

Biologie Evolutive

Organisation et expression du génome des Procaryotes et des Eucaryotes

Chp I – Introduction

Zygote = Œuf

ADN



**informations pour la construction de
l'organisme**

- Héritaires

- séquences d'acides nucléiques :

gènes

Eucaryotes

diploïdes

= chromosomes en double exemplaire

= gènes en double copie

Procaryotes

haploïdes

= gènes en une seule copie

ADN :

- macromolécule**
- constitué de nucléotides**

Séquence d'acides nucléiques =

Succession de nucléotides

gènes

= unité d'information génétique

description d'un polypeptide

entité stable

changements occasionnels

→ mutations

transmission stable à la

descendance

Traduction par les cellules:

Phrases génétiques



Caractères

= expression des gènes

Génome :

**Action sur le phénotype par l'intermédiaire
d'un produit d'expression :**

- ARN

- Protéine

Traduction



code

langage nucléique



langage protéique

**Nature de l'information et code identiques
chez les procaryotes et les eucaryotes**

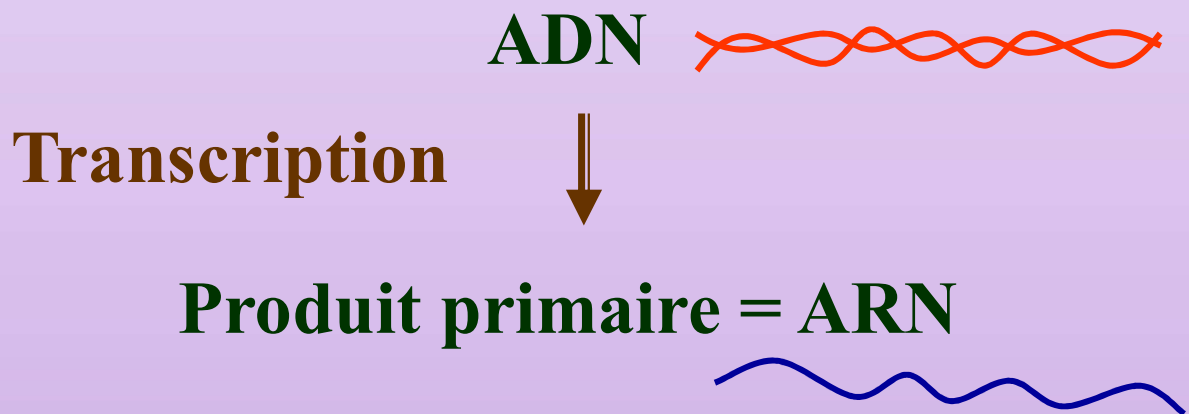
**Unicité de la nature et des moyens
d'expression de l'information génétique**



**Transgénèse : Expression d'un gène par un
autre organisme**

Utilisation par la cellule en cas de besoin

2 étapes d'expression génique:



2 étapes d'expression génique:

ADN 

Transcription



Produit primaire = ARN



Traduction



Exploitation pour la synthèse d'un peptide



Processus spécifiques associés aux
caractéristiques des A.N.

Macromolécules :

- Acides nucléiques

- Protéines



**Portent l'information nécessaire au
fonctionnement cellulaire**

Responsables de sa transmission

*** ADN : porte et transmet d'une
génération à l'autre**

*** ARN / Protéines : portent et
transmettent à l'intérieur d'un
organisme**

lien génotype



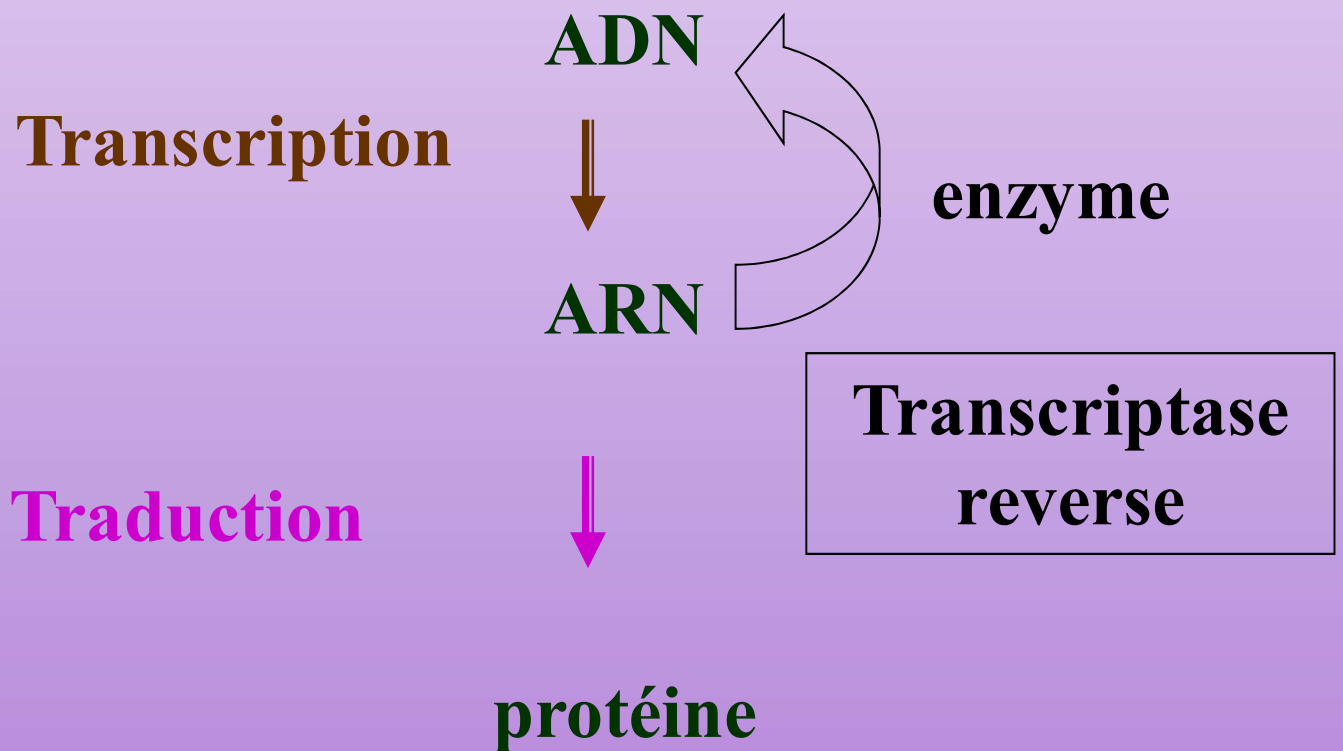
phénotype

ARN : rôle central

- messenger**
- outils**

Découverte d'une enzyme capable de synthétiser de l'ADN à partir d'une matrice d'ARN

Modification du schéma



Protéines $\xrightarrow{\text{MAIS}}$ **ADN**

Idée générale conservée

Irréversibilité du transfert de l'information

 **perturbations liées au milieu**

modifications du fonctionnement

 **pas du message héréditaire**

Chaque espèce :

1 gène \longrightarrow 1 chromosome

Nombre de gènes élevé /chromosome

\longrightarrow succession en alignement

Etude de la transmission des gènes

\longrightarrow ordre linéaire

\longrightarrow calcul de distance entre

- 2 gènes

- 1 gène et le centromère



Position du gène

Chromosome :

ADN

+

Protéines



Chromatine

= Substance du chromosome

- Chromosome déroulé

(interphase)

fins filaments = chromatides

Différences Procaryotes/ Eucaryotes:

*** ADN Procaryote :**

- double brin

(rarement simple brin)

- circulaire



Pas de propriété de fin de chromosome

- pas de compartimentation

Conséquences sur

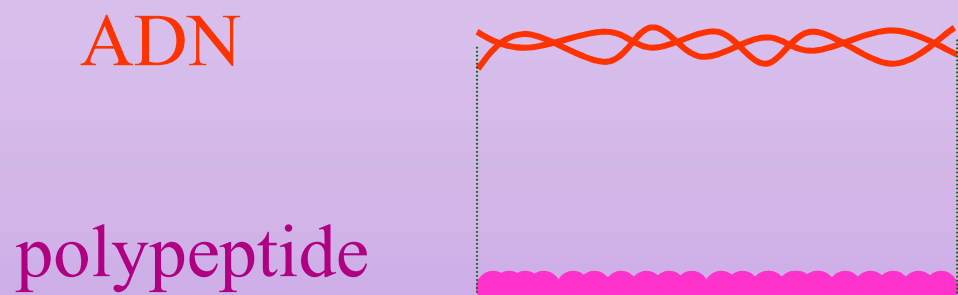
- l'organisation

- l'expression

Différences Procaryotes/ Eucaryotes:

* ADN Procaryote :

- colinéarité gène / polypeptide



Chaque portion du gène

utilisée pour la traduction



Valeur informative de l'ADN constante

Différences Procaryotes/ Eucaryotes:

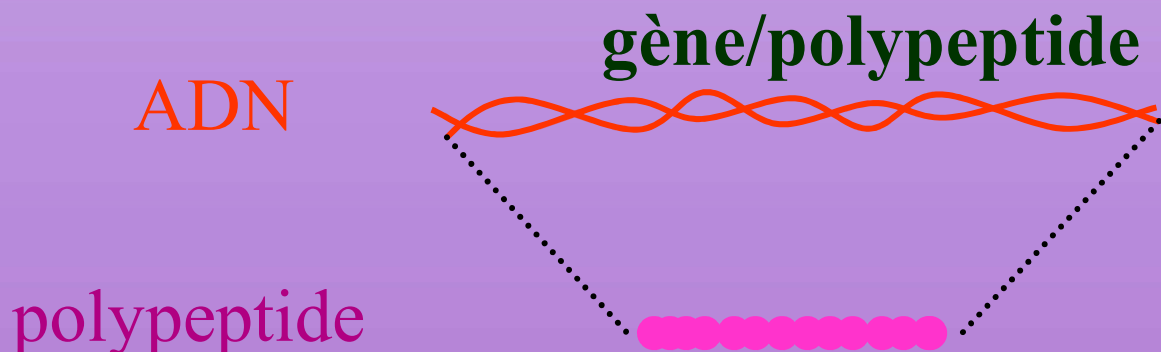
* ADN Eucaryote :

- double brin
- linéaire
- quantité supérieure à celle attendue



Grande proportion non codante

- non colinéarité



**Gène Eucaryote plus long que nécessaire
pour la protéine qu'il code**



Mécanismes de maturation

**Possible grâce à la compartimentation
de la cellule**

- noyau**
- mitochondries**
- plastes**



Séparation des étapes de l'expression

Chp 2 : Structure physique et chimique de l'ADN

I – Organisation atomique des acides nucléiques

Succession de sous-unités : nucléotides

1 nucléotide :

