

1. Le Matériel génétique

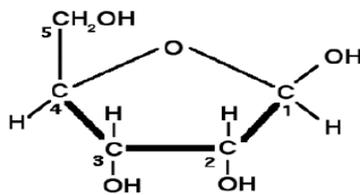
Les molécules biologiques qui contiennent l'information génétique sont les acides nucléiques.

1. Nature chimique (composition) du matériel génétique :

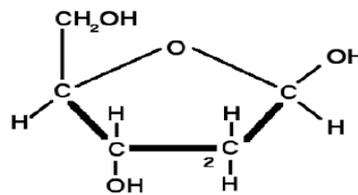
Les acides nucléiques sont composés de molécules simples : acide phosphorique (H_3PO_4), bases azotées (A, G, T, C, U) et sucres (ribose, désoxyribose).

1.1. Les sucres :

- **Le ribose** : c'est un pentose de la série D qui entre dans la composition de l'ARN.
- **Le désoxyribose** : c'est un composant de l'ADN. Il est dérivé du ribose par une réduction de la fonction alcool du Carbone 2.



β -D-Ribose



2-désoxy- β -D-Ribose

1.2. Les bases azotées : ce sont des molécules aromatiques dont le noyau est soit une purine soit une pyrimidine.

1.2.1. Les bases puriques : elles sont en nombre de deux, l'Adénine (A) et la Guanine (G).

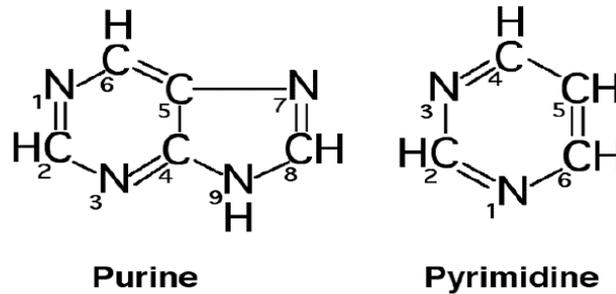
Elles comportent à gauche un cycle de 4 carbones et 2 azotes et à droite un cycle pentagonal qui comporte 3 carbones (C) et 2 azotes (N).

- **L'adénine** est constituée d'un noyau purique dont le C_6 porte une fonction amine (NH_2).
- **La guanine** est constituée d'un noyau purique dont le C_2 porte une fonction amine (NH_2) et le C_6 une fonction cétone (C=O).

1.2.2. Les bases pyrimidines : elles sont en nombre de trois, la Cytosine (C), la Thymine (T) et l'Uracile (U). Ces bases ont un noyau hexagonal de 4 carbones et 2 azotes.

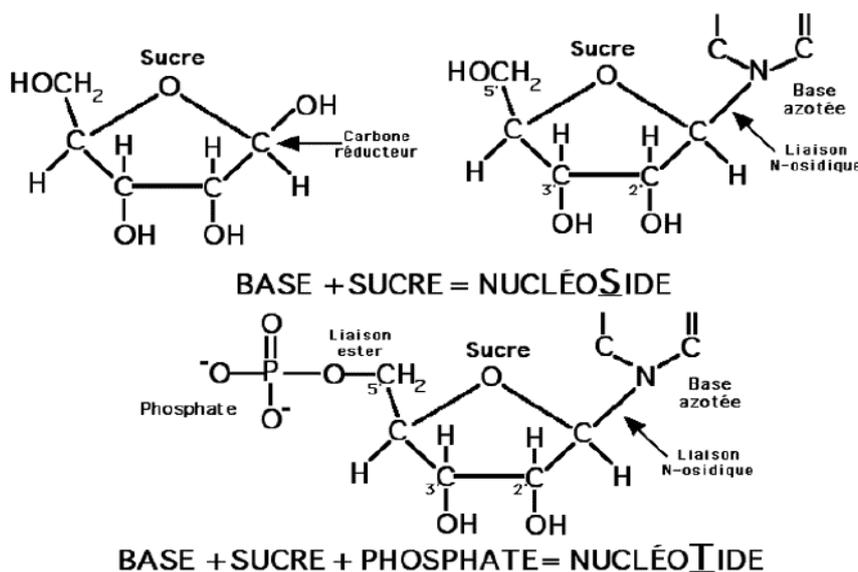
- **La cytosine** : est constituée d'un noyau pyrimidique dont le C_4 porte une fonction amine et le C_2 une fonction cétone.

