

Chap 3 : Biologie moléculaire

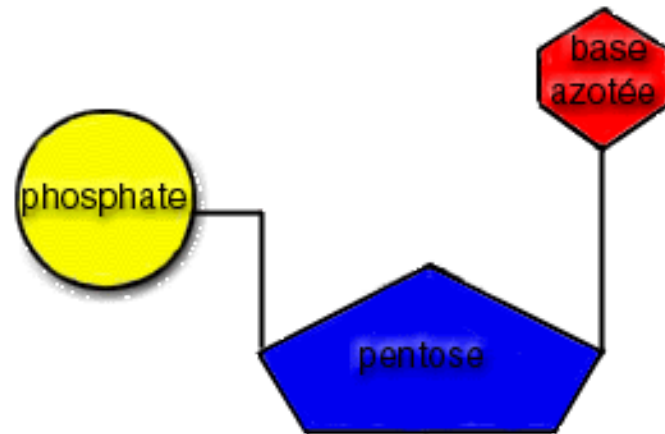
Étude des acides nucléiques et de
l'organisation du génome

I/ Les acides nucléiques

polymères de nucléotides

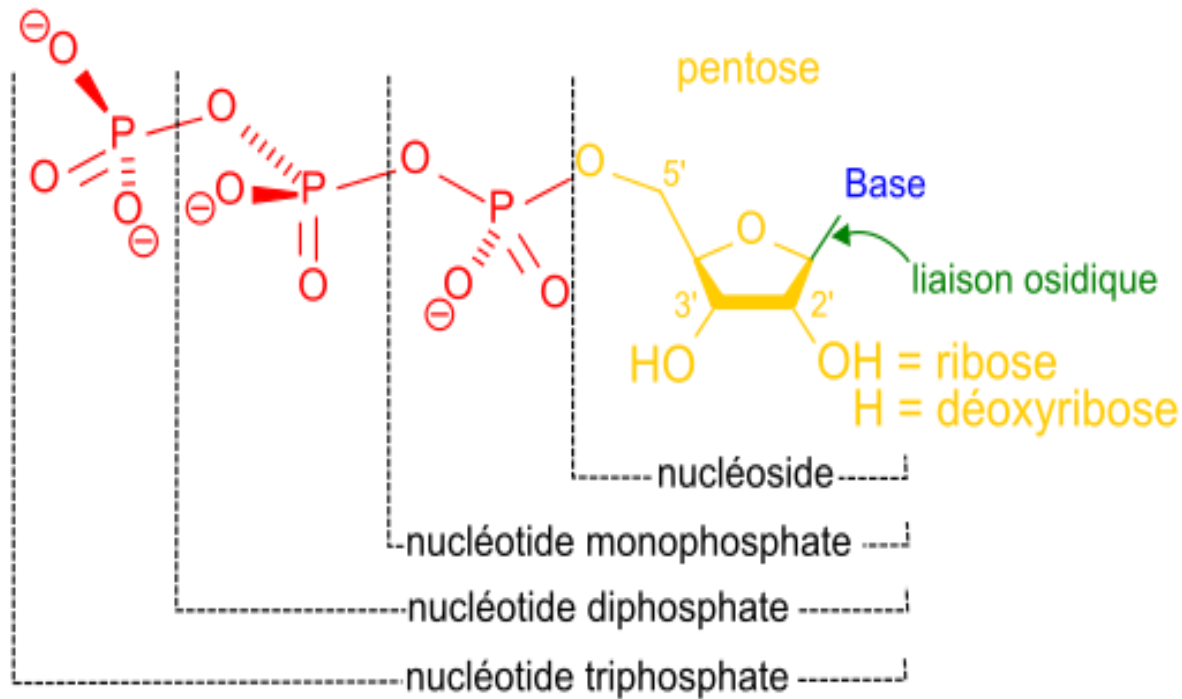
1) Les nucléotides

- Base azotée
- Pentose
- Acide phosphorique

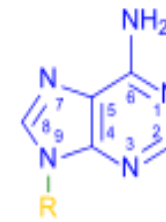


NUCLÉOTIDE

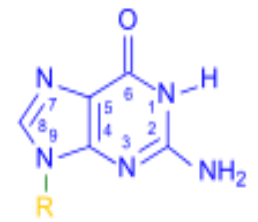
Doc 2.1



Purines

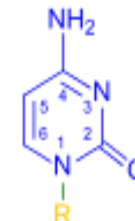


Adénine

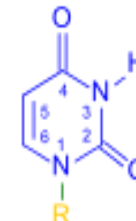


Guanine

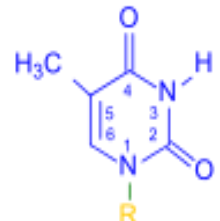
Pyrimidines



Cytosine



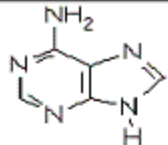
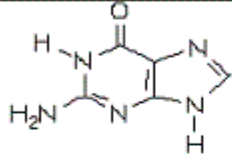
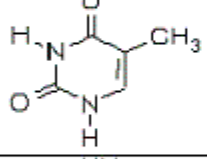
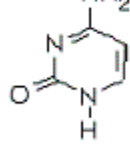
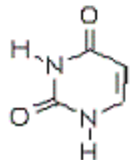
Uracile



Thymine

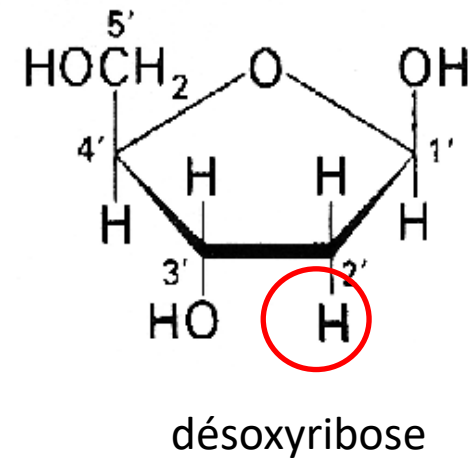
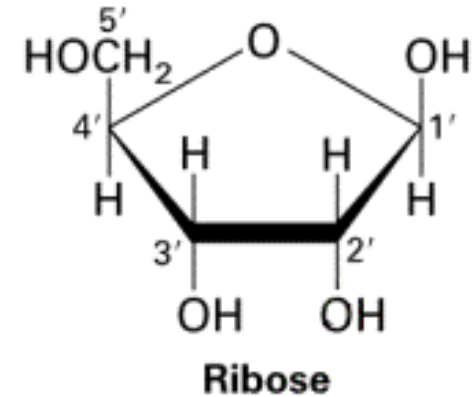
Bases azotées

- Puriques : adénine **A** et guanine **G**
- Pyrimidiques : uracile **U**, cytosine **C** et thymine **T**

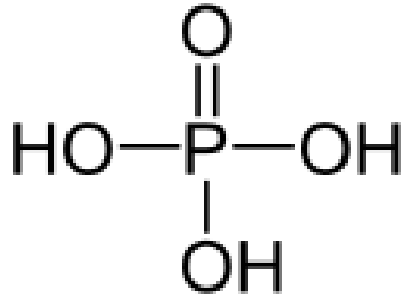
BASE AZOTEE	NOM, TYPE	PRESENCE	APPARIEMENT
	ADENINE (A) PURIQUE	DNA et RNA	AT
	GUANINE (G) PURIQUE	DNA et RNA	CG
	THYMINE (T) <u>PYRIMIDIQUE</u>	DNA	AT
	CYTOSINE (C) <u>PYRIMIDIQUE</u>	DNA et RNA	CG
	URACILE (U) <u>PYRIMIDIQUE</u>	RNA	AU

