



[www.facebook.com/ pg/ DomaineSNV](http://www.facebook.com/pg/DomaineSNV)



Module de génétique

Deuxième Année SNV (LMD)

2013/2014

Présenté par: LAHRECH N.

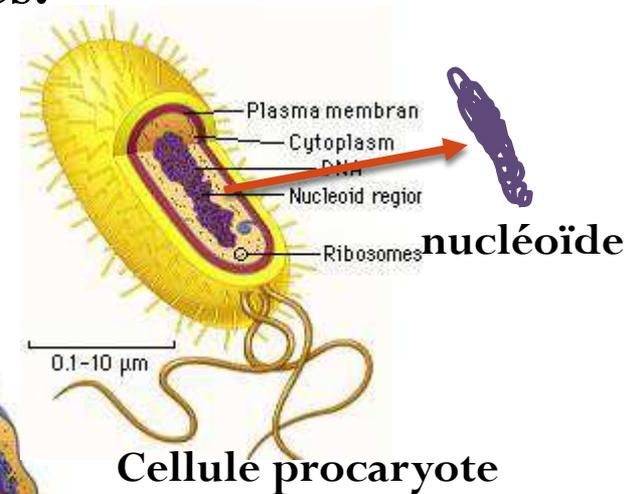
Domaine SNV : Biologie, Agronomie, Science Alimentaire, Ecologie

1. Matériel génétique

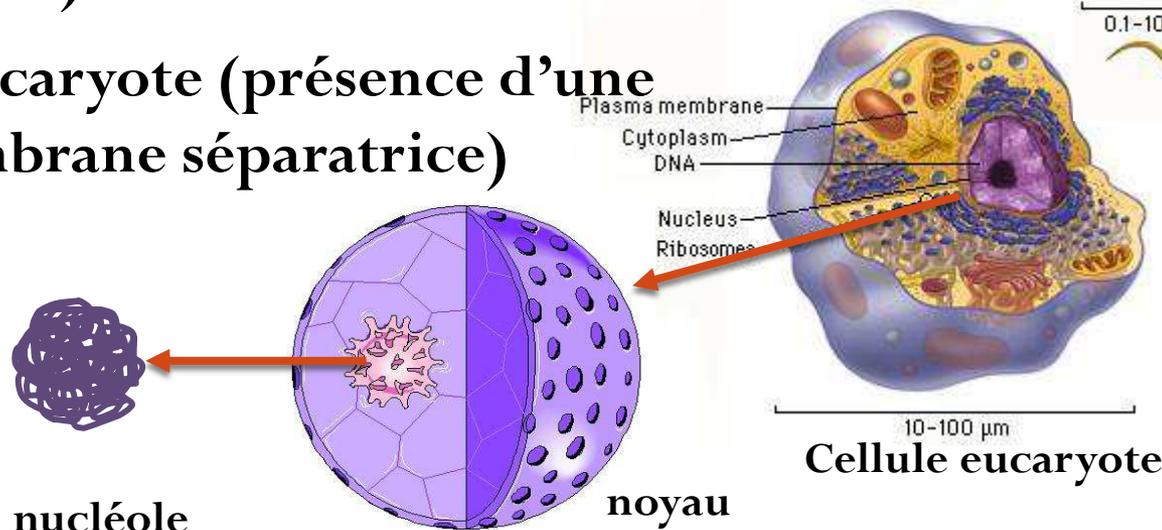
Chromosomes

Chromosome = support de l'information génétique
Toutes les cellules disposent de structures porteuses d'information génétique (gènes): ce sont les chromosomes constitués essentiellement d'ADN et de protéines de structure; à considérer séparément selon les organismes:

- Procaryotes (absence d'une membrane isolant les chromosomes du reste de la cellule) Chromosome = **Chromonème**
- Eucaryote (présence d'une membrane séparatrice)



Cellule procaryote



Cellule eucaryote

Chromosomes

Organisation en chromosomes:

Les chromosomes eucaryotes:

- Concentrés au sein du noyau, leur nombre, leur taille et leur forme varie d'une espèce à une autre
- visibles au microscope optique après coloration, ne sont parfaitement individualisables qu'en métaphase (maximum de condensation)



Microscope optique



Microscope électronique

Chromosomes

Structures et type de chromosomes :

L'étude de structure est établie en métaphase, c'est le moment où les filaments de chromatine qui les constituent sont très denses (hautement spiralés)

- **Chromatine** : c'est la forme de l'ADN associée aux protéines (histone) compactée en **nucléosome**, on distingue:
 - **Euchromatine** : peu condensée et accessible aux ARN polymérases
 - **Hétérochromatine** : très condensée et inaccessible aux ARN polymérases
 - **Chromomères** : ce sont les structures qui donnent la coloration particulière aux chromosomes
 - **Chromatides**: correspondent aux deux bras qui constituent le chromosome. En métaphase, chaque chromosome est constitué de 2 chromatides sœurs

