

3^e protéine mutée: Ala - Pro - Gly - Val - Lys - Asn - Cys - His

Protéine sauvage: Ala - Pro - Trp - Ser - Glu - Lys - Cys - His

GCU	CCU	UGG	UCU	GAA	AAA	UGU	CAU
GCC	CCC	UCC	GAG	AAG	UGC	CAC	
GCA	CCA	UCA					
GCG	CCG	UCG					
		AGU					
		AGC					

addition de U ou C

délétion de U

3^e protéine mutée: Ala - Pro - Gly - Val - Lys - Asn - Cys - His

GCU	CCU	GGA	GUU	AAA	AAU	UGU	CAU
GCC	CCC	GGC	GUC	AAG	AAC	UGC	CAC
GCA	CCA	GGA	GUA				
GCG	CCG	GGG	GUG				

Il y a toute une séquence d'acides qui est changée donc c'est une mutation avec un décalage du cadre de lecture qui résulte d'une délétion de U du codon UGG du Trp et une addition de U ou C a arrêté le décalage du cadre de lecture

Après le codon AAA de la Lys.

durant la synthèse

9/ le bilan en ATP et GTP d'une protéine de 200 acs :

1/- activation des acs :

l'activation d'un ac nécessite 1 ATP.

⇒ l'activation de 200 acs nécessite 200 ATP.

2/- Initiation :

Elle nécessite 1 GTP

3/- élongation :

* le transfert d'un aminoacyl-ARN_t au niveau du site A du ribosome nécessite 1 GTP et durant l'élongation, il y a transfert de (n-1) aminoacyl-ARN_t

⇒ il y a consommation de (n-1) GTP → 199 GTP.

* la translocation :

1 translocation nécessite 1 GTP et le nombre de translocations est égal au nombre de liaisons peptidiques, or il y a (n-1) liaisons peptidiques ⇒ (n-1) GTP → 199 GTP

4/- Terminaison :

elle ne consomme pas d'énergie. - 4 -