Pentose

- Ribose pour ARN
- Désoxyribose pour ADN

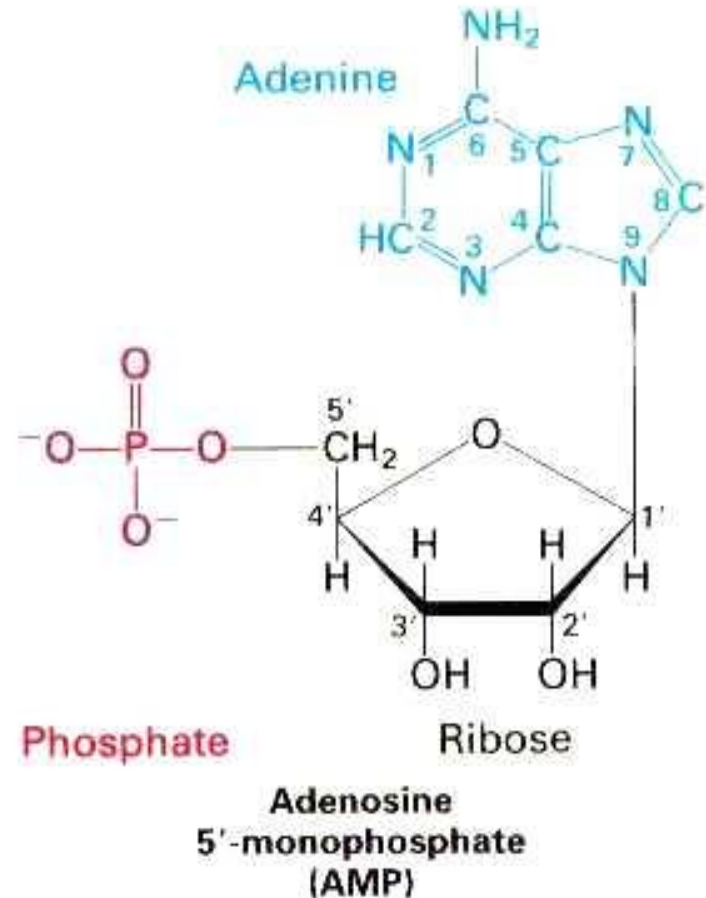


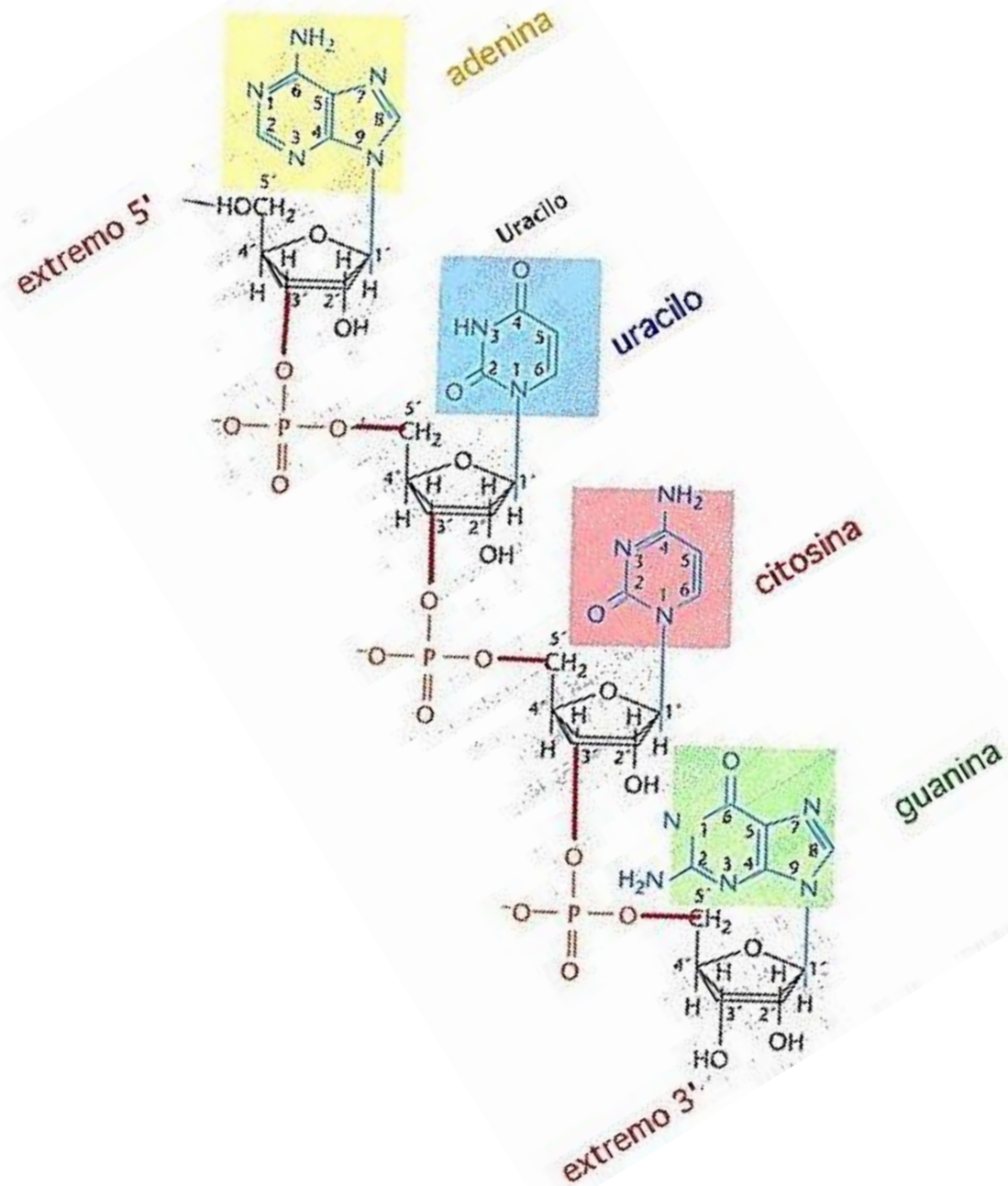
Acide phosphorique ou groupe phosphate



Nucléotide

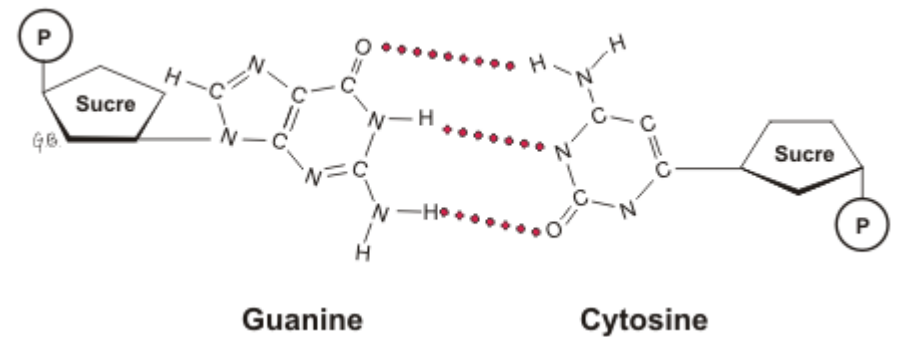
(nucléoside = base + sucre)





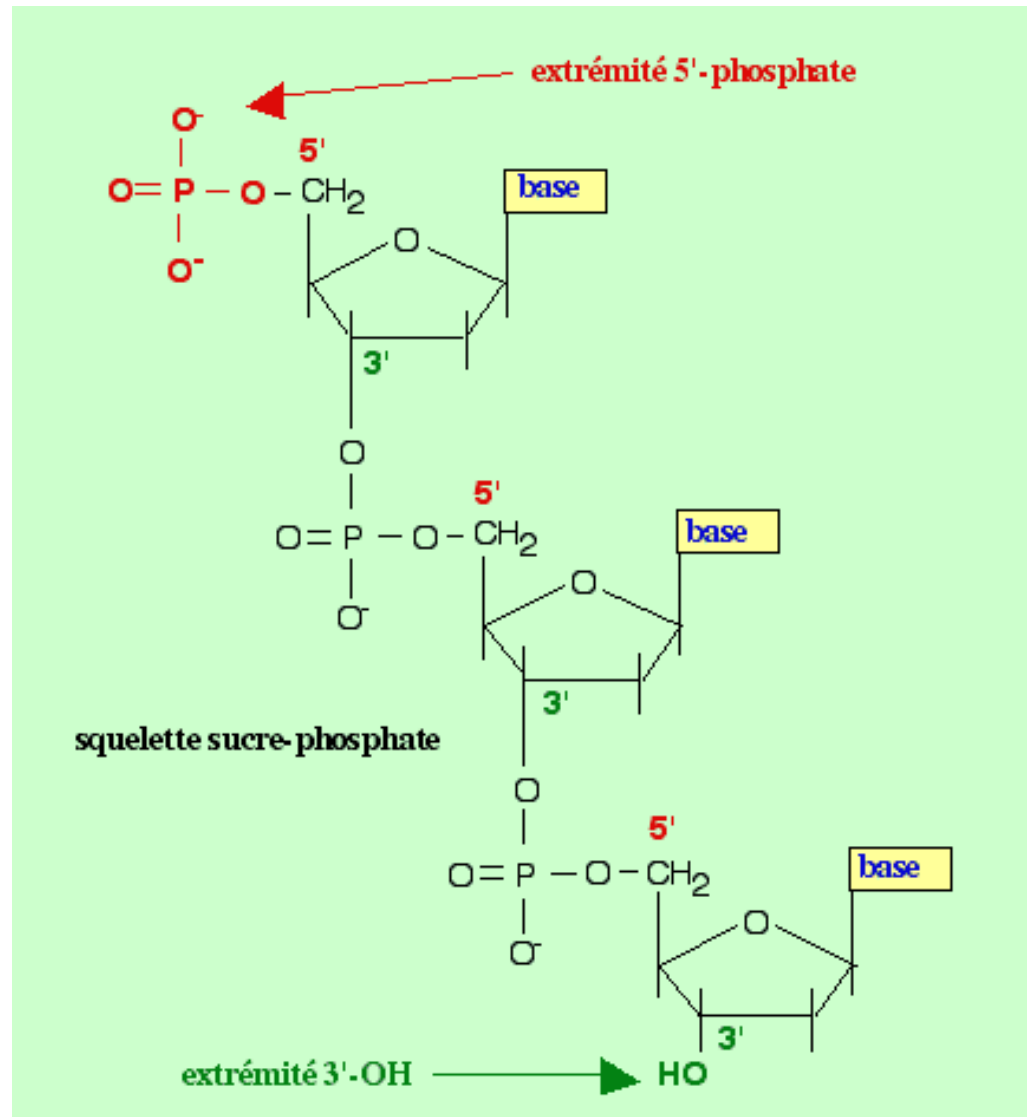
3) ADN

- Acide désoxyribonucléique
- 2 chaînes (ou brins, bicaténaire)
 - anti//
 - Complémentaires (liaisons H) A--T et G---C
 - hélicoïdales

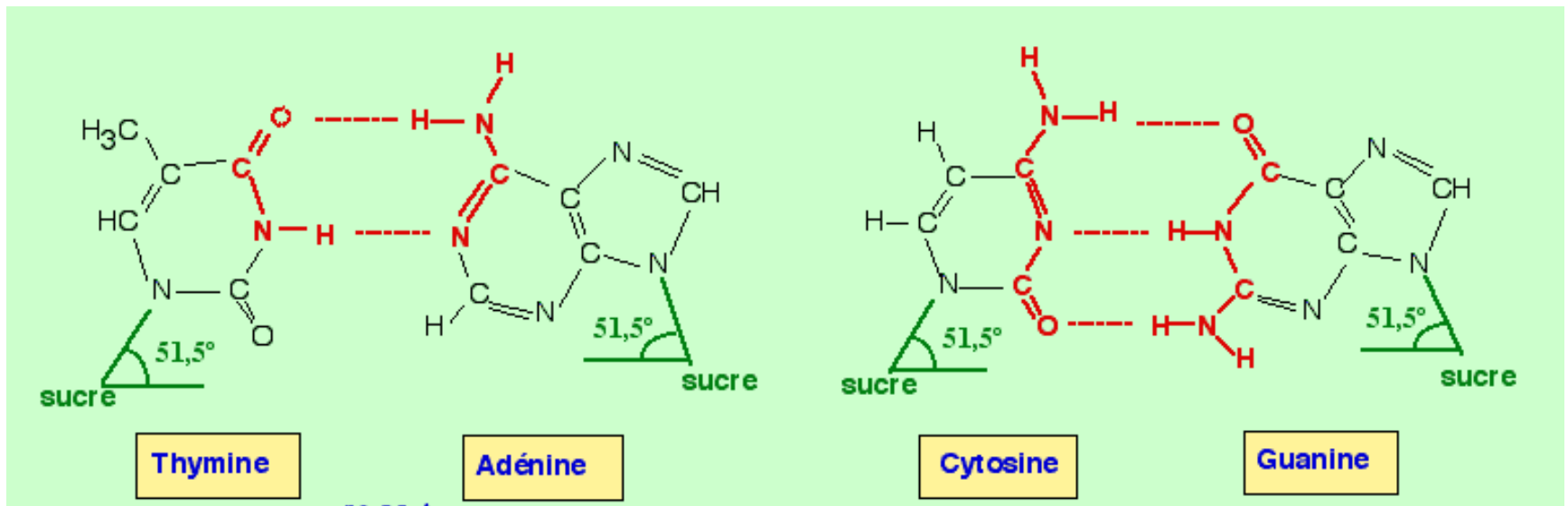


➤ Structure primaire de l'ADN :

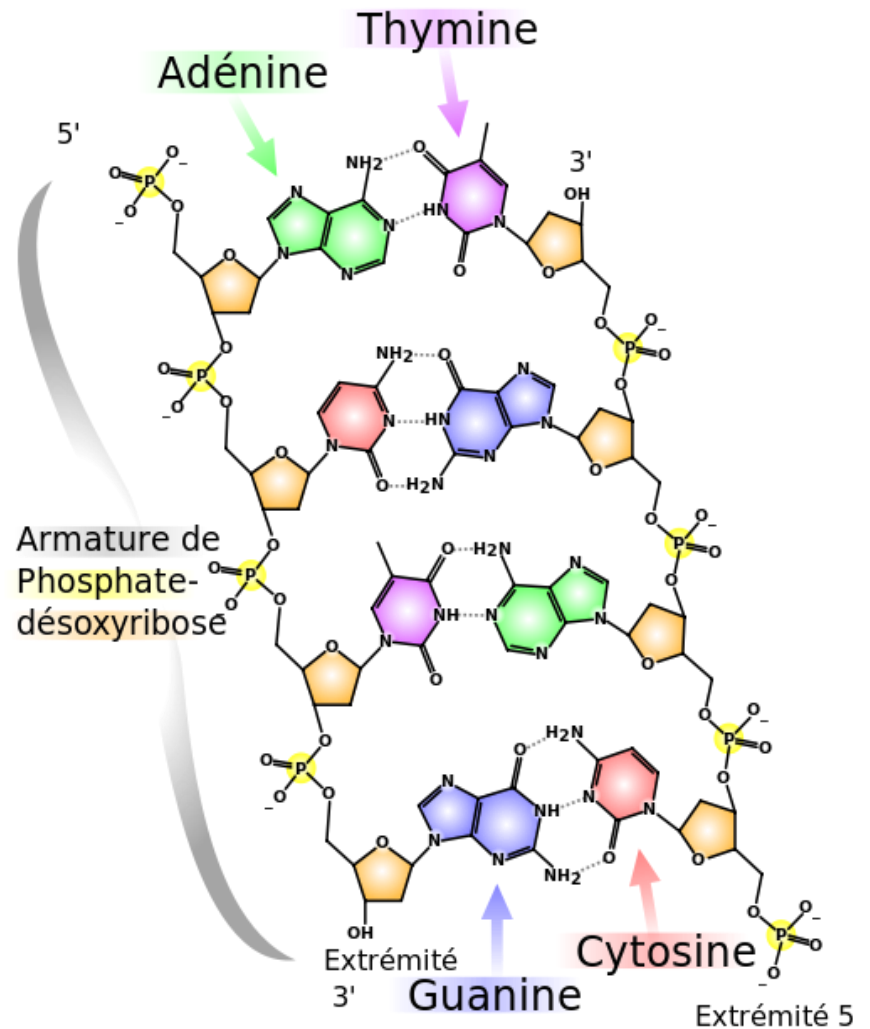
enchainement des structures de base par des liaisons phosphodiesters :