- un sucre de 5 atomes de C : pentose

noyau hétérocyclique C + O

- base azotée

atomes de C + atomes de N

→ noyau hétérocyclique

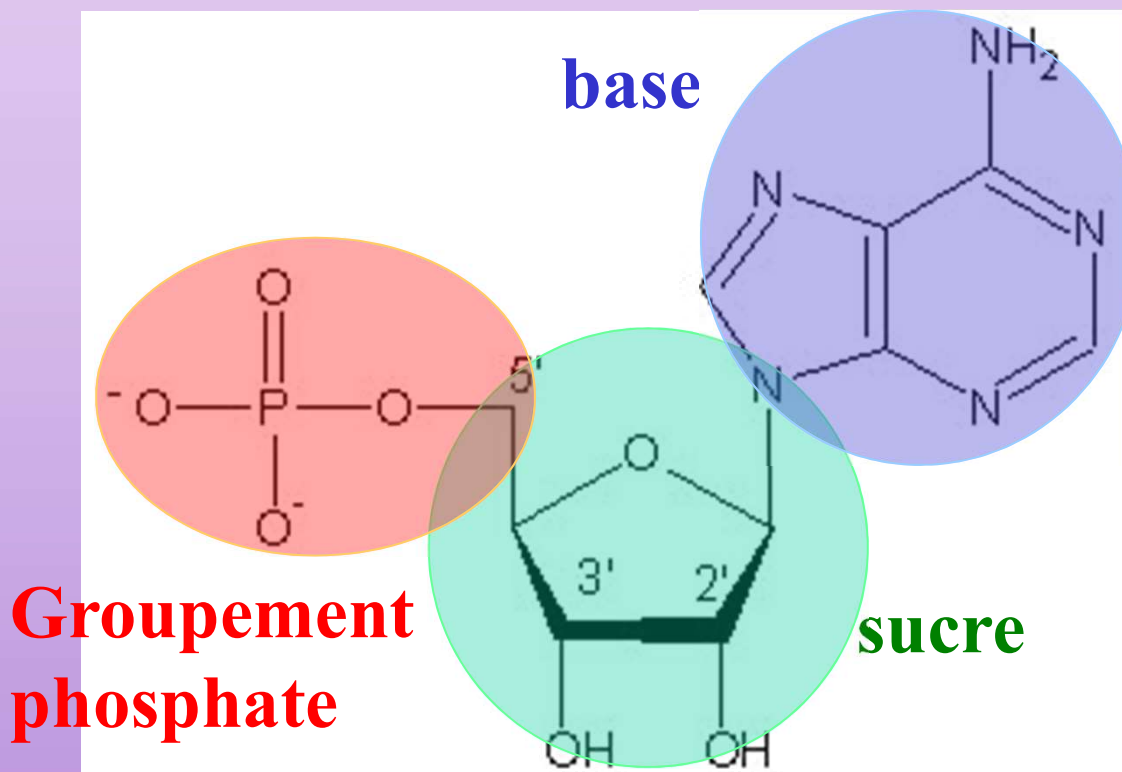
4 bases azotées différentes/

acide nucléique

- un groupement phosphate

Structure physique et chimique de l'ADN

I – Organisation atomique des acides nucléiques



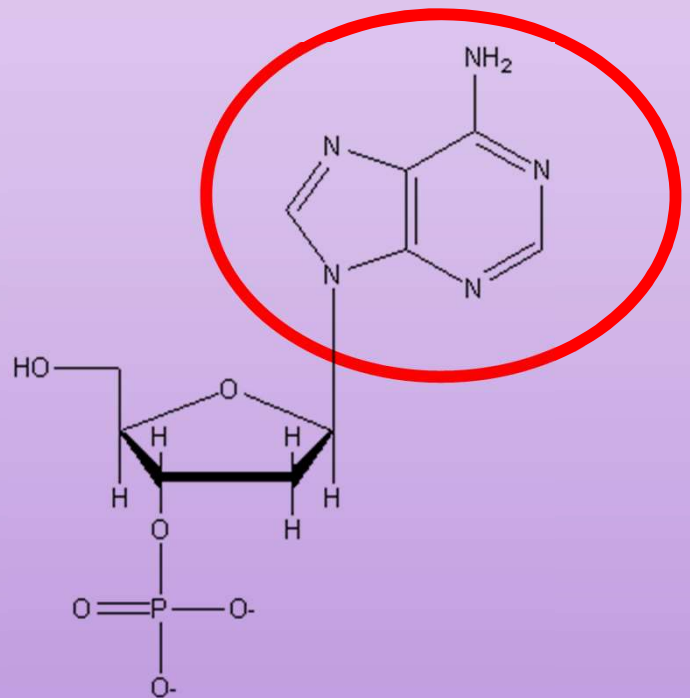
Structure physique et chimique de l'ADN

I – Organisation atomique des acides nucléiques

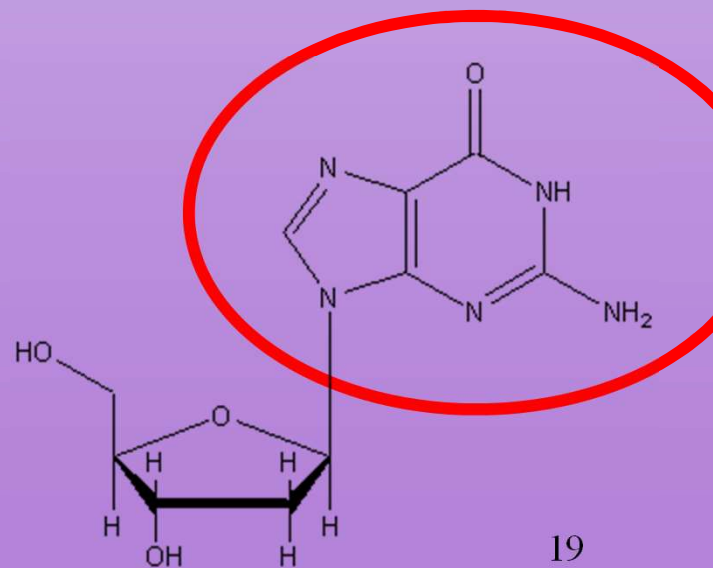
4 types de bases :

- purines

adénine



guanine



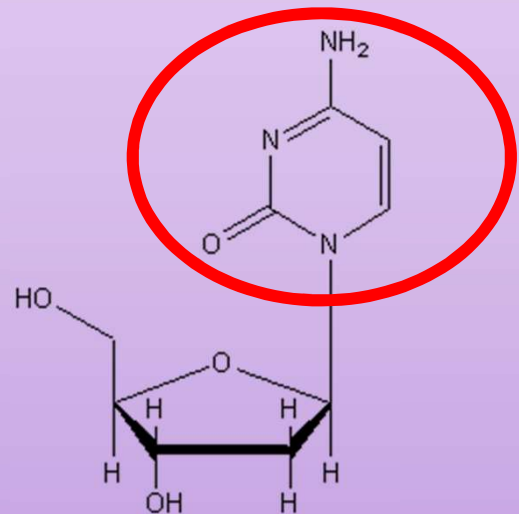
Structure physique et chimique de l'ADN

I – Organisation atomique des acides nucléiques

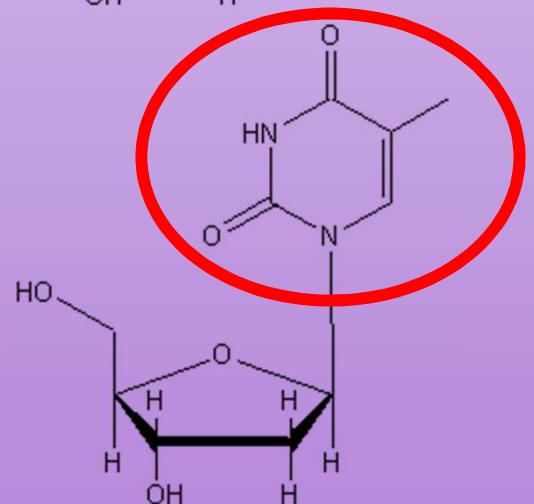
4 types de bases :

