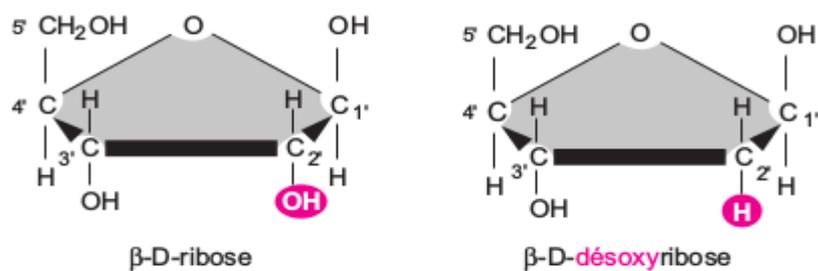
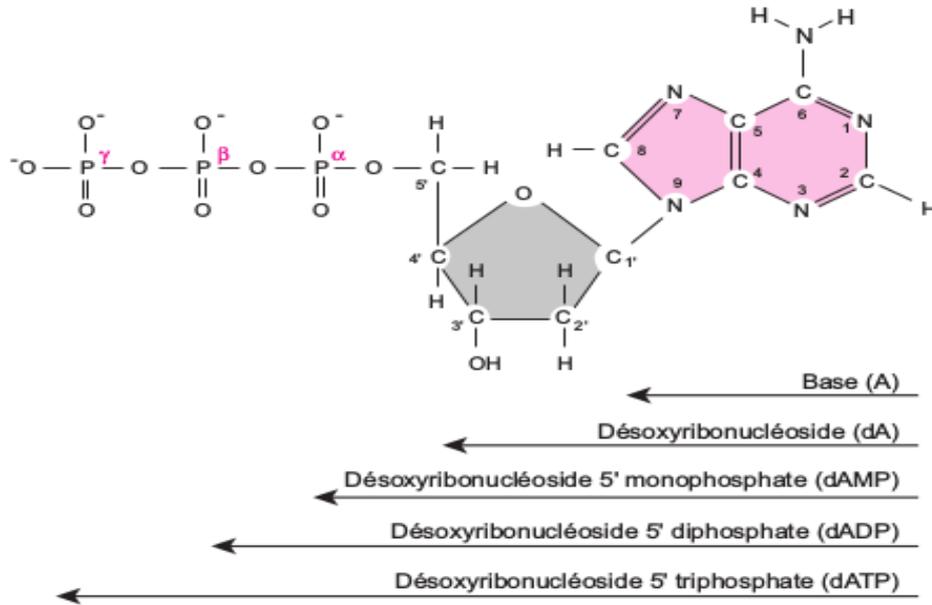


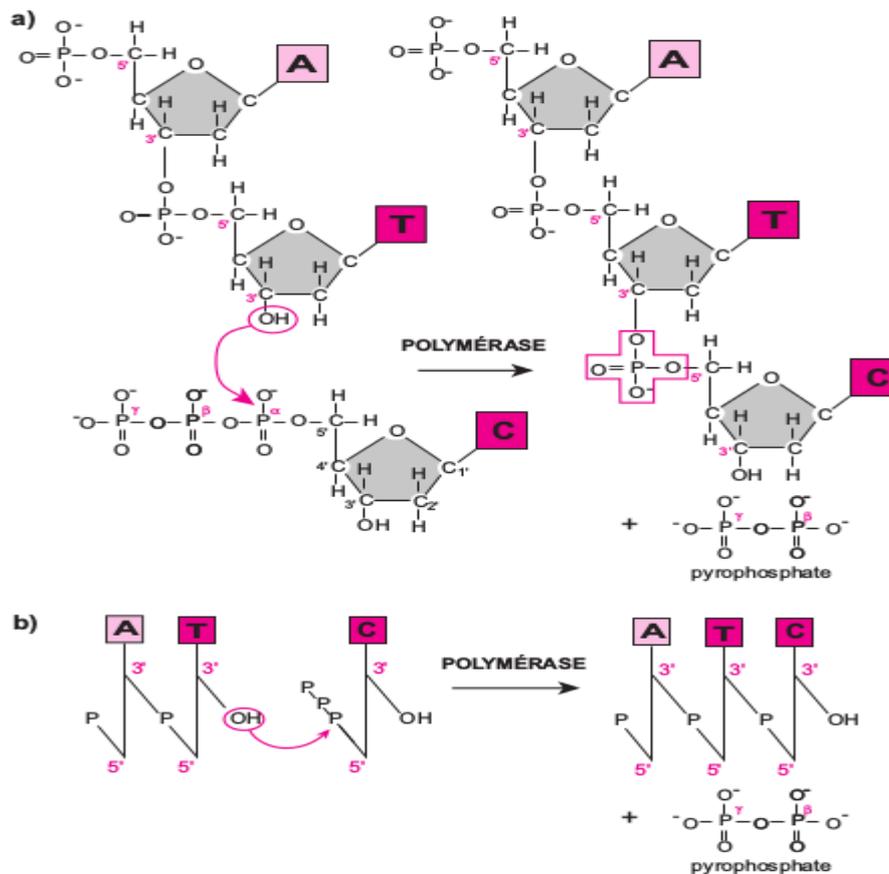
**Figure1.** Structures chimiques des bases puriques (Adénine, Guanine) et des bases pyrimidiques (Cytosine, Thymine, Uracile) des acides nucléiques ADN et ARN. Des formes méthylées peuvent aussi être rencontrées (5-méthyl cytosine).



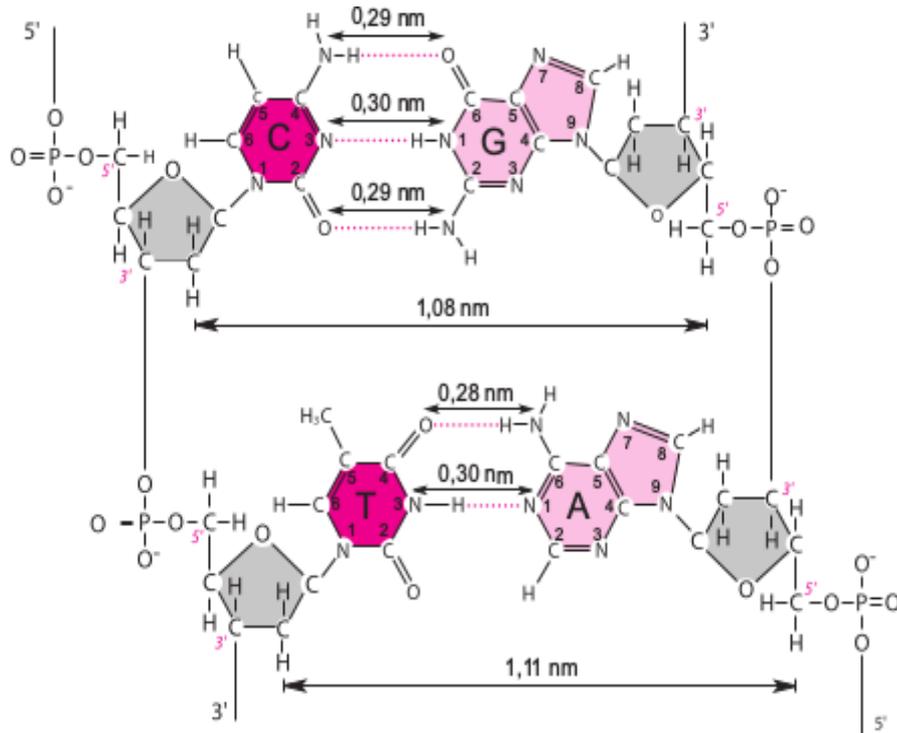
**Figure 2.** Les deux pentoses respectifs de l'ARN et de l'ADN.



**Figure 3.** Structure détaillée d'un désoxyribonucléotide triphosphate. En remplaçant la lettre A (Adénine) par les lettres G, C, T/U et le désoxyribose par le ribose, la nomenclature est généralisable à tous les nucléotides de l'ADN et de l'ARN.



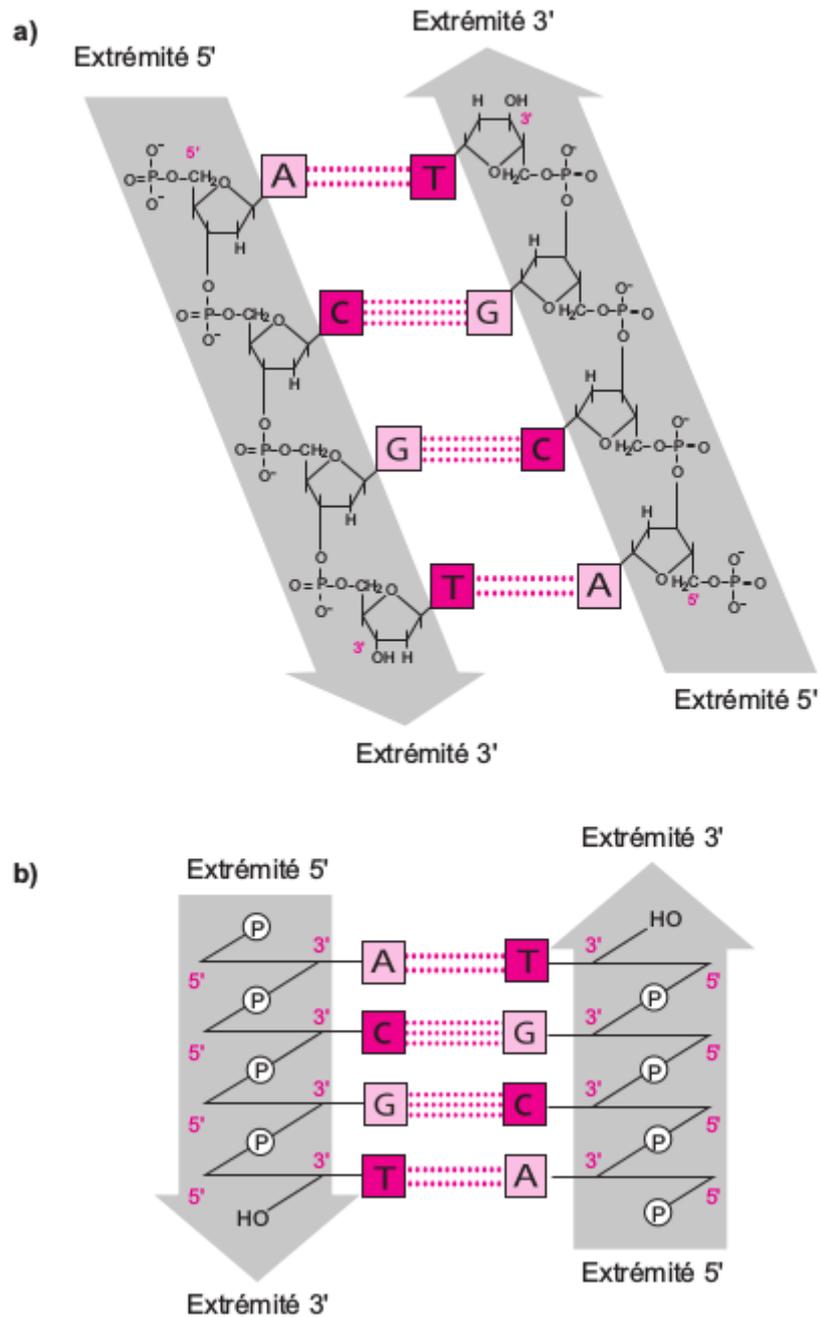
**Figure 4.** Principe de la formation d'un brin d'ADN par la polymérisation des nucléotides. Noter que le brin matrice qui est normalement copié n'est pas ici représenté. a) représentation développée ; b) représentation simplifiée.