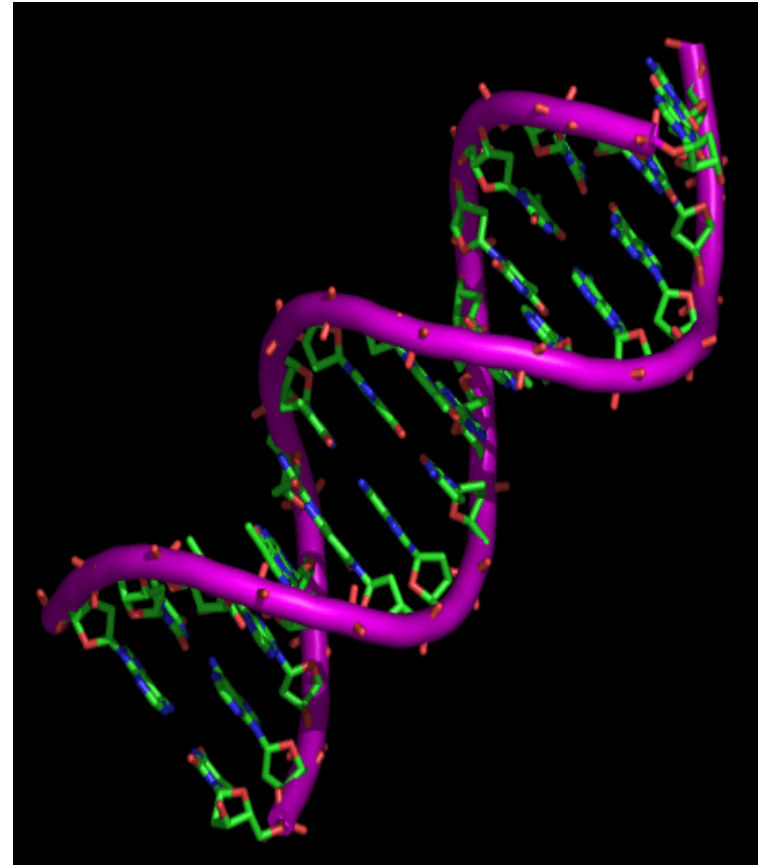
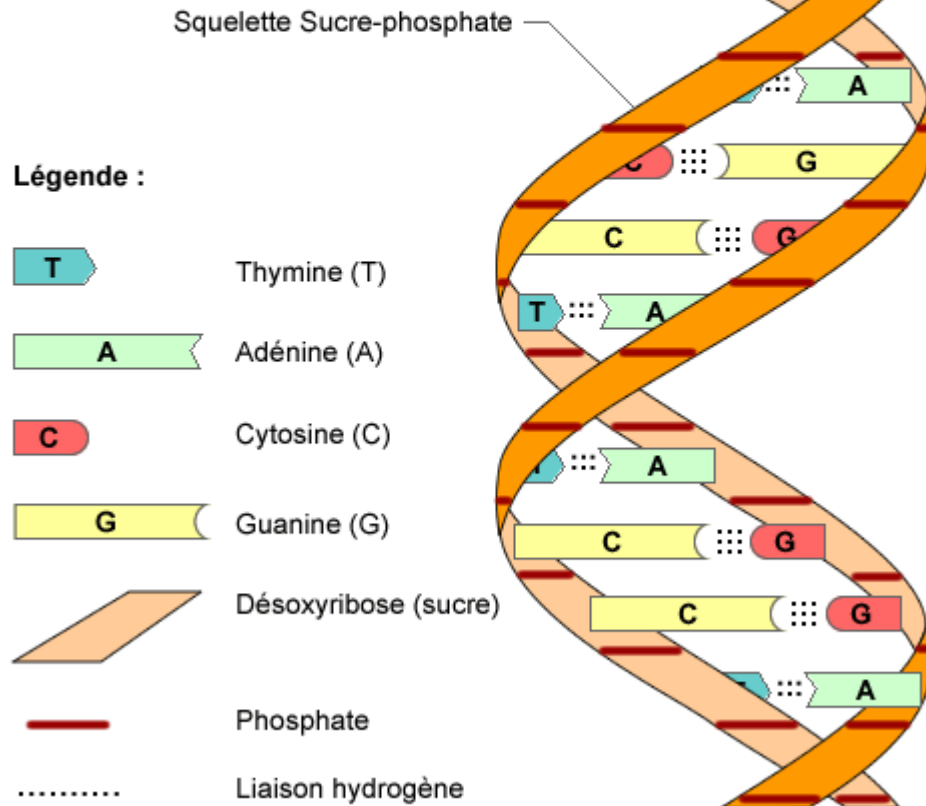
- **Structure secondaire de l'ADN :**
appariement entre les bases complémentaires A/T et G/C
Par des liaisons Hydrogène faibles



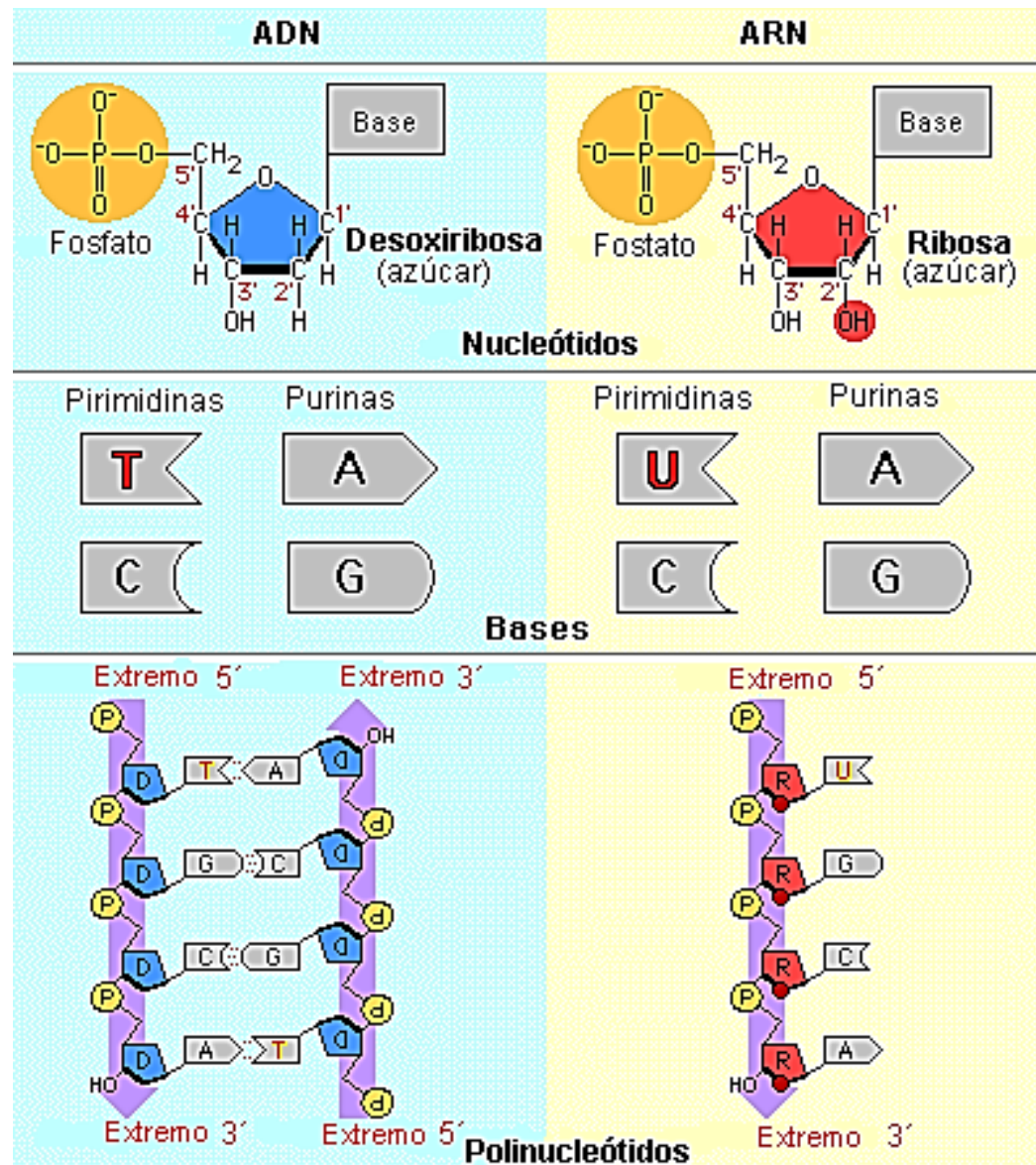
Les 2 brins sont antiparallèles 5'-3'



En forme de double hélice



Comparaison ARN/ADN doc 2.2



II/ L'organisation structurale du génome

1) définition

Génome = ensemble des gènes et par extension ensemble des molécules portant les gènes, donc ADN

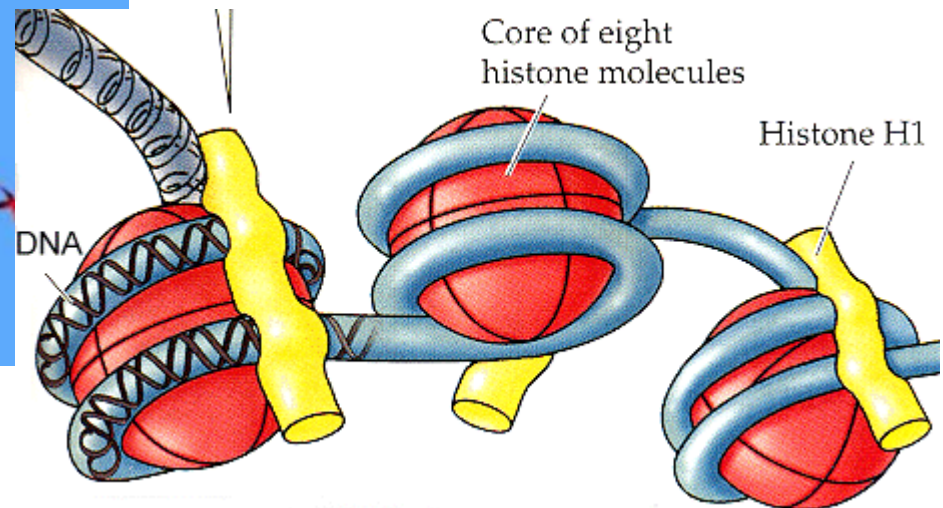
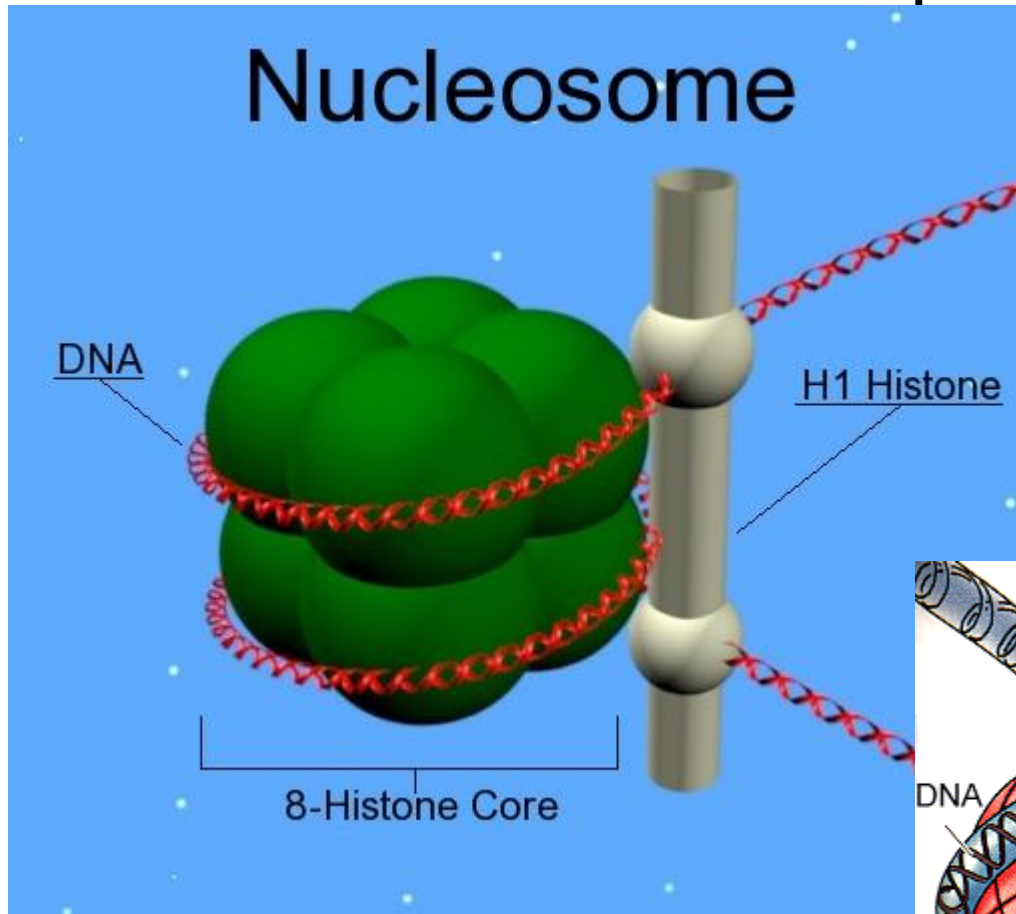
Taille >1 m ou 3.10^9 pb

Contenu dans noyau, taille $0,06\text{ }\mu\text{m}$!

