



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
UNI cellulaire (≈ 1-10 µm) <i>Ex : Bactéries</i>	UNI ou MULTI cellulaire (≈ 10-100 µm) <i>Ex : Levure, Homme</i>
Noyau rudimentaire sans délimitation, non séparé du cytosol (nucléotide)	Noyau délimité par une membrane, séparé du cytosol
Unique chromosome circulaire	Plusieurs chromosomes linéaires
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
23 paires de chromosomes « identiques » deux à deux 2n = 46 K (avec n = 23 chez l'Homme) → DIPLOÏDIE	1 seul chromosome de chaque paire n = 23 K → HAPLOÏDIE Formées à partir de cellules diploïdes grâce à la MEIOSE
22 <i>paires</i> d'autosomes + 1 <i>paire</i> de gonosomes	22 autosomes + 1 gonosome
Femme = XX Homme = XY	Ovocyte = X Spermatozoïde = X ou Y

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

- **NUCLEAIRE** : Responsable de l'**hérédité nucléaire** transmise par les **deux parents** → ADN dans le noyau sous forme de **chromosomes linéaires**
- **MITOCHONDRIALE** : Responsable de l'**hérédité dite maternelle ou mitochondriale** → ADN mitochondrial (ADNmt) sous forme d'un **chromosome circulaire unique** (≈ bactéries)

! Les mitochondries sont transmises uniquement par la lignée maternelle.

II. LES ACIDES NUCLEIQUES

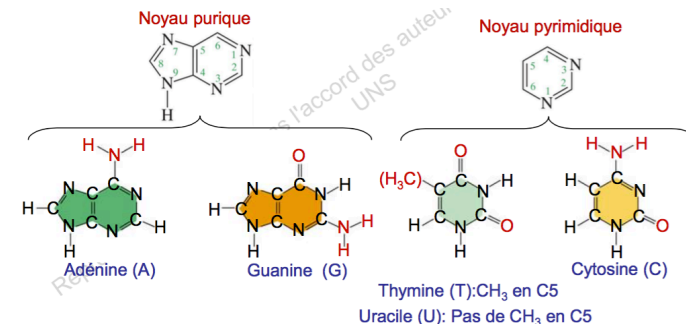
A. Structure primaire

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

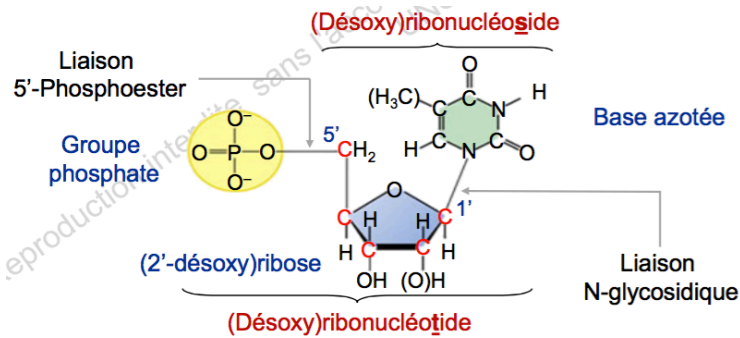
- **ADN (Acide DésoxyriboNucléique)** : **Matériel génétique** (= **génome**), forme de **stockage** et de **transmission** de l'information génétique
→ **Polymères de désoxyribonucléotides** (dNTs) : **A / T / G / C**
- **ARN (Acide RiboNucléique)** : Participe (in)directement à l'**expression** de 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** et le **2'-désoxyribose** pour l'**ADN**
- Un **acide phosphorique**



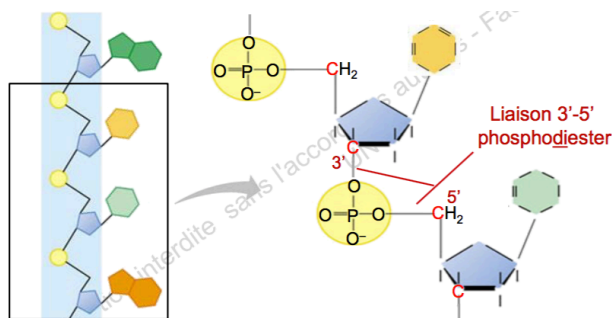
- ❖ **NUCLEOSIDE** : Base azotée + Pentose → Liaison N-glycosidique
- ❖ **NUCLEOTIDE** : Nucléoside + Phosphate → Liaison 5'-phosphoester



La nomenclature des nucléosides et des nucléotides dérive du nom des bases qui les constituent :

Bases azotée	Nucléoside (N)	Nucléotide mono-, di-, triphosphate (d)NMP, (d)NDP ou (d)NTP
Purines		
Adénine	(d)Adénosine (A)	Acide 5'-(désoxy)adénylique
Guanine	(d)Guanosine (G)	Acide 5'-(désoxy)guanylique
Pyrimidines		
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.



