



# BIOLOGIE MOLECULAIRE

## Cours 1

### I. INTRODUCTION

#### A. Différence entre procaryotes et eucaryotes

**Cellule** = Unité de base des êtres vivants comprenant *au minimum* une **membrane lipidique**, un **noyau** (contenant l'ADN sous forme de chromosomes), un **cytosol** (lieu des réactions chimiques, phase liquide entre la membrane et le noyau), et des **organites** (structures en suspension dans le cytosol)

PROCARYOTES	EUCARYOTES
<b>Unicellulaire</b> ( $\approx 1-10 \mu\text{m}$ ) <i>Ex: Bactéries</i>	<b>Uni ou Multicellulaire</b> ( $\approx 10-100 \mu\text{m}$ ) <i>Ex: Levure, Homme</i>
Noyau rudimentaire sans délimitation, non séparé du cytosol ( <b>nucléotide</b> )	Noyau délimité par une membrane, séparé du cytosol
<b>Unique</b> chromosome <b>circulaire</b>	<b>Plusieurs</b> chromosomes <b>linéaires</b>
Membrane doublée par une paroi plus ou moins épaisse Pas de sous-compartiments délimités par une membrane	Présence d'autres sous-compartiments délimités par des membranes (réticulum, Golgi, lysosomes, peroxyosomes, mitochondries...)
Peu d'organites (ribosomes)	Beaucoup d'organites diversifiés

#### B. Cellules eucaryotes humaines

Les cellules **eucaryotes humaines** sont de 2 types :

SOMATIQUES	GERMINALES (on parle de <b>gamètes</b> )
23 paires de chromosomes « identiques » deux à deux <b>2n = 46 K</b> (avec n = 23 chez l'Homme) → <b>DIPLOÏDIE</b>	1 seul chromosome de chaque paire <b>n = 23 K</b> → <b>HAPLOÏDIE</b> Formées à partir de cellules diploïdes grâce à la <b>MEIOSE</b>
22 paires d'autosomes 1 paire de gonosomes	22 autosomes 1 gonosome
Femme = <b>XX</b> Homme = <b>XY</b>	Ovocyte = <b>X</b> Spermatozoïde = <b>X</b> ou <b>Y</b>

Le génome **eucaryote** a une **double origine** :

**Nucléaire** → **Hérédité nucléaire** transmise par les **deux parents**

ADN dans le noyau sous forme de **chromosomes linéaires**

**Mitochondriale** → **Hérédité « maternelle / mitochondriale »**

ADN mitochondrial (ADNmt) (plusieurs exemplaires dans la mitochondrie) sous forme d'un **chromosome circulaire unique** ( $\approx$  bactéries)

!/ Les mitochondries sont transmises **uniquement** par la lignée maternelle.

### II. LES ACIDES NUCLEIQUES

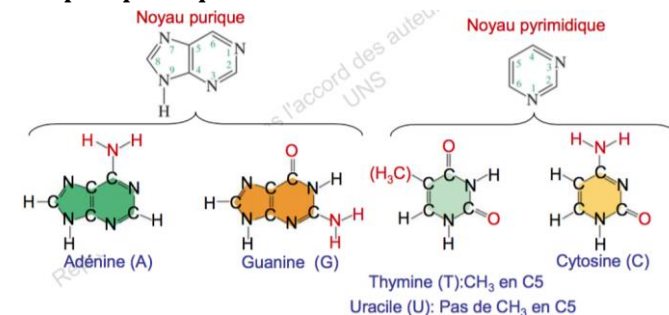
#### A. Structure primaire

Une cellule contient 2 types d'**acides nucléiques** (= polymères de nucléotides) :

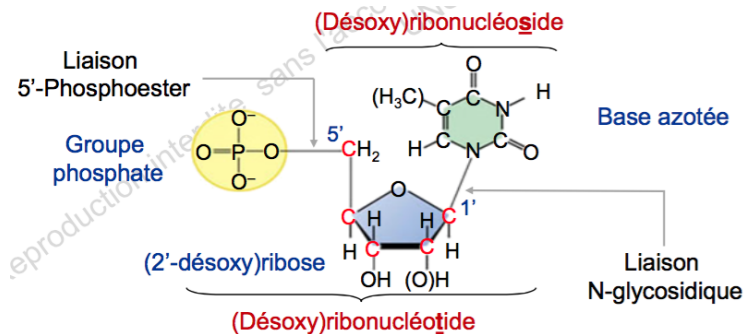
- **ADN (Acide Désoxyribonucléique)** : **Matériel génétique** (= **génome**), forme de **stockage** et de **transmission** de l'information génétique  
→ **Polymères de désoxyribonucléotides** (dNTs) : **A / T / G / C**
- **ARN (Acide Ribonucléique)** : Participe (in)directement à l'**expression** de l'information génétique, formé d'un **SEUL brin**  
→ **Polymère de ribonucléotides** (rNTs) : **A / U / G / C**

Chaque nucléotide (= monomère) est constitué de 3 éléments :

- Une **base azotée** variable d'un nucléotide à un autre :  
Les **purines** (**A + G**) et les **pyrimidines** (**C + T** ou **U**)
- Un **pentose** :
  - Le **ribose** pour l'**ARN**, en conformation **C3'-endo**
  - Le **2'-désoxyribose** pour l'**ADN**, en conformation **C2'-endo**
- Un **acide phosphorique**



- ❖ **NUCLEOSIDE** : Base azotée + Pentose → Liaison N-glycosidique
- ❖ **NUCLEOTIDE** : Nucléoside + Phosphate → Liaison 5'-phosphoester

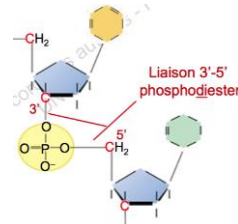


La nomenclature des nucléosides et des nucléotides dérive du nom des leurs bases :

Bases azotée	Nucléoside (N)	Nucléotide mono-, di-, triphosphate (d)NMP, (d)NDP ou (d)NTP
<b>Purines</b>		
Adénine	(d)Adénosine (A)	Acide 5'-(désoxy)adénylique
Guanine	(d)Guanosine (G)	Acide 5'-(désoxy)guanylique
<b>Pyrimidines</b>		
Cytosine	(d)Cytidine (C)	Acide 5'-(désoxy)cytidylique
Thymine	(d)Thymidine (T)	Acide 5'-(désoxy)thymidylique
Uracile	Uridine (U)	Acide 5'-uridylique

Un brin d'acide nucléique (ADN ou ARN) est constitué par un **squelette sucre-phosphate** avec les bases reliées aux pentoses. Les nucléotides sont reliés entre eux par des **liaisons 3'-5' phosphodiester**.