- pyrimidines

cytosine



thymine



Succession des bases le long d'un brin :
séquence de l'ADN

20

= structure primaire de l'ADN

II - Organisation en double hélice

A) type général

ADN : 2 chaînes polynucléotidiques

enroulées sur elles-mêmes

identifiée par étude de densité

→ double hélice d'ADN

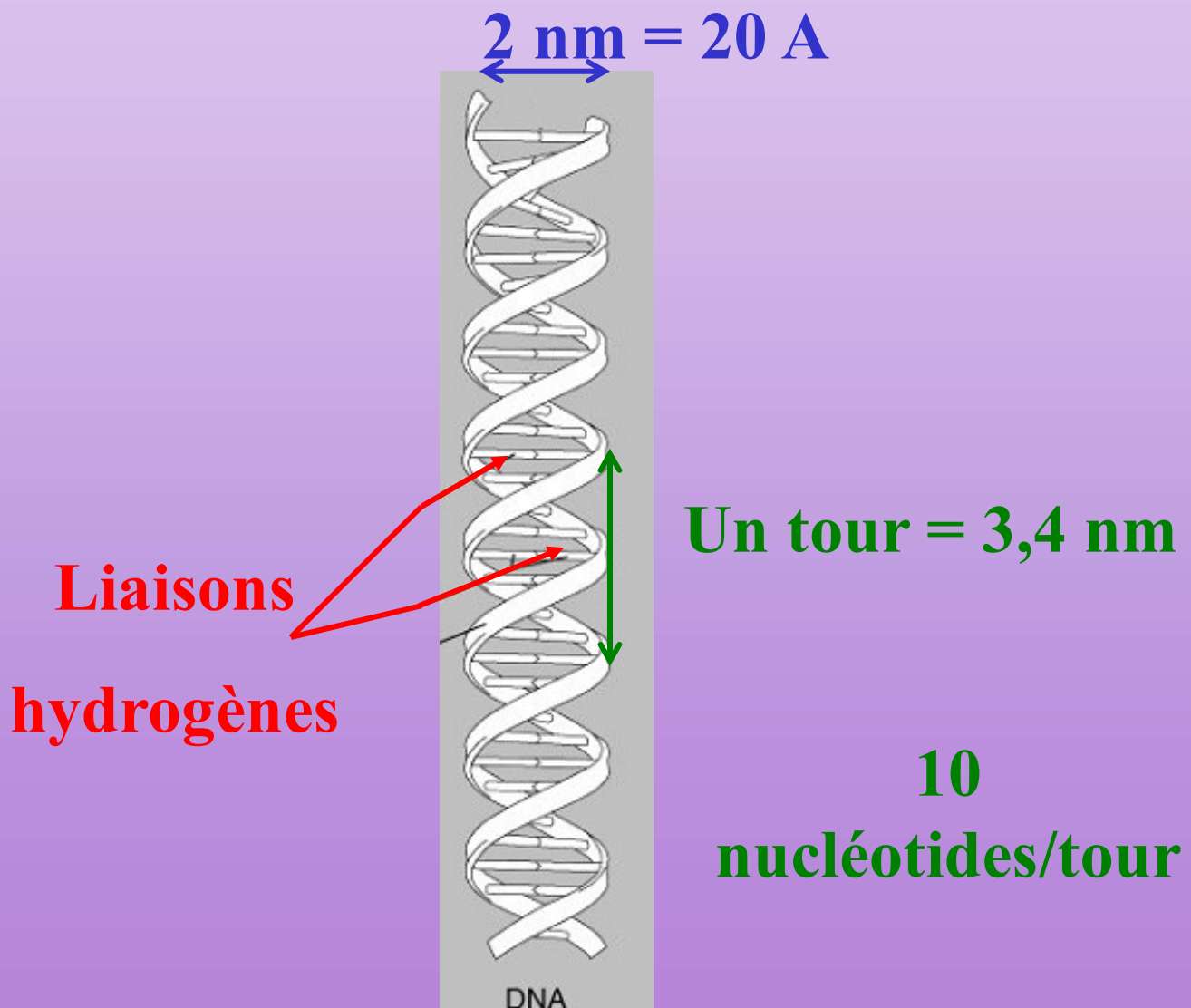


Liaisons entre les chaînes nucléotidiques

= liaisons hydrogènes

entre les bases azotées

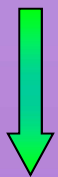
→ forme régulière de la double hélice



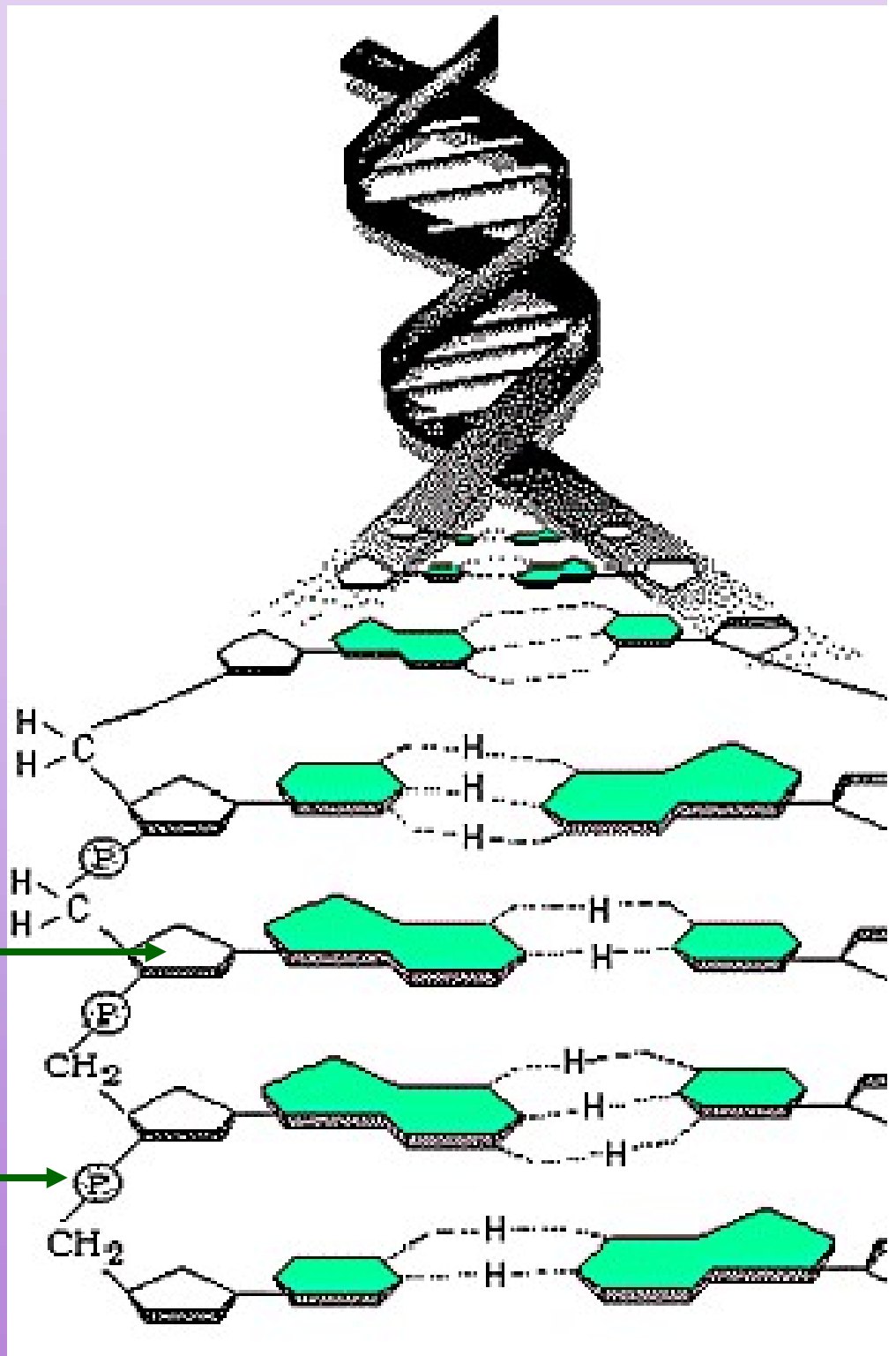
**Structure
de la double
hélice fixée
par
l'alternance**

