

Chapitre III

Synthèse des aminoacyl-ARNt & diversité fonctionnelle des aminoacyl-ARNt synthétases

Hubert Becker
IPCB – GMGM

Chapitre IV: Synthèse des aminoacyl-ARNt

I. Introduction

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

1. La réaction
2. L' ARNt
3. Les aaRS
 - a. Les deux classes d' aaRS
 - b. La modularité des aaRS
 - c. Les complexes multisynthétasiques
 - d. L' éditing des aaRS
4. La spécificité vis-à-vis de l' ARNt: les déterminants d' identité

III. Les anomalies du contenu en aaRS

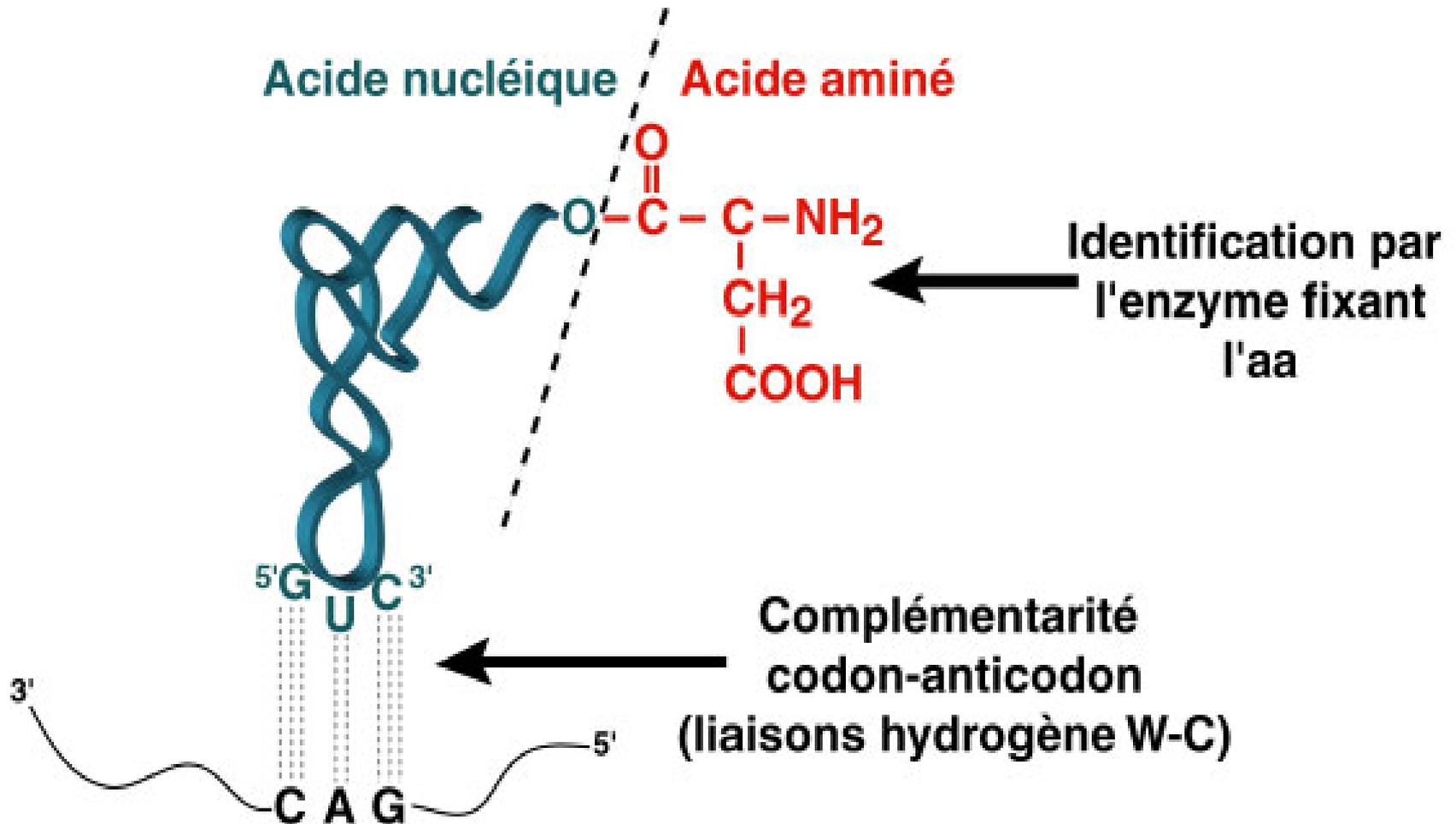
1. L' absence d' une aaRS
 - a. La transgression d' appartenance à une classe d' aaRS
 - b. La voie alternative de formation du Cys-ARNt^{Cys}
 - c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés
 - d. Adaptation d' EF-Tu à la voie alternative
 - e. Redéfinition d' un codon STOP
 - α. La Sec
 - β La Pyl
2. La présence de modules indépendants d' aaRS
 - a. L' AsnRS tronquée
 - b. YadB
3. Conclusion

IV. La formation des aa-ARNt dans les organites

1. Introduction
2. La synthèse du Gln-ARNt^{Gln} dans les organites
3. L' import de l' ARNt et la thérapie génique

I. Introduction

La double identité de l'aa-ARNt



I. Introduction

La théorie de l'adaptateur

Cette théorie a été émise par Francis Crick en 1958, qui y prédit comment doit se faire la synthèse protéique alors que les constituant individuels de ce processus n'ont même pas encore été identifiés.

'... l'ARN des particules microsomiques constitue la matrice'

L'ARN messenger

'... quelle que soit la molécule qui se fixe de manière spécifique sur la matrice, elle le fait en formant des liaisons hydrogène avec celle-ci'

**Interactions
codon-anticodon**

'... l'acide aminé est véhiculé vers la matrice par un adaptateur'

L' aminoacyl-ARNt

'... cet adaptateur... contient vraisemblablement des nucléotides'

L'ARNt

'... un enzyme particulier est requis pour lier chaque adaptateur à son acide aminé correspondant'

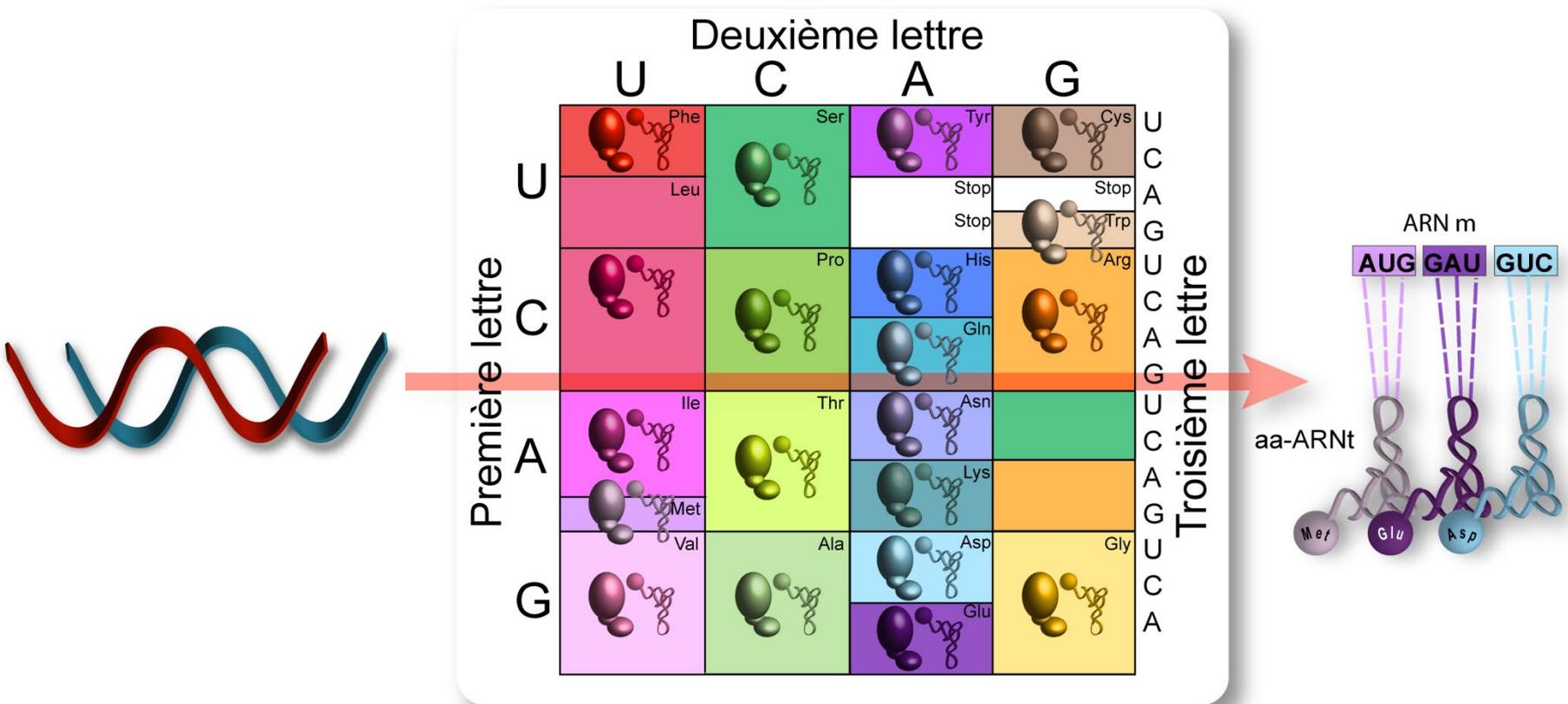
**Les aminoacyl-ARNt
synthétases (aaRS)**

'... la spécificité requise pour... distinguer la valine de l'isoleucine doit être portée par ces enzymes'

L'éditing des aaRS

I. Introduction

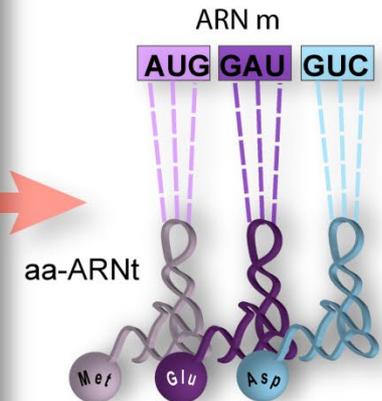
Il faut donc un jeu complet de 20 aminoacyl-ARNt synthétases (aaRS)



I. Introduction

Les organismes considérés comme “normaux”

		Deuxième lettre				Troisième lettre
		U	C	A	G	
Première lettre	U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
	C	Leu		Stop	Stop	A
				Stop	Trp	G
	A	Ile	Pro	His	Arg	U
Met			Gln		C	
G	Val	Thr	Asn		A	
			Lys		G	
		Ala	Asp	Gly	U	
			Glu		C	
					A	



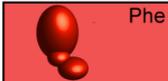
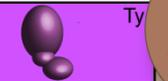
I. Introduction

Les "anomalies"

Deuxième lettre

Première lettre

Troisième lettre

	U	C	A	
U	 Phe	 Ser	 Tyr	 U
C	 Leu	 Pro	 His	 A
A	 Ile	 Thr	 Asn	 G
G	 Val	 Ala	 Glu	 C

Absence d'une aaRS

I. Introduction

Les "anomalies"

		Deuxième lettre			Troisième lettre
		U	C	A	
Première lettre	U	Phe	Ser	Tyr	U
	C	Leu		Stop	C
	A		Pro	His	A
	G			Gln	G
	G	Ile	Thr	Asn	U
	U	Met		Lys	C
	C	Val	Ala		A
	A				G
	G				U
	G				C

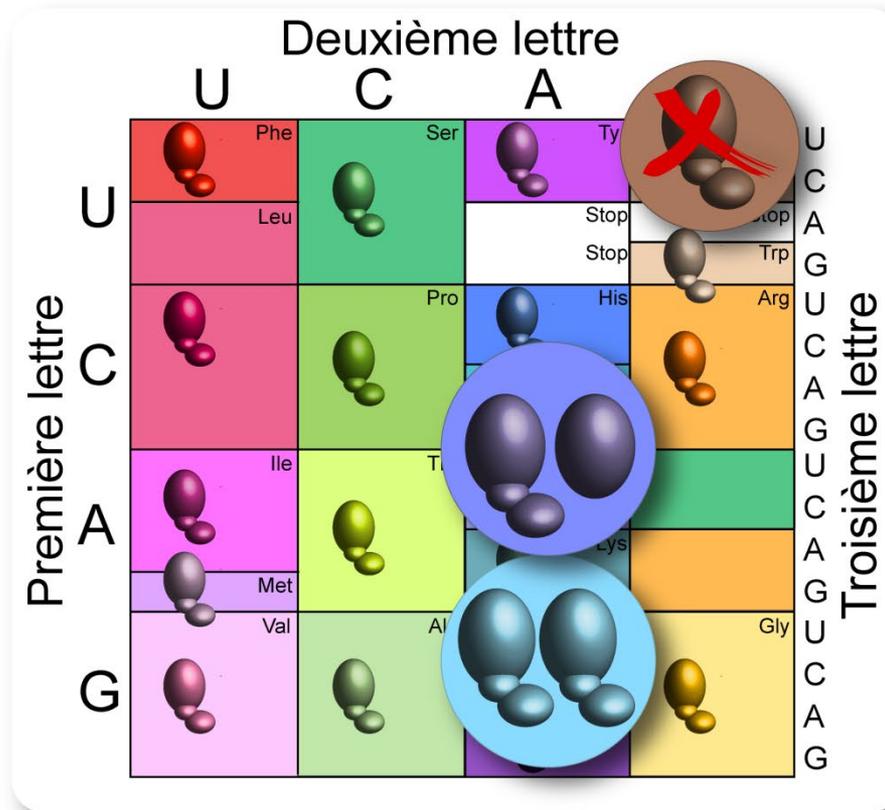
The diagram illustrates the genetic code with amino acid side chains represented by colored spheres. A red 'X' is placed over the UCA codon (Tyr) and the UCU codon (Leu). A blue circle highlights the AUG codon (Met). The text 'Absence d'une aaRS' is associated with the UCA codon, and 'Duplication d'une aaRS' is associated with the AUG codon.

Absence d'une aaRS

Duplication d'une aaRS

I. Introduction

Les "anomalies"



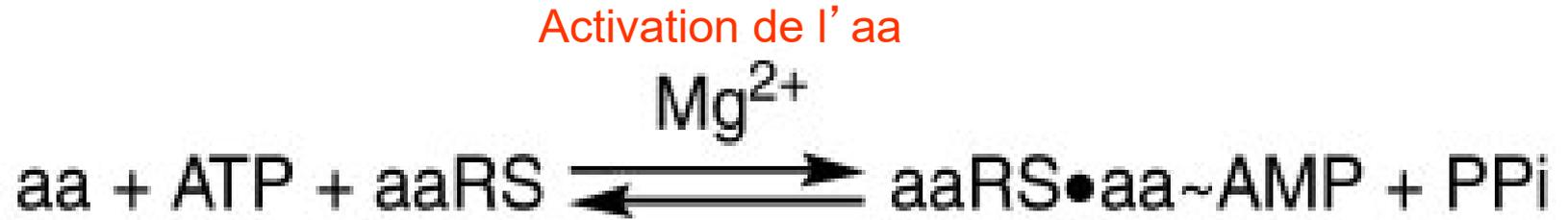
Absence d'une aaRS

Présence de modules indépendants d'aaRS

Duplication d'une aaRS

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

1. La réaction

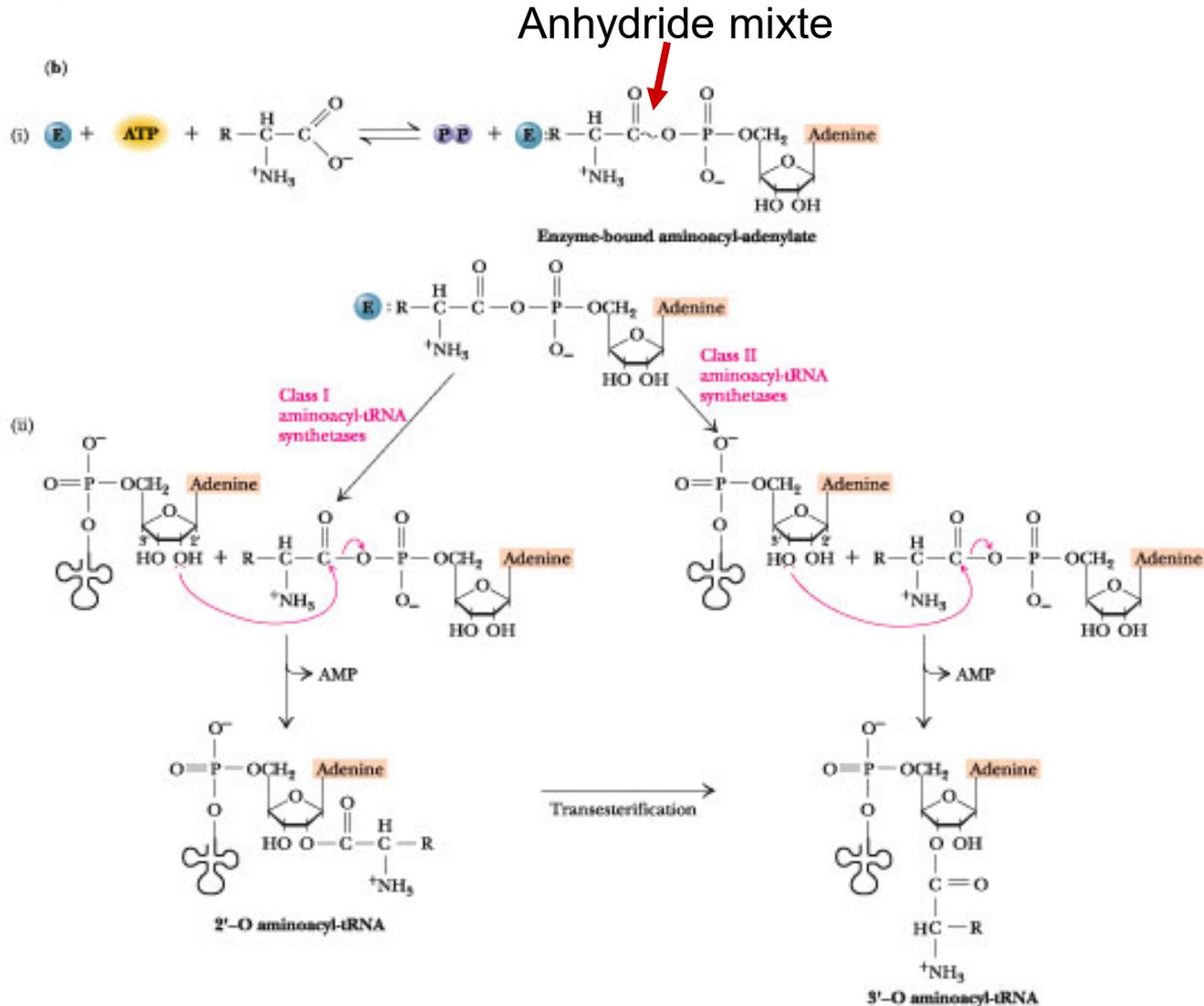


► Certaines aaRS nécessitent l'ARNt pour activer l'aa:

- GluRS
- GlnRS
- ArgRS
- LysRS (I)

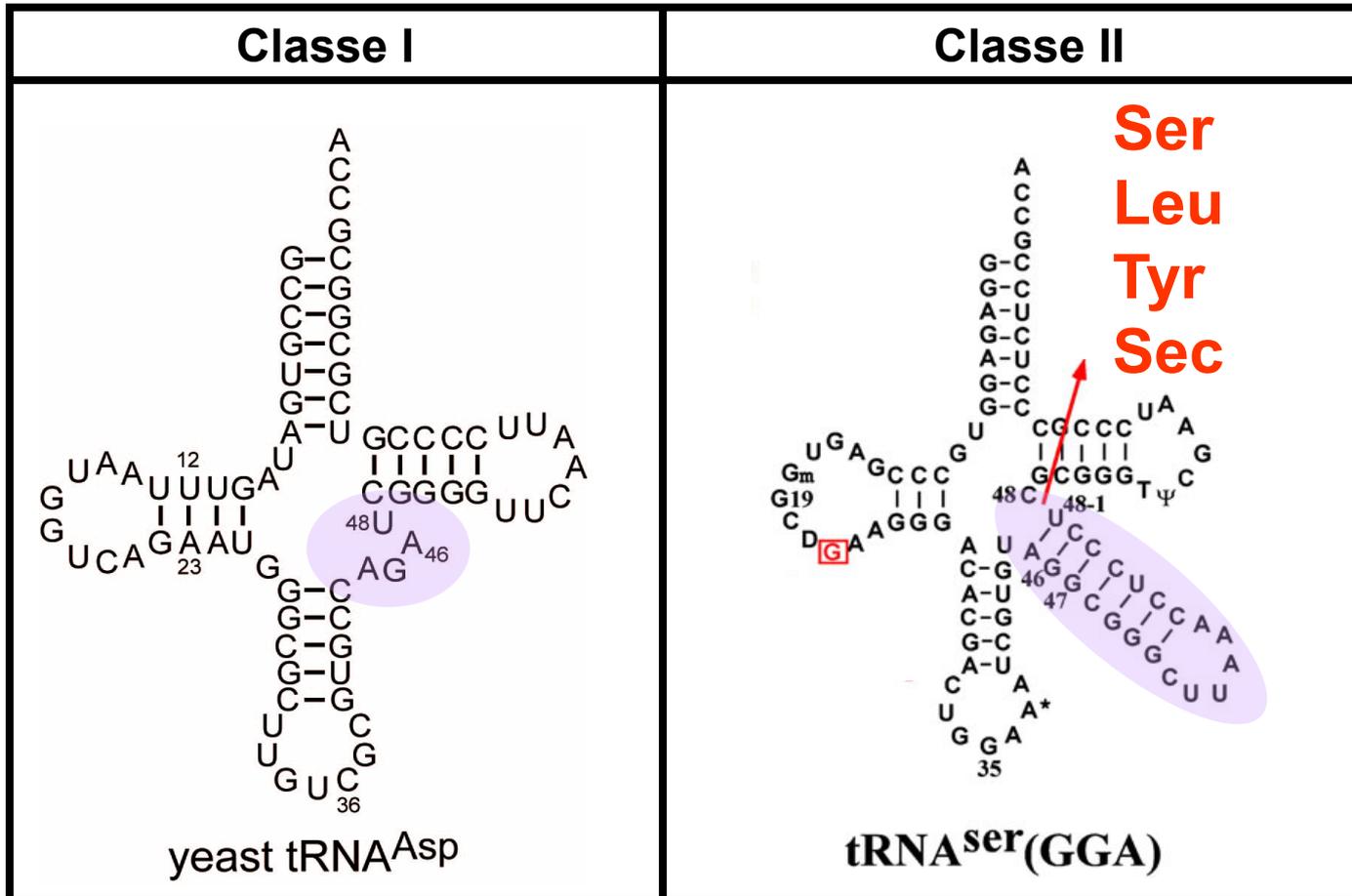
II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

1. La réaction



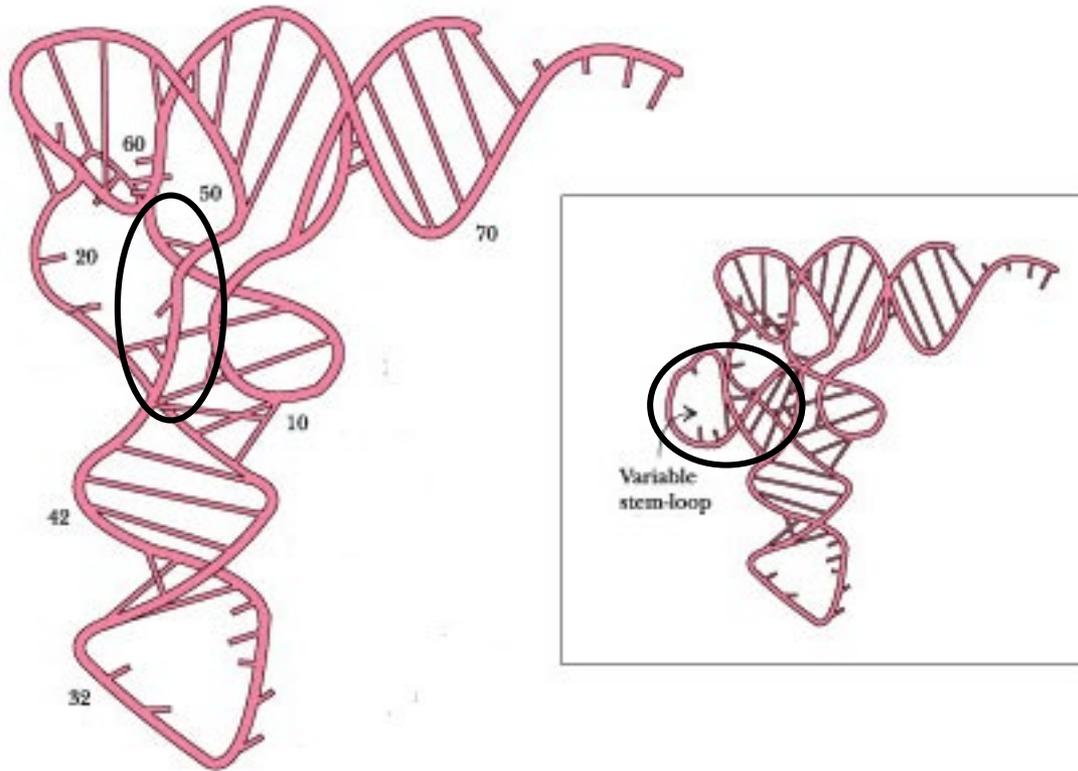
II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt



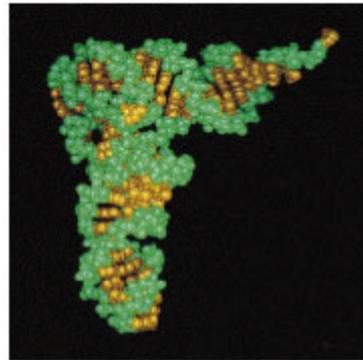
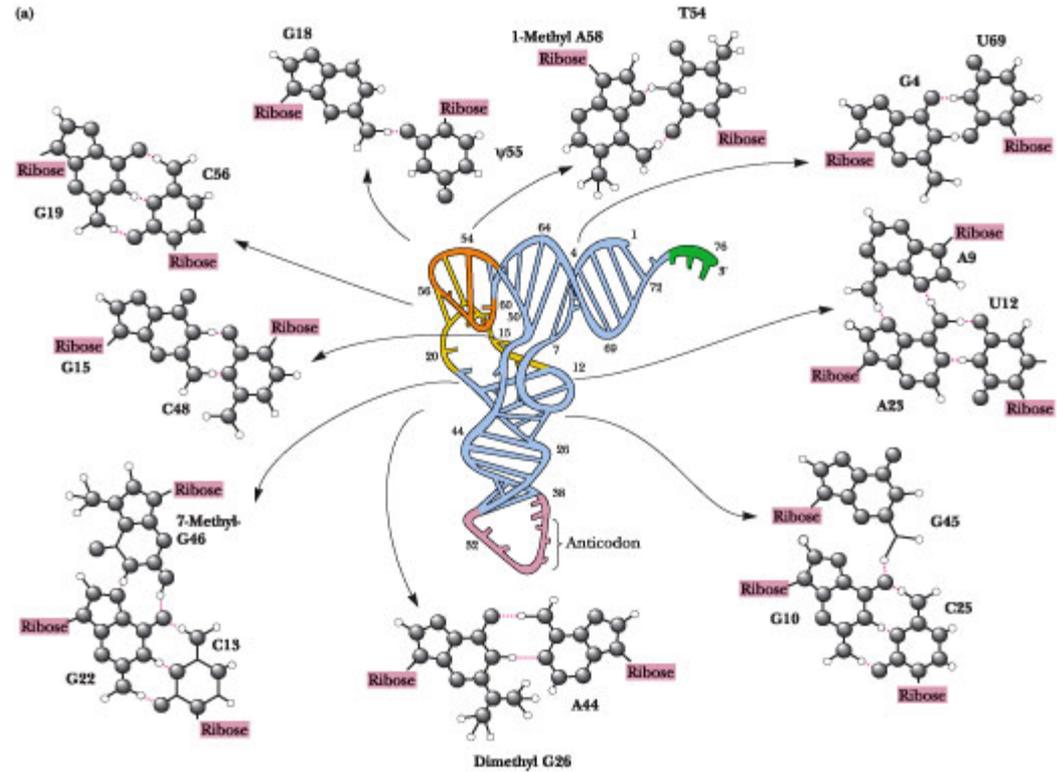
II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt



(b)

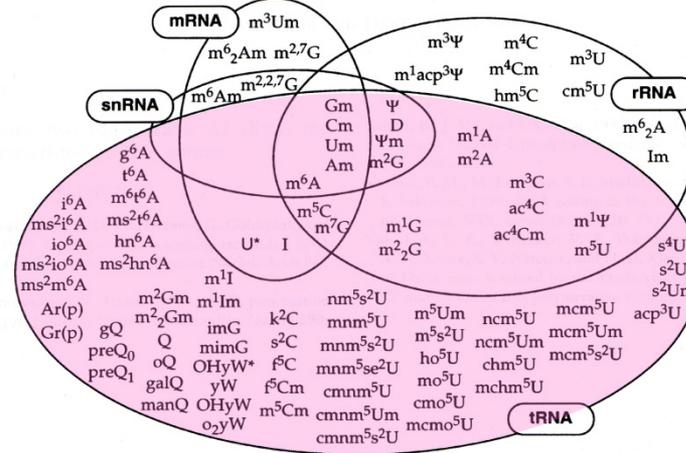
II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt

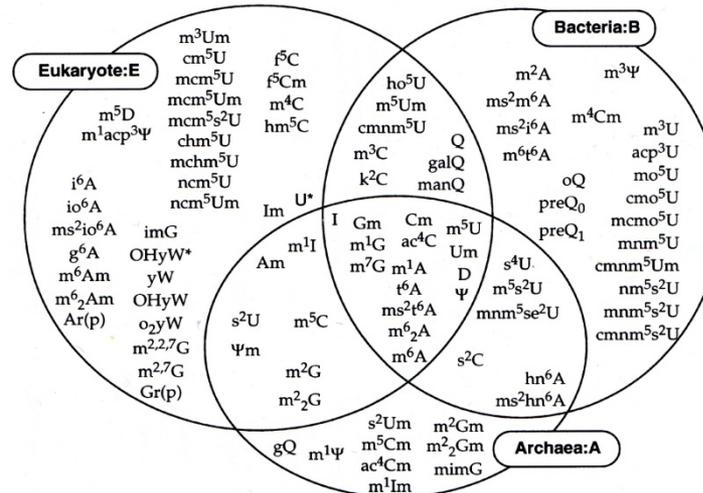
Modificaton and Editing of RNA

By: Grosjean (Henri Grosjean, CNRS Laboratory of Structural Enzymology and Biochemistry & Rob Benne, University of Amsterdam) and Benne *Blackwell Publishing (1998)*

Distribution of modified nucleotides by RNA type



Phylogenetic distribution

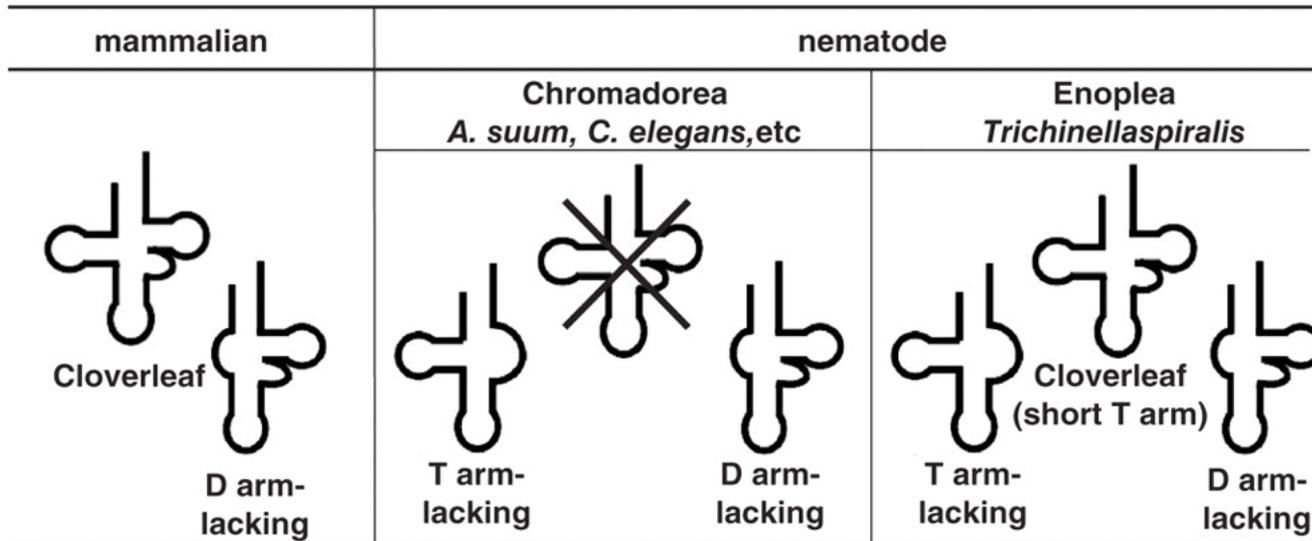


U* corresponds to the uridine that is formed by enzymatic deamination of the encoded cytosine by posttranscriptional editing phenomena

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt

Certains ARNt notamment mitochondriaux sont privés de certains domaines



Quelles sont les structures de ces ARNt ?

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt

Rôles non traductionnels de l'ARNt

Nature et origine de l'ARNt à fonction non canonique	Fonction	Références
<u>Intervention de l'ARNt dans la traduction</u>		
ARNt ^{Meti} de procaryotes	Formylation de la Met acylant l'ARNt ^{Meti} , initiation de la traduction, liaison au facteur d'initiation IF-2.	(Guillon et al., 1993)
ARNt ^{Sec} de diverses origines	Conversion de la Ser acylant l'ARNt ^{Sec} en Sec, décodage du codon stop UGA, liaison au facteur SELB.	(Forchhammer et al., 1989) (Forchhammer and Bock, 1991) (Wu and Gross, 1994)
<u>Intervention de l'ARNt dans la synthèse de différents composés cellulaires</u>		
ARNt ^{Gly} <i>S. epidermidis</i> ARNt ^{Thr} <i>M. roseus</i> ARNt ^{Ala} <i>A. crystallopoietes</i> ARNt ^{Ser} <i>S. epidermidis</i>	Cofacteur pour l'incorporation des aa dans les peptidoglycanes de la paroi bactérienne.	(Roberts, 1974) (Roberts et al., 1968a; Roberts et al., 1968b)
ARNt ^{Glu} procaryotes plantes vertes	Biosynthèse de la porphyrines. Biosynthèse de la chlorophylle.	(Jahn, 1992) (Reinbothe and Reinbothe, 1996) (Moser et al., 2001)
ARNt ^{Gly} <i>S. aureus</i>	Synthèse d'aminoacyl-phosphatidyl glycérol	(Gould et al., 1968)
ARNt ^{Gly} <i>E. coli</i>	Addition de Gly aux lipopolysaccharides	(Gamian et al., 1991)
<u>Intervention de l'ARNt dans la transcription</u>		
ARNt ^{Lys3} de mammifères	Initiation de la transcription inverse des ARN rétroviraux.	(Litvak et al., 1994)
ARNt ^{Meti} et ARNt ^{Asn} <i>S. cerevisiae</i>	Initiation de la transcription inverse des rétrotransposons de levure, contrôle de l'expression des protéines nécessaires au fonctionnement des rétrotransposons.	(Voytas and Boeke, 1993) (Keeney et al., 1995)
ARNt ^{Leu(UGA)} <i>S. cerevisiae</i> ARNt ^{Ser(AGU)} <i>S. cerevisiae</i>	Contrôle de l'expression des protéines nécessaires au fonctionnement des rétrotransposons par décalage +1 du cadre de lecture.	