L'enchaînement de nucléotides forme un **message**, qui se lit dans le sens **5' → 3'**



## B. Structure secondaire de l'ADN

### 1. Travaux préliminaires

La composition en bases de l'ADN est **constante** dans toutes les espèces :

- ✓ Autant d'Adénine que de Thymine ( $A = T$  et  $A / T = 1$ )
- ✓ Autant de Guanine que de Cytosine ( $G = C$  et  $G / C = 1$ )
- ✓ Le **rapport**  $(A + T) / (G + C)$  est **spécifique** d'une espèce donnée

L'étude de diffraction des rayons X par l'ADN montre que :

- ☛ L'ADN a la structure d'une **hélice de diamètre 2 nm**
- ☛ Chaque **tour d'hélice** est constitué de **10 bases**
- ☛ Le **squelette sucre-phosphate** est à l'**extérieur** et les **bases** à l'**intérieur**

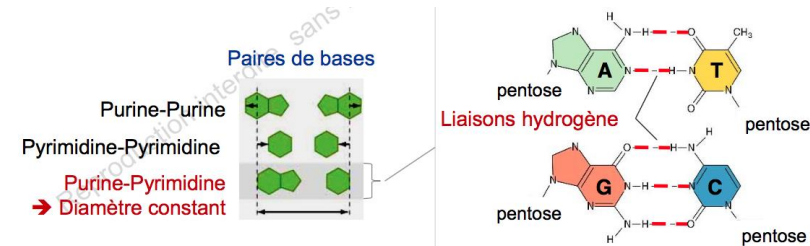
/!\ Cette étude n'a pas permis de déterminer le nombre de brins d'ADN formant l'hélice

### 2. Le modèle de la double hélice de Watson et Crick

La molécule d'ADN présente une structure d'**hélice à deux brins**. Les bases azotées de chaque brin forment des **paires de bases**, associées grâce à des **liaisons hydrogène**, selon le **principe de complémentarité des bases**.

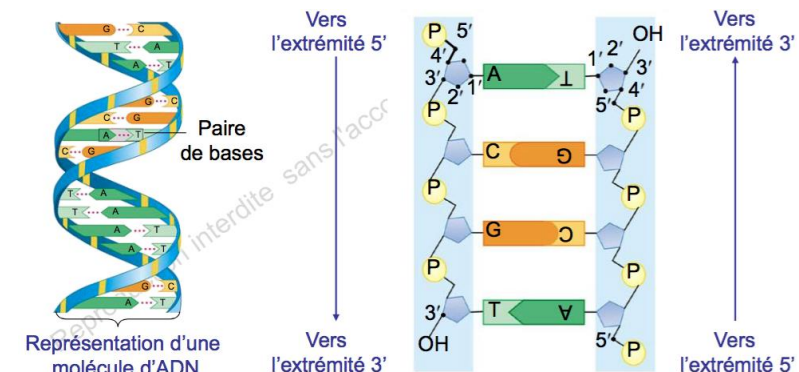
Le **diamètre** de l'hélice (qui est **constant**) et les **ratios A / T** et **G / C** devant rester **constants**, ce principe stipule :

- Qu'une **purine** (A ou G) **doit** s'associer à une **pyrimidine** (T ou C)
- Que l'**Adénine** (A) s'apparie à la **Thymine** (T)
- Que la **Guanine** (G) s'apparie à la **Cytosine** (C)



→ Chaque brin possède une **extrémité 5' (-P)** et une **extrémité 3' (-OH)**. Les 2 brins sont orientés en **sens inverse** (= **ANTIPARALLELES**).

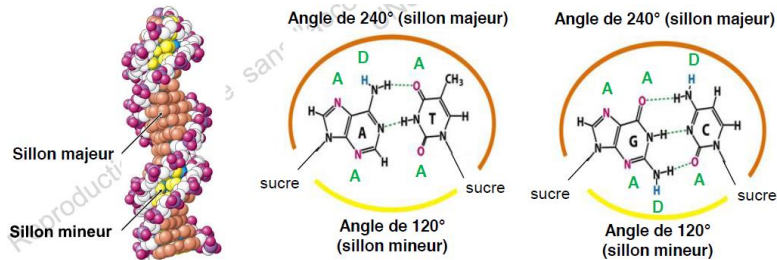
→ La séquence de chaque brin est **lue en sens inverse**, dans le **sens 5' → 3'**.



L'hélice possède **2 sillons** de taille différente car les angles entre les liaisons glycosidiques ne sont pas les mêmes, et ce, *quelle que soit la paire de base*.  
Peuvent s'y trouver des bases donneuses ou accepteuses de liaisons hydrogènes

Ces sillons permettent des **interactions entre ADN et protéines** :

- **Sillon majeur** : Interactions spécifiques grâce à un code chimique reconnu sans ambiguïté, utilisées dans la régulation → TATA Box / Ft TFIID
- **Sillon mineur** : Liaison des protéines histones



## C. Structure tertiaire de l'ADN eucaryote

### 1. Compaction de l'ADN

L'ADN eucaryote est **compacté**. Les **protéines histones** se lient aux sillons mineurs de l'ADN et favorisent son **enroulement** et sa **compaction** autour de cœurs

Le **nucléosome** est formé de **8 molécules d'histones** : H2A, H2B, H3, H4 (x 2)  
Ces protéines sont riches en arginine et en lysine chargées positivement.

Elles ont un domaine **central commun** et une **queue N-terminale**

L'ADN s'enroule autour d'un nucléosome sur 2 tours (145 pb).

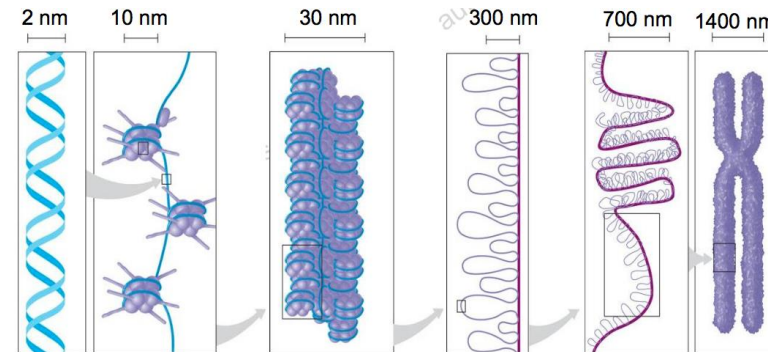
L'ensemble forme la **fibre de chromatine** de **10 nm de diamètre**, l'association d'un nucléosome et d'ADN. C'est le **premier niveau de compaction**

La fibre de chromatine **s'enroule à son tour** en une hélice, chaque tour est constitué de **6 nucléosomes**. L'hélice forme une fibre de **30 nm de diamètre**, le **solénoïde**

La **fibre de 30 nm** forme des **boucles amarrées** sur une charpente protéique  
L'ensemble a un **diamètre de 300 nm**.