Chromosome
à 1 chromatide

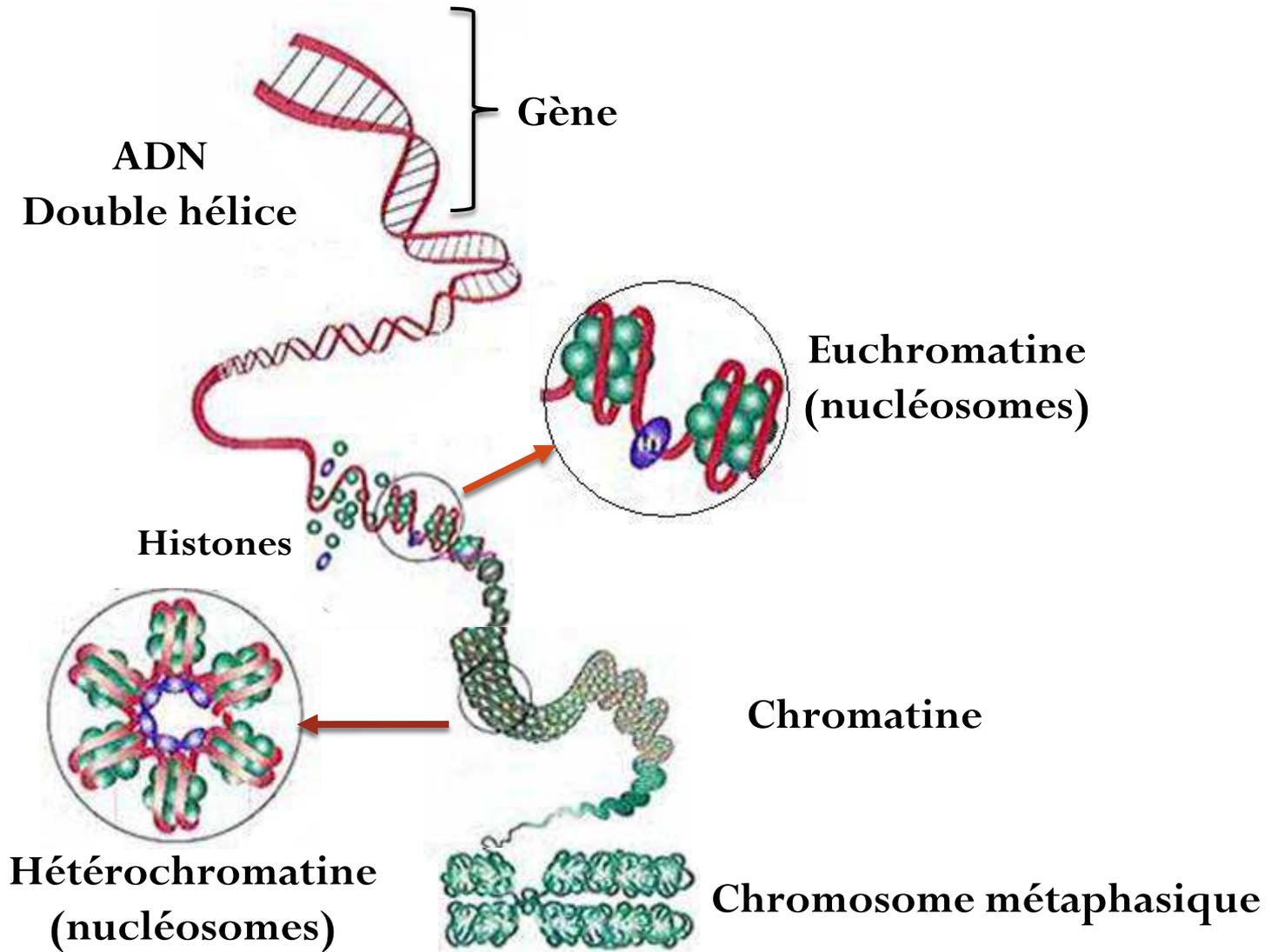


Métaphase
(réplication de l'ADN)



Chromosome
à 2 chromatides

Chromosomes

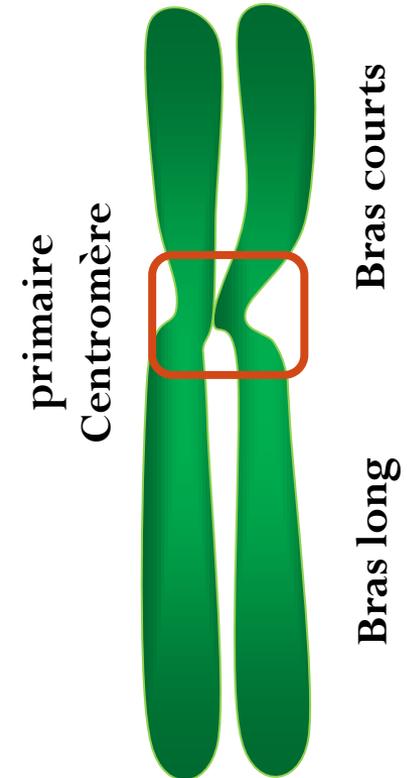


Modèle de compactage de l'ADN

Chromosomes

Constriction:

- **primaire**: correspond au centromère (zone où les 2 chromatides sont moins épaisses mais très condensées et étroitement accolées)
- le centromère sépare le chromosome en 2 bras
- Sa position est toujours la même pour un chromosome donné
- Le centromère est un ADN condensé qui est responsable de la ségrégation (séparation) précise des chromosomes fils.
- **secondaire**: ce sont aussi des zones où les chromatides sont moins épaisses; position stable pour un chromosome donné



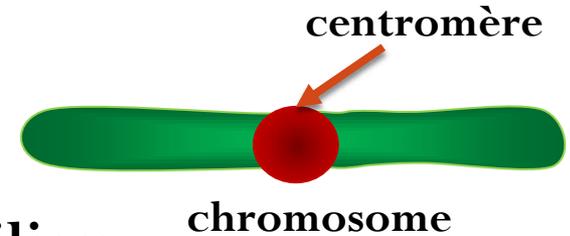
Centromère

Schémas des différentes constrictions

Chromosomes

Type de chromosome: ils sont classés selon la position du centromère sur le chromosome