- **L'uracile** : est constituée d'un noyau pyrimidique dont le C₂ et le C₄ portent une fonction cétone.
- **La thymine** : est constituée d'un noyau pyrimidique dont le C₂ et le C₄ portent une fonction cétone mais le C₅ porte une fonction méthyl (CH₃).

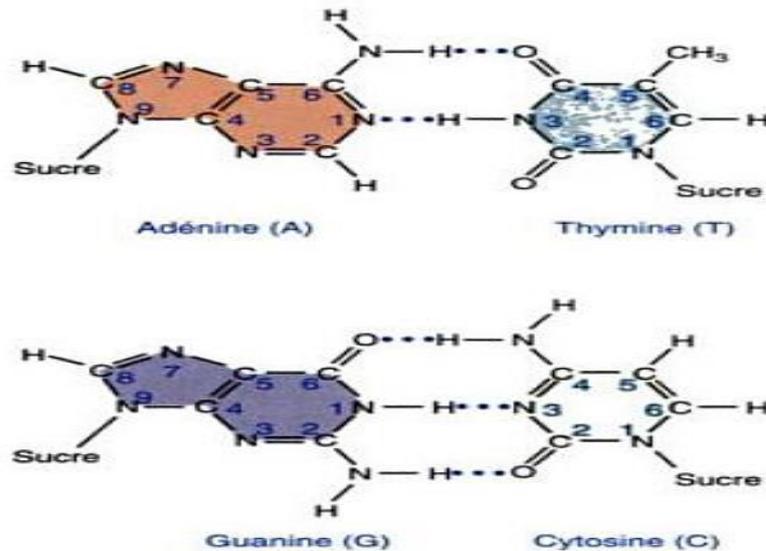


1.3. Les nucléosides : un nucléoside est une molécule composée d'un pentose et d'une base azotée (A, G, T, C, U) reliés par une liaison appelée N-osidique.

1.4. Les nucléotides : ce sont des esters phosphoriques des nucléosides. C'est la condensation de plusieurs nucléotides liés par des liaisons phospho-diester qui conduit à la formation des acides nucléiques. Lors de ce processus, les liaisons phospho-diester entre le carbone 3 du premier nucléotide et le carbone 5 du nucléotide suivant définissent un sens. Le début de la chaîne d'acide nucléique est le phosphate 5' du premier nucléotide, ce dernier n'est lié à aucun autre nucléotide, et la fin correspond à la fonction alcool en 3' du dernier nucléotide qui n'est pas estérifié. La formation de nouvelles molécules d'acides nucléiques suit toujours le sens 5'→3'. Les nucléotides entrant dans la composition des acides nucléiques sont : AMP (Adénosine monophosphate), TMP (Thymine MP), GMP (Guanosine MP), CMP (Cytosine MP) et UMP (Uridine MP).



1.5. L'hybridation : lorsqu'un acide nucléique est en solution, il se forme des liaisons hydrogènes associant les nucléotides deux à deux de sorte qu'un nucléotide à adénine AMP se lie avec un nucléotide à thymine TMP et un nucléotide à guanine GMP se lie avec un nucléotide à cytosine. On désigne cette liaison par le terme d'hybridation. Il faut noter que l'hybridation Adénine – Thymine (2 liaisons hydrogènes) est moins stable que celle entre la guanine et la cytosine (3 liaisons hydrogènes).