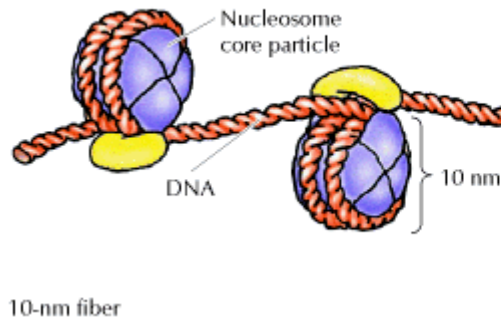
2) La chromatine

ADN enroulé autour de protéines = histones

Nucleosome



Collier de perle



solénoïde

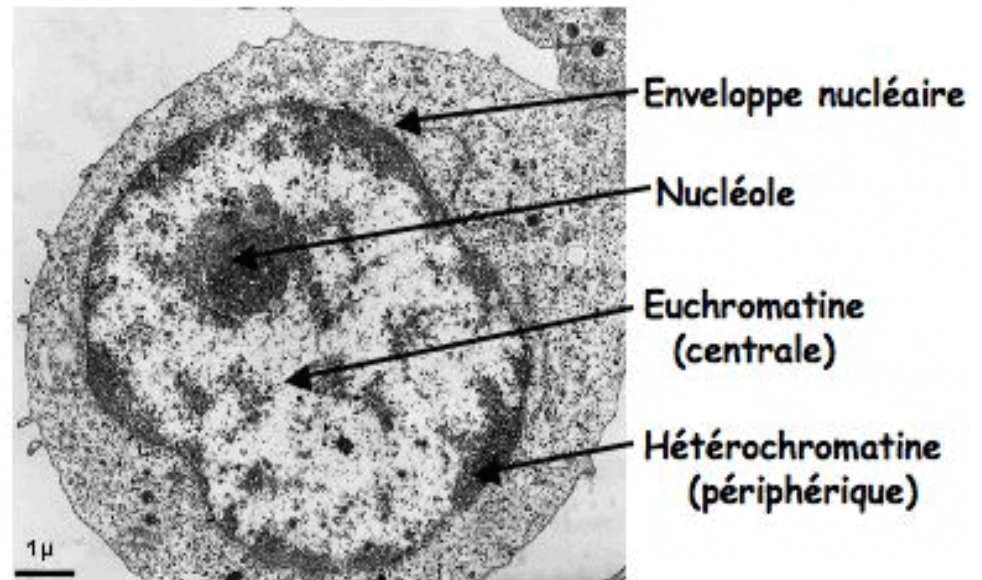


Euchromatine = zone de transcription

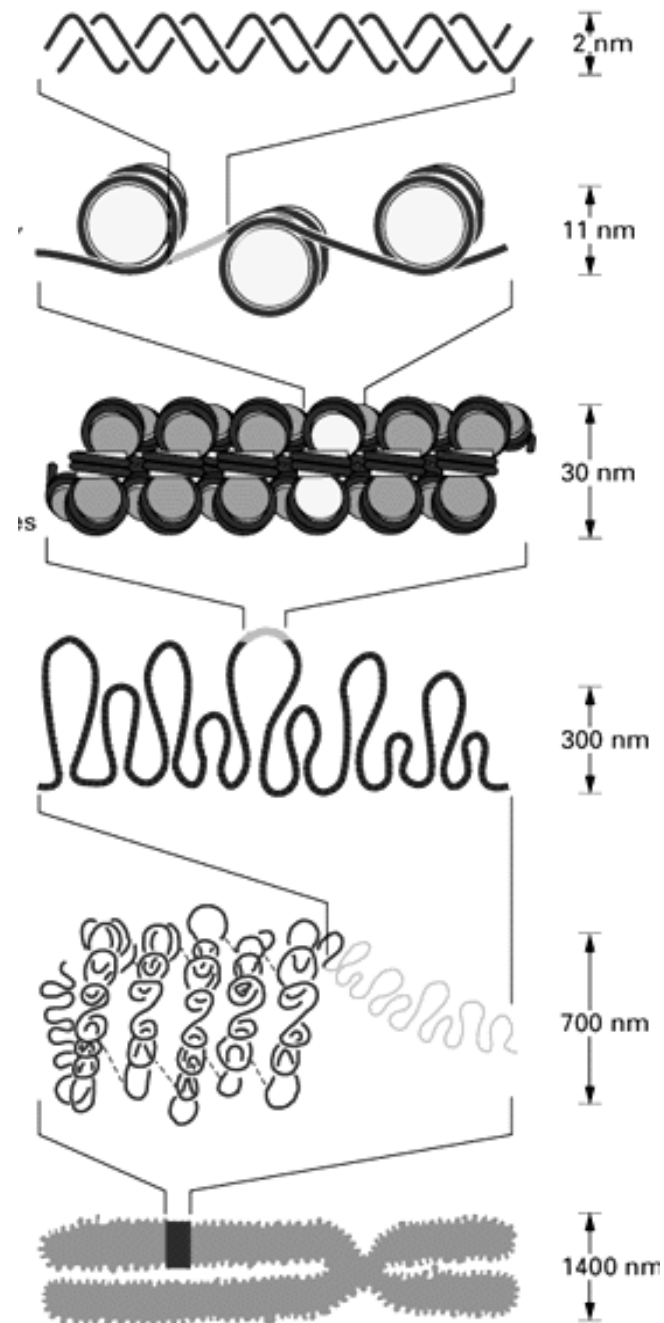
Nucléole = ARNr

L'euchromatine correspondrait à la forme relâchée d'un filament d'ADN, actif métaboliquement, s'enroulant périodiquement autour de petits cylindres (nucléosomes).

L'hétérochromatine, plus riche en protéines, correspondrait à une forme condensée inactive métaboliquement, du même nucléofilament. Les nucléosomes y seraient plus ou moins empilés.



Pendant mitose
La chromatine se
compacte encore plus
pour former
chromosome



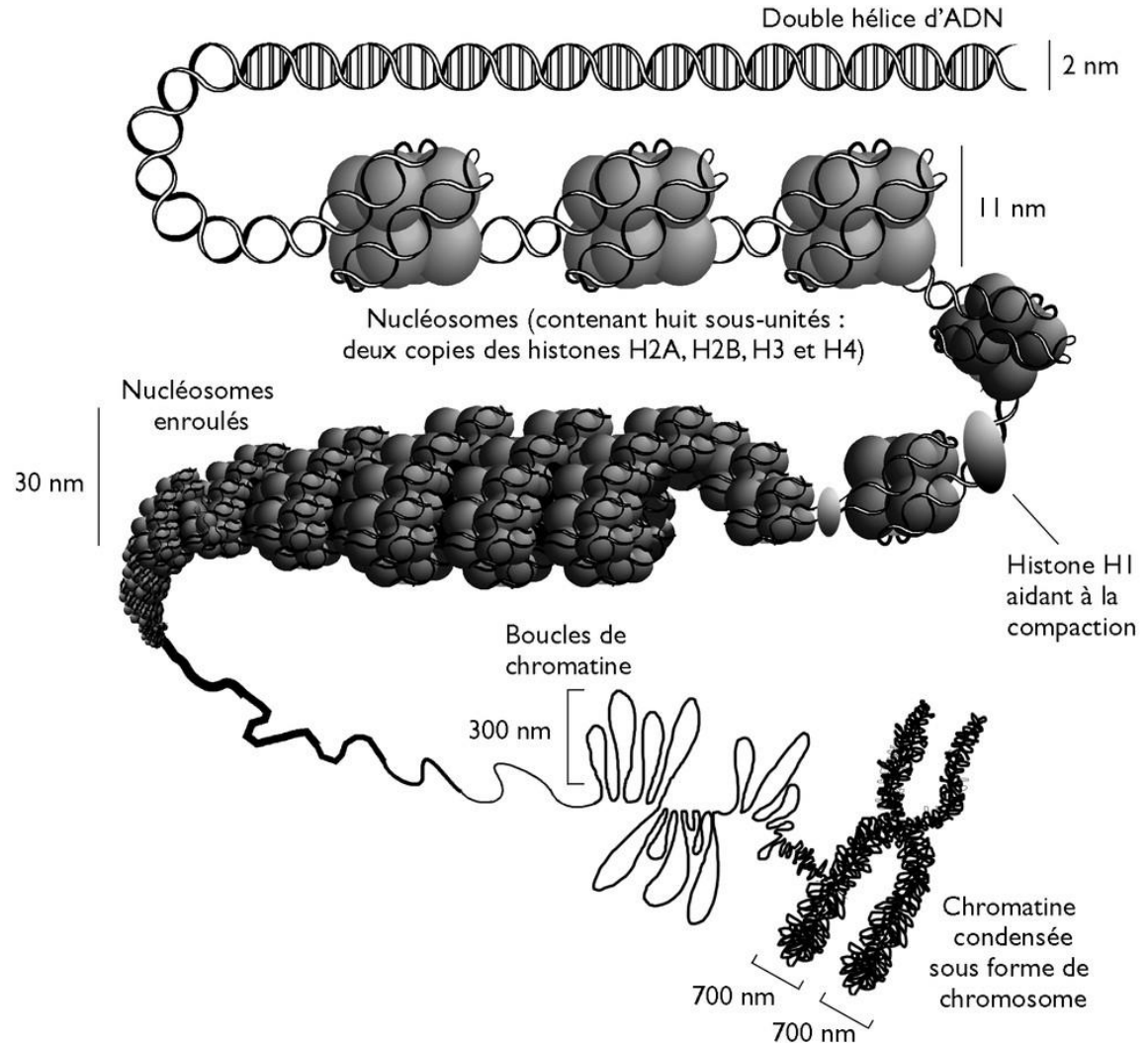
3) Le chromosome

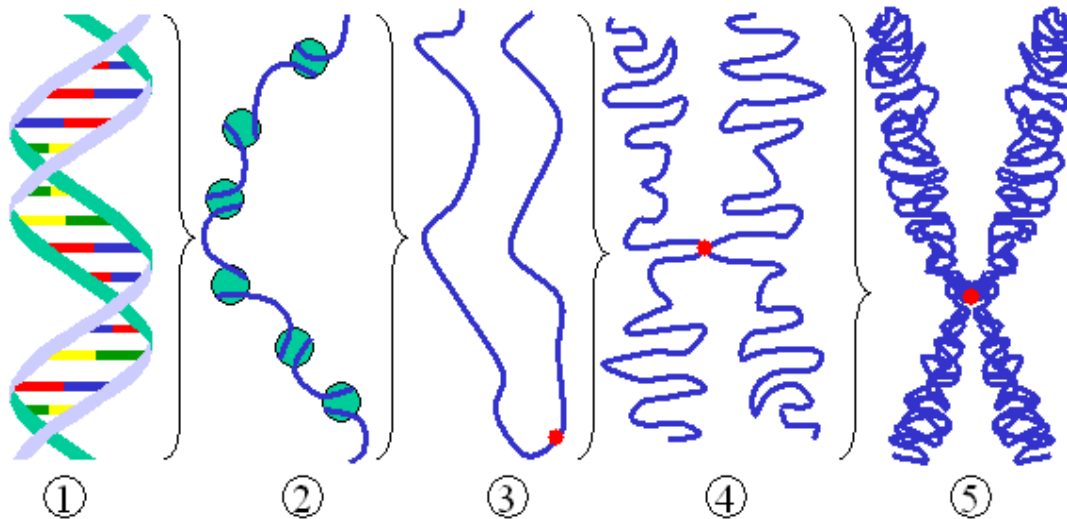
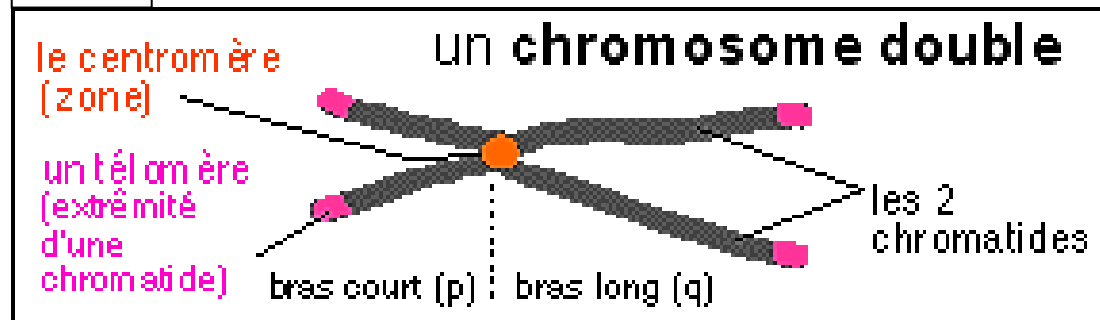
Compaction 8000x
23 paires,
longueur moyenne
5 cm d'ADN,
Compacté 5 μm