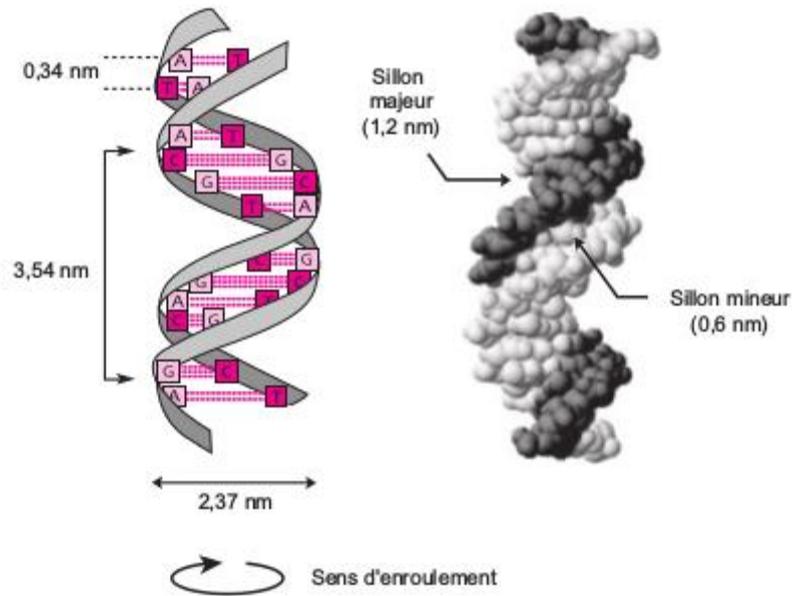
**Figure 5.** Appariements complémentaires des bases G-C et A-T.

**Tableau 1-1** Composition en bases de l'ADN de différentes origines.

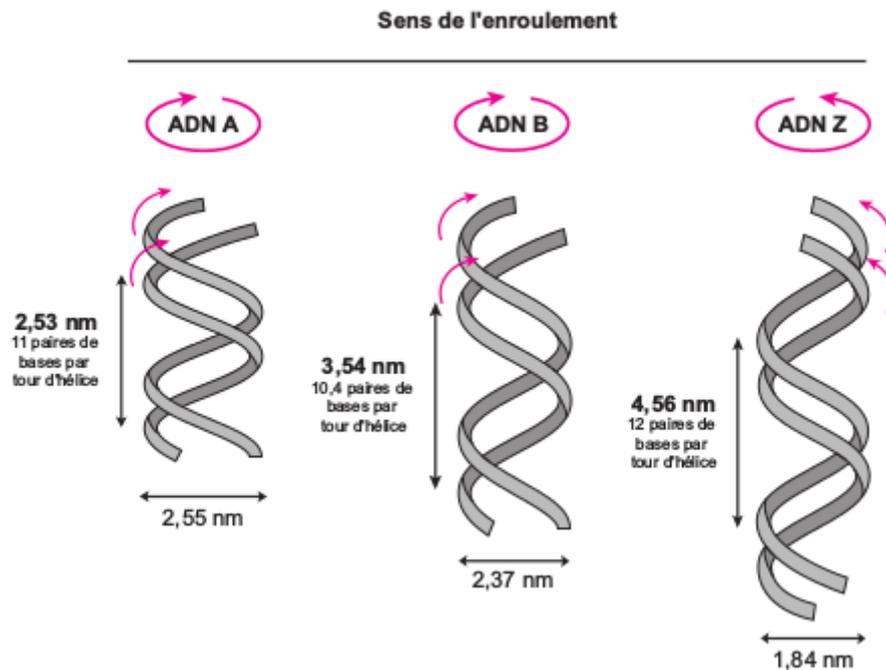
Origine de l'ADN	Bases (%)				(A+T)/(G+C)	(A+G)/(T+C)	%GC
	A	G	C	T			
Bactériophage T7	26.0	23.8	23.6	26.6	1.11	0.99	47.4
Escherichia coli B	23.8	26.8	26.6	23.1	0.88	1.01	53.2
Neurospora	23.0	27.1	26.6	23.3	0.86	1.00	53.8
Drosophile	30.7	19.6	20.2	29.5	1.51	1.01	39.8
Saumon	28.0	22.0	20.0	27.8	1.33	1.05	42.0
Poule	28.0	22.0	21.6	28.4	1.29	1.00	43.6
Rat	28.6	21.4	21.6	28.4	1.33	1.00	42.9
Vache	27.3	22.5	22.5	27.7	1.26	0.99	43.0
Homme	29.3	20.7	20.0	30.0	1.46	1.00	40.7



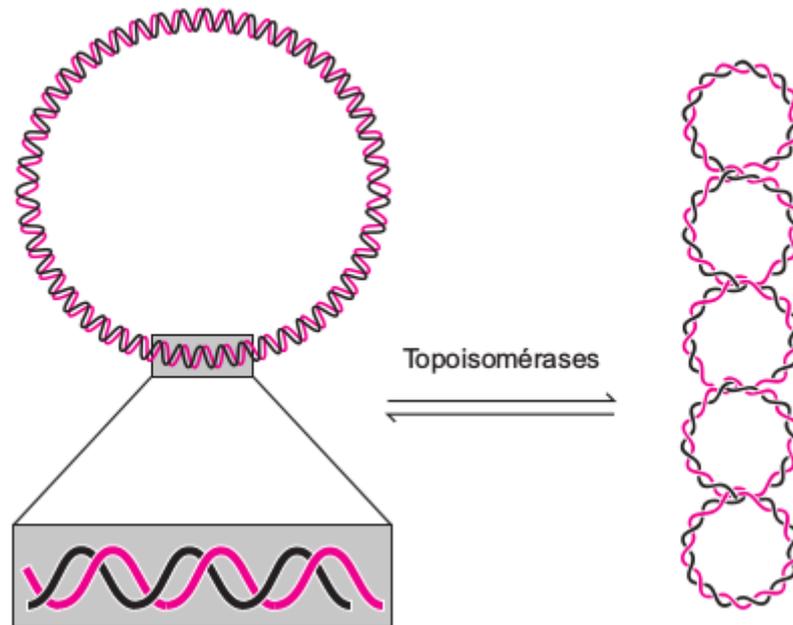
**Figure 6.** Structure des appariements complémentaires des deux brins anti-parallèles d'ADN. a) représentation développée ; b) représentation simplifiée.



**Figure 7.** Représentation d'un fragment d'ADN en double hélice. A gauche, avec les plateaux de bases ; à droite, les atomes sont représentés avec leurs rayons de Van der Waals.



**Figure 8.** Représentation simplifiée des formes A, B et Z de l'ADN.

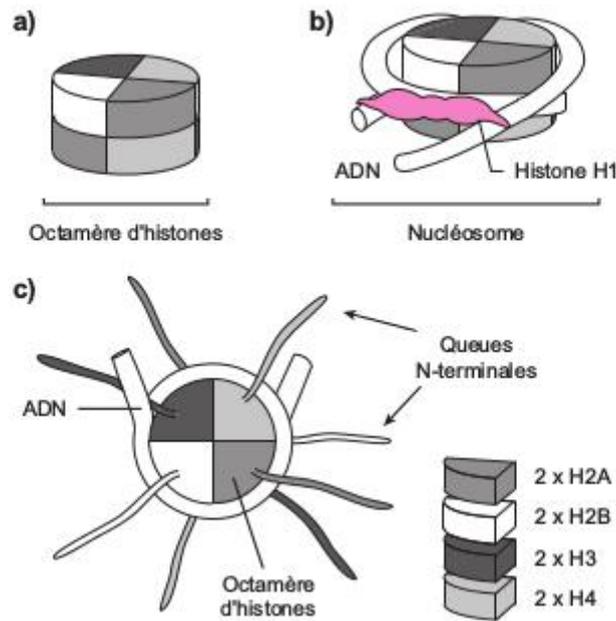


**Figure 9.** Exemple du superenroulement de l'ADN circulaire d'un plasmide bactérien et sa résolution par les topoisomérases.

**Tableau 1-2** Topologie de l'ADN de diverses origines.

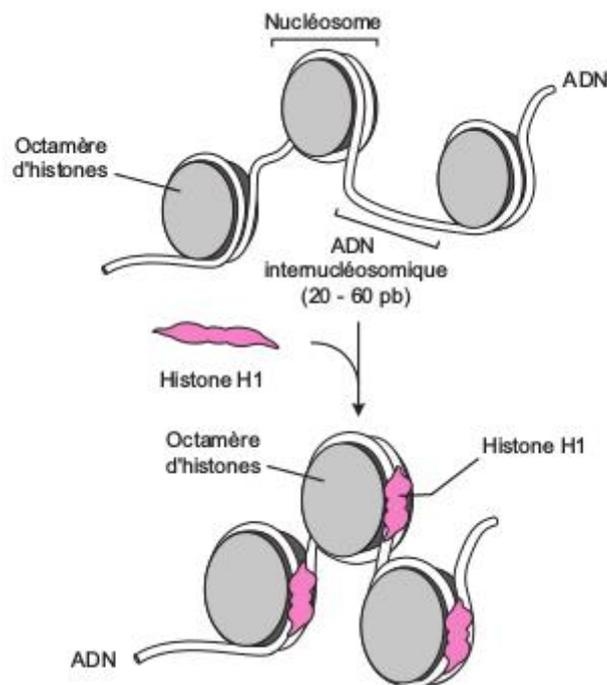
Source	Simple brin (S) ou double brin (D)	Circulaire ou linéaire	Taille*
Virus Simien 40	D	Circulaire	5243pb
Virus X-φ174	S	Circulaire	5386b
Bactériophage M13	S	Circulaire	6407b
Adénovirus AD-2	D	Linéaire	35937pb
virus Epstein-Barr	D	Circulaire	172282pb
Bactériophage T2	D	Linéaire	$1.7 \times 10^5$ pb
Escherichia coli	D	Circulaire	$4.7 \times 10^6$ pb
Drosophile	D	Linéaire	$6.5 \times 10^7$ pb

(\* )b=base ; pb=paire de bases.

