

Colloque III : Structure et désordre

Youri TIMSIT¹, F. Allemand², C. Chiaruttini², et M. Springer²

¹Laboratoire de Cristallographie et de Biochimie Théorique UPR9080

²Laboratoire de Biochimie UPR9073 Institut de Biologie Physico-Chimique 13, rue Pierre et Marie Curie 75005 Paris

Ordre et désordre l'assemblage du ribosome : structure cristallographique de la protéine ribosomique L20, une IUP 50 % désordonnée en solution ...

De nombreuses protéines ribosomiques possèdent des très longues extensions basiques qui plongent à l'intérieur des ribosomes et se faufilent entre les groupements phosphate de l'ARN. En l'absence de l'ARN, leur partenaire, celles-ci sont le plus souvent non structurées en solution. On ignore pourtant encore le rôle du désordre de ces protéines dans l'assemblage des sous-unités ribosomiques. L20 (118 aas) est une protéine ribosomique essentielle aux premières étapes de l'assemblage des ribosomes de eubactéries. C'est l'une des protéines les plus basiques de *E. coli*. Une étude RMN a montré que la moitié N-ter de sa séquence qui possède de nombreux clusters d'arg et de lys, est totalement non structurée en solution, en l'absence d'ARN [1].

Pourtant, après beaucoup d'acharnement, il a été possible de la cristalliser et de résoudre sa structure à 2.8 Å de résolution [2]. Cette structure a permis, pour la première fois, l'observation et la comparaison de deux états de repliement protéique qui coexistent au sein d'un même cristal (fig.1). Une forme partiellement dépliée aussi bien dans l'extension N-ter que dans le domaine globulaire C-ter possède les caractéristiques d'un intermédiaire de repliement protéique. Cette structure a en outre livré des informations expérimentales précieuses sur le rôle de la séquence peptidique dans la déstabilisation des hélices α . L'ensemble de ces résultats a conduit à proposer comment le désordre protéique peut intervenir dans l'assemblage du ribosome.

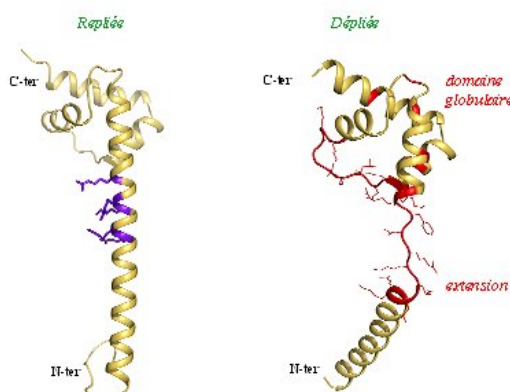


Figure 1. Les deux états de repliement de la protéine L20 dans l'unité asymétrique. En violet, le cluster d'acides aminés basique, en rouge les régions non structurées

[1] Raibaud, S et al., J. Mol. Biol. 323 (2002), 143-151

[2] Timsit, Y., Allemand, F., Chiaruttini, C., & Springer, M. EMBO reports 7 (2006), 1013-1018.