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

Organisme	% des bases dans l'ADN				Ratios	
	A	T	G	C	A/T	G/C
<i>C. elegans</i>	31,2	29,1	19,3	20,5	1,07	0,96
<i>Drosophila</i>	27,3	27,6	22,5	22,5	0,99	1,00
<i>Souris</i>	29,2	29,4	21,7	19,7	0,99	1,10
<i>Homme</i>	30,7	31,2	19,3	18,8	0,98	1,03

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

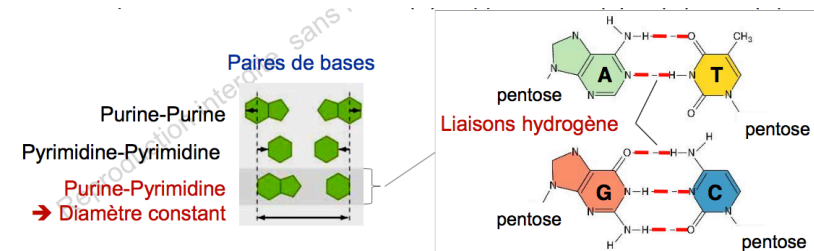
! Le nombre de brins d'ADN formant cette hélice n'a pas été déterminé par cette étude de diffraction.

2. Modèle de la double hélice de Watson et Crick

Une molécule d'ADN est une **hélice** constituée de **2 brins** formant des **paires de bases**. Chaque nucléotide d'un brin est associé à un nucléotide de l'autre brin selon le **principe de la complémentarité des bases**, par des **liaisons hydrogène**.

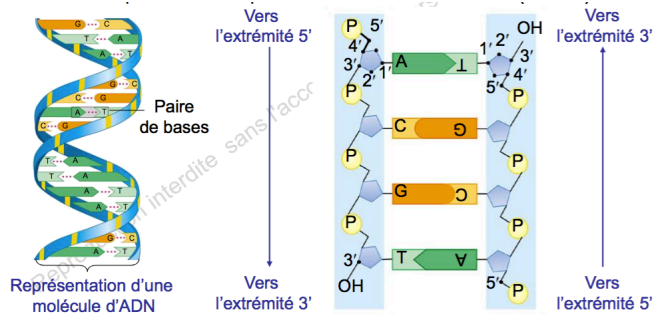
D'après le **diamètre** de l'hélice (qui est **constant**) et les **ratios A / T et G / C** :

- Une **purine** (A ou G) doit s'associer à une **pyrimidine** (T ou C)
- L'**Adénine** (A) s'apparie à la **Thymine** (T)
- La **Guanine** (G) s'apparie à la **Cytosine** (C)



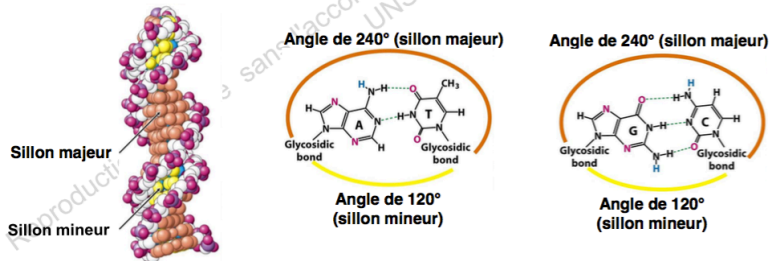
→ Chaque brin possède une **extrémité 5' (-P)** et une **extrémité 3' (-OH)**. Les 2 brins sont orientés en **sens inverse** (= **ANTIPARALLELES**).

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

- **Sillon majeur** : Interactions spécifiques
- **Sillon mineur** : Interactions moins spécifiques



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**.

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. L'ADN, étant chargé négativement, va s'enrouler autour d'un nucléosome sur 2 tours (145 pb). L'ensemble forme la **fibre de chromatine** de **10 nm de diamètre**.