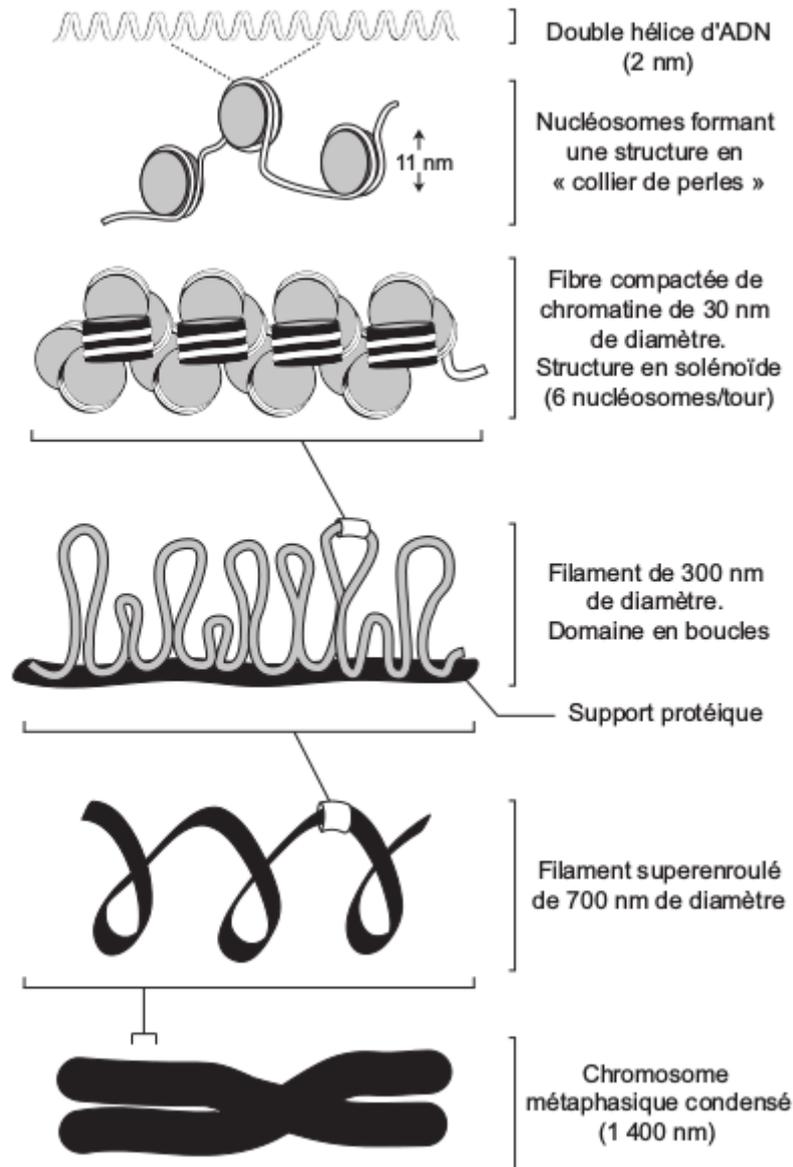


**Figure 10.** Structure simplifiée d'un nucléosome.

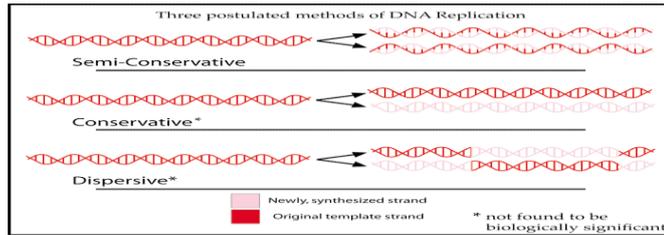
- a) L'octamère d'histones ;b) L'enroulement de l'ADN autour de l'octamère et sa consolidation par l'Histone H1 ; c) Protubérance vers l'extérieur des queues N-terminales d'histones de l'octamère.



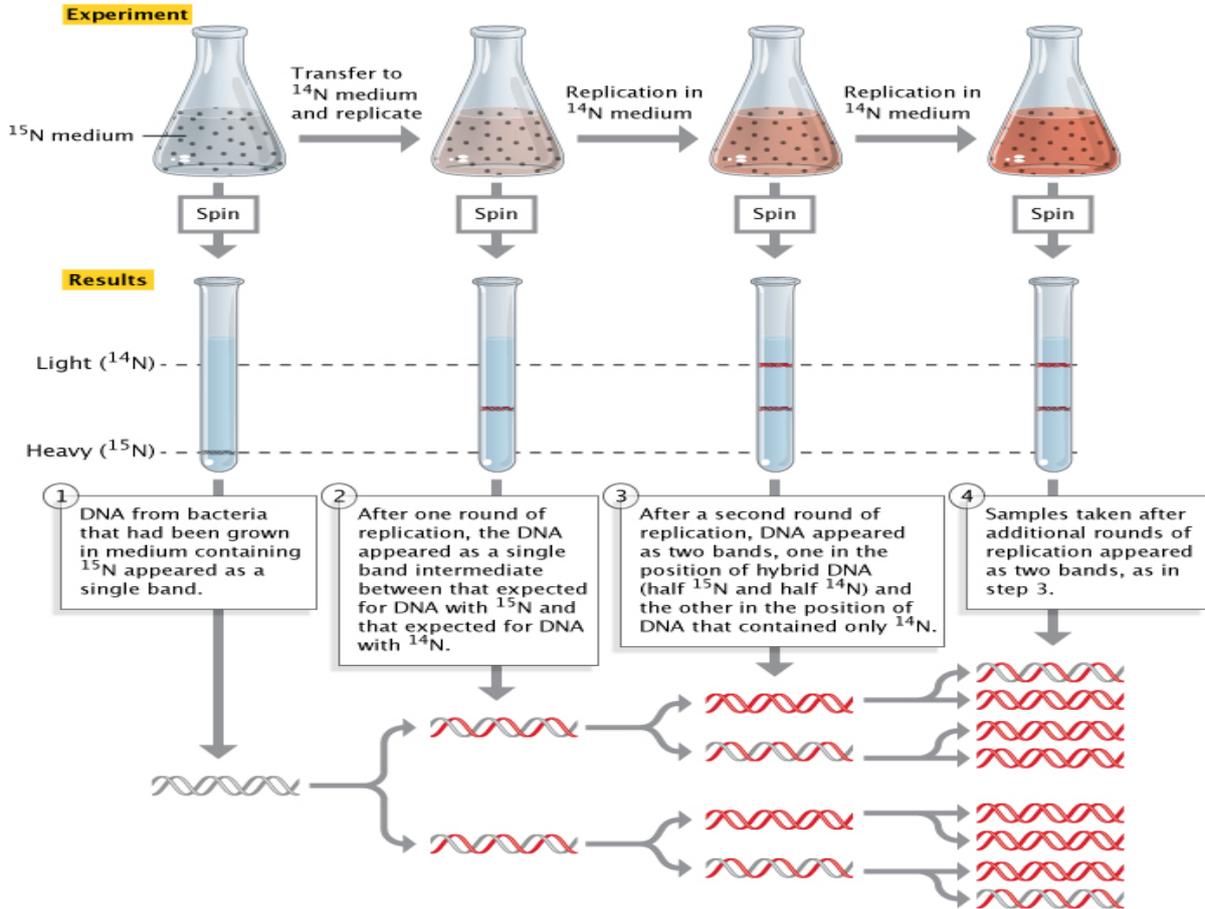
**Figure11.** Représentation simplifiée d'un enchaînement de trois nucléosomes montrant le rôle de l'histone H1 dans le resserrement de l'ADN autour de l'octamère d'histones.



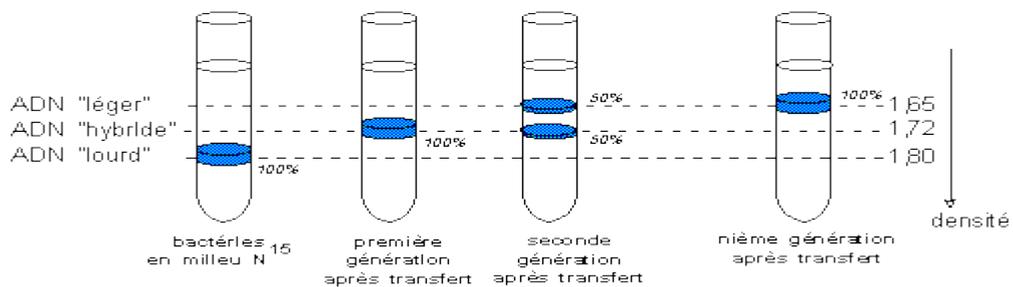
**Figure12.** Modèle hypothétique de l'organisation et de la compaction de la chromatine.



