

L'information génétique et son devenir

I L'ADN, molécule de l'hérédité : rôle génétique

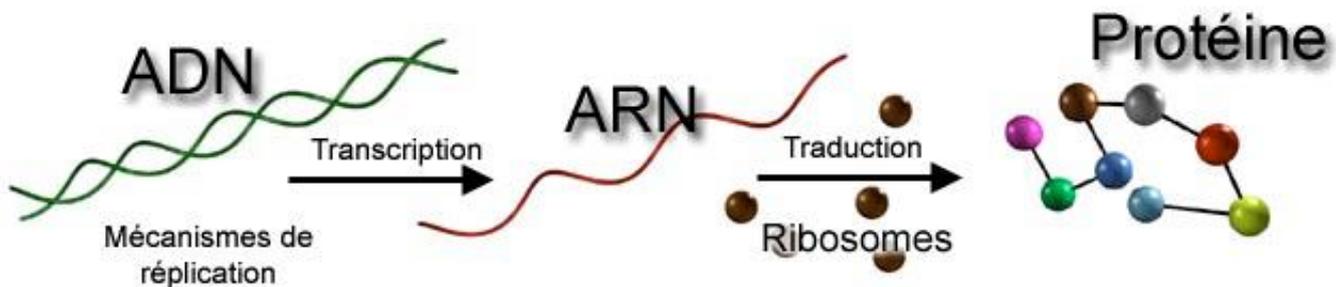
A. Dogme fondamental

L'information génétique suit plusieurs règles essentielles ; c'est ce que l'on appelle le dogme fondamental de la biologie :

- q Les organismes vivants (la cellule étant l'unité de vie) ont une quantité d'information génétique hors de proportion avec leur taille ou leur complexité.
- q L'information génétique stockée et préservée sous la forme d'ADN a une extraordinaire stabilité malgré son évolution constante.
- q L'information génétique est un code universel de 4 lettres (**A**T**G**C) qui va être transcrit et traduit par triplets.
- q Les cellules ont la faculté de se reproduire avec deux systèmes essentiels : le transfert de l'information génétique et la transduction de l'énergie.

B. Dogme central

Le dogme central de la biologie moléculaire est celui-ci :



C. Extension du dogme

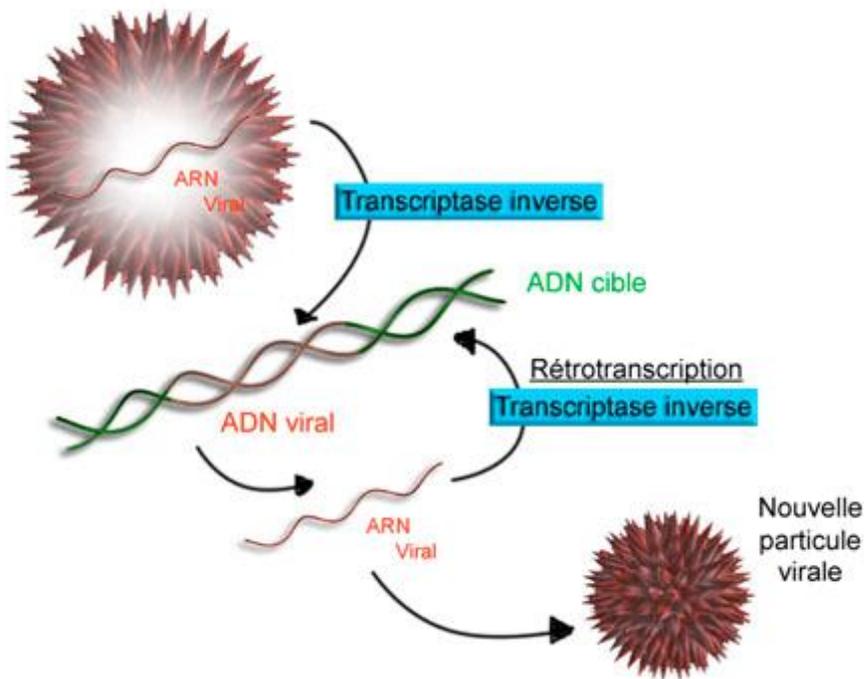
- q La majorité des cellules (procaryotes, eucaryotes, phages, quelques virus) ont un génome constitué d'ADN double brin.
- q Les **procaryotes** ont un génome entièrement codant tandis que chez les **eucaryotes**, le génome n'est pas entièrement codant ; seuls les exons sont traduits, les introns sont eux excisés
 - q (les introns seraient des restes dus à l'évolution du génome, qui pourraient toujours avoir un rôle tel que le refus de transcription d'un gène)