Les boucles et la charpente s'empilent pour former un chromatide de **700 nm de diamètre**.

Un **chromosome à 2 chromatides** a un **diamètre de 1400 nm**.

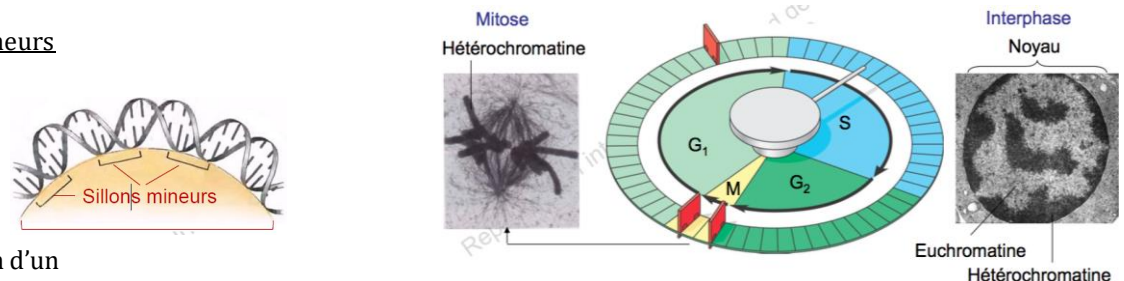


### 2. Variabilité de la compaction de l'ADN

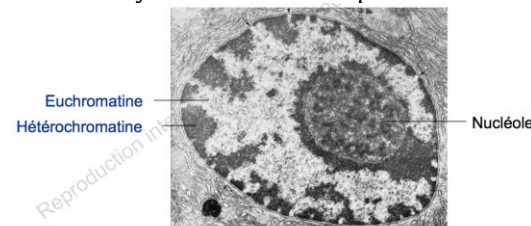
La compaction de l'ADN eucaryote est **variable** et **conditionne ses fonctions** :

→ **VARIABLE DANS LE TEMPS**

- Pendant l'**interphase** (G<sub>1</sub>, S, G<sub>2</sub>), l'ADN est sous une forme peu compactée. Il est **accessible** sous cette forme appelée **euchromatine**.
- Pendant la **mitose** (M), il est totalement **compacté** sous la forme de **chromosomes**. Il n'est **pas accessible** sous cette forme appelée **hétérochromatine**



→ **VARIABLE DANS L'ESPACE** : en fonction de sa **localisation dans le noyau**  
L'**hétérochromatine** est à la **périphérie** du noyau, l'**euchromatine** est plutôt au **centre** du noyau. *Il existe un compartiment central dédié à l'expression génique.*

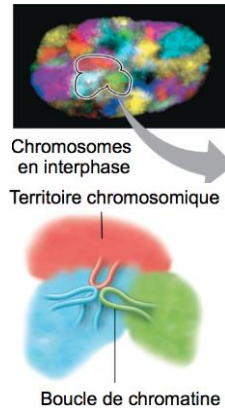




De plus, chaque chromosome occupe un **territoire défini dans le noyau**.

→ Les territoires sont séparés par des **domaines interchromosomiques** qui contiennent les enzymes impliquées dans l'expression des gènes.

→ Les boucles d'**euchromatine décompactées** et riches en gènes sont à **proximité** de ces domaines. Cette **organisation spatiale du génome** facilite l'**expression coordonnée des gènes**.



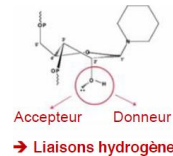
## D. Structure et fonctions des différents ARNs

**Rappel:** Une molécule d'ARN n'est formée que d'un seul brin.

La structure primaire de l'ARN est semblable à celle de l'ADN

Mais le **groupe -OH** du ribose lui confère des **propriétés propres** : il lui permet d'être **donneur ou accepteur de liaisons hydrogènes**, impliquées dans la formation de la structure tertiaire de l'ARN

Grâce à cela, le squelette sucre-phosphate de l'ARN est dit « **collant** »

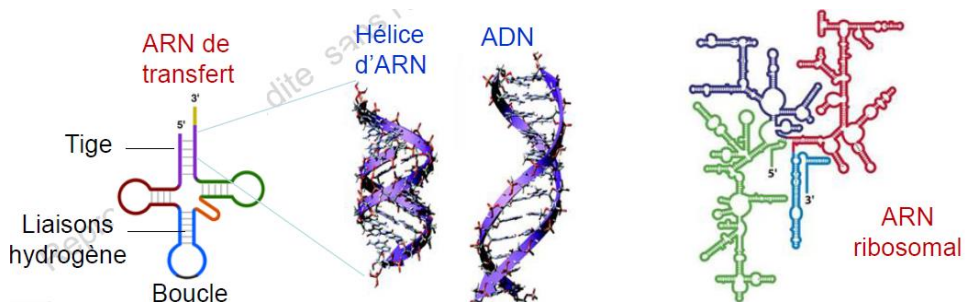


La structure secondaire des ARN est variée

La molécule d'ARN, **simple brin**, peut **se replier** par **appariement des bases complémentaires** :

L'ARNm, l'ARNt peuvent contenir des régions **en épingles à cheveux**, avec des régions **appariées** (les **tiges**) et **non appariées** (les **boucles**)