**Question** Which model of DNA replication – conservative, dispersive, or semiconservative – applies to *E. coli*?

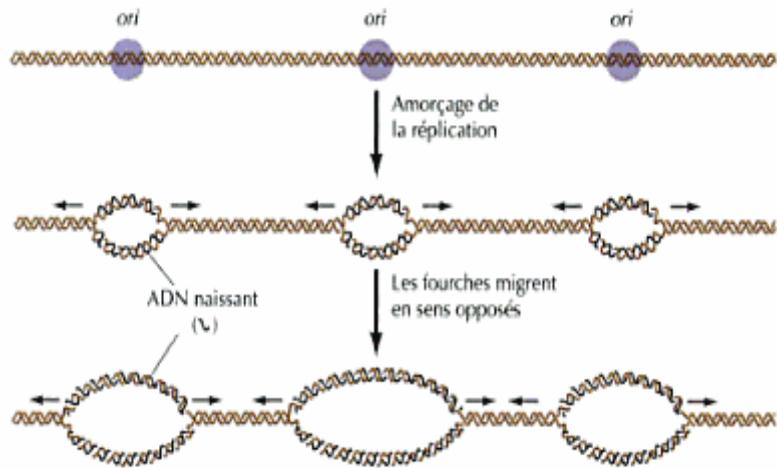
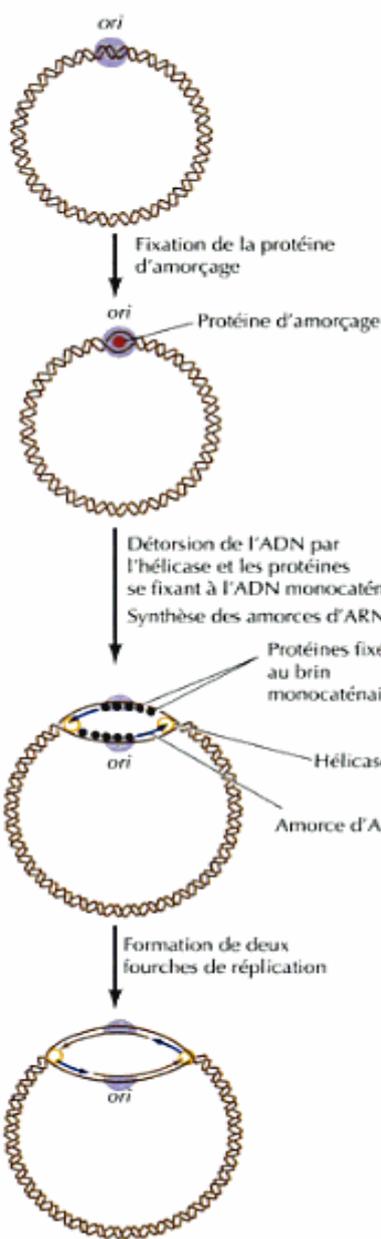


**Conclusion** DNA replication in *E. coli* is semi-conservative.



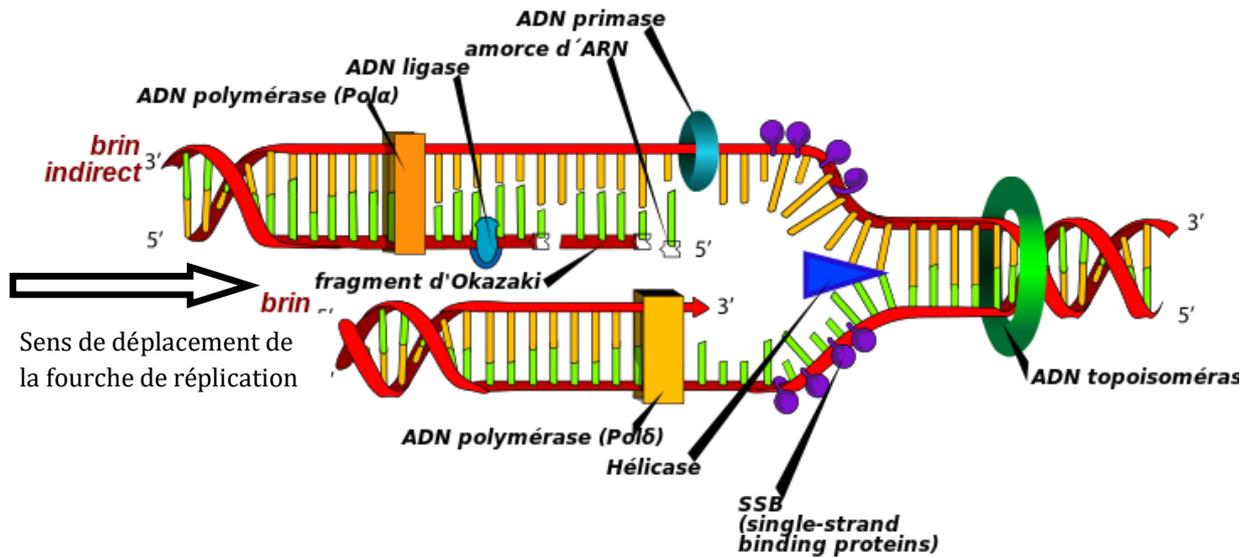
**Figure 13. Semi-conservatisme de la réplication de l'ADN (expérience de Meselson et Stahl).**

Sous l'action de la force centrifuge, le chlorure de césium distribué de façon homogène au temps zéro se répartit dans les tubes, en formant progressivement un gradient de concentration (et de densité). Mélangées au chlorure de césium, les molécules d'ADN migrent sous l'effet de la force centrifuge pour former une bande dans la région du gradient de chlorure de césium où les densités relatives de l'ADN et du chlorure de césium sont égales.



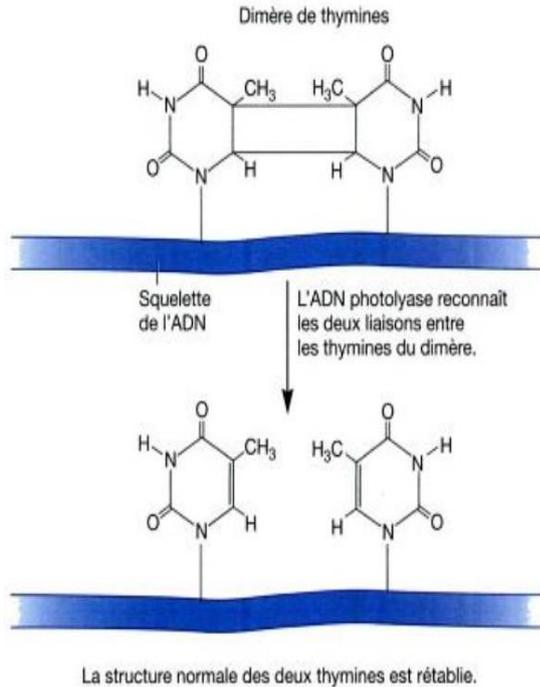
**Figure 14.** Origines de réplication dans un chromosome d'eucaryote. La réplication démarre en de nombreuses origines(ori), dont chacune produit deux fourches de réplication.

**Figure15.** Origine de réplication chez E.coli. sur le chromosome de E.coli, la réplication Démarre en un seul endroit, appelé origine (ori), une protéine d'amorçage commence par se lier à la séquence d'ADN ori et la matrice se détord en partie. L'ADN continue de se détordre, sous l'effet de l'hélicase et ds protéines se fixant aux brins monocaténaire ; la primase synthétise alors les amorces ARN. Les deux fourches de réplication parties de l'origine migrent en sens opposés le long du chromosome fermé de E.coli.

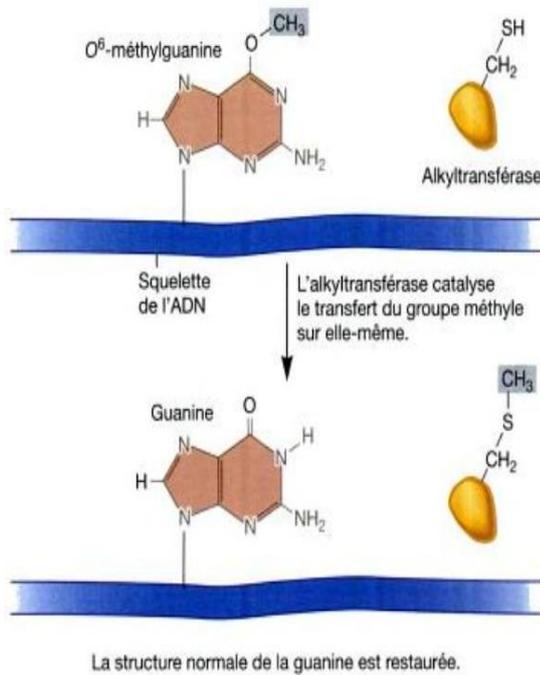


**Figure16.** Récapitulatif des protéines participant à la réplication de l'ADN.

La réplication de l'ADN débute à partir d'une origine de réplication et progresse dans les deux sens à partir de ce point créant ainsi deux fourches de réplication. On dit que la réplication de l'ADN est **bidirectionnelle**.



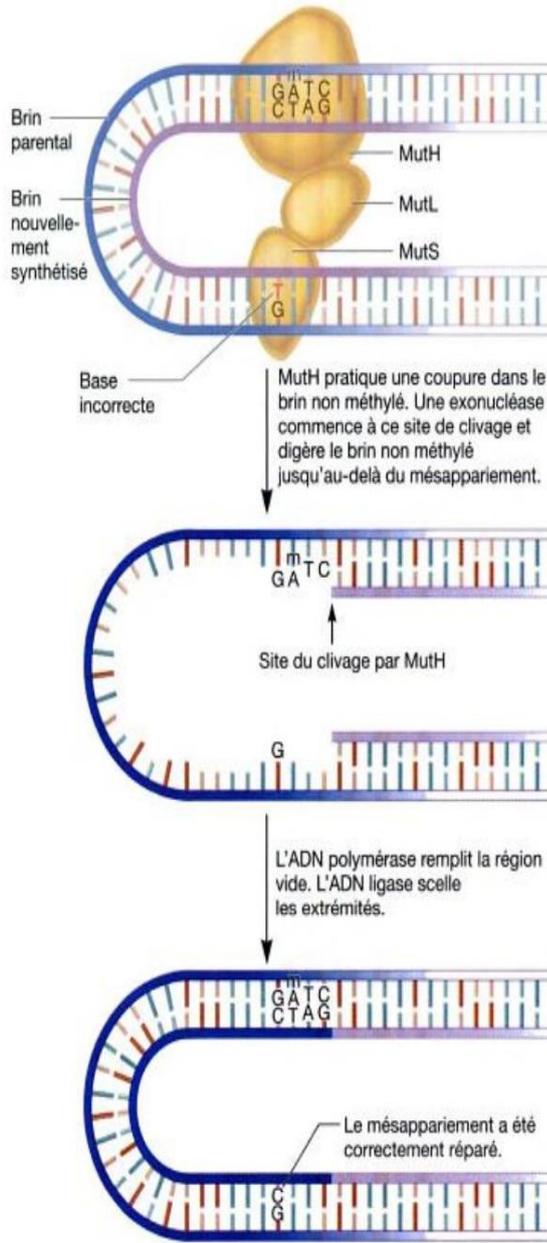
**(a) La réparation directe d'un dimère de thymines**



