départ de la transcription (de -35 à -30 dans l'exemple donné) représentée par 3 bases hautement conservées (supérieure à 75%). TTG ACA (avec T<sub>82%</sub> T<sub>84%</sub> G<sub>78%</sub> A<sub>65%</sub> C<sub>54%</sub>A<sub>45%</sub>).

La séquence « -10 » : La 2ème séquence est située à environ 10 paires de nucléotides en amont du point de départ de la transcription (de -12 à -7 dans l'exemple) représentée par 3 bases qui sont également hautement conservées. TATATT (T<sub>80%</sub> A<sub>95%</sub> T<sub>45%</sub> A<sub>60%</sub> T<sub>50%</sub> T<sub>96%</sub>).



**Figure 4.** Les séquences consensus des promoteurs des gènes chez E. Coli.

L'association de la polymérase au promoteur :

La sous unité  $\sigma$  de l'ARN polymérase permet de reconnaître et de se lier au promoteur, probablement au niveau de la boite -35 (en l'absence de la sous unité  $\sigma$ , la polymérase peut tout de même se fixer à l'ARN mais de façon plus aléatoire).

Lorsque l'enzyme se fixe au promoteur, elle commence par former un complexe promoteur fermé au sein duquel l'ADN demeure sous forme double hélice, l'enzyme recouvre une soixantaine de paires de bases et du promoteur, y compris les boites -35 et -10.

Pour permettre à la transcription de commencer, la double hélice se dissocie partiellement au niveau de la boite -10, riche en liaison faibles A-T, et on aura à ce moment un complexe promoteur ouvert. La sous unité  $\sigma$  se dissocie ensuite du complexe promoteur ouvert pour laisser l'enzyme centrale ( $\alpha_2$ ,  $\beta$ ,  $\beta'$ ). A ce moment les 2 premiers ribonucléotides sont synthétisés et sont liés, la transcription est alors initiée.

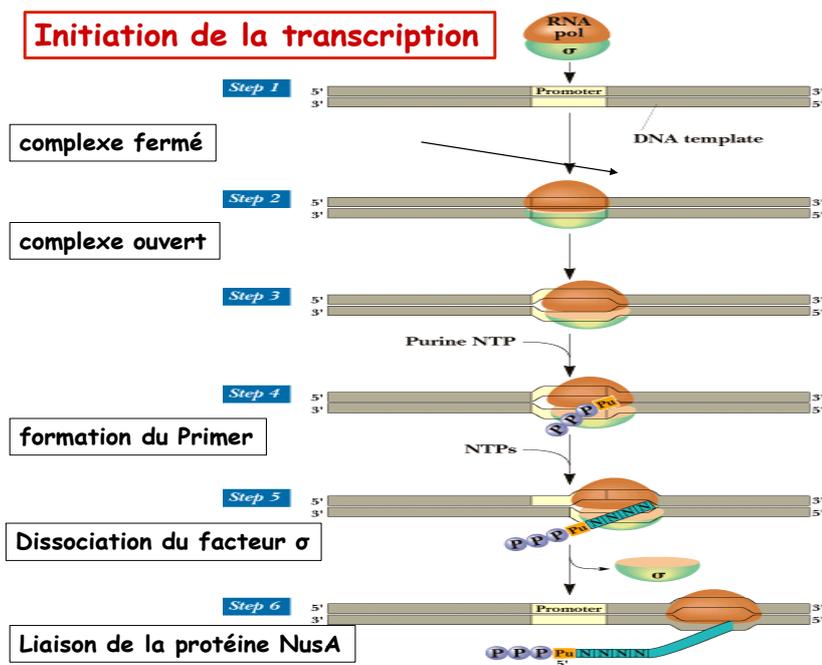


Figure 5. Initiation de la transcription

*b. Elongation*

Au cours de l'élongation, l'ARN polymérase ouvre une "bulle de transcription" de 12-13 paires de bases ouvertes. L'ARN polymérase apparie les ribonucléotides avec les désoxyribonucléotides de l'ADN matrice et elle établit les liaisons phosphodiester entre les ribonucléotides. Le brin d'ARN en cours de biosynthèse reste apparié à l'ADN puis il y a désappariement

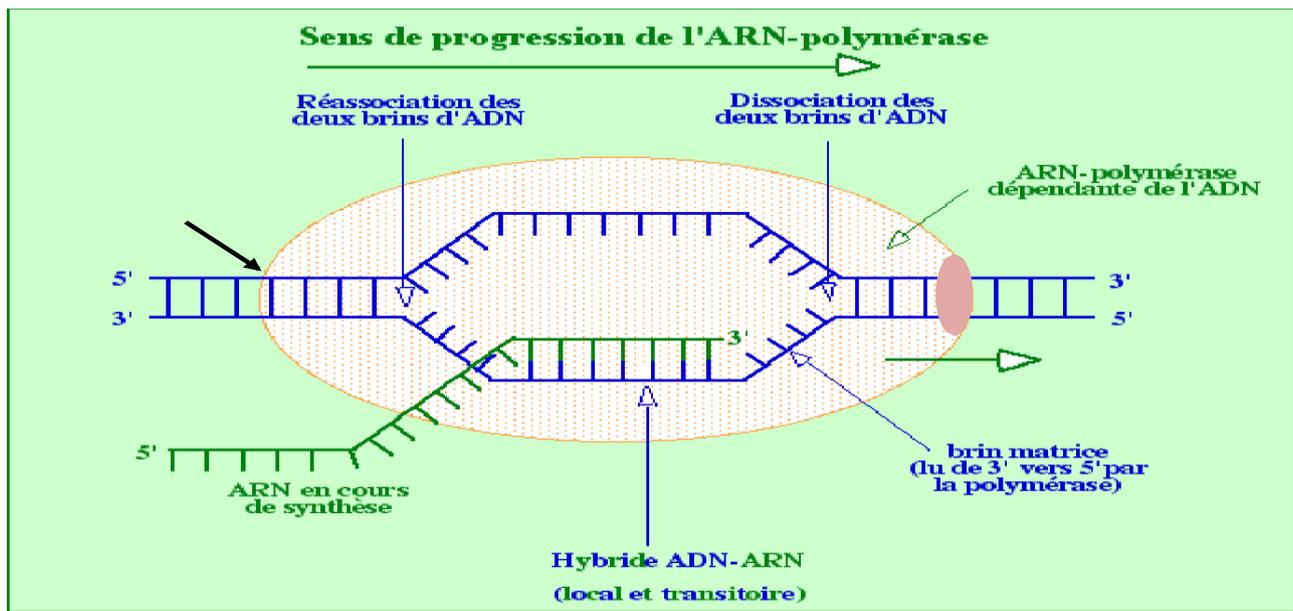


Figure 6. Elongation de la transcription

### c. Terminaison

La terminaison semble pouvoir se faire selon au moins deux mécanismes d'après les renseignements apportés par des expériences de transcription in vitro.

Chez *Escherichia coli*, la terminaison a lieu au niveau de séquences appelées **palindromes**. Comme leur nom l'indique, celles ci sont symétriques par rapport à leur milieu de sorte que la 1<sup>ère</sup> moitié de la séquence est suivie par son complément exact dans la 2<sup>ème</sup> moitié. Cette région est immédiatement suivie d'une courte séquence riche en bases A et T (le brin d'ADN qui sera transcrit contient à ce niveau plusieurs A). Il s'agit donc d'une région plus lâche.

Dans l'ARN simple brin, la première moitié transcrite de la séquence palindrome s'apparie avec la seconde moitié pour former ce qu'on appelle une structure (ou motif) en épingle à cheveux. L'ARNm se terminera par une boucle. C'est cette boucle en épingle à cheveux hélicoïdale qui serait responsable de l'arrêt de la transcription.

Dans d'autres cas, un mécanisme, qui fait appel à une protéine appelée Rho (p) est mis en jeu. Cette protéine détruit les appariements entre les bases de l'ARN et de l'ADN matrice lorsque l'ARN polymérase s'arrête après le motif en épingle à cheveux.

La terminaison enfin de la transcription correspond à la libération du transcrit, et de l'enzyme centrale qui peut se réassocier avec une sous unité  $\sigma$  pour entamer un nouveau cycle de transcription.