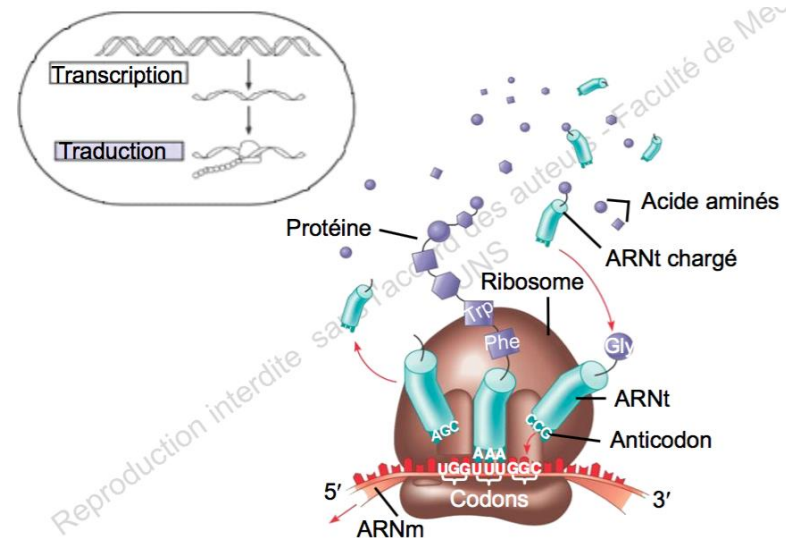
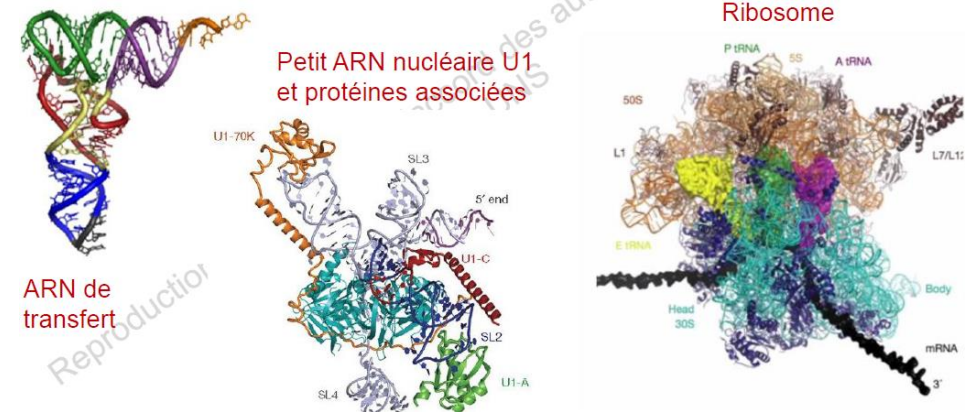
Les **tiges** peuvent former localement une **hélice** (« **duplex d'ARN** »), dont les **caractéristiques** **diffèrent** de celles de la double hélice d'ADN



La structure tertiaire de l'ARN **varie selon le type d'ARN**

Ces structures **conditionnent la fonction des différents types d'ARN**

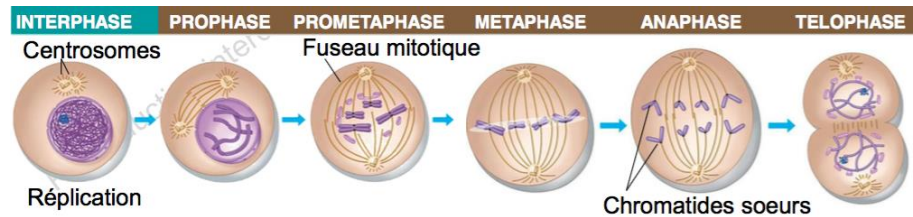
Elles dépendent d'**interactions multiples**, impliquant des **ions**, des **boucles adjacentes**, le **ribosome**, des **protéines**, etc.



### III. LA REPLICATION DE L'ADN

Le cycle cellulaire comprend 2 principales phases :

- ❖ **Interphase (G1, S et G2) : Prépare** la mitose
- ❖ **Mitose : Répartit** les chromosomes entre 2 cellules filles
  - Disparition du noyau et **condensation** des chromosomes
  - **Alignement** des chromosomes à **2 chromatides** à l'équateur
  - **Migration** de chaque chromatide à un pôle opposé de la cellule
  - **Division** de la cellule mère en 2 cellules filles génétiquement identiques

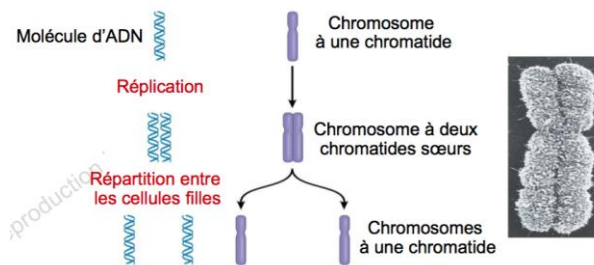


#### A. Rôle de la réplication

La réplication permet de **dupliquer le génome** d'une cellule avant la division :

- **Avant** : La cellule possède **2n chromosomes à une chromatide**
- **Après** : Elle possède **2n chromosomes à 2 chromatides soeurs**

Chaque cellule fille va hériter d'une **copie du génome de la cellule mère**.

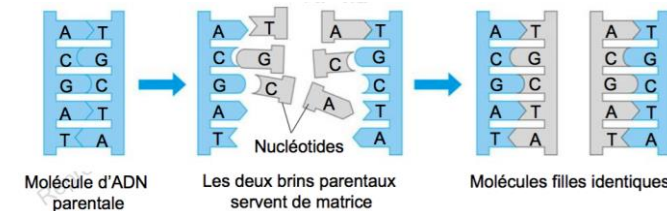


#### B. Propriétés de la réplication

Elle repose sur le **principe de complémentarité des bases** → Modèle de la réplication (Watson et Crick, 1953)

« La complémentarité des bases suggère un mécanisme de copie du génome »

→ La double hélice d'ADN est **ouverte** et chacun de ses **brins parents** sert de **modèle** pour la synthèse d'un **nouveau brin fils**.



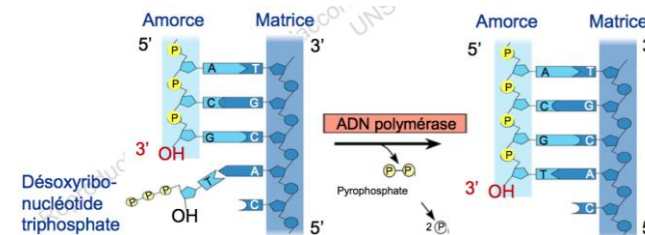
La réplication :

- ✓ Est **semi-conservative** : Chaque brin de l'ADN parental sert de **matrice** pour synthétiser un brin fils, d'où le fait que chaque **nouvelle molécule** comprend **un brin parental et un brin fils**.
- ✓ Repose sur le **principe de complémentarité des bases** : Les nucléotides **complémentaires du brin parent** sont reliés un à un.