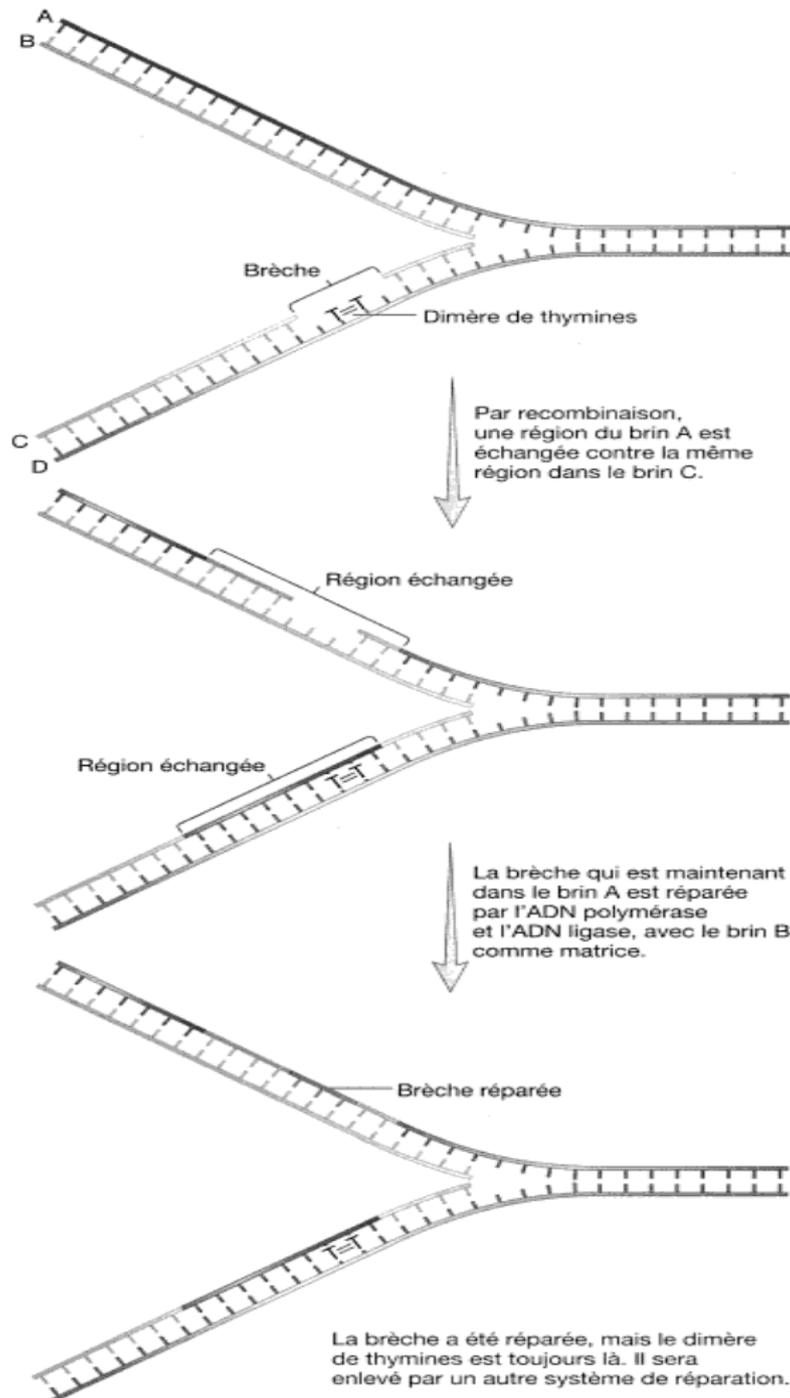
**(b) La réparation directe d'une base méthylée**

**Figure 13.12** La réparation directe. (a) La réparation de dimères de thymines par la photolyase. (b) La réparation de méthylguanine par le transfert du groupe méthyle par une alkyltransférase.

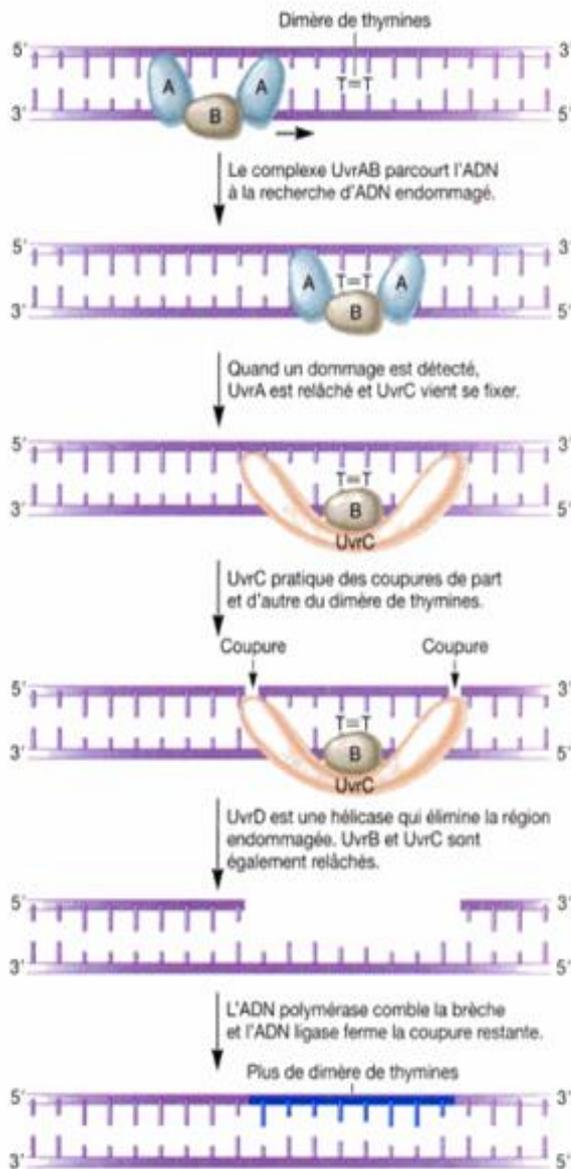
La protéine MutS trouve un mésappariement. Le complexe MutS/MutL se lie à MutH, qui est déjà liée à une séquence héli-méthylée.



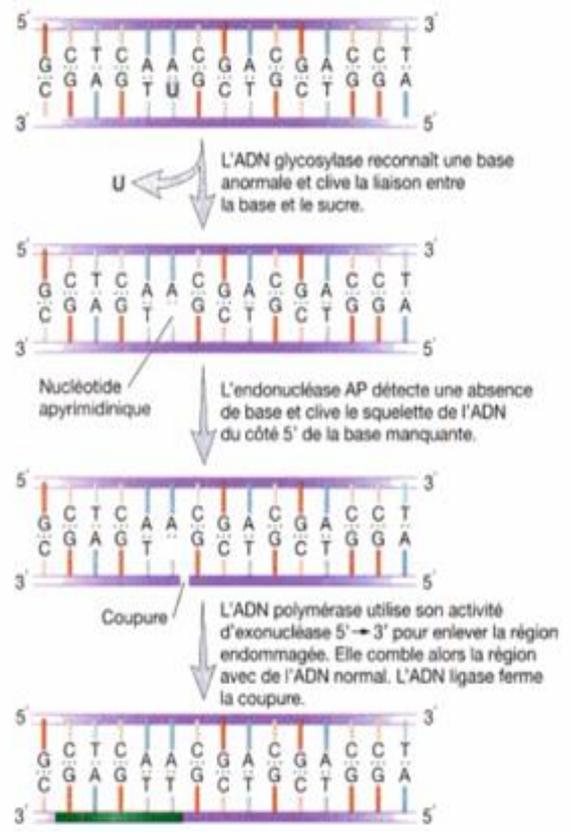
**Figure 13.13** La réparation des mésappariements, basée sur la méthylation, chez *E. coli*. MutS glisse le long de l'ADN et reconnaît les mésappariements de bases dans la double hélice. MutL se lie à MutS et sert de lien entre MutS et MutH. L'ADN doit former une boucle pour que cette interaction se fasse. Le rôle de MutH est d'identifier le brin méthylé de l'ADN, qui est le brin parental non muté. L'adénine méthylée est indiquée par un m.



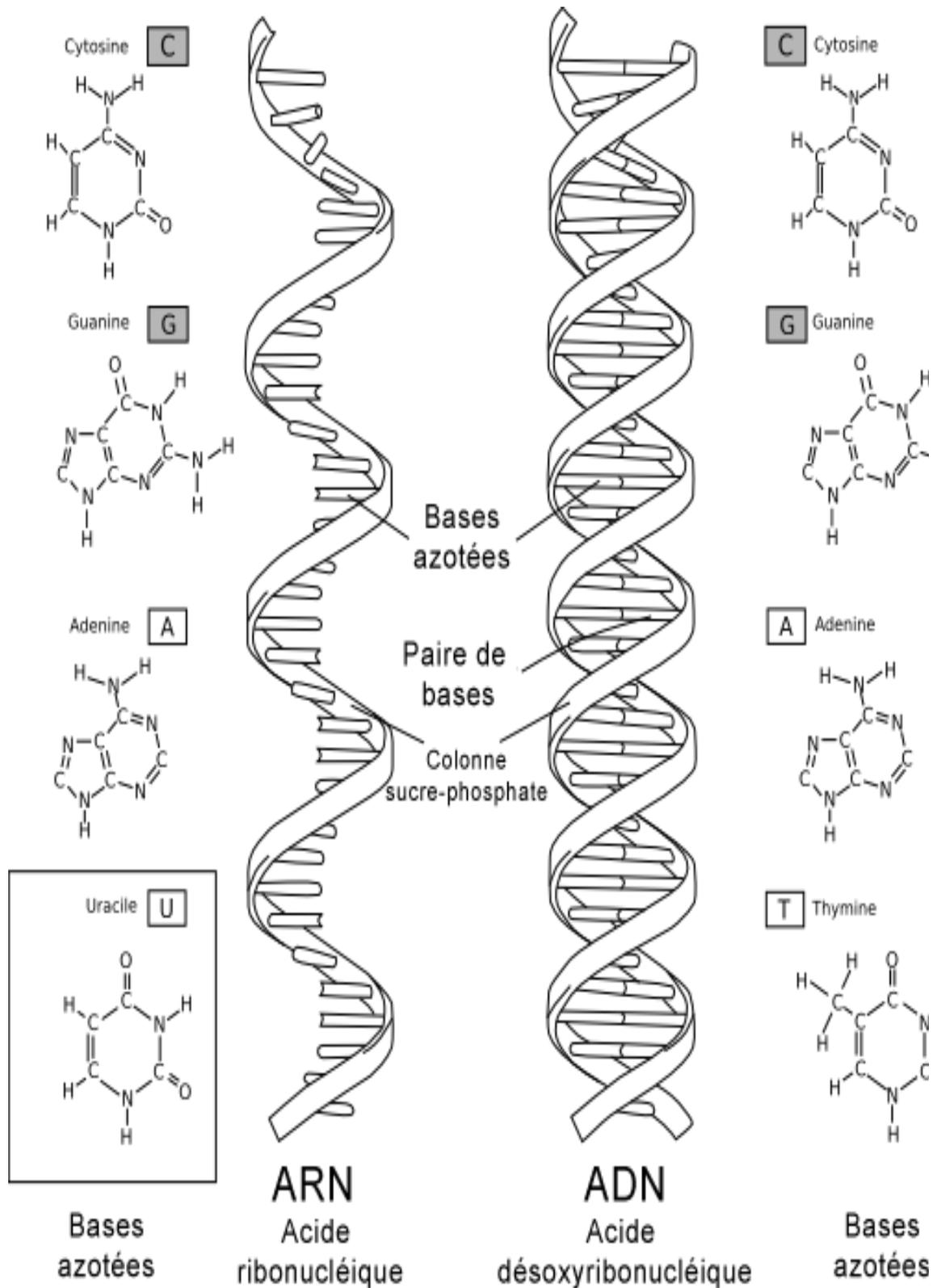
**Figure 13.14** La réparation par recombinaison.