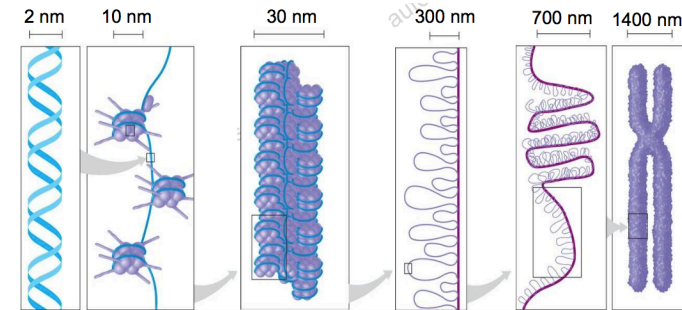
// \ Chromatine = Nucléosomes + ADN

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

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

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

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

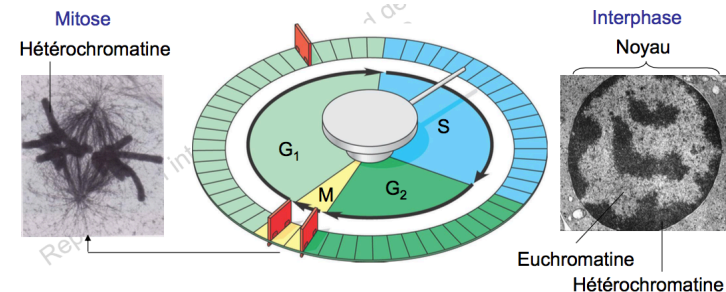


2. Variabilité de la compaction de l'ADN

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

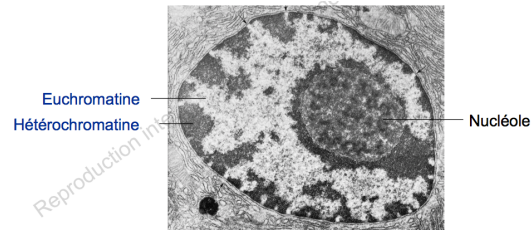
→ **VARIABLE DANS LE TEMPS**

- Pendant l'**interphase** (G1, S, G2), 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**.

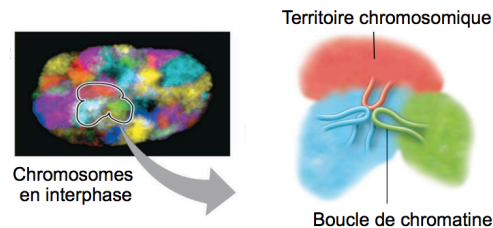


→ **VARIABLE DANS L'ESPACE**

- Varie selon la **localisation dans le noyau** → L'hétérochromatine est à la **périphérie** du noyau et l'euchromatine est plutôt au **centre** du noyau. Il existerait un **compartiment central dédié à l'expression génique**.



- 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.

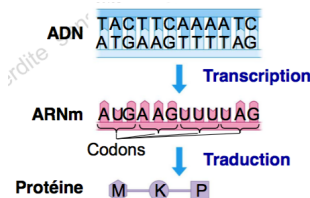
D. Structure et fonctions des différents ARNs

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

La **structure** des ARNs **varie** selon le type d'ARN. Ils se replient par **appariement intramoléculaire** de bases complémentaires. Ces structures conditionnent la **fonction** des différents types d'ARN.

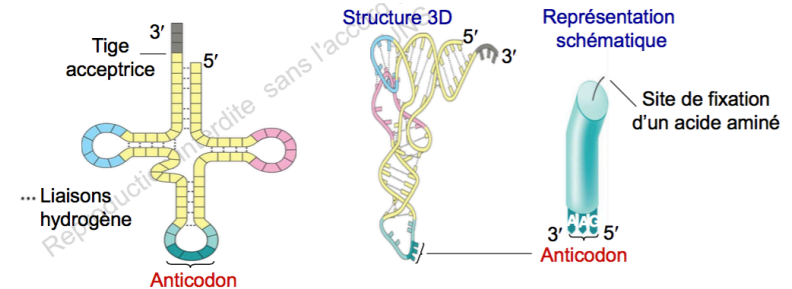
Les ARNs participent à l'**expression des gènes** :

- **ARN messager (ARNm)** : Produit à partir d'un gène grâce à l'étape de **transcription** → **Forme de transfert d'information** de l'ADN du noyau vers le cytosol



//! Une **protéine** est produite à partir de l'ARNm grâce à l'étape de **traduction**. La **séquence de l'ARNm** est convertie en **séquence d'acides aminés**. A chaque **triplet de nucléotides** (ou **codon**) correspond un **acide aminé**.

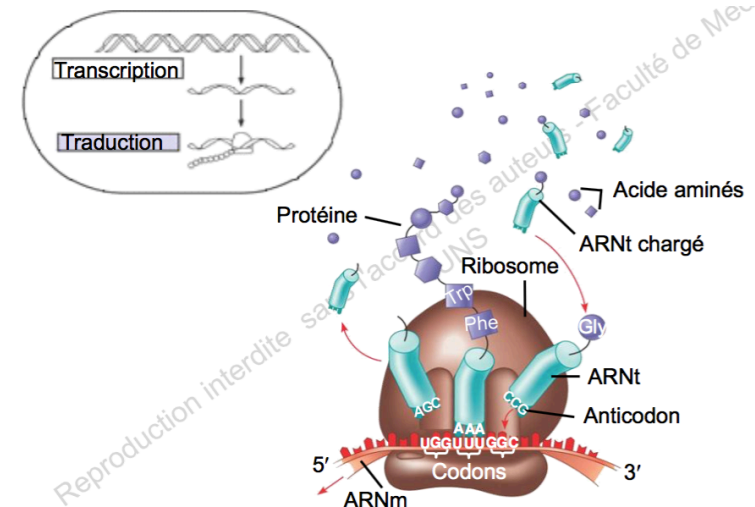
- **ARN de transfert (ARNt)** : Possède une structure en feuille de trèfle (**1 tige acceptrice + 3 boucles**) et une séquence de **3 nucléotides** appelée **anticodon**



//! L'anticodon s'apparie par **complémentarité** avec un codon de l'ARNm. Un **acide aminé** peut être fixé à la **tige acceptrice**.