pentoses

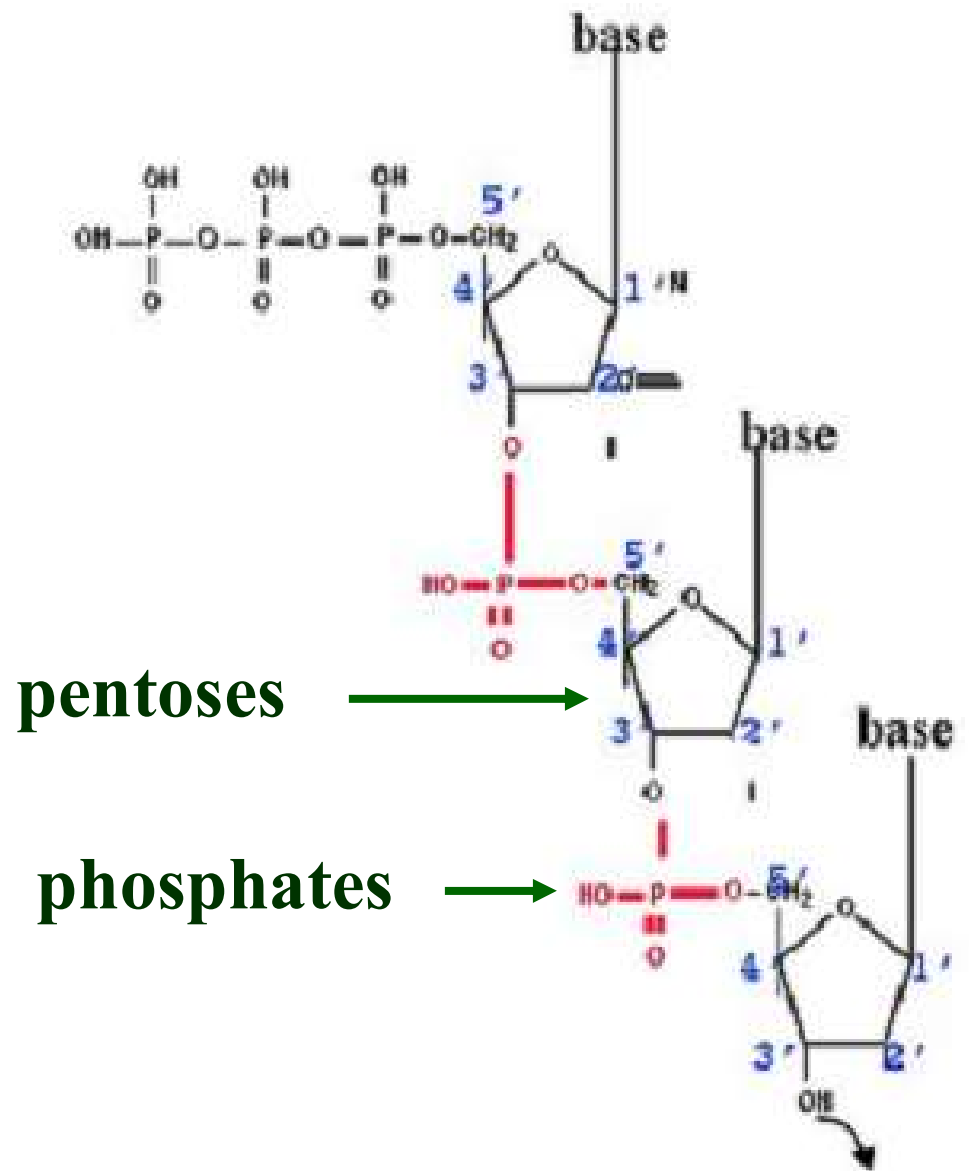
Phosphates



Montants de l'hélice



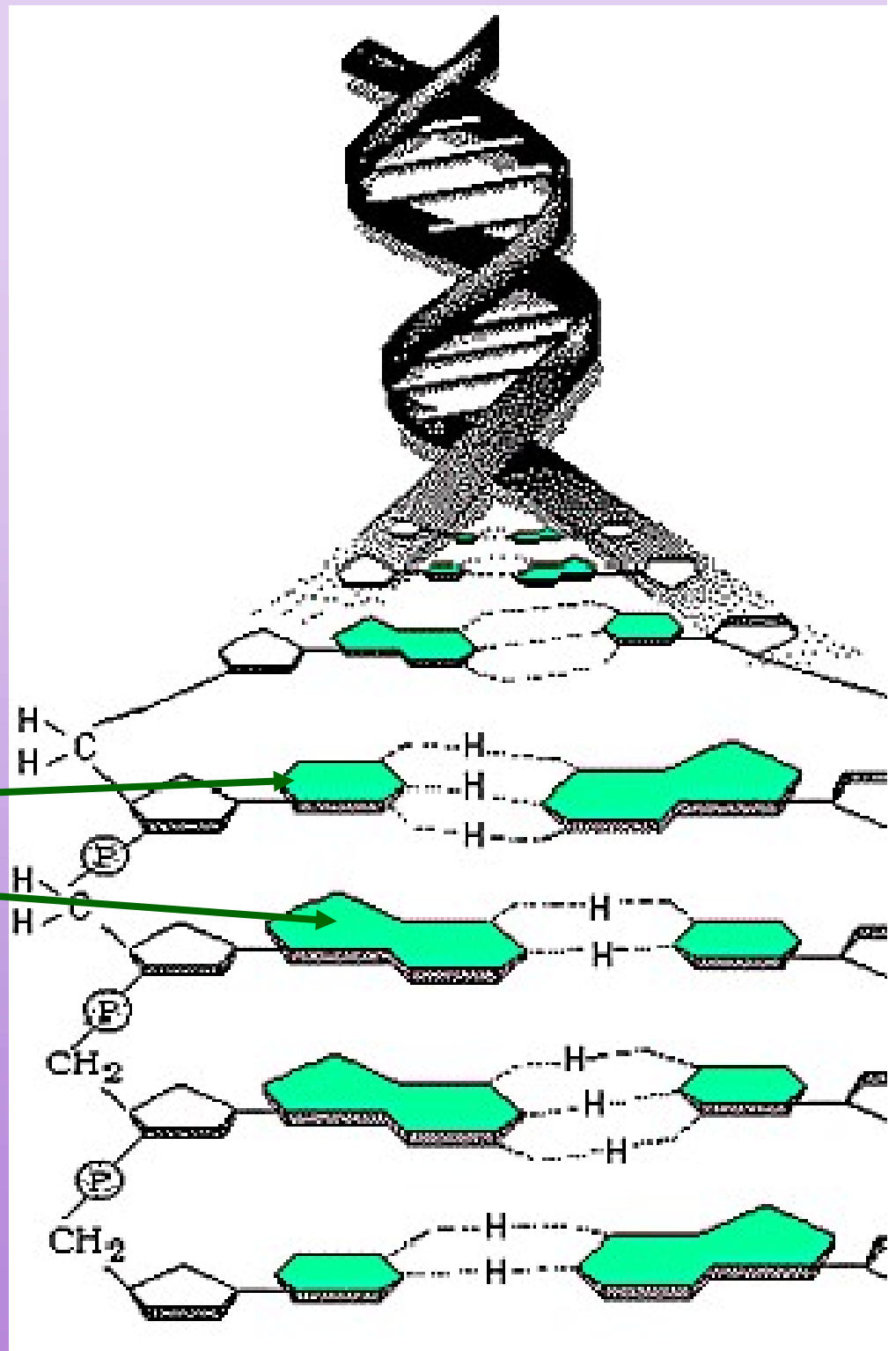
Alternance



Bases :

vers

l'intérieur



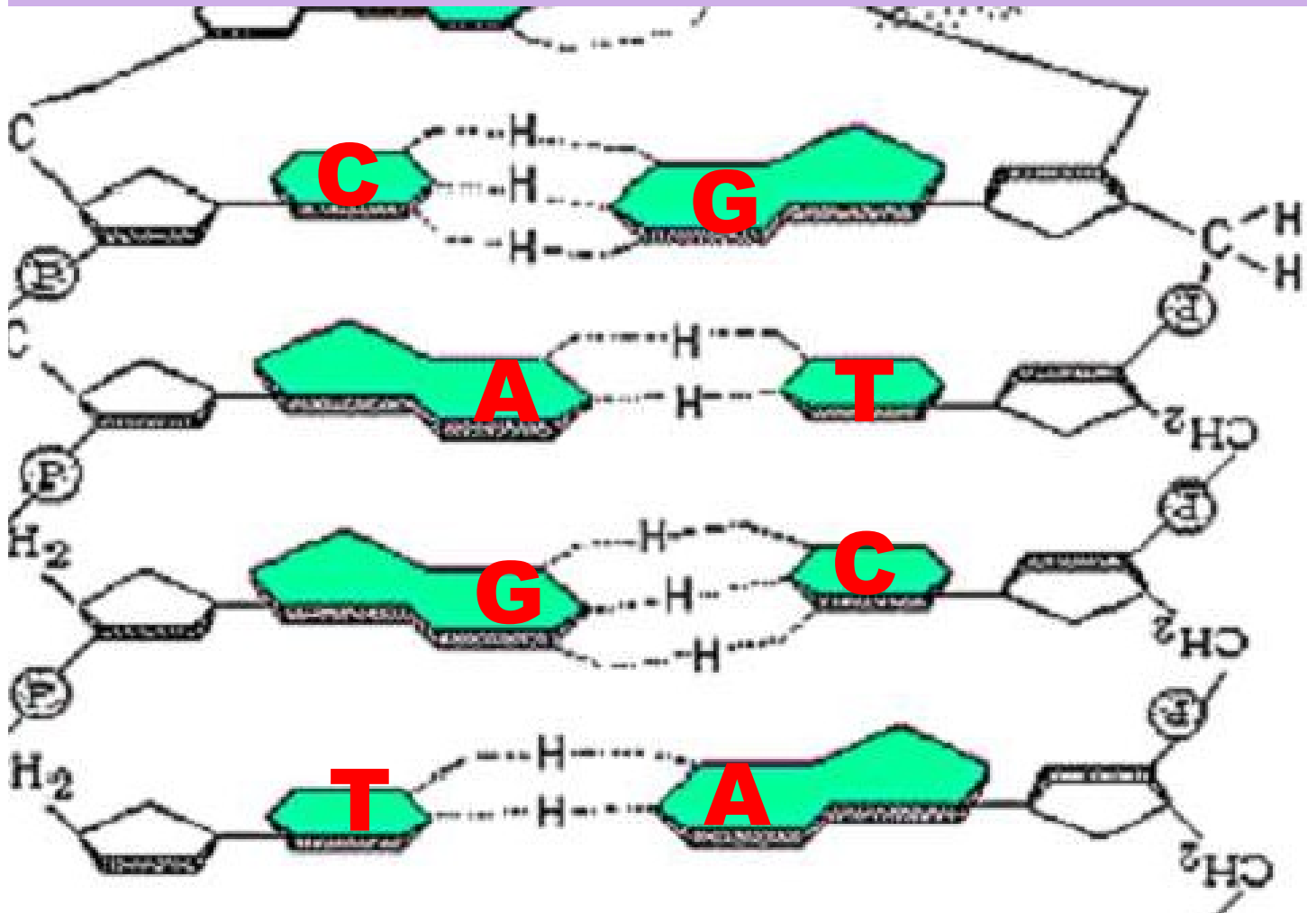
Appariement purine/purine

↪ **trop volumineux**

Appariement pyrimidine/pyrimidine

↪ **trop petit**

↪ **Bases complémentaires;**
Purine/pyrimidine



Adénine – Thymines : 2 liaisons hydrogènes

Cytosine – Guanine : 3 liaisons hydrogènes

↪ G-C plus solide

→ région riche en GC

→ plus stable

Modèle de liaisons polynucléotidiques

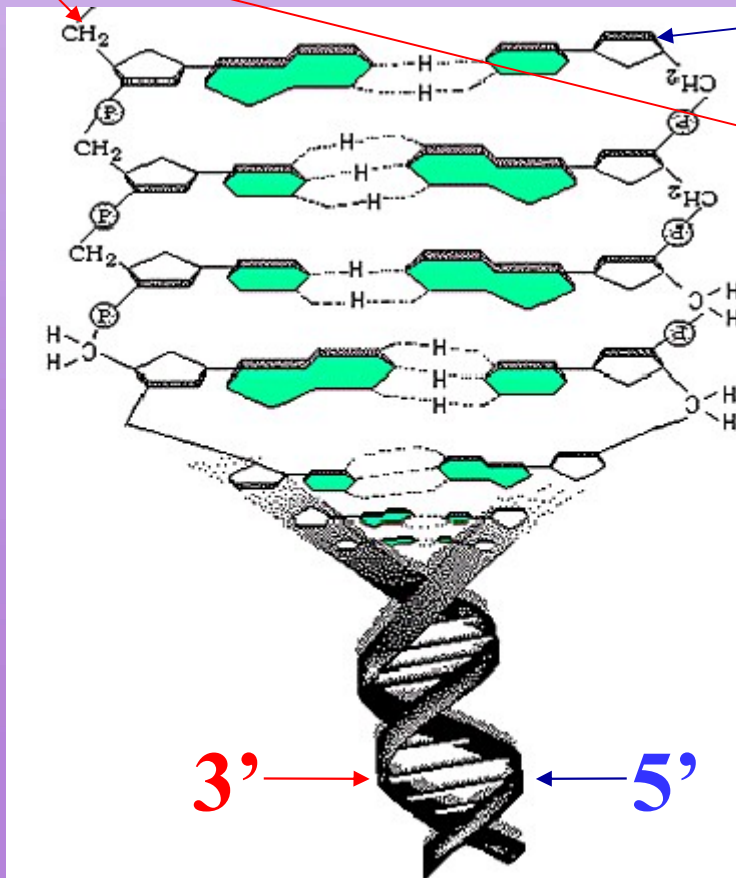
chaînes en sens opposées

anti-parallèles

5'

3'

N° du C du
groupement sucre
non fixé à un P
pour chaque brin



3'

5'

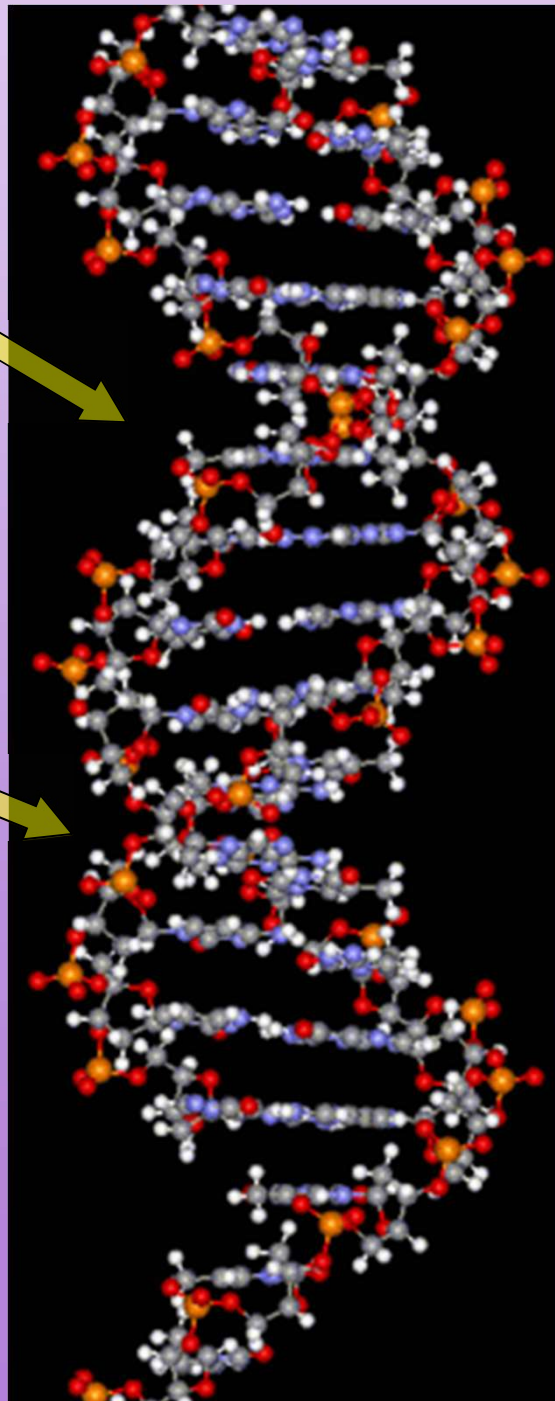
B) Principales formes de la double hélice