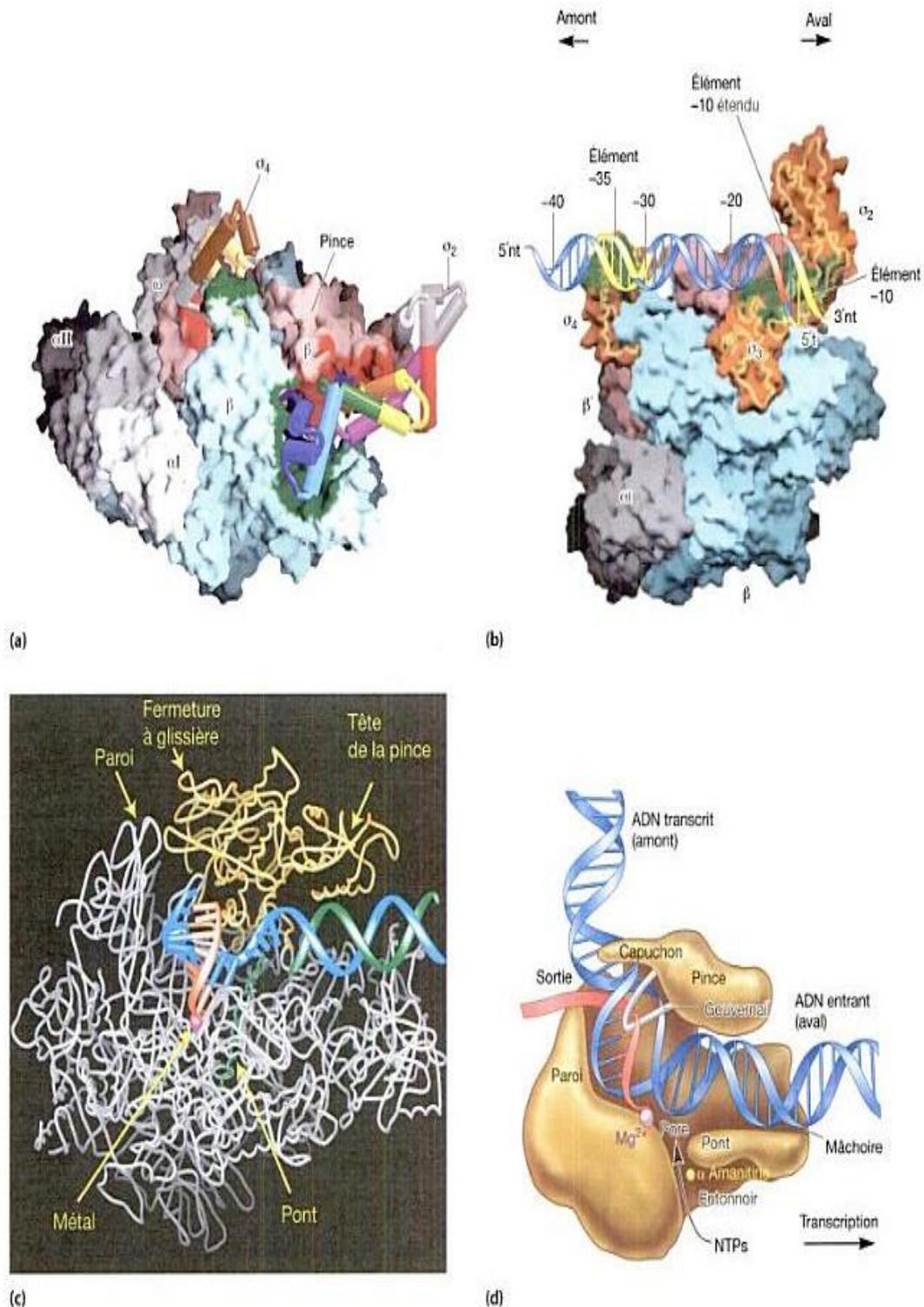
**Figure 13.10** La réparation par excision de nucléotides.



**Figure 13.11** La réparation par excision de bases.



**Figure 22. Comparaison entre l'ADN et l'ARN, les deux types d'acides nucléiques.**



**Figure 11.27 La structure de l'ARN polymérase.** La figure illustre la structure atomique de l'ARN polymérase de la bactérie *Thermus aquaticus* (a et b) et de l'ARN polymérase II de levure (c et d). (a) L'holoenzyme de l'ARN polymérase Taq est représentée avec la sous-unité  $\sigma$ , dessinée comme un squelette de carbones  $\alpha$ , avec des cylindres pour les hélices  $\alpha$ . Deux des trois domaines du facteur  $\sigma$  sont marqués. (b) Le complexe holoenzyme-ADN. La surface  $\sigma$  est rendue légèrement transparente afin de montrer le squelette de carbones  $\alpha$  à l'intérieur. Les surfaces de la protéine en contact avec l'ADN sont en vert et localisées sur le facteur  $\sigma$ . Les éléments -10 et -35 du promoteur sont en jaune. Sous cet angle, le site actif interne est couvert par la sous-unité  $\beta$ . (c) Le complexe de transcription de l'ARN polymérase II de levure. Des chaînes peptidiques ont été enlevées pour montrer l'ADN. La sphère rouge représente le métal du site actif. Une courte portion de l'hybride ADN-ARN (bleu et rouge) recouvre le métal. (d) Une vue latérale en coupe du complexe de transcription de la polymérase II, montrant le passage des acides nucléiques et certaines des parties les plus importantes. L'enzyme se déplace de la gauche vers la droite et le brin matrice d'ADN est en bleu. Une protéine « paroi » oblige l'ADN à former un angle droit et facilite l'addition des nucléosides triphosphate à l'extrémité 3' en croissance de l'ARN. L'ARN nouvellement synthétisé (en rouge) est séparé du brin matrice d'ADN et sort sous le gouvernail et le capuchon du complexe protéique de la polymérase. La figure montre aussi le site de fixation de l' $\alpha$ -amanitine, un inhibiteur de l'enzyme.

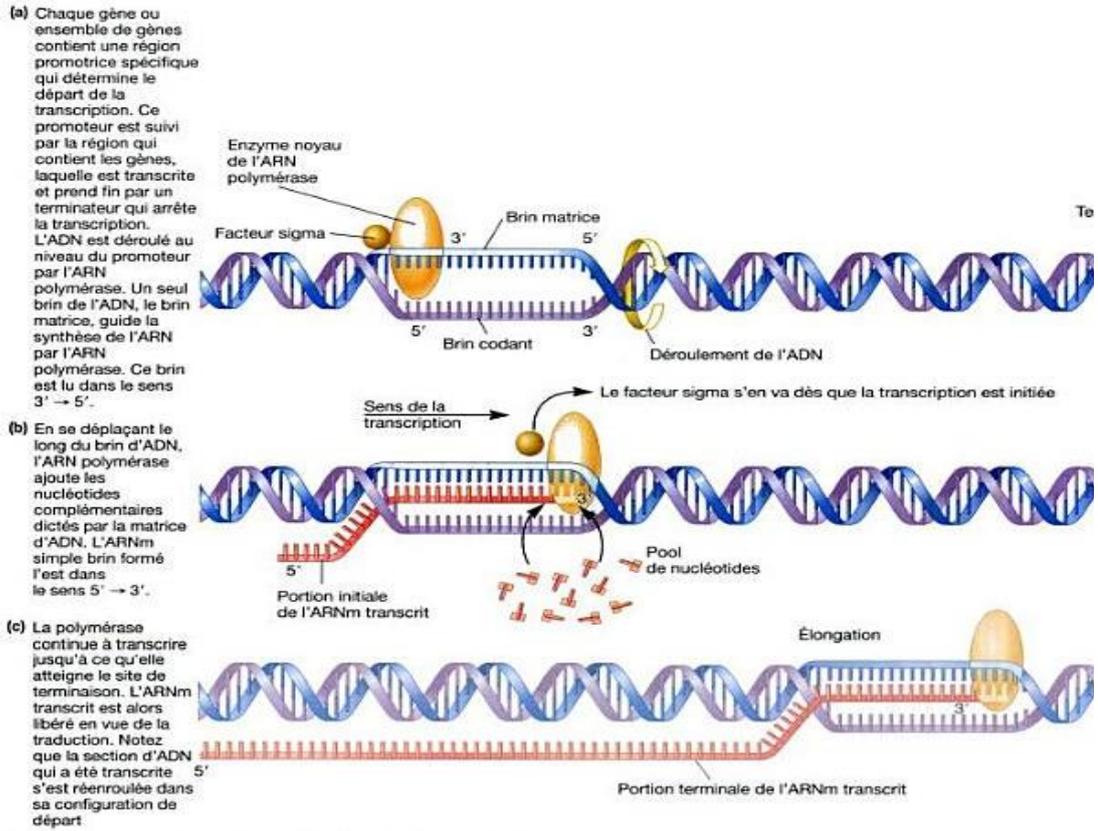


Figure 11.26 Les principaux événements de la transcription.