#### C. Mécanismes de la réplication

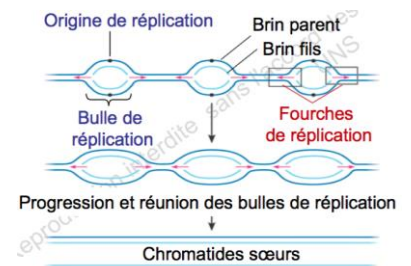
La réplication est assurée par l'**ADN polymérase  $\delta/\epsilon$**  qui :

- ❖ Ne peut relier les désoxyribonucléotides (dNTPs) qu'à une **extrémité 3' (-OH) déjà présente** → Synthèse des brins fils dans le **sens 5' → 3'**
- ❖ Nécessite un court fragment d'ADN (**amorce**) qui fournit cette extrémité, synthétisé par la **polymérase  $\alpha$**



L'**initiation** de la réplication se fait en de **nombreux points** (ou **origines**) sur un chromosome. La double hélice est ouverte et forme une **bulle de réplication**. Chaque bulle de réplication comprend **2 fourches de réplication**.

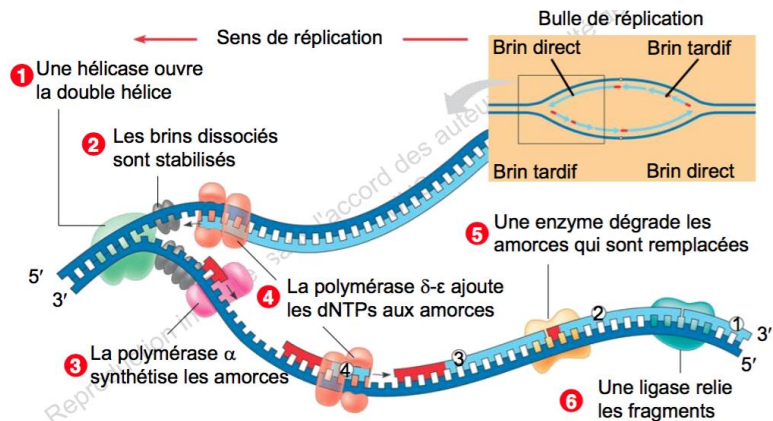
La réplication est **bidirectionnelle** à partir de chaque point d'initiation.



La synthèse des brins (= **polymérisation**) est **SIMULTANÉE** sur les 2 brins mais **ASYMÉTRIQUE**. Les brins parents sont **antiparallèles** et la réplication se fait **de l'extrémité 5' à l'extrémité 3'**.

Au niveau de chaque fourche, leur réplication se fait **en sens opposé** :

- ❖ **Brin direct** : Synthétisé **en continu** à partir d'une seule amorce
- ❖ **Brin tardif** : Synthétisé par fragments réunis par la suite (= **fragments d'Okazaki**)

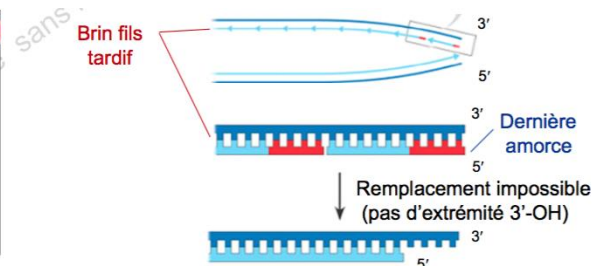
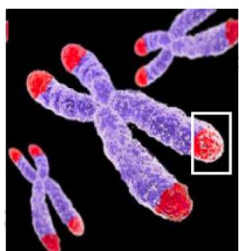


#### D. Réplication au niveau des télomères

La terminaison de la réplication, au niveau des extrémités des chromosomes, pose un problème.

→ A l'extrémité 5' du brin fils de chaque chromatide, la dégradation de l'amorce la plus distale laisse persister une brèche qui ne peut être comblée par la polymérase

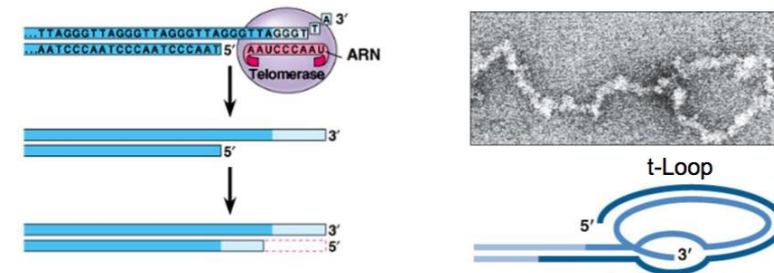
Sans une enzyme particulière, il y a alors **érosion des télomères à chaque division**, provoquant, au-delà d'un **seuil critique**, l'arrêt des divisions et la mort de la cellule



La réplication des télomères nécessite la **télomérase**. Cette enzyme est dotée d'un **ARN matrice complémentaire des répétitions télomériques**, ce qui lui permet de s'apparier au brin parent afin de l'allonger. → Elle synthétise de l'ADN à partir d'ARN (**activité reverse transcriptase**).

Une **amorce** peut s'apparier au brin allongé et la brèche sera comblée.

Le brin parent demeure plus long (**extrémité 3' sortante**) ce qui permet de former une structure en boucle (t-Loop) protégeant le chromosome.



!/ La **télomérase** est présente dans les **cellules souches ou cancéreuses**. La plupart des cellules en sont dépourvues, c'est ce qui provoque le **vieillesse cellulaire**.

#### E. Fidélité de la réplication

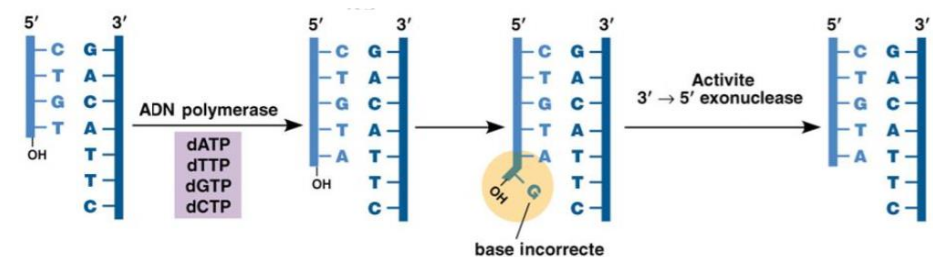
Il existe **3 mécanismes séquentiels** qui assurent la fidélité de la réplication :

→ **Sélection stricte des bases complémentaires de la matrice** :

Assurée par le site actif des **ADN polymérases δ/ε et α**

→ **Activité de correction d'épreuve (proofreading)** :

La **polymérase δ/ε** détecte et répare aussitôt les erreurs qu'elle fait. Elle peut exciser un nucléotide dans le sens 3' → 5' (**activité 3'-5' exonucléasique**).