- **ARN ribosomiaux (ARNr)** : S'associent à des protéines pour former les **ribosomes**

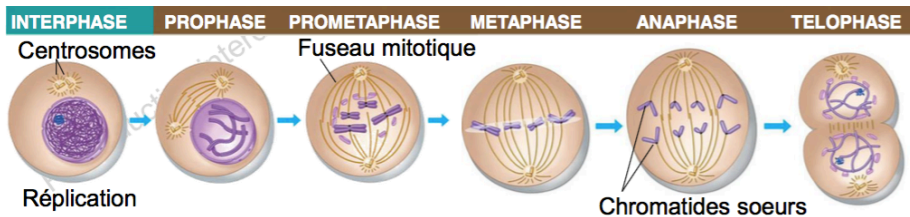
//! Les ribosomes sont formés d'une **petite** et d'une **grosse sous-unité**. La **petite sous-unité se lie à l'ARNm**. La **grosse sous-unité accueille les ARN de transfert**.



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
 - o Disparition du noyau et **condensation** des chromosomes
 - o **Alignement** des chromosomes à 2 chromatides à l'équateur
 - o **Migration** de chaque chromatide à un pôle opposé de la cellule
 - o **Division** de la cellule mère en 2 cellules filles génétiquement identiques

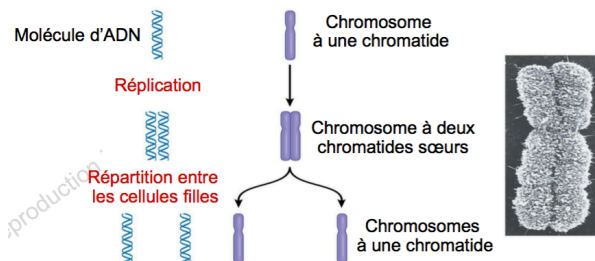


A. Rôle de la réplication

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 sœurs**

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

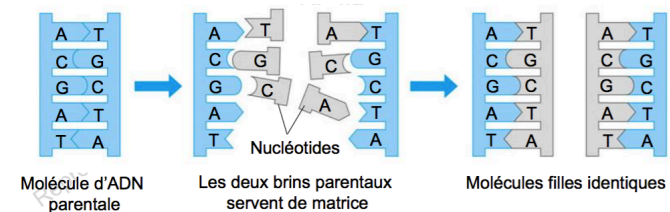


B. Propriétés de la réplication

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**.



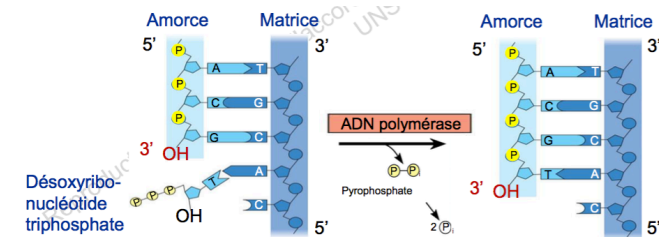
La réplication :

- 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

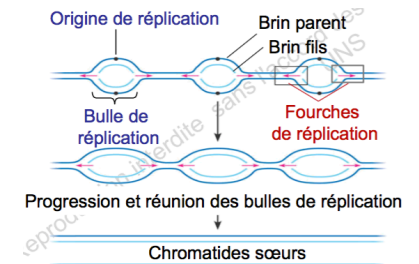
La réplication est assurée par l'**ADN polymérase δ/ϵ** qui :

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



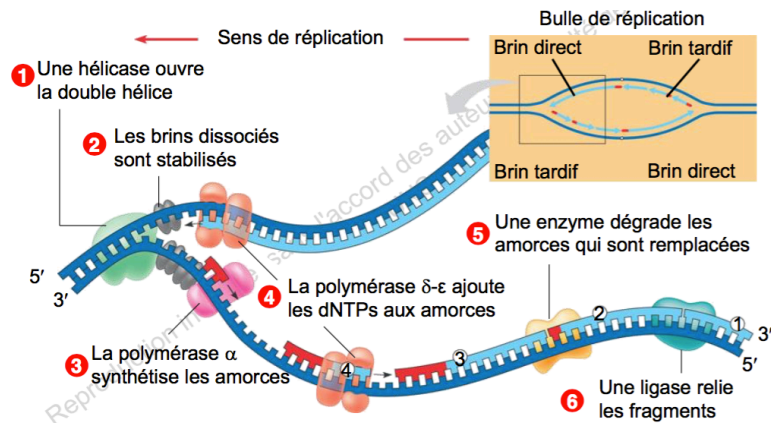
L'**initiation** de la réplication se fait en de **nombreux points** (ou **origines**) sur un chromosome. La double hélice est ouverte et forme une **bulle de réplication**. Chaque bulle de réplication comprend **2 fourches de réplication**.