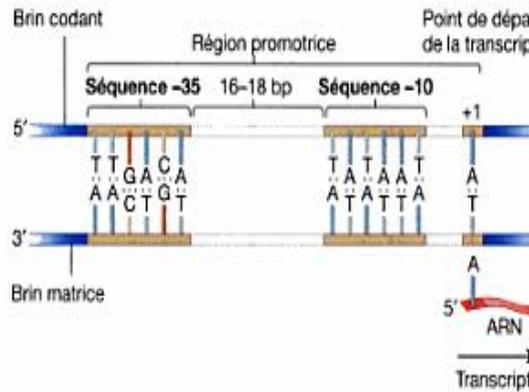


Figure 11.28 Le système de numérotation conventionnelle d promoteurs. Le premier nucléotide pris comme matrice pour la transcription reçoit le numéro + 1. La numérotation des nucléotides vers la gauche de ce point est négative, tandis que la numérotation vers la droite est positive. Par exemple, le premier nucléotide à gauche du nucléotide + 1 est numéroté - 1, et le premier nucléotide à droite de ce même nucléotide + 1 est numéroté + 2. Dans ce système, il n'y a pas de nucléotide zéro. Dans beaucoup de promoteurs bactériens, les éléments des régions - 35 et - 10 jouent un rôle clé dans la transcription.

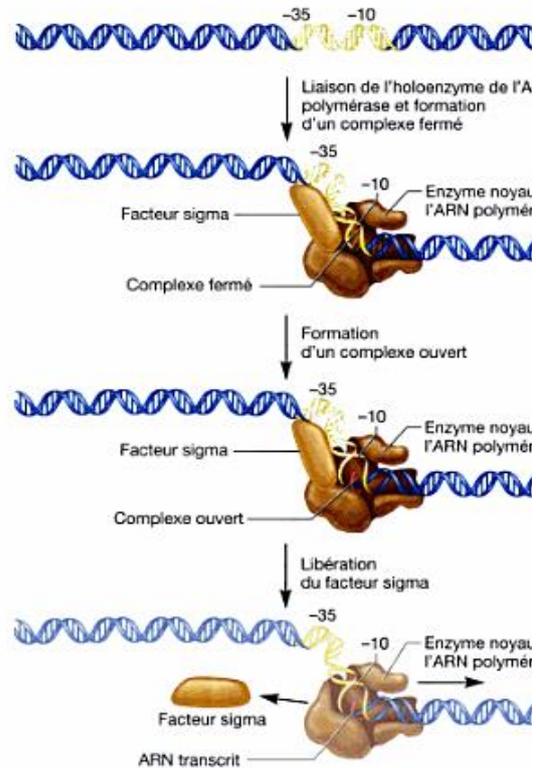
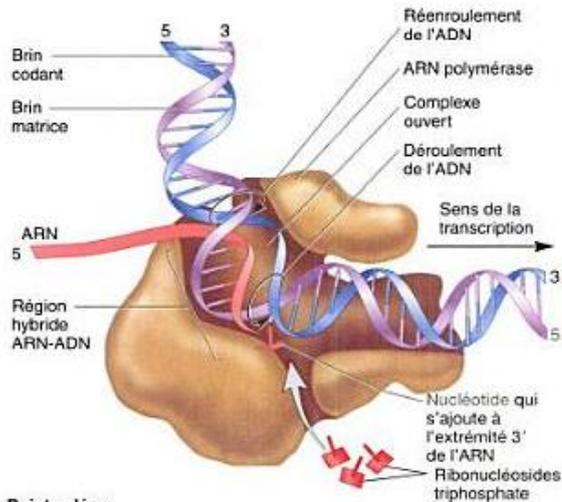


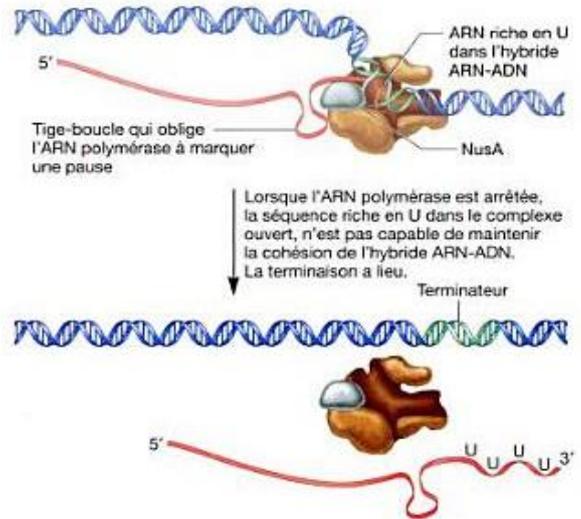
Figure 11.29 L'initiation de la transcription chez les *Bacteria*. Le facteur sigma de l'holoenzyme de l'ARN polymérase assure le positionnement correct de l'enzyme noyau sur le promoteur. Ce facteur reconnaît des régions dans le promoteur, l'une centrée à -35, l'autre à -10. Dès que l'enzyme est correctement positionnée, l'ADN se déroule à la région -10 pour former un complexe ouvert. Le facteur sigma se dissocie de l'enzyme noyau lorsque celui-ci commence à transcrire le gène.



**Points clés :**

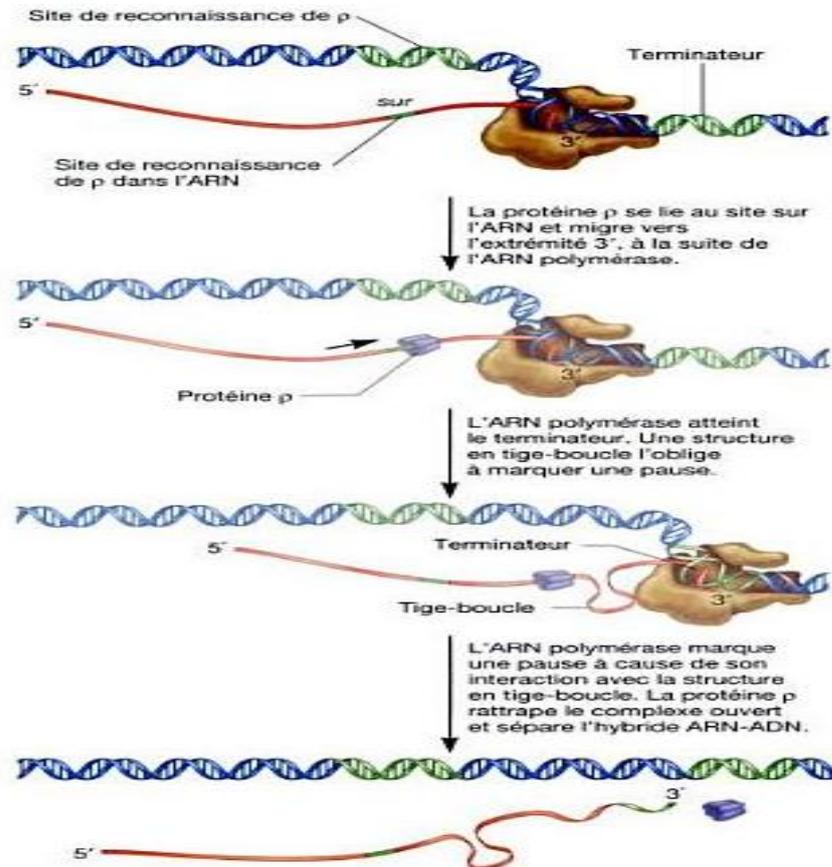
- L'ARN polymérase glisse le long de l'ADN et dans ce mouvement, crée un complexe ouvert.
- Le brin d'ADN, dit brin matrice, est utilisé pour faire une copie d'ARN complémentaire, sous forme d'un hybride ARN-ADN.
- L'ARN est synthétisé dans le sens 5' → 3', en utilisant comme précurseurs des nucléosides triphosphate (non montré).
- La règle de complémentarité est la même que la règle AT/GC, sauf que dans l'ARN, U remplace T.