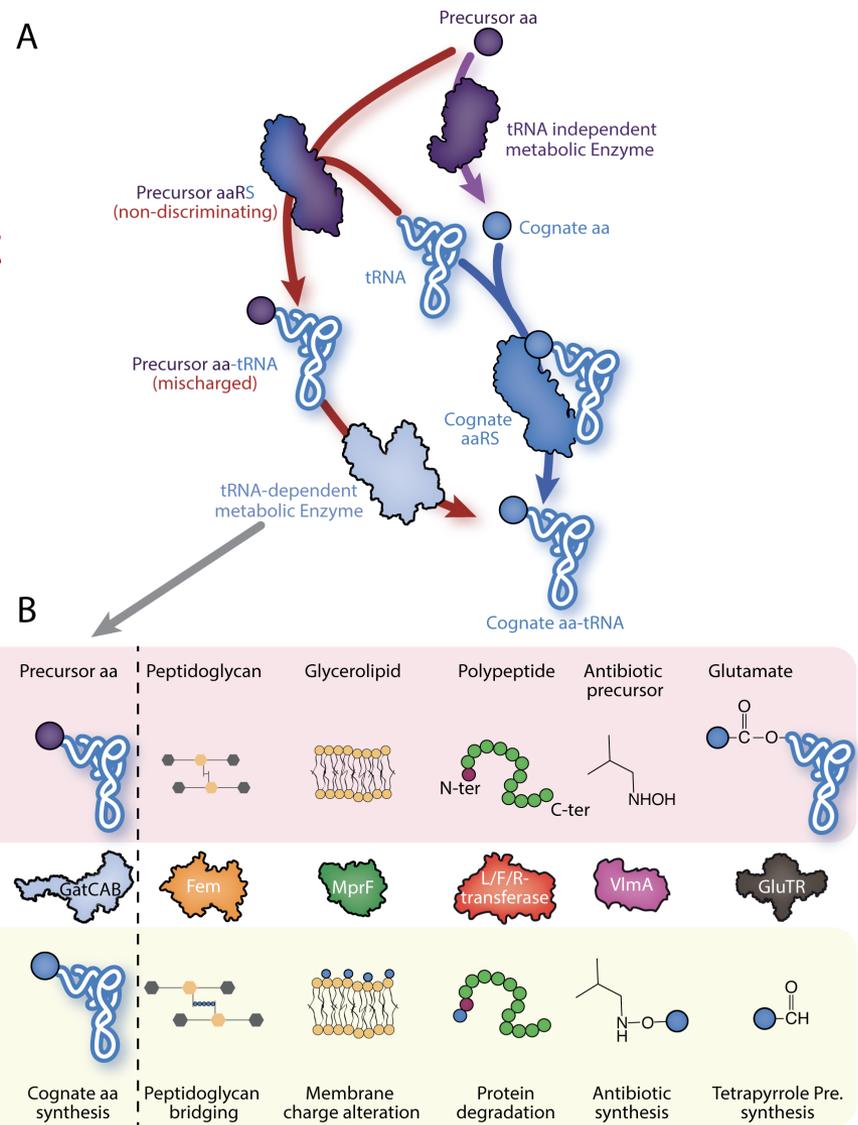
Nature et origine de l'ARNt à fonction non canonique	Fonction	Références
<u>Régulation de l'expression et de la dégradation des protéines</u>		
ARNt ^{Arg} eucaryotique ARNt ^{Leu1} <i>E. coli</i> ARNt ^{Phe} <i>E. coli</i> ARNt ^{Met} <i>E. coli</i> ARNt ^{Trp} <i>E. coli</i>	Signal de dégradation de la protéine après transfert de l'aa acylant l'ARNt à l'extrémité N-terminale d'une protéine, par une aa-ARNt-protéine transférase.	(Jennissen, 1995) (Abramochkin and Shrader, 1995) (Varshavsky, 1992)
ARNt ^{Lys} mammifère ARNt ^{His} mammifère ARNt ^{Tyr} mammifère	Régulation de l'expression de l'acide gras synthétase par le niveau de charge de l'ARNt.	(Nesbitt and Lennarz, 1968) (Dudek and Semenkovich, 1995)
ARNt ^{Trp} plantes ARNt ^{Gly} plantes ARNt ^{Ala} plantes ARNt ^{Val} plantes	Cofacteur de l'expression des protéines de réponse au stress (RIP).	(Brigotti et al., 1995; Brigotti et al., 1998)
ARNt ^{Lys} <i>B. subtilis</i> ARNt ^{Thr} <i>B. subtilis</i> ARNt ^{Leu} <i>S. aureus</i>	Régulation de l'expression du gène de l'aaRS homologue par interaction de l'ARNt aminoacylé ou non aminoacylé avec l'ARNm induisant respectivement une conformation terminatrice ou antiterminatrice.	(Grundy et al., 1994) (Grundy et al., 1997) (Putzer et al., 1995)
ARNt ^{His} <i>S. cerevisiae</i>	Activation d'une kinase et phosphorylation de la sous-unité α d'eIF-2.	(Wek et al., 1989) (Zhu et al., 1996) (Zhu and Wek, 1998)
<u>AUTRES FONCTIONS</u>		
ARNt ^{Ala} <i>E. coli</i>	Stimulation de la réponse immunitaire contre le virus de l'hépatite B chez la souris	(Wang et al., 2006b)
ARNt ^{other}	Fonction non déterminée ; aminoacylé par la LysRS de class I et II dans <i>Bacillus cereus</i>	(Ataide et al., 2005)

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

2. L'ARNt

Rôles non traductionnels de l'ARNt

Grâce à des **Aminoacyl-ARNt Transférases**



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

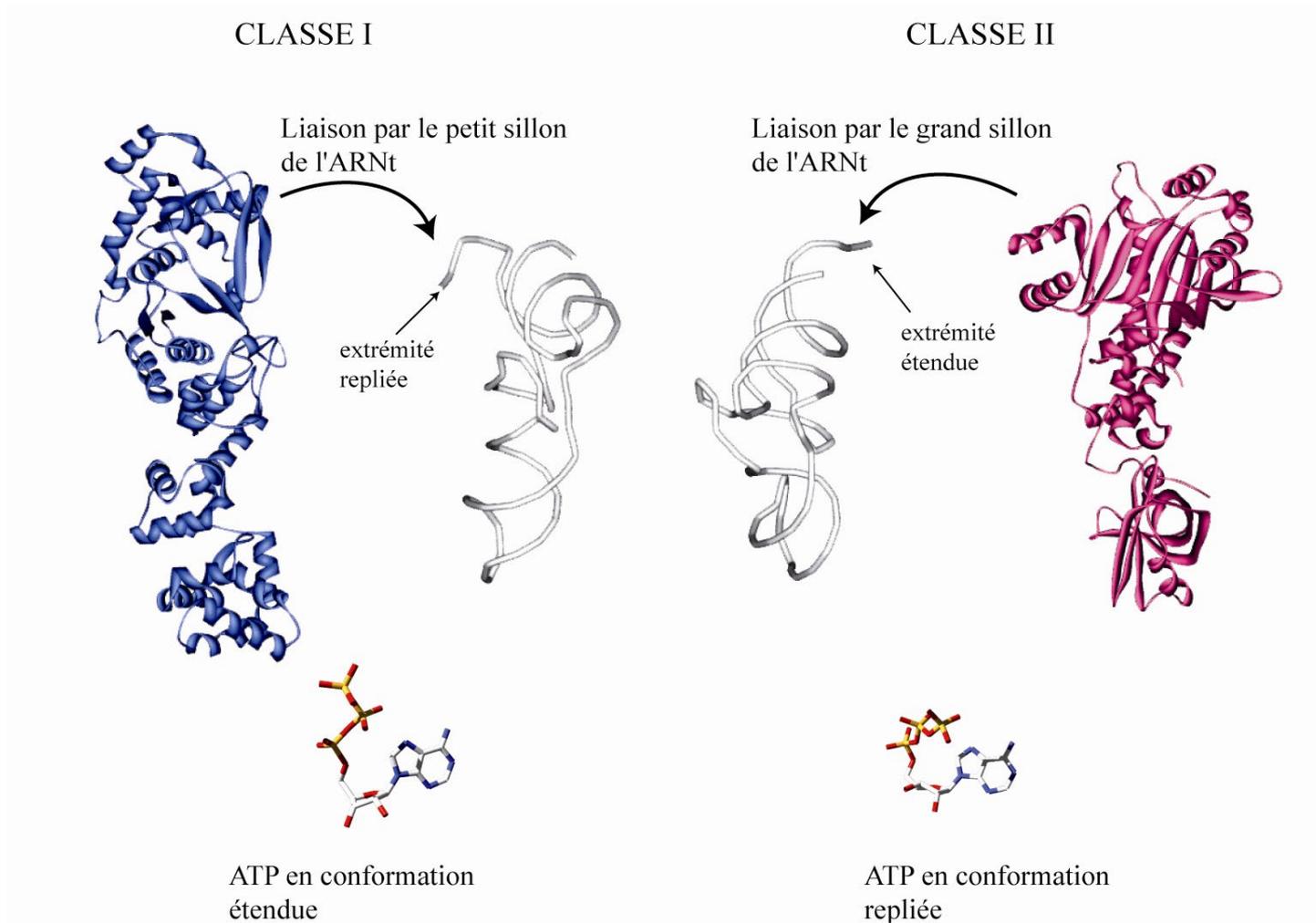
a. Les deux classes d'aaRS

	Classe I	Classe II
Séquences signatures	HIGH et KMSKS	Motifs consensus 1, 2, 3: Motif 1: ϕ XXX+G ϕ XX ϕ XXP ϕ ϕ Motif 2: + ϕ ϕ X ϕ XXX(F/H/Y)RX(E/D) 4 à 12 X (R/H) ϕ X-FXXX- ϕ X ϕ ϕ Motif 3: λ X ϕ G ϕ G ϕ G ϕ ER ϕ ϕ ϕ ϕ 7 à 12 X ϕ P
Aminoacylation de l'ARNt	2'OH	3'OH
Structure du domaine catalytique	Domaine de Rossmann 5 brins b parallèles	7 brins b antiparallèles
Sous-classes et structure oligomérique	a	Ser a_2 Thr* a_2 His a_2 Pro a_2 Gly a_2, a_2
	b	Asp a_2 Asn a_2 Lys II a_2
	c	Phe* a_2b_2 , (a, mitochondriale) Gly a_2b_2 Ala a_2, a_1
Exceptions	Lys I a, a	Pyl Sep

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

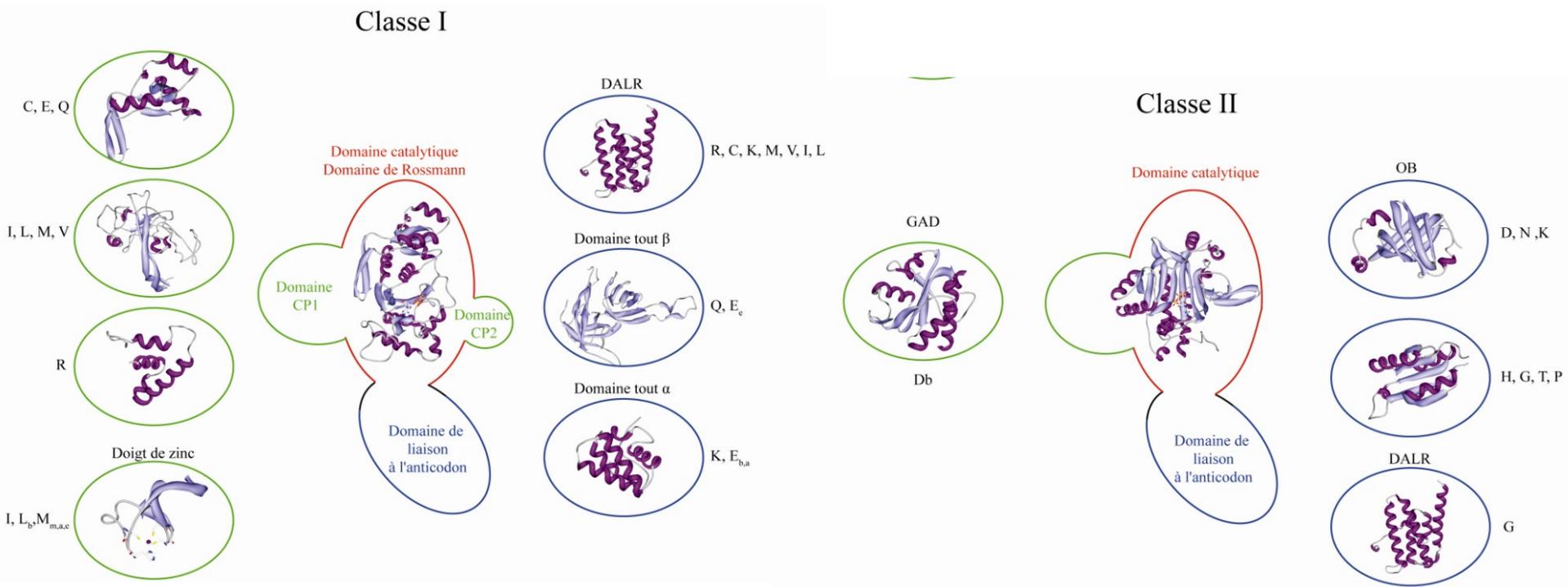
a. Les deux classes d'aaRS



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

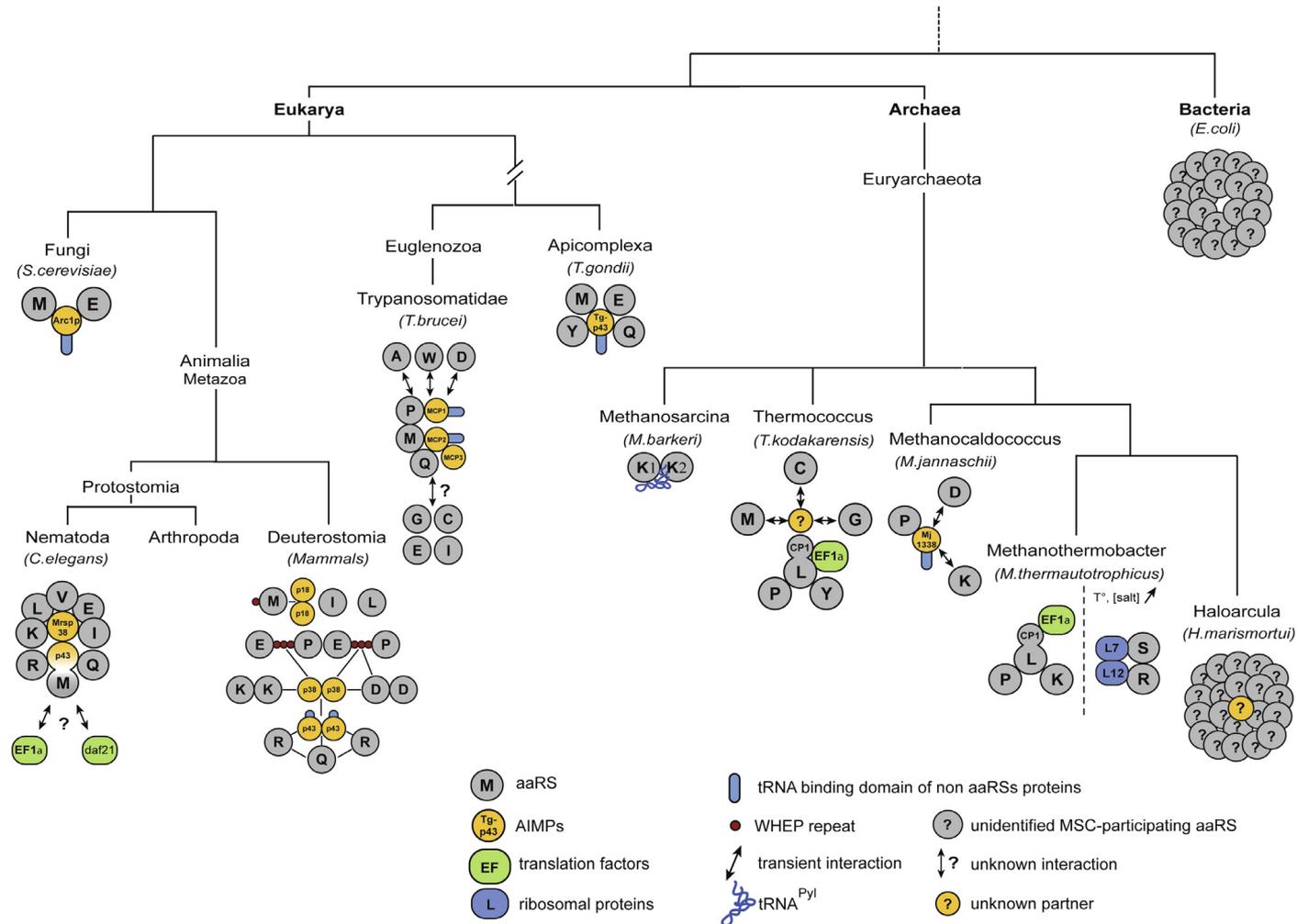
b. La modularité des aaRS



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

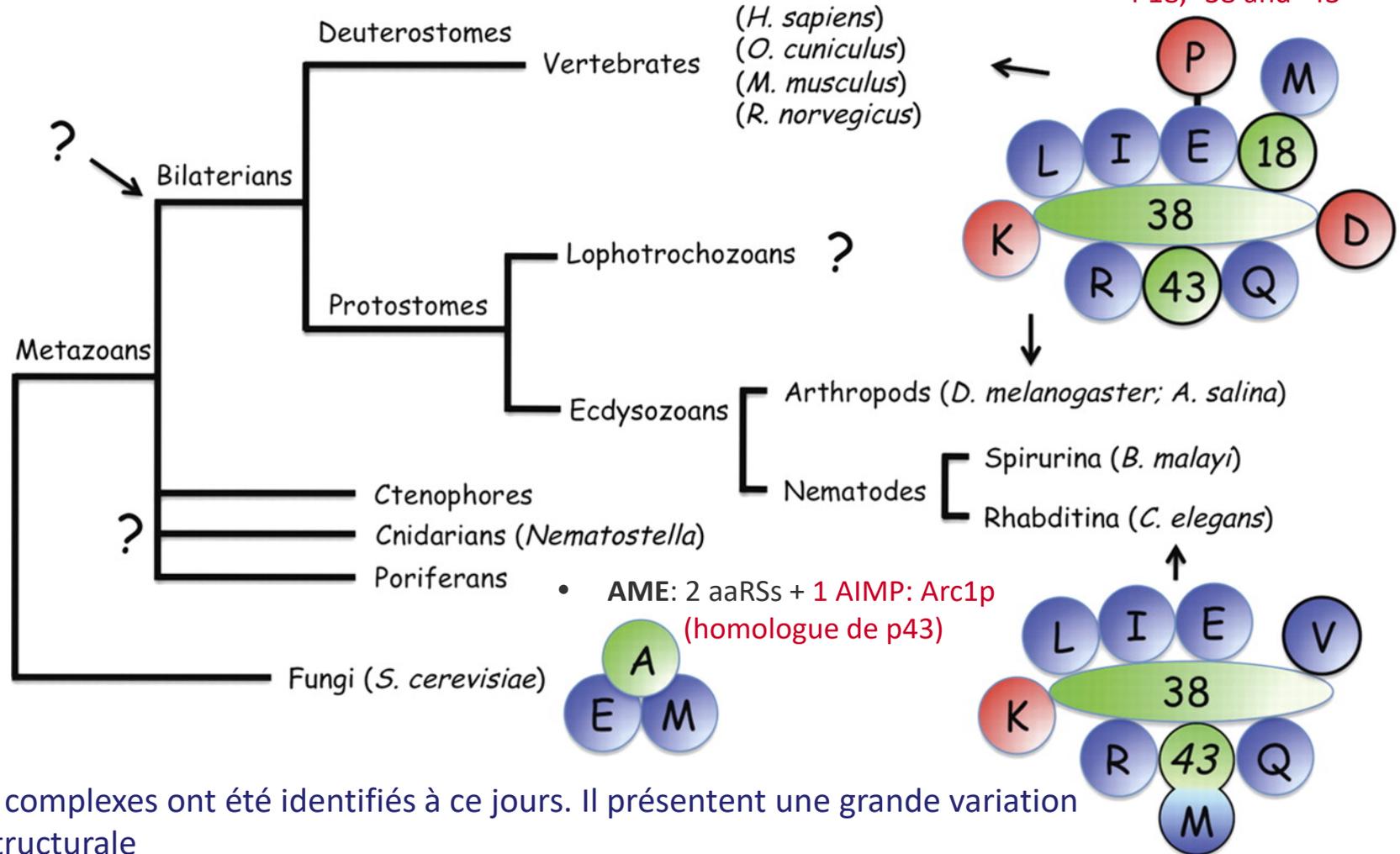


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

- **HsMARS**: 9 aaRSs + 3 AIMP: P18, -38 and -43



- **AME**: 2 aaRSs + 1 AIMP: Arc1p (homologue de p43)

3 complexes ont été identifiés à ce jours. Il présentent une grande variation structurale

- **CeMARS**: 7 aaRSs + 1 AIMP: P38 + MRS-P43

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

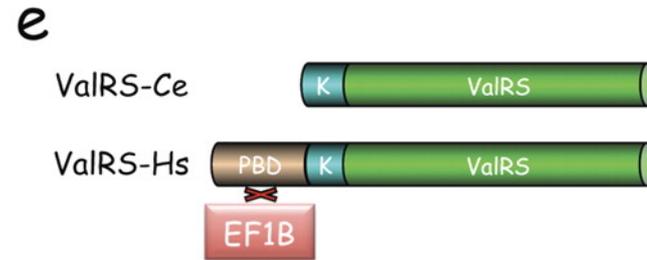
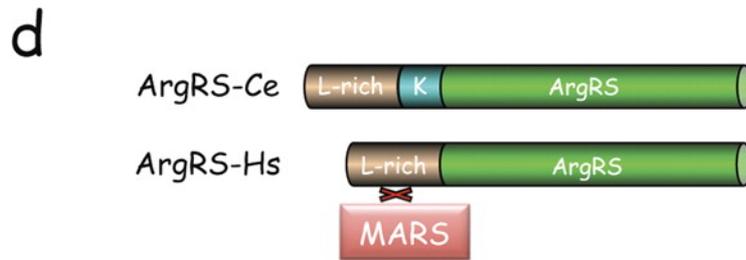
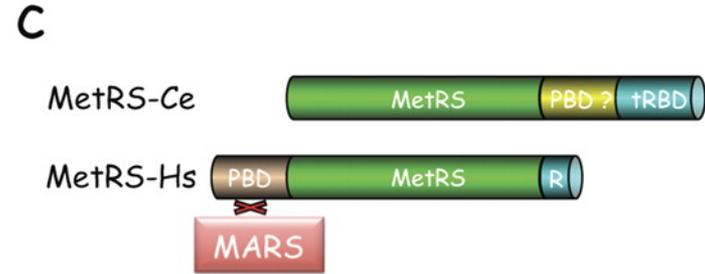
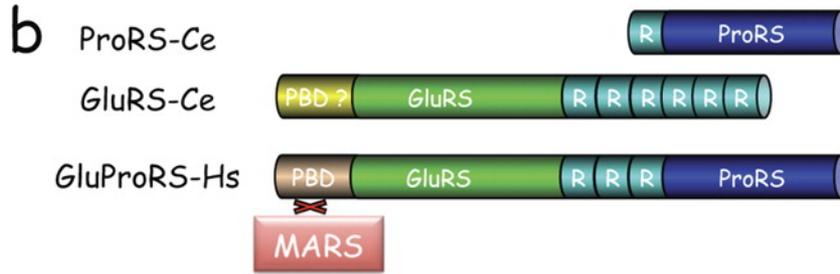
a

```

p38-Hs      MPMYQVKPYHGGGAPLRVELPTCMYRLPNVHGRSYGPAAGAGHVQEEENLSLQALESRQDD-I--LKRLYE-LKAAVDGLSKMIQTPD-ADLDVTNIIQADEPTTLTTN-ALDLNSVLGK-DYGA 118
MPMY P          C Y   H S G   VQ ES   ALE Q   I LK E LK   L          A          E          A          K D A
Y55F3AM.13  MPMYKLTPTFFPNFEVHPKIA-C-YPVGSYHNPSFGGVGSPDAVQVESDPRK-ALEHKQLSLIEQLKAQTEELKLLVSLGEAGKAERSAQKPAEKAPKEPEKSAGAASSAPGVPGAPAKLDKDA 122

p38-Hs      LKDIVINANP-ASPPLSLLVLHRLLCHEFRVLSTVHTHSSVKVPE-NL-LKCFGEQNKQPRQDYQLGF-TLIWKNV--PKTQM--KFSIQTMCPIEGEG-NIARFLFS-LFGQKHNAVNTALI 233
K A A L          V S T T   E N L L          Q L T L V P K          E G E N   S L K A L
Y55F3AM.13  KKEARKAAKAEAVKKLASGEAPPQKSAKKTVNSTPWTVQDDRKTWETNLTLTVNLPTSLVAYEPQEQLKNATLTVRDVLPWARALAKV GASRGVSEFEVKNQTKEKKSSLKVVKG PAPS LQLE 247

p38-Hs      DSWVDIAIFQLKE-GSSKEKAAVFRSMN-SALGKSPWLAGNELTVADVVLWSVLQQIGGCSVTVPANVQRWMRSCENLAPFNTALKLLK 320
V K GSS          SA WL E A S          C F L L
Y55F3AM.13  KTTVKSLQTIWKLGLGSLGFSRRPQVLSASHQAIWLGKAEQILAGSCDQSFV TREASQFLARFDSLSSQWEVCVADIVFRSLNLNLEHLPNNVELWAKKIDALIV 354
    
```



Les principales différences: - EPRS (*Hs*) vs ERS & PRS (*Ce*)

- MRS fusionnée à P43 chez *Ce*

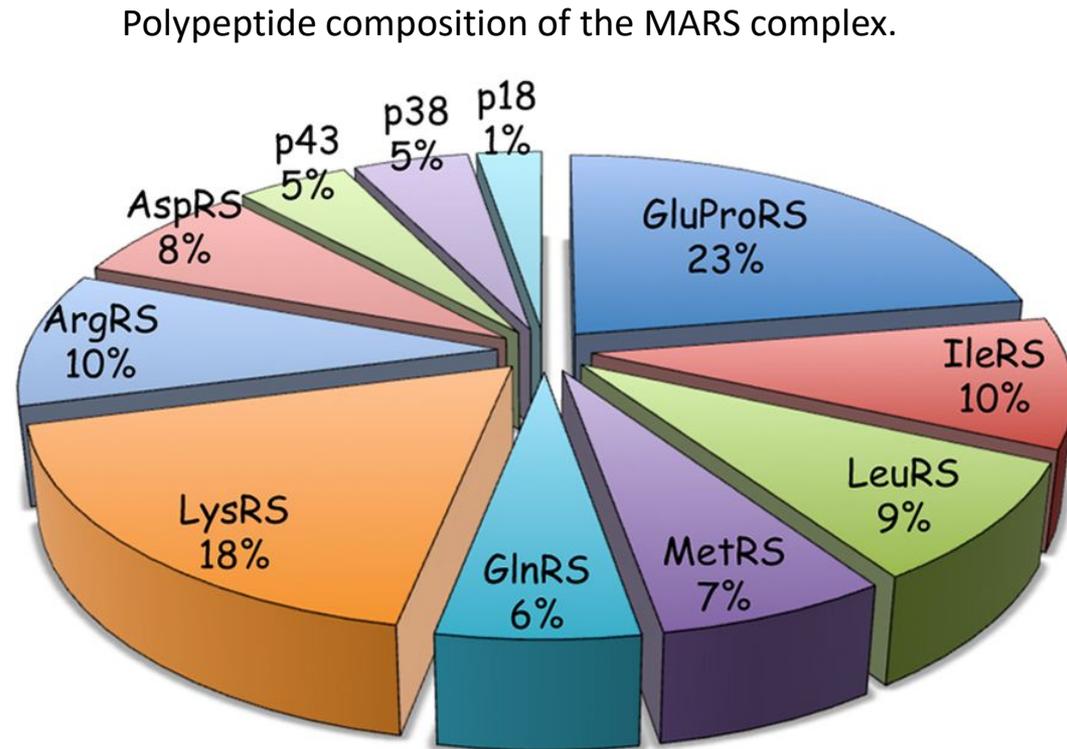
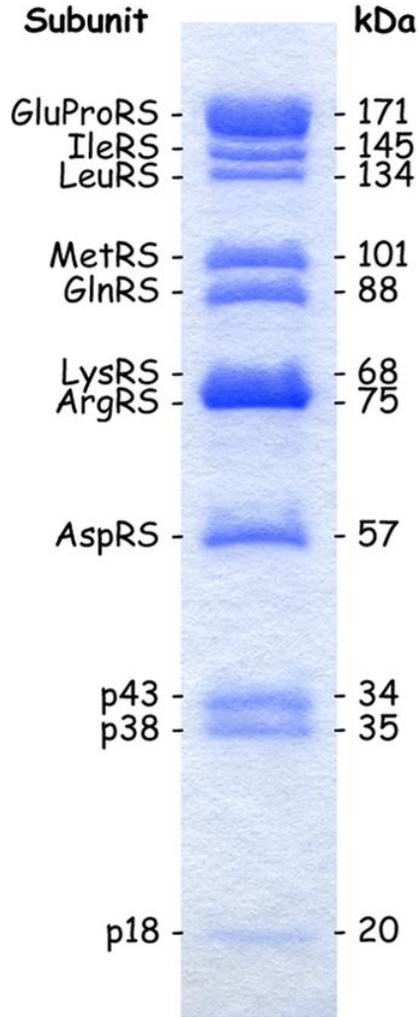
- Pas de P18 chez *Ce* qui lie EPRS et MRS chez *Hs*

- KRS et VRS dans le complexe *Ce* et pas DRS

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

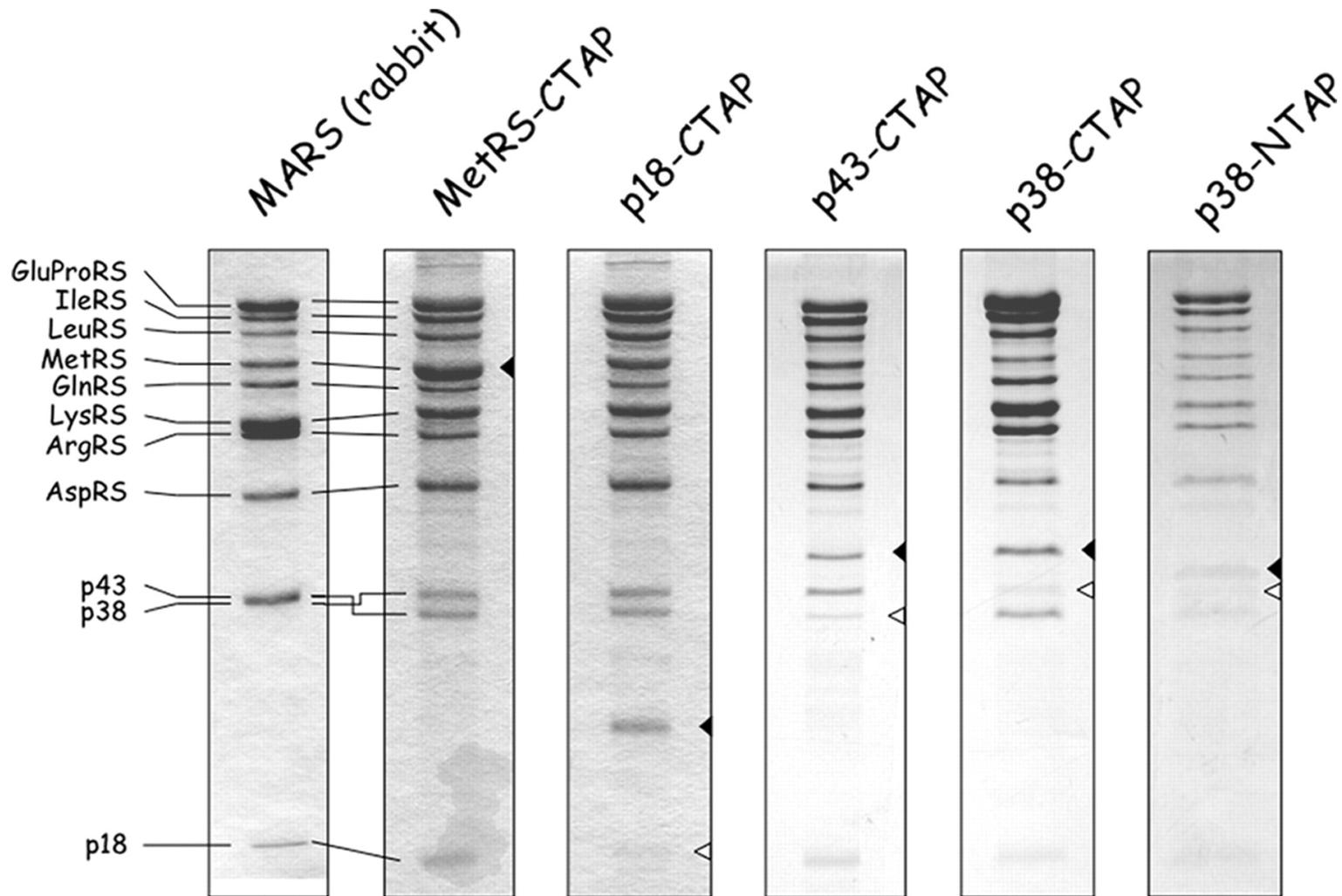


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

Dissecting domain structure of p43 required for MARS assembly.

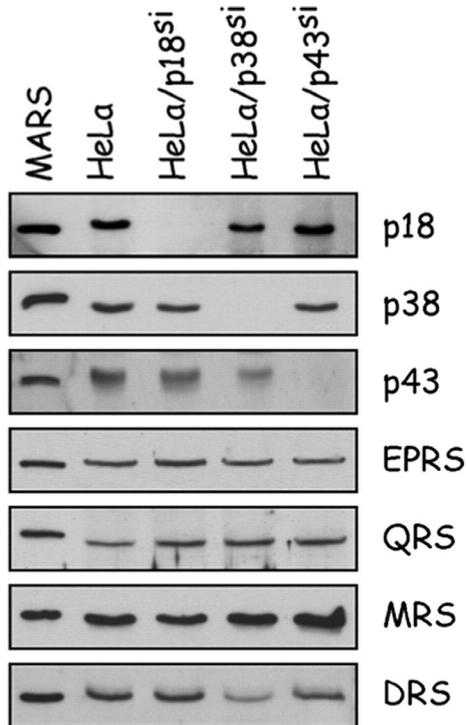


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

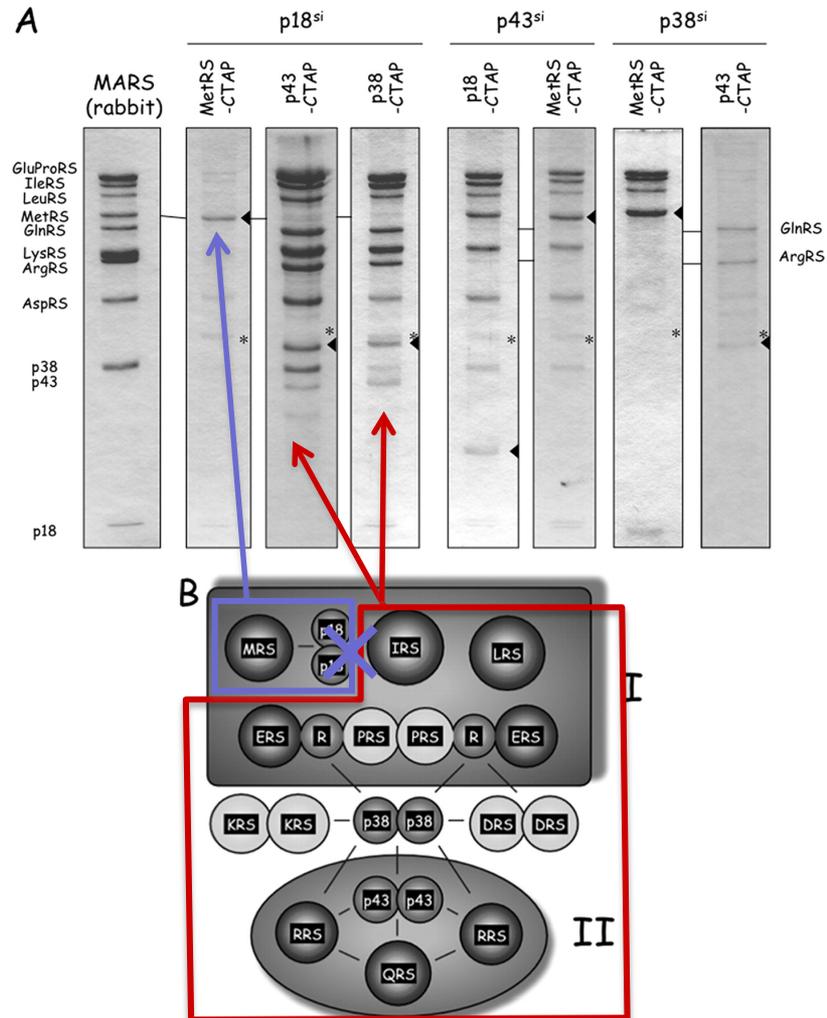
3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

Effect of siRNA on the cellular levels of the MARS components.



Combining TAP and siRNA silencing to probe the assembly of MARS in vivo.

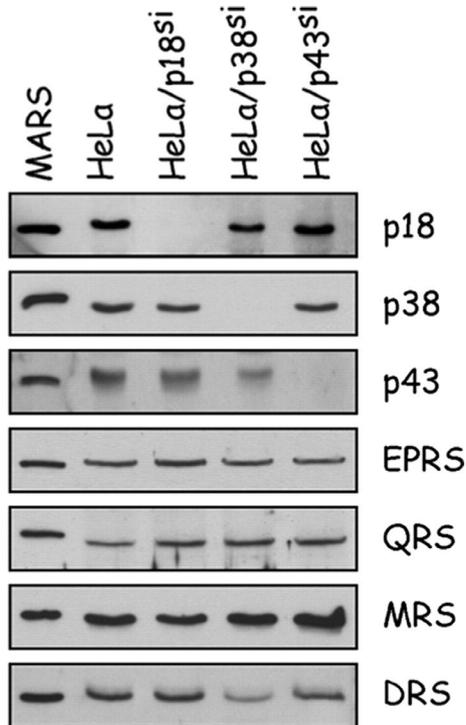


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

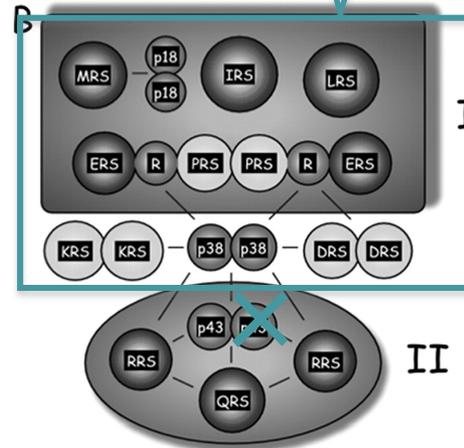
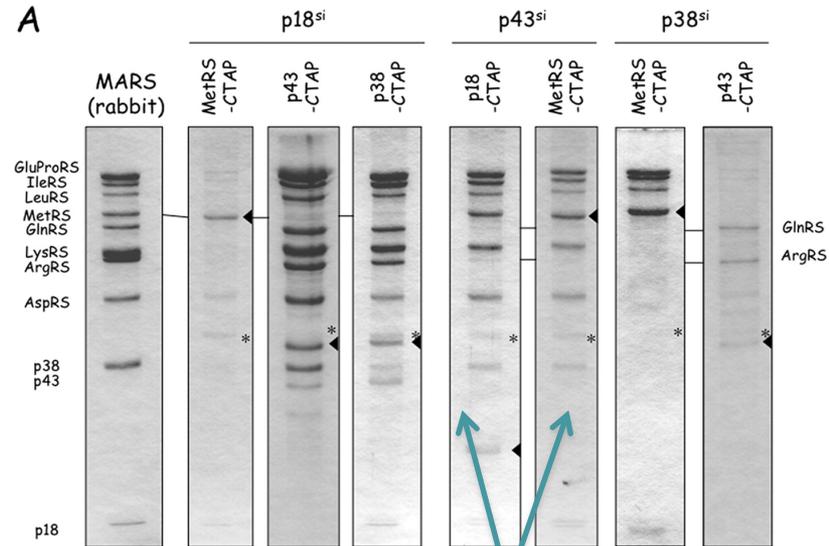
3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

Effect of siRNA on the cellular levels of the MARS components.



Combining TAP and siRNA silencing to probe the assembly of MARS in vivo.

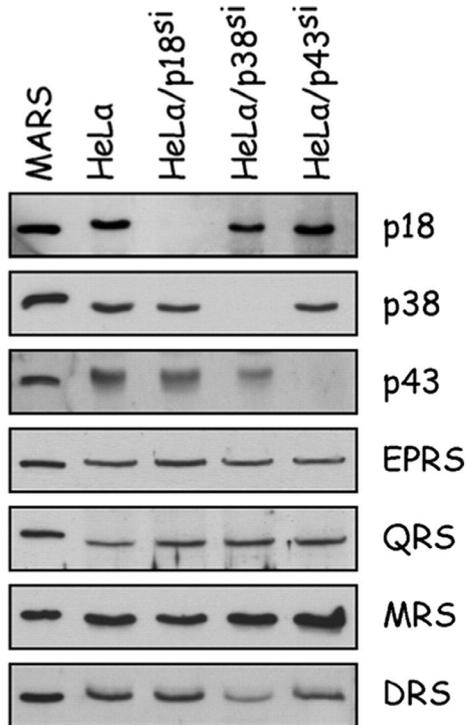


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

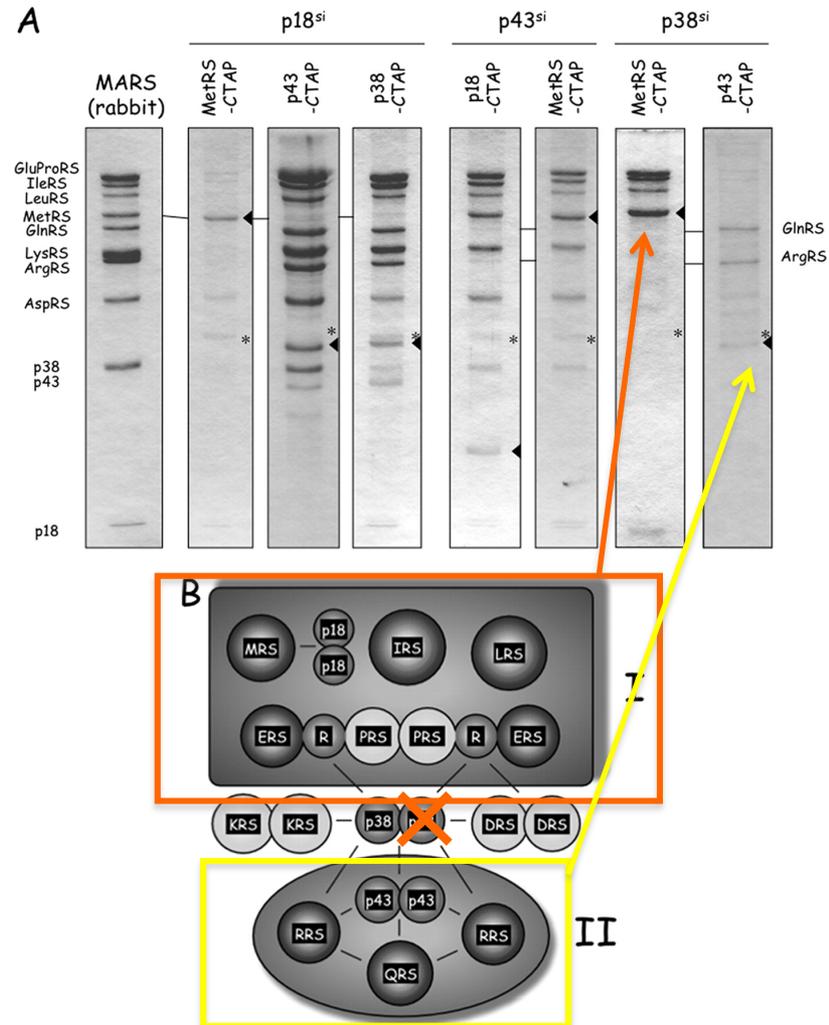
3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

Effect of siRNA on the cellular levels of the MARS components.



Combining TAP and siRNA silencing to probe the assembly of MARS in vivo.