Torsion des 2 brins d'ADN

formation de 2 sillons

Grand sillon : 20A

Petit sillon : 12A

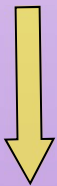


B) Principales formes de la double hélice

Torsion des 2 brins d'ADN

formation de 2 sillons

Grand sillon : 20A



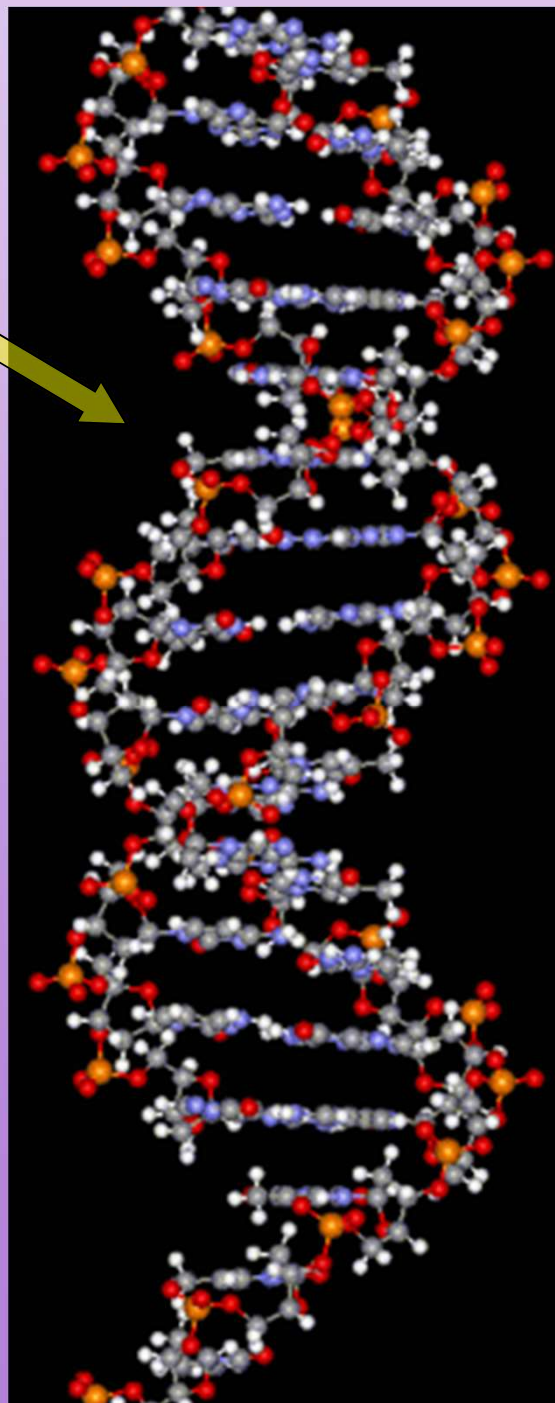
point de contact

des protéines:

Reconnaissance

de séquences

spécifiques



Organisation de la molécule d'ADN:

- droite

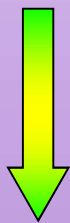
- tourne dans le sens des

aiguilles d'une montre

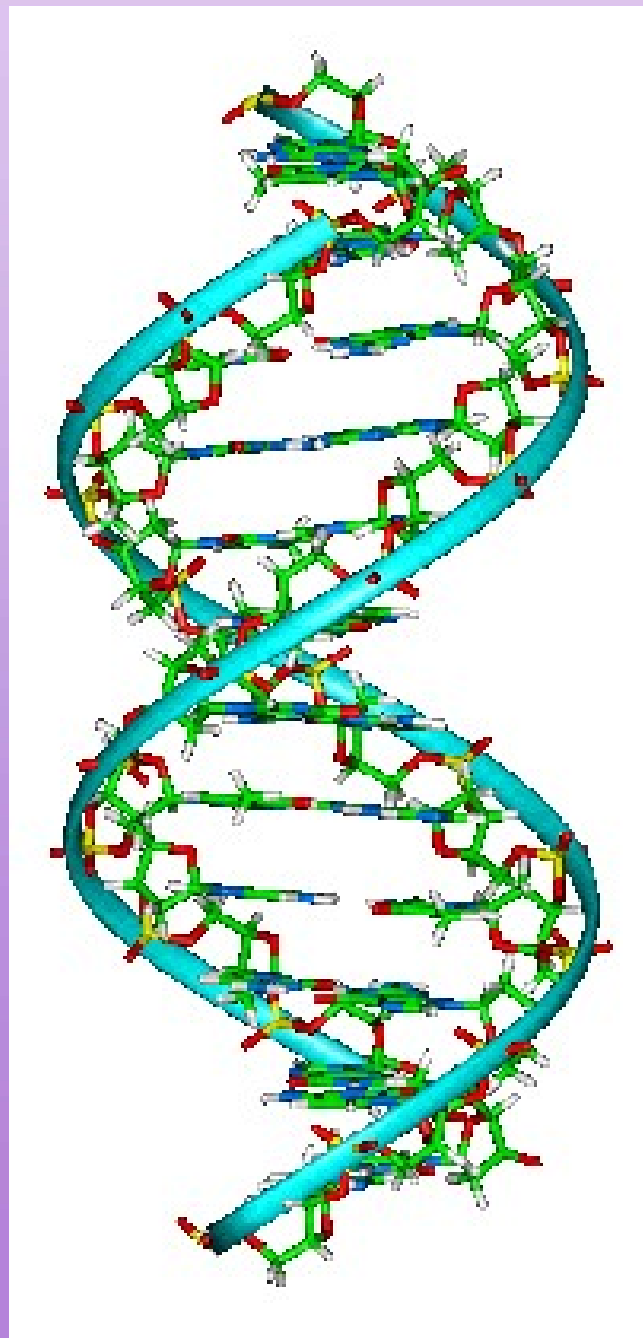
Caractéristiques

de

l'ADN B



Forme la plus
commune



Existence d'autres formes :

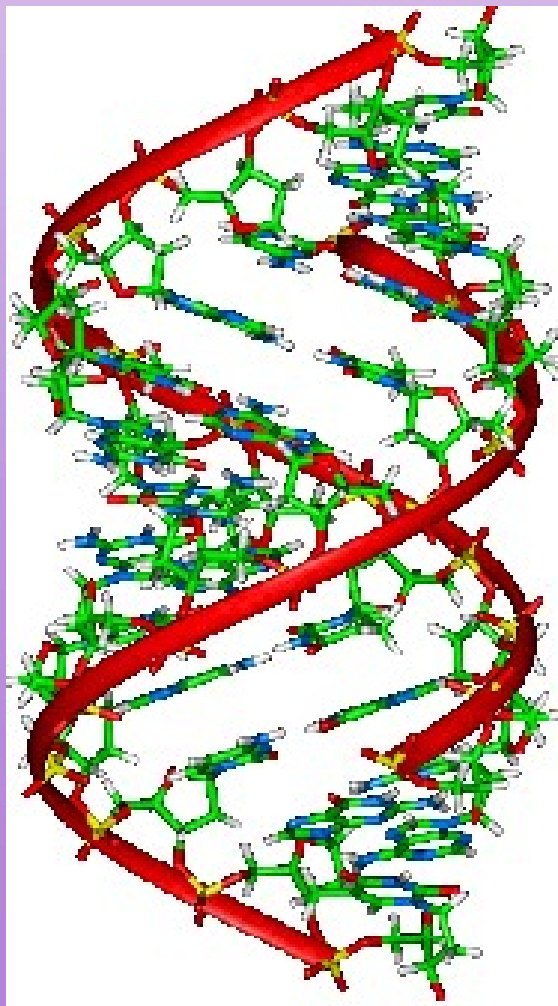
**ADN A : modification de l'angle de rotation
de l'hélice**

présence naturelle dans la cellule

en transition avec la forme B

Mais proportion moindre

ADN A :