**Figure 11.30** La « bulle de transcription ».

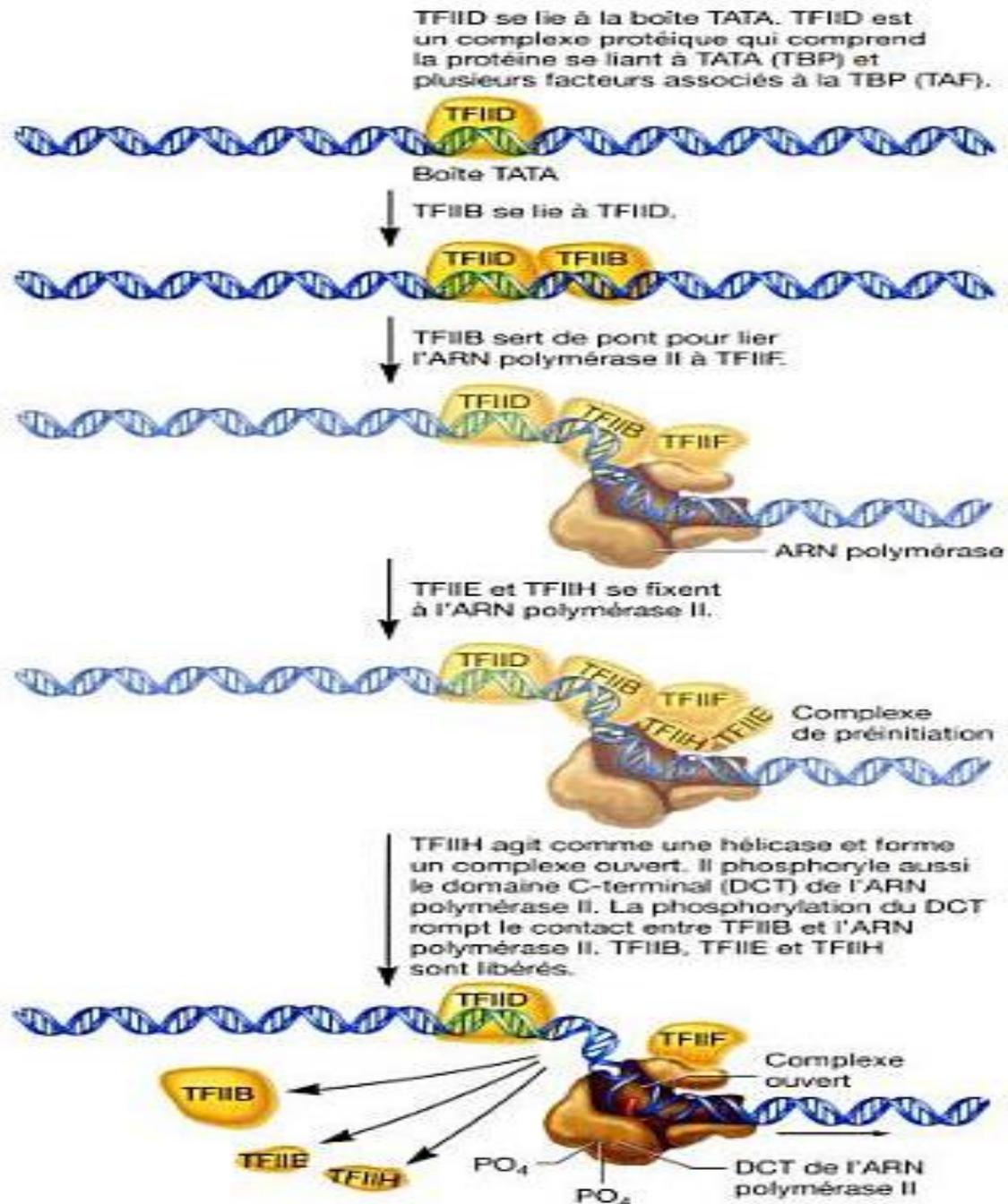


**Figure 11.31** La terminaison intrinsèque de la transcription.

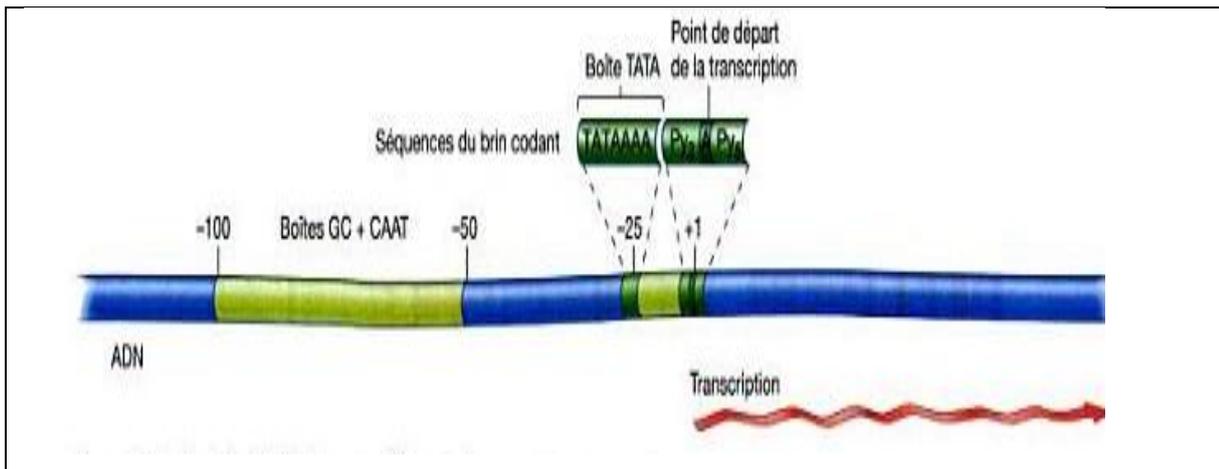
Ce type de terminateur contient une séquence riche en U, en aval d'une suite de nucléotides qui peut former une structure en tige-boucle. La formation de la tige-boucle dans l'ARN nouvellement synthétisé oblige l'ARN polymérase à marquer une pause. Cette pause est stabilisée par la protéine NusA. Les liens U-A dans la région riche en U ne sont pas assez forts pour maintenir l'ARN et l'ADN ensemble. Par conséquent, l'ARN, l'ADN et l'ARN polymérase se dissocient et la transcription s'arrête.



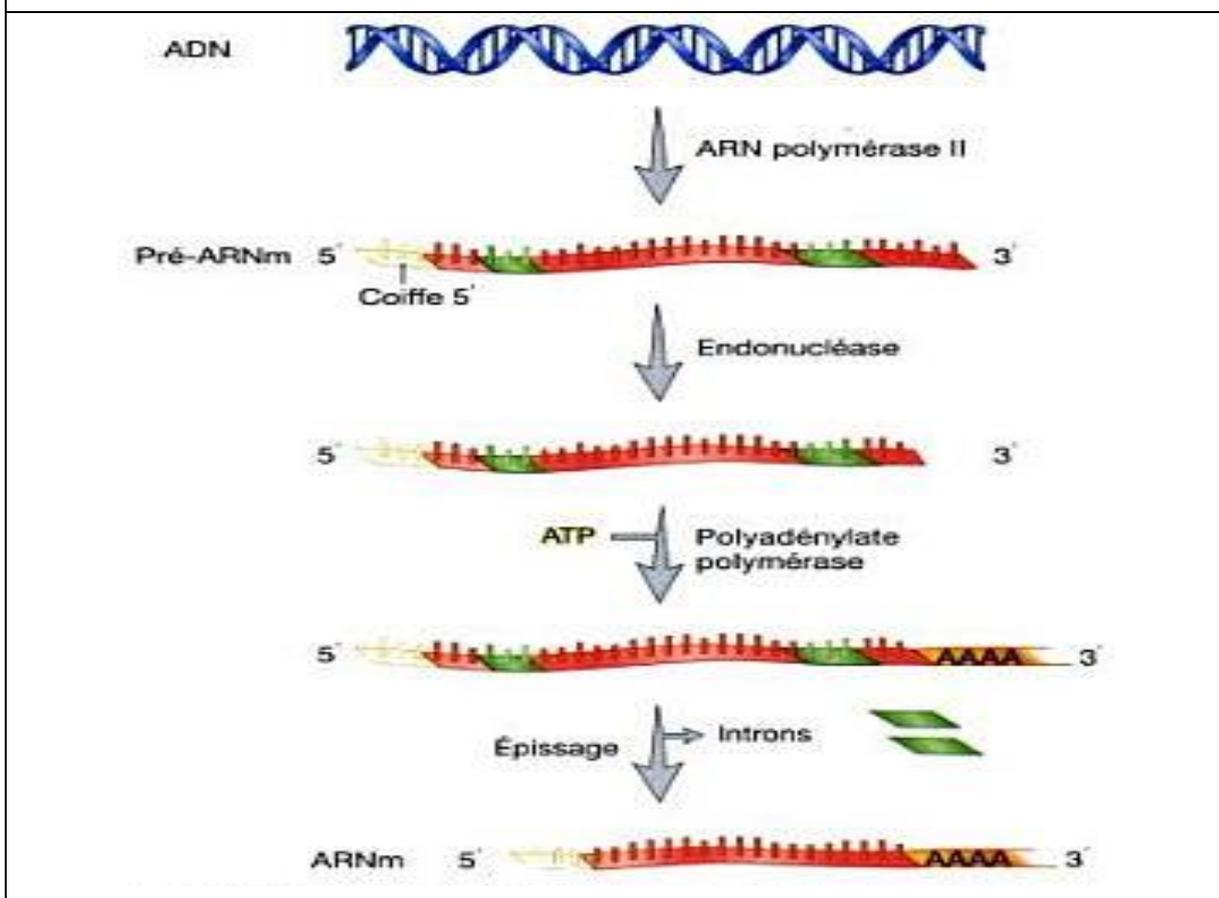
**Figure 11.32** La terminaison de la transcription dépendante du facteur rho (ρ). Le site sur signifie site d'utilisation de rho.



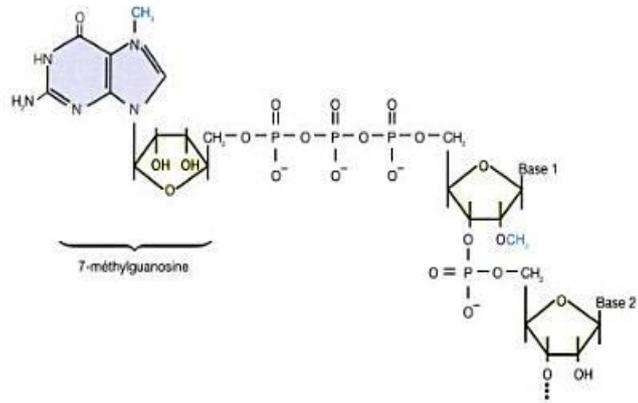
**FIGURE 32. L'initiation de la transcription chez les eucaryotes.** La boîte TATA est un composant majeur des promoteurs eucaryotes. La protéine qui se lie à TATA (TBP) fait partie d'un complexe de protéines appelé TFIID (pour : Transcription factor IID). Notez que de nombreux autres facteurs sont requis pour l'initiation de la transcription eucaryote, à la différence de ce qui se passe chez les Bacteria, où le facteur sigma suffit. L'initiation de la transcription chez les Archaea ressemble à celle observée chez les eucaryotes.



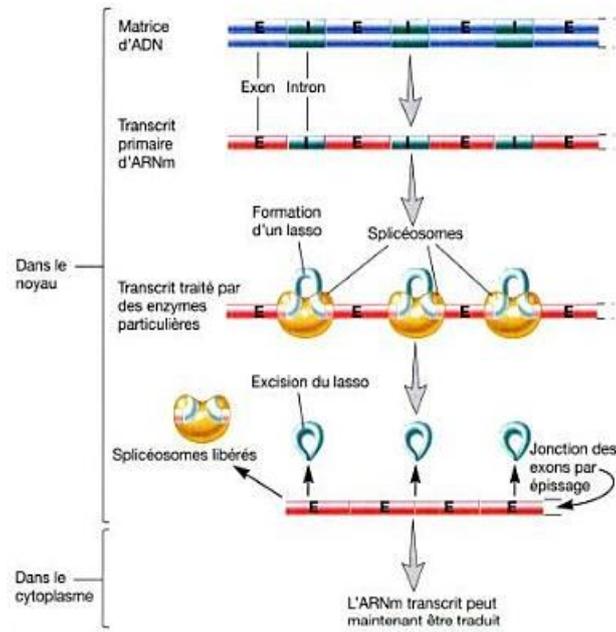
**FIGURE 33. La boîte TATA et les autres éléments des promoteurs eucaryotes.**



**FIGURE 34. La synthèse d'ARNm eucaryote.** La production de l'ARN messenger eucaryote. la coiffe 5' est ajoutée peu de temps après le début de la synthèse.



**Figure 11.36** La coiffe 5' de l'ARNm eucaryote. Les groupes méthyle sont en bleu.



**FIGURE 35.** L'épissage des molécules d'ARNm eucaryote