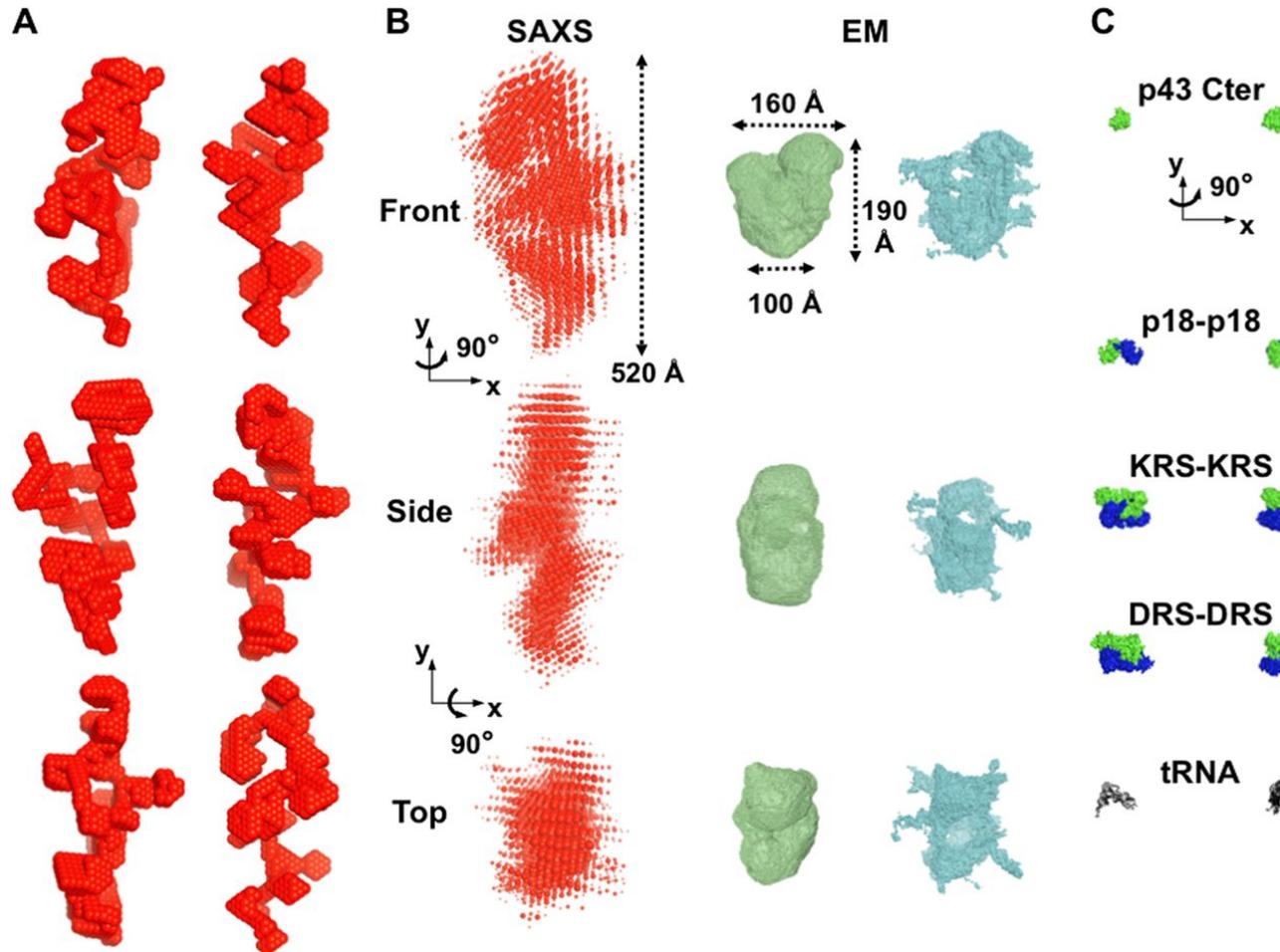


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

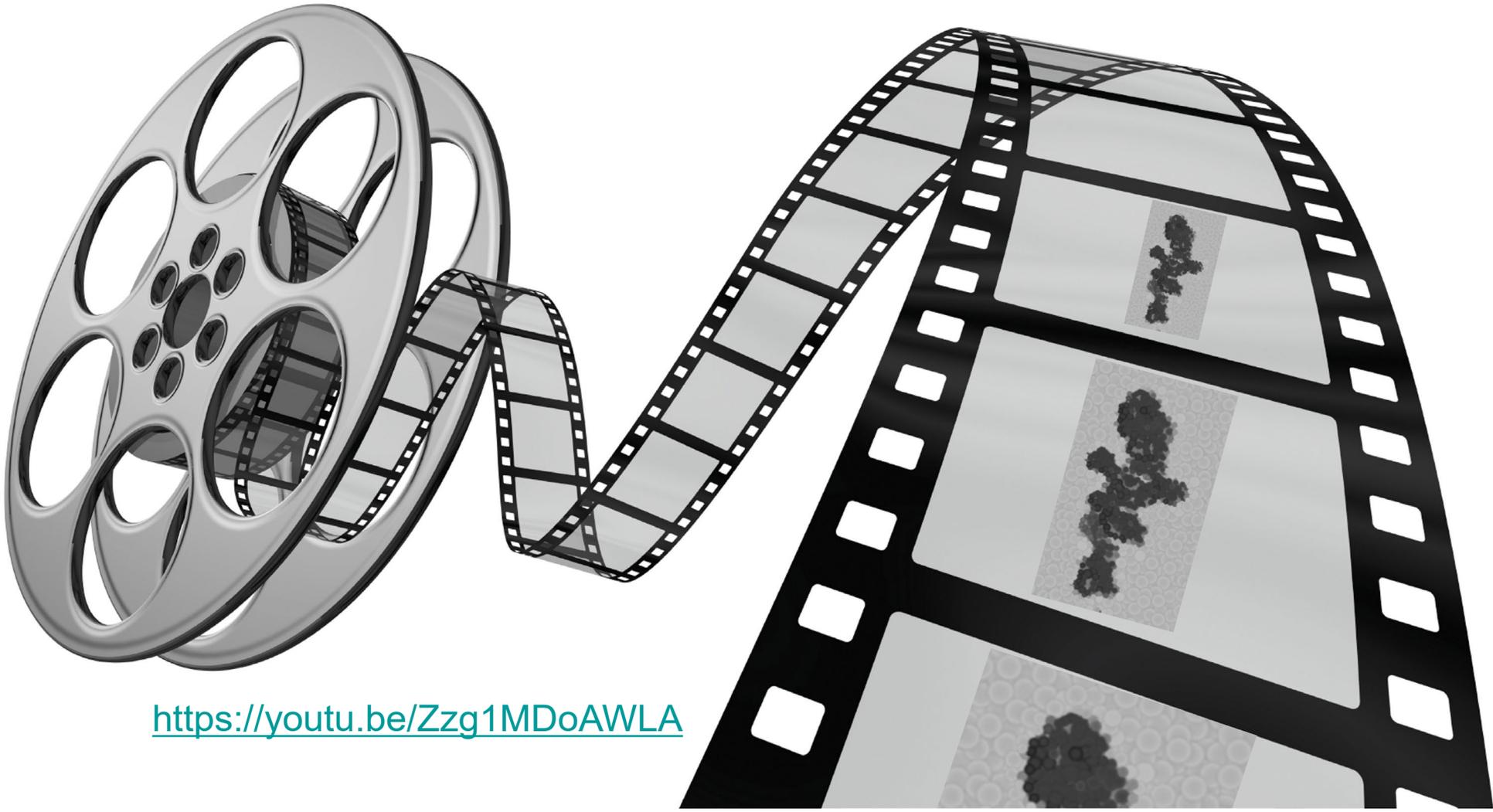
c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

Ab initio SAXS envelopes suggest an elongated and multi-armed shape for MARS particles in solution. molecular mass of MARS has been proposed to be between 1.0 and 1.5 MDa.



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS



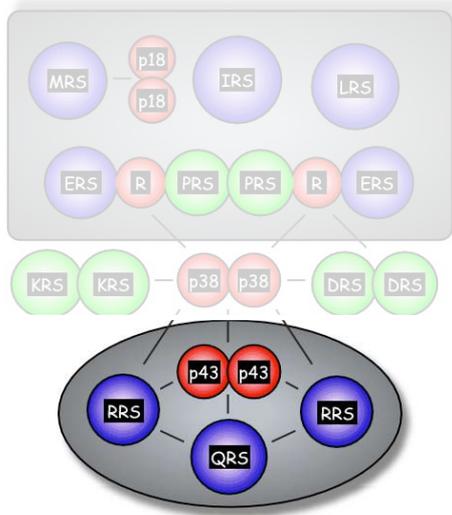
<https://youtu.be/Zzg1MDoAWLA>

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

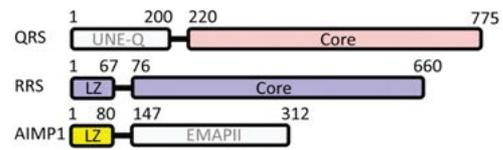
3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

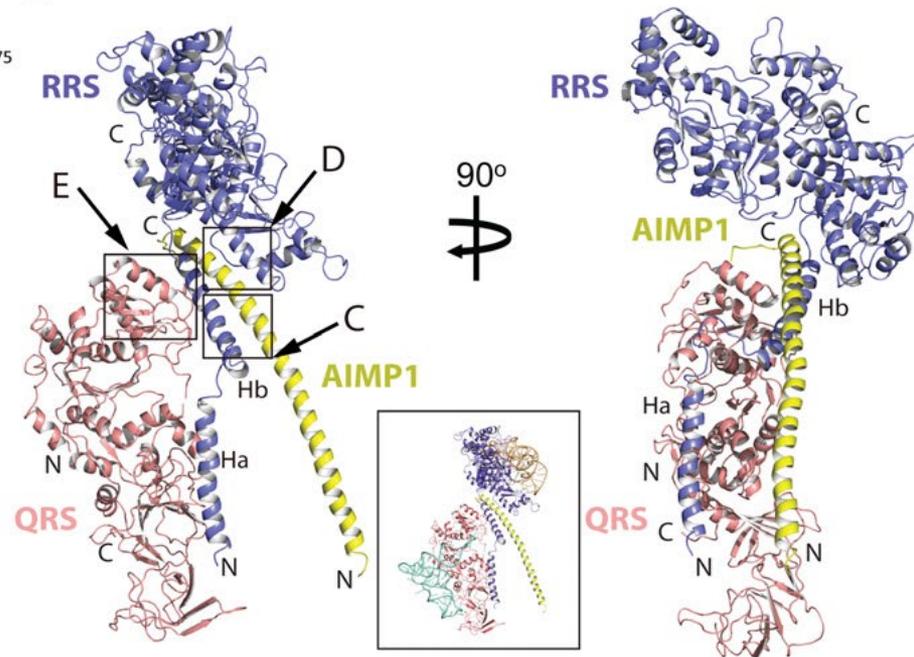
Structure du sous-complexe II



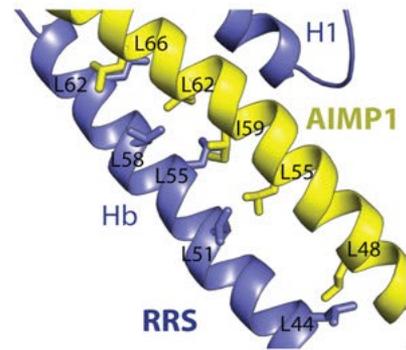
A



B



C

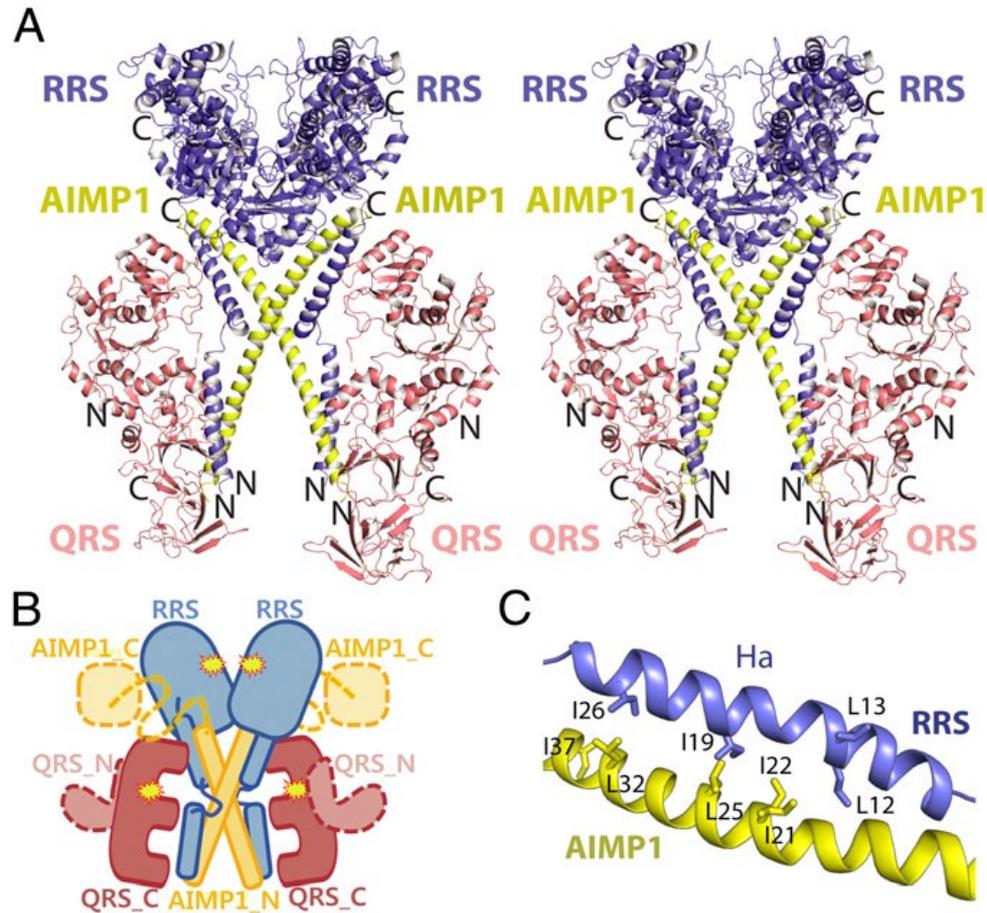


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

Le sous-complexe II forme un hexamère

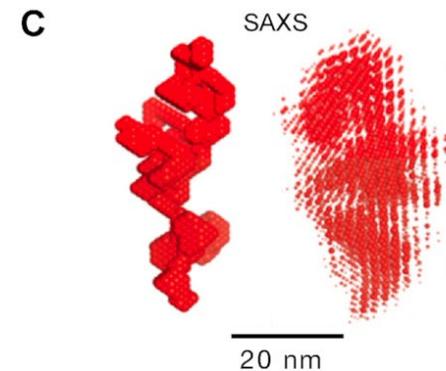
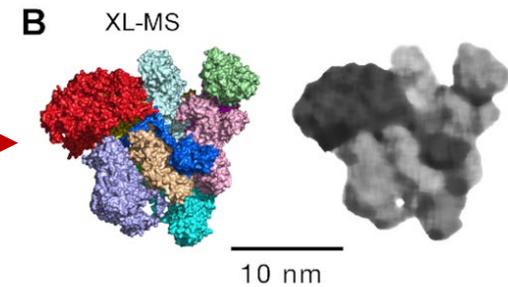
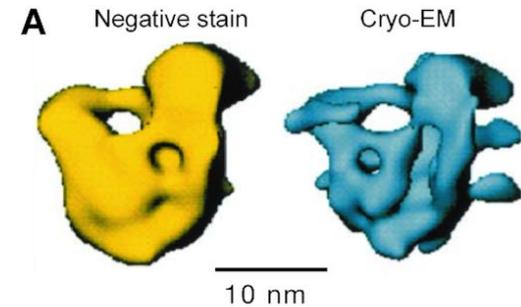
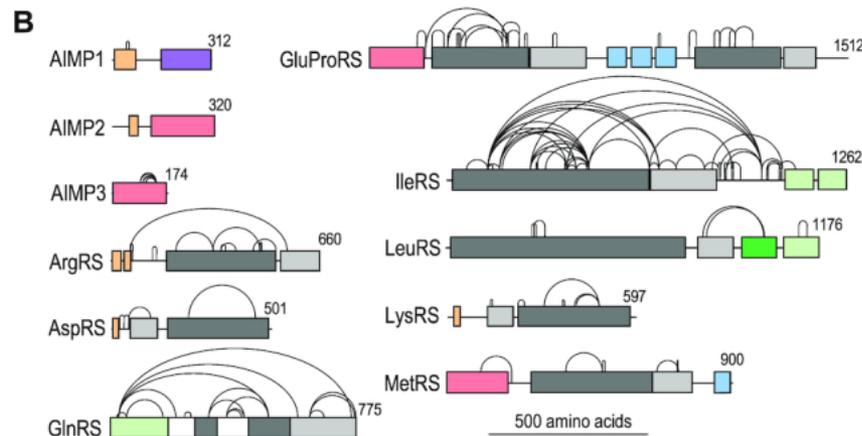
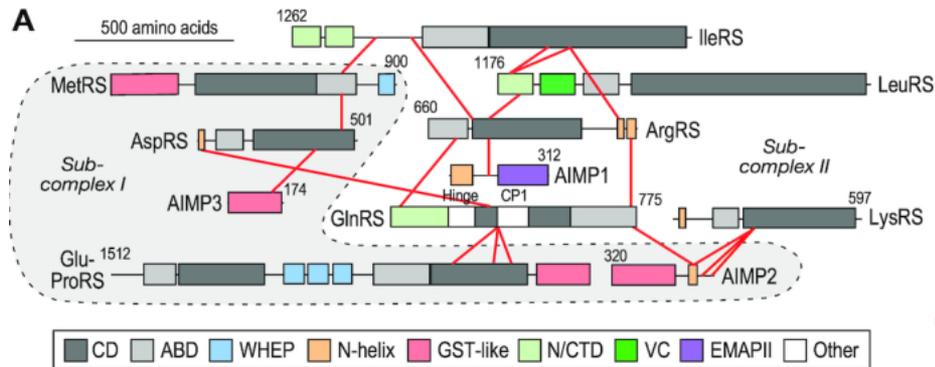
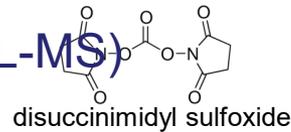


II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)

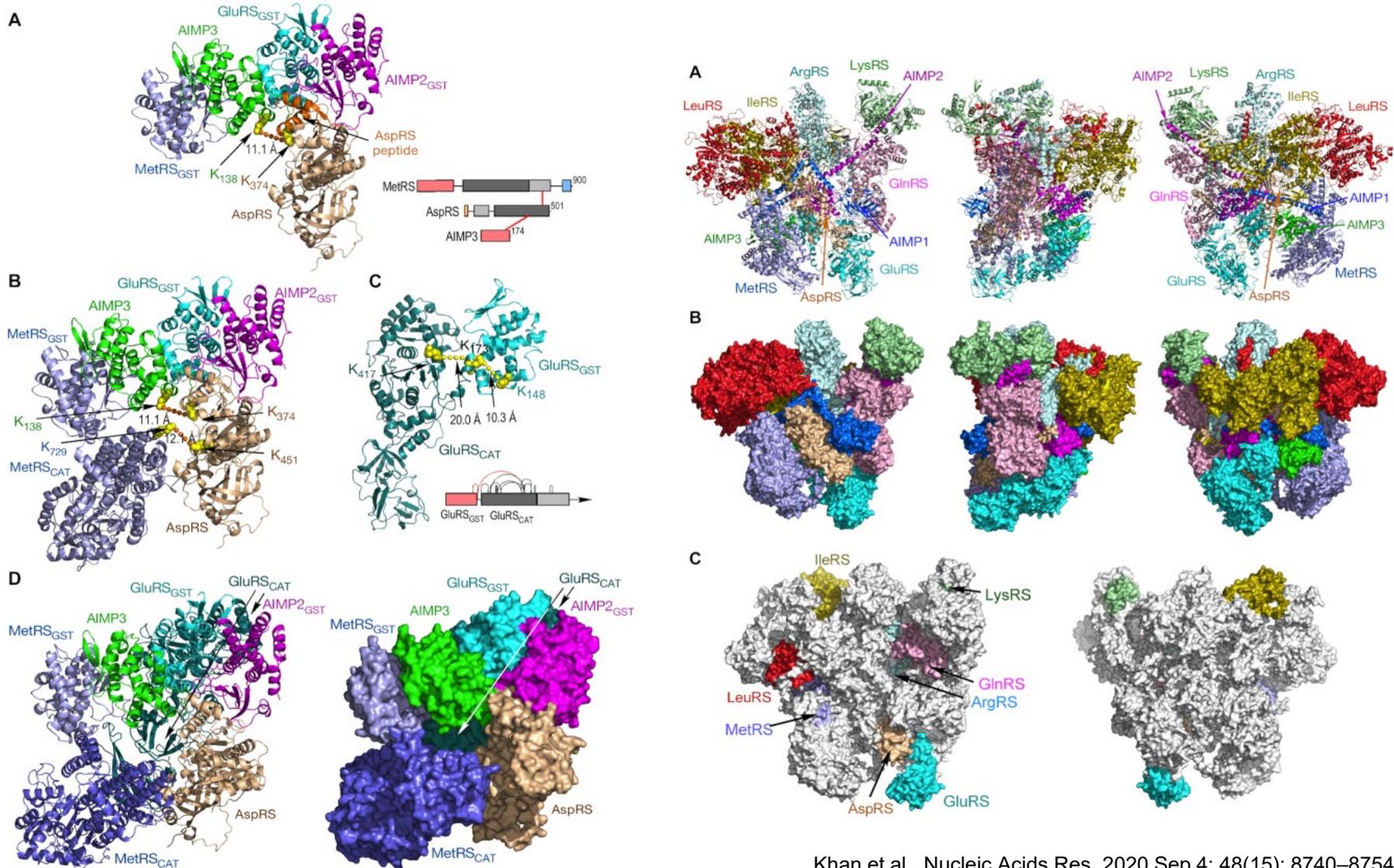
Cross-linking mass spectrometry (XL-MS)



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

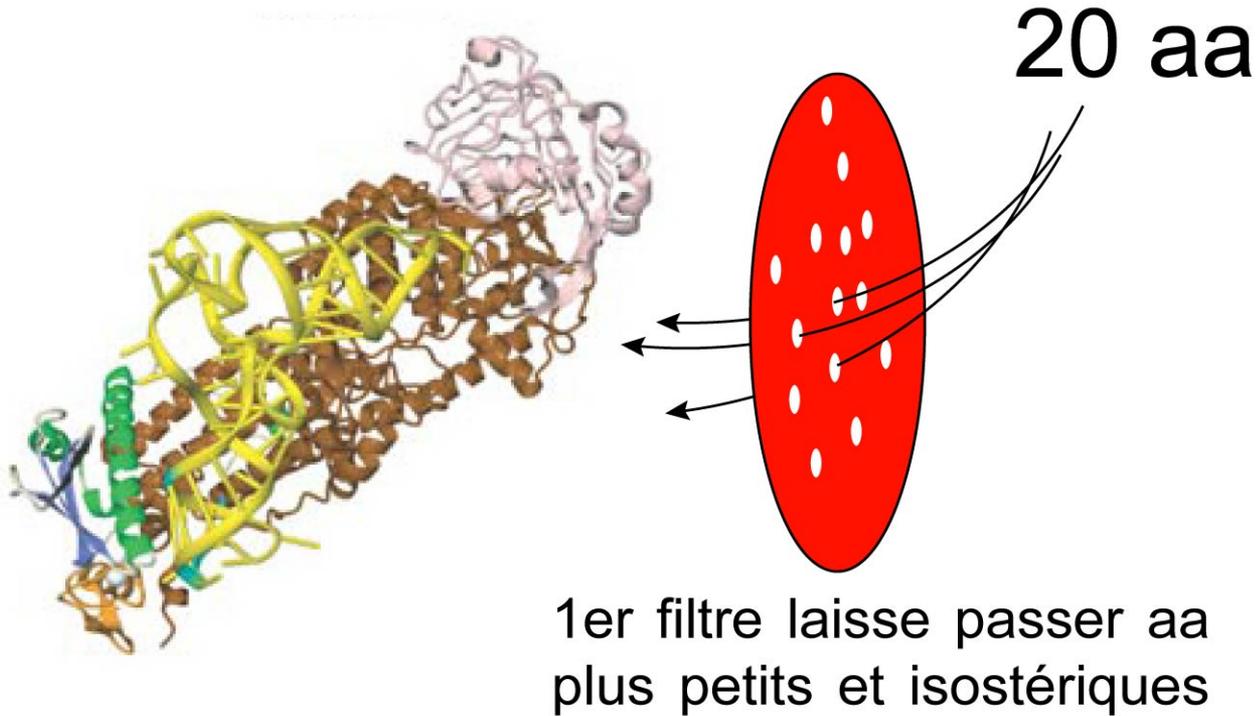
c. Les complexes multisynthétasiques (MSC)



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

d. L'édition des aaRS



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

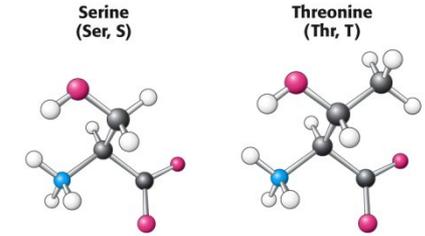
3. Les aaRS

d. L'édition des aaRS

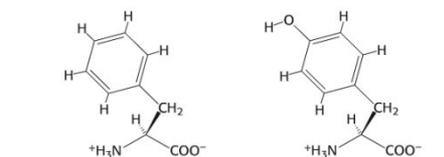
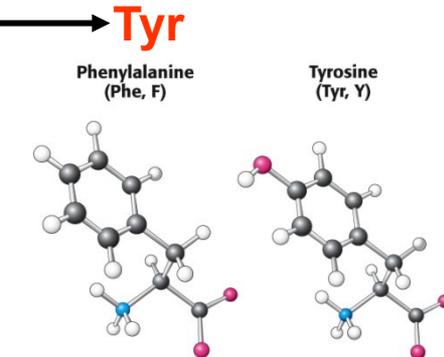
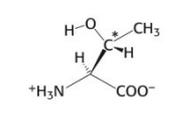
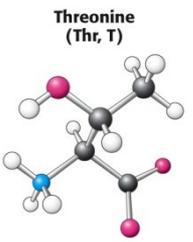
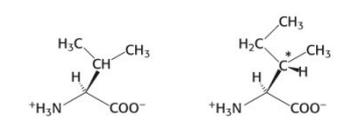
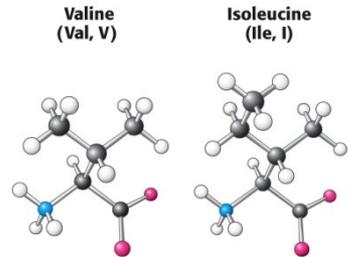
Thr

Val

	CLASSE I	CLASSE II
I a	MetRS α_2, α ValRS α IleRS α LeuRS α CysRS α ArgRS α	SerRS α_2 II a ThrRS α_2 AlaRS α_2, α GlyRS $\alpha_2, \alpha_2, \alpha_2\beta_2$ ProRS α_2 HisRS α_2
I b	GluRS α GlnRS α LysRS α^*	AspRS α_2 II b AsnRS α_2 LysRS α_2
I c	TyrRS α_2 TrpRS α_2	PheRS $\alpha_2\beta_2, \alpha$ II c PylRS# SepRS#



Ser

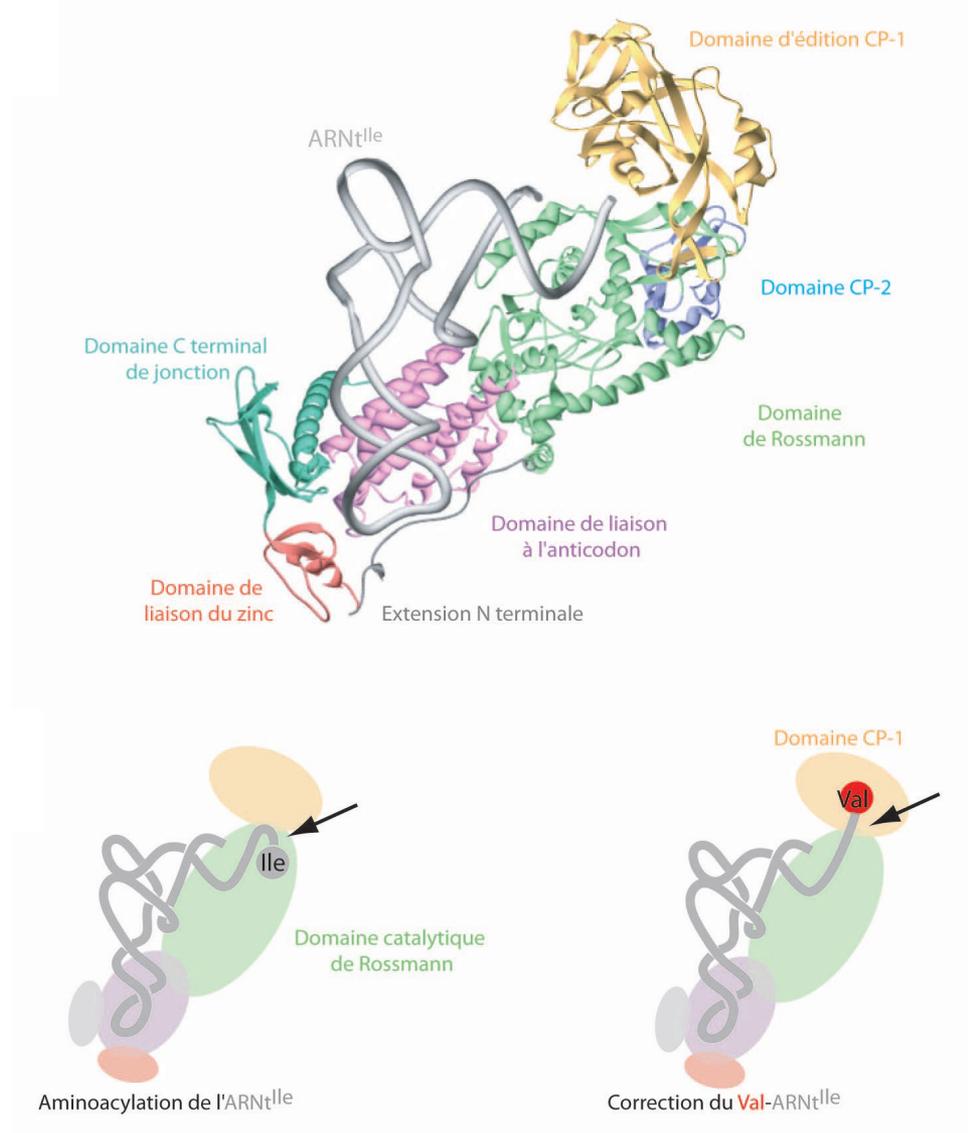
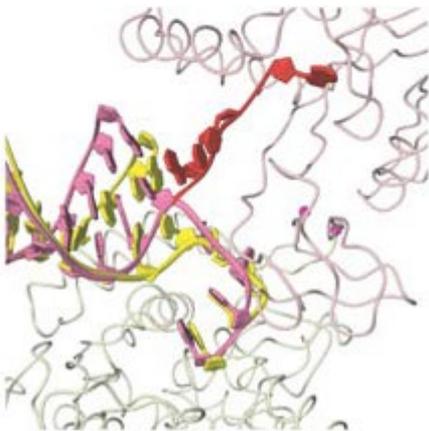
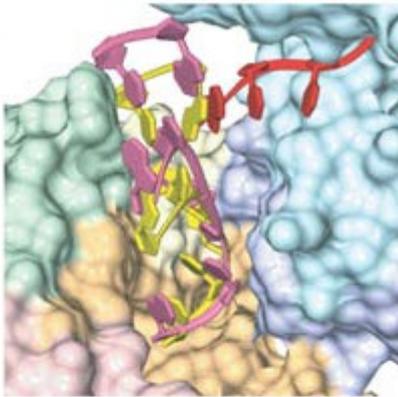


Tyr

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

3. Les aaRS

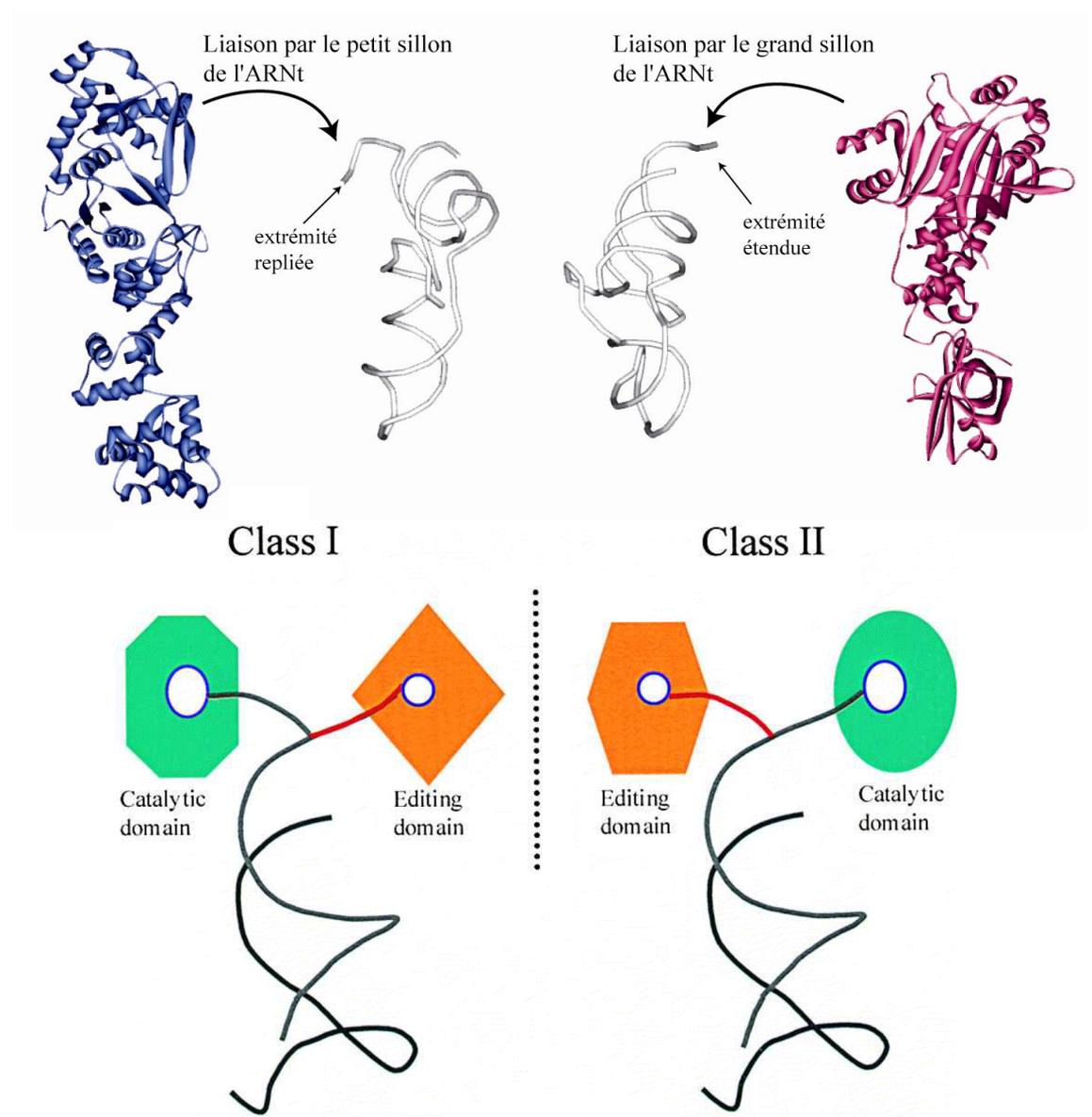
d. L'édition des aaRS



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

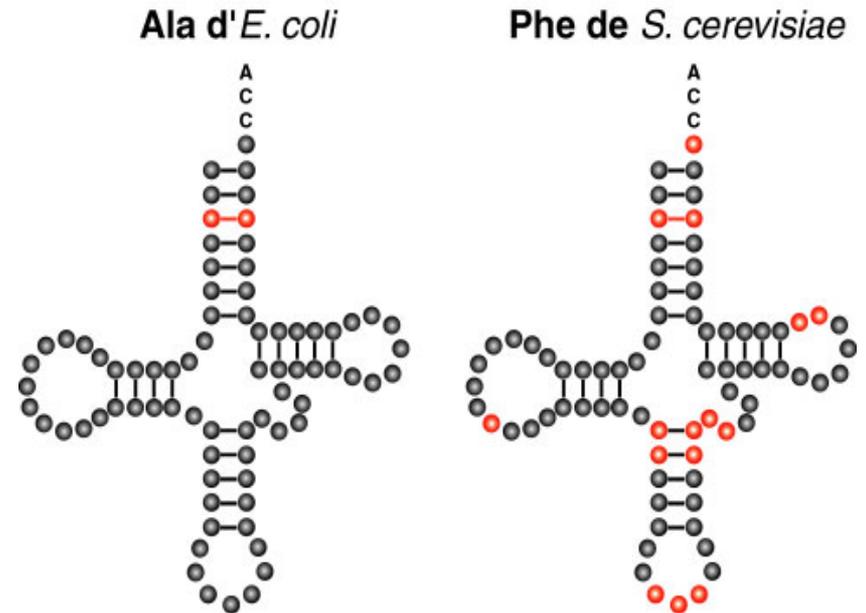
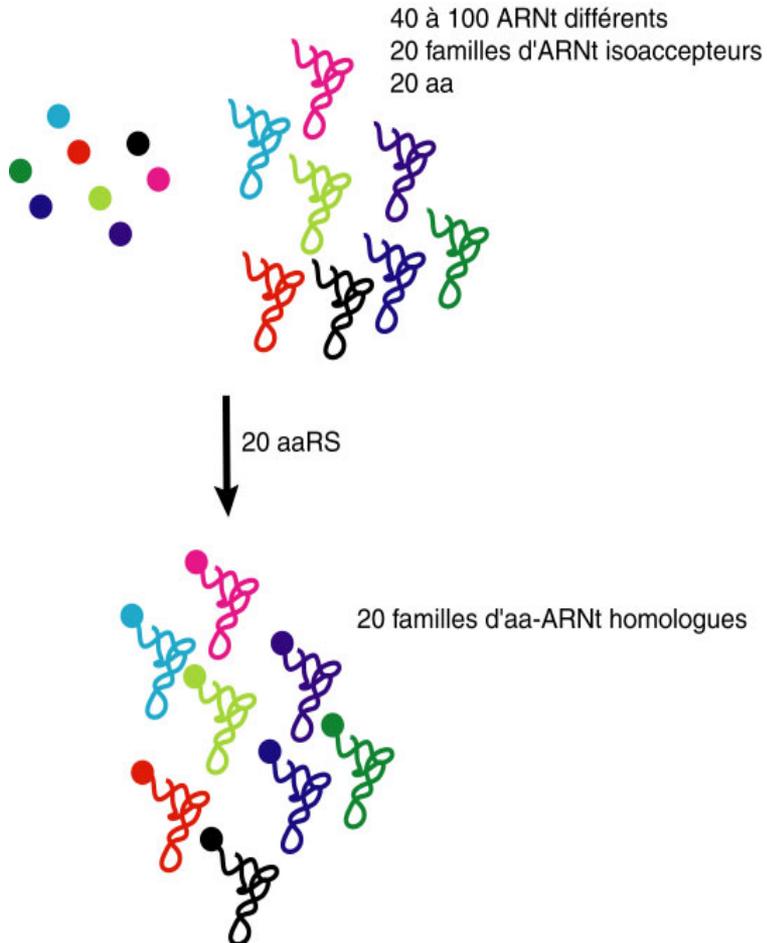
3. Les aaRS

d. L'édition des aaRS



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

4. La spécificité vis-à-vis de l'ARNt: les déterminants d'identité



II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

4. La spécificité vis-à-vis de l'ARNt: les déterminants d'identité

aaRS de classe I					aaRS de classe II				
	E.coli(1)	Levure(2)	Autres(3)	Références		E.coli (1)	Levure (2)	Autres (3)	
Ile	A73 C4-G69, U12-A23, C29-G41 L34,A35, U36, fA37, A38	I34, A35, U36A35,		1- (Muramatsu et coll., 1988; Nureki et coll., 1994; Nureki et coll., 1993; Pallanck et Schulman, 1991) 2- (Senger et coll., 1997)	Gly	U73 G1-C72, C2-G71, G3-C70 C35, C36	A73 G1-C72, C2- G71, G3-C70, G10-C25 C35, C36	U73 G1-C72, C2-G71 G3-C70 C35, C36	1- (Francklyn et coll., 1992; William McClain et coll., 1991; Shimizu et coll., 1992) 2- (Nameki et coll., 1997) 3- (Hippes et Schimmel, 1995; M. H. Mazauric et coll., 1999; M.-H. Mazauric et coll., 1997)
Met	A73 C2-G71, G3-G70, U4- A69, A5-U68 U12-A23 C34, A35, U36	A73 C34, A35, U36, toute la boucle de l'anticodon bras D		1- (C.P. Lee et coll., 1992; Meinnel et coll., 1993; L. H. Schulman et Pelka, 1988; Uemura et coll., 1982) 2- (Senger et coll., 1995; Senger et coll., 1992)	His	G1 C73	G1 A73 G34, U35		1- (Francklyn et Schimmel, 1990; Hyouta Himeno et coll., 1989; Shimizu et coll., 1992; Yan et Francklyn, 1994) 2- (Nameki et coll., 1995; Rudinger et coll., 1992)
Leu	A73 RV U8-A14	A73 RV A35, G37	A73, G3-G70, A4-U69, G5- C68, C20a RV	1- (Asahara et coll., 1993; Normanly et coll., 1992) 2- (Soma et coll., 1996) 3- (Breitschopf et coll., 1995; Breitschopf et Gross, 1994; Soma et coll., 1999)	Pro	A73, G72 G35, G36 G15-C48			1- (Liu et coll., 1995; W. H. McClain et coll., 1994; Shimizu et coll., 1992)
Val	A73 U4-A69, G2-C70 A35, C36	A73 A35		1- (Chu et Horowitz, 1991; Pallanck et Schulman, 1991; Tamura et coll., 1991b; Tamura et coll., 1994) 2- (Florentz et coll., 1991)	Ser	G73 G2-C71, A3-U70, C72 C11-G24 RV	boucle variable U35	boucle variable	1- (Asahara et coll., 1994; H. Himeno et coll., 1990; Normanly et coll., 1986; Normanly et coll., 1992; M. J. Rogers et Söll, 1988; Saks et Sampson, 1996; J.R. Sampson et Saks, 1993) 2- (H. Himeno et coll., 1997) 3- (Achsel et Gross, 1993; Breitschopf et Gross, 1994)
Arg	G73 A20 C35, G36	C35, U36		1- (W.H. McClain et coll., 1990; L.H. Schulman et Pelka, 1989; Tamura et coll., 1992) 2- (Sissler et coll., 1996)	Ala	A73 G2-C71, G3-U70, G4-C69 G20	G3-U70	G3-U70	1- (Francklyn et coll., 1992; Y. M. Hou et Schimmel, 1988; Y. M. Hou et Schimmel, 1989a; W. H. McClain et Foss, 1988a; Shi et coll., 1990; Tamura et coll., 1991a) 2- (Imura et coll., 1969) 3- (Carneiro et coll., 1994; Y.M. Hou et Schimmel, 1989b)
Cys	U73, C3-G70 G34, C35, A36 G15-G48, A13-A22, G2-C71, LV			1- (C.S. Hamann et Hou, 1997; Y.-M. Hou et coll., 1993; Komatsoulis et Abelson, 1993; W.H. McClain, 1993; Pallanck et coll., 1992; Shimizu et coll., 1992)	Thr	G1-C72, C2-G71 G34, G35, U36	G1-C72 G35, U36	U73, G1-C72 G35, U36	1- (Hasegawa et coll., 1992; L. H. Schulman et Pelka, 1990) 2- (Nameki et coll., 1995) 3- (Nameki et coll., 1996)
Gln	G73 U1-A72, G2-C71, G3- C70 G10 mnm ⁵ s ² U34, U35, G36, A37, U38			1- (Hayase et coll., 1992; M. Jahn et coll., 1991) (Ibba et coll., 1996)	Asp	G73 C2-G71 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G2-C71 G10-C25 G34, U35, C36 C38	1- (Hasegawa et coll., 1989; Nameki et coll., 1992) 2- (Frugier et coll., 1994; Joern Pütz et coll., 1991) 3- (Becker et coll., 1996)
Glu	G1-C72, U2-A71 mnm ⁵ s ² U34, U35, C36, A37 U11-A24, U13/G22- A46			1- (Gregory et Dahlberg, 1995; Normanly et coll., 1990; Sekine et coll., 1996) (Sylvers et coll., 1993) (Madore et coll., 1999)	Asn	G73 G34, U35, U36			1- (Li et coll., 1993; Shimizu et coll., 1992)
Trp	G73 A1-A72, C2-C70, G3- C70 C34, C35, U36	C34, C35	G73 A1-U72, G5- C68, A9 C34, C35, A36	1- (H. Himeno et coll., 1991); (Pak et coll., 1992; Pak et coll., 1994; M.J. Rogers et coll., 1992) 2- (Yesland et Johnson, 1993) 3- (Xue et coll., 1993)	Lys	A73 mnm ⁵ s ² U34, U35, U36			1- (W.H. McClain et coll., 1990; Normanly et coll., 1990; Tamura et coll., 1992)
Tyr	A73 U35 RV	A73 C1-G72 G34, U35	A73 C1G72	1- (H. Himeno et coll., 1990; Sherman et coll., 1992) 2- (Bare et Uhlenbeck, 1986; C.P. Lee et RajBhandary, 1991)	Phe	A73 G27-C43, G28-C42 U20 G34, A35, A36 U44, U45, U59, U60	A73 G34, A35, A36, i6A37 G20	A73 G34, A35, A36 G20, A31-U39	1- (W. H. McClain et Foss, 1988b; Pallanck et Schulman, 1991; Tinkle Peterson et coll., 1993; Tinkle-Peterson et Uhlenbeck, 1992) 2- (Frugier et coll., 1998; J.R. Sampson et coll., 1992; J. R. Sampson et coll., 1989) 3- (Moor et coll., 1995; Moor et coll., 1994; Nazarenko et coll., 1992)