- **Métacentrique:** centromère au milieu



- **Sub-Métacentrique:** centromère proche au milieu



- **Télocentrique:** centromère proche de l'extrémité



- **Acrocentrique:** centromère confondu avec l'extrémité



- **Indice centrométrique:** longueur bras court / longueur bras long

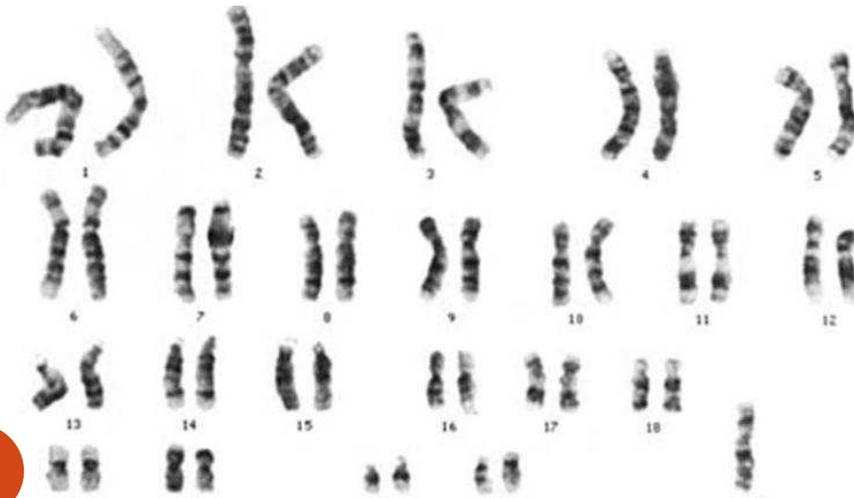
Chromosomes

Bandes chromosomiques:

- grâce aux diverses techniques de coloration, il est possible de faire apparaître des bandes caractéristiques sur les chromosomes
- les bandes colorées alternent avec les bandes claires non colorées
- les bandes foncées indiquent une concentration plus accentuée (hétérochromatine)
- les bandes claires indiquent une faible densité
- les **chromosomes homologues** possèdent des profils identiques



Chromosomes homologues



Bandes alternées:
sombre / claire

Se trouvent à des endroits
différents

Très caractéristiques des
chromosomes des espèces

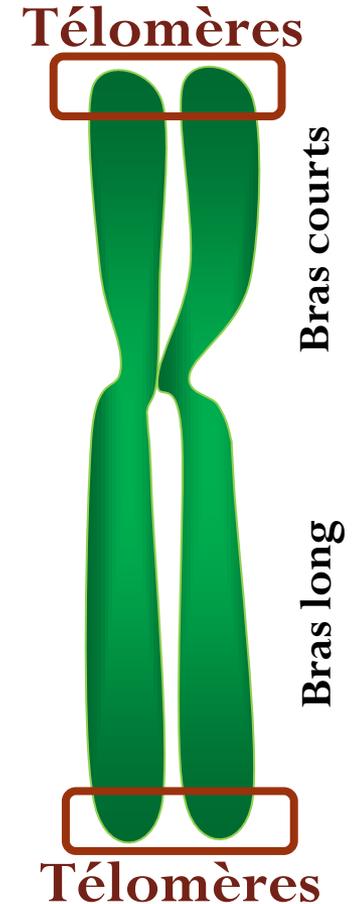
Chromosomes

Télomères:

- ce sont les extrémités des chromosomes
- assurent la protection de ces extrémités de la dégradation

Les télomères sont indispensables pour la réplication et la stabilité des chromosomes. Ils sont en générale hétérochromatiques et contiennent des séquences répétées en tandem, dans le même sens, le motif répété est souvent de la forme :

Espèce	Motif télomérique
<i>Arabidopsis</i>	TTAGGG
Homme	TTAGGG



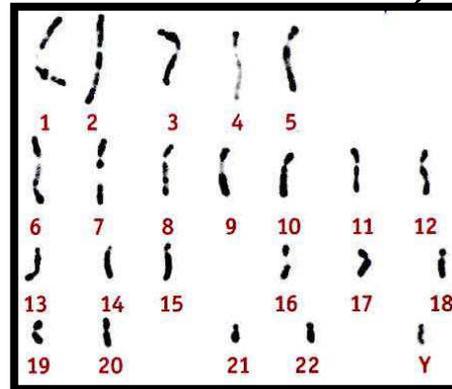
Chromosomes

Nombre:

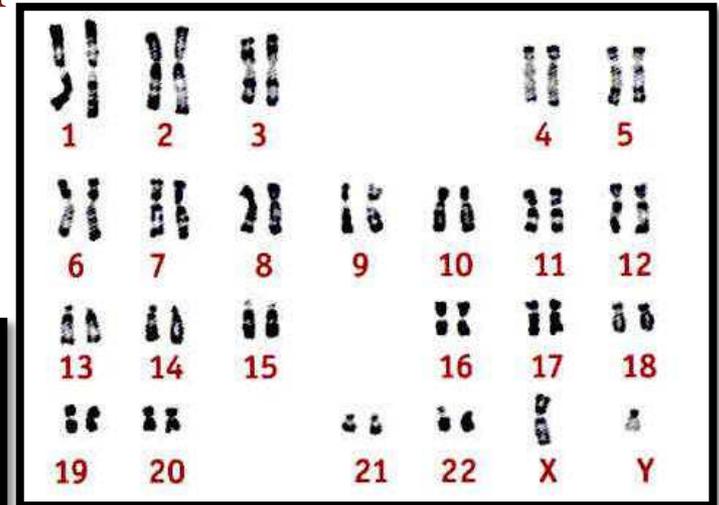
- varie largement selon les espèces
- chez la plupart des espèces les chromosomes sont groupés par paire (chromosomes homologues) on dit qu'ils sont **diploïdes**
- chaque cellule somatique possède **2** lots de **n** chromosomes
- chaque lot est appelé « **lot haploïde** » s'écrit **n** chromosomes
- l'écriture **2n** correspond au nombre **diploïde**

