La molécule du mois : la diversité des ribosomes

Publié le 12.07.24 | Par David S. Goodsell

En comparant les structures des ribosomes de différents organismes, nous pouvons explorer l'évolution de la vie.

Les premières structures à l'échelle atomique des ribosomes, déterminées en 2000, ont révélé les détails de la biosynthèse des protéines. La petite sous-unité ribosomique interagit avec l'ARN messager, en l'associant aux molécules d'ARN de transfert appropriées par correspondance entre codons et anticodons. La grande sous-unité ribosomique relie les acides aminés transportés par les ARN de transfert en une nouvelle chaîne protéique. Au cours des 25 dernières années, des milliers de structures supplémentaires de ribosomes ont été déterminées, ce qui a permis d'élucider de nombreuses étapes de la synthèse des protéines et, également, de comparer les structures des ribosomes de différents organismes.

1. Évolution de la complexité

Comme tous les organismes vivants ont des ribosomes fonctionnels, les structures des ribosomes sont utiles pour étudier l'évolution moléculaire, ce qui nous permet de les comparer entre les différents taxons. La figure 1 représente la petite sous-unité ribosomique de différents organismes. Les bactéries ont des structures relativement simples. La petite sous-unité bactérienne, figurée dans l'entrée 1fjg de la banque de données sur les protéines (PDB), comprend un brin d'ARN d'une longueur de 1522 nucléotides et 20 protéines **[1]**. De même, la petite sous-unité archéenne (entrée PDB 6tmf) comporte un petit brin d'ARN de 1485 nucléotides et 29 protéines **[2]**. Cependant, les petites sous-unités humaines **[3a]** et végétales **[4]** (entrées PDB 5a2q et 8auv respectivement) ont évolué vers une structure plus complexe, avec des brins d'ARN de plus de 1800 nucléotides et plus de 30 protéines.

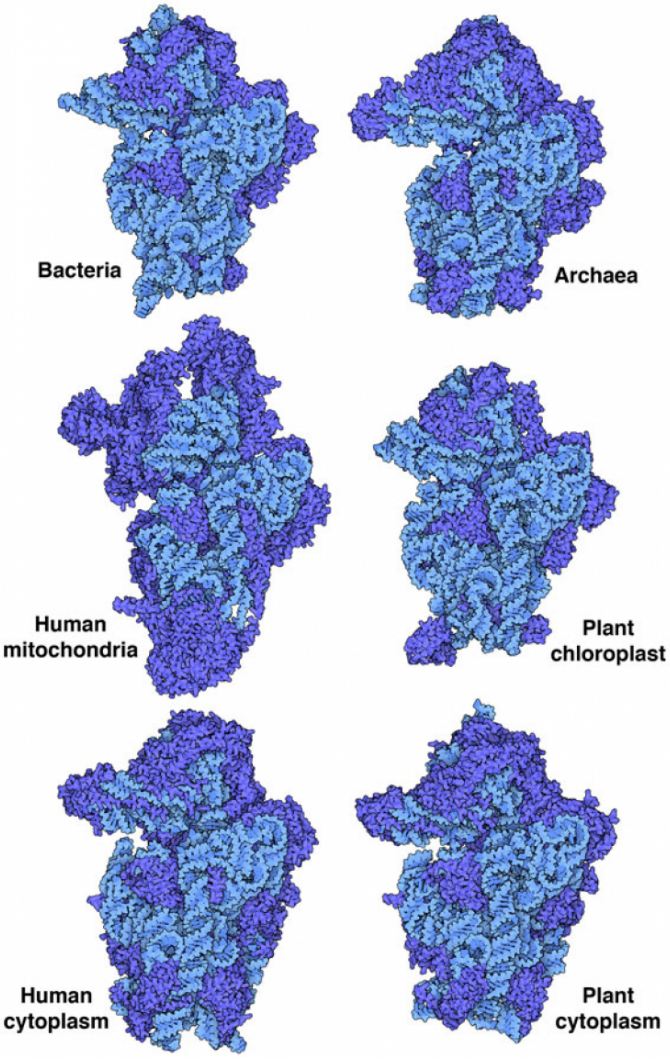


Figure 1 - Quelques petites sous-unités ribosomiques issues de divers organismes et organites
L'ARN ribosomique est en bleu clair et les protéines en bleu plus foncé. Les illustrations montrent la partie de la sous-unité qui interagit avec la grande sous-unité ribosomale.