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**)

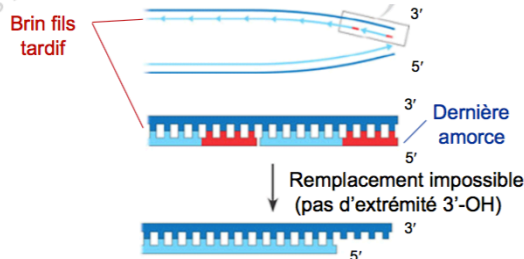
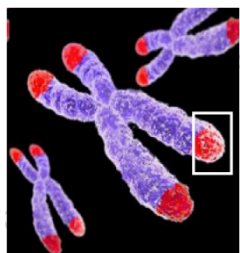


D. Réplication au niveau des télomères

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

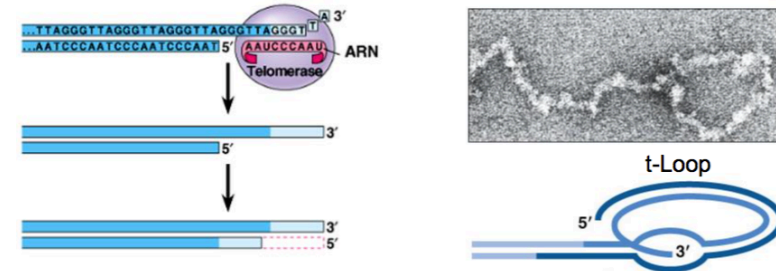
→ A l'extrémité 5' du brin fils de chaque chromatide, la **dégradation de l'amorce la plus distale** laisse persister une brèche.

Donc, en l'absence d'une enzyme particulière, elle ne peut être comblée et il y a **érosion des télomères à chaque division**. Et au-delà d'un **seuil critique**, la cellule arrêtera de se diviser et meurt.



La réplication des télomères nécessite la **téломérase**. 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.



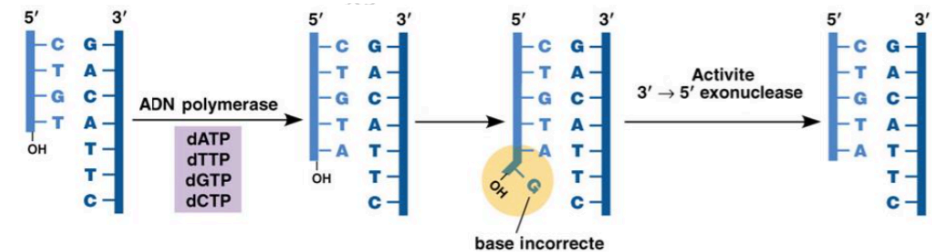
!! La **téломérase** est présente dans les **cellules souches ou cancéreuses**. Donc, la plupart des cellules en sont dépourvues : la réplication est **incomplète (vieillesse cellulaire)**.

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

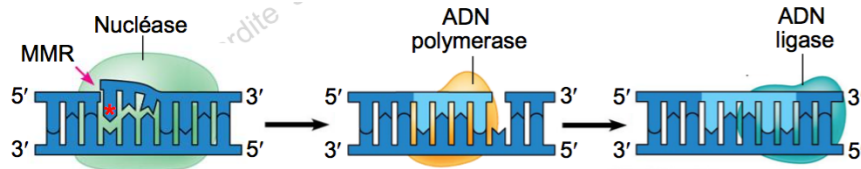
→ **Activité de correction d'épreuve (proofreading)** : La **polymérase δ/ϵ** détecte et répare aussitôt les erreurs qu'elle fait. Elle peut **exciser un nucléotide** dans le sens **3' → 5'** (**activité 3'-5' exonucléasique**).



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

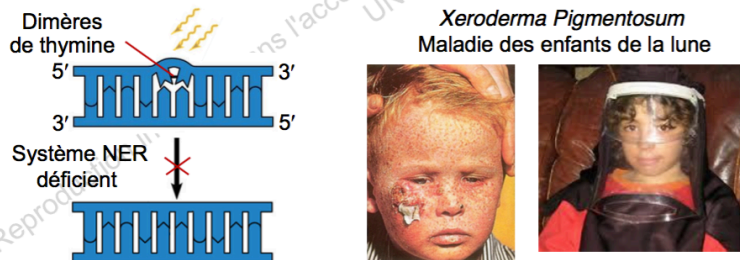
→ **Système MMR (Mutation Mismatch Repair) :**

- **Détecte** et permet la **réparation d'erreurs échappant à la polymérase** (substitutions ou dérapage 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 coupe le brin + Intervention d'une **exonucléase** qui peut exciser un fragment 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 (sensibilité aux U.V).