Homme: $2n = 46$ et $n = 23$

⇔ 23 paires de chromosomes
($n =$ nombre de base)



Caryotype de gamète

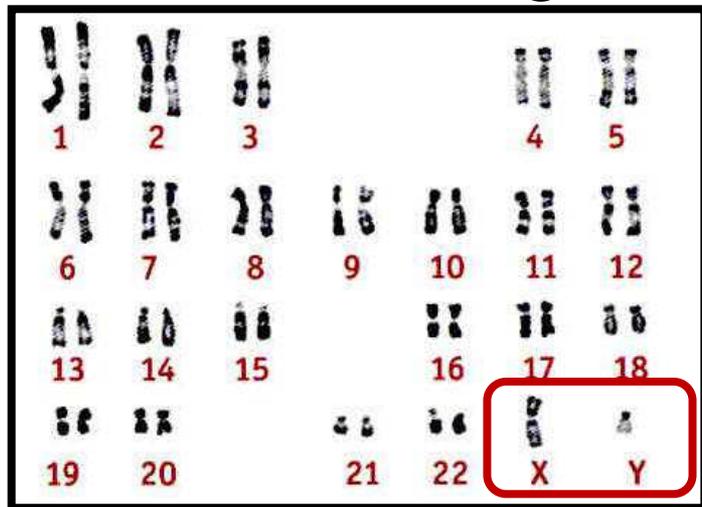


Caryotype d'homme

Chromosomes

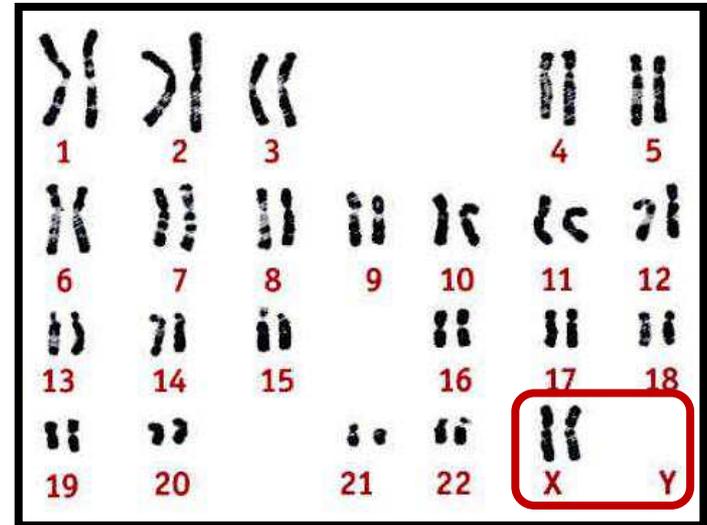
Hétérosomes et autosomes:

- pour de nombreuses espèces l'une des paires de chromosomes peut être morphologiquement différente d'un sexe à l'autre, ce sont des **hétérosomes**
- ils interviennent dans la détermination du sexe ce sont des chromosomes sexuels
- les autres paires ne sont pas sexuelles. Sont constituées de chromosomes homologues semblables, ce sont des **autosomes**



hétérosomes

Caryotype d'homme



hétérosomes

Caryotype de femme

Chromosomes

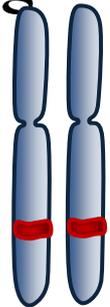
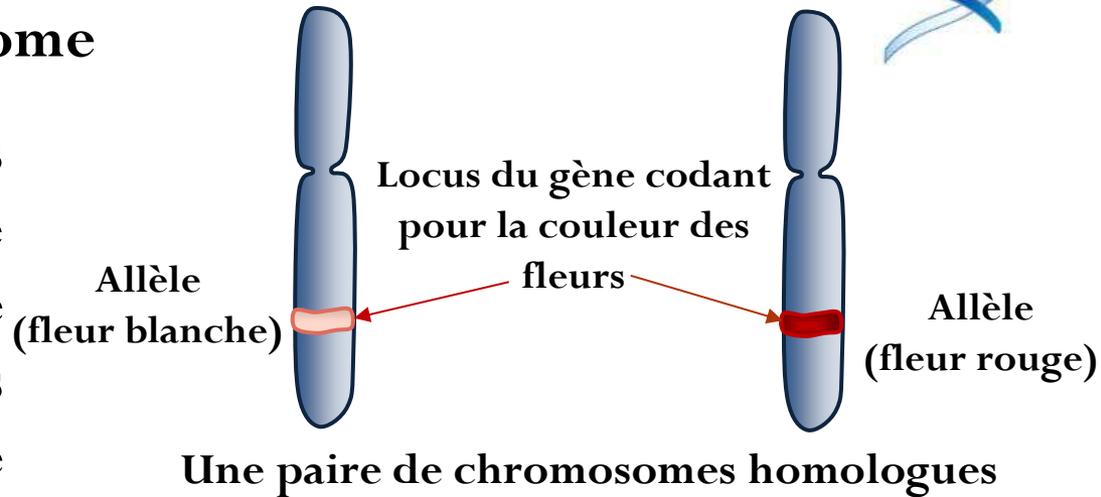
Gène :

un gène est l'unité d'information génétique, il est constitué d'une séquence d'acide désoxyribonucléique (ADN).