Auteur(s)/Autrice(s) : David S. Goodsell et RCSB PDB – Licence : CC-BY – Source : RCSB PDB

2. Travailler ensemble

Les mitochondries et les chloroplastes fabriquent leurs propres ribosomes, qui diffèrent de ceux présents dans le cytosol des plantes, des animaux et des champignons. On pense que ces deux organites ont évolué à partir de bactéries qui sont devenues des organites symbiotiques dans les cytoplasmes des cellules à l'origine des cellules eucaryotes modernes. La structure des ribosomes du chloroplaste est l'un des éléments en faveur de cette *théorie endosymbiotique.* La petite sous-unité ribosomique du chloroplaste (entrée PDB 5mmj) est similaire à son homologue bactérienne, avec une courte chaîne d'ARN de 1491 nucléotides et 25 protéines [5]. La structure de la petite sous-unité ribosomique mitochondriale (entrée PDB 6rw4) montre que les ribosomes mitochondriaux ont divergé de manière significative de leur ancêtre bactérien supposé, avec une chaîne d'ARN encore plus courte, de seulement 955 nucléotides, et davantage de protéines qu'un ribosome bactérien typique [6].

3. Complexité de l'initiation

La complexité accrue des eucaryotes se manifeste également dans les nombreuses protéines qui assistent les ribosomes dans le

processus de traduction. Par exemple, les deux structures représentées sur la figure 2 (entrées PDB 5lmv et 8oz0) montrent les protéines qui orchestrent l'initiation de la traduction. Ensemble, elles aident à capturer un ARN messager et à aligner un ARN de transfert initiateur sur le codon de départ de la traduction. Les cellules bactériennes n'utilisent que trois facteurs d'initiation pour accomplir cette tâche [7], mais les eucaryotes en recrutent environ 20 [8a].