[Animation](#)

[Animation 2](#)

doc 2.4





Doc 2.6 : Différents niveaux de condensation de l'ADN.

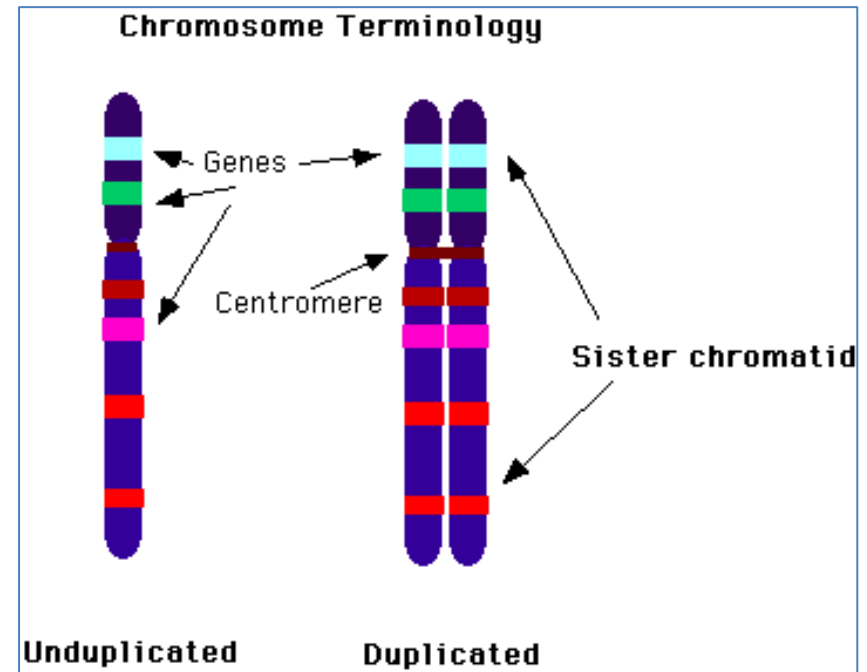
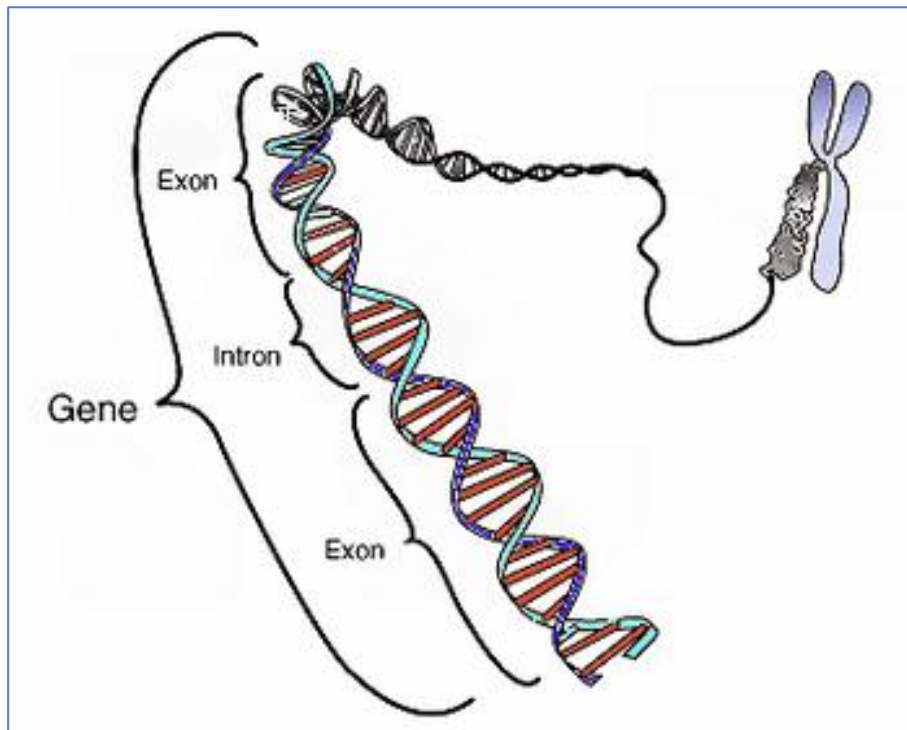
- (1) Brin bicaténaire d'ADN.
- (2) Brin de chromatine (ADN avec histones).
- (3) Chromatine au cours de l'interphase avec **centromère**.
- (4) Chromatine condensée au cours de la prophase. (Deux copies de la molécule d'ADN sont présentes)
- (5) au cours de la métaphase.

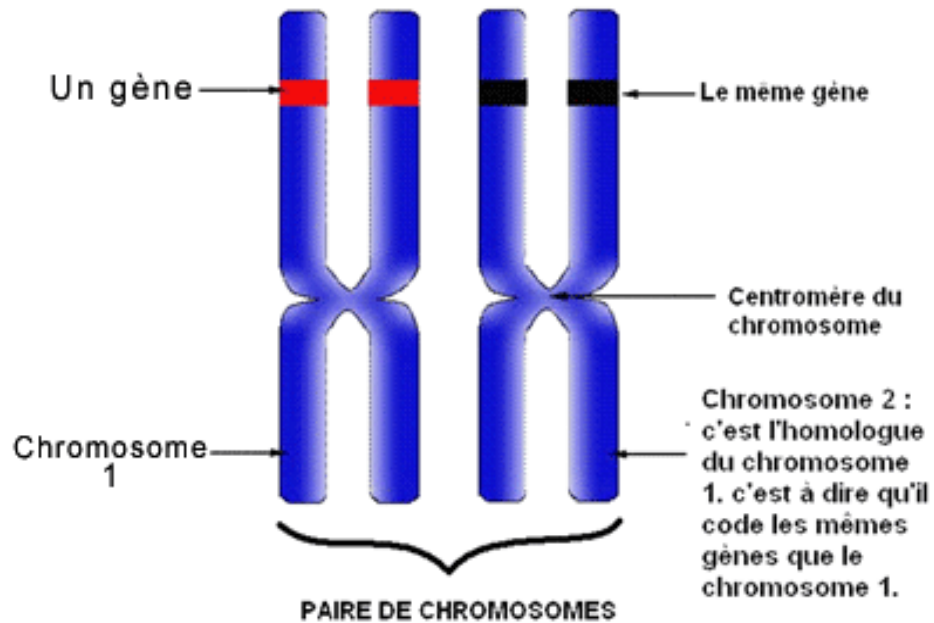
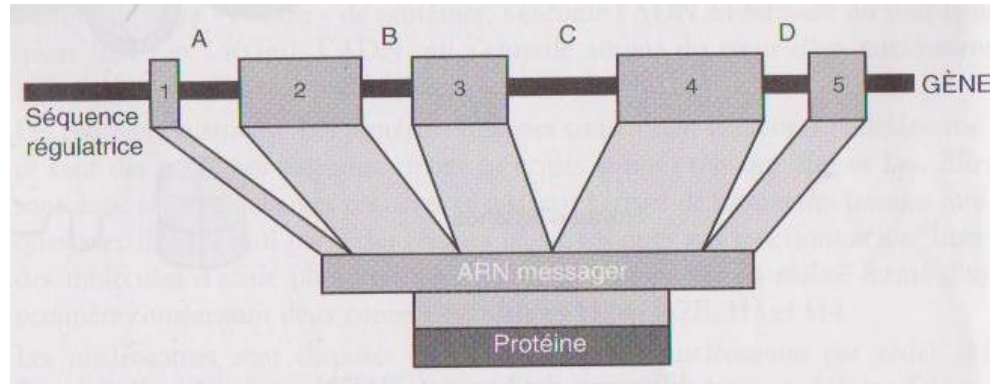
Chromosome X et Y (ME)



4) Notion de gène

une séquence d'ADN qui
code pour une protéine
ou un ARN

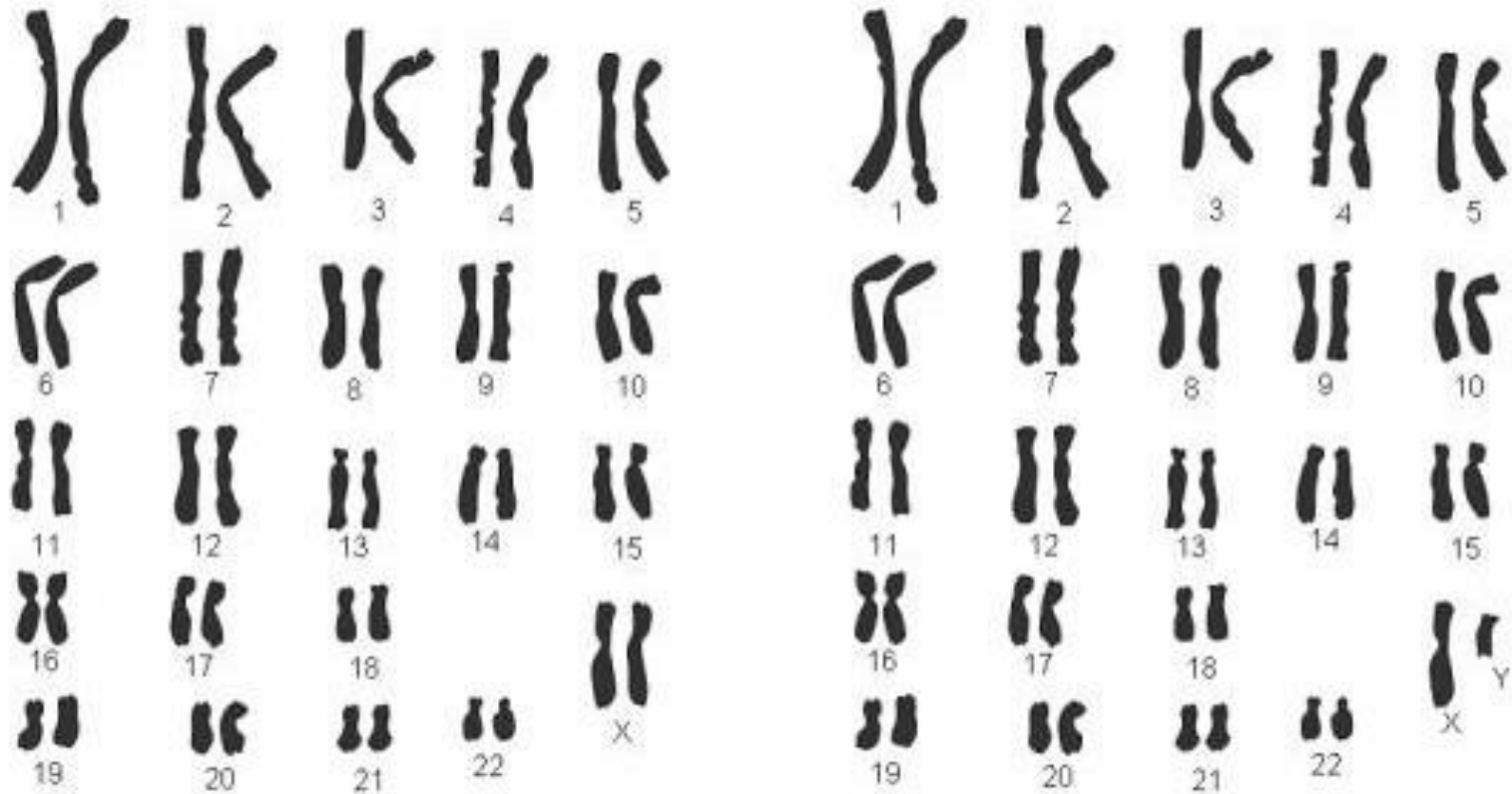




135 million base pairs

24

Doc 2.8 Caryotype pendant métaphase



III/ L'organisation moléculaire du génome

Génome = Ensemble de l'information héréditaire d'un organisme, présente en totalité dans chaque cellule de l'organisme