Un **locus** (pluriel, **loci**): position spécifique occupée par un gène donné sur un chromosome

Un **Allèle** : à un locus donné, forme particulière que prend le gène déterminant l'un des états possibles du caractère codé par ce gène



Etat d'une cellule ou d'un individu dont les allèles à un même locus sont identiques

13

Homozygote



Etat d'une cellule ou d'un individu dont les allèles à un même locus sont différents

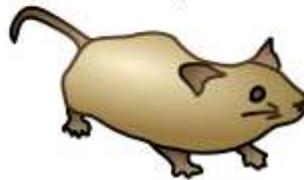
Hétérozygote

Nature chimique du matériel génétique :

Deux expériences fondamentales ont conduit à la découverte de l'ADN comme matériel génétique.

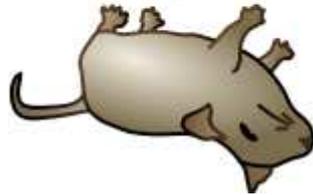
I. En 1928 Griffith réalise une expérience mettant en évidence le principe transformant chez les bactéries pneumocoques

Souche rugueuse
(non virulente *R*)



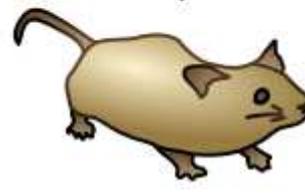
Souris vivantes

Souche lisse
(virulente *S*)



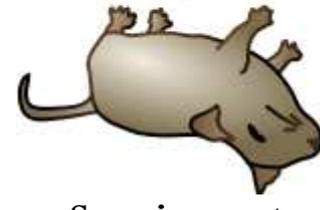
Souris mortes

Souche lisse
morte



Souris vivantes

Souche rugueuse vivante
et souche lisse morte



Souris mortes

Nature chimique du matériel génétique :

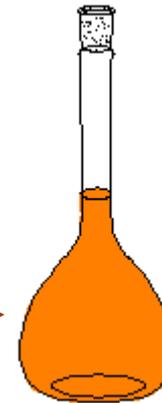
Il en conclut qu'un "**principe transformant**" était passé des bactéries mortes *S*  aux bactéries vivantes non virulentes *R* & avait transformé celles-ci en type virulent *S*

II. De 1928 à 1944 Avery, MacLeod et McCarty ont simplifié l'expérience car ils ont constaté que l'intégrité physique de la cellule n'est pas indispensable pour la transformation des bactéries *R* en *S*

La température tue les souches virulentes *S*



Après homogénéisation et filtration

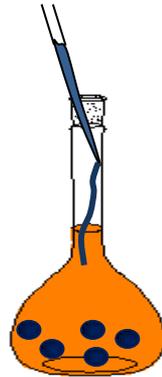


Extrait cellulaire de *S*

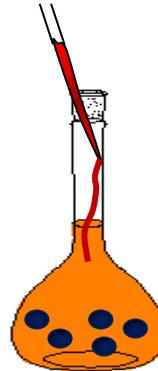
Nature chimique du matériel génétique :

L'extrait obtenu et fractionné par l'ajout d'ARNase de protéase d'ADNase

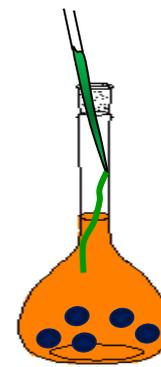
ARNase



Protéase

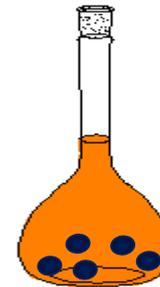
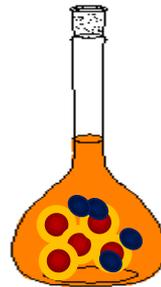
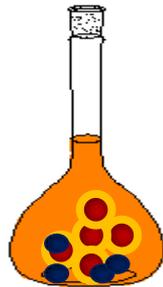


ADNase



Dans ces échantillons traités ont mis en culture les souches bactériennes non virulentes *R*

Les résultats



Les souches bactériennes virulentes *S* et *R*

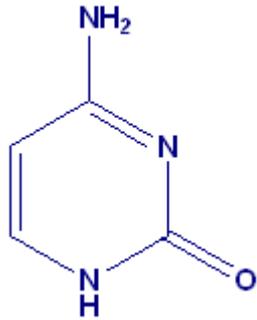
Uniquement la souche bactérienne non virulente *R*

Conclusion: parce que l'ADNase a détruit la substance transformante on constate que la molécule responsable de la transformation est l'ADN

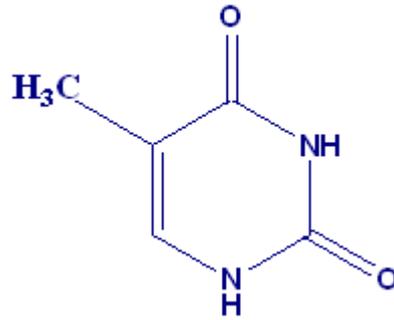
Nature chimique du matériel génétique :

Bases azotées:

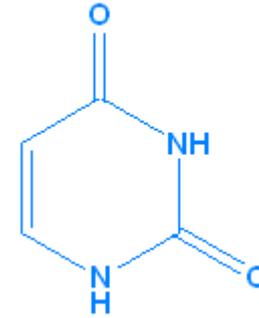
Pyrimidiques



Cytosine « C »