ADN Z : rotation de l'hélice inversée

trajet en zig-zag du squelette

pentoses-phosphates

→ Forme Z

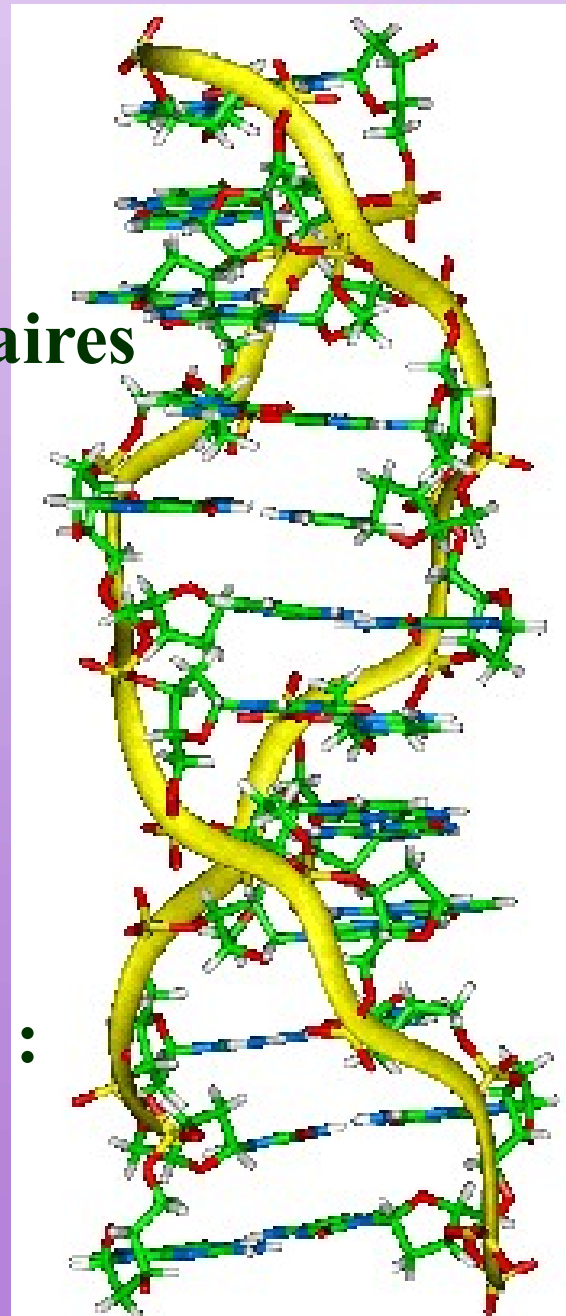
Hélice étroite

**Relâchement des
tensions intramoléculaires**

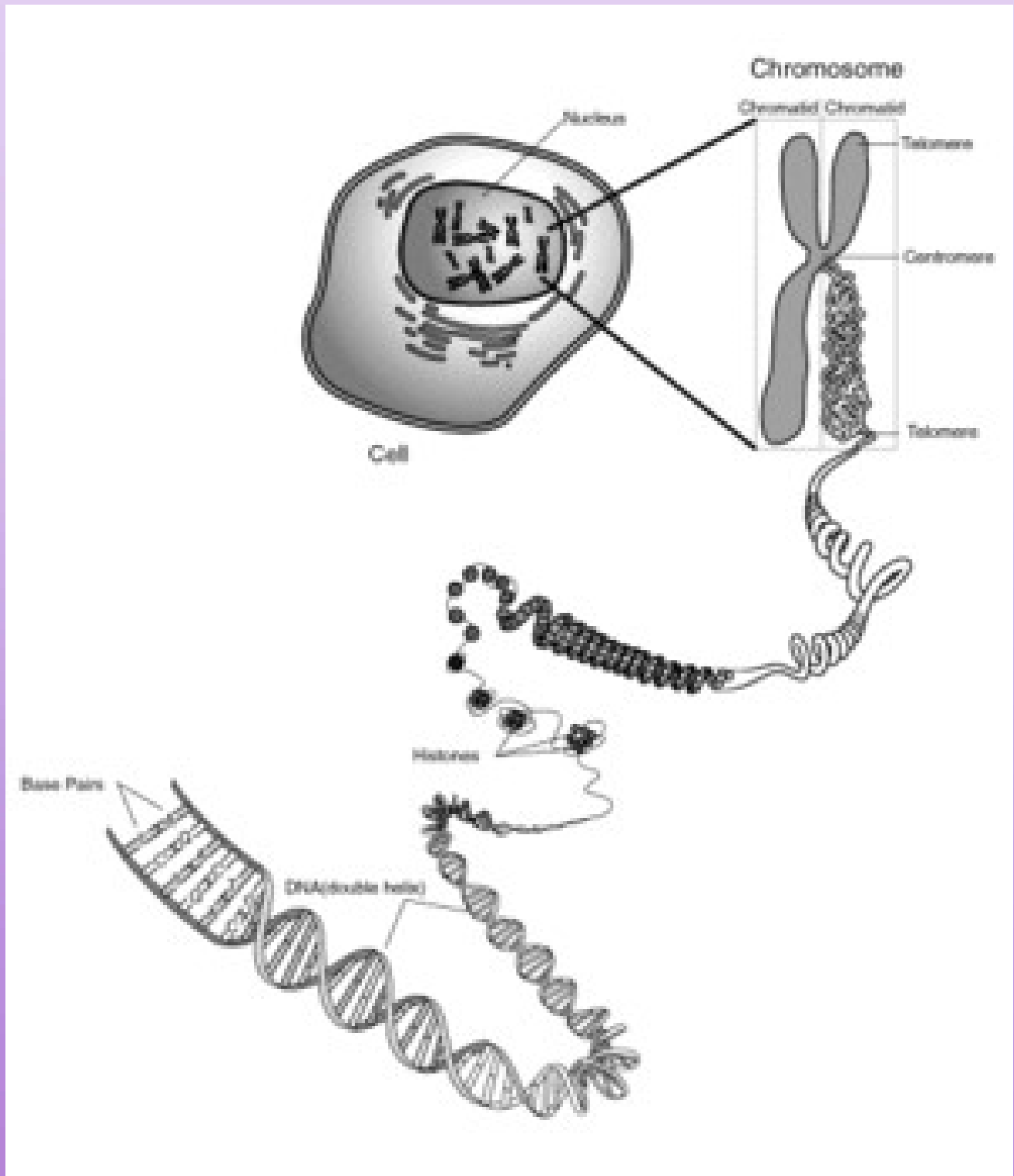


**Zone à forte activité
de transcription**

ADN Z :