2. Structure des acides nucléiques :

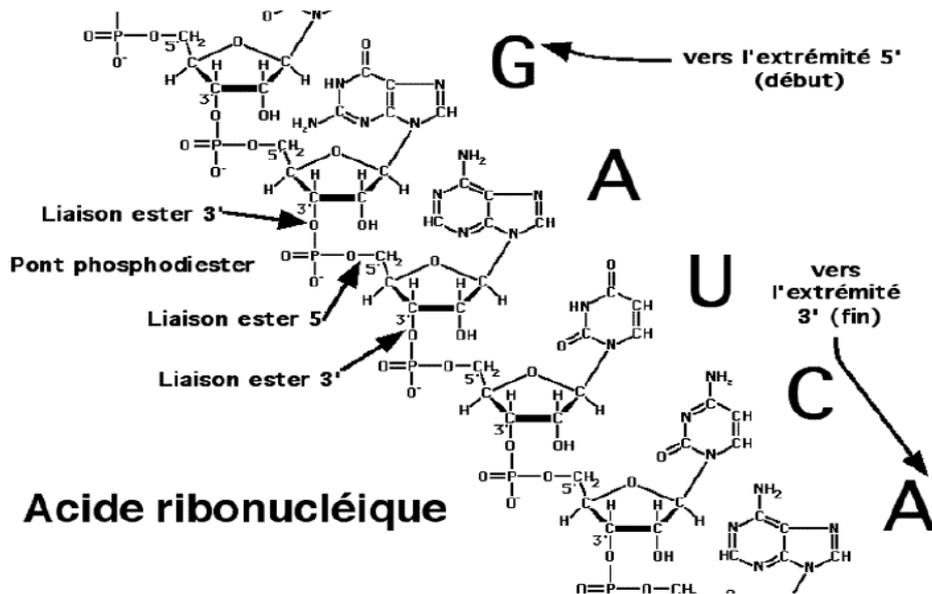
Les acides nucléiques sont en nombre de deux : l'ADN, support de l'information génétique, et l'ARN.

2.1. L'ARN (acide ribonucléique) :

Il s'agit d'une macromolécule à chaîne simple (simple brin, monocaténaire) dont les composants sont le β -D-ribose, le phosphate et les bases azotées adénine, uracile, cytosine et guanine.

Les nucléotides des ARN peuvent quelques fois s'autohybrider et conduire à des structures secondaires en forme de plis ou épingle à cheveux.

Selon leurs fonctions, on distingue plusieurs espèces d'ARN dont l'ARNr (ribosomique) qui participe à la structure des ribosomes, les ARNt (de transfert) qui sont des transporteurs des acides aminés durant la traduction et l'ARNm qui est le produit de la transcription d'une séquence d'ADN portant l'information génétique à traduire.



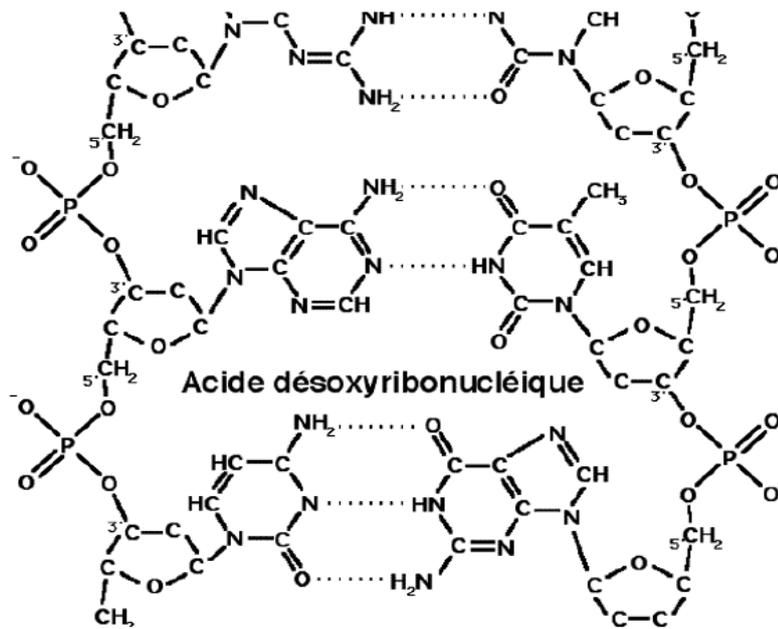
2.2. L'ADN (acide désoxyribonucléique) :

L'ADN est constitué de désoxyribose, de phosphate et des bases azotées adénine, thymine, cytosine et guanine. Dans ces macromolécules, les bases azotées liées par des liaisons hydrogènes sont tournées vers l'intérieur (hydrophobes) tandis que les sucres et les acides phosphoriques sont tournés vers l'extérieur (hydrophiles).

Les macromolécules d'ADN sont formées de deux chaînes de polynucléotides hybridés deux à deux sur toute leur longueur (molécules bicaténaires, double brin). Ces deux chaînes sont antiparallèles (ont des polarités opposées) : l'extrémité 5' de l'une est du côté de l'extrémité 3' de l'autre.