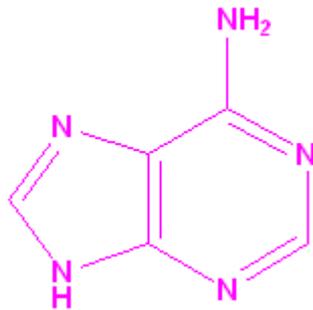


Thymine « T »(ADN)

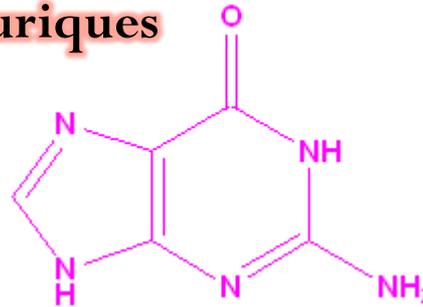


Uracile « U »(ARN)

Puriques

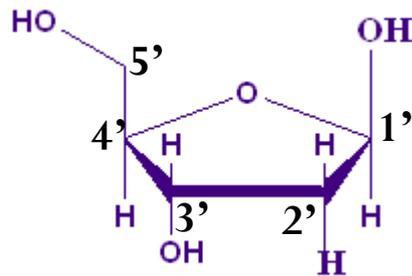


Adénine « A »

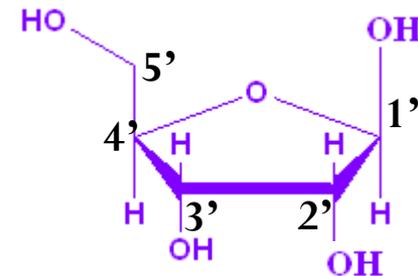


Guanine « G »

Sucres



désoxyribose (ADN)

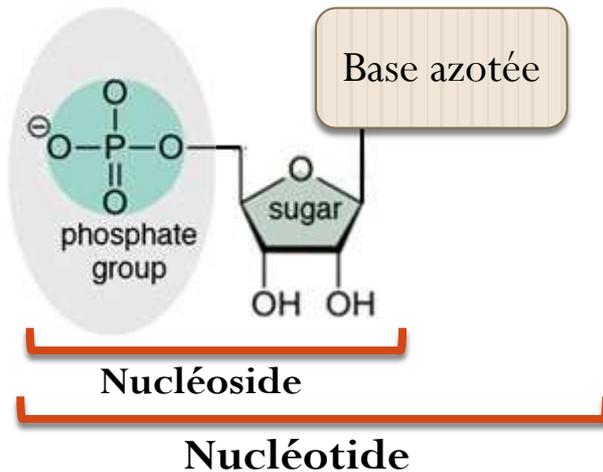


Ribose (ARN)

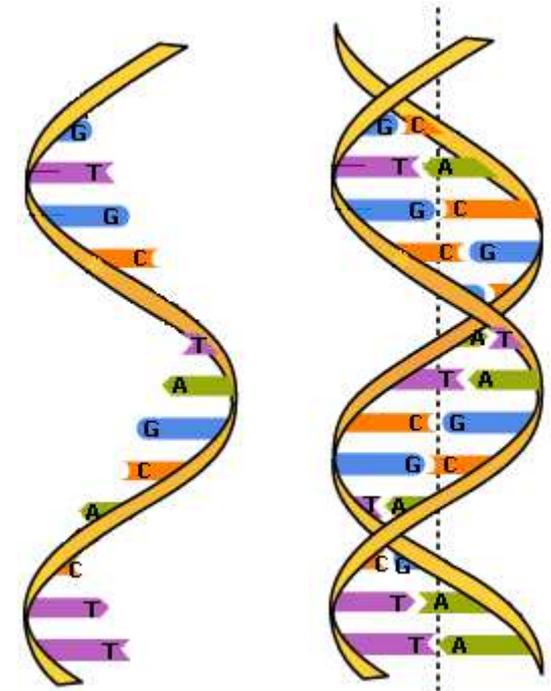
Nature chimique du matériel génétique :

Les acides nucléiques:

1. l'ADN : l'acide désoxyribonucléique, macromolécule structuré en **double hélice** droite, composée de deux brins complémentaires chaque **brin d'ADN** est constitué d'un enchainement de **nucléotides**



Constitué de trois parties: d'un sucre, le désoxyribose, d'un groupement phosphate et d'une base azotée. Le nucléotide comporte l'une des quatre bases azotées