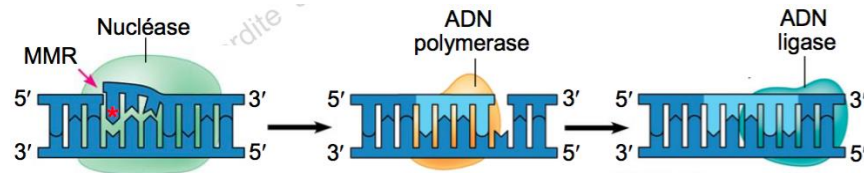


!/ La **polymérase α** en est dénuée et les amorces peuvent contenir des erreurs.



→ **Système MMR (Mutation Mismatch Repair) :**

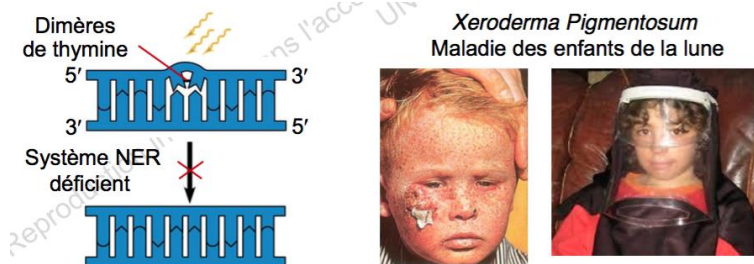
- ✓ **Détecte** et permet la **réparation d'erreurs échappant à la polymérase** (D'éventuels substitutions ou dérapages réplcatifs liés aux microsatellites)
- ✓ Est constitué des protéines **MutS, MutL et MutH** (*E. Coli*) ou d'homologues
- ✓ **Reconnaît** l'erreur sur le brin fils et fait intervenir une **exonucléase** pour **exciser** le fragment erroné qui sera ensuite re-synthétisé



La **fidélité** de la réplication n'est **pas toujours parfaite**.

Il y a **accumulation d'erreurs (mutations)** au fur et à mesure des divisions. Ces mutations peuvent avoir des **conséquences néfastes** et être **transmises**.

Des systèmes de réparation dédiés les détectent et les réparent, comme par exemple le **système NER (Nucleotide Excision Repair)** dont la **déficience** favorise **l'apparition de cancers cutanés** (extrême sensibilité aux U.V).



## IV. LA SYNTHÈSE DES PROTEINES

Un **gène** contient une **information** sous la forme d'une **suite de nucléotides** et **s'exprime** lorsque cette information est **utilisée**.

Certains **gènes** sont dits **CODANTS** :

- Leur information sert à la **synthèse des protéines**.
- Ils sont **transcrits** en pré-ARNm puis **modifiés** en ARNm messager mature (**maturation**).
- L'ARNm rejoint le cytosol et sa séquence est **traduite** en acides aminés.

D'autres **gènes** sont dits **NON CODANTS** :

- Leur information ne sert qu'à la **synthèse des autres ARNs** (*ARN ribosomaux, de transfert, petits ARN nucléaires ou nucléolaires...*).
- Ils sont **uniquement transcrits** dans le noyau (**pas de traduction**).

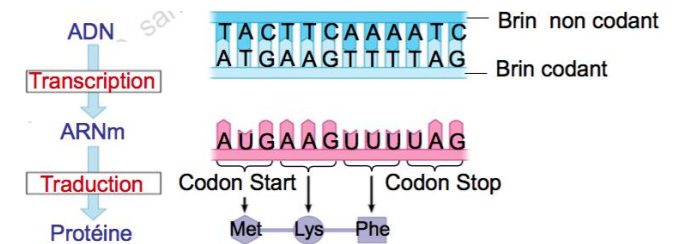
Si certains de ces ARNs restent dans le noyau et d'autres rejoignent le cytosol (*ARNr, ARNt*), **tous participent à l'expression des gènes codants**.

L'expression d'un gène codant **début**e par sa **transcription en ARNm** dans le **noyau**. Un gène est composé :

- D'un **brin codant** : porte l'**information** qui sera transmise sur l'ARNm
- D'un **brin non codant** : brin **complémentaire** servant de **matrice** pour la transcription selon le **principe de complémentarité**

L'expression d'un gène codant **s'achève** par la **traduction de l'ARNm** dans le **cytoplasme**

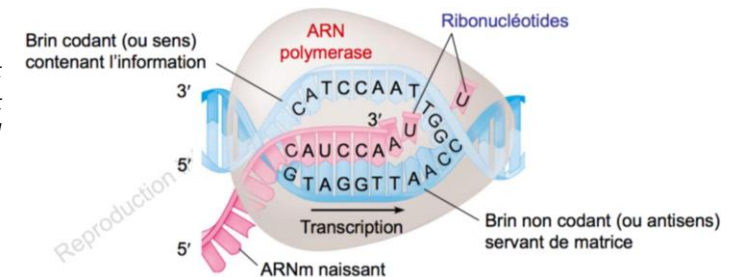
La suite de codons de l'ARNm est convertie en une suite d'acides aminés.



Chez les **eucaryotes**, c'est l'**ARN polymérase II** qui **transcrit** les gènes codants. Des **facteurs de transcription (FT) généraux** permettent sa liaison à l'ADN et l'ouverture de la double hélice (bulle de transcription).

Elle relie entre eux les rNTPs **complémentaires du brin non codant**.