IV. LA SYNTHÈSE DES PROTÉINES

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** :

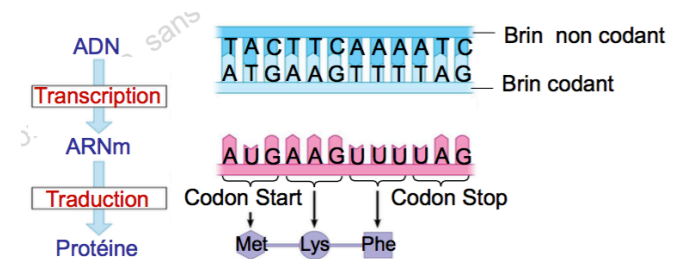
- Leur information ne sert qu'à la **synthèse des autres ARNs** (*ARN ribosomiaux, de transfert, petits ARN nucléaires ou nucléolaires...*).
- Ils sont **uniquement transcrits** dans le noyau (**non traduite**).

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**.

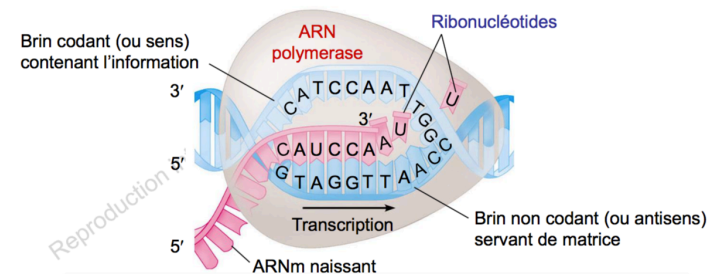
L'expression d'un gène codant débute par sa **transcription en ARNm** dans le **noyau**. Un gène est composé :

- D'un **BRIN CODANT** : Contient l'**information**, qui est aussi celle qui figure 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**.

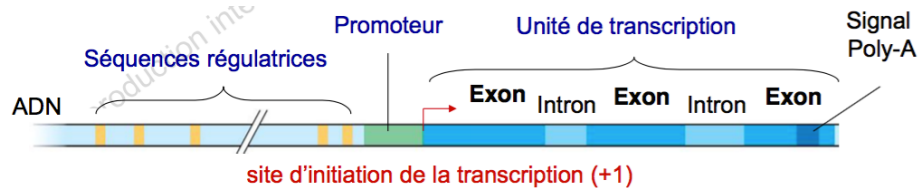
A. Structure d'un gène codant eucaryote

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 nucléotide (+1) au signal de terminaison (signal Poly-A)

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

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



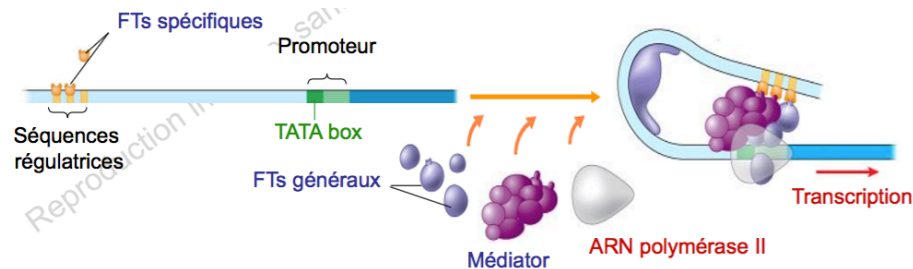
B. Transcription d'un gène codant eucaryote

La **machinerie basale de transcription** comprend :

- **ARN polymérase II** : Phosphorylation possible de son extrémité C-terminale
- **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

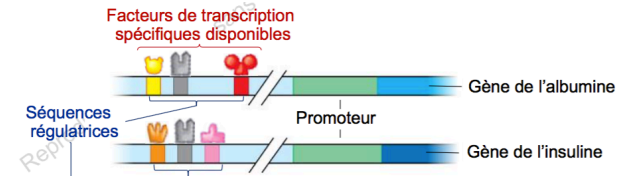
Autres protéines se fixant à l'ADN et **régulant la transcription** :

- **Facteurs de transcription spécifiques**
- **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**.

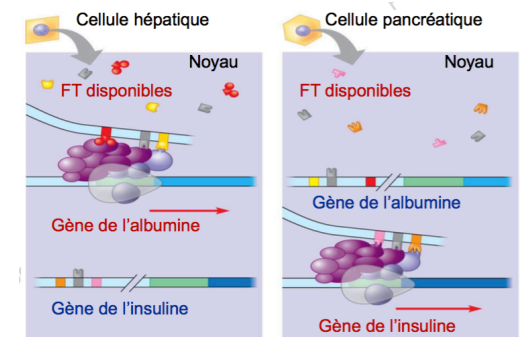


→ Chaque gène est **régulé** par une **combinaison de facteurs de transcription**.