III – Degrés d'enroulement de l'ADN



III – Degrés d'enroulement de l'ADN

A) Enroulement primaire de la chromatine

organisation compacte

→ séquences structurellement

inaccessibles



Fonctionnement difficile



1er niveau d'enroulement de l'ADN

= nucléosome

Unicité de structure chez tous les eucaryotes

Nucléosome : 2 types de constituants

- ADN : double brin

- protéines spécifiques : les histones

**↓
protéines basiques**

→ 5 classes d'histones groupées selon leur composition en acides aminés



*** 4 protéines en 2 exemplaires chacune**

H2A + H2B + H3 + H4

= octamère d'histones

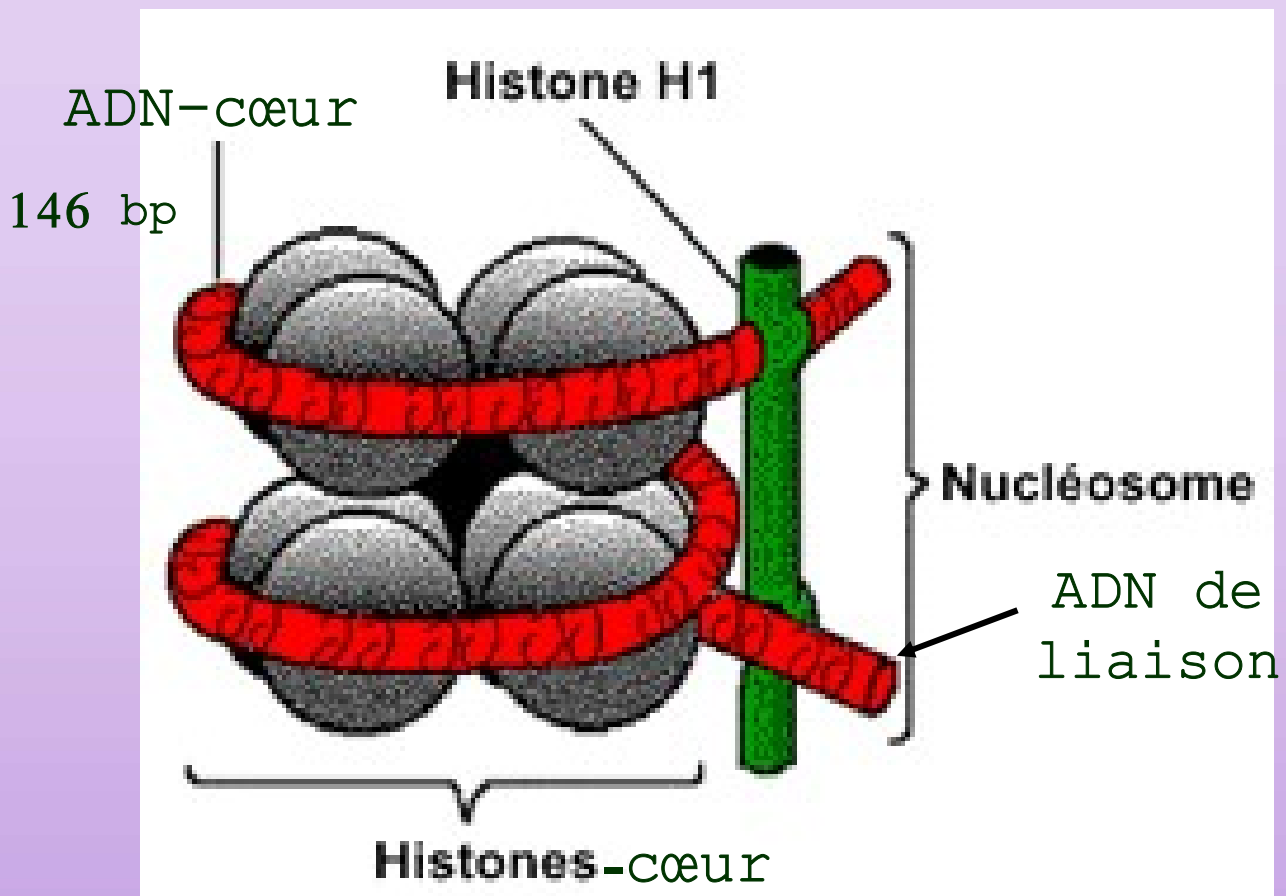
= histone-cœur

*** Autour : enroulement de 146 bp**

= ADN-cœur

toujours en contact avec les histones

• L'ensemble fixé par H1 en position

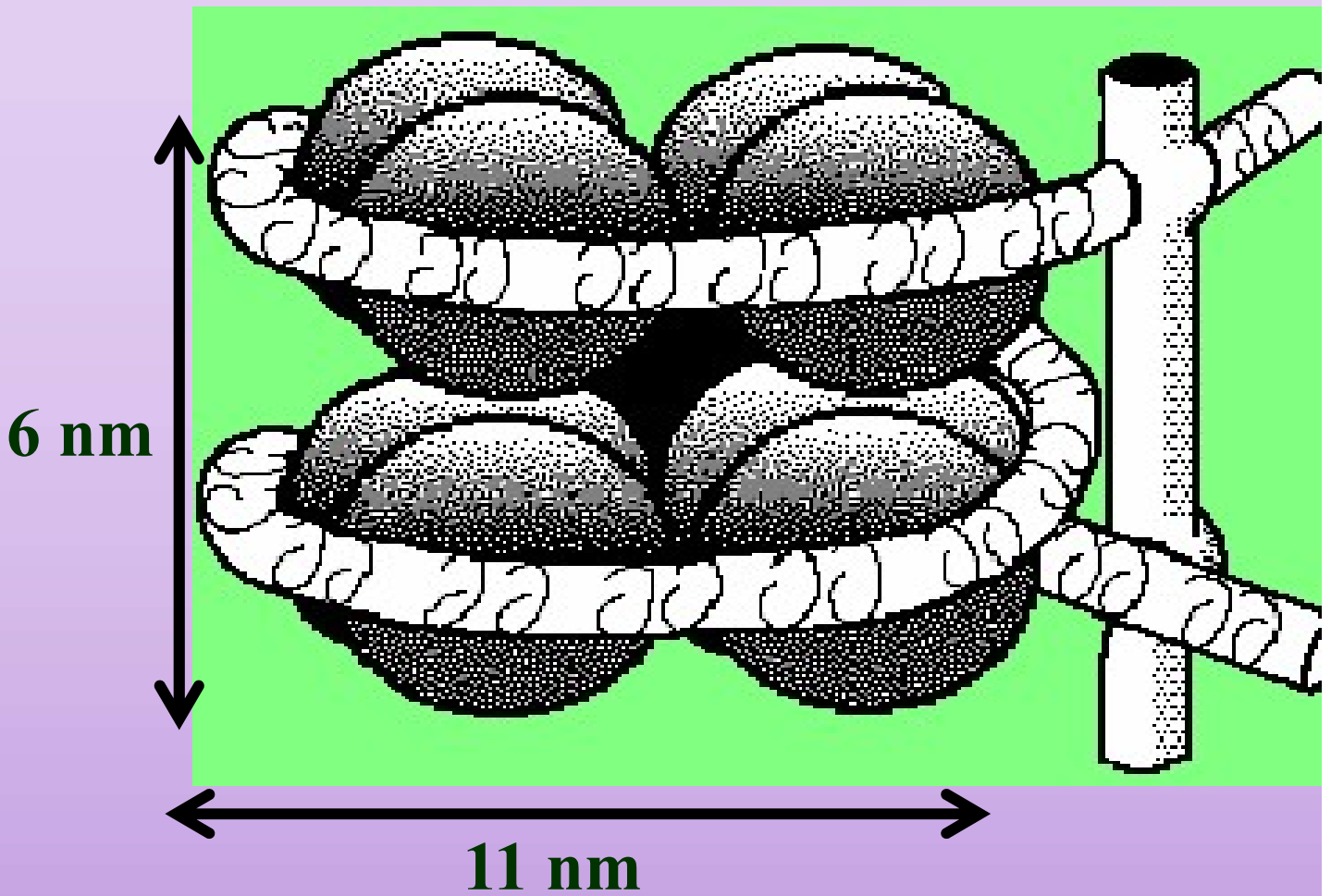


= Octamère d'histones

**Entre 2 Histones-cœurs : ADN de liaison
ou ADN linker**

Longueur variable = de 8 à 114 pb

Moyenne: total ADN nucléosomal= 200 pb



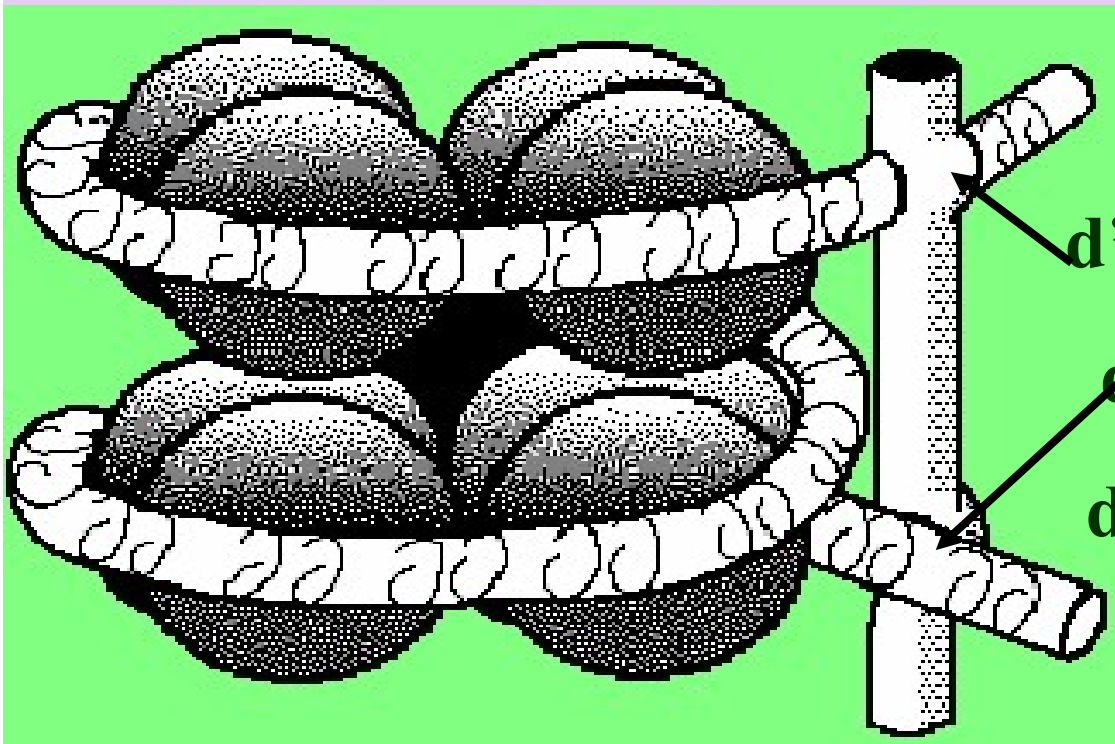
Cylindre plat

ADN externe à cheminement régulier

symétrique

enroulement hélicoïdale

2 tours de spires



Points
d'entrée et
de sortie
de l'ADN
sur le

Nucléosome



proches

Conséquences fonctionnelles
proximité physique de
nucléotides génétiquement éloignés



Reconnaissance par une même molécule
pour des séquences distantes de
200 nucléotides

Nucléosomes en phase dans les cellules d'un organisme:

séquence : toujours la même position par rapport à la topologie du nucléosome



Organisation des nucléosomes:

existence de séquences particulières



Utilisées préférentiellement pour structurer le 1er nucléosome

Assemblage séquentiel à périodicité définie



génétiqnement contrôlé

Point de départ de formation :

liaison

protéines non histones - ADN

sites spécifiques de l'ADN



Protéines associées aux nucléosomes

intervention lors de l'assemblage

mais

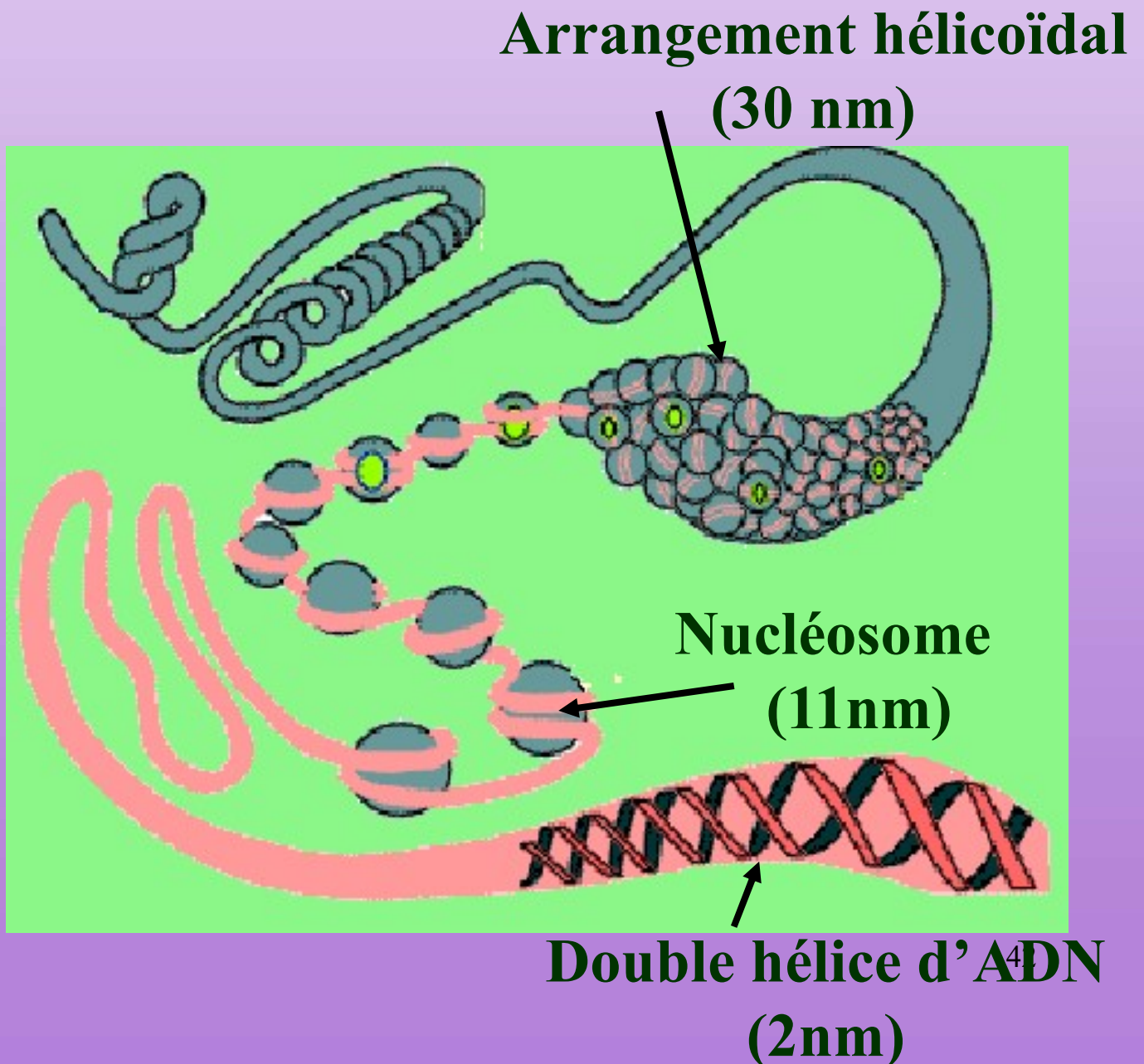
pas dans la composition

B) Enroulement des nucléosomes

Torsion

arrangement hélicoïdal

→ fibres de 30 nm



Fibre 30 nm :

1 tour = 6 nucléosomes

Visible en interphase et mitose

**Présence de H1 indispensable pour le
maintient**

Passage

fibre de 11 nm (nucléosomes)



fibre 30 nm

→ réversible

→ expérimentalement (*in vitro*)