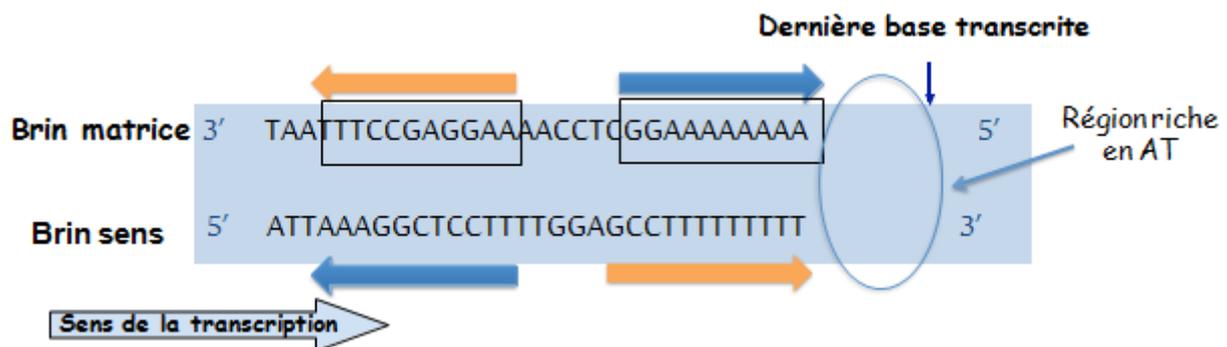


Figure 7. Terminaison Rho indépendante

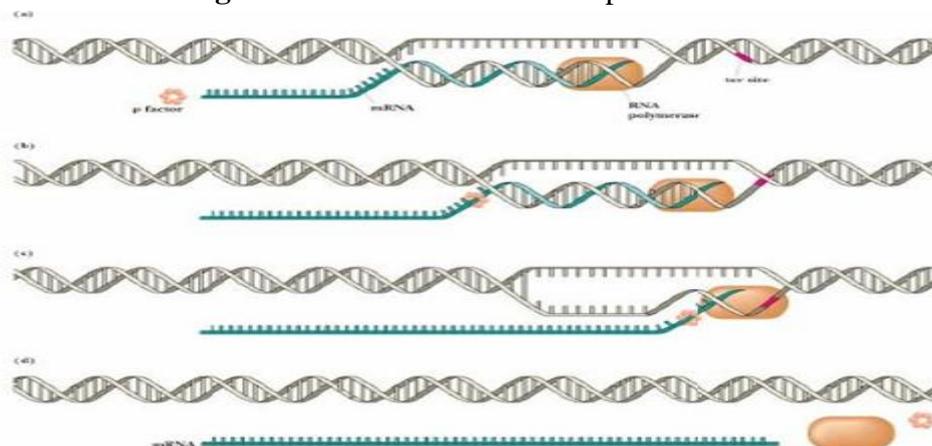


Figure 8. Terminaison Rho dépendante

### 1.3. Transcription chez les eucaryotes

Chez les eucaryotes, la transcription correspond à la production, dans le noyau, d'une molécule d'ARN. L'ARN est formé de ribonucléotides assemblés en un brin (une séquence particulière). Trois ARN polymérases sont à l'origine de la transcription des différents ARN :

- **ARN- polymérase I** qui synthétise les ARN cytoplasmiques : RNA ribosomiques (18 S- 5,8 S- 28 S)
- **ARN -polymérase II** qui synthétise les ARN messagers certains des ARNsn
- **ARN- polymérase III** qui synthétise les petits ARN ARNt, ARNr 5 S, ARNsn, -ARN 7SL).

La transcription de l'ARNm chez les eucaryotes a lieu de la même façon que chez les procaryotes. Toutefois, l'initiation est un processus plus complexe, la terminaison ne fait pas intervenir de structure en épingle à cheveux.

