



HAL
open science

REGULATION POST-TRANSCRIPTIONNELLE DE L'EXPRESSION GENETIQUE PENDANT L'EMBRYOGENESE PRECOCE CHEZ LE XENOPE

J. Paris, Christian Duval, Le Guellec K., A. Couturier, F. Omilli, M. Philippe,
Osborne H.B.

► **To cite this version:**

J. Paris, Christian Duval, Le Guellec K., A. Couturier, F. Omilli, et al.. REGULATION POST-TRANSCRIPTIONNELLE DE L'EXPRESSION GENETIQUE PENDANT L'EMBRYOGENESE PRECOCE CHEZ LE XENOPE. *Reproduction Nutrition Development*, 1989, 29 (Suppl), pp.22-22. hal-00899138

HAL Id: hal-00899138

<https://hal.science/hal-00899138>

Submitted on 11 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

33

REGULATION POST-TRANSCRIPTIONNELLE DE L'EXPRESSION GENETIQUE PENDANT L'EMBRYOGENESE PRECOCE CHEZ LE XENOPE
Paris J., Duval C., Le Guellec K., Couturier A., Omilli F., Philippe M. et Osborne H.B.
Lab. de Biologie et Génétique du Développement, CNRS UA 256, Univ. Rennes 1, 35042 RENNES cédex.

Un certain nombre d'études ont montré que, chez les Eucaryotes, la polyadénylation d'un RNA est important pour sa traduction, sa stabilité, la formation des RNP et le transfert des transcrits du noyau vers la cytoplasme. L'étude de l'adénylation ou de la déadénylation dans les cellules somatiques est difficile pour un certain nombre de raisons. Entre autres, les phénomènes sont transitoires et très fugaces. Les travaux sur les RNA endogènes ne peuvent être effectués qu'après blocage de la transcription. Par contre pendant au moins une partie de l'ovogénèse précoce, la régulation génétique a lieu uniquement au niveau post-transcriptionnel. Parmi les différents systèmes embryonnaires connus, le Xénope constitue un système particulièrement favorable du fait que la maturation des ovocytes et les 12 divisions cellulaires qui suivent la fécondation s'effectuent en absence de transcription. Nous avons abordé l'étude des mécanismes qui régulent l'adénylation, la traduction et la stabilité des mRNA dans l'embryon de Xénope en utilisant des sondes sélectionnées par hybridation différentielle d'une banque de cDNA. Un certain nombre de cDNA ont été isolés. Certains des mRNA correspondants ont été caractérisés de point de vue de l'adénylation/deadénylation; présence ou non dans la fraction polysomiale et leur stabilité. Cette caractérisation a été faite pour la période de l'embryogénèse précoce allant de la fécondation jusqu'à trois heures après la reprise de la transcription qui se situe 7-8 h. après la fécondation. Nous avons observé que: 1) ces mRNA correspondent à deux familles de RNA. Après la fécondation les mRNA d'une des familles sont adénylés tandis que ceux de l'autre famille sont deadénylés; 2) il y a une relation entre l'état d'adénylation d'un mRNA et sa présence dans la fraction polysomiale; 3) tous ces mRNA, adénylés ou deadénylés après la fécondation, sont parfaitement stables dans l'embryon jusqu'à la reprise de la transcription; 4) les mRNA deadénylés après la fécondation sont dégradés après la reprise de la transcription par un processus indépendant de la transcription mais qui nécessite la synthèse protéique.

34

LES PRECURSEURS DES PROTAMINES DANS LE SPERME HUMAIN.

Chevallier P.¹, Martinage A.², Arkhis A.¹, Sautière P.²

¹Laboratoire de Biologie Cellulaire, Université Paris-Val de Marne 94010 Créteil
²U.R.A., CNRS n° 409, Institut de Recherches sur le Cancer, Lille

Au cours de la spermiogénèse, les histones sont généralement remplacées par de petites protéines très basiques, les protamines. Tandis que chez la plupart des mammifères, les noyaux de spermatozoïdes renferment seulement 1, plus rarement 2, protamines, chez l'homme l'équipement protéique présente une grande diversité: ainsi, on a pu mettre en évidence 4 protamines (HP1, HP2, HP3 et HP4), 5 protéines dites intermédiaires (HPI1, HPI2, HPI3, HPS1 et HPS2) et des histones de type somatique ou spécifiques du testicule. Les 3 protamines HP2, HP3 et HP4 font partie d'une même famille protéique où les homologies structurales sont très fortes: en particulier, les protamines HP2 et HP3 ne se différencient que par la présence d'un tripeptide additionnel à l'extrémité N-terminale de HP2. Les 4 protéines intermédiaires HPI1, HPI2, HPS1 et HPS2 sont par leur structure étroitement reliées aux protamines HP2 et HP3. En effet, ces 4 protéines possèdent une séquence C-terminale en tous points identique à celle de la protamine HP3, avec une extension N-terminale de 47 résidus pour HPI1, 27 pour HPI2, 15 pour HPS1 et 12 pour HPS2. La présence d'ac. glutamique dans ces régions N-terminales contraste avec la haute basicité du reste de la molécule que l'on retrouve dans les protamines. La protéine HPI1, la plus longue, renferme 101 résidus et peut être considérée comme le précurseur des 5 autres protéines. L'existence de pro-protamines ne paraît pas restreinte à l'espèce humaine: en effet, chez la souris, une protéine dont la séquence a été établie à partir du cDNA correspondant, inclut dans sa partie C-terminale la totalité de la séquence d'ac. aminés caractéristique de l'une des 2 protamines du noyau du spermatozoïde (Yelick et al., 1987). Il reste cependant à identifier les systèmes protéolytiques impliqués dans le processus de maturation et à déterminer si cette maturation se fait en cascade selon le schéma: HPI1 → HPI2 → HPS1 → HPS2 → HP2 → HP3 ou si elle résulte d'événements désordonnés.