lié à la force ionique du milieu

C – l'enroulement des chromatides

= surenroulement

nécessaire *in vivo* pour maintenir
l'ADN dans un noyau

→ modifications potentielles de la
structure

In vitro : molécule linéaire

Mais *in vivo*

→ structure fermée

pas d'extrémités libres

Mêmes conséquences chez procaryotes

↪ molécule circulaire

et chez les eucaryotes

↪ larges boucles reliées

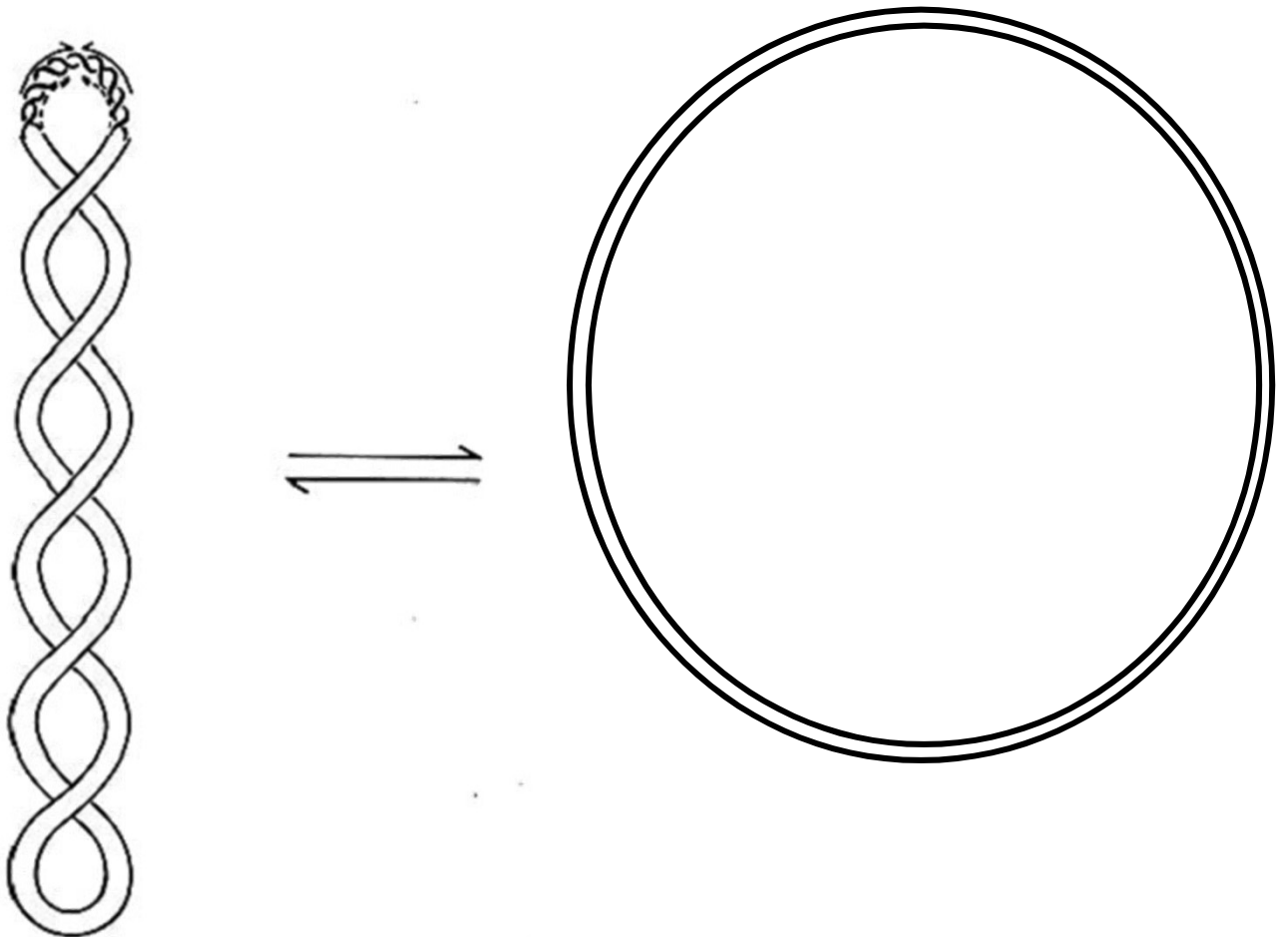
→ forme de cercle




Contraintes structurelles à la double hélice

Torsion de la double hélice autour de son axe

Super enroulement \rightarrow ADN surenroulé



ADN surenroulé :

 ne se forme que sur des structures
en boucle

jamais sur molécules linéaires

Rupture d'un brin

 pas de surenroulement

Enroulement dans le sens

de la double hélice

(Sens des aiguilles d'une montre)

 surenroulement

Super-tours négatifs (sens inverse)

 sous enroulement


Relâchement de la pression de torsion

 parfois séparation partielle des
nucléotides complémentaires

Mise en place de surenroulement



Nécessité de l'énergie

**Intervention de l'ADN dans la régulation
énergétique de la cellule**

molécule surenroulée



réserve énergétique de la cellule

***In vivo* : surenroulement contrôlé par un
équilibre enzymatique:**

**activités enzymatiques introduisant
des super-tours / enzymes éliminant les
super-tours**

Si rupture de cet équilibre



affecte la croissance bactérienne

Degré moyen de surenroulement varie

→ le long du génome

→ dans le temps

D – structure secondaire des acides nucléiques

**Structures associées à des sections
monocaténaires**

Pour ARN

presque toujours monocaténaires

Pour ADN



zones de séparation des 2 brins

Structure primaire : doublet

séquence + séquence complémentaire

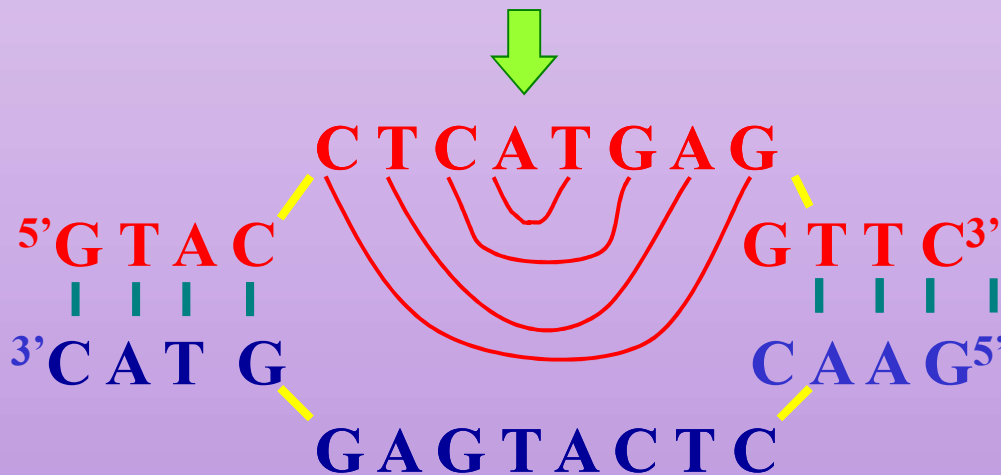


Replis

Séquence linéaire



Séparation des 2 brins:



Séquences répétées inversées

palindrome

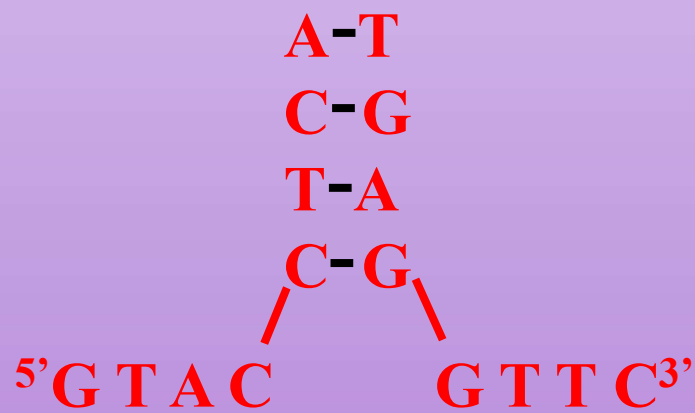
→ Séquences symétriques

Séquence simple brin



Replis

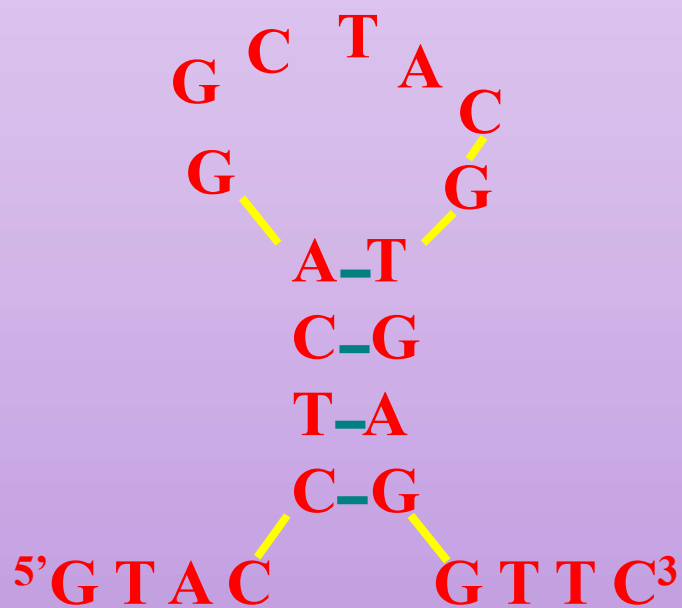
structure en épingle à cheveux



Parfois bases non appariées

sur la séquence simple brin

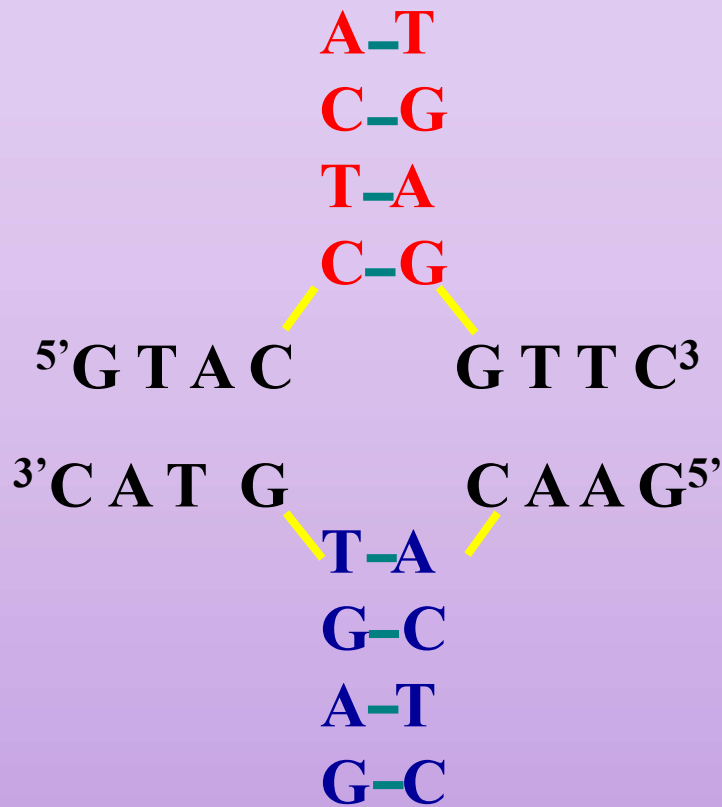
Boucle simple brin



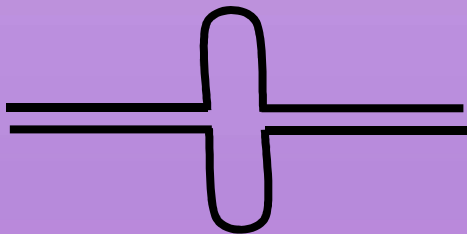
Boucle +/- longue

Épingle à cheveux sur un brin

épingle à cheveux sur l'autre brin



= structure cruciforme



Connue *in vitro*

mais

jamais observée *in vivo*
pour l'ADN

séquences palindromiques sur ADN

Reconnaissance par des protéines

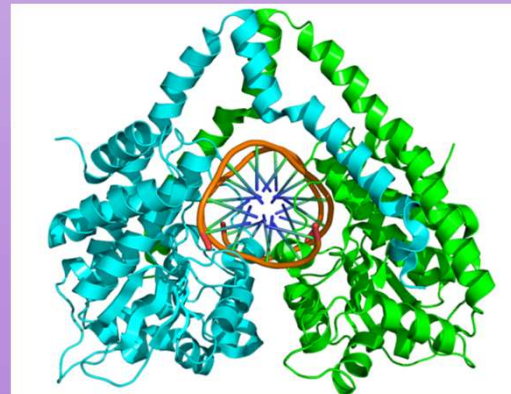
Enzymes de restriction ou endonucléase



identification et coupure des brins d'ADN

Ex : site de restriction de l'enzyme

Hind III:



Hydrolyse des liaisons

internucléotidiques

ECO R I :



BamH 1 :



Pst 1 :



Hae III:

