

RESUMÉ

La synthèse protéique est un processus essentiel qui repose sur un complexe macromoléculaire présent dans toutes les cellules : le ribosome. La synthèse d'une nouvelle protéine par un ribosome, à partir d'un ARNm, est suivie d'une étape cruciale de libération de cette protéine. Chez la levure, la terminaison de la traduction requiert la présence du facteur de terminaison de classe I : eRF1, capable de reconnaître les trois codons stop, et du facteur de classe II : eRF3, dont l'activité GTPase est essentielle pour la terminaison. Les facteurs de classe I bactériens ont évolué indépendamment du facteur eucaryote, mais un petit tripeptide essentiel : GGQ, est strictement conservé dans ces protéines. Lors de la terminaison, ce tripeptide situé au cœur du centre peptidyl-transférase du ribosome procaryote, participe à l'hydrolyse de la liaison peptidique, qui permet la libération de la protéine. Chez *S. cerevisiae*, ce motif subit une modification post-traductionnelle de la glutamine en N5-méthyl-glutamine, catalysée par un hétérodimère : Mtq2p/Trm112p.

Nous avons reconstitué, in vitro, le système de méthylation des facteurs eRF1 humain et murin. Comme chez la levure la méthylation fait intervenir un hétérodimère, respectivement HEMK2 /hTrm112 et Pred28 /mTrm112, et nécessite la présence d'eRF3 lié au GTP.

Chez *S. cerevisiae*, la délétion ou la mutation de MTQ2, entraînent la perte de la modification d'eRF1, mais contrairement à ce qui a été montré chez les bactéries, cela n'affecte pas l'efficacité de terminaison in vivo.

Cependant, les deux sous-unités de la méthyltransférase, Mtq2p et Trm112p, sont impliquées par des voies indépendantes dans le métabolisme du ribosome.

Mots clés : Terminaison de la traduction, *S. cerevisiae*, eRF1 (SUP45), N5-méthyl-glutamine, Mtq2p, Trm112p, Métabolisme du ribosome.