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

4. La spécificité vis-à-vis de l'ARNt: les déterminants d'identité

aaRS de classe I					aaRS de classe II				
	E.coli(1)	Levure(2)	Autres(3)	Références		E.coli (1)	Levure (2)	Autres (3)	
Ile	A73 C4-G69, U12-A23, C29-G41 L34,A35, U36, fA37, A38	I34, A35, U36A35,		1- (Muramatsu et coll., 1988; Nureki et coll., 1994; Nureki et coll., 1993; Pallanck et Schulman, 1991) 2- (Senger et coll., 1997)	Gly	U73 G1-C72, C2-G71, G3-C70 C35, C36	A73 G1-C72, C2- G71, G3-C70, G10-C25 C35, C36	U73 G1-C72, C2-G71 G3-C70 C35, C36	1- (Francklyn et coll., 1992; William McClain et coll., 1991; Shimizu et coll., 1992) 2- (Nameki et coll., 1997) 3- (Hippes et Schimmel, 1995; M. H. Mazauric et coll., 1999; M.-H. Mazauric et coll., 1997)
Met	A73 C2-G71, G3-G70, U4- A69, A5-U68 U12-A23 C34, A35, U36	A73 C34, A35, U36, toute la boucle de l'anticodon bras D		1- (C.P. Lee et coll., 1992; Meinel et coll., 1993; L. H. Schulman et Pelka, 1988; Uemura et coll., 1982) 2- (Senger et coll., 1995; Senger et coll., 1992)	His	G1 C73	G1 A73 G34, U35		1- (Francklyn et Schimmel, 1990; Hyouta Himeno et coll., 1989; Shimizu et coll., 1992; Yan et Francklyn, 1994) 2- (Nameki et coll., 1995; Rudinger et coll., 1992)
Leu	A73 RV U8-A14	A73 RV A35, G37	A73, G3-G70, A4-U69, G5- C68, C20a RV	1- (Asahara et coll., 1993; Normanly et coll., 1992) 2- (Soma et coll., 1996) 3- (Breitschopf et coll., 1995; Breitschopf et Gross, 1994; Soma et coll., 1999)	Pro	A73, G72 G35, G36 G15-C48			1- (Liu et coll., 1995; W. H. McClain et coll., 1994; Shimizu et coll., 1992)
Val	A73 U4-A69, G2-C70 A35, C36	A73 A35		1- (Chu et Horowitz, 1991; Pallanck et Schulman, 1991; Tamura et coll., 1991b; Tamura et coll., 1994) 2- (Florentz et coll., 1991)	Ser	G73 G2-C71, A3-U70, C72 C11-G24 RV	boucle variable U35	boucle variable	1- (Asahara et coll., 1994; H. Himeno et coll., 1990; Normanly et coll., 1986; Normanly et coll., 1992; M. J. Rogers et Söll, 1988; Saks et Sampson, 1996; J.R. Sampson et Saks, 1993) 2- (H. Himeno et coll., 1997) 3- (Achsel et Gross, 1993; Breitschopf et Gross, 1994)
Arg	G73 A20 C35, G36	C35, U36		1- (W.H. McClain et coll., 1990; L.H. Schulman et Pelka, 1989; Tamura et coll., 1992) 2- (Sissler et coll., 1996)	Ala	A73 G2-C71, G3-U70, G4-C69 G20	G3-U70	G3-U70	1- (Francklyn et coll., 1992; Y. M. Hou et Schimmel, 1988; Y. M. Hou et Schimmel, 1989a; W. H. McClain et Foss, 1988a; Shi et coll., 1990; Tamura et coll., 1991a) 2- (Imura et coll., 1969) 3- (Carneiro et coll., 1994; Y.M. Hou et Schimmel, 1989b)
Cys	U73, C3-G70 G34, C35, A36 G15-G48, A13-A22, G2-C71, LV			1- (C.S. Hamann et Hou, 1997; Y.-M. Hou et coll., 1993; Komatsoulis et Abelson, 1993; W.H. McClain, 1993; Pallanck et coll., 1992; Shimizu et coll., 1992)	Thr	G1-C72, C2-G71 G34, G35, U36	G1-C72 G35, U36	U73, G1-C72 G35, U36	1- (Hasegawa et coll., 1992; L. H. Schulman et Pelka, 1990) 2- (Nameki et coll., 1995) 3- (Nameki et coll., 1996)
Gln	G73 U1-A72, G2-C71, G3- C70 G10 mnm ⁵ s ² U34, U35, G36, A37, U28			1- (Hayase et coll., 1992; M. Jahn et coll., 1991) (Ibba et coll., 1996)	Asp	G73 C2-G71 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G2-C71 G10-C25 G34, U35, C36 C38	1- (Hasegawa et coll., 1989; Nameki et coll., 1992) 2- (Frugier et coll., 1994; Joern Pütz et coll., 1991) 3- (Becker et coll., 1996)
Glu	G1-C72, U2-A71 mnm ⁵ s ² U34, U35, C36, A37 U11-A24, U13/G22- A46			1- (Gregory et Dahlberg, 1995; Normanly et coll., 1990; Sekine et coll., 1996) (Sylvers et coll., 1993) (Madore et coll., 1999)	Asn	G73 G34, U35, U36			1- (Li et coll., 1993; Shimizu et coll., 1992)
Trp	G73 A1-A72, C2-C70, G3- C70 C34, C35, U36	C34, C35	G73 A1-U72, G5- C68, A9 C34, C35, A36	1- (H. Himeno et coll., 1991); (Pak et coll., 1992; Pak et coll., 1994; M.J. Rogers et coll., 1992) 2- (Yesland et Johnson, 1993) 3- (Xue et coll., 1993)	Lys	A73 mnm ⁵ s ² U34, U35, G36			1- (W.H. McClain et coll., 1990; Normanly et coll., 1990; Tamura et coll., 1992)
Tyr	A73 U35 RV	A73 C1-G72 G34, U35	A73 C1G72	1- (H. Himeno et coll., 1990; Sherman et coll., 1992) 2- (Bare et Uhlenbeck, 1986; C.P. Lee et RajBhandary, 1991)	Phe	A73 G27-C43, G28-C42 U20 G34, A35, A36 U44, U45, U59, U60	A73 G34, A35, A36, i6A37 G20	A73 G34, A35, A36 G20, A31-U39	1- (W. H. McClain et Foss, 1988b; Pallanck et Schulman, 1991; Tinkle Peterson et coll., 1993; Tinkle-Peterson et Uhlenbeck, 1992) 2- (Frugier et coll., 1998; J.R. Sampson et coll., 1992; J. R. Sampson et coll., 1989) 3- (Moor et coll., 1995; Moor et coll., 1994; Nazarenko et coll., 1992)

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

4. La spécificité vis-à-vis de l'ARNt: les déterminants d'identité

aaRS de classe I					aaRS de classe II				
	E.coli(1)	Levure(2)	Autres(3)	Références		E.coli (1)	Levure (2)	Autres (3)	
Ile	A73 C4-G69, U12-A23, C29-G41 L34,A35, U36, fA37, A38	I34, A35, U36A35,		1- (Muramatsu et coll., 1988; Nureki et coll., 1994; Nureki et coll., 1993; Pallanck et Schulman, 1991) 2- (Senger et coll., 1997)	Gly	U73 G1-C72, C2-G71, G3-C70 C35, C36	A73 G1-C72, C2- G71, G3-C70, G10-C25 C35, C36	U73 G1-C72, C2-G71 G3-C70 C35, C36	1- (Francklyn et coll., 1992; William McClain et coll., 1991; Shimizu et coll., 1992) 2- (Nameki et coll., 1997) 3- (Hippes et Schimmel, 1995; M. H. Mazauric et coll., 1999; M.-H. Mazauric et coll., 1997)
Met	A73 C2-G71, G3-G70, U4- A69, A5-U68 U12-A23 C34, A35, U36	A73 C34, A35, U36, toute la boucle de l'anticodon bras D		1- (C.P. Lee et coll., 1992; Meinnel et coll., 1993; L. H. Schulman et Pelka, 1988; Uemura et coll., 1982) 2- (Senger et coll., 1995; Senger et coll., 1992)	His	G1 C73	G1 A73 G34, U35		1- (Francklyn et Schimmel, 1990; Hyouta Himeno et coll., 1989; Shimizu et coll., 1992; Yan et Francklyn, 1994) 2- (Nameki et coll., 1995; Rudinger et coll., 1992)
Leu	A73 RV U8-A14	A73 RV A35, G37	A73, G3-G70, A4-U69, G5- C68, C20a RV	1- (Asahara et coll., 1993; Normanly et coll., 1992) 2- (Soma et coll., 1996) 3- (Breitschopf et coll., 1995; Breitschopf et Gross, 1994; Soma et coll., 1999)	Pro	A73, G72 G35, G36 G15-C48			1- (Liu et coll., 1995; W. H. McClain et coll., 1994; Shimizu et coll., 1992)
Val	A73 U4-A69, G2-C70 A35, C36	A73 A35		1- (Chu et Horowitz, 1991; Pallanck et Schulman, 1991; Tamura et coll., 1991b; Tamura et coll., 1994) 2- (Florentz et coll., 1991)	Ser	G73 G2-C71, A3-U70, C72 C11-G24 RV	boucle variable U35	boucle variable	1- (Asahara et coll., 1994; H. Himeno et coll., 1990; Normanly et coll., 1986; Normanly et coll., 1992; M. J. Rogers et Söll, 1988; Saks et Sampson, 1996; J.R. Sampson et Saks, 1993) 2- (H. Himeno et coll., 1997) 3- (Achsel et Gross, 1993; Breitschopf et Gross, 1994)
Arg	G73 A20 C35, G36	C35, U36		1- (W.H. McClain et coll., 1990; L.H. Schulman et Pelka, 1989; Tamura et coll., 1992) 2- (Sissler et coll., 1996)	Ala	A73 G2-C71, G3-U70, G4-C69 G20	G3-U70	G3-U70	1- (Francklyn et coll., 1992; Y. M. Hou et Schimmel, 1988; Y. M. Hou et Schimmel, 1989a; W. H. McClain et Foss, 1988a; Shi et coll., 1990; Tamura et coll., 1991a) 2- (Imura et coll., 1969) 3- (Carneiro et coll., 1994; Y.M. Hou et Schimmel, 1989b)
Cys	U73, C3-G70 G34, C35, A36 G15-G48, A13-A22, G2-C71, LV			1- (C.S. Hamann et Hou, 1997; Y.-M. Hou et coll., 1993; Komatsoulis et Abelson, 1993; W.H. McClain, 1993; Pallanck et coll., 1992; Shimizu et coll., 1992)	Thr	G1-C72, C2-G71 G34, G35, U36	G1-C72 G35, U36	U73, G1-C72 G35, U36	1- (Hasegawa et coll., 1992; L. H. Schulman et Pelka, 1990) 2- (Nameki et coll., 1995) 3- (Nameki et coll., 1996)
Gln	G73 U1-A72, G2-C71, G3- C70 G10 mnm ⁵ s ² U34, U35, G36, A37, U38			1- (Hayase et coll., 1992; M. Jahn et coll., 1991) (Ibba et coll., 1996)	Asp	G73 C2-G71 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G2-C71 G10-C25 G34, U35, C36 C38	1- (Hasegawa et coll., 1989; Nameki et coll., 1992) 2- (Frugier et coll., 1994; Joern Pütz et coll., 1991) 3- (Becker et coll., 1996)
Glu	G1-C72, U2-A71 mnm ⁵ s ² U34, U35, C36, A37 U11-A24, U13/G22- A46			1- (Gregory et Dahlberg, 1995; Normanly et coll., 1990; Sekine et coll., 1996) (Sylvers et coll., 1993) (Madore et coll., 1999)	Asn	G73 G34, U35, U36			1- (Li et coll., 1993; Shimizu et coll., 1992)
Trp	G73 A1-A72, C2-C70, G3- C70 C34, C35, U36	C34, C35	G73 A1-U72, G5- C68, A9 C34, C35, A36	1- (H. Himeno et coll., 1991); (Pak et coll., 1992; Pak et coll., 1994; M.J. Rogers et coll., 1992) 2- (Yesland et Johnson, 1993) 3- (Xue et coll., 1993)	Lys	A73 mnm ⁵ s ² U34, U35, U36			1- (W.H. McClain et coll., 1990; Normanly et coll., 1990; Tamura et coll., 1992)
Tyr	A73 U35 RV	A73 C1-G72 G34, U35	A73 C1G72	1- (H. Himeno et coll., 1990; Sherman et coll., 1992) 2- (Bare et Uhlenbeck, 1986; C.P. Lee et RajBhandary, 1991)	Phe	A73 G27-C43, G28-C42 U20 G34, A35, A36 U44, U45, U59, U60	A73 G34, A35, A36, i6A37 G20	A73 G34, A35, A36 G20, A31-U39	1- (W. H. McClain et Foss, 1988b; Pallanck et Schulman, 1991; Tinkle Peterson et coll., 1993; Tinkle-Peterson et Uhlenbeck, 1992) 2- (Frugier et coll., 1998; J.R. Sampson et coll., 1992; J. R. Sampson et coll., 1989) 3- (Moor et coll., 1995; Moor et coll., 1994; Nazarenko et coll., 1992)

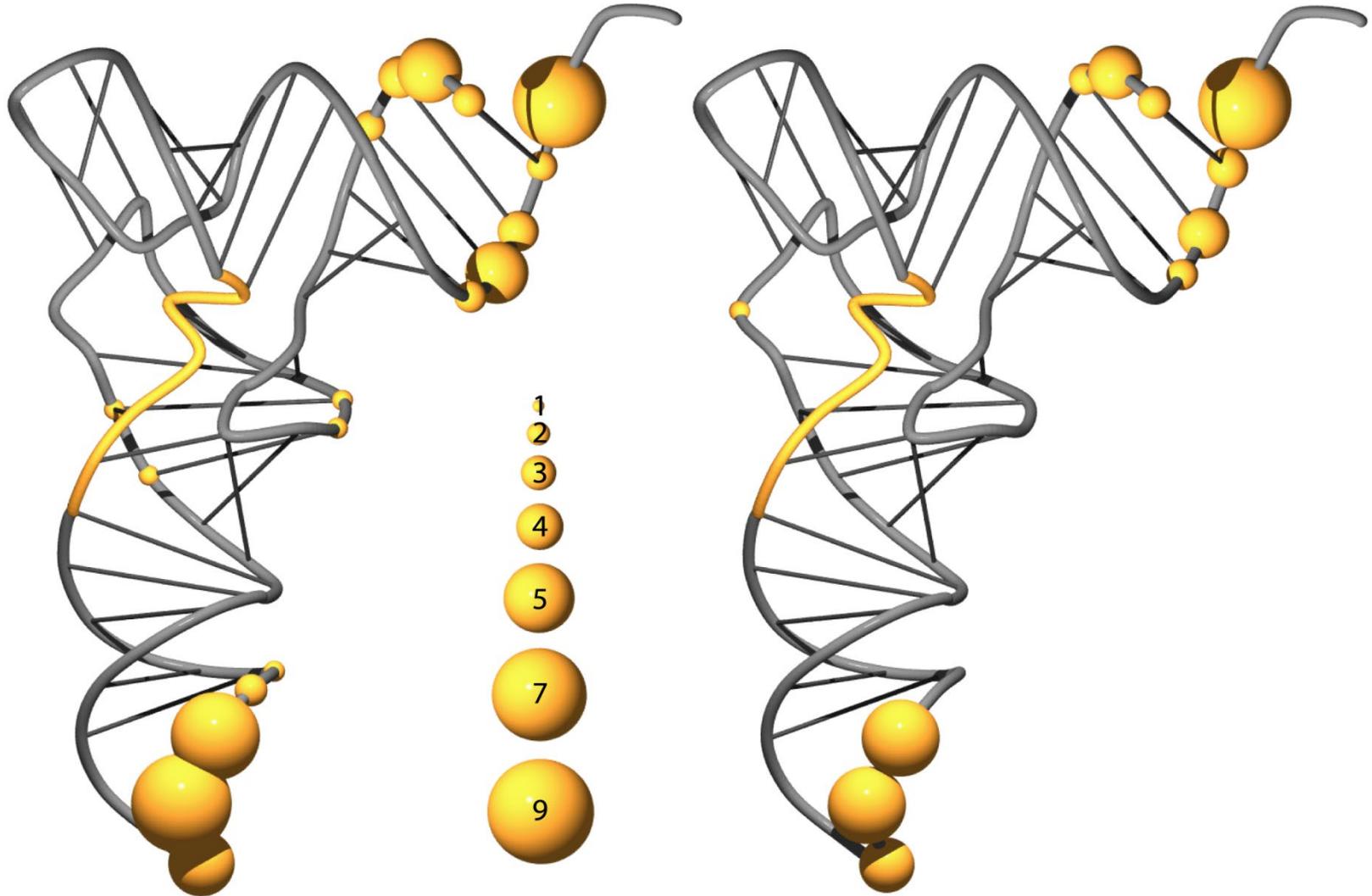
II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

4. La spécificité vis-à-vis de l'ARNt: les déterminants d'identité

aaRS de classe I					aaRS de classe II				
	E.coli(1)	Levure(2)	Autres(3)	Références		E.coli (1)	Levure (2)	Autres (3)	
Ile	A73 C4-G69, U12-A23, C29-G41 L34,A35, U36, fA37, A38	I34, A35, U36A35,		1- (Muramatsu et coll., 1988; Nureki et coll., 1994; Nureki et coll., 1993; Pallanck et Schulman, 1991) 2- (Senger et coll., 1997)	Gly	U73 G1-C72, C2-G71, G3-C70 C35, C36	A73 G1-C72, C2- G71, G3-C70, G10-C25 C35, C36	U73 G1-C72, C2-G71 G3-C70 C35, C36	1- (Francklyn et coll., 1992; William McClain et coll., 1991; Shimizu et coll., 1992) 2- (Nameki et coll., 1997) 3- (Hippes et Schimmel, 1995; M. H. Mazauric et coll., 1999; M.-H. Mazauric et coll., 1997)
Met	A73 C2-G71, G3-G70, U4- A69, A5-U68 U12-A23 C34, A35, U36	A73 C34, A35, U36, toute la boucle de l'anticodon bras D		1- (C.P. Lee et coll., 1992; Meinnel et coll., 1993; L. H. Schulman et Pelka, 1988; Uemura et coll., 1982) 2- (Senger et coll., 1995; Senger et coll., 1992)	His	G1 C73	G1 A73 G34, U35		1- (Francklyn et Schimmel, 1990; Hyouta Himeno et coll., 1989; Shimizu et coll., 1992; Yan et Francklyn, 1994) 2- (Nameki et coll., 1995; Rudinger et coll., 1992)
Leu	A73 RV U8-A14	A73 RV A35, G37	A73, G3-G70, A4-U69, G5- C68, C20a RV	1- (Asahara et coll., 1993; Normanly et coll., 1992) 2- (Soma et coll., 1996) 3- (Breitschopf et coll., 1995; Breitschopf et Gross, 1994; Soma et coll., 1999)	Pro	A73, G72 G35, G36 G15-C48			1- (Liu et coll., 1995; W. H. McClain et coll., 1994; Shimizu et coll., 1992)
Val	A73 U4-A69, G2-C70 A35, C36	A73 A35		1- (Chu et Horowitz, 1991; Pallanck et Schulman, 1991; Tamura et coll., 1991b; Tamura et coll., 1994) 2- (Florentz et coll., 1991)	Ser	G73 G2-C71, A3-U70, C72 C11-G24 RV	boucle variable U35	boucle variable	1- (Asahara et coll., 1994; H. Himeno et coll., 1990; Normanly et coll., 1986; Normanly et coll., 1992; M. J. Rogers et Söll, 1988; Saks et Sampson, 1996; J.R. Sampson et Saks, 1993) 2- (H. Himeno et coll., 1997) 3- (Achsel et Gross, 1993; Breitschopf et Gross, 1994)
Arg	G73 A20 C35, G36	C35, U36		1- (W.H. McClain et coll., 1990; L.H. Schulman et Pelka, 1989; Tamura et coll., 1992) 2- (Sissler et coll., 1996)	Ala	A73 G2-C71, G3-U70, G4-C69 G20	G3-U70	G3-U70	1- (Francklyn et coll., 1992; Y. M. Hou et Schimmel, 1988; Y. M. Hou et Schimmel, 1989a; W. H. McClain et Foss, 1988a; Shi et coll., 1990; Tamura et coll., 1991a) 2- (Imura et coll., 1969) 3- (Carneiro et coll., 1994; Y.M. Hou et Schimmel, 1989b)
Cys	U73, C3-G70 G34, C35, A36 G15-G48, A13-A22, G2-C71, LV			1- (C.S. Hamann et Hou, 1997; Y.-M. Hou et coll., 1993; Komatsoulis et Abelson, 1993; W.H. McClain, 1993; Pallanck et coll., 1992; Shimizu et coll., 1992)	Thr	G1-C72, C2-G71 G34, G35, U36	G1-C72 G35, U36	U73, G1-C72 G35, U36	1- (Hasegawa et coll., 1992; L. H. Schulman et Pelka, 1990) 2- (Nameki et coll., 1995) 3- (Nameki et coll., 1996)
Gln	G73 U1-A72, G2-C71, G3- C70 G10 mnm ⁵ s ² U34, U35, G36, A37, U38			1- (Hayase et coll., 1992; M. Jahn et coll., 1991) (Ibba et coll., 1996)	Asp	G73 C2-G71 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G10-U25 G34, U35, C36, C38	G73 G2-C71 G10-C25 G34, U35, C36 C38	1- (Hasegawa et coll., 1989; Nameki et coll., 1992) 2- (Frugier et coll., 1994; Joern Pütz et coll., 1991) 3- (Becker et coll., 1996)
Glu	G1-C72, U2-A71 mnm ⁵ s ² U34, U35, C36, A37 U11-A24, U13/G22- A46			1- (Gregory et Dahlberg, 1995; Normanly et coll., 1990; Sekine et coll., 1996) (Sylvers et coll., 1993) (Madore et coll., 1999)	Asn	G73 G34, U35, U36			1- (Li et coll., 1993; Shimizu et coll., 1992)
Trp	G73 A1-A72, C2-C70, G3- C70 C34, C35, U36	C34, C35	G73 A1-U72, G5- C68, A9 C34, C35, A36	1- (H. Himeno et coll., 1991); (Pak et coll., 1992; Pak et coll., 1994; M.J. Rogers et coll., 1992) 2- (Yesland et Johnson, 1993) 3- (Xue et coll., 1993)	Lys	A73 mnm ⁵ s ² U34, U35, U36			1- (W.H. McClain et coll., 1990; Normanly et coll., 1990; Tamura et coll., 1992)
Tyr	A73 U35 RV	A73 C1-G72 G34, U35	A73 C1G72	1- (H. Himeno et coll., 1990; Sherman et coll., 1992) 2- (Bare et Uhlenbeck, 1986; C.P. Lee et RajBhandary, 1991)	Phe	A73 G27-C43, G28-C42 U20 G34, A35, A36 U44, U45, U59, U60	A73 G34, A35, A36, i6A37 G20	A73 G34, A35, A36 G20, A31-U39	1- (W. H. McClain et Foss, 1988b; Pallanck et Schulman, 1991; Tinkle Peterson et coll., 1993; Tinkle-Peterson et Uhlenbeck, 1992) 2- (Frugier et coll., 1998; J.R. Sampson et coll., 1992; J. R. Sampson et coll., 1989) 3- (Moor et coll., 1995; Moor et coll., 1994; Nazarenko et coll., 1992)

II. L' aminoacylation, ses constituants, ses particularités

4. La spécificité vis-à-vis de l'ARNt: les déterminants d'identité

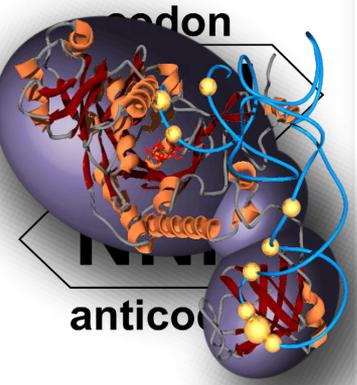


Pour aaRS de la classe I

Pour aaRS de la classe II

Interdisciplinary alignment of the Genetic Code (Physiology) Genetica Code

Theoretical Code



Physical Code

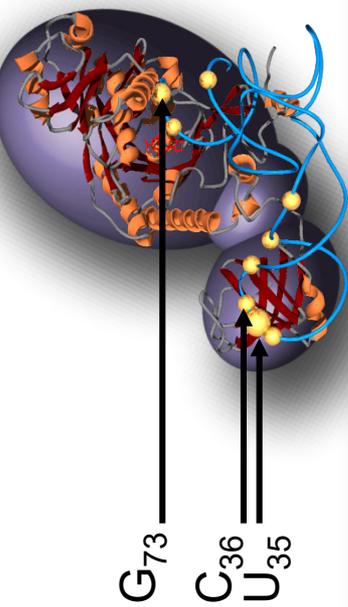
		Second Codon Letter				
		U	C	A	G	
First Codon Letter	U	UUU Phe UUU Leu UUU Phe UUU Leu	UCU Ser UCU Ser UCU Ser UCU Ser	UAU Tyr UAU Tyr UAU Tyr UAU Tyr	UGU Cys UGU Cys UGU Cys UGU Cys	U C A G U C A G U C A G
	C	CUU Leu CUU Leu CUU Leu CUU Leu	CCU Pro CCU Pro CCU Pro CCU Pro	CAU His CAU His CAU His CAU His	CGU Arg CGU Arg CGU Arg CGU Arg	U C A G U C A G U C A G
	A	AUU Ile AUU Ile AUU Ile AUU Ile	ACU Thr ACU Thr ACU Thr ACU Thr	AAU Asn AAU Asn AAU Asn AAU Asn	AGU Ser AGU Ser AGU Ser AGU Ser	U C A G U C A G U C A G
	G	AUG Met GUU Val GUU Val GUU Val	GCU Ala GCU Ala GCU Ala GCU Ala	GAU Asp GAU Asp GAU Asp GAU Asp	GGU Gly GGU Gly GGU Gly GGU Gly	U C A G U C A G U C A G
	G	GUG Val GUG Val GUG Val GUG Val	GCG Ala GCG Ala GCG Ala GCG Ala	GAA Glu GAA Glu GAA Glu GAA Glu	GGG Gly GGG Gly GGG Gly GGG Gly	U C A G U C A G U C A G

20 Adaptors = 20 aa-tRNAs ... and 20 aminoacyl-tRNA synthetases (aaRS)

Crick, F.H.C. (1958). Symp. Soc. Exp. Biol. 12, 138–163.ad. Sci. U. S. A. 47,1588-1602.

Söll, D. and Schimmel, P.R. (1974). The Enzymes 10, 489–538.

Identity elements: the Second (Physical) Genetic Code



Second Codon Letter

		Second Codon Letter						
		U	C	A	G			
First Codon Letter	U	A ₇₃ UUU Phe G ₃₄ , U ₃₅ , A ₃₆ U ₂₀ , G ₄₄ , U ₄₅ , U ₅₉₋₆₀ G ₂₇ , G ₂₈ , C ₄₁ , C ₄₂ UUA Leu A ₇₃ U ₃ , A ₁₁ UUG	UCU Ser G ₇₃ , G ₇₂ G ₂ -R ₄ -C ₇₁ -Y ₆₉ C ₁₁ -G ₁₀ A ₁₀ oop	A ₇₃ UAU Tyr U ₃₅ UAC UAA Stop UAG Stop	U ₇₃ UGU Cys G ₂ -C ₃ -C ₇₁ -G ₇₀ G ₃₄ , C ₃₅ , C ₃₆ ,	U	C	A
	C	CUU CUC CUA CUG	CGU Pro CGC CGA CGG	C ₇₃ CAU His G ₋₁ G ₃₄ , U ₃₅ , U ₃₆ G ₇₃ CAA Gln U ₁ -G ₁₂ -C ₇₀ Y ₃₄ -U ₃₅ C ₁₁ CAG	A ₇₃ UGG Trp U ₃ , A ₁₁ U ₃₄ , A ₃₅ , U ₃₆ A ₇₃ CGU Arg A ₇₃ CGC C ₃₅ -U ₃₆ -C ₃₆ A ₂₀ CGA CGG	G	G	U
	A	AUU Ile AUC AUA AUG Met GUU Val	ACU Thr ACC G ₁ -C ₂ -C ₇₂ -G ₇₁ C ₃₄ , G ₃₅ , C ₃₆ , U ₆₆ GAA ACG	A ₇₃ AAU Asn G ₇₃ AAC A ₇₃ AAA Lys S ⁴ U ₃₄ , U ₃₅ , U ₃₆ AAG	G ₇₃ , G ₇₂ AGU Ser G ₂ -R ₄ -C ₇₁ -Y ₆₉ C ₁₁ -G ₁₀ A ₁₀ oop A ₇₃ AGA Arg A ₇₃ AGG C ₃₅ -U ₃₆ -C ₃₆ A ₂₀	U	C	A
	G	GUC GUA GUG	GCU Ala GCC GCA GCG	G ₇₃ GAU Asp G ₂ , C ₇₁ G ₃₄ , U ₃₅ , C ₃₆ U ₇₃ GAG Glu G ₁ -U ₂ -C ₇₂ -A ₇₁ S ⁴ U ₃₄ , U ₃₅ , A ₃₇ U ₁ , A ₂₀ , U ₃₃ , G ₂₈ A ₄₆ , A ₄₇	U ₇₃ GGU Gly G ₇₃ GGC G ₁ -G ₂ -C ₇₂ -C ₇₀ C ₃₅ , C ₃₆	U	C	A

Third Codon Letter

Eiler, S., et al. (1999) EMBO J. 18, 6532-6541.

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

Deuxième lettre

Première lettre

Troisième lettre

	U	C	A	
U	Phe	Ser	Tyr	U
	Leu		Stop	C
			Stop	A
				G
				U
C		Pro	His	C
			Gln	A
				G
A	Ile	Thr	Asn	U
	Met		Lys	C
	Val	Ala	Asp	A
G			Glu	G
				U
				C
				A
				G

Absence d'une aaRS

III. Les anomalies du contenu en aaRS

Complete genome sequence of the methanogenic archaeon, *Methanococcus jannaschii*.
Bult et. al., *Science* 273:1058-1073 (1996)

Methanococcus jannaschii DSM 2661 Information

TIGR
THE INSTITUTE FOR GENOMIC RESEARCH

tigr cmr
comprehensive microbial resource

CMR Home	Genomes	CMR Blast	Align Genomes	Related Links	Help
Genome Home	Overview	Analyses	List By Category	Searches	Related Links

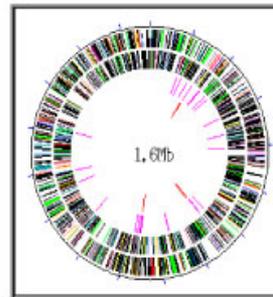
Methanococcus jannaschii DSM 2661

Welcome to the *Methanococcus jannaschii* DSM 2661 genome page. Listed below are some general properties and a chromosomal display of *Methanococcus jannaschii* DSM 2661. Use the Genome tabs on the menu above to view more information and analyses on this genome.

General Information on *Methanococcus jannaschii* DSM 2661: **Chromosomal Display:**

Sequencing Center: [TIGR & UIUC](#)
Funding Center: [DOE](#)
Publication: [Abstract](#)
Sequence/Annotation Download: [Genbank or Sequencing Center FTP](#)
[TIGR FTP](#)
[CMR Batch Download; Sequence Retrieval](#)
[CMR Gene Attribute Download](#)
Completed Genome: [Yes](#)
Other: [Background Information](#)

Below is a schematic representation of the *Methanococcus jannaschii* DSM 2661 chromosome. Choose a DNA molecule from the **Select DNA Molecule** menu below to get a larger, more detailed view.



Linear Display Circular Display

Un organisme peut-il vivre avec seulement 16 aaRS sur les 20 requises ?

III. Les anomalies du contenu en aaRS

Complete genome sequence of the methanogenic archaeon, *Methanococcus jannaschii*.
Bult et. al., *Science* 273:1058-1073 (1996)

Methanococcus jannaschii DSM 2661 Information



TIGR
THE INSTITUTE FOR GENOMIC RESEARCH

tigr cmr
comprehensive microbial resource

CMR Home | Genomes | CMR Blast | Align Genomes | Related Links | Help
Genome Home | Overview | Analyses | List By Category | Searches | Related Links

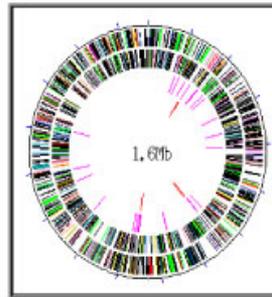
Methanococcus jannaschii DSM 2661

Welcome to the *Methanococcus jannaschii* DSM 2661 genome page. Listed below are some general properties and a chromosomal display of *Methanococcus jannaschii* DSM 2661. Use the Genome tabs on the menu above to view more information and analyses on this genome.

General Information on *Methanococcus jannaschii* DSM 2661: **Chromosomal Display:**

Sequencing Center: [TIGR & UIUC](#)
Funding Center: [DOE](#)
Publication: [Abstract](#)
Sequence/Annotation Download: [Genbank or Sequencing Center FTP](#)
[TIGR FTP](#)
[CMR Batch Download; Sequence Retrieval](#)
[CMR Gene Attribute Download](#)
Completed Genome: [Yes](#)
Other: [Background Information](#)

Below is a schematic representation of the *Methanococcus jannaschii* DSM 2661 chromosome. Choose a DNA molecule from the [Select DNA Molecule](#) menu below to get a larger, more detailed view.



Linear Display Circular Display

Sur 240 procaryotes dont la séquence génomique est connue seuls 18 présentent un jeux complet et unique de 20 aaRS

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

MJ# Gene description

Translation

0160 PET112 prot

Amino acyl tRNA synthetases

0564	alanyl-tRNA Sase
0237	arginyl-tRNA Sase
1555	aspartyl-tRNA Sase
1377	glutamyl-tRNA Sase
0228	glycyl-tRNA Sase
1000	histidyl-tRNA Sase
0947	isoleucyl-tRNA Sase
0633	leucyl-tRNA Sase
1263	methionyl-tRNA Sase
0487	phenylalanyl-tRNA Sase, alpha sub
1108	phenylalanyl-tRNA Sase, beta sub
1238	prolyl-tRNA Sase
1197	threonyl-tRNA Sase
1415	tryptophanyl-tRNA Sase
0389	tyrosyl-tRNA Sase
1007	valyl-tRNA Sase
1077	seryl-tRNA Sase

La synthèse protéique dans cet organisme Est réalisée avec un jeu incomplet d'aaRS (16 au lieu des 20 attendues), il manque:

-AsnRS

-GlnRS

-LysRS

-CysRS

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

MJ# Gene description

Translation

0160 PET112 prot

Amino acyl tRNA synthetases

0564	alanyl-tRNA Sase
0237	arginyl-tRNA Sase
1555	aspartyl-tRNA Sase
1377	glutamyl-tRNA Sase
0228	glycyl-tRNA Sase
1000	histidyl-tRNA Sase
0947	isoleucyl-tRNA Sase
0633	leucyl-tRNA Sase
1263	methionyl-tRNA Sase
0487	phenylalanyl-tRNA Sase, alpha sub
1108	phenylalanyl-tRNA Sase, beta sub
1238	prolyl-tRNA Sase
1197	threonyl-tRNA Sase
1415	tryptophanyl-tRNA Sase
0389	tyrosyl-tRNA Sase
1007	valyl-tRNA Sase
1077	seryl-tRNA Sase

La synthèse protéique dans cet organisme Est réalisée avec un jeu incomplet d'aaRS (16 au lieu des 20 attendues), il manque:

-AsnRS

-GlnRS

-LysRS

-CysRS

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

b. La voie alternative de formation de Cys-ARNt^{Cys}

MJ# Gene description

Translation

0160 PET112 prot

Amino acyl tRNA synthetases

0564	alanyl-tRNA Sase
0237	arginyl-tRNA Sase
1555	aspartyl-tRNA Sase
1377	glutamyl-tRNA Sase
0228	glycyl-tRNA Sase
1000	histidyl-tRNA Sase
0947	isoleucyl-tRNA Sase
0633	leucyl-tRNA Sase
1263	methionyl-tRNA Sase
0487	phenylalanyl-tRNA Sase, alpha sub
1108	phenylalanyl-tRNA Sase, beta sub
1238	prolyl-tRNA Sase
1197	threonyl-tRNA Sase
1415	tryptophanyl-tRNA Sase
0389	tyrosyl-tRNA Sase
1007	valyl-tRNA Sase
1077	seryl-tRNA Sase

La synthèse protéique dans cet organisme Est réalisée avec un jeu incomplet d'aaRS (16 au lieu des 20 attendues), il manque:

-AsnRS

-GlnRS

-LysRS

-CysRS

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

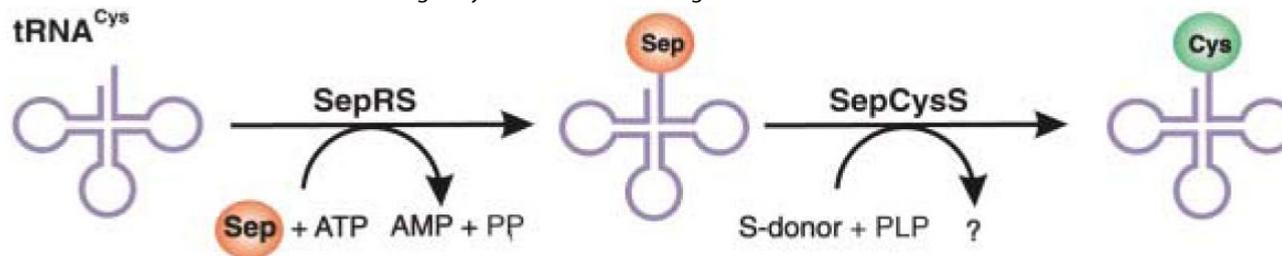
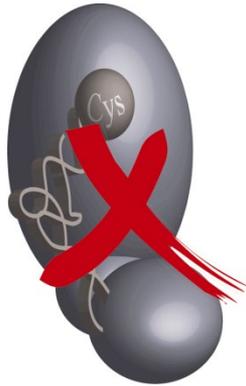
b. La voie alternative de formation de Cys-ARNt^{Cys}

SCIENCE VOL 307 25 MARCH 2005

RNA-Dependent Cysteine Biosynthesis in Archaea

Anselm Sauerwald,¹ Wenhong Zhu,³ Tiffany A. Major,⁴
Hervé Roy,⁵ Sotiria Palioura,¹ Dieter Jahn,⁶ William B. Whitman,⁴
John R. Yates 3rd,³ Michael Ibba,⁵ Dieter Söll^{1,2*}

Several methanogenic archaea lack cysteinyl-transfer RNA (tRNA) synthetase (CysRS), the essential enzyme that provides Cys-tRNA^{Cys} for translation in most organisms. Partial purification of the corresponding activity from *Methanocaldococcus jannaschii* indicated that tRNA^{Cys} becomes acylated with O-phosphoserine (Sep) but not with cysteine. Further analyses identified a class II-type O-phosphoseryl-tRNA synthetase (SepRS) and Sep-tRNA:Cys-tRNA synthase (SepCysS). SepRS specifically forms Sep-tRNA^{Cys}, which is then converted to Cys-tRNA^{Cys} by SepCysS. Comparative genomic analyses suggest that this pathway, encoded in all organisms lacking CysRS, can also act as the sole route for cysteine biosynthesis. This was proven for *Methanococcus maripaludis* where deletion of the SepRS-encoding gene resulted in cysteine auxotrophy. As the conversions of Sep-tRNA to Cys-tRNA or to selenocysteinyl-tRNA are chemically analogous, the catalytic activity of SepCysS provides a means by which both cysteine and selenocysteine may have originally been added to the genetic code.