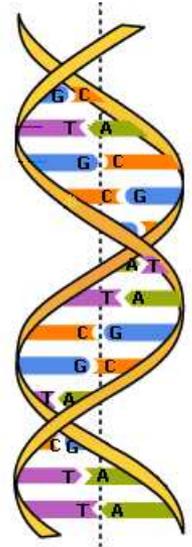


Brin d'ADN

Double hélice d'ADN

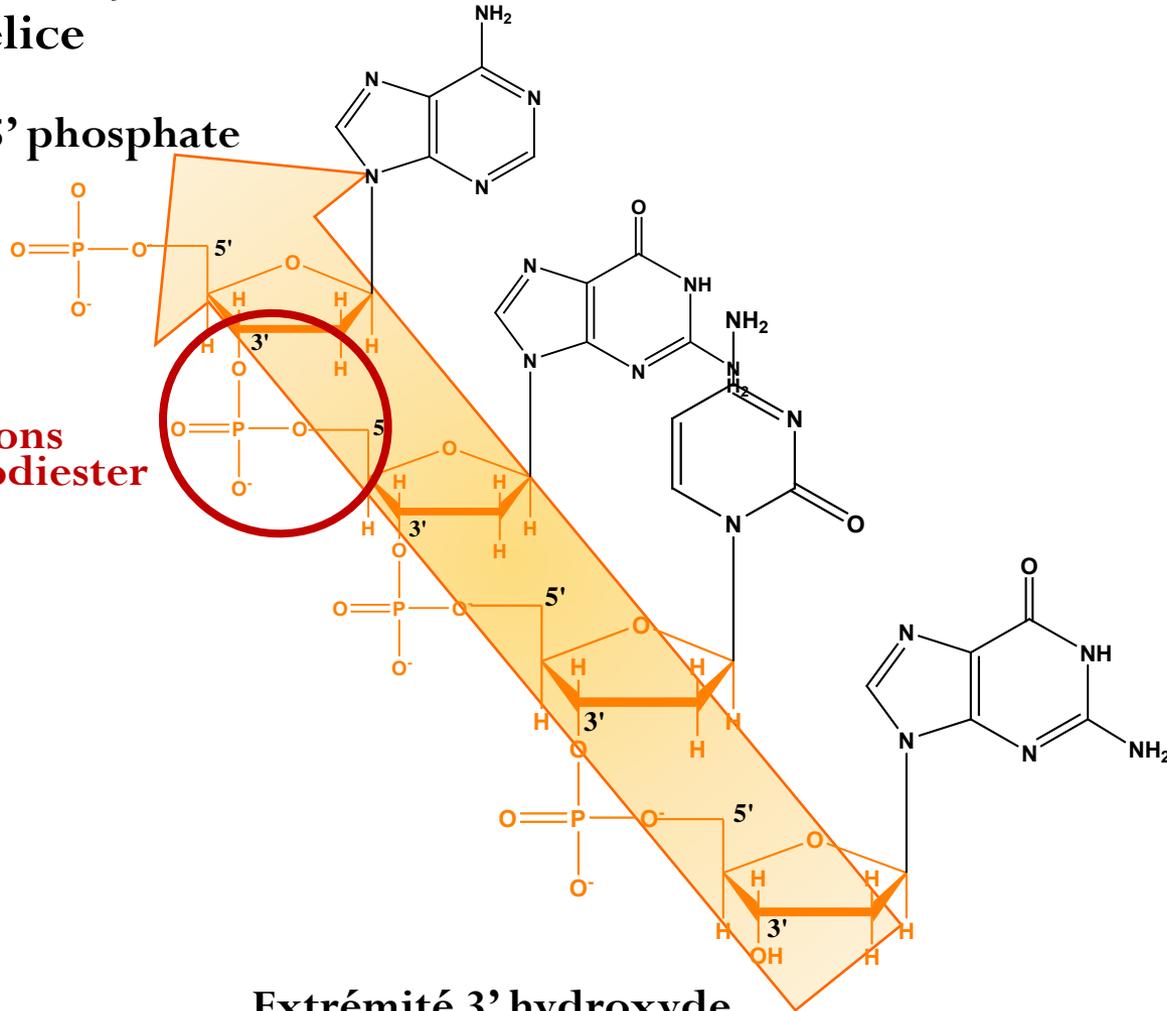
Nature chimique du matériel génétique :

Le squelette est constitué d'une suite de [sucre (**désoxyribose**) – phosphate] attachés les uns aux autres par des liaisons **phosphodiester** qui relie le groupement 5' phosphate au groupement 3' hydroxyde du nucléotide suivant c'est la bordure extérieure de l'hélice



Extrémité 5' phosphate

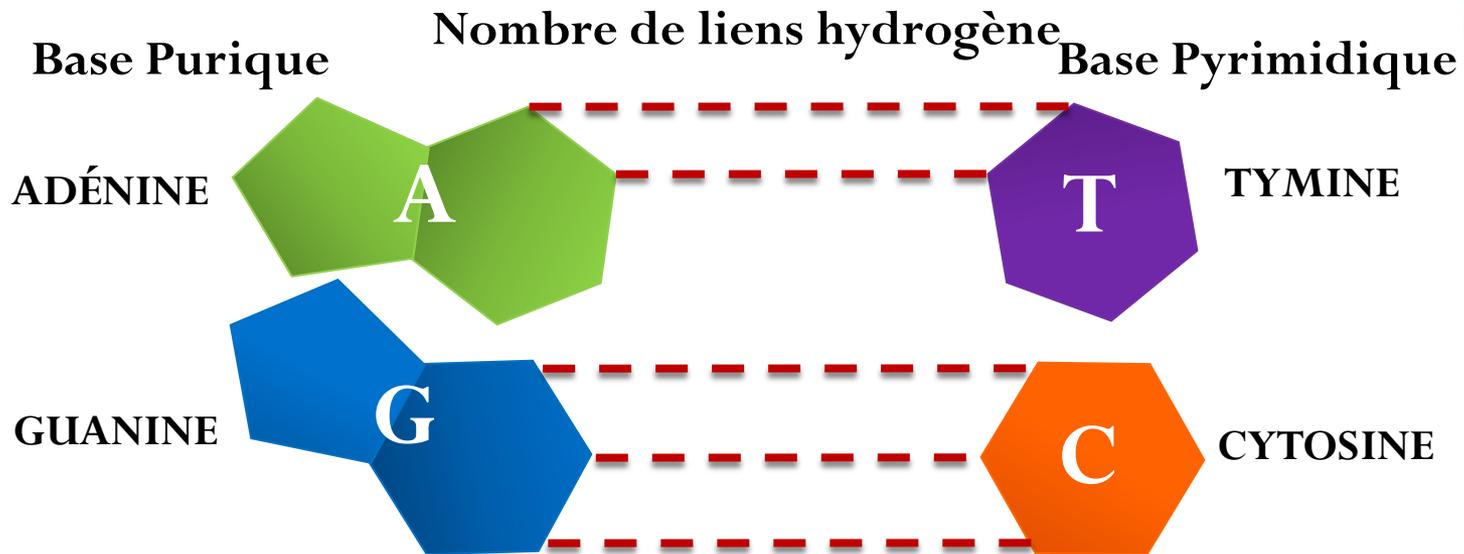
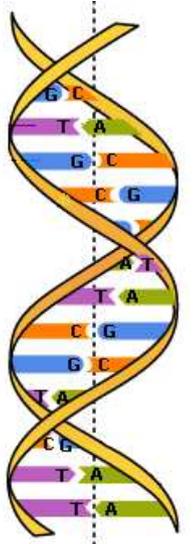
liaisons phosphodiester