ADN mitochondrial (circulaire)

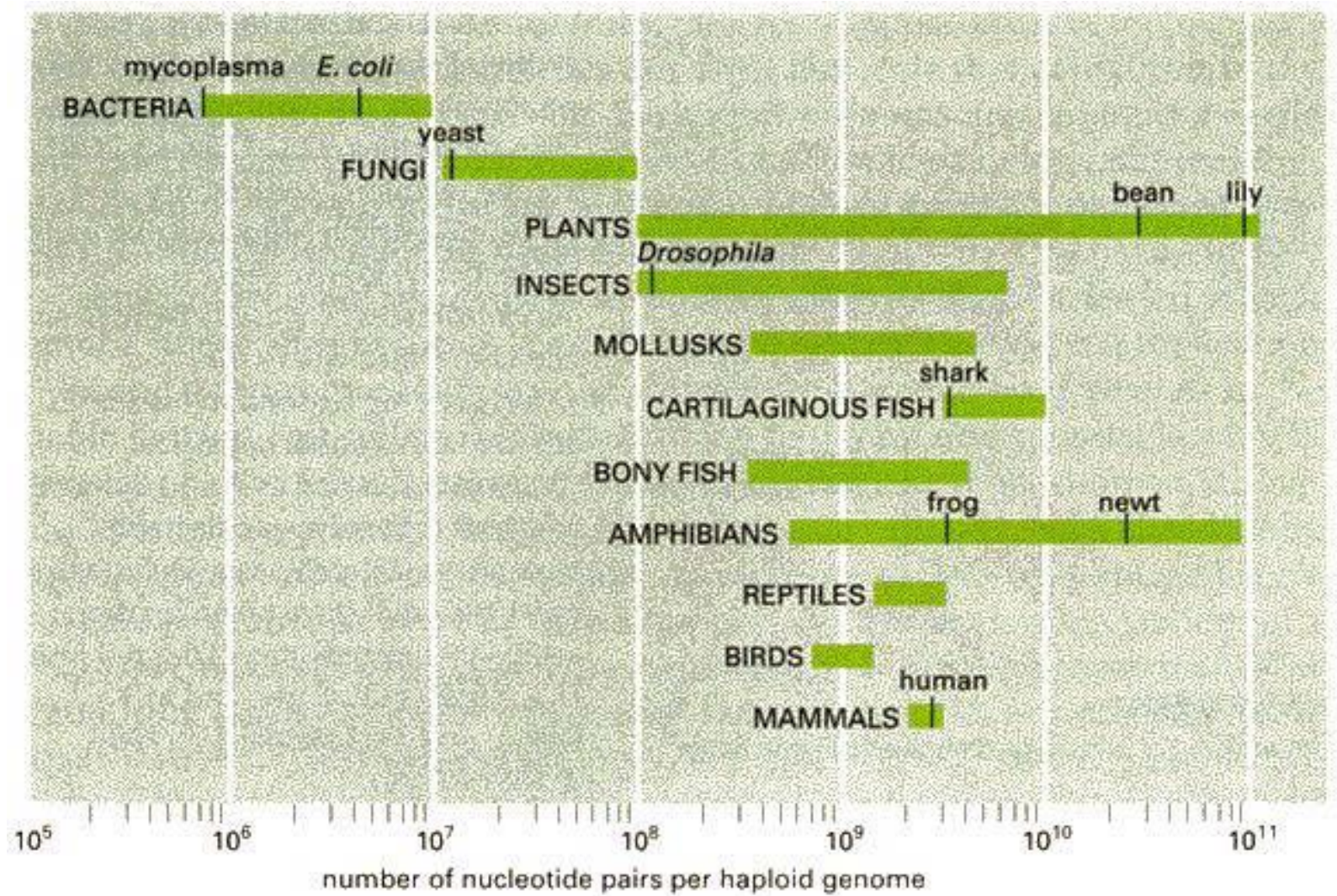
II.1. Taille du génome

-Quelques dizaines de milliers de bases pour le génome d'un virus-Quelques millions de bases pour une bactérie

-3 milliards de bases pour le génome humain

-16 milliards de bases pour le génome du blé

Organisme	Taille du génome	Nombre de gènes	ADN non codant
Colibacille (<i>E. coli</i>)	~ 4,6 Mb	~ 4 300	~ 10 %
Levure (<i>S. cerevisiae</i>)	~ 13 Mb	~ 6 200	~ 30 %
Nématode (<i>C. elegans</i>)	~ 100 Mb	~ 19 100	~ 75 %
Mouche (<i>D. melanogaster</i>)	~ 180 MB	~ 13 600	~ 85 %
Vertébrés (<i>H. sapiens</i>)	~ 3 200 Mb	~ 24 000	~ 98,5 %



II.2. ADN Codant ou non codant?

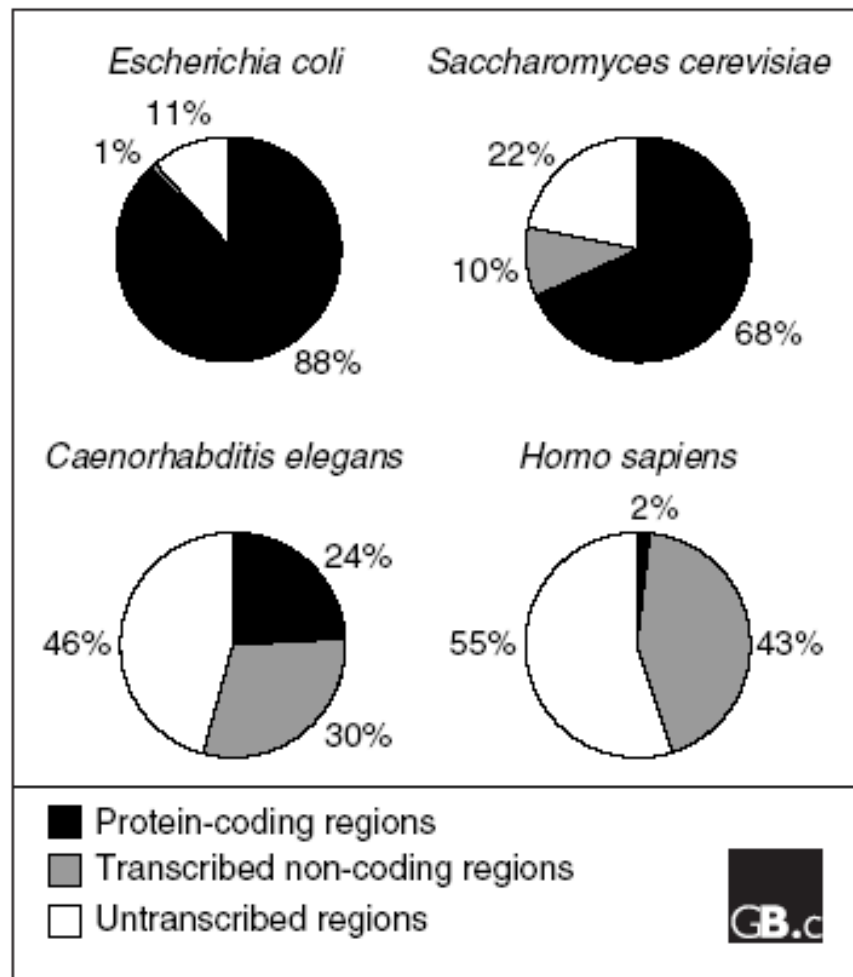
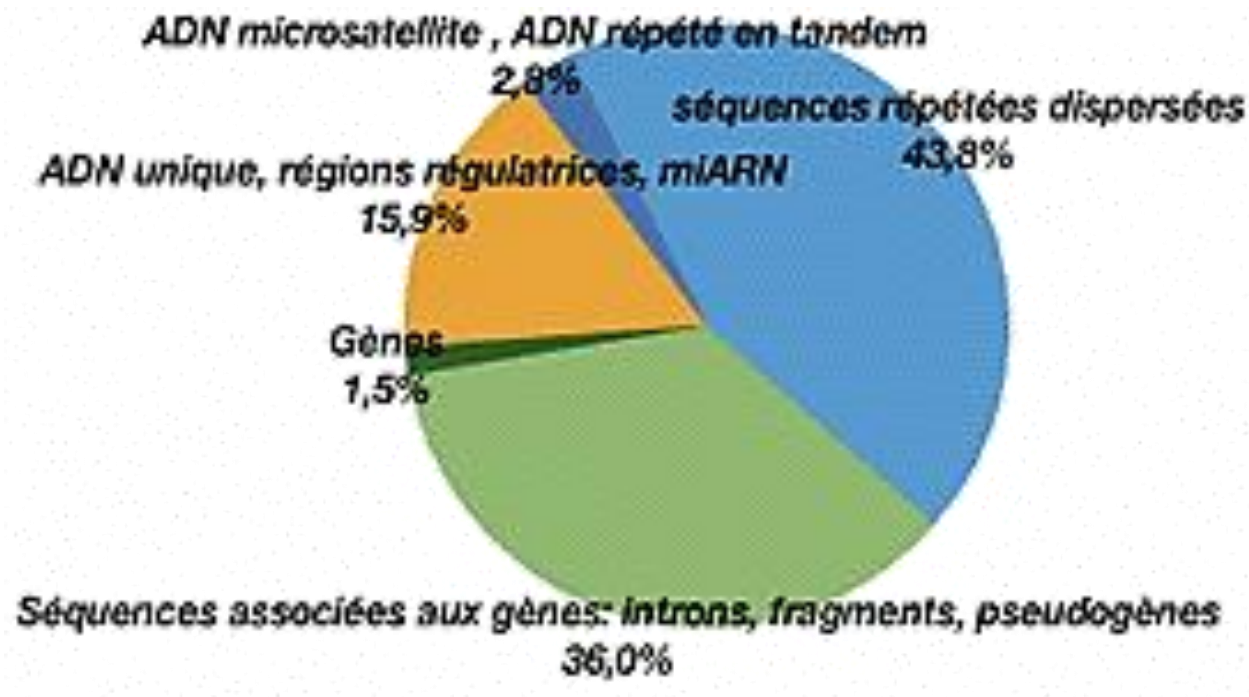


Figure 1

Ratios of the protein-coding, non-coding, and untranscribed sequences in bacterial, yeast, nematode and mammalian genomes. Estimations of the transcribed and protein-coding parts of genomes are based on the sequence length of annotated genes [3,12,13,73]. Estimation of the transcribed portion of the human genome is based on the sequence length occupied by the annotated genes on chromosomes 6, 7, 14, 20, and 22 [5].