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

MJ# Gene description

Translation

0160 PET112 prot

Amino acyl tRNA synthetases

0564 alanyl-tRNA Sase
0237 arginyl-tRNA Sase
1555 aspartyl-tRNA Sase
1377 glutamyl-tRNA Sase
0228 glycyl-tRNA Sase
1000 histidyl-tRNA Sase
0947 isoleucyl-tRNA Sase
0633 leucyl-tRNA Sase
1263 methionyl-tRNA Sase
0487 phenylalanyl-tRNA Sase, alpha sub
1108 phenylalanyl-tRNA Sase, beta sub
1238 prolyl-tRNA Sase
1197 threonyl-tRNA Sase
1415 tryptophanyl-tRNA Sase
0389 tyrosyl-tRNA Sase
1007 valyl-tRNA Sase
1077 seryl-tRNA Sase

La synthèse protéique dans cet organisme
Est réalisée avec un jeu incomplet d'aaRS
(16 au lieu des 20 attendues), il manque:

-AsnRS

-GlnRS

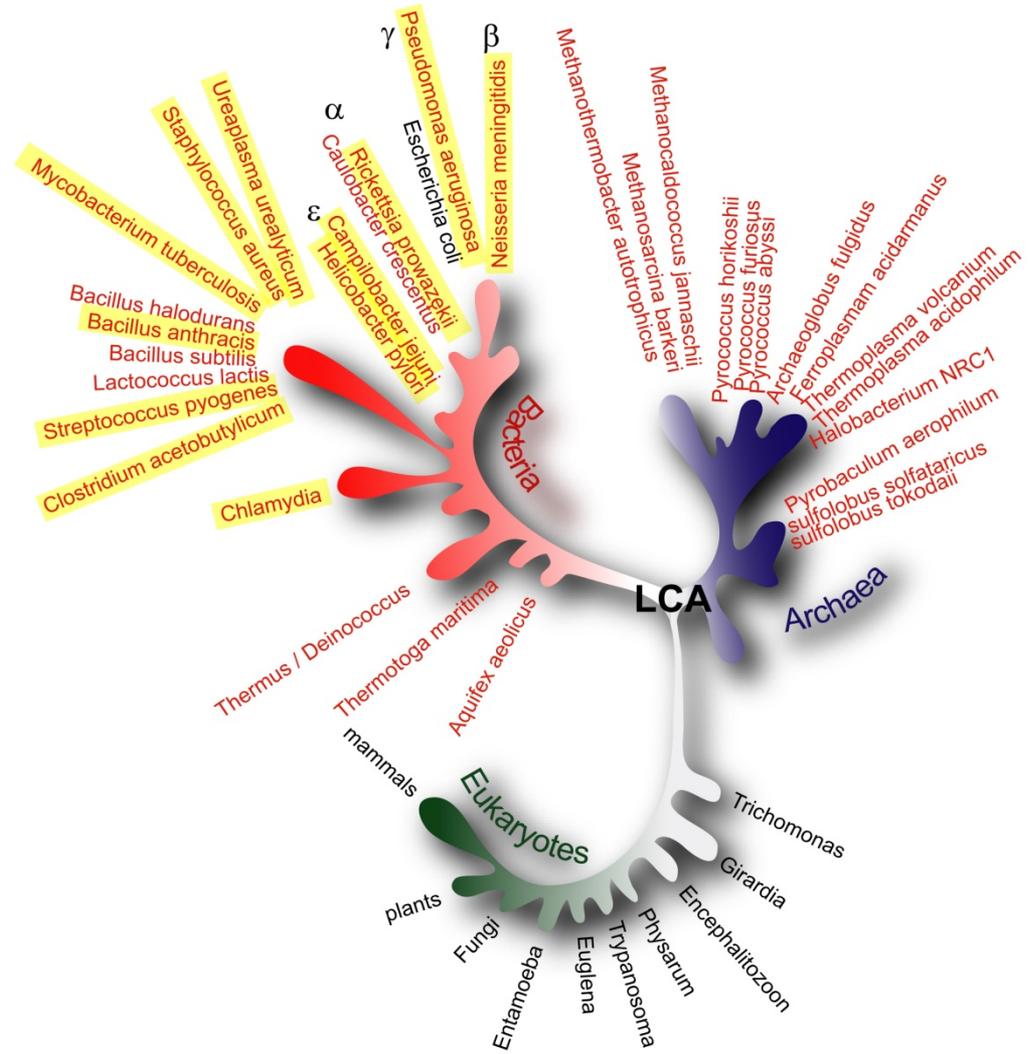
-LysRS

-CysRS

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

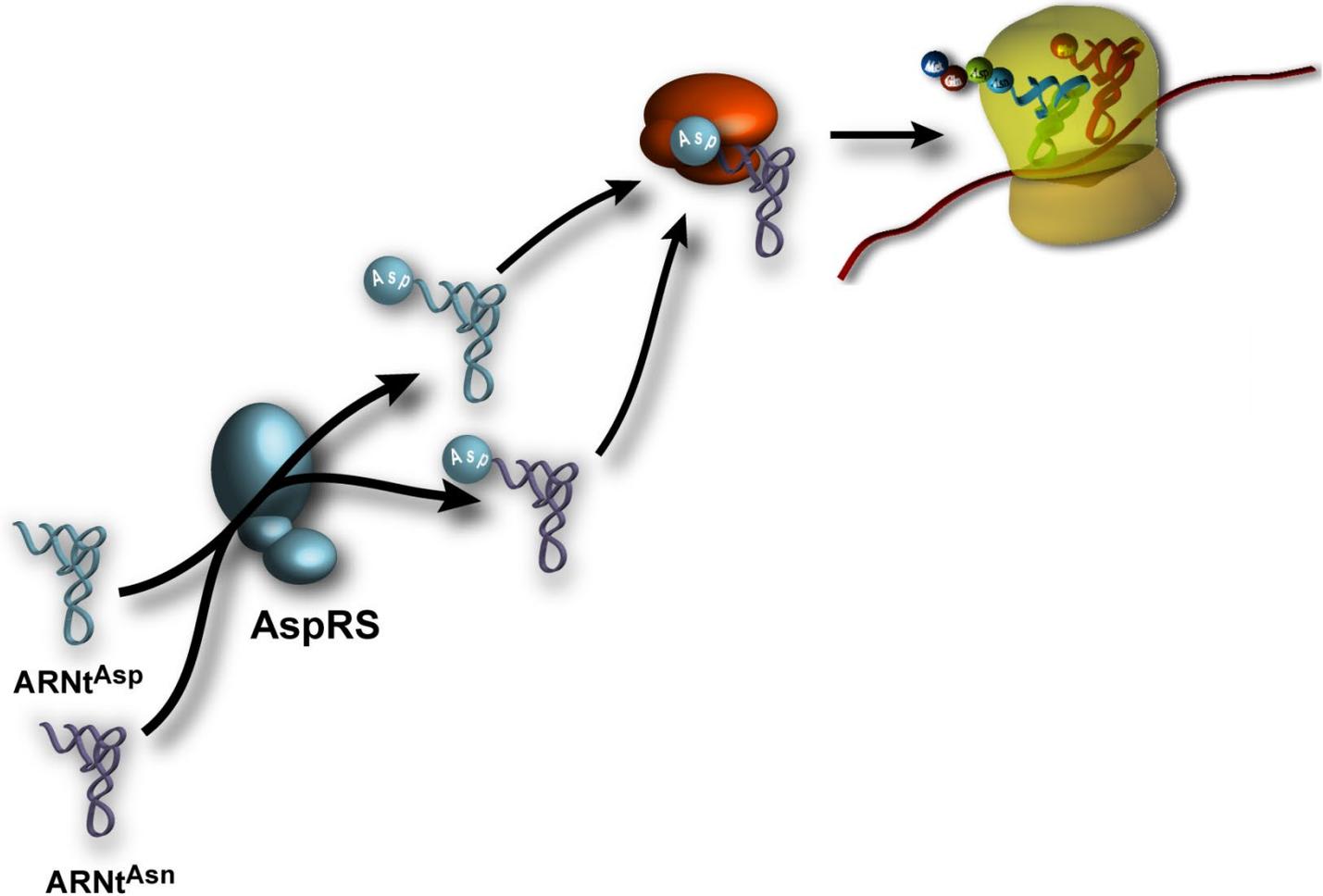
c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

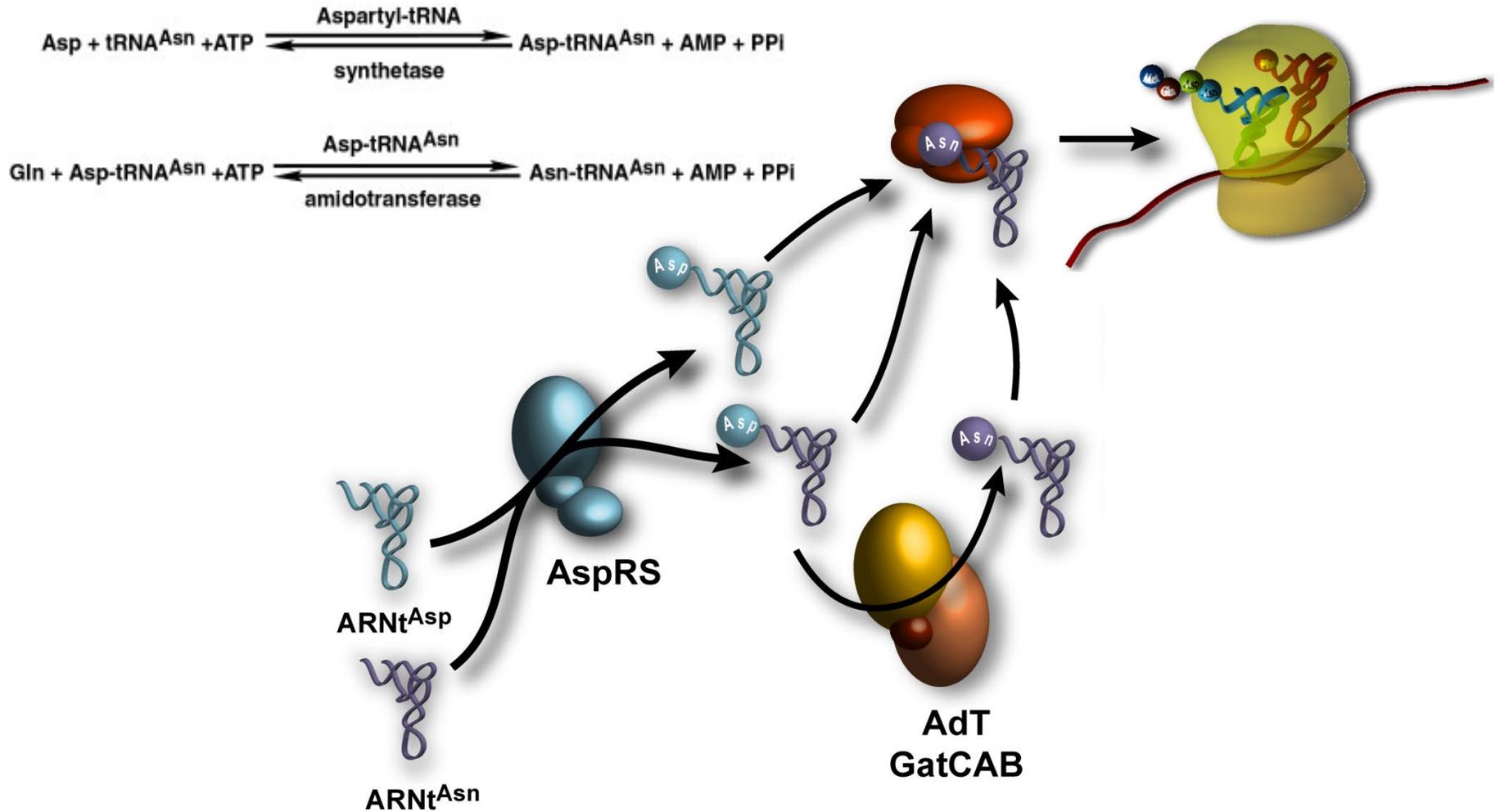
c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



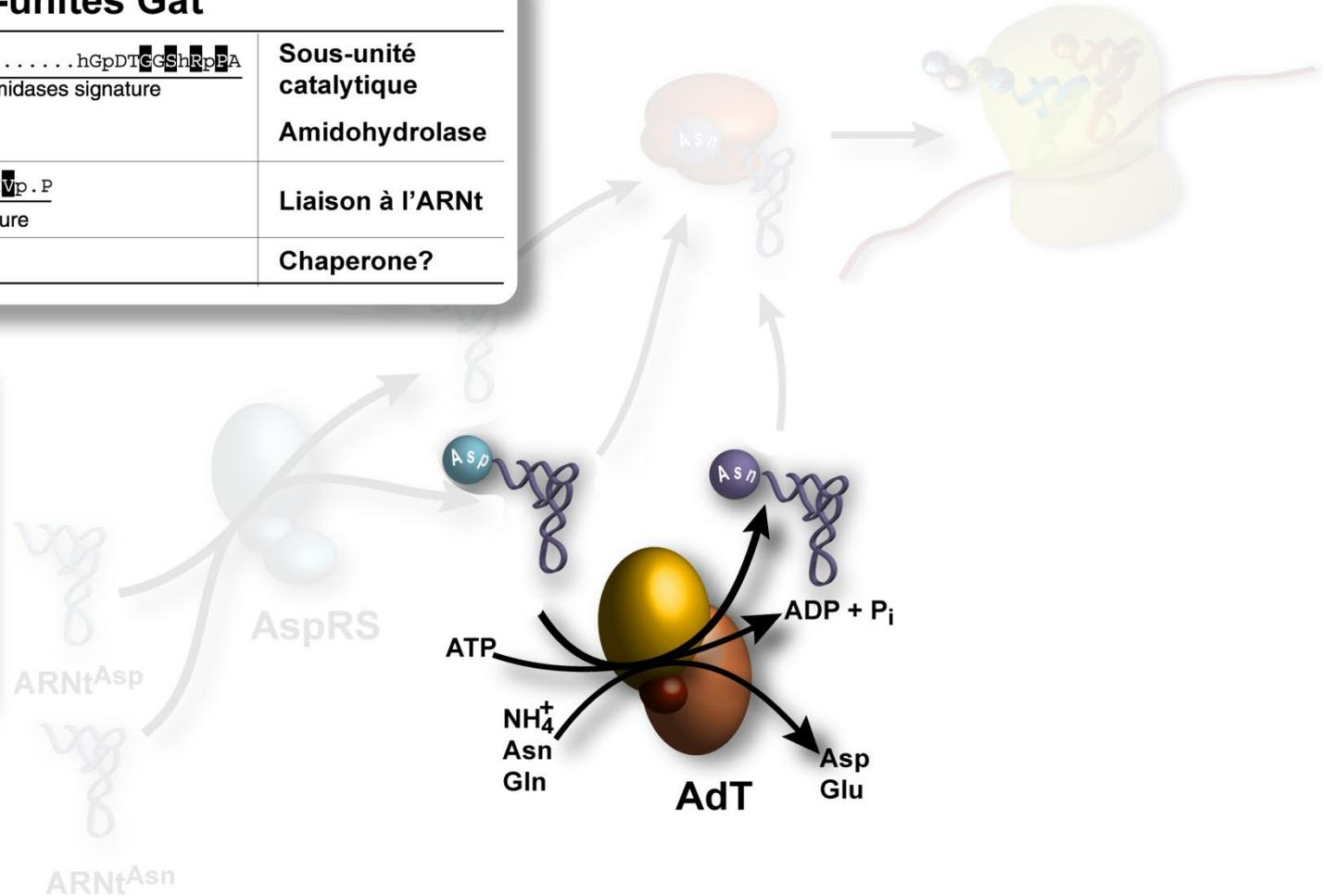
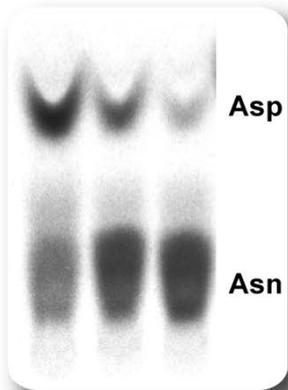
III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

Rôle des sous-unités Gat

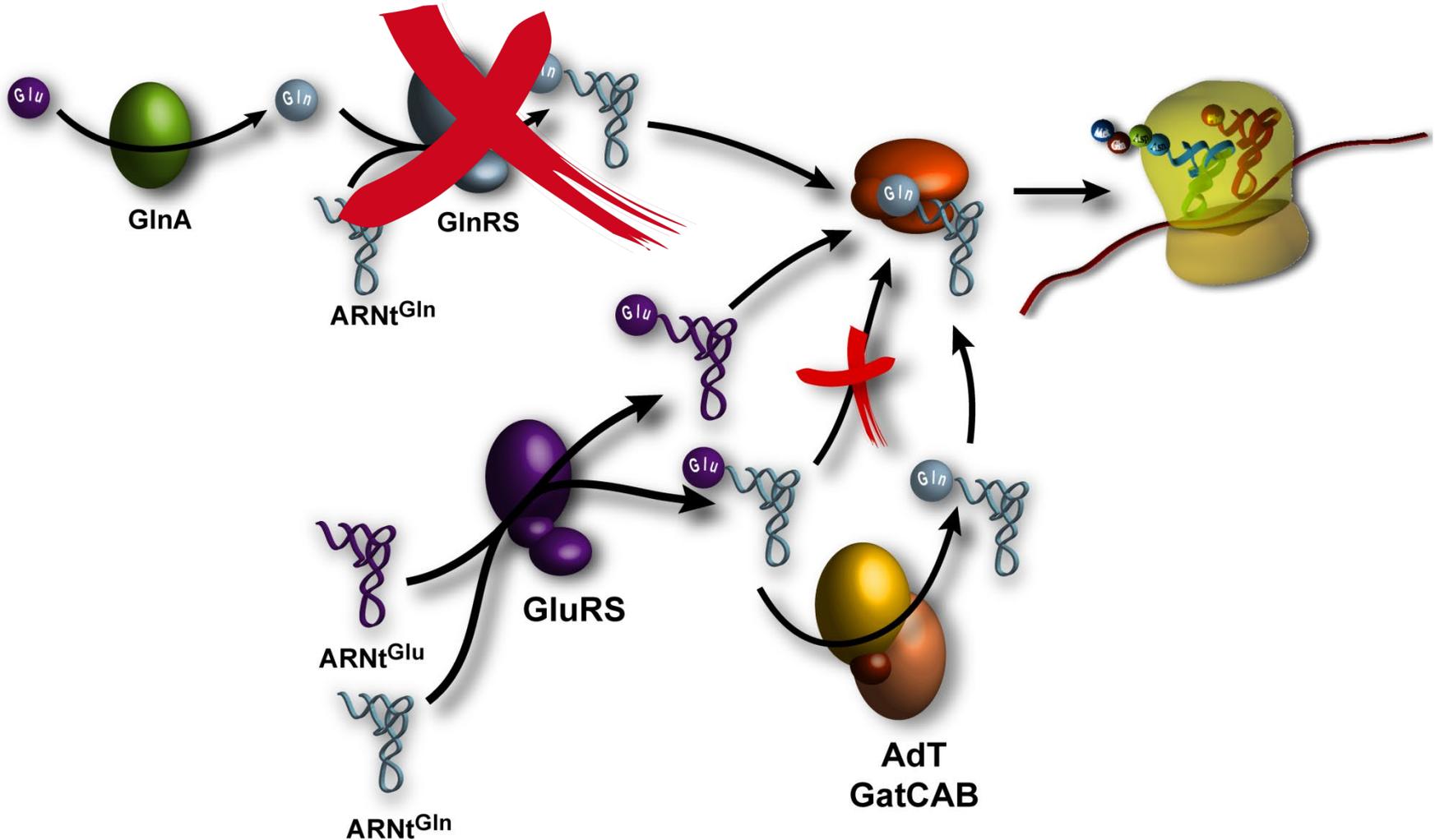
GatA	GGSSGCSAAAhA.....hGpDTGGS hRp2A Amidases signature G....GKS P-Loop	Sous-unité catalytique Amidohydrolase
GatB	hD.NR.G.PLhEIVp.P pet-112 signature	Liaison à l'ARNt
GatC		Chaperone?



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

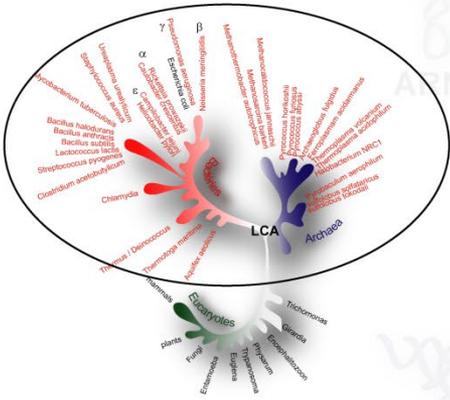
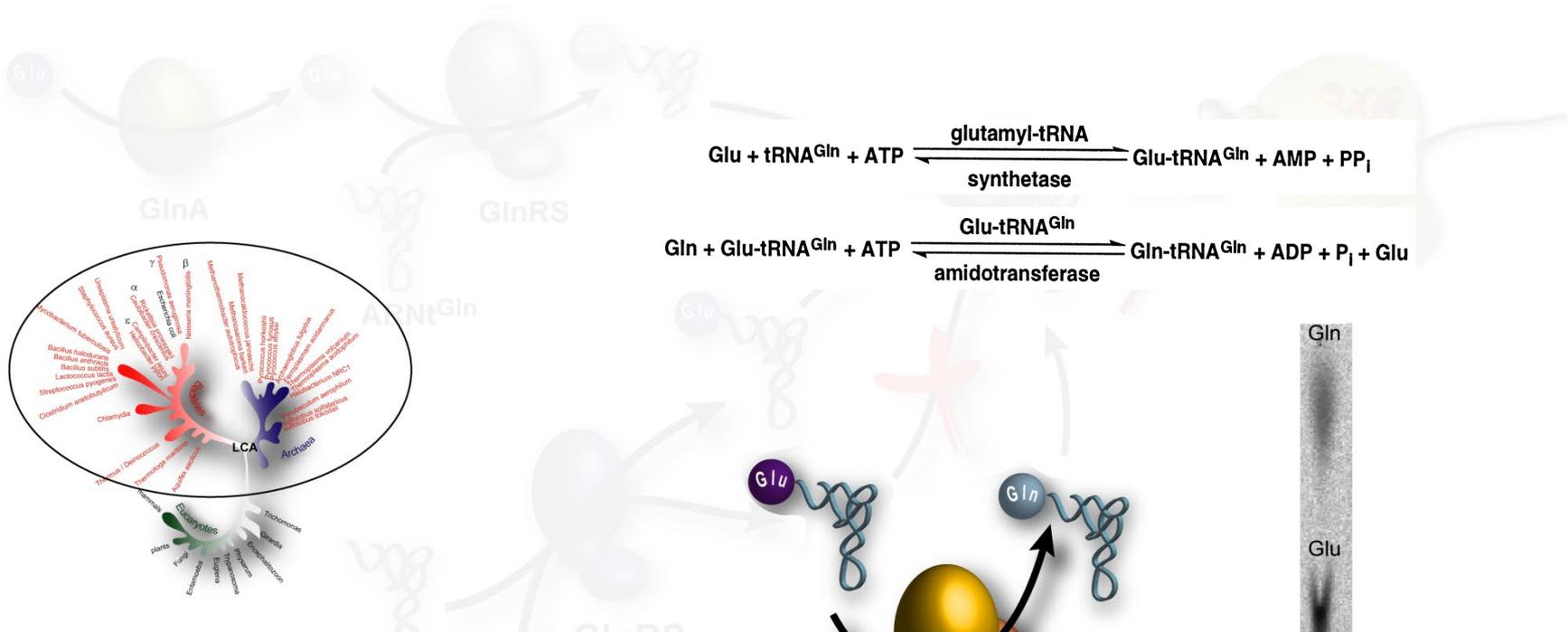
c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



Rôle des sous-unités Gat		
GatA	GGSGSAAAhA hGpDTGSPRQEA Amidases signature G GXS P-Loop	Sous-unité catalytique Amidohydrolase
GatB	hDNR . G . P . hE . Wp . P pet-112 signature	Liaison à l'ARNt
GatC		Chaperone?



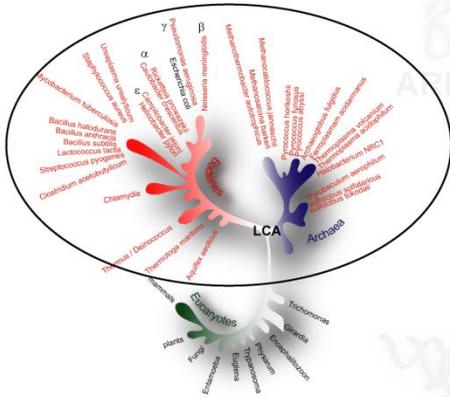
AdT
GatCAB

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

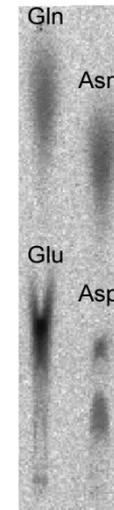
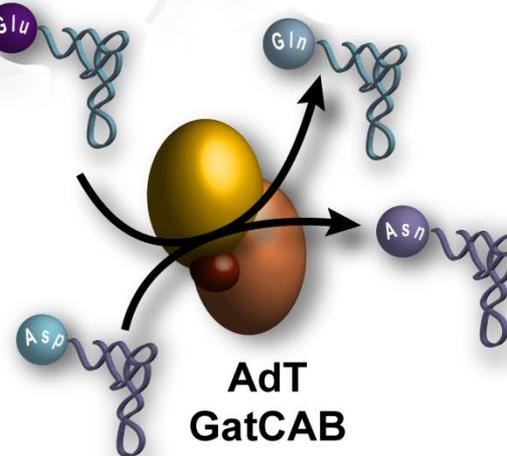
c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

Toutes les AdT bactériennes de type GatCAB sont de spécificité double



Rôle des sous-unités Gat

GatA	GGSGSAAAhA hGpDTGSPRQEA Amidases signature G GXS P-Loop	Sous-unité catalytique Amidohydrolase
GatB	hDNR . G . P . hE . Wp . P pet-112 signature	Liaison à l'ARNt
GatC		Chaperone?



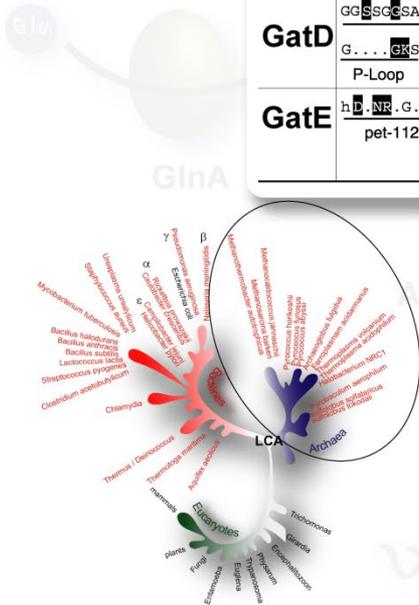
III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

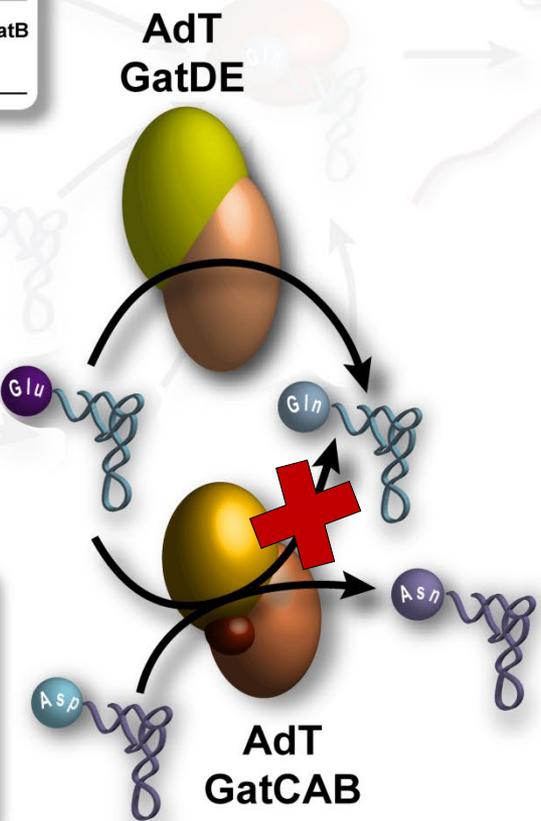
Rôle des sous-unités Gat

GatD	GG[SG]SAAAhA.....hGpDT[CGS]RP[EA] Amidases signature G....[G]S P-Loop	Paralogue de la L-asparaginase I
GatE	hD[LR].G.P[PE]IVp.P pet-112 signature	Paralogue de GatB



Rôle des sous-unités Gat

GatA	GG[SG]SAAAhA.....hGpDT[CGS]RP[EA] Amidases signature G....[G]S P-Loop	Sous-unité catalytique Amidohydrolase
GatB	hD[LR].G.P[PE]IVp.P pet-112 signature	Liaison à l'ARNt
GatC		Chaperone?

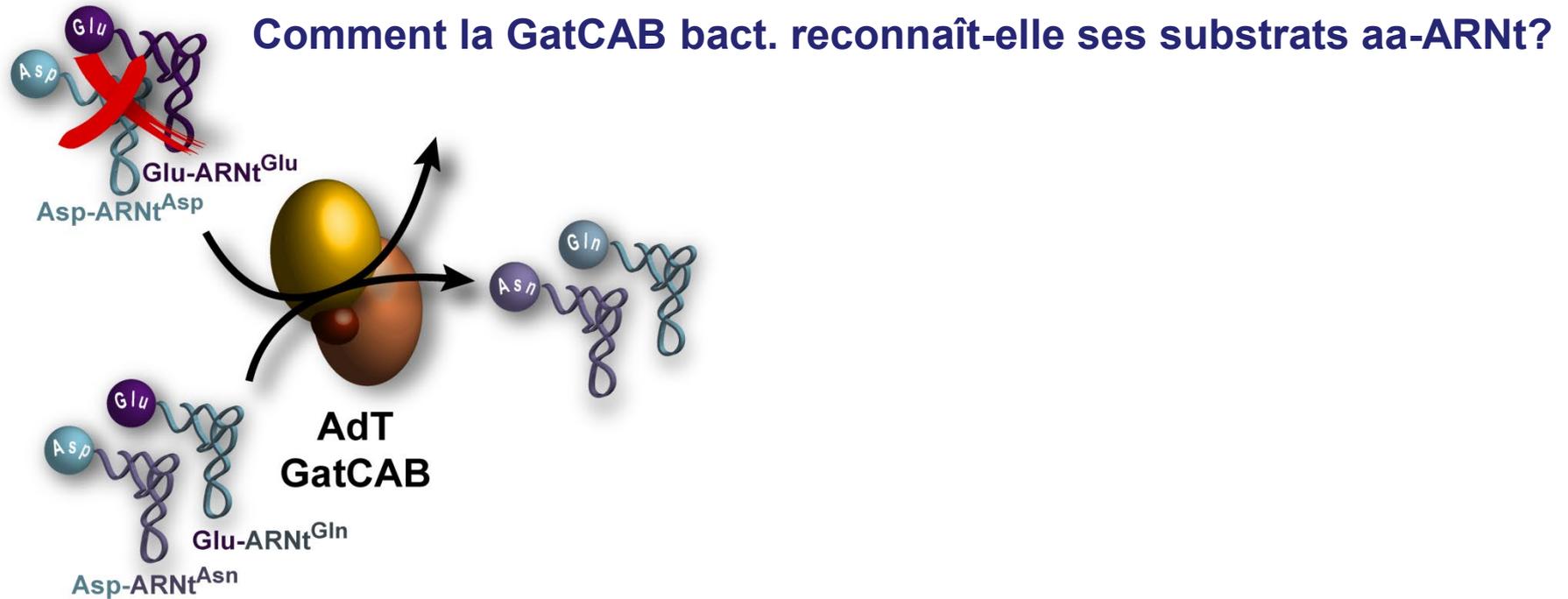


Il existe 2 AdT de spécificité stricte chez les Archaea

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

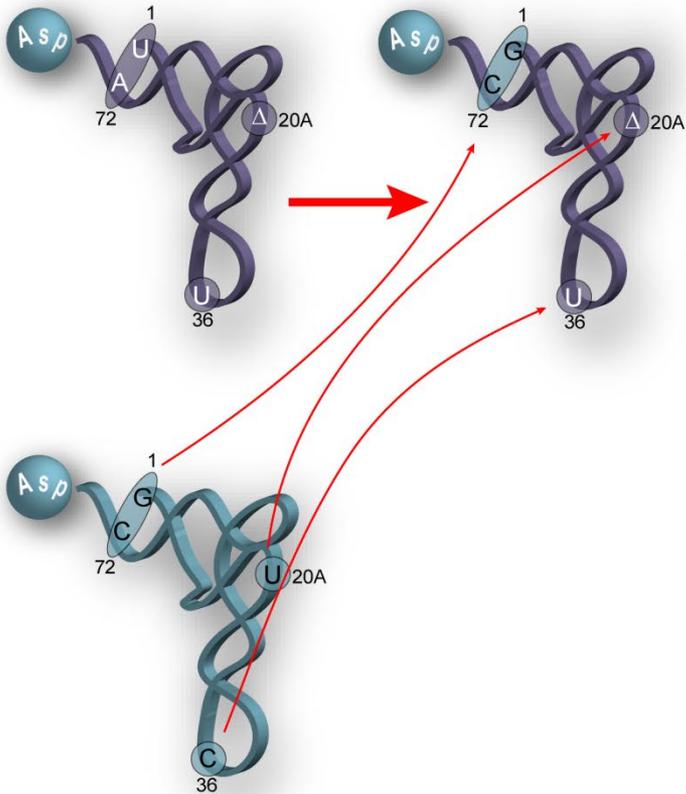
c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

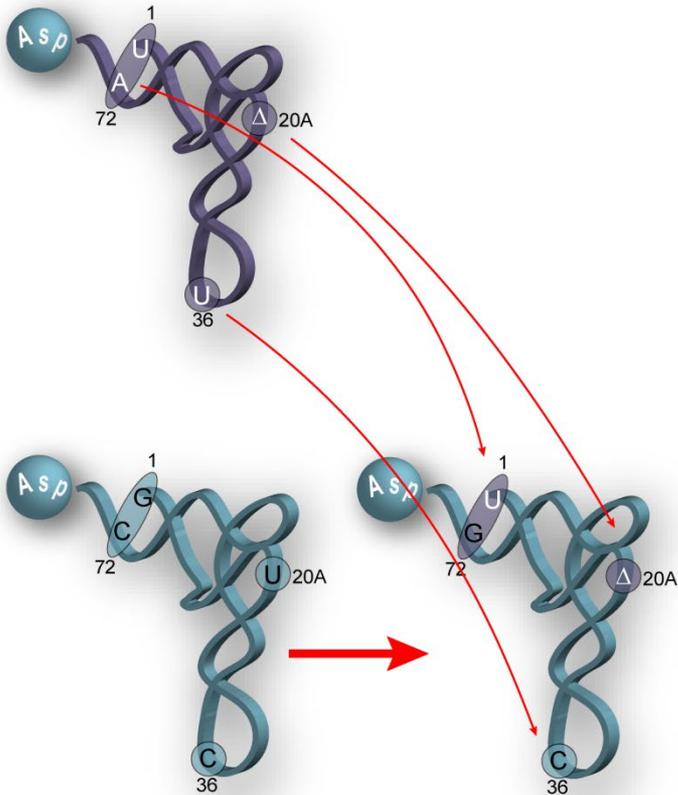


Transfert des déterminants de l' ARNt^{Asp}

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

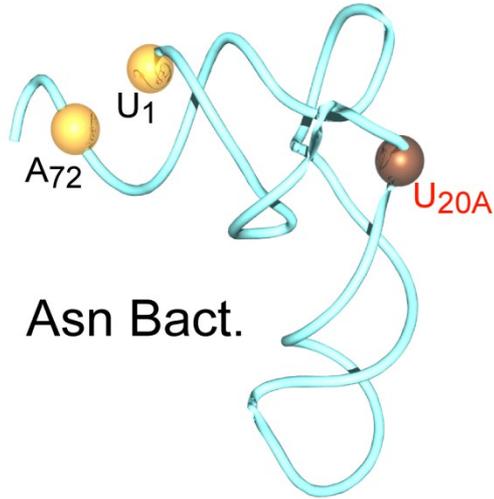


Transfert des déterminants de l'ARNt^{Asn}

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

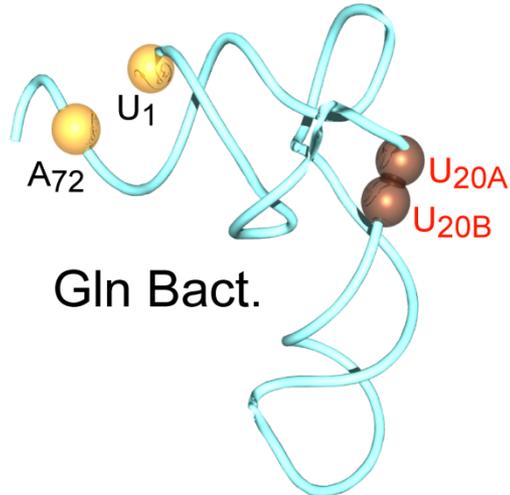
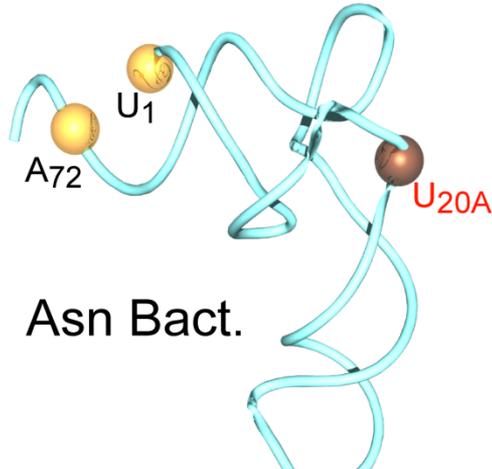


Une combinaison déterminant-antidéterminant

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative ...

