

Université Claude Bernard



Lyon 1



Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2020 - 2021

Unité d'Enseignement 2

BQCM - Traduction 2021-22

Question 1 – La traduction de l'ADN :

Cochez la ou les réponse(s) juste(s) :

- A. Certains codons STOP codent pour des acides aminés rare tels que la sélénocystéine ou la pyrrolysine.
- B. Grâce à la théorie du wobble, il y a une protection contre les mutations.
- C. Les sous-unités du ribosome s'associent dès leur sortie du noyau.
- D. La traduction ne peut pas se faire par plusieurs ribosomes chez les Eucaryotes à cause du noyau.
- E. La régulation de la longévité des protéines fait intervenir un phénomène de polyubiquitynation. Ce phénomène permettra de diriger la protéine vers le protéasome.

A VRAI UGA pourra coder pour la sélénocystéine et UAG pourra coder pour la pyrrolysine. Cela est possible grâce à un environnement nucléotidique favorable à la traduction de ces acides aminés rares.

B VRAI Cette théorie du wobble signifie qu'un ARNt va être capable de reconnaître plusieurs codons. Cela est dû au fait que l'interaction entre la 3^e base du codon et la 1^{ère} base de l'anti-codon interagissent faiblement. Donc la dernière base du codon peut varier et le codon codera tout de même pour le bon acide aminé.

C FAUX Les sous-unités du ribosome s'associent une fois que la traduction d'un ARNm a été initiée. Cette initiation correspond au recrutement de la petite sous-unité du ribosome sur l'ARNm. Puis il recrute la grande sous-unité.

D FAUX Le noyau ne rentre pas en compte dans la traduction du fait qu'elle se fait dans le cytoplasme. De plus un même ARNm, que ce soit chez les Eucaryotes ou les Procaryotes, peut être lu par plusieurs ribosomes. Cela permet une accélération de la synthèse protéique.

E VRAI

Question 2 – La traduction :

Cochez la (ou les) réponse(s) fausse(s) :

- A. Les codons non-sens UAG et UGA peuvent exceptionnellement coder pour des acides-aminiés rares.
- B. La séquence shine-dalgarno constitue un environnement nucléotidique favorable.
- C. Une mutation faux-sens correspond à la formation d'un codon STOP.
- D. Le bras AA de l'ARNt comprend un G en 5' de façon systématique et une séquence ACC en 3'.
- E. Pour faire avancer le ribosome, il y a hydrolyse de GTP en GDP. Celui-ci provient du facteur d'élongation.

Attention, ici c'était un QCM où il fallait cocher les réponses **fausses**.

Dans la correction : les items notés faux sont bien faux (donc il fallait les cocher) et les items notés vrai sont bien vrais (donc il ne fallait pas les cocher).

Ça paraît bête comme truc, mais lire le petit encart en haut de chaque QCM est vraiment important. Les Professeurs (de façon générale) peuvent parfois vous donner des informations importantes dedans.

Pensez-y ;) Ça pourrait vous rapporter des points le jour de l'examen ☺

A FAUX UN CODON STOP NE CODE JAMAIS (Ô grand jamais) POUR UN ACIDE AMINÉ !!!

Il ne faut pas confondre translecture du codon STOP (ou non-sens) et le codon STOP code pour un AA rare. La translecture c'est le fait de lire différemment le codon. Donc le cas du codon UGA, il ne sera pas lu comme un codon STOP mais comme un codon codant pour la sélénocystéine. Cela est dû au fait qu'il y ait la présence de la séquence SECIS autour du codon UGA. C'est le même principe avec UAG et la pyrrolysine.

Pour mieux visualiser, on pourrait dire que UGA et UAG sont des codons à double fonction :

- De façon générale, ils ont pour fonction d'être un codon STOP;
- Lorsqu'ils sont en présence d'une séquence SECIS ou PYLIS, ils ont pour fonction de coder une sélénocystéine ou pyrrolysine.

Donc ce n'est pas le codon non-sens (ou STOP) qui code exceptionnellement pour un AA rare, mais les codons UGA ou UAG.

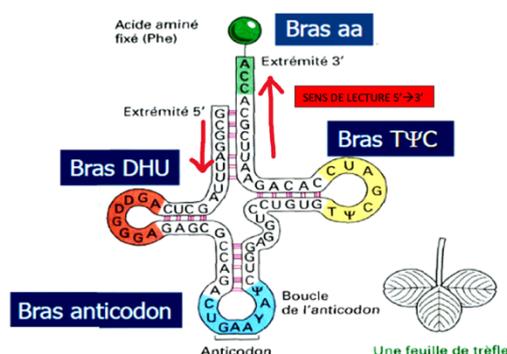
B FAUX La séquence shine-dalgarno est la séquence qui permet le recrutement de la petite unité ribosomique. Elle est présente chez les Procaryotes. Au contraire, chez les Eucaryotes, la séquence Kozak constitue bien un environnement nucléotidique favorable à l'initiation de la traduction.

C FAUX Attention à ne pas confondre non-sens et faux-sens.

Lors d'une mutation faux-sens : le changement de nucléotide va entrainer une lecture différente du codon. La protéine sera alors différente. Elle n'a pas la bonne formule, elle n'exprime pas la même chose que celle qui aurait dû être traduite normalement : elle a un faux sens.

Lors d'une mutation non-sens : le changement de nucléotide va entrainer la formation d'un codon non-sens = codon STOP.