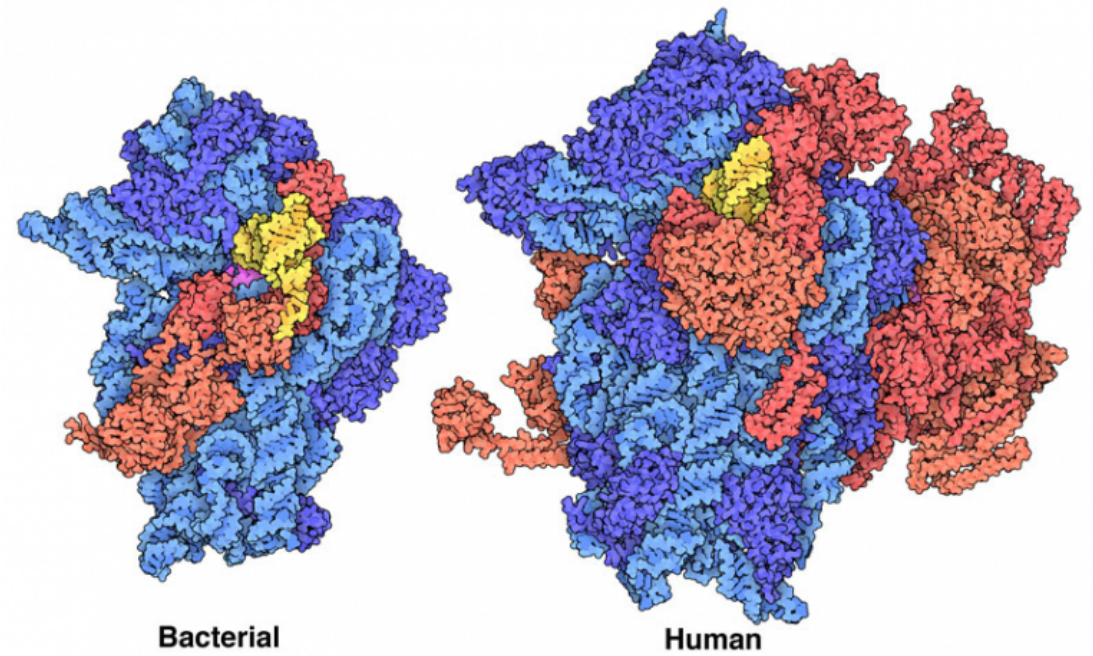


Figure 2 - Deux complexes d'initiation de la traduction, avec les petites sous-unités ribosomiques en bleu, l'ARN de transfert initiateur en jaune et les facteurs d'initiation en rouge

Auteur(s)/Autrice(s) : David S. Goodsell et RCSB PDB – Licence : CC-BY – Source : RCSB PDB

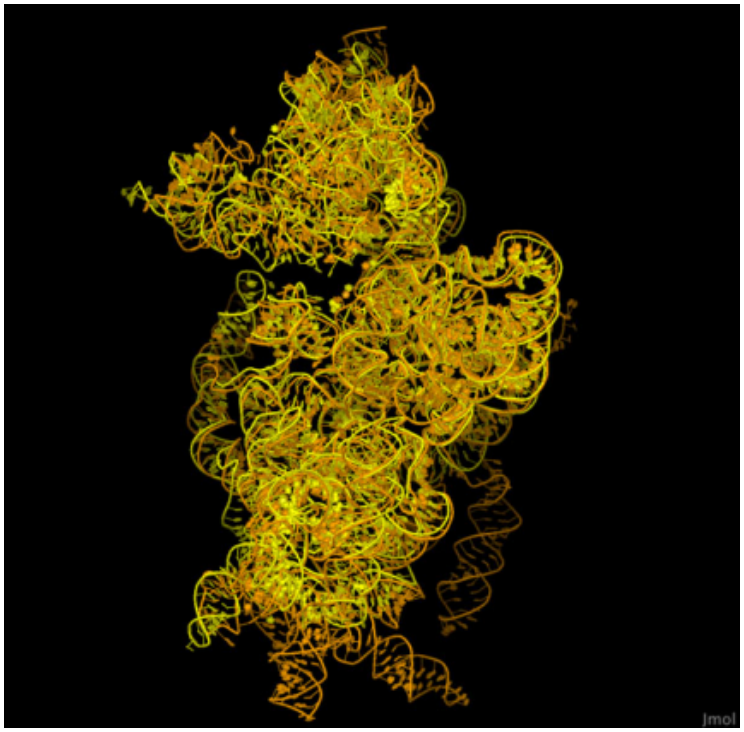


Figure 3 - Une comparaison des ARN des petites sous-unités ribosomiques de la bactérie *Escherichia coli* (en jaune) et de l'être humain (en orange)

Auteur(s)/Autrice(s) : David S. Goodsell et RCSB PDB – Licence : CC-BY – Source : RCSB PDB

4. ARN ribosomique

La figure 3 compare l'ARN ribosomique des petites sous-unités bactérienne et humaine (entrées PDB 1fjg et 5a2q). On remarque qu'il y a une partie centrale similaire pour les deux, qui accomplit les tâches de base en réunissant les ARN messagers et de transfert **[3b]**. L'ARN humain (en orange) comprend de nombreuses extensions autour de cette partie centrale, produisant une sous-unité ribosomique plus grande et plus complexe **[8b]**. Pour explorer ces structures plus en détail, vous pouvez utiliser par exemple le logiciel de visualisation de molécules disponible sur le site PDB-101.

5. Pour aller plus loin

1. Des tendances similaires sont observées pour les grandes sous-unités ribosomiques. Par exemple, sur le site PDB-101, vous pouvez comparer la structure complète des ribosomes de la bactérie *Escherichia coli* (entrée PDB 4v4a) et de l'être humain (entrée PDB 4v6x).
2. La comparaison des ARN présentés dans la figure 2 a été réalisée à l'aide du serveur en ligne gratuit RNA-align.