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

→ Chaque gène recrute une **combinaison variable de facteurs de transcription spécifiques**.

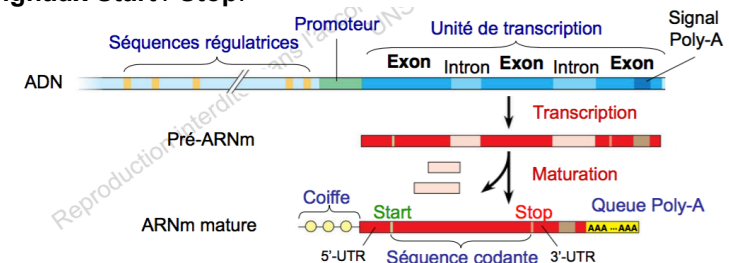
Il ne s'exprime qu'en leur **présence**, **variable** selon le type cellulaire.



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

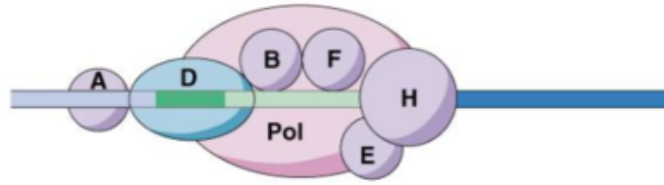
→ L'**ARNm mature** aura une **séquence codante ininterrompue** et encadrée par les signaux **Start / Stop**.



L'initiation de la transcription nécessite plusieurs étapes :

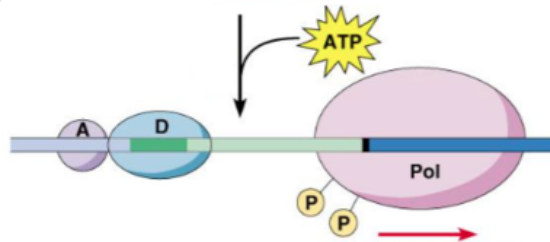
- Fixation du **complexe TFIID** (*facteur général de transcription*) sur le **promoteur** au niveau de la **TATA Box**
- Recrutement d'**autres complexes** (TFII A, B, E, F et H = *autres facteurs généraux de transcription*) sur le gène
- Recrutement et fixation de l'**ARN polymérase** sur le promoteur

→ **Machinerie basale de transcription ENCORE INACTIVE**



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

→ **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

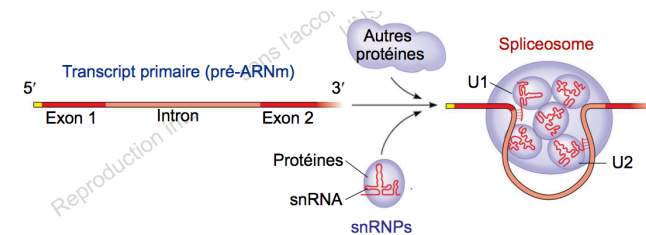
• Il existe des **modifications co-transcriptionnelles** du pré-ARNm :

→ **COIFFE** (modifications de l'extrémité 5') : **Protège** le transcrit de la **dégradation**, **augmente sa durée de vie**, 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

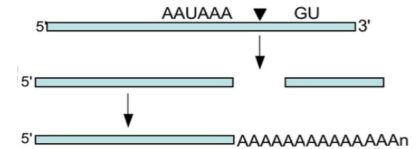
→ **EPISSAGE** : **Ligation** des exons

- Fait intervenir des **séquences introniques** appelées **consensus** (invariables, même séquence dans tous les gènes) : Présence d'un **site donneur** (GU) au début, d'un **site accepteur** (AG) à la fin de l'intron, d'un **site de branchement** (A) et d'une **suite de pyrimidines** (Y) avant la fin de l'intron
- **Spliceosome** : **Complexe enzymatique** assurant l'épissage, formé par les **ribonucléoprotéines U1, U2, U4, U5 et U6** qui repèrent et définissent les introns



→ **POLYADÉNYLATION** : Fait intervenir **plusieurs complexes et séquences** et **ralentit** la dégradation du transcrit mature

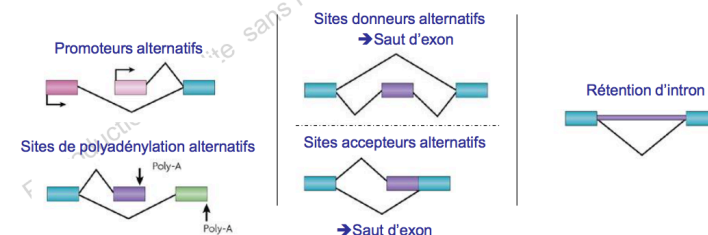
- Recrutement, par la **séquence GU** et la **séquence de polyadénylation** (AAUAAA), de complexes coupant le pré-ARNm à la séquence CA
- Synthèse à la suite de la **queue Poly-A** par la **Poly-A polymérase (PAP)** → *Suite d'environ 250 nucléotides à Adénine*