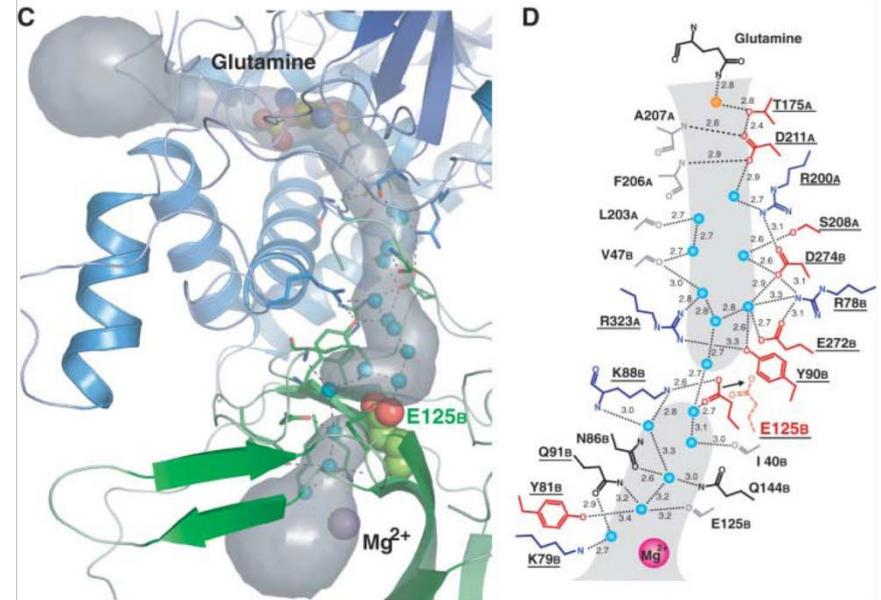
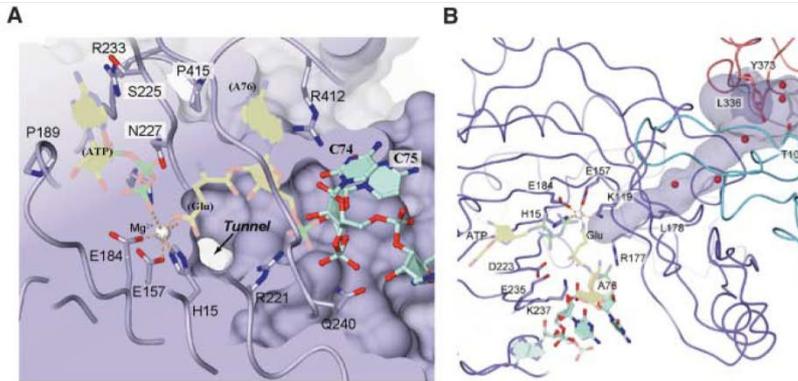


Organisme	ARNt ^{Asn}		ARNt ^{Asp}		ARNt ^{Gln}		ARNt ^{Glu}		Asp ⁺ Glu ⁻	
	pdb 1-72	boucle D	pdb 1-72	boucle D	pdb 1-72	boucle D	pdb 1-72	boucle D	Asp ⁺	Glu ⁻
<i>Chlamydia pneumoniae</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	11 (C20A, C20B)	+	+
<i>Chlamydia trachomatis</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	11 (C20A, C20B)	+	+
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8	G-C	10 (C20A, U20B)	+	+
<i>Mycobacterium leprae</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Mycobacterium bovis subsp. bovis</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8	G-C	10 (C20A, U20B)	+	+
<i>Helicobacter pylori</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, A20B)	+	+
<i>Helicobacter hepaticus</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	10 (C20A, A20B)	+	+
<i>Campylobacter jejuni</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Caulobacter crescentus</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Thermotoga maritima</i>	U-A	8	G-C	10 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Aquifex aeolicus</i>	U-A	8	G-C	10 (C20A)	U-A	8	G-C	11 (C20A, U20B)	+	+
<i>Chlamydia muridarum</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	11 (C20A, C20B)	+	+
<i>Clostridium acetobutylicum</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Rickettsia coxi</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Rickettsia prowazekii</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Brucella melitensis</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Mesorhizobium loti</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Si-rhizobium meliloti</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Chlorobium tepidum</i>	U-A	7	G-C	10 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, C20B)	+	+
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Corynebacterium efficiens</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Thermoanaerobacter tengcongensis</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Bifidobacterium longum</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Brucella suis</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	+
<i>Tropherynia whippelii</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Coxiella burnetii</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Streptomyces avermitilis</i>	U-A	8	G-C	10 (G20A)	U-A	8	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Streptomyces coelicolor</i>	U-A	8	G-C	10 (G20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	+
<i>Neisseria meningitidis</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8 (20A)	G-C	9 (C20A, U20B)	+	-
<i>Deinococcus radiodurans</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	A-U	7	G-C	8 (U20A)	+	-
<i>Pseudomonas aerugi-sa</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	A-U	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	-
<i>Clostridium perfringens</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	-
<i>Ralstonia solanacearum</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	A-U	9	G-C	9 (C20A, U20B)	+	-
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	+	-
<i>Pirulista sp.</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	-
<i>Nitrosomonas europaea</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	-
<i>Pseudomonas syringae</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	A-U	7	G-C	9 (C20A, U20B)	+	-
<i>Bacillus subtilis</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Staphylococcus aureus</i>	U-A	7	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	G-C	7	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (U20A, G20B)	-	+
<i>Borrelia burgdorferi</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	G-C	7	G-C	8	U-A	7	G-C	9 (U20A, U20B)	-	+
<i>Mycoplasma genitalium</i>	G-C	7	G-C	8	U-A	7	G-C	9 (U20A, U20B)	-	+
<i>Treponema pallidum</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Synechocystis sp.</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	+
<i>Listeria in-cua</i>	U-A	8	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Listeria mo-cytogenes</i>	U-A	8	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Streptococcus pyogenes</i>	U-A	9 (A20A)	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	U-A	9 (A20A)	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Nostoc sp.</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	+
<i>Mycoplasma pulmonis</i>	G-C	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Fusobacterium nucleatum</i>	G-C	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Streptococcus agalactiae</i>	U-A	9 (A20A)	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Thermosynechococcus elongatus</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	+
<i>Leptospira interrogans</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Ocea-bacillus iheyensis</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Streptococcus mutans</i>	U-A	9 (A20A)	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Bacillus halodurans</i>	U-A	7	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Clostridium tetani</i>	U-A	7	G-C	10 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Enterococcus faecalis</i>	U-A	9 (A20A)	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Lactobacillus plantarum</i>	U-A	7	G-C	10 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (U20A, U20B)	-	+
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	U-A	7	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Mycoplasma gallisepticum</i>	G-C	7	G-C	8	U-A	7	G-C	9 (U20A, U20B)	-	+
<i>Bacillus cereus</i>	U-A	7	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Bacillus anthracis</i>	U-A	7	G-C	8 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	+
<i>Buchnera sp.</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8 (20A)	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Buchnera aphidicola</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	8 (20A)	G-C	8 (U20A)	-	-
<i>Vibrio cholerae</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	A-U	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Escherichia coli</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, C20B)	-	-
<i>Haemophilus influenzae</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Pasteurella multocida</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Xylella fastidiosa</i>	G-C	9 (U20A)	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	-
<i>Yersinia pestis</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Salmonella typhimurium</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, C20B)	-	-
<i>Salmonella enterica</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, C20B)	-	-
<i>Xanthomonas campestris</i>	G-C	9	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Shewanella oneidensis</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Shigella flexneri 2a</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, C20B)	-	-
<i>Xylella fastidiosa</i>	G-C	9 (U20A)	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, U20B)	-	-
<i>Salmonella enterica</i>	U-A	8	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	9 (C20A, C20B)	-	-
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	U-A	9 (U20A)	G-C	9 (U20A)	U-A	7	G-C	8 (U20A)	-	-

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés



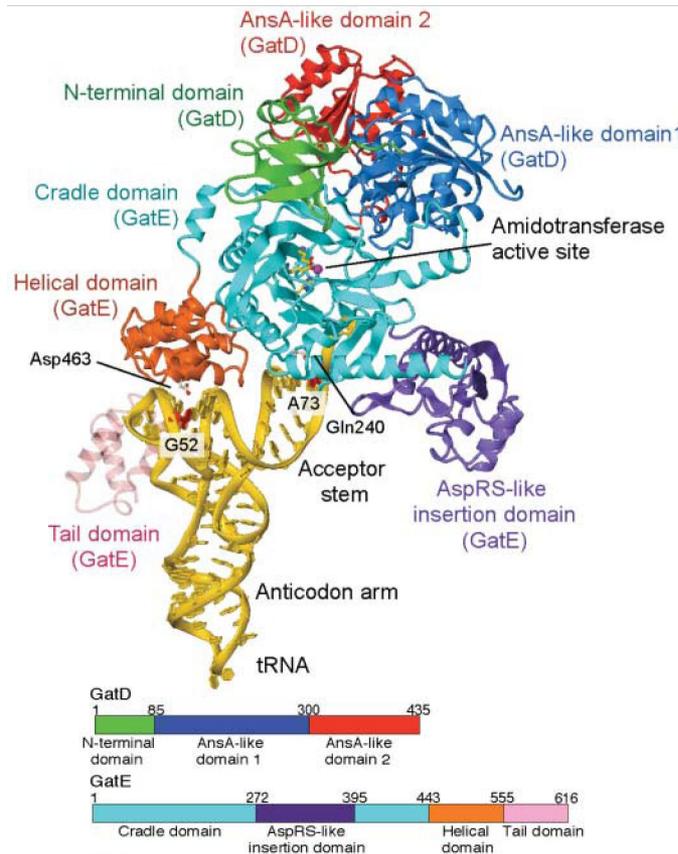
Le transfert du gpt NH2 du site glutaminase au site de transamidation

III. Les anomalies du contenu en aaRS

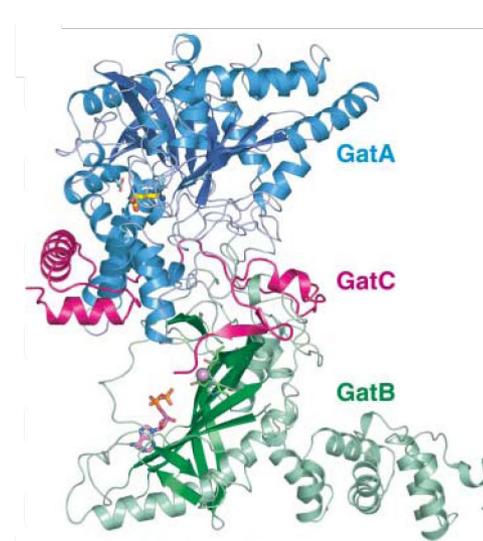
1. L'absence d'une aaRS

c. La voie alternative de formation des aa-ARNt amidés

GatDE•ARNt^{Gln}



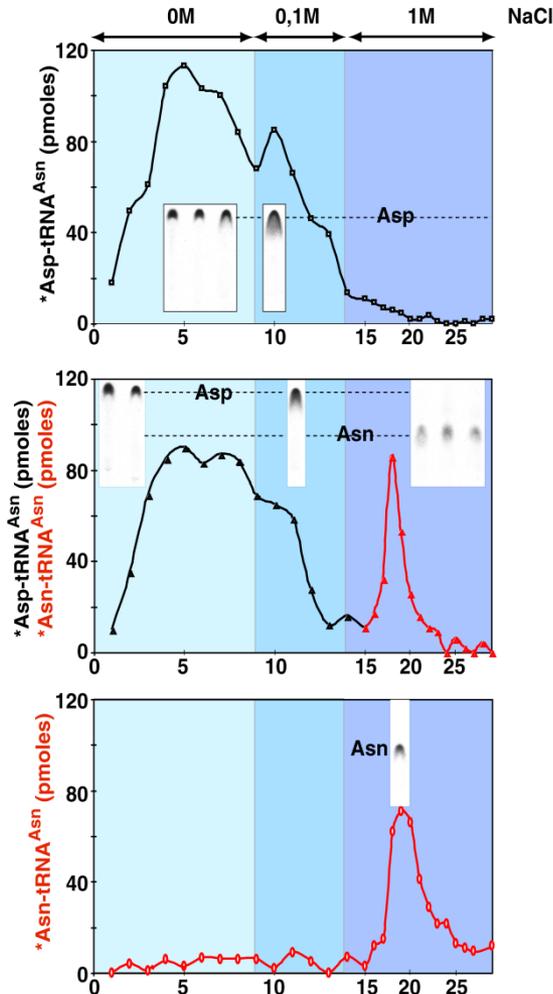
GatCAB



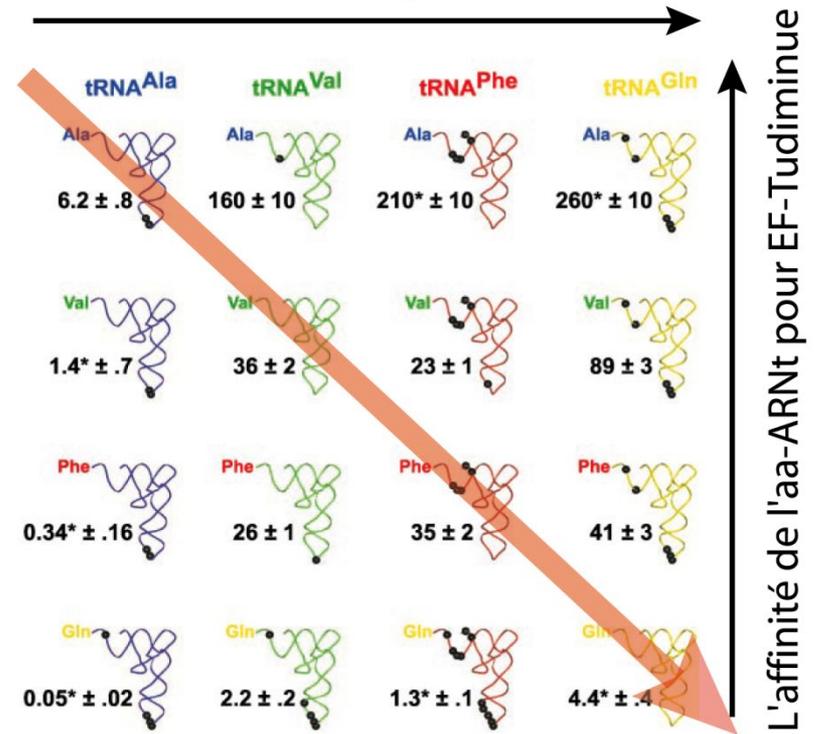
III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

d. Adaptation d'EF-Tu à la voie alternative



L'affinité de l'aa-ARNt pour EF-Tudimine

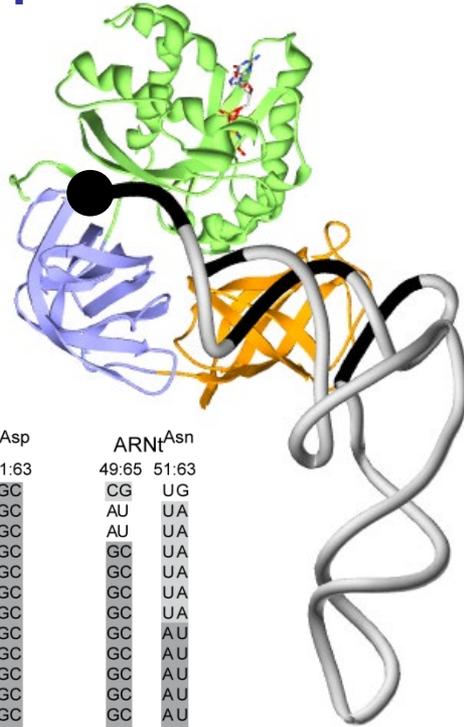


Il y a compensation thermodynamique entre la force de liaison de l'aa à EF-Tu et celle de l'ARNt: les couples qui se lient sont des couple faible-fort ou fort-faible

III. Les anomalies du contenu en aaRS

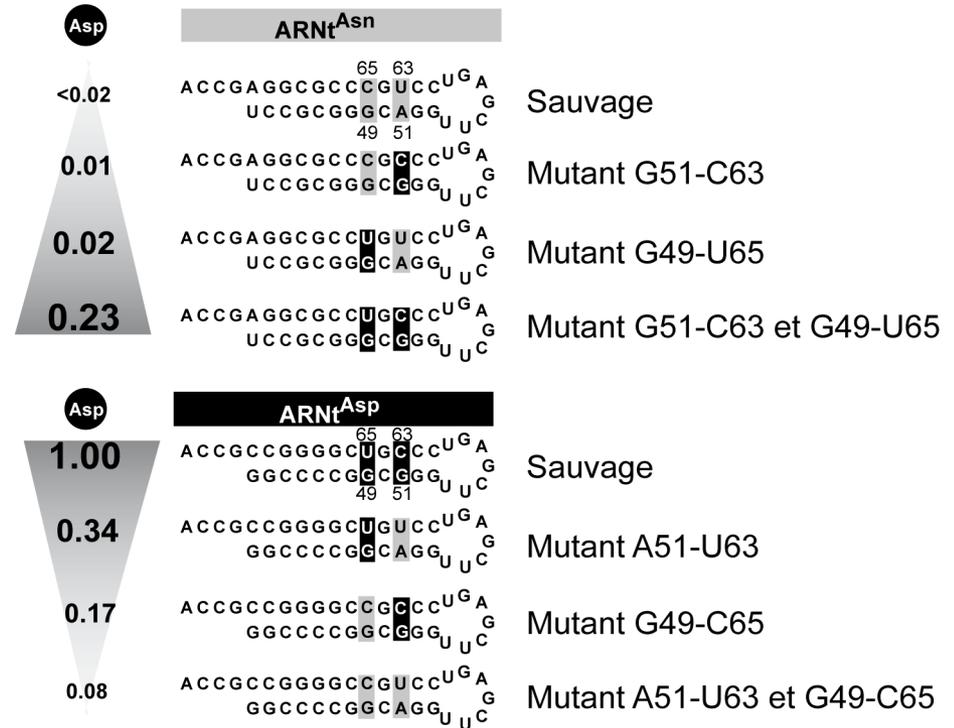
1. L'absence d'une aaRS

d. Adaptation d'EF-Tu à la voie alternative



	ARNt ^{Asp}		ARNt ^{Asn}	
	49:65	51:63	49:65	51:63
-T. pallidum	GU	GC	CG	UG
-E. coli	GU	GC	AU	UA
-B. aphidicola	GU	GC	AU	UA
-H. influenzae	GU	GC	GC	UA
-V. cholerae	GU	GC	GC	UA
-P. multocida	GU	GC	GC	UA
-X. fastidiosa	GU	GC	GC	UA
-U. urealitycum	GU	GC	GC	AU
-B. subtilis	GU	GC	GC	AU
-B. halodurans	GU	GC	GC	AU
-S. aureus	GU	GC	GC	AU
-B. burgdorferi	GU	GC	GC	AU
+T. thermophilus	GU	GC	GC	AU
+T. maritima	GU	GC	GC	AU
+H. pylori	GU	GC	GC	AU
+C. jejuni	GU	GC	GC	AU
+S. sp	GU	GC	GC	AU
+C. crescentus	GU	GC	GC	AU
+M. tuberculosis	GU	GC	GC	AU
+M. leprae	GU	GC	GC	AU
+D. radiodurans	GU	GC	GC	UA
+C. pneumonia	GU	GC	GC	UA
+C. trachomatis	GU	GC	GC	UA
+R. prowazekii	GU	GC	GC	UG
+A. Aeolicus	GU	GC	GC	GC
+N. meningitidis	GU	GC	CG	UA
+P. aeruginosa	GU	GC	CG	UA
+M. genitalium	GU	GC	AT	AU
+M. pneumoniae	GU	GC	AT	AU

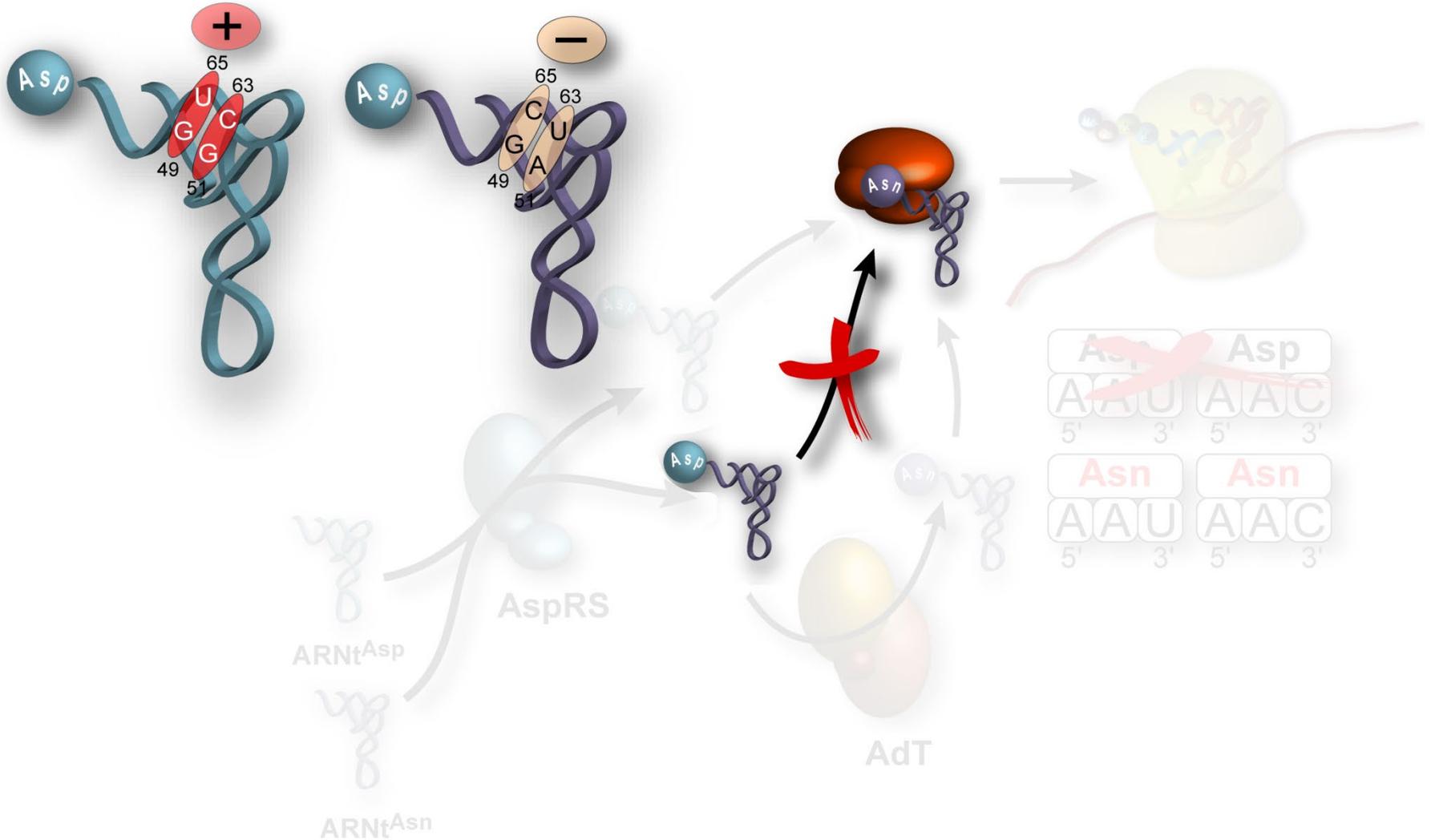
K_A
(relatifs)



III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

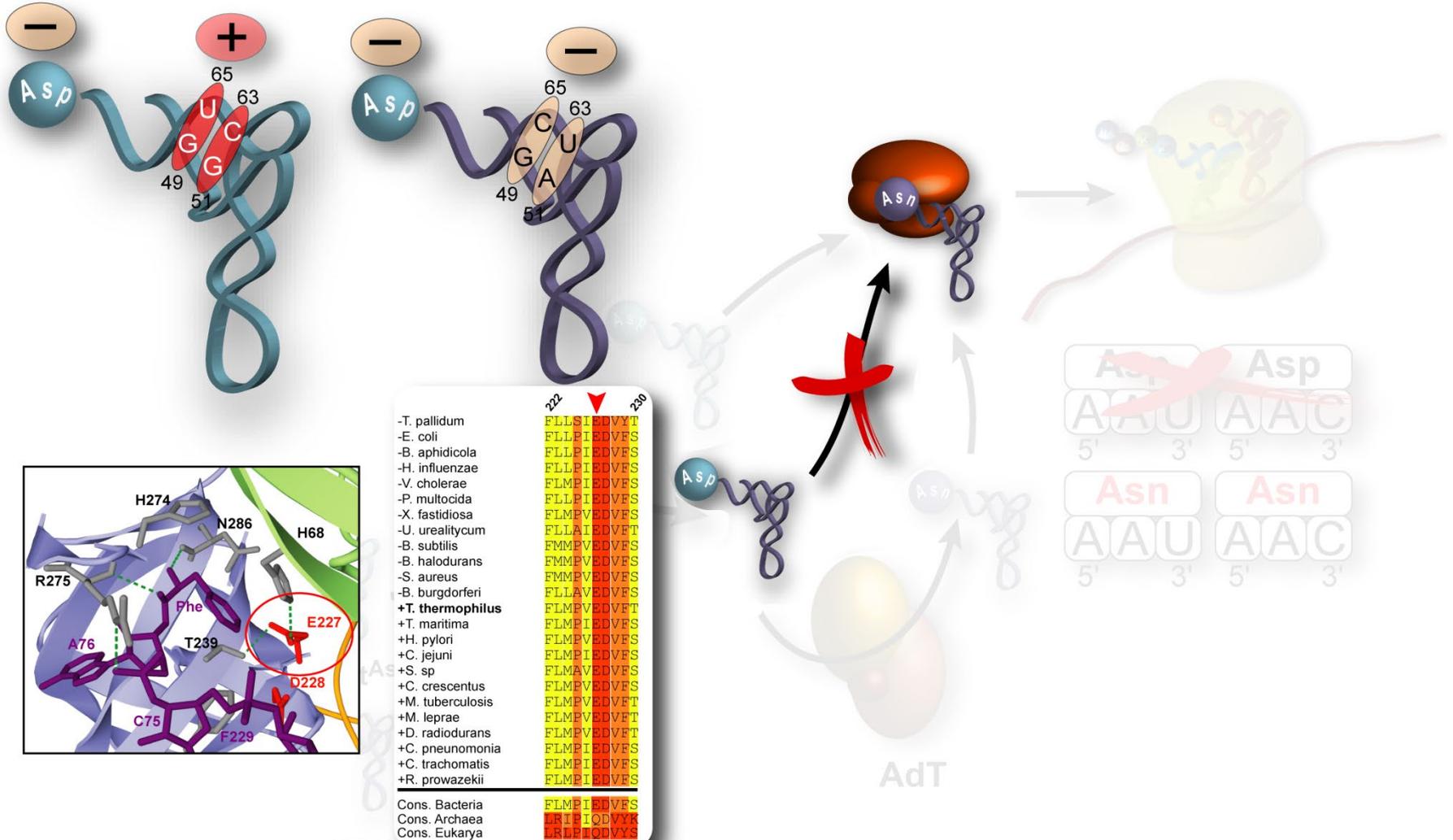
d. Adaptation d'EF-Tu à la voie alternative



III. Les anomalies du contenu en aaRS

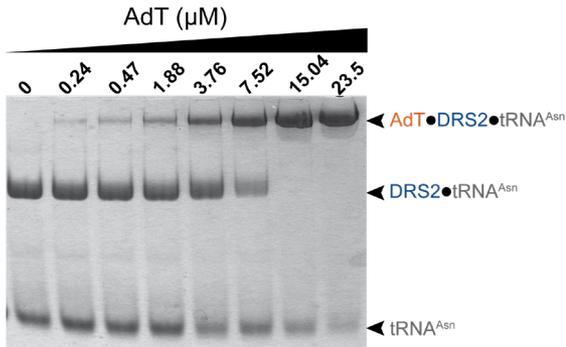
1. L'absence d'une aaRS

d. Adaptation d'EF-Tu à la voie alternative

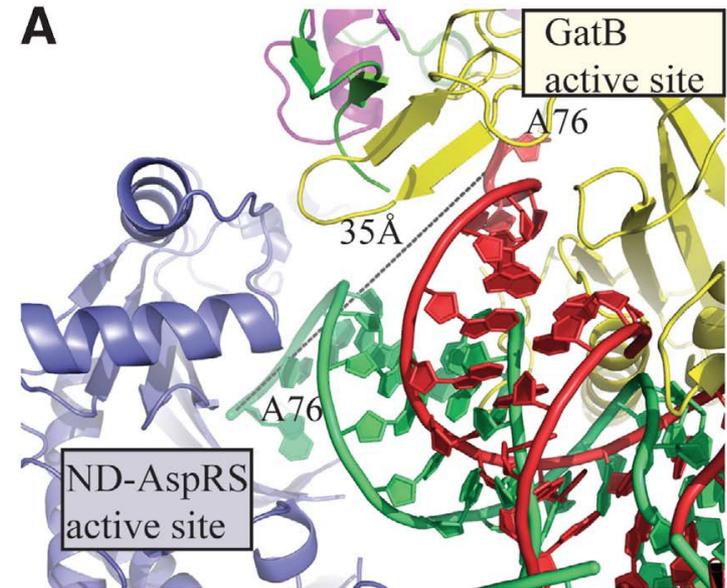


III. Les anomalies du contenu en aaRS

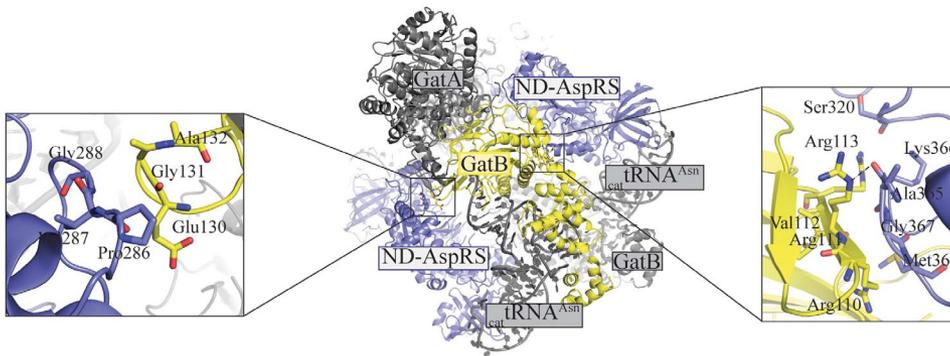
1. L'absence d'une aaRS



RNP-mediated Asn-tRNA^{Asn} synthesis



G

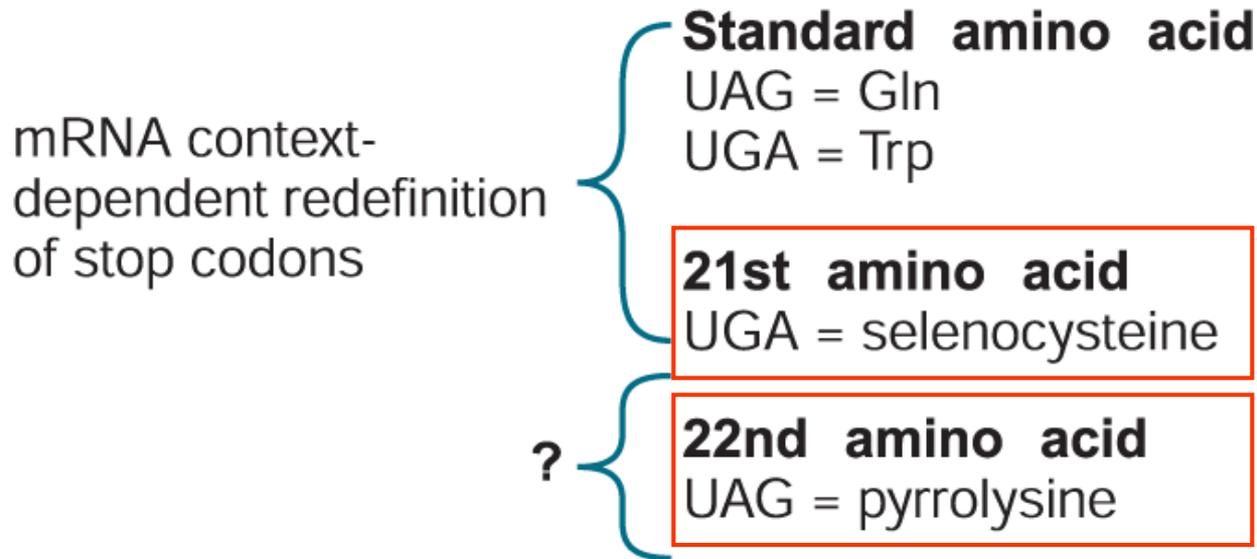


Asp-tRNA^{Asn} is not released prior to amidation

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

e. La redéfinition d'un codon STOP et l'introduction d'un nouvel aa dans le CG



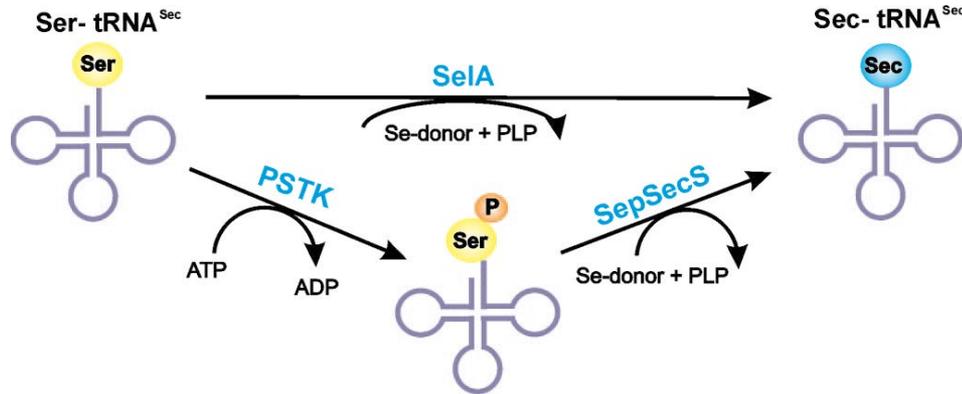
- ▶ Dans ce cas, le codon stop est toujours un stop sauf lorsque **le mRNA d'un gène présente une structure secondaire et/ou tertiaire** indiquant au ribosome que ce codon stop code pour un nouvel aa

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

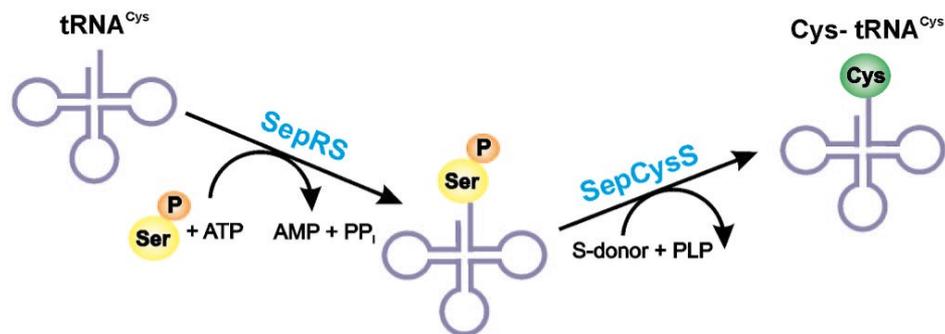
e. La redéfinition d'un codon STOP et l'introduction d'un nouvel aa dans le CG

α. La sélénocystéine (Sec) le 21^{ème} aa



Bact.

Arch. Euk.



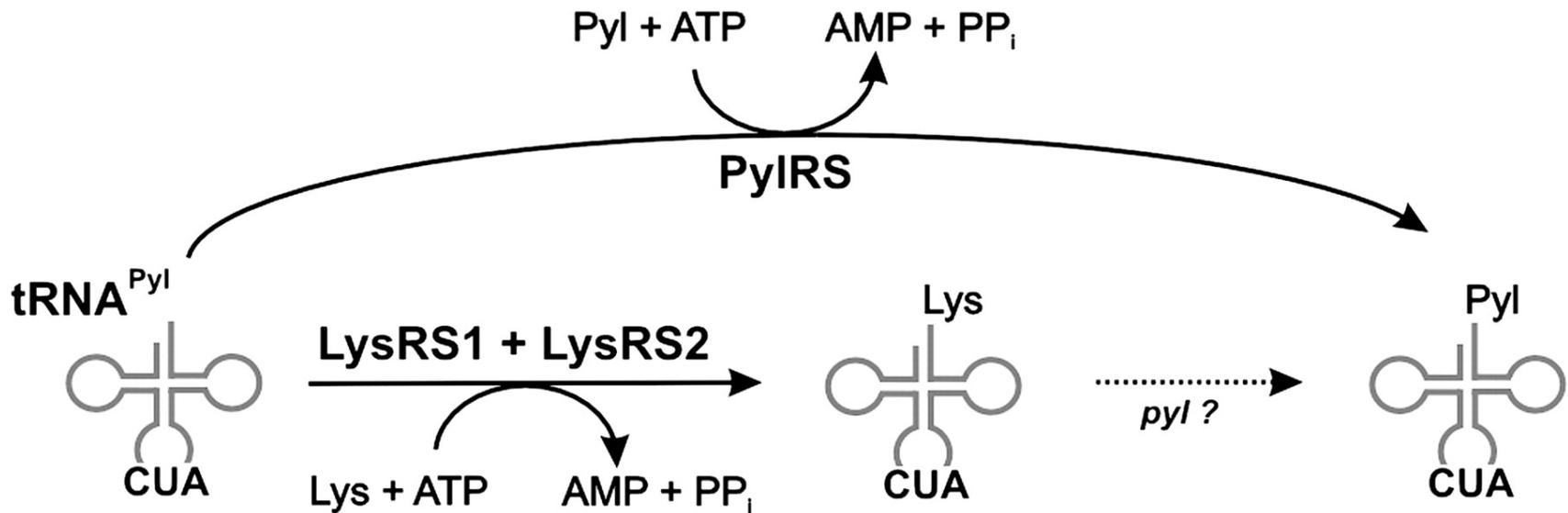
Arch.