Séquences répétées péracentromériques = ADN satellite

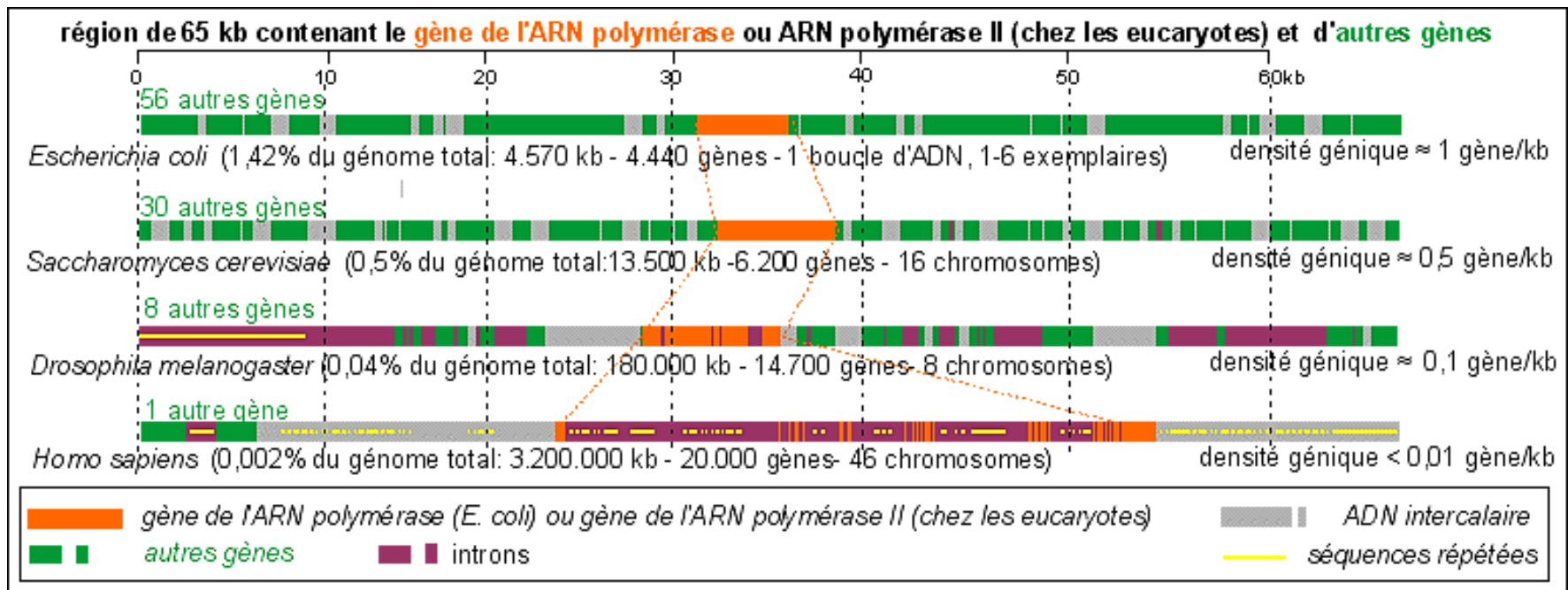
Séquences répétées des télomères

Gènes répétés: ARNt, histones, pseudogènes...

II.3. Répartition des gènes

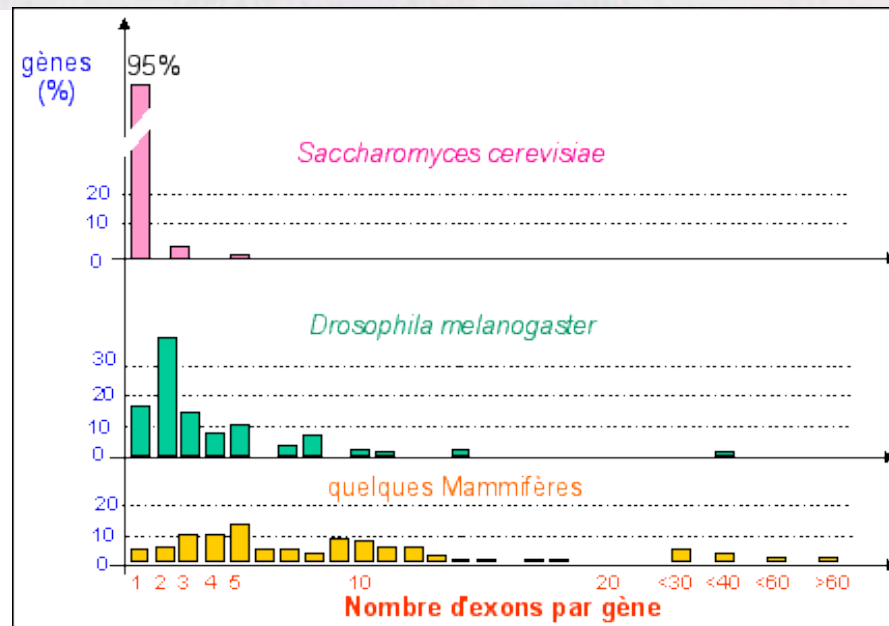
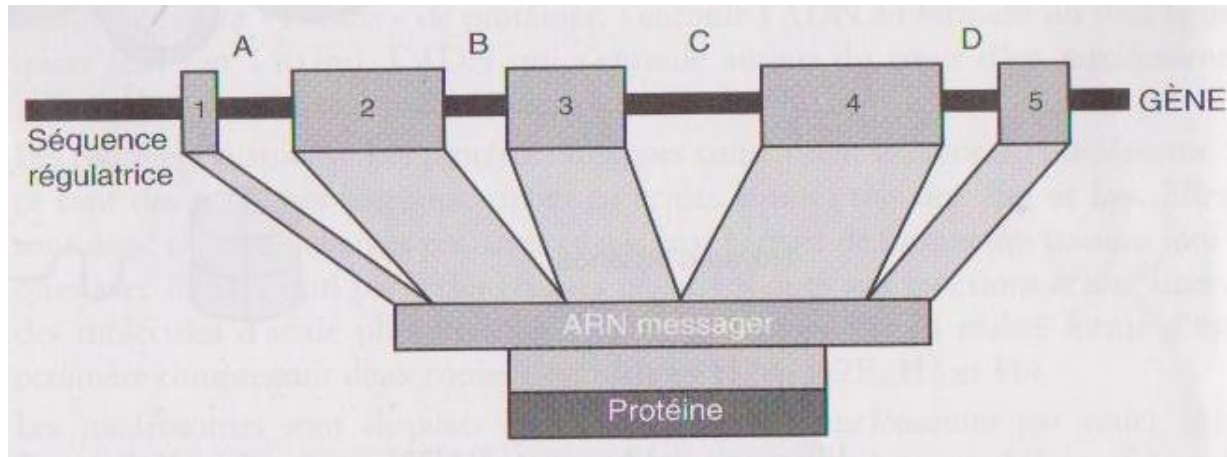
Densité:

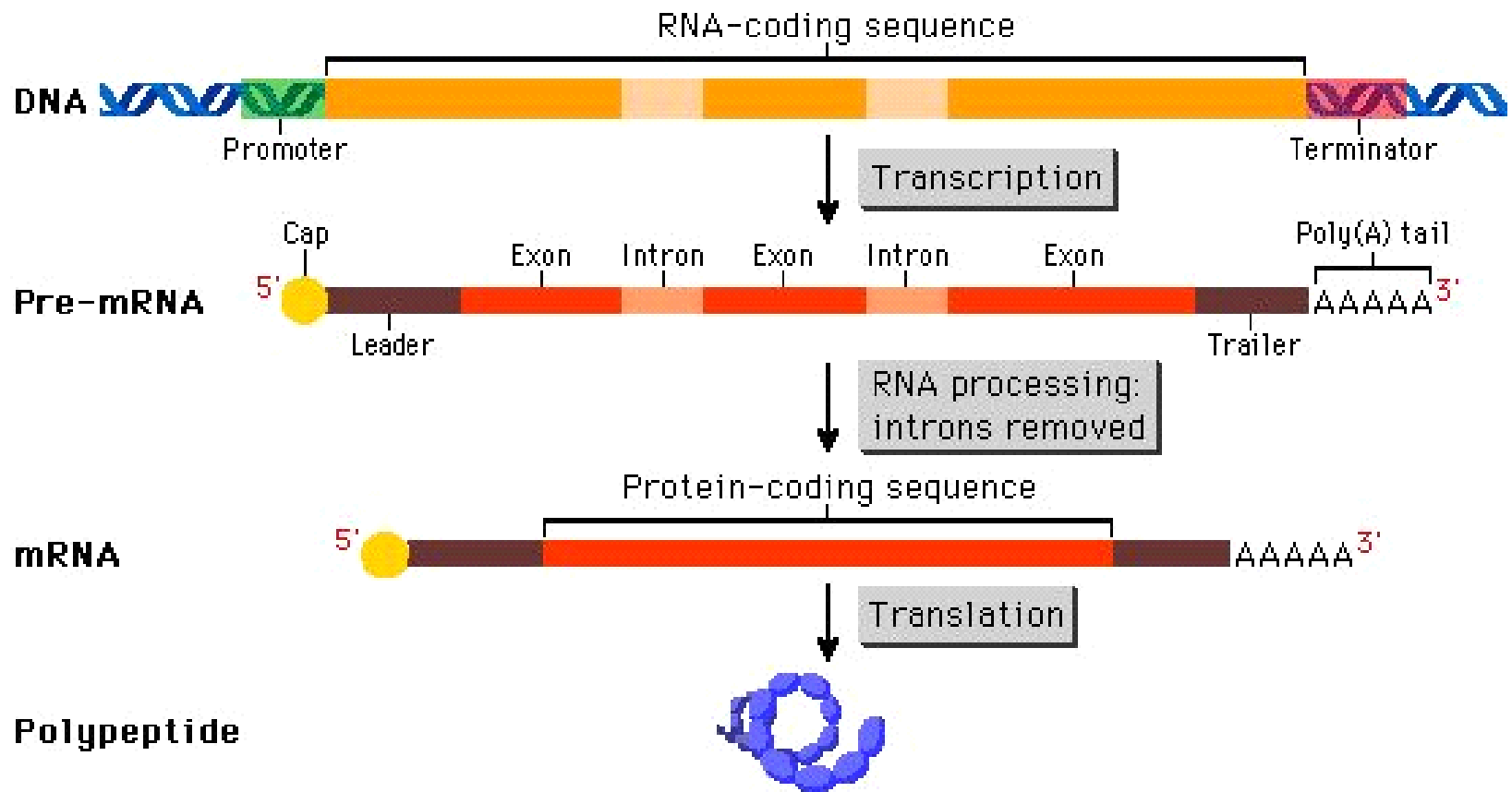
- 1 gène tous les 100kb homme
- 1 gène tous les 2kb levure



II.4. Gènes morcelés

Les gènes eucaryotes sont en règle discontinus ou en "mosaïques". Les séquences transcrites et traduites ou exons sont interrompues par des régions non codantes mais transcrites, les introns.