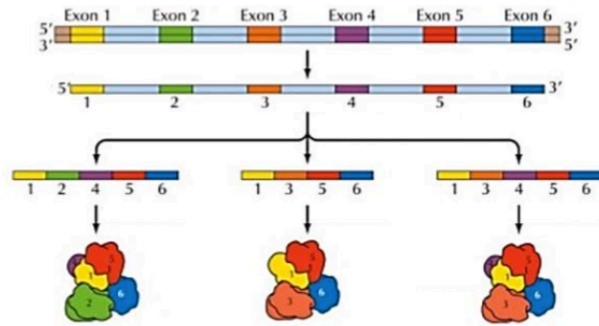
• Plusieurs **ARNm différents** peuvent être issus d'**un seul gène** :

→ 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.



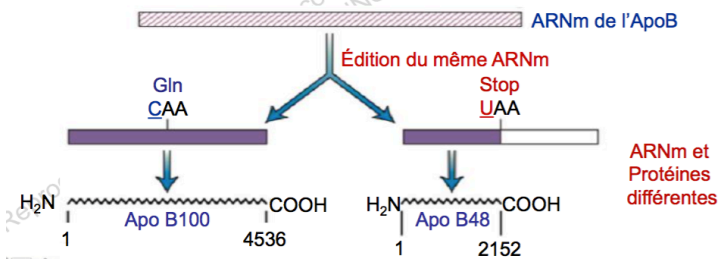
• Il existe des modifications post-transcriptionnelles de l'ARNm :

→ **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.

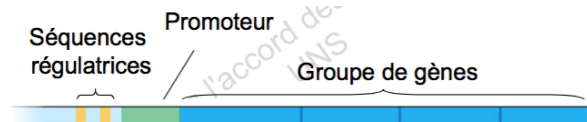
Dans l'intestin, une cytosine de l'ARNm est désaminée en uracile : il y a arrêt de la traduction (codon Stop) et production d'ApoB48, tronquée.



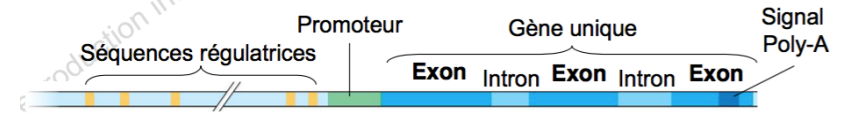
D. Différence entre procaryotes et eucaryotes

→ La structure des gènes procaryotes et eucaryotes est différente :

- **Gènes procaryotes** : Compacts (absence d'introns) et regroupés, régulation par les mêmes séquences régulatrices



- **Gènes eucaryotes** : Morcelés (introns) et régulés individuellement

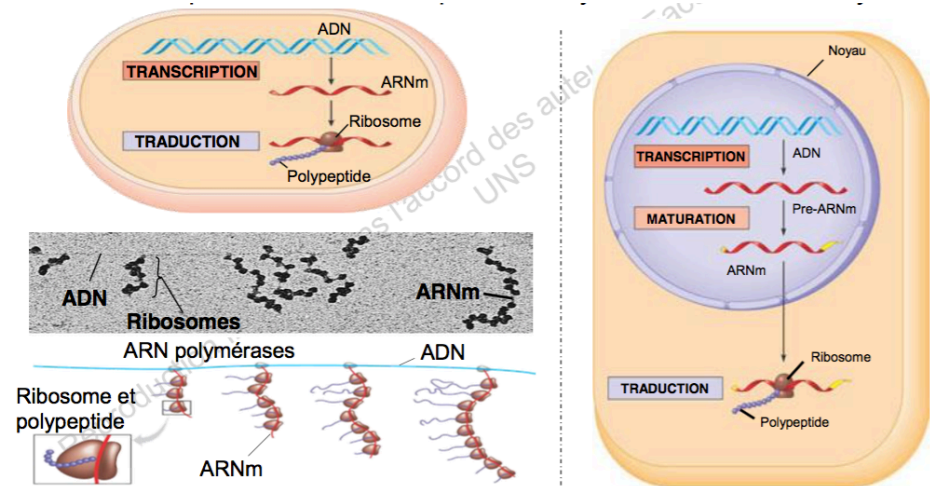


→ L'ADN procaryote n'est pas associé à des protéines histones. La transcription débute **sans décompaction** des nucléosomes. Ses gènes codants et non codants sont transcrits par la **même ARN polymérase**. Elle est assistée du **facteur σ**, chargé de reconnaître le promoteur.

! 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**.



Et voilà, c'est fini pour le premier cours du Prof mis sous forme de fiche! ^.^

On espère qu'elle vous a plu! ☺

Sinon, n'hésitez pas à poster sur le forum si vous avez des questions ou des remarques!

Bon courage, et restez motivés ! Bisous ♥