III. Les anomalies du contenu en aaRS

1. L'absence d'une aaRS

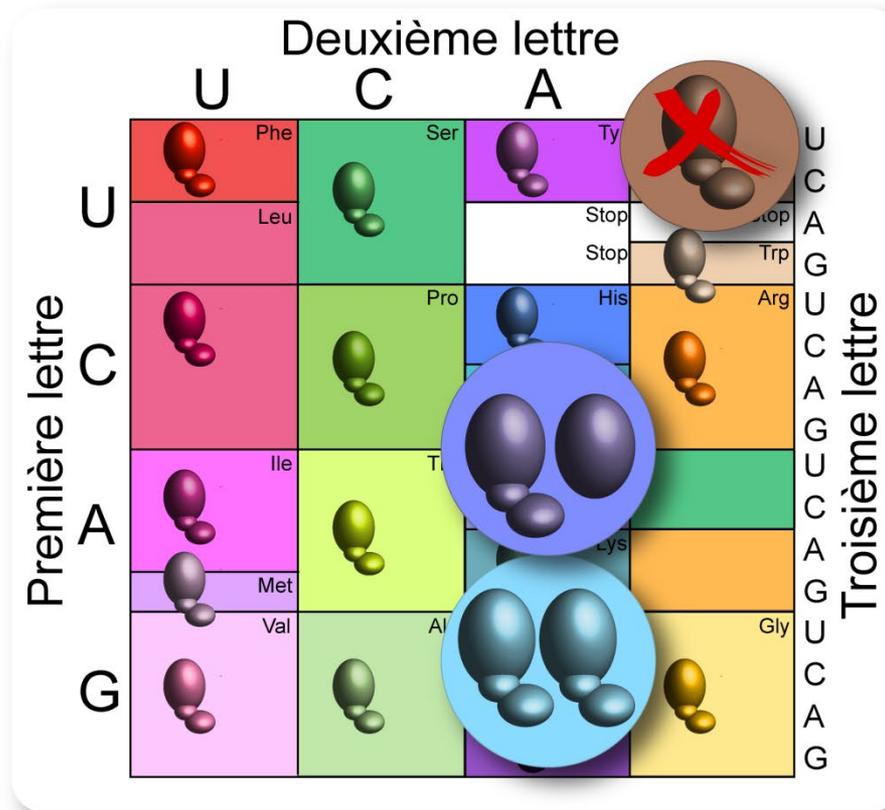
e. La redéfinition d'un codon STOP et l'introduction d'un nouvel aa dans le CG

β. La pyrrolysine (Pyl) le 22^{ème} aa



III. Les anomalies du contenu en aaRS

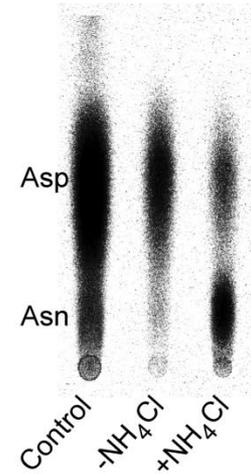
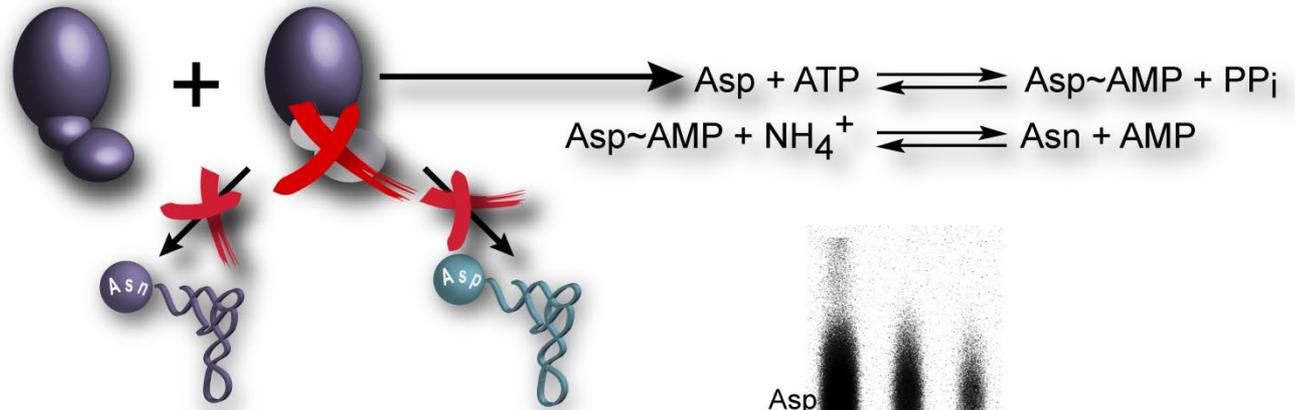
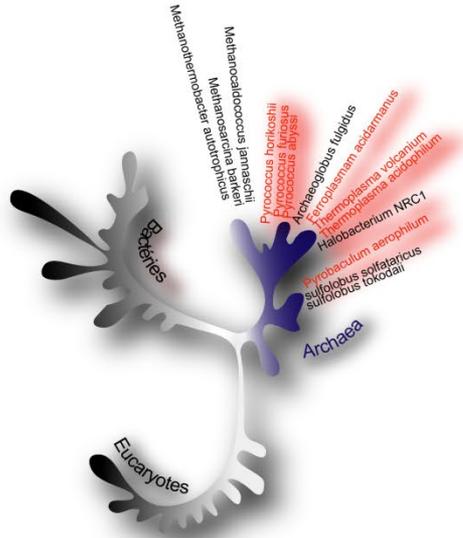
2. La présence de modules indépendant d'aaRS



III. Les anomalies du contenu en aaRS

2. La présence de modules indépendant d'aaRS

a. L'AsnRS tronquée

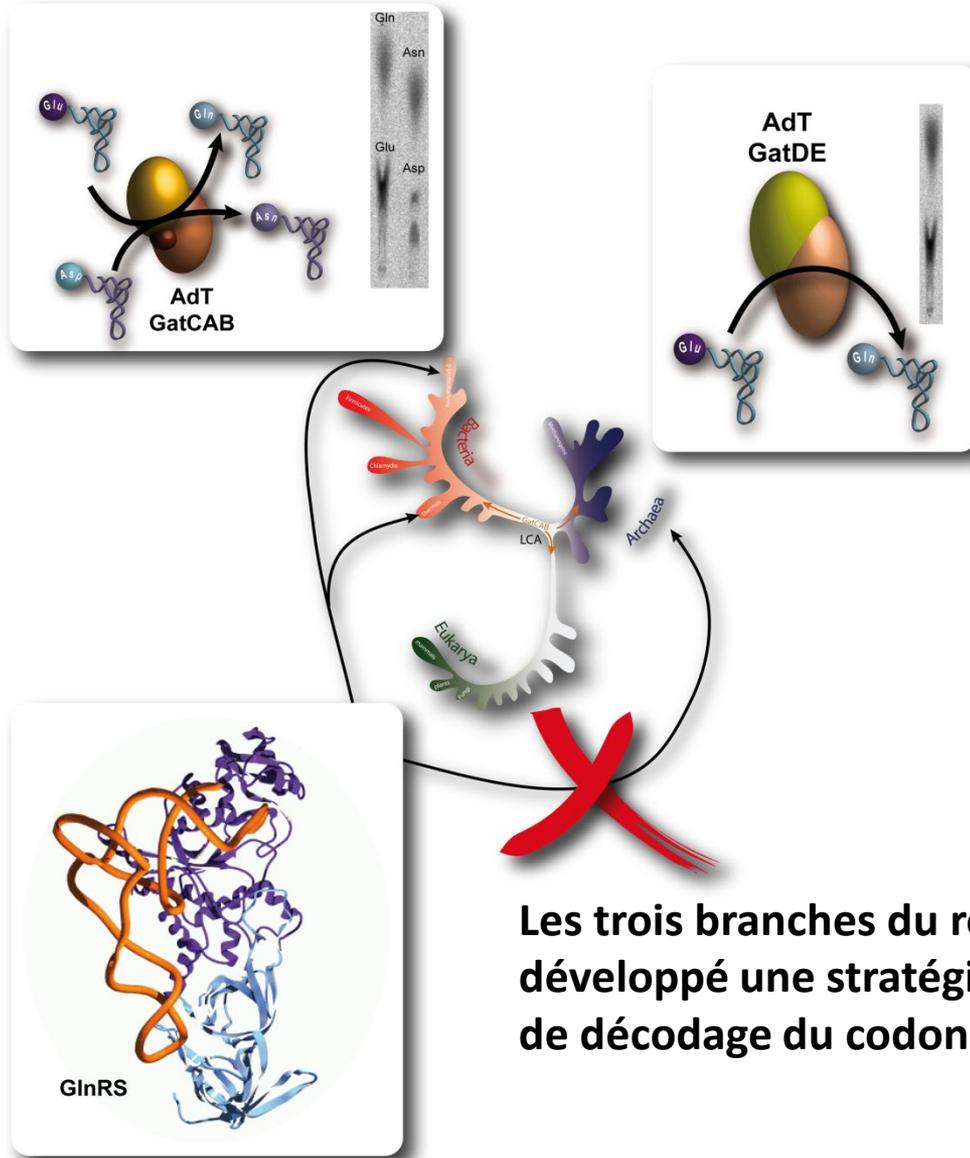


L'AsnRS2 est une asparagine synthétase = AS-AR



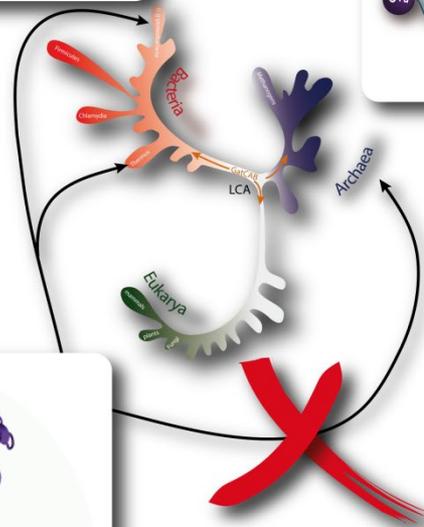
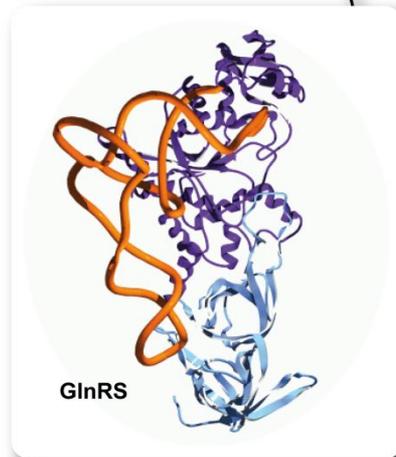
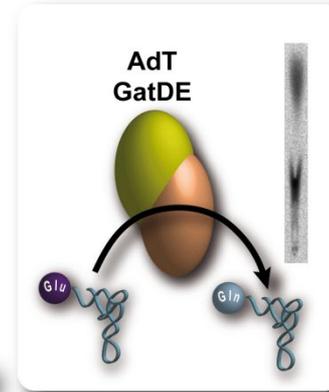
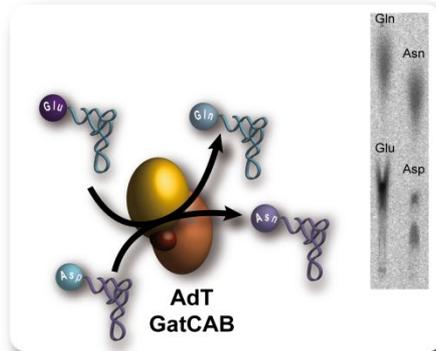
III. Les anomalies du contenu en aaRS

3. Conclusion

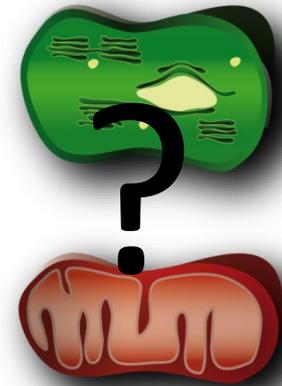


Les trois branches du règne vivant ont développé une stratégie qui leur est propre de décodage du codon glutamine

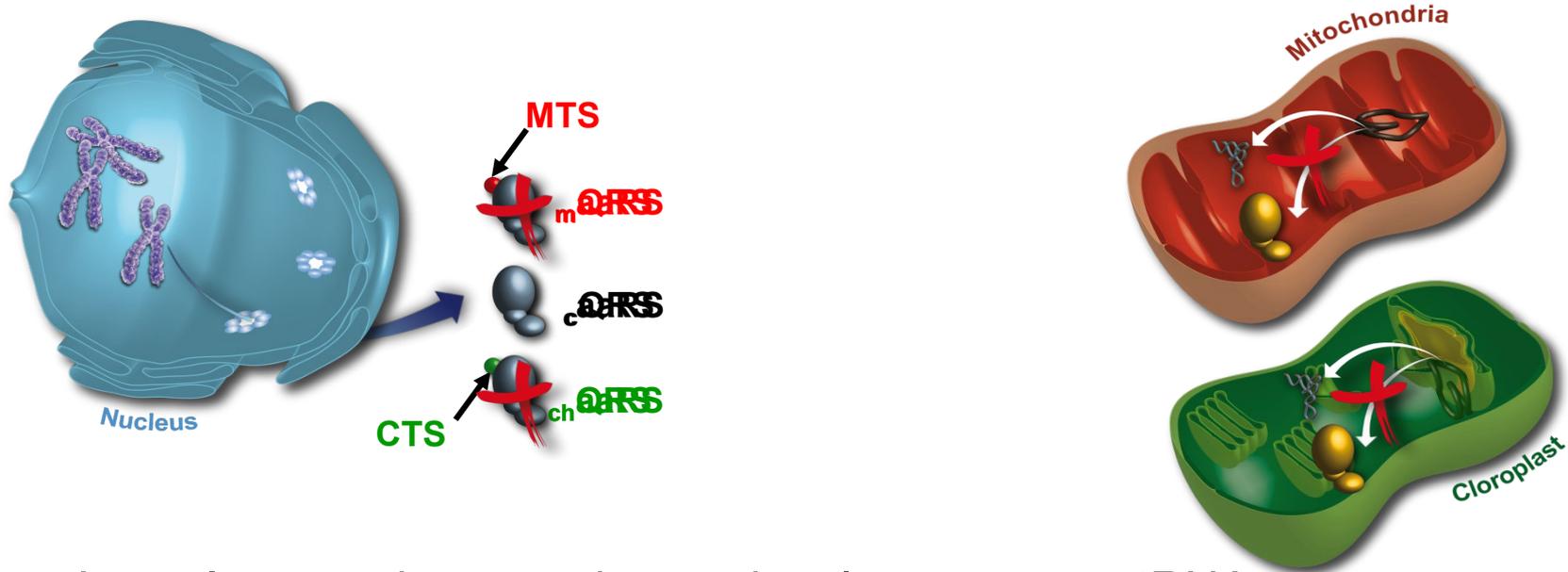
IV. La formation des aa-ARNt dans les organites



Et la synthèse
du Q-ARNt^Q
dans les organites ?



IV. La formation des aa-ARNt dans les organites



- Les génomes des organites codent leurs propres tRNAs
- Ces génomes ne codent pour aucune des aaRS
- Le génome nucléaire code les aaRS cytosoliques et des organites
- Dans ce génome on doit avoir $(X+1)$ gène d'aaRS ($X = \text{nombre d'organites}$)
- Ces aaRS ont des séquences de signalisation spécifiques de l'organelle
- Il n'existe pas de gène d'une aaRS mitochondriale ou chloroplastique
- Comment est formé le Q-tRNA^Q dans les organites?

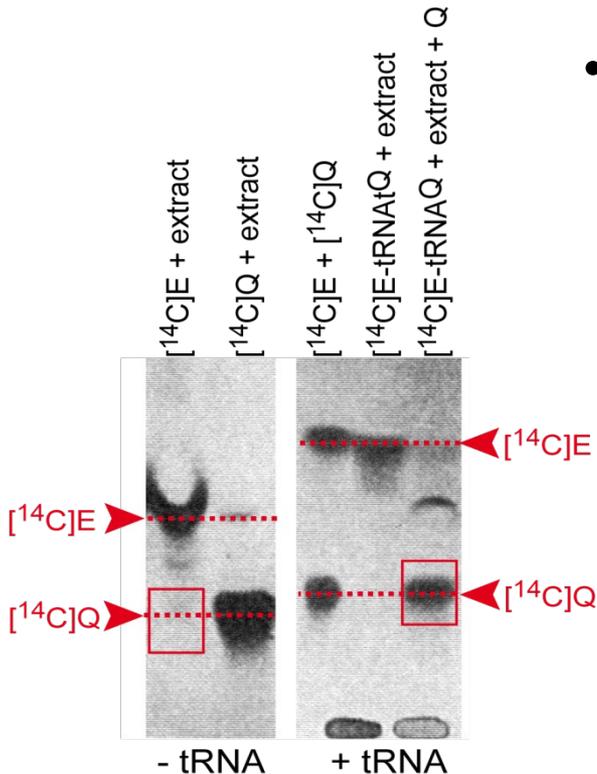
IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

a) historique

1988

Schön, A. et al., (1988) Nature



1994

Mulero, et al., (1994) Curr. Genet

- PET112 (GATB eucaryotique) est mitochondrial
- Chez la levure le Q_mtRNA^Q est formé par transamidation

- Chez les plantes le Q_{ch}tRNA^Q est formé par transamidation
- Il n' existe pas de _mQRS chez tous les Eucaryotes

IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

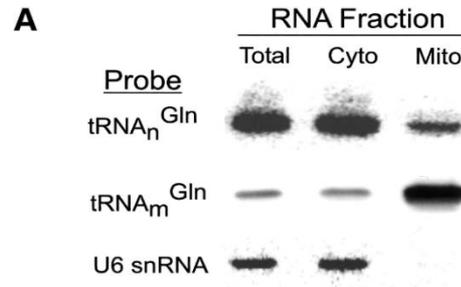
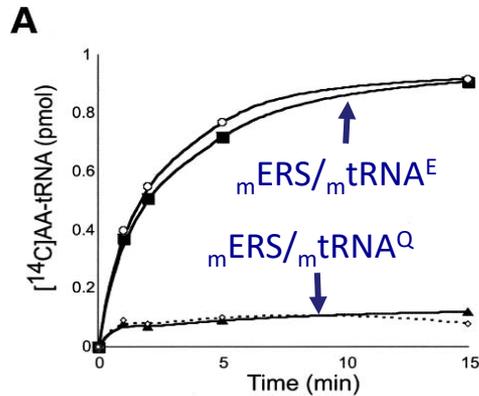
1) Synthèse du Q-tRNA^Q

a) historique

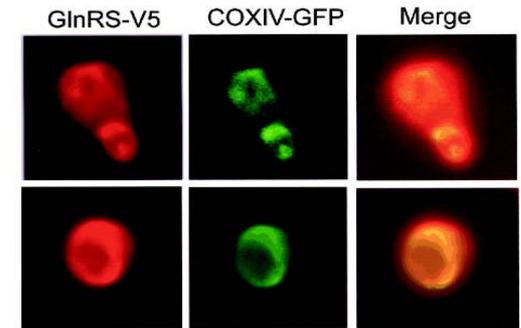
2005

Rinehart. J. et al., (2005) *Genes & Dev.*

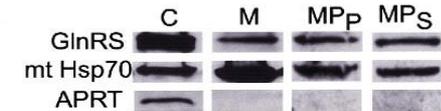
S. cerevisiae



B



C



- mERS n' est pas une ND-ERS

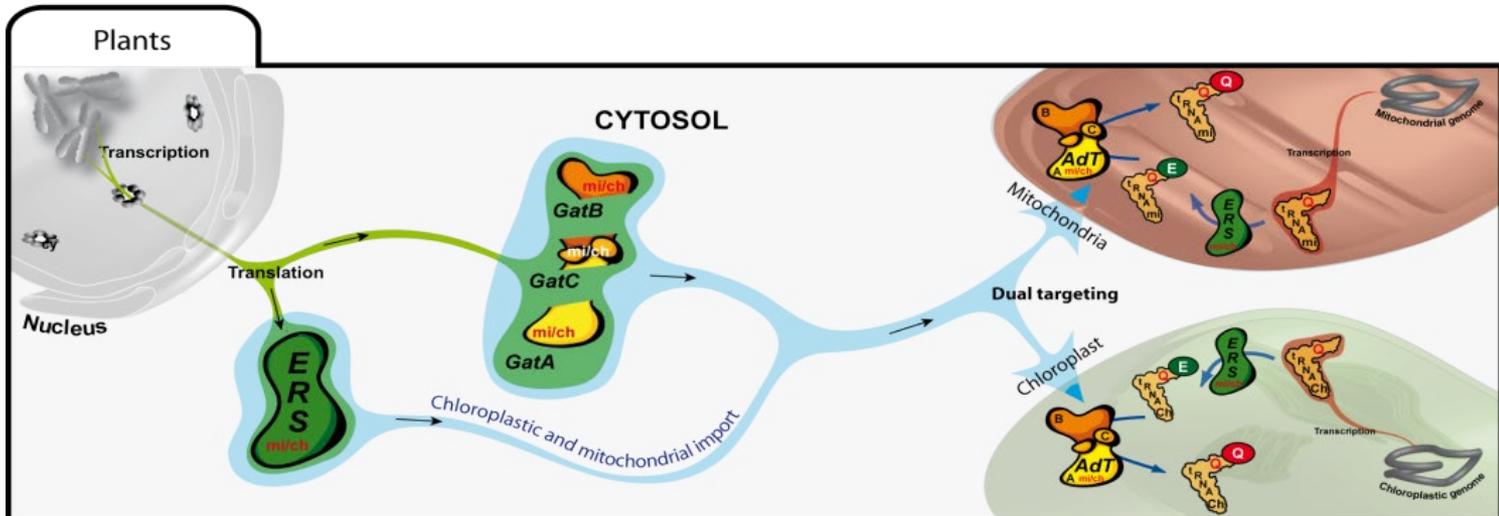
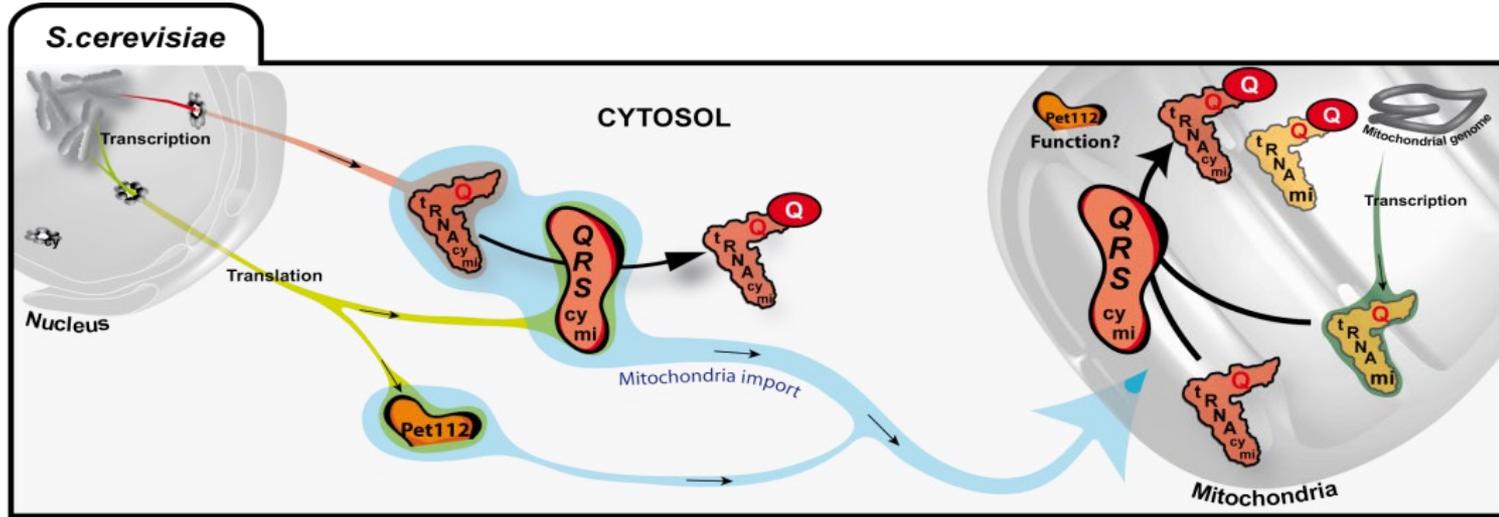
- Le _ctRNA^Q est importé dans la mitochondrie

- La _cQRS est dual-localisée

IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

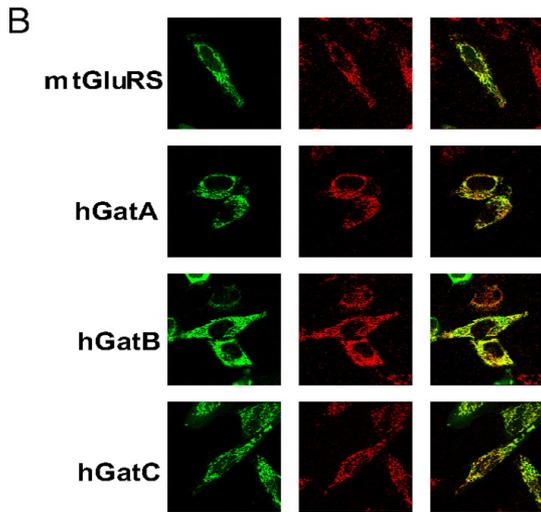
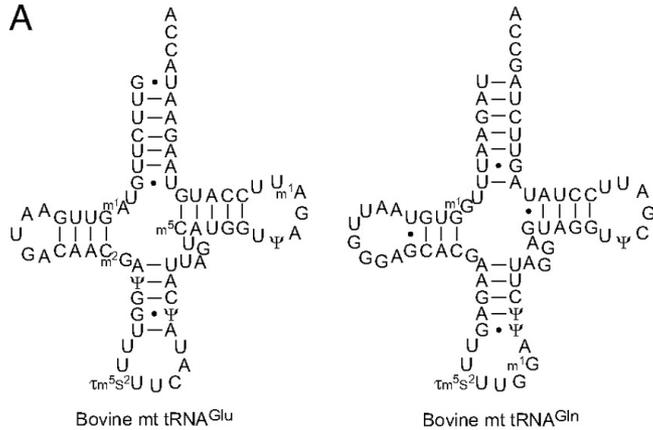
a) historique



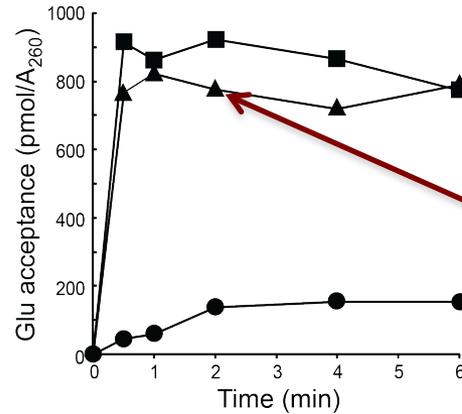
IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

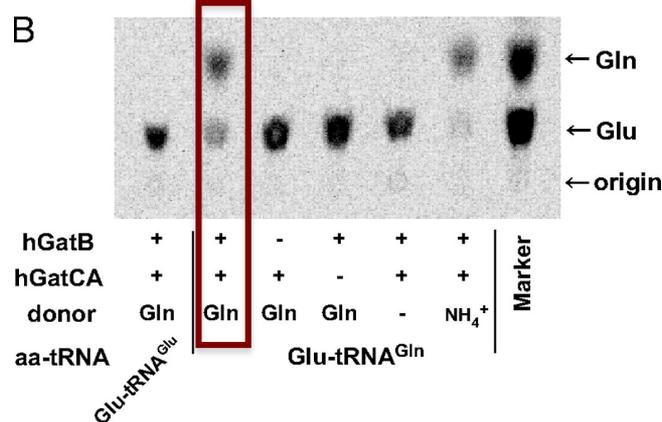
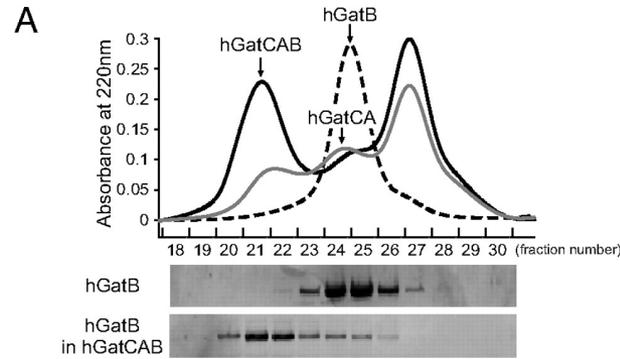
b) Chez l'Homme



L'ERSm et GatCAB importées dans la mitochondrie



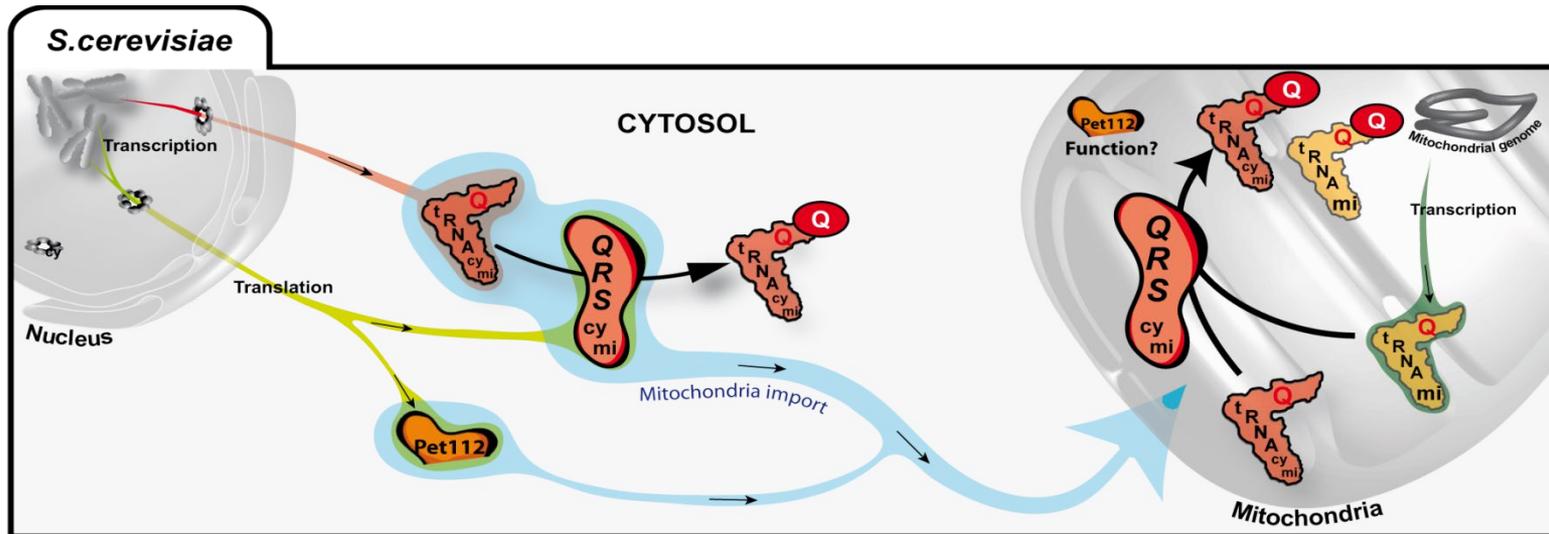
Cytoplasmic tRNA^{Gln} is a substrate for mtGluRS. Glutamate-charging activities of mttRNA^{Glu} (square), mttRNA^{Gln} (triangle), and cyto tRNA^{Gln} (circle) by recombinant mtGluRS.



IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

c) Chez *S. cerevisiae*



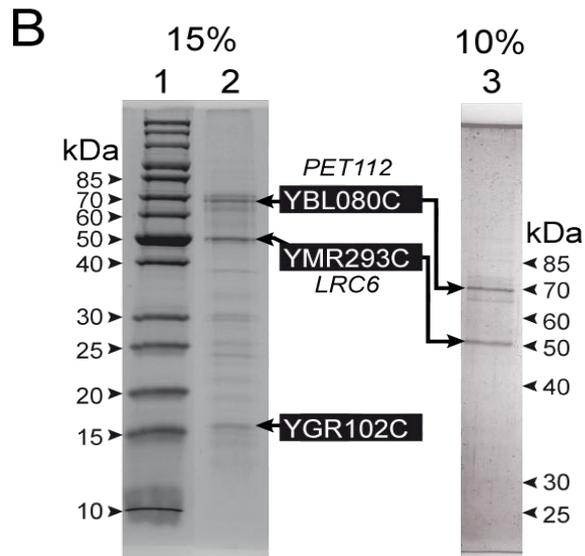
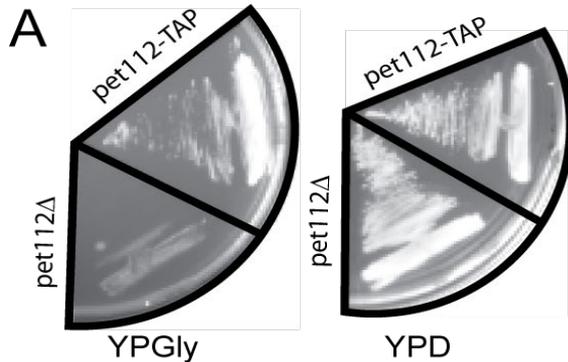
- Quelle est la fonction de GatB (pet112) ?
- Quelle est la fonction du tRNA^Q codé par la mito ?

IV. La formation des aa-ARNt dans les organites

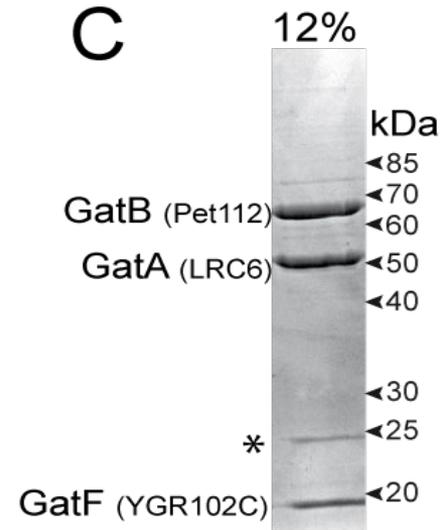
1) Synthèse du Q-tRNA^Q

c) Chez *S. cerevisiae*

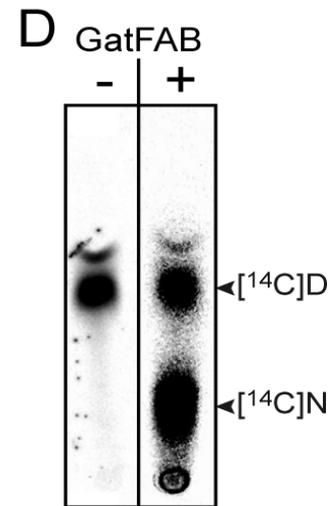
- TAP-pet112 n'est pas "petite"



- Pulldown d'un trimère_m GatCAB-like: GatFAB



- GatCAB purifiée grâce à GatB-6 × His

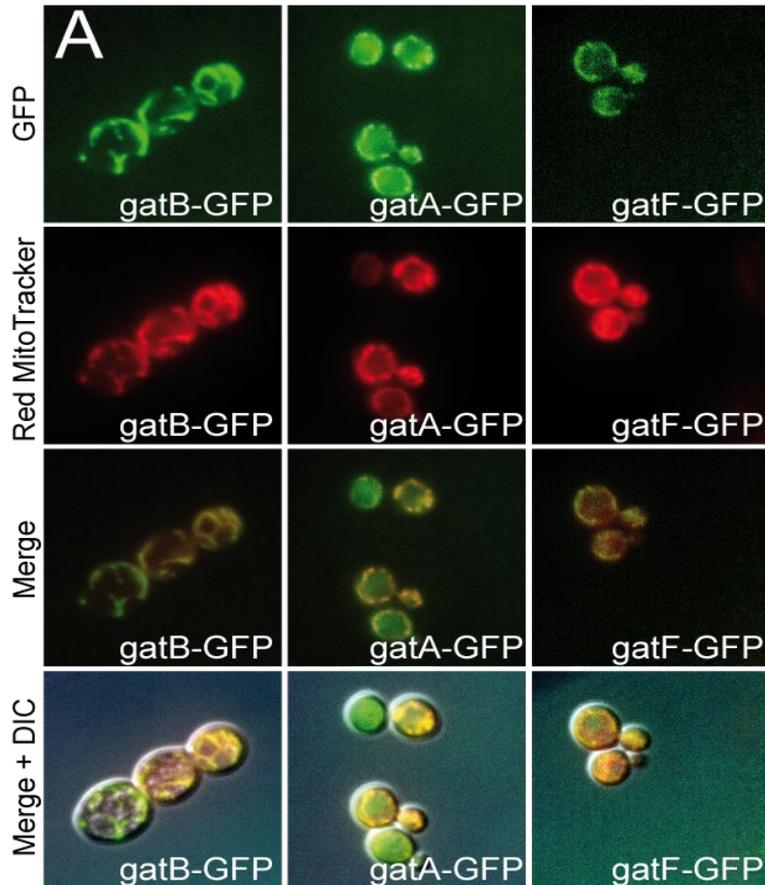


- La GatFAB catalyse *in vitro* la transamidation du D-tRNA^N

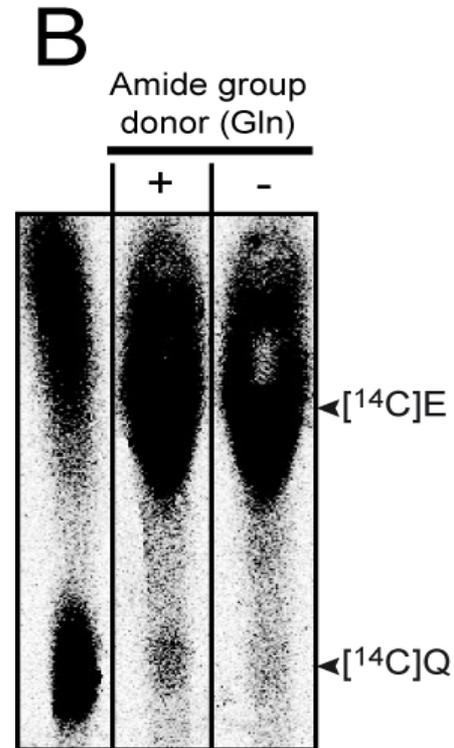
IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

c) Chez *S. cerevisiae*



- GatF-GFP, GatA-GFP et GatB-GFP sont localisées dans la mitochondrie

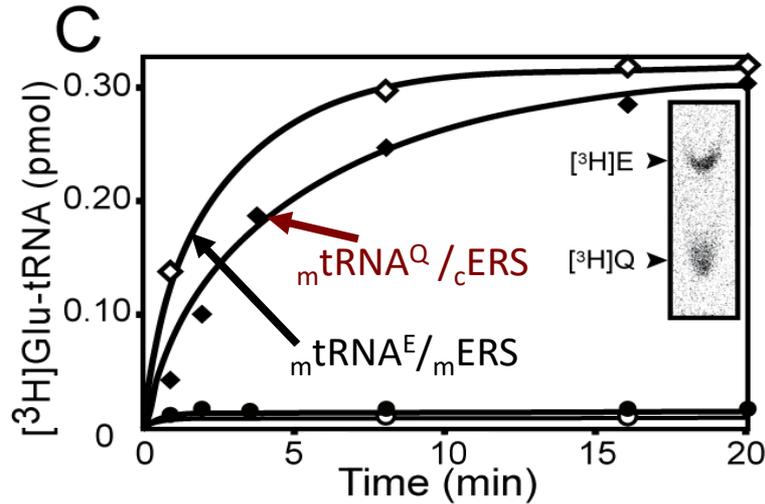


- L' extrait mitochondrial génère le E_m-tRNA^Q et le tansamide en Q_m-tRNA^Q

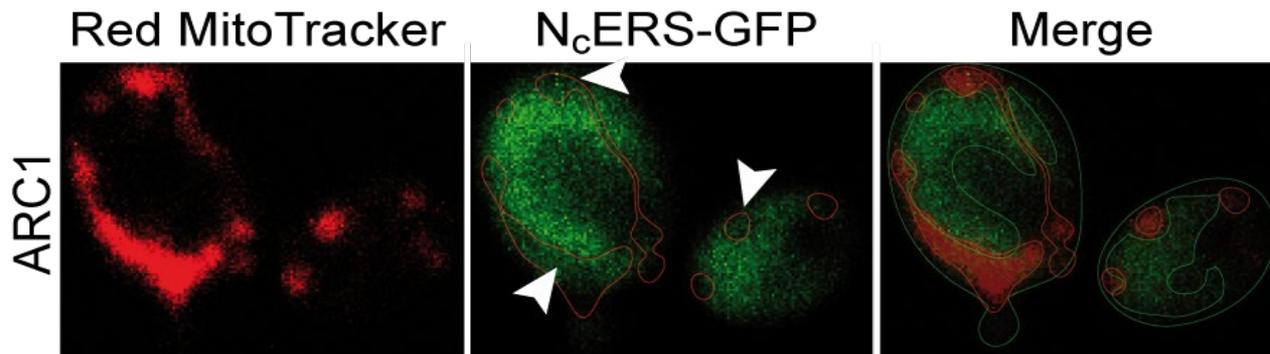
IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

c) Chez *S. cerevisiae*



- Le $m\text{tRNA}^Q$ pur est chargé by pure par la $c\text{ERS}$ et transamidé par la GatFAB purifiée

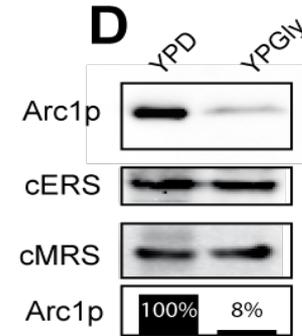
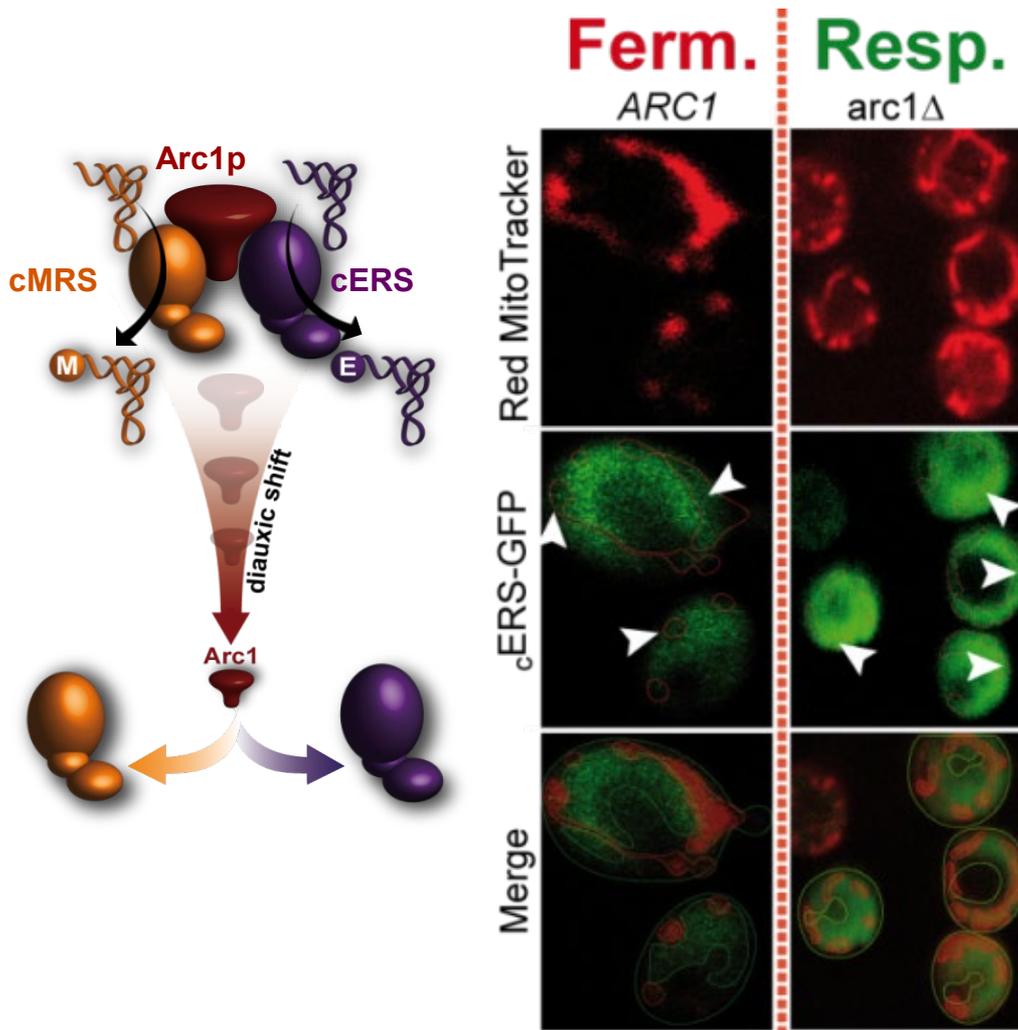


- Une fraction de la cERS-GFP est localisée dans la mitochondrie

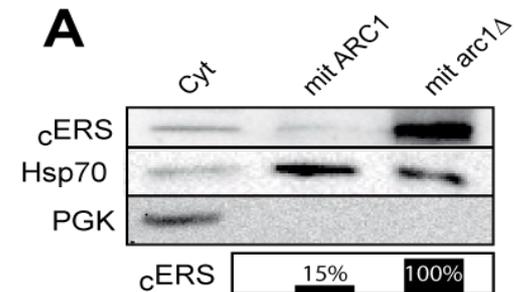
IV. La formation des aa-ARNT dans les organites

1) Synthèse du Q-tRNA^Q

c) Chez *S. cerevisiae*



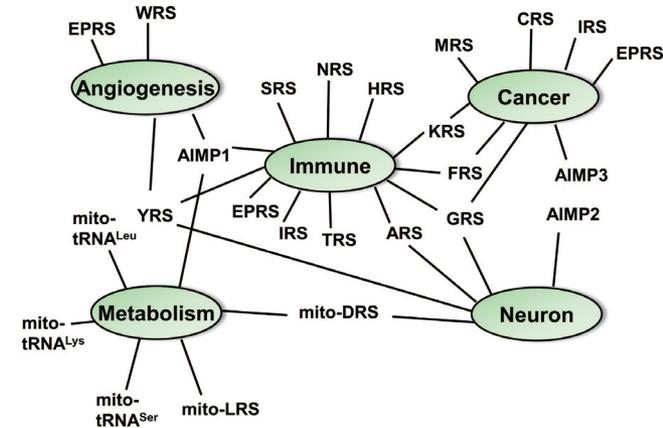
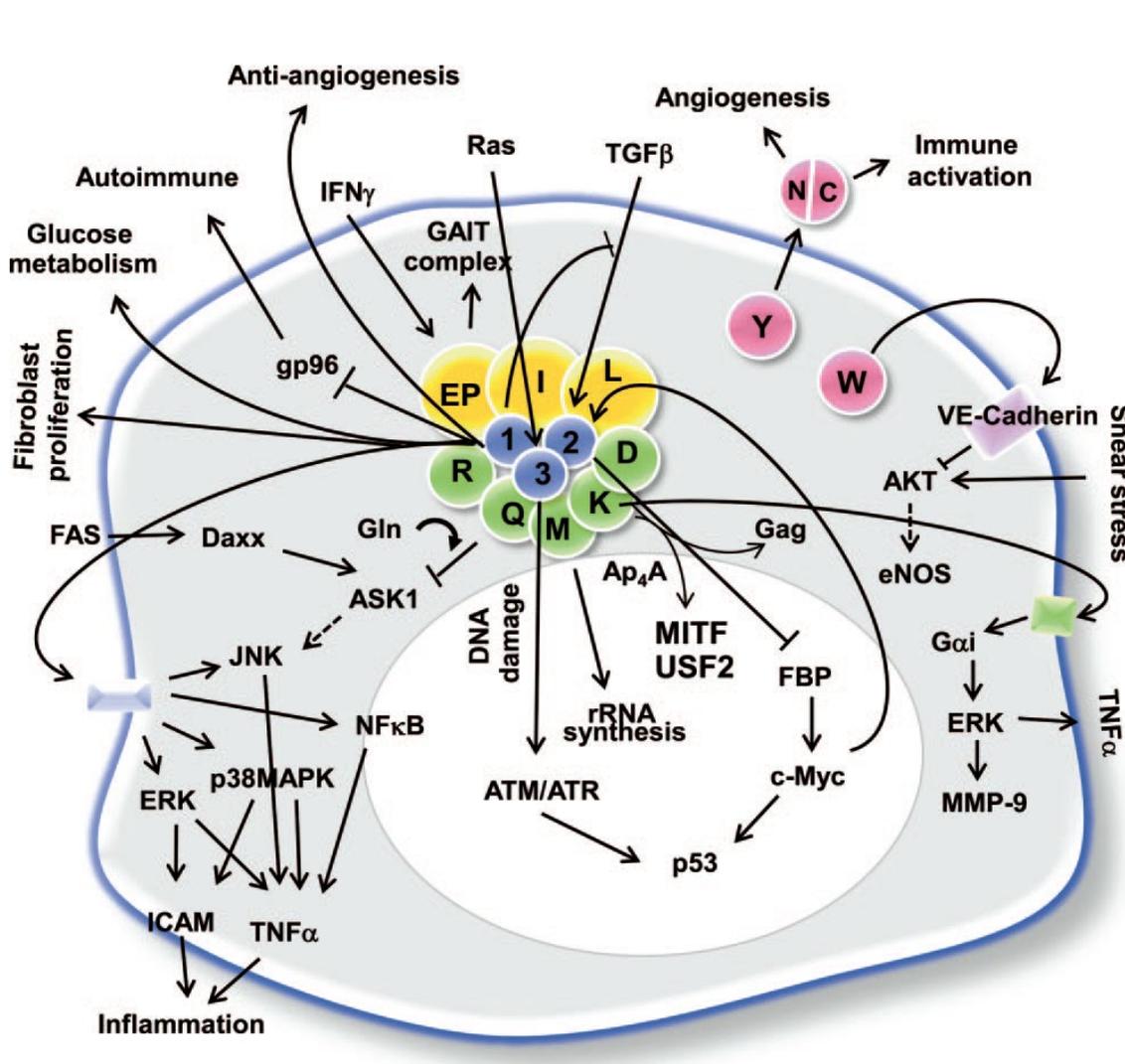
- Quand switch fermentation vers respiration Arc1p diminue, les niveaux de cERS and cMRS restent inchangés



- cERS est relâchée et rentre dans la mito
- Arc1p est une ancre cytoplasmique

V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

1) Dépôts pour protéines à fonctions multiples



• Dans le complexe: aminoacyl-tRNA. Libérée sous l'influence d'un stimulus extérieur, se relocalise et exerce une fonction régulatrice ou de signalisation.