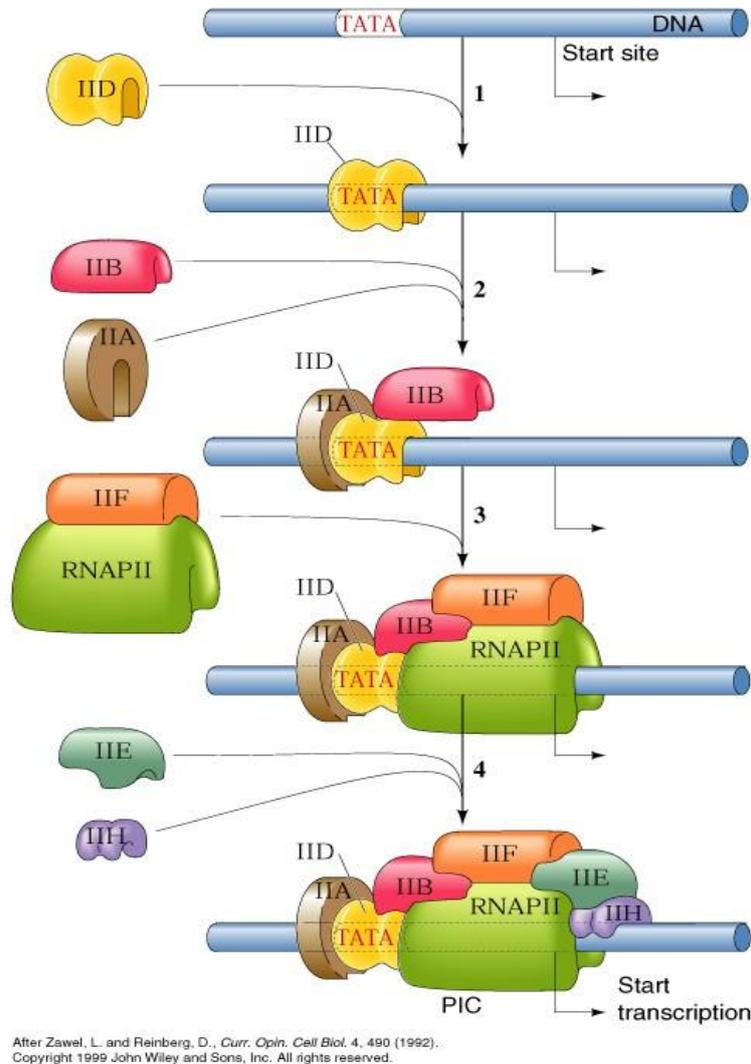
#### *a. Initiation*

Tout l'ADN n'est pas transcrit, seules les régions correspondant à des gènes le sont. Et encore, cette expression peut être régulée selon le stade de développement, le type cellulaire, l'environnement, etc... Dès lors, un acteur doit intervenir pour déterminer à quel endroit une région d'ADN doit commencer à être transcrite : c'est le rôle du promoteur.

Dans cette région promotrice sont trouvées essentiellement la TATA Box présente dans presque tous les gènes, ainsi que la CC AA T box, et la GC box moins systématiquement retrouvées. L'ARN-polymérase II n'étant pas suffisante pour démarrer la transcription, elle nécessite d'autres protéines interagissant avec l'ADN du promoteur, appelées TFII (transcription factor II, facteurs de transcriptions interagissant avec l'ARN-polymérase II) :

- TFI D interagit avec l'ADN du promoteur et plus spécifiquement à la TATA box lorsqu'elle existe.
- TFII A interagit avec l'ADN en amont de la TATA box...
- TFI B interagit avec l'ADN en aval de la TATA box au niveau du site d'initiation.
- TFI F agit lors de l'élongation.
- TFII H possède une activité hélicase, une activité de réparation de l'ADN dans le système NER (nucleotide excision repair) et une activité kinase qui sert à phosphoryler l'ARN-polymérase II au niveau de son domaine C-terminal (CTD, carboxy-terminal domain) nécessaire à l'activation de la transcription. Une déphosphorylation est nécessaire pour permettre une nouvelle pré-initiation. L'extrémité CTD est formée par un enchaînement de sérine pouvant être phosphorylée.

Les facteurs de transcription se fixent dans un ordre précis : TF II D puis TF II A et TF II B. L'ARN polymérase II se fixe ensuite, suivie de la fixation de TF II F, E, H pour produire finalement un complexe fonctionnel capable d'initier la transcription. Ce complexe catalyse la formation de la 1<sup>ère</sup> liaison phosphodiester entre les 2 premiers nucléotides de l'ARNm. La transcription démarre au site d'initiation de la transcription.



**Figure 9.** Initiation de la transcription chez les Eucaryotes

### **b. Elongation**

L'élongation chez les eucaryotes est similaire à celle des procaryotes.

### **c. Terminaison**

L'ARN Pol II est également équipée de facteurs protéiques de terminaison, et reconnaît ainsi un ou plusieurs signaux de terminaison portés par le brin progressivement parcouru et qui annoncent la fin de la transcription sur le brin d'ADN matrice. Par exemple: "AATAAA", séquence appelée « signal de polyadénylation ». Les transcrits se termineront par le signal AAUAAA suivi d'un certain nombre de nucléotides. Il arrive que certains gènes aient 2 signaux de polyadénylation situés à quelques dizaines de nucléotides d'intervalle.

## 1.4. Maturation

Les ARNm produits par transcription sont appelés pré-ARNm (précurseur d'ARNm) ou transcrit primaire. Avant d'être traduit en protéine, le pré-ARNm subit une série d'événements de maturation qui le transforment en un ARNm mature. La maturation se fait évidemment dans le noyau. La maturation de la plupart des transcrits primaires porte sur 3 points :

**a. Le capping:** ajout d'une coiffe de 7-méthyle guanosine (- CH<sub>3</sub>) à l'extrémité 5'. Sa mise en place rapide, avant même la fin de la transcription.