**/!\** La **synthèse** se fait dans le **sens 5' → 3'** et **s'arrête** au **signal Poly-A**.



## A. Structure d'un gène codant eucaryote

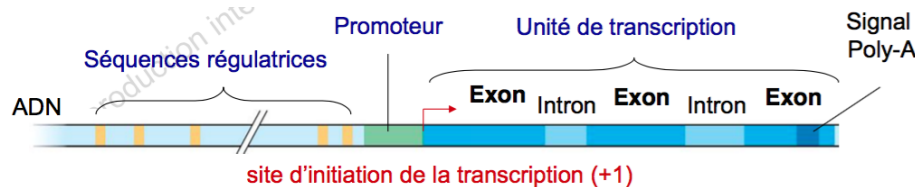
Un gène codant eucaryote comprend deux régions :

→ **Unité de transcription** : Région destinée à être transcrite

Succession de **séquences codantes (exons)** et **non codantes (introns)** transcrite du signal d'initiation (nucléotide +1) au signal de terminaison (signal Poly-A)

→ Régions situées **en amont** et **non transcrites** :

- **Promoteur** minimal (constant dans tous les gènes) : Il est situé près du site d'initiation de la transcription et est constitué de la **séquence TATAA (TATA Box)**. Il fixe le complexe assurant la transcription
- **Séquences proximales et distales** : Plus éloignées, assurent la **régulation** de la transcription



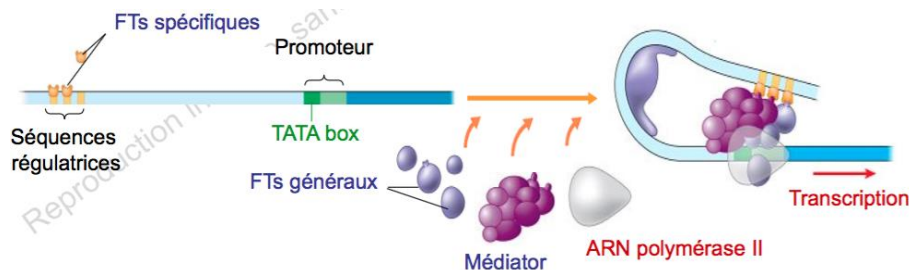
## B. Transcription d'un gène codant eucaryote

La **machinerie basale de transcription** comprend :

- ✓ **L'ARN polymérase II** : elle sera phosphorylée à son extrémité C-terminale
- ✓ **Les facteurs généraux de transcription** (TFII A, B, D, E, F et H) : Permettent à l'ARN polymérase II de se fixer au promoteur et l'activent

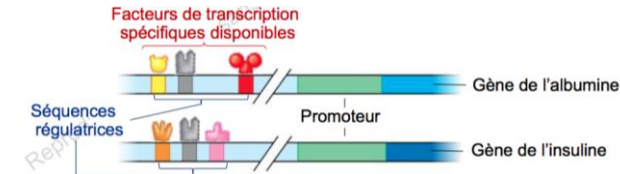
Autres protéines se fixant à l'ADN et **régulant la transcription** :

- **Des facteurs de transcription spécifiques**
- **Le complexe Médiateur**



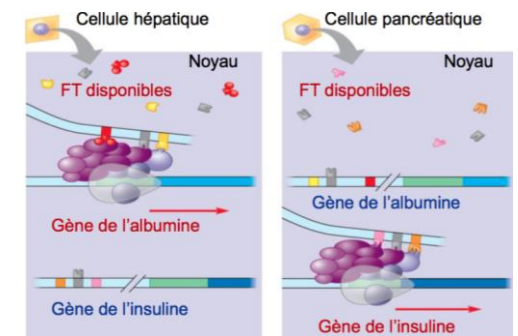
Les séquences régulatrices des gènes codant sont **variables** :

→ Chaque gène possède sa **combinaison de séquences régulatrices**. Une séquence donnée peut fixer un facteur de transcription spécifique. L'ensemble des séquences régulatrices d'un gène permet la fixation d'une **combinaison particulière de facteurs de transcription**.



→ Chaque gène est régulé par une **combinaison de facteurs de transcription spécifiques**

Un gène ne s'exprime qu'en leur présence, variable selon le type cellulaire.

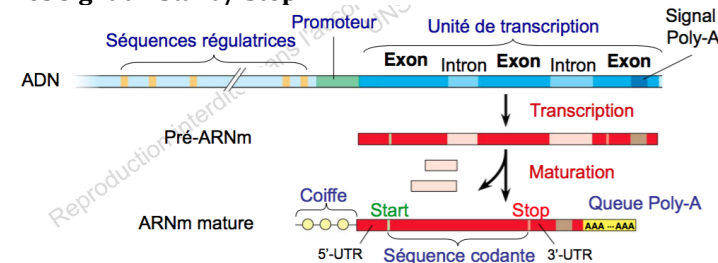


La transcription aboutit d'abord à un **transcrit primaire** ou **pré-ARN messenger**.

Des **modifications co-transcriptionnelles** assurent sa **maturation en ARNm** :

- ✚ Ajout de la **coiffe** à l'extrémité 5'
- ✚ Ajout de la **queue Poly-A** en 3'
- ✚ **Excision (élimination)** des introns
- ✚ **Epissage** des exons (*ligation*)

→ L'**ARNm mature** aura une **séquence codante ininterrompue** et encadrée par les signaux **Start / Stop**.

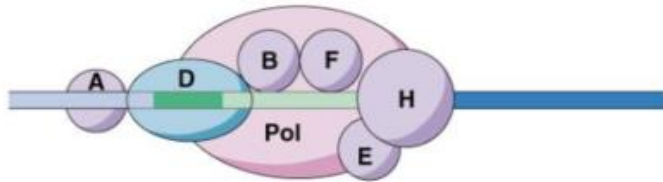




L'initiation de la transcription nécessite plusieurs étapes :

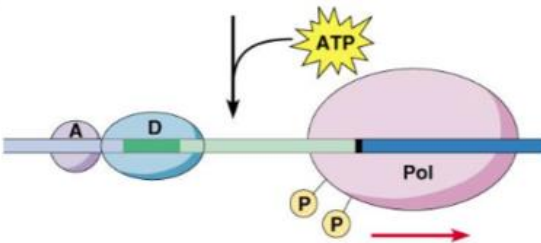
- ❖ Fixation du **complexe TFIID** (*facteur général de transcription*) sur le **promoteur** au niveau de la **TATA Box**
- ❖ Recrutement d'**autres complexes** (TFII A, B, E, F et H = *autres facteurs généraux de transcription*) sur le gène
- ❖ Recrutement et fixation de l'**ARN polymérase** sur le promoteur

→ L'ensemble forme la **machinerie basale de transcription** **encore inactive**



- ❖ **Phosphorylation** de l'extrémité C-terminale de l'ARN polymérase par le **complexe TFIIH**

→ **ACTIVATION** de l'ARN polymérase = **Début de la transcription**



La **maturation** de l'ARNm débute **simultanément** à la transcription (**couplage élongation / maturation**). D'autres phosphorylations de l'extrémité C-terminale recrutent successivement les enzymes de maturation du pré-ARNm.