D FAUX Piège vraiment méchant (désolée). Ce n'est pas la séquence ACC mais bien **CCA**. Je vous rappelle que l'on lit toujours une séquence nucléotidique de 5' → 3'. Si vous aviez bien le schéma du cours en tête on peut voir que :



E VRAI Je vous rappelle les étapes de l'élongation qui sont à bien connaître :

Première étape	Nous avons l'ARNt initiateur sous forme d'amino-acyl-ARNt au niveau du site P. Va venir se positionner dans le site A le deuxième amino-acyl-ARNt ayant l'anticodon correspondant au codon suivant le codon START. Ce dernier est fixé à un facteur d'élongation sous forme active. Dès lors qu'il y a reconnaissance de l'anticodon et du codon, cela induit une hydrolyse du GTP en GDP détachant le facteur.
Deuxième étape	L'ARN ribosomique qui porte l'activité <i>peptidyl-transférase</i> va catalyser la liaison peptidique entre la méthionine et le deuxième acide aminé. Ce dipeptide est maintenant porté par le deuxième amino-acyl-ARNt.
Troisième étape	Il va y avoir une translocation du ribosome. Le ribosome se déplace vers l'extrémité 3' de l'ARNm sur la distance d'un codon pour que les 2 amino-acyl-ARNt qui étaient respectivement dans les sites P et A se retrouvent dans les sites E et P. L'amino-acyl-ARNt situé dans le site E va être éjecté.

Question 3 – La traduction de l'ADN :

Cochez la ou les réponse(s) juste(s) :

- A. A un ARNm correspond un unique cadre de lecture
- B. Dans tous les ribosomes on retrouve : un site de liaison à l'ARNm, un site amino-acyl-ARNt, un site peptidyl-ARNt et un site exit.
- C. Lors de l'initiation de la traduction, c'est la grande sous-unité du ribosome qui est recrutée en premier au niveau de la CAP.
- D. Les protéines chaperonnes sont actrices de la maturation des protéines nouvellement synthétisées.
- E. Les cistrons permettent à un ARNm procaryote de coder pour plusieurs protéines.

A VRAI Nous n'avons qu'un seul cadre de lecture possible : les codons sont lus en série en prenant comme point de départ le codon START définissant ce cadre unique.

B VRAI

Pour rappel. –

- Le site **A**mino-acyl-ARNt : (A).
- Le site **P**eptidyl-ARNt : (P) = là où se réalisent les liaisons peptidiques.
- Le site **E**xit : (E) = permet la sortie des ARNt qui n'ont plus d'acide aminé.

C FAUX C'est la petite sous-unité du ribosome qui est recrutée en premier sur la CAP suite à la fixation de facteurs d'initiation de la traduction sur la CAP.

D FAUX Elles ne participent pas activement à la maturation des protéines. Les protéines chaperonnes permettent seulement de vérifier que les protéines ont adoptées le bon repliement lors de leur maturation.

E VRAI C'est une spécificité de l'ARNm procaryote. Il est polycistronique. Il peut donc avec 1 seul ARNm donner plusieurs protéines.

Question 4 – A propos de la traduction de l'ADN : (**) BCD

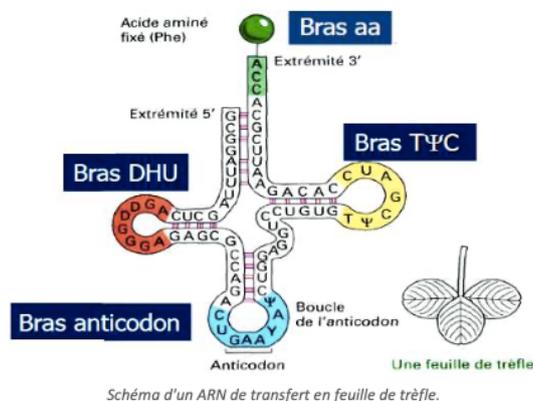
Cochez la(les) réponse(s) juste(s) :

- A. En NH₂ terminal d'une protéine Eucaryote, on retrouve toujours une méthionine correspondant au codon START AUG.
- B. La théorie du Wooble est basée sur le fait que l'interaction entre la 3^e base du codon et la 1^{ère} base de l'anti-codon est faible.
- C. L'ARNt possède 4 bras : le bras acide aminé, le bras anticodon, le bras DHU et le bras TΨC.
- D. Pour savoir que le AUG rencontré est le AUG codant pour un codon START, celui-ci doit être précédé d'une séquence particulière, la séquence KOZAK chez les Eucaryotes.
- E. Chez les Eucaryotes, on retrouve un couplage de la transcription et de la traduction.

A FAUX En N-terminal (ou NH₂ terminal c'est pareil), il n'y a pas toujours la présence d'une méthionine dans la protéine finale car cette méthionine est en général retirée lors de mécanismes post-traductionnels par une protéase spécifique.

B VRAI C'est tout à fait ce qui est expliqué dans le cours (p.72 du poly). Cela explique le fait que 1 ARNt avec un 1 anti-codon donné, a la capacité de reconnaître différents codons.

C VRAI Je vous remet le schéma de l'ARNt :



D VRAI Dans 90% des cas, la présence de cette séquence KOZAK confère un environnement nucléotidique favorable à l'initiation de la traduction.

E FAUX C'est un phénomène que l'on retrouve chez les Procaryotes et non chez les Eucaryotes car ils possèdent un noyau.