**b. La polyadénylation:** l'adjonction d'une queue poly-A à l'extrémité 3' (de 50 à 250 nucléotides d'adénine) dès la fin de la transcription, avant même que l'ARN ne quitte le noyau.

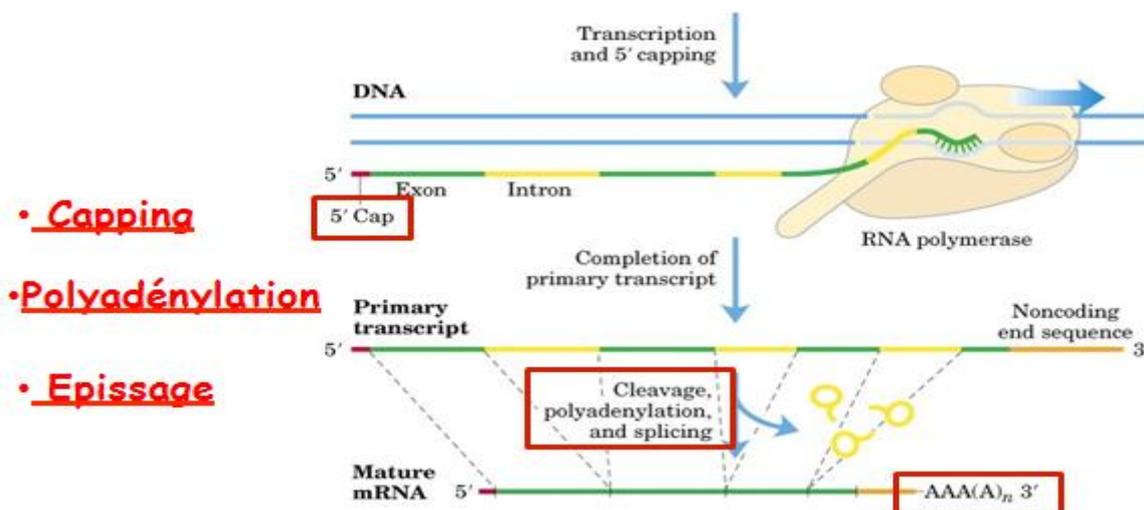
### Rôle des extrémités modifiées

- Aident à la fixation du ribosome à l'ARNm dans le cytoplasme.
- Facilitent le transport de l'ARNm mature vers l'extérieur du noyau.
- Semblent contribuer à protéger l'ARNm de la dégradation enzymatique.

**c. L'épissage:** excision des introns et jonction des exons.

Les gènes des eucaryotes ont une structure discontinue. En effet, un gène comprend des séquences codantes et des séquences non codantes - intercalaires-. Le transcrit (pré-ARNm) contient des sections non codantes (les introns) et des sections codantes (les exons).

L'épissage consiste à enlever les introns puis à recoller les exons. Les introns restent à l'intérieur du noyau puis sont dégradés



**Figure 10.** Les modifications post-transcriptionnelles du Pré-ARNm

### Rôle de l'épissage:

Permet à un gène de coder pour plusieurs polypeptides. En effet, le regroupement des exons selon diverses combinaisons produit divers ARN aboutissant à des chaînes polypeptidiques différentes (épissage alternatif).

L'épissage différentiel explique pourquoi il y a beaucoup plus de sortes de protéines que de gènes.

L'ARN constitue un bon candidat pour être l'intermédiaire entre l'ADN et les protéines car il est synthétisé dans le noyau puis est exporté dans le cytoplasme.

## II. Traduction

C'est le mécanisme par lequel le flux d'information va passer de la forme acide nucléique ARN à la forme acide aminé (protéine) selon un code universel. C'est la lecture d'un ARNm par des ribosomes qui synthétisent des protéines dont la structure primaire est déterminée par celle de cet ARNm. Pour synthétiser la protéine, il faut:

- ARNm = porte l'information
- Ribosome = machine à assembler les acides aminés en protéines
- Acides aminés = pièces de construction
- ARNt = molécules qui transportent les acides aminés au ribosome.

Les ribosomes se déplacent dans le sens 5' vers 3' sur l'ARNm et synthétisent le polypeptide correspondant de l'extrémité NH<sub>2</sub> terminale vers l'extrémité COOH terminale. La séquence de l'ARNm est décodée par groupe de trois nucléotides (codon) qui correspondent à un acide aminé particulier ou aux signaux d'initiation et de terminaison de la traduction.