V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

2) Fonctions non canoniques liées à la reconnaissance de l'aa

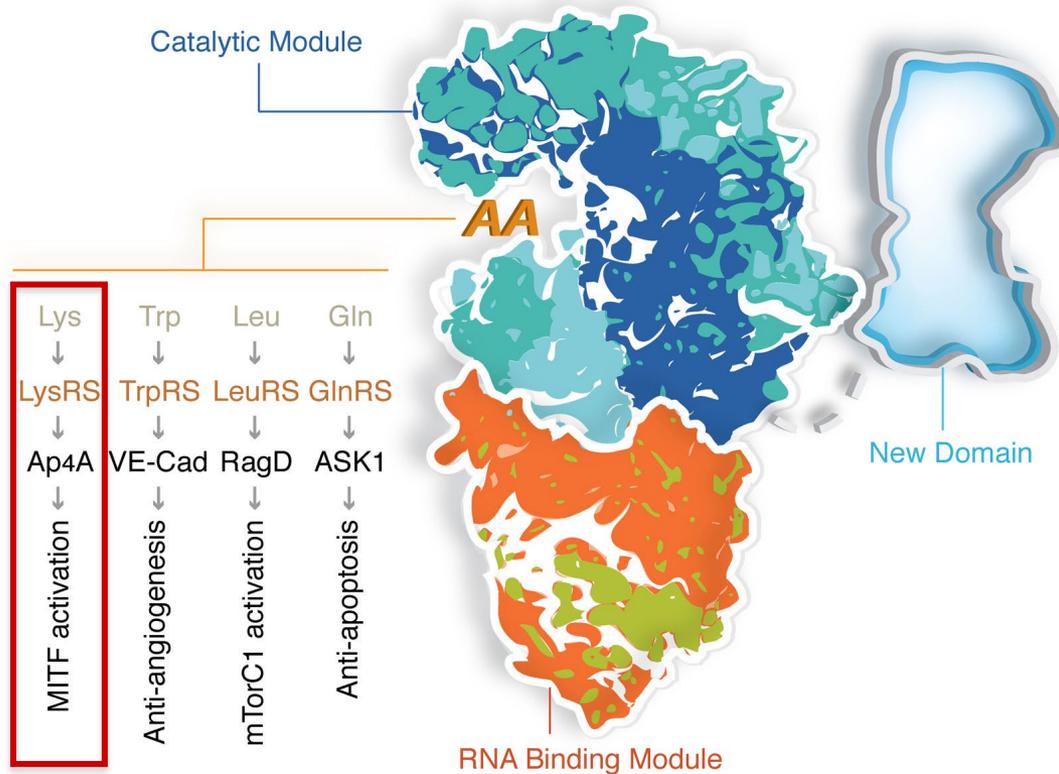


Figure 2. Amino acid binding pocket has a vital role in some of the non-translational functions. Higher eukaryote tRNA synthetases are comprised of a catalytic domain (which is highly conserved through evolution), an RNA binding domain (for some synthetases, this domain recognizes the tRNA anticodon), and a new domain that is absent in lower organisms. The ancient amino acid-binding pocket of several aaRSs is essential for some of the nontranslational functions. Ap4A: diadenosine tetraphosphate; VE-cad: vascular endothelial cadherin; RagD: small guanosine triphosphatase D; ASK1: apoptosis signal-regulating

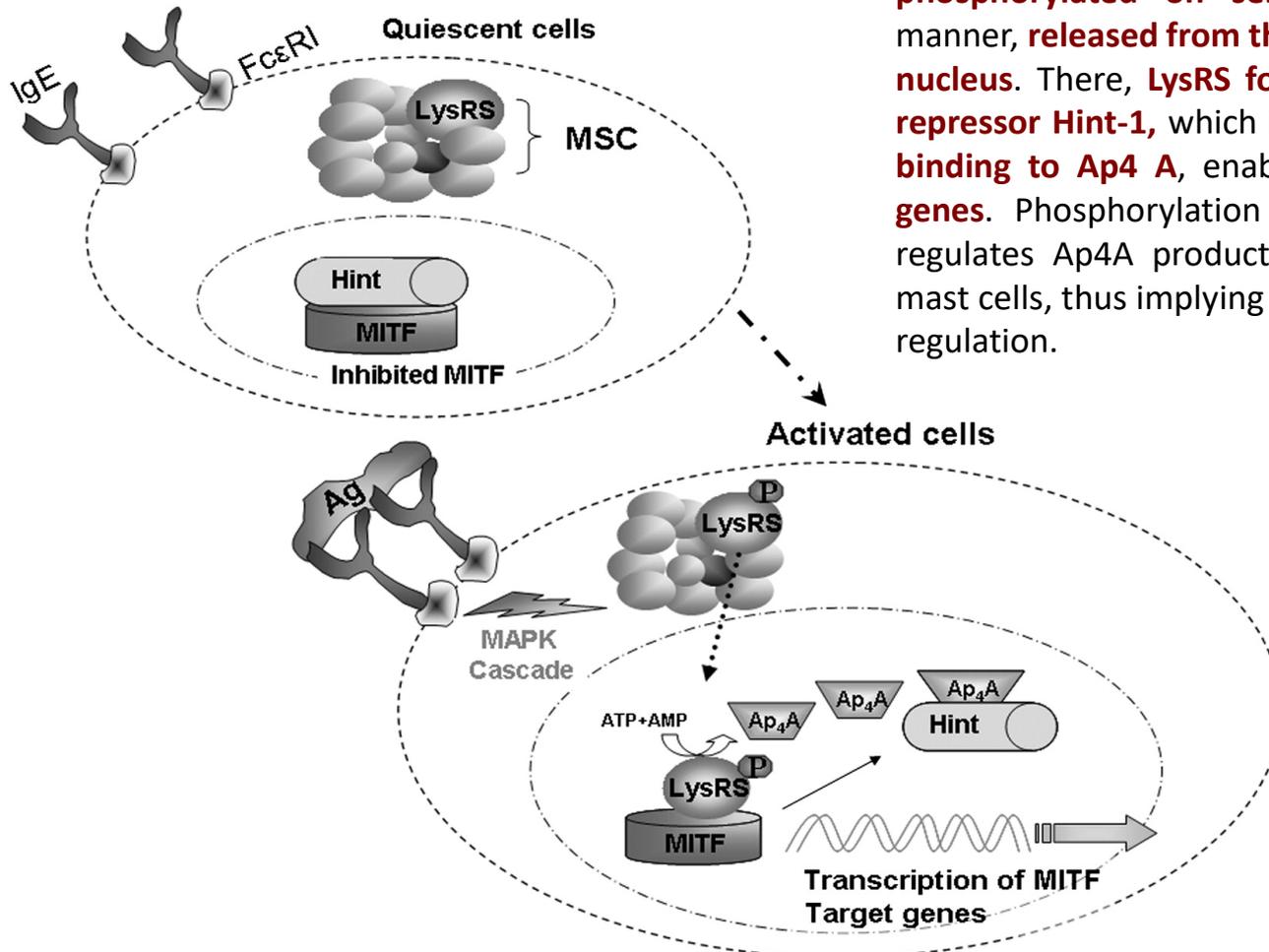
As perhaps the earliest highly specific AA binding sites, **they were available for expropriation for other activities.** Thus, the recent discoveries of the role of the amino acid binding site in signal transduction events associated with non-translational functions of tRNA synthetases **has a logical connection to the preexisting properties of this amino acid detection and signaling system.**

V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

1) Fonctions non canoniques liées à la reconnaissance de l'aa

LysRS Serves as a Key Signaling Molecule in the Immune Response by Regulating Gene Expression

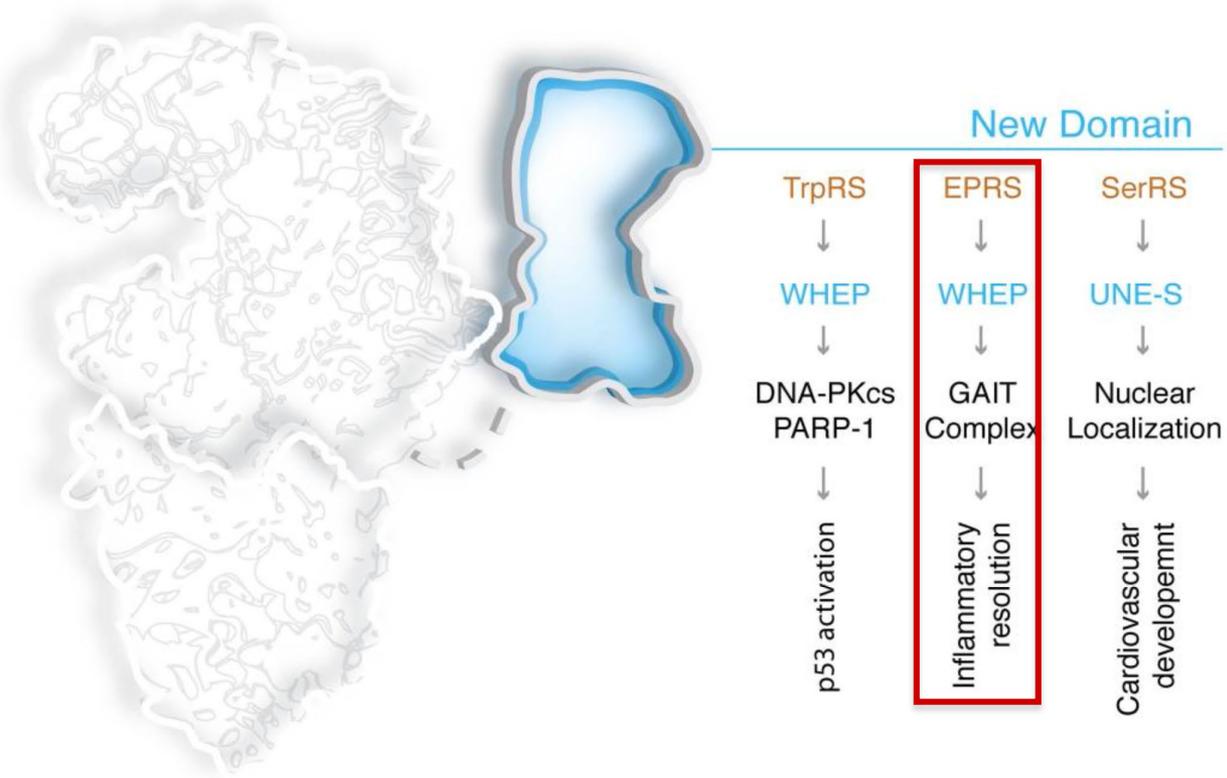
Mastocytes



Upon immunological challenge LysRS of mast cells is **phosphorylated on serine 207** in a **MAPK-dependent** manner, **released from the MSC**, and **translocated into the nucleus**. There, **LysRS forms a complex with MITF and its repressor Hint-1**, which is released from the complex by its **binding to Ap₄A**, enabling **MITF to transcribe its target genes**. Phosphorylation of the specific LysRS serine 207 regulates Ap₄A production in immunologically stimulated mast cells, thus implying that LysRS is a key mediator in gene regulation.

V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) Fonctions non canoniques liées à un domaine spécifique des aaRSs

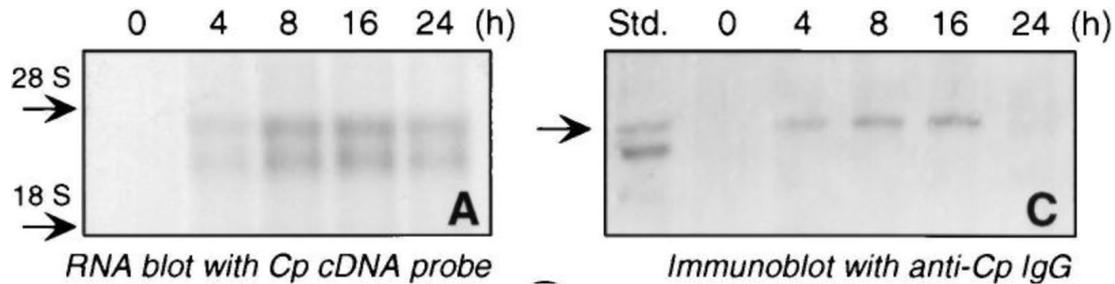


New domains that introduce and regulate non-translational functions aaRSs appear to be **unique in the degree to which they acquired new domains that are not essential for catalytic activity**. In addition to the common leucine zipper and GST domains, **most of the novel domains are restricted to the aaRS family and are not found in other proteins**. Shown here are two of the domains that are unique to vertebrate aaRSs and their related functions in inflammation, development and angiogenesis. DNA-PKcs: DNA-dependent protein kinase, catalytic subunit; PARP-1: poly [ADP-ribose] polymerase 1; GAIT complex: gamma-IFN-activated inhibitor of translation (GAIT) complex.

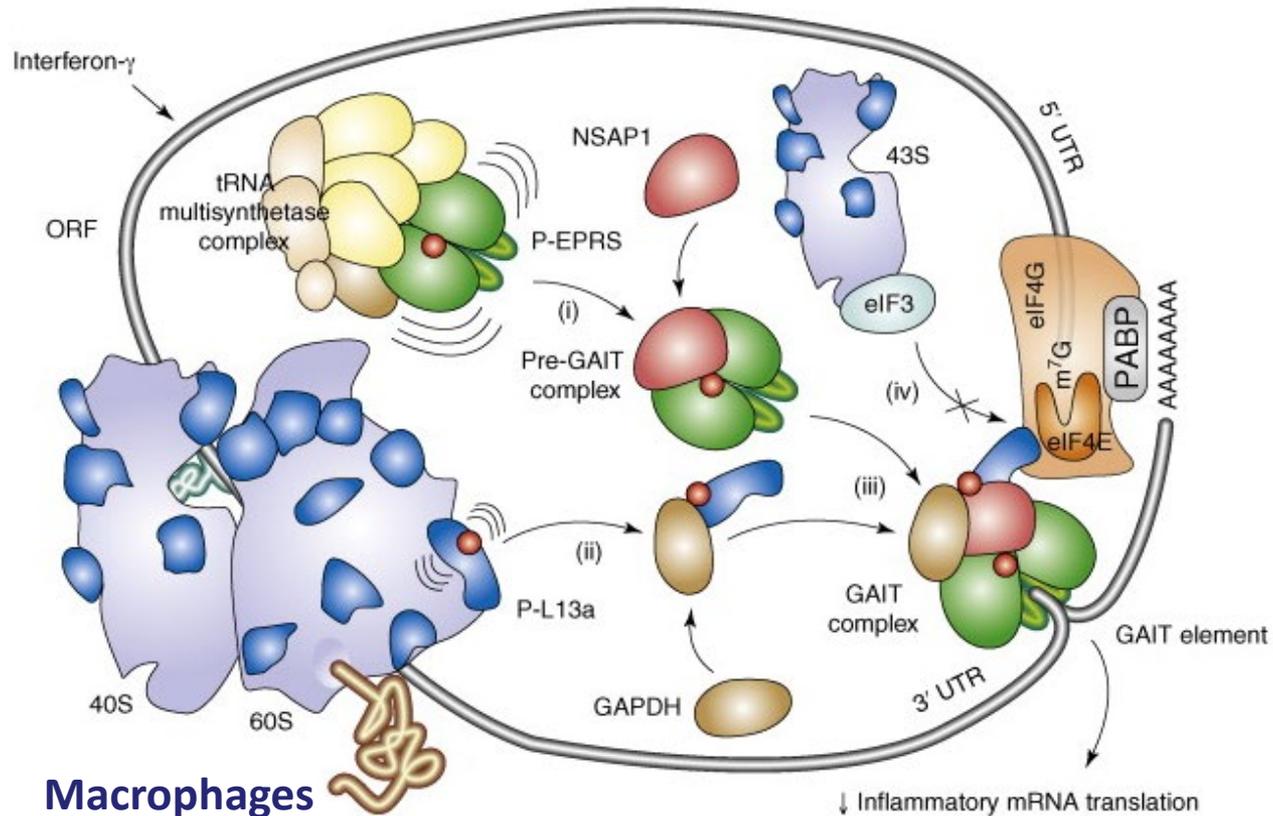
V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) Fonctions non canoniques liées à un domaine spécifique des aaRSs

EPRS & GAIT complex: gamma-IFN-activated inhibitor of translation (GAIT) complex.

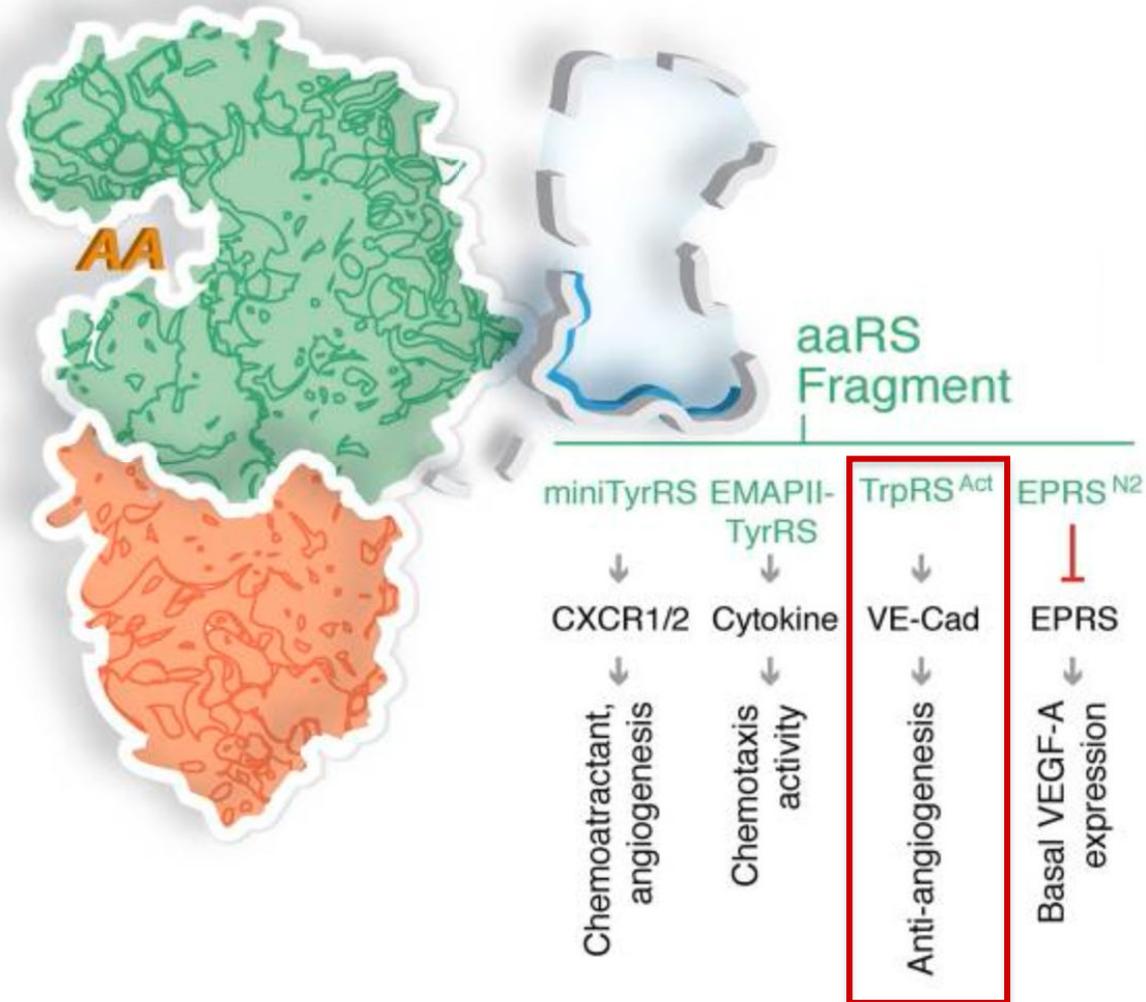


24 h après la stimulation de la réponse inflammatoire médiée par l'Infy il y a inhibition de la traduction du mRNA de la céruloplasmine



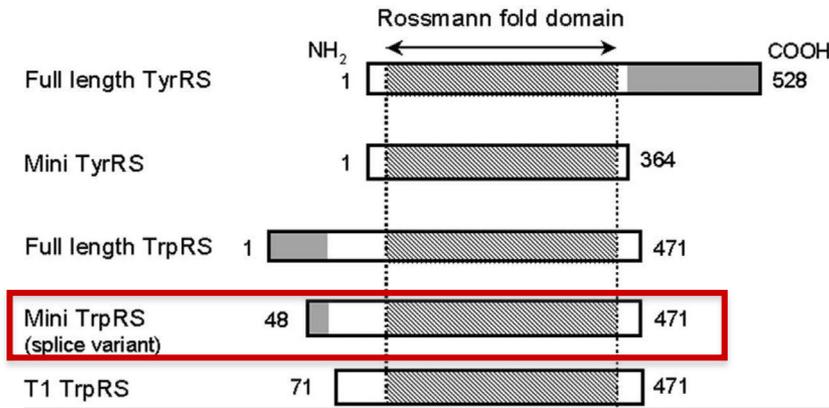
V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) Rôles de domaines d'aaRS issus de clivage protéolytiques ou de variants d'épissage

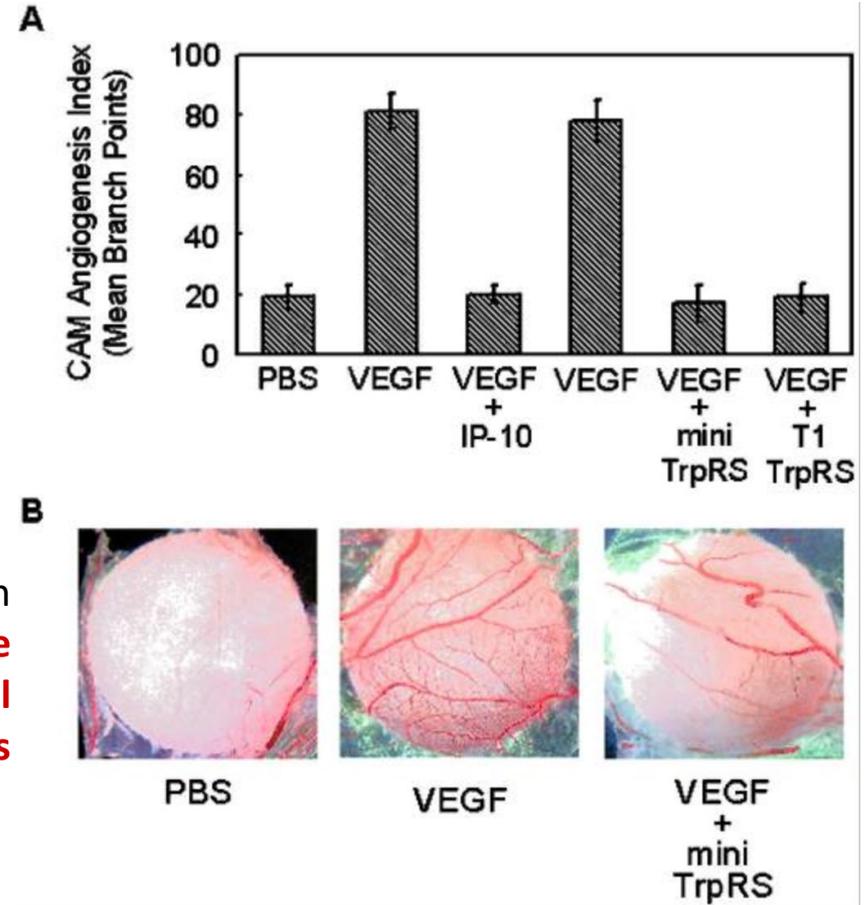


V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) Rôles de domaines d'aaRS issus de clivage protéolytiques ou de variants d'épissage



Activity of human TrpRS in the chicken chorioallantoic membrane assay. **The data are presented as the mean number of blood vessel branches \pm standard deviations from 5–8 embryos in each sample.**



While there have been many variations developed over the years, the basic assay is performed by implanting a membrane or coverslip containing the compound of interest on the chick embryo chorioallantoic membrane through a hole cut in the egg shell. The subsequent incubation period ranges from 1-3 days, depending on the compound, after which time angiogenesis can be quantified via image analysis or colorimetric detection methods.

V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) UNIDOMAINS & Physiocrines

>250 splice variants non catalytique (aa-tRNA) d'aaRS: **Physiocrines** chez l'Homme. Les aaRS sont la seule famille de protéines humaines à avoir une telle diversité de variants et la seule famille de protéines à posséder un nombre aussi important de domaines additionnels spécifiques: **UNIDOMAINS**

Physiocrines act as extracellular signaling molecules to orchestrate cellular homeostasis in response to stress. **Physiocrines are naturally occurring proteins derived from tRNA synthetases that play fundamental roles in the function of human physiology and the resolution of inflammation.**

As potent endogenous modulators of inflammation, Physiocrines offer the opportunity for modulating biological pathways through new naturally occurring mechanisms, many of which have multiple therapeutic advantages, including improved selectivity, efficacy and reduced side effect profiles compared to many existing anti-inflammatory therapeutics.

V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) UNIDOMAINS & Physiocrines

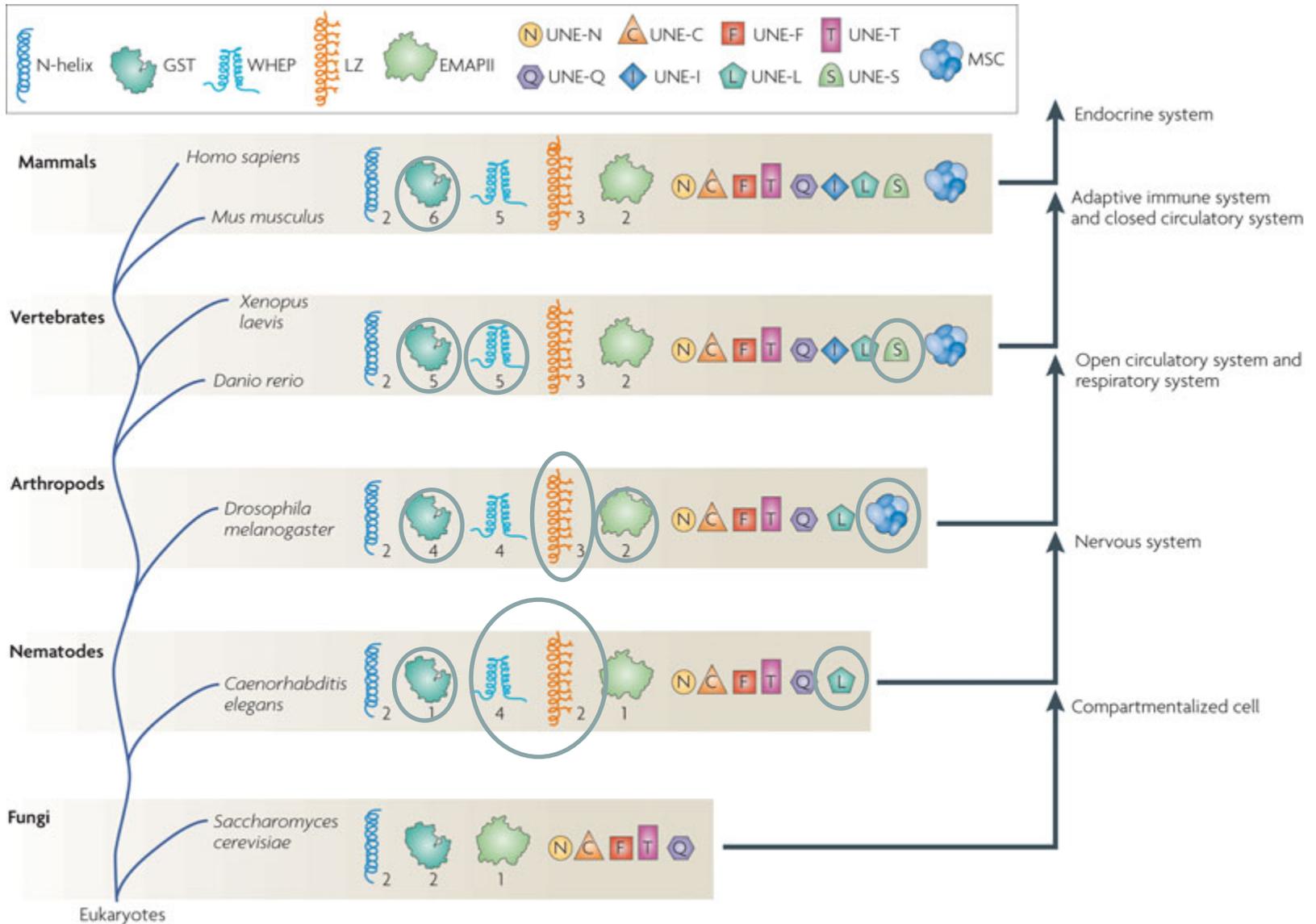
aaRS	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	<i>Caenorhabditis elegans</i>	<i>Drosophila melanogaster</i>	<i>Danio rerio</i>	<i>Homo sapiens</i>	Position in human aaRSs
CysRS	UNE-C ₁ and UNE-C ₂	UNE-C ₁ , UNE-C ₂ and GST	201–297, 664–831 and 1–82			
GlnRS	UNE-Q	UNE-Q	UNE-Q	UNE-Q	UNE-Q	1–260
ArgRS		LZ	LZ	LZ	LZ	5–32 and 41–64
MetRS [†]	GST	GST, LZ and EMAPII	GST and WHEP [‡]	GST and WHEP	GST and WHEP	8–218 and 844–897
ValRS				GST	GST	2–218
LeuRS		UNE-L	UNE-L	UNE-L	UNE-L	1064–1176
IleRS				UNE-I	UNE-I	1065–1266
TrpRS				WHEP	WHEP	8–64
TyrRS			ELR and EMAPII	ELR and EMAPII	ELR and EMAPII	91–93 and 360–524
GluRS	GST	GST and WHEP	GST and WHEP [§]	GST and WHEP [§]	GST and WHEP [§]	1–178 and 749–805 or 822–878 or 900–956
ProRS		WHEP				
HisRS		WHEP	WHEP	WHEP	WHEP	3–43
PheRS	UNE-F	UNE-F	UNE-F	UNE-F	UNE-F	6–100
AspRS	N-helix	N-helix	N-helix	N-helix	N-helix	6–24
LysRS	N-helix	N-helix	N-helix	N-helix	N-helix	20–40
AsnRS	UNE-N	UNE-N	UNE-N	UNE-N	UNE-N	1–99
ThrRS	UNE-T	UNE-T	UNE-T	UNE-T	UNE-T	1–80
AlaRS	None	None	None	None	None	NA
SerRS				UNE-S	UNE-S	461–514
GlyRS		WHEP	WHEP	WHEP	WHEP	2–61
MSC p18 [¶]			GST	GST	GST	1–154
MSC p38 [¶]			LZ and GST	LZ and GST	LZ and GST	50–80 and 149–319
MSC p43 [¶]			LZ and EMAPII	LZ and EMAPII	LZ and EMAPII	8–28, 38–72 and 150–311

GST, glutathione S-transferase domain; LZ, Leu-zipper motif; MSC, multi-aaRS complex; NA, not applicable. *Each added sequence was checked by iterative searching of the non-redundant database of NCBI using PSIBLAST. Unique, unfamiliar domains (termed UNEs) are defined when no homologous sequences (E value < 0.005) were found in other aminoacyl-tRNA synthetases (aaRSs) after the PSIBLAST converged. Also, with the exception of PheRS, the eight UNEs are not similar to any in sequence databases of all bacterial and archaeal tRNA synthetases. Furthermore, apart from PheRS and GlnRS, no UNE bears similarity (E value < 0.005) to sequences found in non-synthetase proteins. [†]The only aaRS to not irreversibly retain domains. [‡]*D. melanogaster* MetRS has three WHEP domains at the carboxy terminus (InterPro: A1ZBE9), which were not found in the previous reports. [§]The WHEP domain links GluRS and ProRS as a fusion enzyme. [¶]First appears in *D. melanogaster*.

Over the course of evolution, eukaryotic aminoacyl-tRNA synthetases (aaRSs) progressively incorporated domains and motifs that have no essential connection to aminoacylation reactions. **Their accretive addition to virtually all aaRSs correlates with the progressive evolution and complexity of eukaryotes.** Based on recent experimental findings focused on a few of these additions and analysis of the aaRS proteome, **we propose that they are markers for aaRS-associated functions beyond translation.**

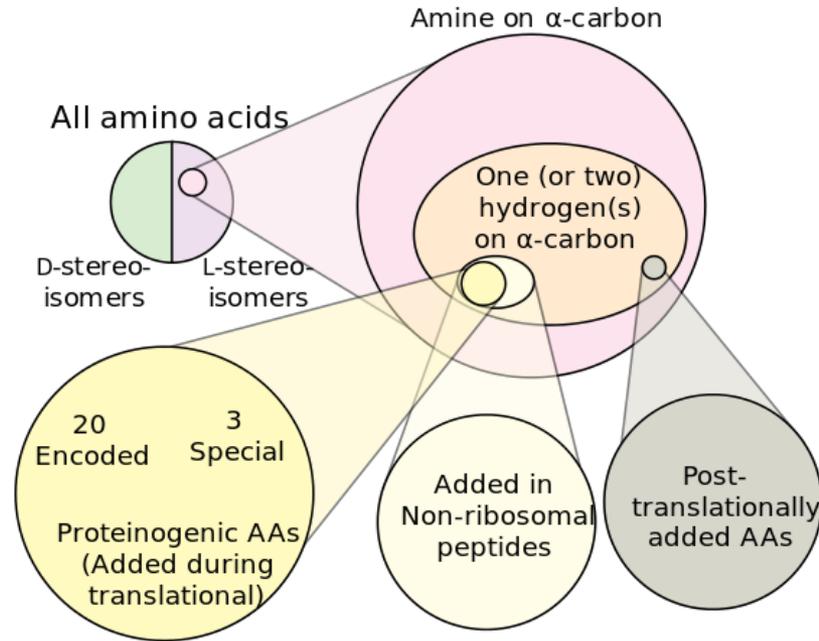
V. Le rôle du MSC humain et des constituants de ce complexe

3) UNIDOMAINS & Physiocrines



Biology synthétique – synthèse dirigée d'une protéine contenant un aa non naturel

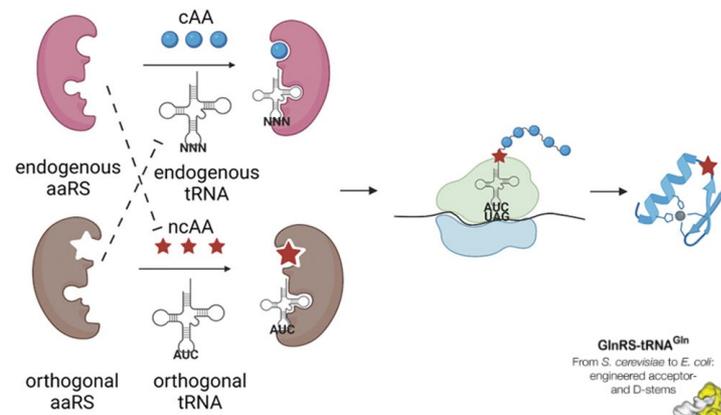
		Deuxième lettre				Troisième lettre
		U	C	A	G	
U	U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U C A
	A	Phe	Ser	Tyr	Cys	U C A
C	U	Leu	Ser	Stop	Stop	U G A
	A	Leu	Ser	Trp		U G A
A	U	Leu	Pro	His	Arg	U C A
	A	Leu	Pro	His	Arg	U C A
G	U	Leu	Pro	Gln	Arg	U C A
	A	Leu	Pro	Gln	Arg	U C A
G	U	Ile	Thr	Asn	Ser	G C C
	A	Ile	Thr	Asn	Ser	G C C
G	U	Ile	Thr	Lys	Arg	G C C
	A	Met	Thr	Lys	Arg	G C C
G	U	Val	Ala	Asp	Gly	U C A
	A	Val	Ala	Asp	Gly	U C A
G	U	Val	Ala	Glu	Gly	U C A
	A	Val	Ala	Glu	Gly	U C A



Biology synthétique – synthèse dirigée d'une protéine contenant un aa non naturel

<https://www.addgene.org/collections/genetic-code-expansion/>

		Deuxième lettre				Troisième lettre
		U	C	A	G	
U	U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U C A G
	A	Phe	Ser	Tyr	Cys	U C A G
	G	Leu	Ser	Stop	Stop	U C A G
C	U	Leu	Ser	Trp		U C A G
	A	Leu	Pro	His	Arg	U C A G
	G	Leu	Pro	His	Arg	U C A G
A	U	Leu	Pro	Gln	Arg	U C A G
	A	Leu	Pro	Gln	Arg	U C A G
	G	Ile	Thr	Asn	Ser	U C A G
G	U	Ile	Thr	Asn	Ser	U C A G
	A	Ile	Thr	Lys	Arg	U C A G
	G	Met	Thr	Lys	Arg	U C A G
G	U	Val	Ala	Asp	Gly	U C A G
	A	Val	Ala	Asp	Gly	U C A G
	G	Val	Ala	Glu	Gly	U C A G



- ♦ Utilisation d'UAG car le plus rare mais ATTENTION !!!!
- ♦ Utilisation d'une paire aaRS/tRNA ORTHOGONALE
- ♦ Ingénierie du site actif aaRS orthogonale pour nc AA
- ♦ Ingénierie du EF de l'organisme pour reconnaissance nc AA-tRNA
- ♦ Milieu de culture + nc AA si transporteur compatible