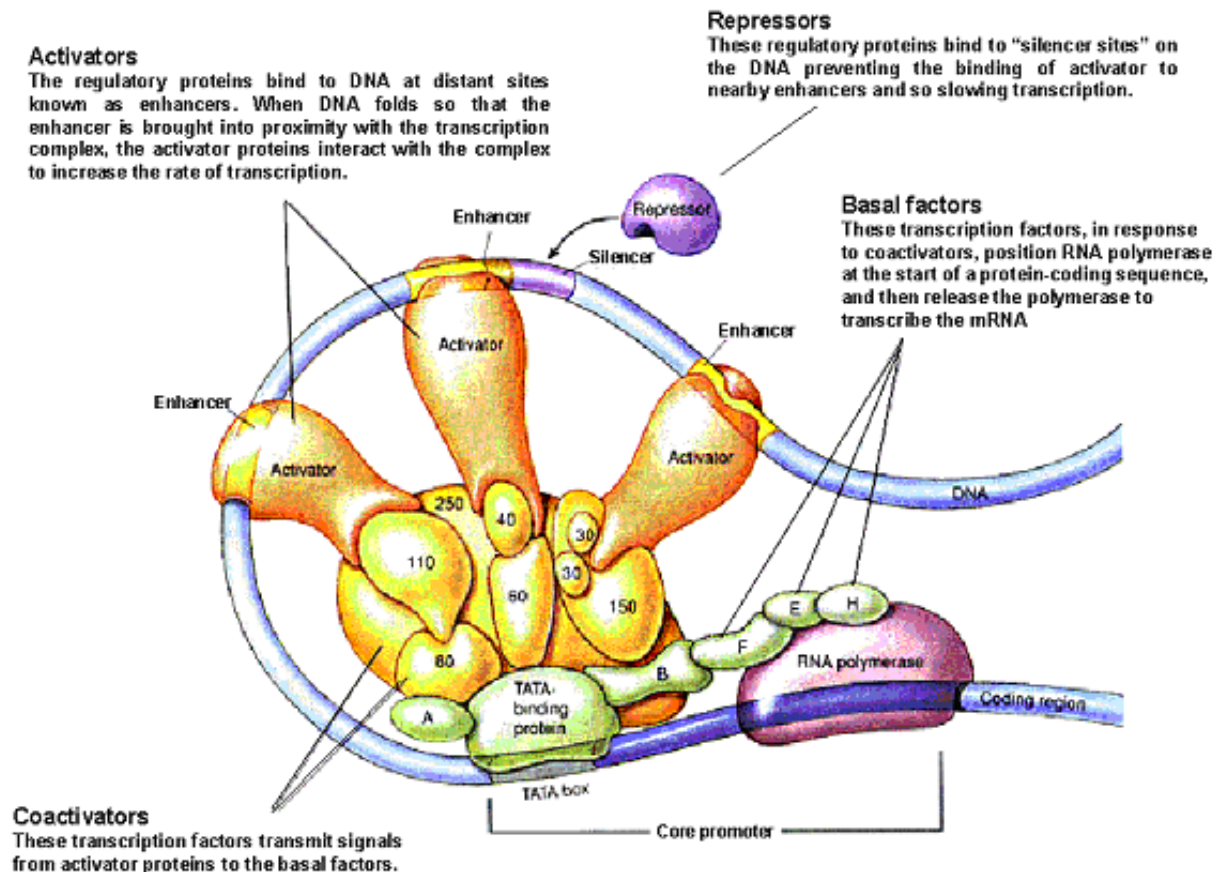


Gène humain moyen: 9 introns, 27 kb

II.5. Régulation

L'expression des gènes eucaryotes est contrôlée par des régions régulatrices en 5' qui sont localisées

- soit immédiatement en amont de la séquence codante (comme les promoteurs)
- soit situées à plusieurs centaines voire milliers de nucléotides du gène comme les amplificateurs (enhancers) ou les inhibiteurs (silencers).



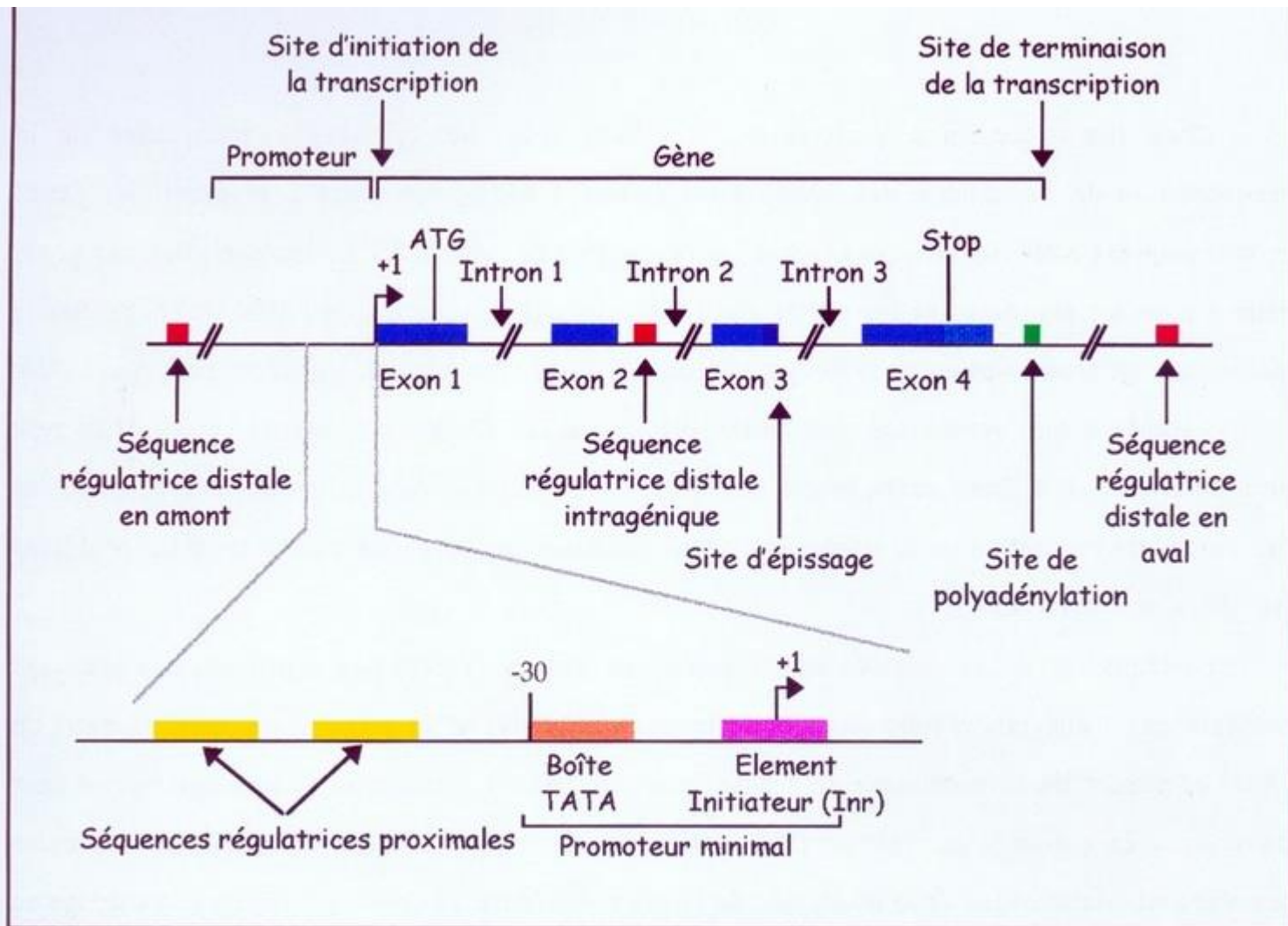
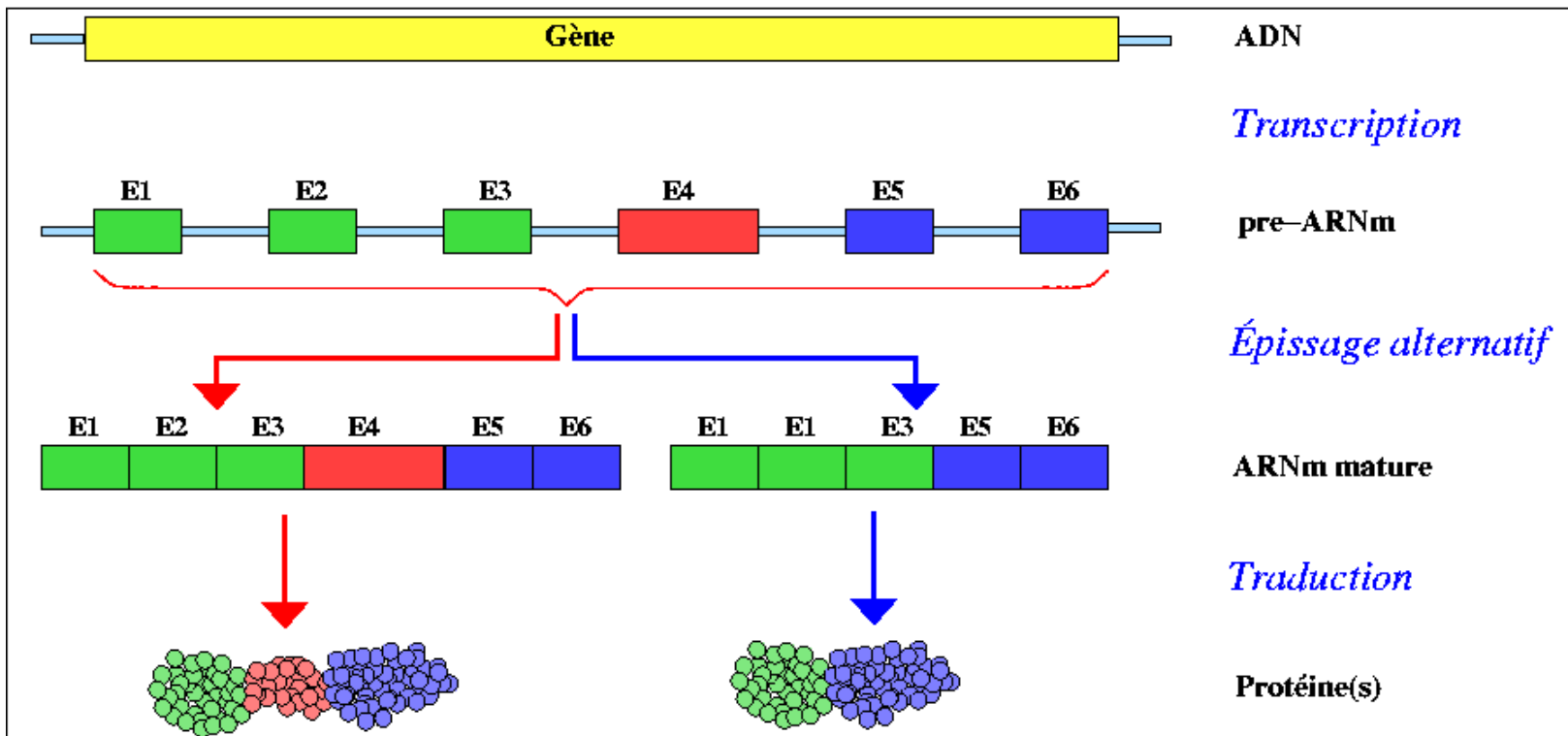


Figure 1 : Représentation schématique des différentes séquences d'ADN impliquées dans la régulation de la transcription (promoteur, séquences régulatrices proximales et distales) ou la maturation (sites d'épissage et de polyadénylation) des ARN. Les trinucléotides "ATG" et "Stop" codent pour l'initiation et l'arrêt de la traduction de la protéine codée par un gène, respectivement.

Épissage alternatif : un gène peut coder pour plusieurs protéines

25 000 gènes pour 100000 protéines



IV/ Transferts d'information génétique

L'ADN est le support de l'information génétique pour tous les organismes (sauf pour certains phages et les virus à ARN).

Conservation de l'information génétique

L'IG doit être conservée lors de la division cellulaire afin que les 2 cellules filles issues de la cellule mère héritent d'une information quantitativement identique à celle d'origine : la division est donc précédée d'une **réplication** de l'ADN.

L'information portée par ces AN est de plus « surveillée » grâce à des mécanismes de **réparation** de l'ADN.

Rôle de l'information génétique : elle permet la synthèse de protéines spécifiques.

L'information est transcrite en ARN messager (cet ARN devient à son tour porteur du message génétique = **transcription**)) qui détermine l'ordre d'incorporation des acides aminés dans les protéines lors de la **traduction** par les ribosomes.

On assiste à différents transferts d'informations :

- 1^{er} transfert : ADN $\Rightarrow$ ADN : c'est la **réplication**, nécessaire à la conservation de l'IG de génération en génération. Enzyme principale : ADN polymérase ADN dépendante
- 2^{ème} transfert : ADN $\Rightarrow$ ARN : c'est la **transcription**, qui permet la diffusion de l'IG dans la cellule. Il s'agit, par exemple, de la synthèse d'un ARNm à partir de l'ADN. Cet ARNm dirige la synthèse protéique dans le cytoplasme. Enzyme principale : ARN polymérase ADN dépendante
- 3^{ème} transfert : ARN $\Rightarrow$ protéines : c'est la **traduction**, qui permet la synthèse de protéines spécifiques grâce à l'information contenue dans les ARNm. La séquence des acides aminés est imposée par l'ARNm. Mécanisme complexe faisant intervenir les ribosomes (protéines + ARNr), les ARNt et de nombreuses enzymes.