Pour que tous les nucléotides d'une chaîne puissent s'hybrider, il faut que l'ordre dans lequel ils sont liés ensemble soit complémentaire de la chaîne opposée. Il faut noter que la chaleur peut dissocier les deux chaînes, c'est la fusion de l'ADN. Cette fusion est réversible et donc les deux chaînes peuvent s'hybrider à nouveau : lorsqu'on fait descendre la température progressivement, la molécule d'ADN reprendra sa forme initiale ; cependant, lorsqu'on la fait descendre brusquement, les deux brins restent séparés.

Dans tous les ADN, il existe autant de molécules de thymine que de molécules d'adénine, et autant de molécules de cytosine que de molécules de guanine (règle de Chargaff).



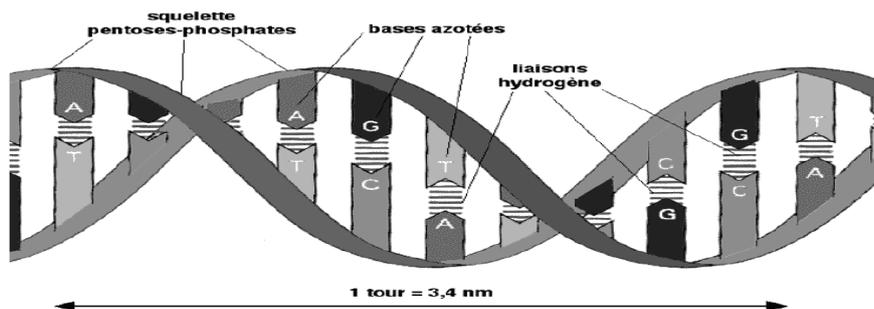
2.2.1. La structure en double hélice de l'ADN :

Cette structure a été découverte par Watson et Crick (1953) : l'ADN est formé de deux chaînes polynucléotidiques enroulées l'une autour de l'autre pour former la double hélice. Cette double hélice effectue un tour toutes les 10 paires de bases (pb). Le pas de l'hélice est d'environ 3,4 nm (34 Å), la distance moyenne entre deux bases est d'environ 0,34 nm et l'hélice a un diamètre d'environ 2,37 nm.

La double hélice d'ADN est dextre : le squelette glucide- phosphate est orienté à droite.

La double hélice n'est pas régulière : on peut distinguer un sillon majeur et un sillon mineur. Ces éléments d'irrégularité sont importants au niveau de ses interactions avec les protéines, de sa réplication et de l'expression de l'information génétique.

La stabilité de la structure en double de l'ADN est maintenue par les hydrogènes entre les bases azotées complémentaires, les interactions hydrophobes entre les bases puriques et pyrimidiques, les forces de Van der Waals et par certains cations.



2.2.2. Les différentes formes de la double hélice :

La forme présente de façon fréquente dans les cellules est appelée ADN-B. Une autre forme légèrement plus compacte est appelée ADN-A. On peut également citer les formes C, D, E, dont l'hélice est sénestre et la forme Z à hélice dextre.

2.2.3. La fonction de l'ADN :

L'ADN est le support de toute information génétique et il permet la conservation de celle-ci grâce à sa capacité de se répliquer et au fait qu'il peut être transcrit puis traduit en protéines.

L'ensemble de l'information génétique (le contenu en ADN) d'un organisme vivant qui est transmise à sa descendance est appelée **génome**. L'information génétique transmise par chacun des parents à un enfant est, ainsi, dite génome haploïde.

Ce génome peut s'inscrire en des millions voire des milliards de lettres (A, T, G, C) et les protéines du noyau savent chercher sur le brin de la double hélice des suites de lettres (séquence) sur lesquelles elles se fixent spécifiquement. Les effets de cette fixation de protéines sur l'ADN vont permettre l'expression de l'information contenue dans l'ADN pour faire vivre un individu.

Le **génome** contient des **gènes** et des **séquences intergéniques**. Ce sont les gènes qui contiennent l'information qui sera traduite en protéines. La taille des génomes varie d'une espèce à l'autre. Il n'y a pas de stricte proportionnalité entre taille du génome et nombre de gènes. Les espèces à très grand génome possèdent de très nombreuses séquences non codantes répétées. Ainsi, Les **gènes**, eux même, peuvent contenir des séquences codantes appelés **exons** et d'autres non codantes qu'on appelle **introns**. Seuls les exons sont traduits en protéines.