D. Cas des virus

On peut classer les virus en fonction de la nature de leur génome :

<u>Virus à ADN</u>	<u>Virus à ARN</u>	<u>Rétrovirus</u>
Ceux-ci injecteront leur ADN de manière non segmentée.	Ils convertiront leur ARN en ADN, double brin ou simple brin.	Leur ARN sera converti en plusieurs portions d'ADN, chacune portant des gènes différents.

Pour les rétrovirus, le dogme central devient celui de la transcription inverse.

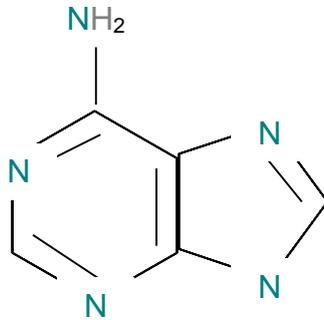


II Structure de l'ADN

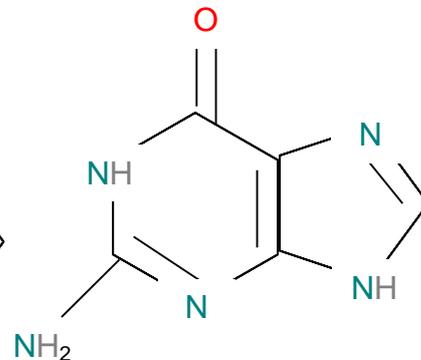
A. Structure primaire

I Description des bases azotées :

Bases puriques

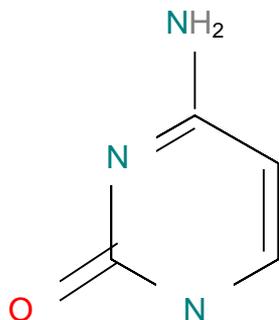


Adénine

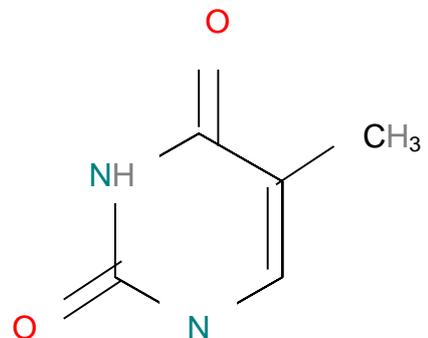


Guanine

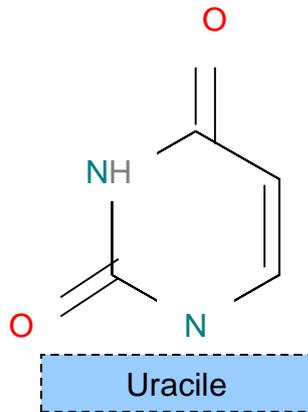
Bases pyrimidiques



Cytosine

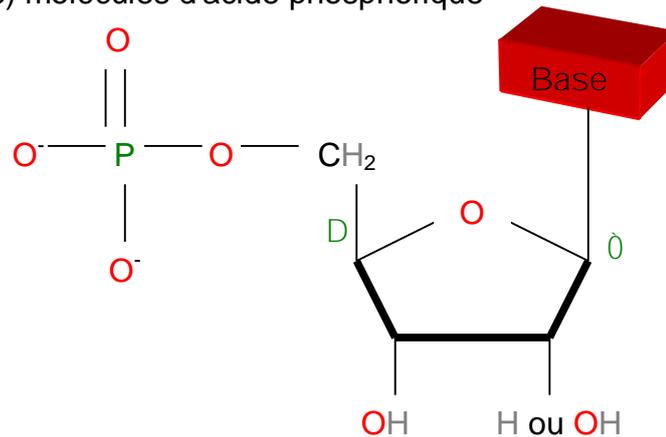


Thymine



- | Un noyau de sucre : le ribose ou le désoxy-ribose
- | Une ou plusieurs (3) molécules d'acide phosphorique