### 1. L'activation des acides aminés

L'activation des acides aminés pour former des complexes de transfert est l'étape nécessaire avant de pouvoir commencer la traduction, et implique la liaison de chaque acide aminé à son ARNt spécifiques par l'intervention d'une enzyme aminoacyl-ARNt synthétase et la contribution d'énergie de l'ATP. La liaison d'ARNt-acides aminés a lieu par l'extrémité 3' de l'ARNt. Les aminoacyl-ARNt synthétases sont une famille d'enzymes qui catalysent l'estérification des acides aminés sur l'extrémité 3' des ARNt.



### 2. Mécanisme de la traduction

La traduction de l'ARNm en protéine se fait en trois phases successives:

#### a. L'initiation:

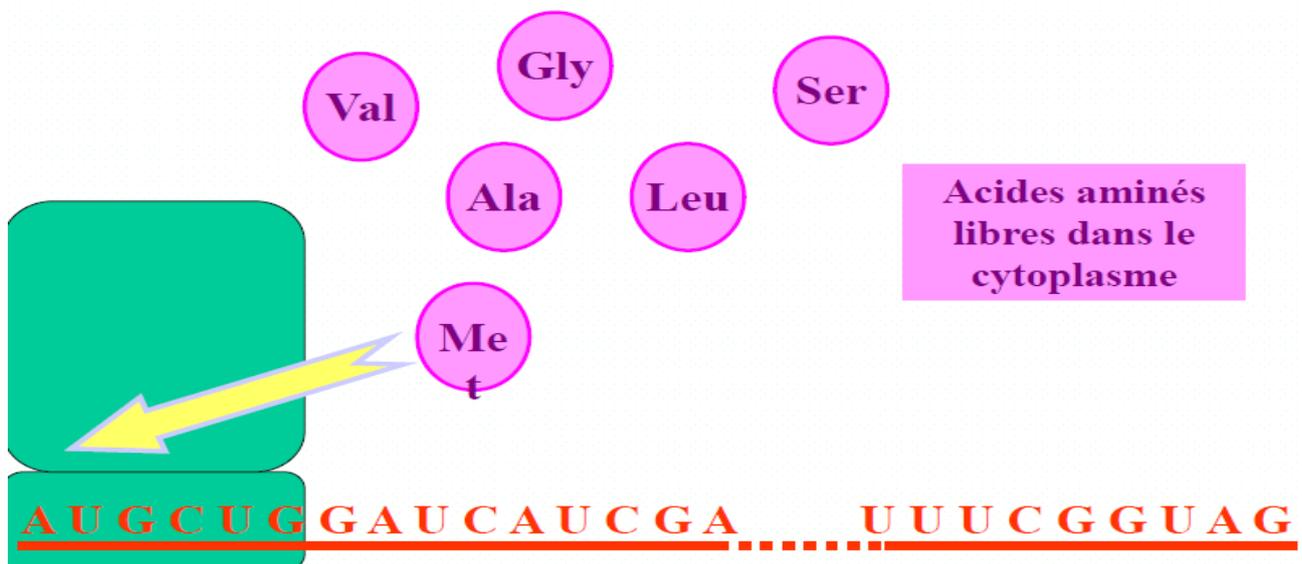
- Chez les Procaryotes: la petite sous unité ribosomale reconnaît le début de la séquence codante, elle utilise des signaux d'adressage en amont entre -8 et -13 du codon initiateur (AUG) qui correspond à la **séquence de Shine-Dalgarno** (AGGAGG). Il y a appariement antiparallèle de bases entre l'ARNm et la petite sous-unité (30S) du ribosome, dû à une complémentarité de séquences entre l'ARNm et l'ARNr 16S. Les bactéries nécessitent un acide aminé particulier pour l'initiation, la méthionine et elle nécessite une formylation sur l'extrémité NH<sub>2</sub> (ajout d'un formyl)

pour former la f-Met, c'est un phénomène pré-translationnel. L'initiation est permise grâce à la présence de **facteurs d'initiation** ("IF" pour *Initiation Factor*)

- Chez les Eucaryotes: l'initiation commence par la reconnaissance du complexe de coiffe (eIF4E-eIF4G) fixé sur l'extrémité 5' de l'ARNm par la sous unité 40S du ribosome chargée d'un ARNt méthionine initiateur et finit par la reconnaissance du codon d'initiation AUG. La fixation de la grande sous-unité permet au ribosome ainsi constitué de débiter la synthèse protéique.

Cette sous-unité est formée de deux sites: site A et site P. Le site P (site peptidique) se trouve déjà en face du codon initiateur avec l'ARNt initiateur qui porte l'anticodon UAC et un acide aminé initiateur: la méthionine.

## Initiation de la traduction



### *b. L'élongation:*

Le site A (site acide aminé) de la grande sous-unité étant libre en face du codon 2, ceci fait appel à un deuxième ARNt qui porte le deuxième acide aminé. L'installation de cet ARNt dans le site A stimule la formation de la liaison peptidique entre les deux acides aminés et la rupture de la liaison entre le premier ARNt et son acide aminé qui rend le site P libre d'où le glissement du ribosome d'un codon ou d'un cran (translocation). Ainsi, le site A devient libre devant le troisième codon et le site P héberge le deuxième ARNt chargé des deux premiers acides aminés ce qui stimule l'arrivée d'un troisième ARNt qui porte le troisième acide aminé et ainsi de suite.

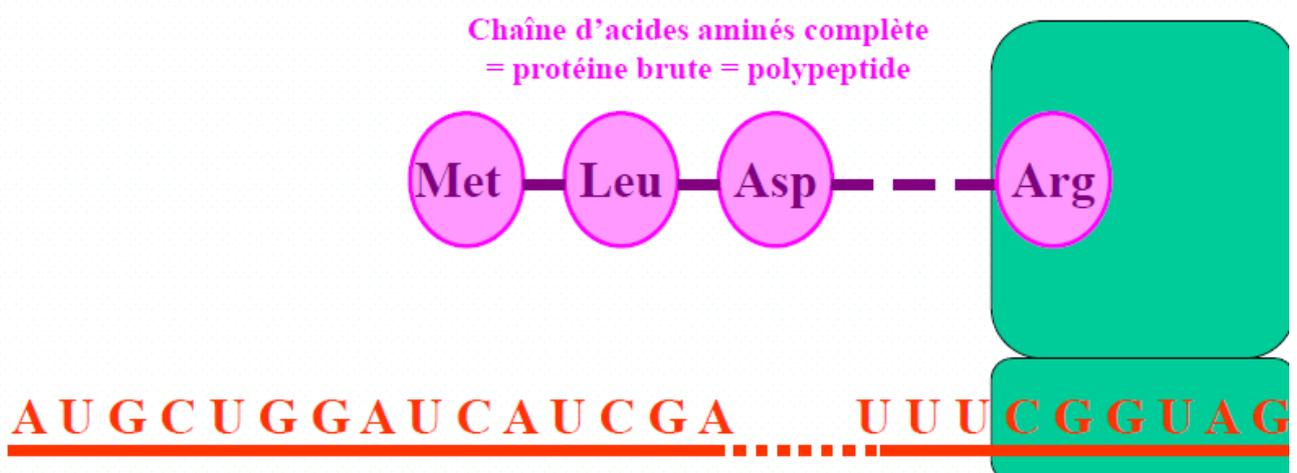
## Formation de la liaison peptidique entre les deux acides aminés = **Élongation**



### *c. La terminaison:*

La fin de la traduction se produit lorsque le ribosome arrive à un codon stop aucun ARNt ayant un anticodon complémentaire à l'un de ces 3 codons. A sa place se fixent des protéines appelées facteurs de terminaison (RF = Releasing Factor). Ces facteurs favorisent le relargage de la protéine néo-synthétisée et la dissociation des deux sous unités du ribosome de l'ARNm.

## Dissociation du ribosome



## **Le code génétique**

C'est l'ensemble des règles de correspondance (code) permettant au message génétique d'être traduit par une cellule. A chaque séquence de trois bases consécutives portées par l'ARN messager, correspond un acide aminé donné et un scul. C'est le code génétique qui permet donc la traduction des messages codés dans le génome en protéines ayant des fonctions bien précises.

Le code a été mis en place à la suite d'un raisonnement mathématique qui a été confirmé par l'expérimentation. En effet, si on fait correspondre à un nucléotide un acide aminé ( $4^1=4$ ) on n'obtient pas un arrangement satisfaisant puisqu'une protéine ne renfermera au maximum que quatre acides aminés différents! Ce qui n'est pas le cas dans la nature. De même, un arrangement qui fait correspondre deux nucléotides à un acide aminé n'est également pas satisfaisant ( $4^2=16$ ). Alors qu'une combinaison en trois ( $4^3$ ) permet d'avoir 64 codons : -61 désignent un acide aminé; - 3 commandent l'arrêt de la synthèse protéique et sont appelés codons stop ou codon non-sens

### **1. Principales caractéristiques du code génétique:**

#### **1.1. Plusieurs codons ont une fonction particulière:**

- AUG (ou codon d'initiation): signale le commencement d'une chaîne peptidique;
- UAG, UAA et UGA (ou codon de terminaison ou codon stop): indiquent la fin de la synthèse d'une chaîne peptidique.

#### **1.2. Le code est dégénéré:**

- Un acide aminé peut être désigné par plus d'un codon;
- le code génétique comprend 61 codons codants, on peut s'attendre à ce qu'il existe en tout 61 ARNt. En fait 32 ARNt suffisent pour "transporter" les 20 acides aminés, car un ARNt peut reconnaître plusieurs codons différents codant le même acide aminé.
- les deux premiers nucléotides d'un codon sur l'ARNm sont rigoureusement complémentaires de l'anticodon de l'ARNt selon la règle d'appariement classique; il n'en est pas de même pour la 3<sup>ème</sup> base, un appariement moins classique est possible: il y a alors du jeu (Wobble ou flottement) dans la liaison codon-anticodon qui admet une certaine "liberté stérique". Les liaisons Wobble permettent à la cellule de faire des économies d'énergie.

La liaison plus faible entre la 1<sup>ère</sup> base de l'anticodon et la 3<sup>ème</sup> base du codon entraîne une dissociation plus facile des ARNt fixés (la synthèse est ainsi plus rapide).

Elle constitue un système de protection vis-à-vis des mutations qui peuvent se produire, un changement de la 3eme base se révélera le plus souvent sans conséquence puisque le codon muté positionnera le même ARNt.

#### **1.3. Le code est non chevauchant:**

La partie exprimée d'un ADN est transcrite puis traduite régulièrement de triplet en triplet.

La dégénérescence du code varie selon les acides aminés:

Exemple de codons synonymes:

- isoleucine (Ile): 3 codons différents (AUU, AUC, AUA)
- thréonine (Thr): 4 codons différents (ACU, ACA, ACC, ACG)

Par convention, le code génétique est toujours représenté en faisant correspondre les codons de l'ARNm aux acides aminés auxquels ils correspondent.

Le codon AUG (code pour Met) = codon d'initiation. Tous les gènes commencent par ce codon. La Met est souvent enlevée à la fin de la synthèse.

**Deuxième base du codon**

|                               |                | U               | C              | A               | G               |   |
|-------------------------------|----------------|-----------------|----------------|-----------------|-----------------|---|
| <b>Première base du codon</b> | U              | UUU phénylanine | UCU sérine     | UAU tyrosine    | UGU cystéine    | U |
|                               |                | UUC phénylanine | UCC sérine     | UAC tyrosine    | UGC cystéine    | C |
|                               |                | UUA leucine     | UCA sérine     | <b>UAA stop</b> | <b>UGA stop</b> | A |
|                               |                | UUG leucine     | UCG sérine     | <b>UAG stop</b> | UGG tryptophane | G |
| C                             | CUU leucine    | CCU proline     | CAU histidine  | CGU arginine    | U               |   |
|                               | CUC leucine    | CCC proline     | CAC histidine  | CGC arginine    | C               |   |
|                               | CUA leucine    | CCA proline     | CAA glutamine  | CGA arginine    | A               |   |
|                               | CUG leucine    | CCG proline     | CAG glutamine  | CGG arginine    | G               |   |
| A                             | AUU isoleucine | ACU thréonine   | AAU asparagine | AGU sérine      | U               |   |
|                               | AUC isoleucine | ACC thréonine   | AAC asparagine | AGC sérine      | C               |   |
|                               | AUA isoleucine | CAC thréonine   | AAA lysine     | AGA arginine    | A               |   |
|                               | AUG méthionine | ACG thréonine   | AAG lysine     | AGG arginine    | G               |   |
| G                             | GUU valine     | GCU alanine     | GAU acide      | GGU glycine     | U               |   |
|                               | GUC valine     | GCC alanine     | GAC aspartique | GGC glycine     | C               |   |
|                               | GUA valine     | GCA alanine     | GAA acide      | GGA glycine     | A               |   |
|                               | GUG valine     | GCG alanine     | GAG glutamique | GGG glycine     | G               |   |

**Troisième base du codon**

**Figure 11.** Le code génétique

**1.4. Le code est universel:**

C'est le même pour tous les êtres vivants sauf quelques exceptions. Cette caractéristique permet le transfert de gènes d'une espèce à l'autre = génie génétique.

Chez certains organismes (certaines espèces de protozoaires et certaines espèces de champignons unicellulaires), certains codons peuvent coder pour un acide aminé différent. Le code génétique des mitochondries (les mitochondries ont leur propre ADN) est également légèrement différent du code standard.