### C. Modifications de l'ARNm

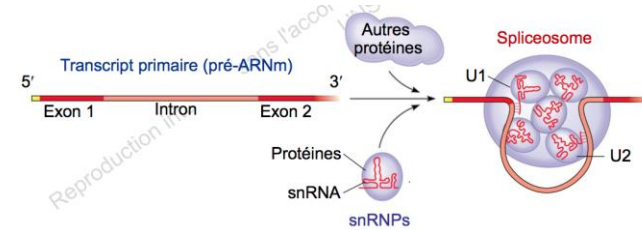
- Il existe des **modifications co-transcriptionnelles** du pré-ARNm :

→ **Pose de la coiffe** (modification de l'extrémité 5') : elle **protège** le transcrit de la **dégradation**, **augmente sa durée de vie**, et est nécessaire à sa **reconnaissance** par la machinerie traductionnelle

- Ajout d'une guanine à l'extrémité 5' (-P) du transcrit
- Méthylation de la guanine ajoutée et du ribose des 2 premiers nucléotides

→ **Épissage** : ou la **ligation** des exons. Il fait intervenir :

- Des **séquences introniques** appelées **consensus** (invariables, retrouvées dans tous les gènes) : Présence d'un **site donneur** (GU) au début, d'un **site accepteur** (AG) à la fin de l'intron et d'un **site de branchement** (A) peu avant la fin de l'intron
- **Un spliceosome** : un **complexe enzymatique** assurant l'épissage, formé par les **ribonucléoprotéines U1, U2, U4, U5 et U6** constitués de protéines et d'ARNs nucléaires qui repèrent et définissent les introns



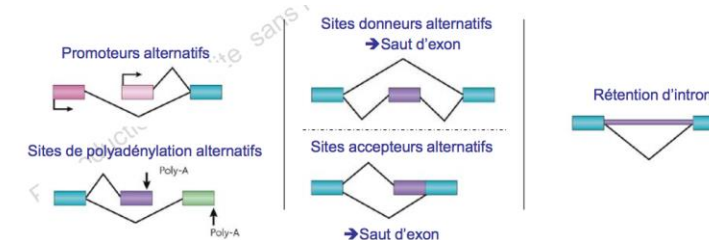
→ **Polyadénylation** :

La transcription s'interrompt à la séquence de polyadénylation AAUAAA. Des complexes coupent le pré-ARNm quelques nucléotides après ce signal, puis la **Poly(A) polymérase** vient ajouter une **queue polyA** d'environ 250 nucléotides. Cette polyadénylation **participe au ralentissement de la dégradation** du transcrit mature.

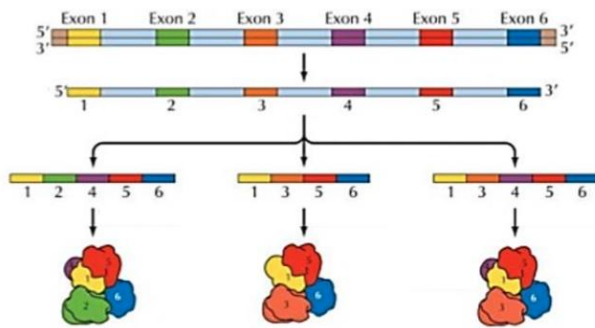
- Ainsi, plusieurs ARNm différents peuvent être issus d'**un seul gène** :

→ Le **transcrit primaire** (pré-ARNm) peut être variable : Utilisation de **sites alternatifs d'initiation ou de terminaison** de la transcription

→ Le **transcrit mature** (ARNm) peut être variable : Phénomène d'**épissage alternatif** aboutissant à différents ARN messagers



→ Ces différents ARNm peuvent être traduits en protéines différentes.



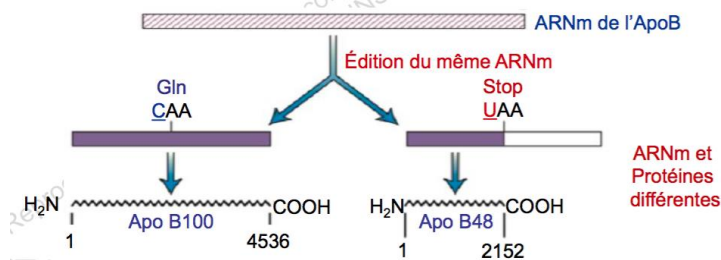
- Il existe des **modifications post-transcriptionnelles** de l'ARNm :

→ **Édition** : **Changement** encore possible de la séquence d'un ARNm mature

Exemple de l'ARNm de l'apolipoprotéine B (ApoB) :

Dans le foie, cet ARNm n'est pas modifié et il est traduit en ApoB100.

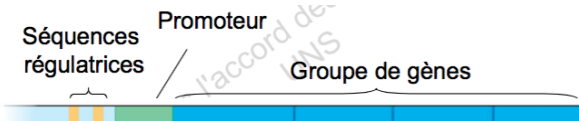
Dans l'intestin, une cytosine de l'ARNm est désaminée en uracile : il y a arrêt de la traduction (codon Stop) et production d'ApoB48, tronquée.



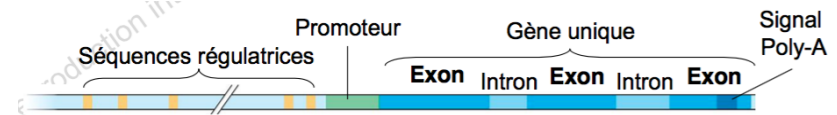
## D. Différence entre procaryotes et eucaryotes

→ La **structure** des gènes procaryotes et eucaryotes est **différente** :

- ✚ Les **gènes procaryotes** sont **compacts** (absence d'introns) et **regroupés**, régulés par les **mêmes séquences régulatrices**



- ✚ Les **gènes eucaryotes** sont **morcelés** (grâce aux introns) et **régulés individuellement**



→ L'**ADN procaryote** n'est pas associé à des protéines histones.

La transcription débute **sans décompaction** des nucléosomes.

Ses gènes codants et non codants sont transcrits par la **même ARN polymérase**.

Elle est assistée du **facteur  $\sigma$** , chargé de **reconnaître le promoteur**.

/!\ Il n'existe **pas** de facteurs généraux de transcription chez les procaryotes.

→ Une **séquence régulatrice unique** contrôle un ensemble de gènes procaryotes (**opéron**). L'opéron est transcrit en un **long ARNm ne nécessitant pas de maturation**. (Cf. modèle de l'opéron lactose)

→ La **transcription** et la **traduction** des gènes procaryotes est **simultanée**.

Il n'existe **pas de membrane séparant le noyau rudimentaire et le cytosol**.