Ce texte correspond à la traduction par Cédric Bordi de l'article *Molecule of the Month : Ribosome Diversity* **[9]** écrit par David S. Goodsell et paru en juillet 2024 sur le site PDB-101, le portail éducatif de la banque de données sur les protéines (PDB).

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

David S. Goodsell

Professeur de bioinformatique à l'Institut de recherche Scripps et professeur à l'université Rutgers, où il occupe le poste de responsable de la vulgarisation scientifique à la banque de données sur les protéines du RCSB.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

REPRODUIT AVEC AUTORISATION

PARTENAIRE(S)

RCSB PDB-101

Cet article est publié en partenariat avec le site PDB-101, le portail éducatif de la banque de données sur les protéines (PDB).
PDB-101

BIBLIOGRAPHIE

1 Carter, A. P., Clemons, W. M., Brodersen, D. E., Morgan-Warren, R. J., Wimberly, B. T., & Ramakrishnan, V. . (2000). Functional insights from the structure of the 30S ribosomal subunit and its interactions with antibiotics. *Nature, 407*, 340–348. http://doi.org/10.1038/35030019 (Original work published 2026)

2 Nürenberg-Goloub, E. ., Kratzat, H. ., Heinemann, H. ., Heuer, A. ., Kötter, P. ., Berninghausen, O. ., … Beckmann, R. . (2020). Molecular analysis of the ribosome recycling factor ABCE1 bound to the 30S post-splitting complex. *The EMBO Journal, 39*, e103788. http://doi.org/10.15252/embj.2019103788 (Original work published 2026)

3 a b Quade, N. ., Boehringer, D. ., Leibundgut, M. ., van den Heuvel, J. ., & Ban, N. . (2015). Cryo-EM structure of Hepatitis C virus IRES bound to the human ribosome at 3.9-Å resolution. *Nature Communications, 6*, 7646. http://doi.org/10.1038/ncomms8646 (Original work published 2026)

4 Smirnova, J. ., Loerke, J. ., Kleinau, G. ., Schmidt, A. ., Bürger, J. ., Meyer, E. H., … Zoschke, R. . (2023). Structure of the actively translating plant 80S ribosome at 2.2 Å resolution. *Nature Plants, 9*, 987–1000. http://doi.org/10.1038/s41477-023-01407-y (Original work published 2026)

5 Bieri, P. ., Leibundgut, M. ., Saurer, M. ., Boehringer, D. ., & Ban, N. . (2017). The complete structure of the chloroplast 70S ribosome in complex with translation factor pY. *The EMBO Journal, 36*, 475–486. http://doi.org/10.15252/embj.201695959 (Original work published 2026)

6 Khawaja, A. ., Itoh, Y. ., Remes, C. ., Spåhr, H. ., Yukhnovets, O. ., Höfig, H. ., … Rorbach, J. . (2020). Distinct pre-initiation steps in human mitochondrial translation. *Nature Communications, 11*, 2932. http://doi.org/10.1038/s41467-020-16503-2 (Original work published 2026)

7 Hussain, T. ., Llácer, J. L., Wimberly, B. T., Kieft, J. S., & Ramakrishnan, V. . (2016). Large-Scale Movements of IF3 and tRNA during Bacterial Translation Initiation. *Cell, 167*, 133–144. http://doi.org/10.1016/j.cell.2016.08.074 (Original work published 2026)

8 a b Querido, J. B., Sokabe, M. ., Díaz-López, I. ., Gordiyenko, Y. ., Fraser, C. S., & Ramakrishnan, V. . (2024). The structure of a human translation initiation complex reveals two independent roles for the helicase eIF4A. *Nature Structural \& Molecular Biology, 31*, 455–464. http://doi.org/10.1038/s41594-023-01196-0 (Original work published 2026)

9 Goodsell, D. . (2024). Ribosome Diversity. *RCSB Protein Data Bank*. http://doi.org/10.2210/rcsb_pdb/mom_2024_7 (Original work published 2026)