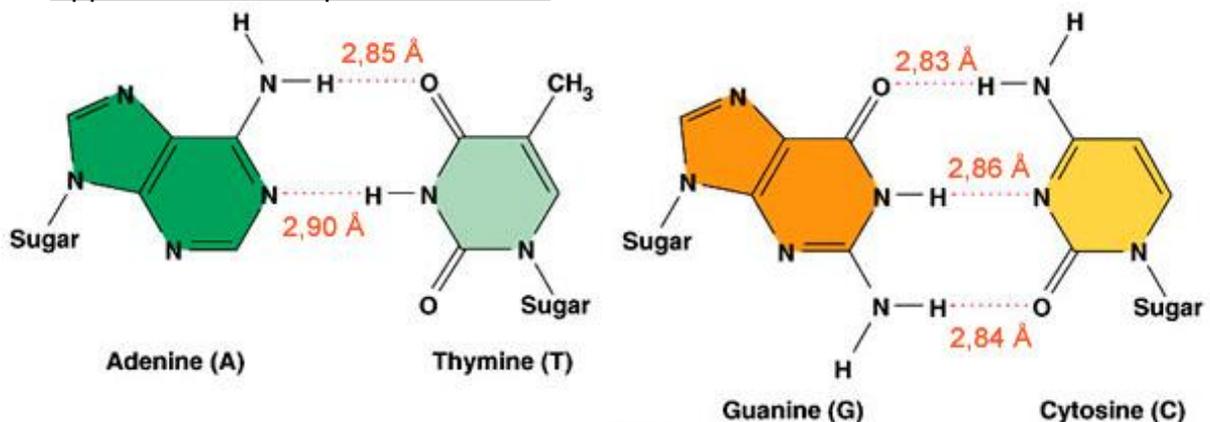
è Forme générale



(Pour plus de détails sur la structure chimique de l'ADN et des bases, aller voir dans DEUG SV1, "Bases, nucléotides et acides nucléiques")

B. Structure secondaire

- | Structure en double hélice
- | Appariement entre paires de bases :



- | Les brins sont antiparallèles entre eux.
- | Il existe différentes formes d'ADN :

	ADN-A	ADN-B	ADN-Z
<u>Pas</u>	À droite	À droite	À gauche
<u>Structure</u>	 <p>Bases inclinées de 19°</p> <p>11 paires de bases par tour</p>	 <p>Bases horizontales</p> <p>10,5 paires de bases par tour</p>	 <p>Bases orientées différemment</p> <p>12 paires de bases par tour</p>
<u>Prédominance</u>	Cette structure est favorisée dans des <u>conditions de relative déshydratation</u> . C'est aussi la forme <u>prédominante chez les ARN</u> .	C'est la structure qui <u>existe le plus souvent</u> dans les cellules.	Elle coexiste à <u>l'intérieur de l'ADN-B</u> , au niveau des <u>régions riches en G et C</u> .

l Certains atomes libres des bases peuvent interagir avec des molécules extérieures (comme des enzymes), pouvant ainsi faire intervenir des protéines spécifiques de portions d'ADN.

è L'information génétique est portée par une molécule très stable du point de vue thermodynamique. On peut citer parmi les raisons de sa stabilité :

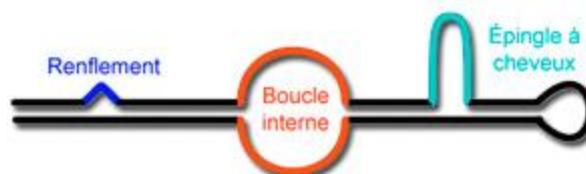
- _ Les liaisons hydrogène entre les bases situées à l'intérieur de l'hélice
- _ L'entassement hydrophobe des bases du aux interactions entre les

systemes électroniques des bases entassées

Les caractères structuraux de cette molécule lui confèrent des possibilités d'interaction avec des protéines (de structure, de régulation, pour la transcription, la traduction, etc ...), en particulier autour des grands sillons.

III Structure des ARN

Les ARN sont monocaténares. On peut remarquer que leur structure est fondamentale pour leur fonctionnement. Plusieurs conformations particulières sont répertoriées.



Ainsi, les ARN ont en fait des formes assez compliquées, qu'il est essentiel de connaître pour déterminer son fonctionnement.

l Méthode de détermination de la structure secondaire d'un ARN :

- q Détermination de la composition en bases
- q Action de RNases spécifiques
- q Modélisation sur ordinateur
- q Recroisements phylogénétiques
- q Calcul mathématique des énergies de liaison des tiges