Nature chimique du matériel génétique :

Les bases azotées se font face à l'intérieur de l'hélice et s'apparient par des liaisons hydrogène. Les deux chaînes de poly-nucléotides, appelées brins, demeurent attachées ensemble grâce à ces liaisons hydrogène.

Une base purique à deux cycles interagit avec une base pyrimidique à un cycle



Ces quatre bases, A,C,G,T, sont les "lettres" de l'ALPHABET génétique.

Nature chimique du matériel génétique :

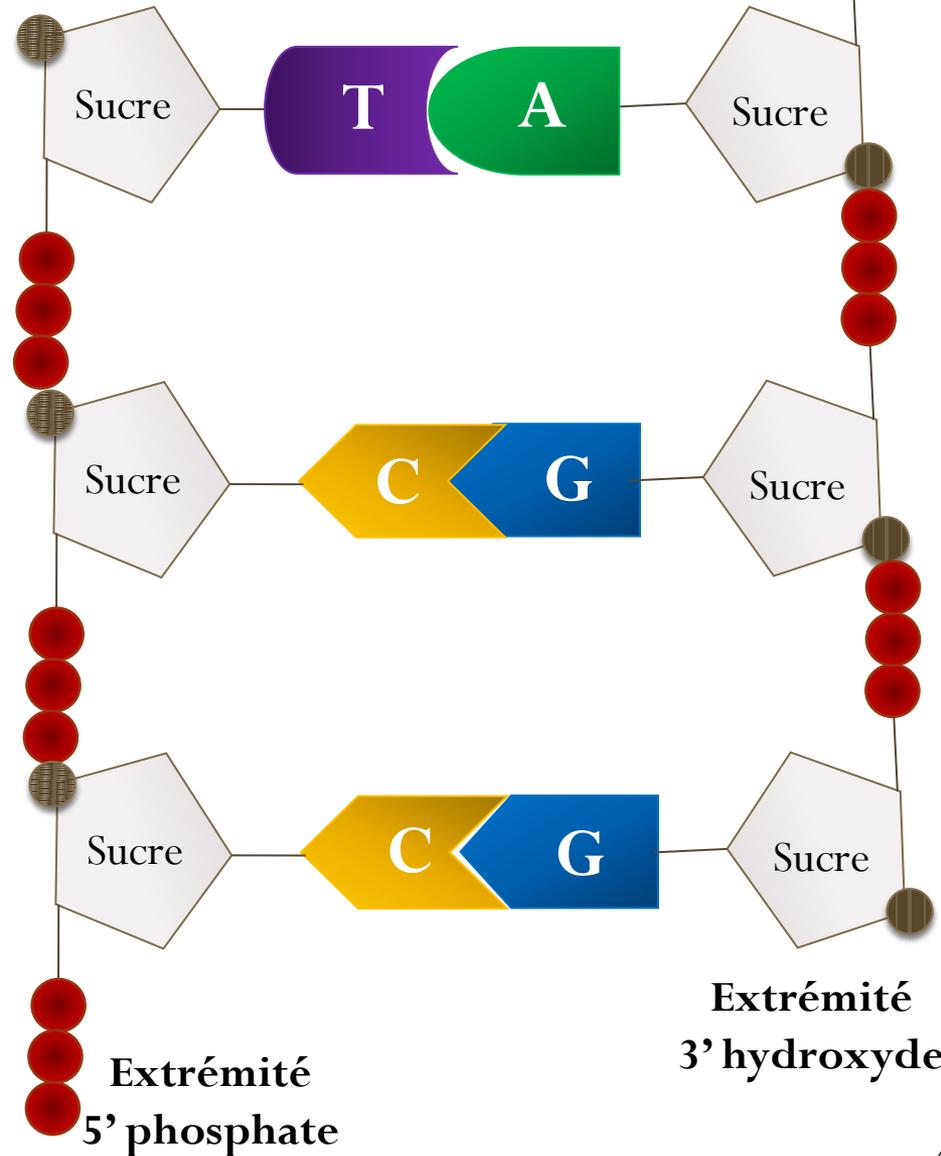
Les deux brins ont des orientations **antiparallèles**

Chaque séquence de **trois bases sur un simple brin d'ADN** forme un triplet. Ce "mot" de trois lettres détermine par exemple un acide aminé (AGG = Arginine). La séquence des acides aminés donnera une protéine spécifique!

 -OH
groupement phosphate

Extrémité
3' hydroxyde

Extrémité
5' phosphate



Matériel génétique :

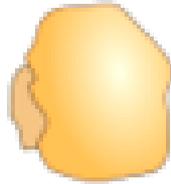
Rôles de l'ADN:

ADN un alphabet à 4 lettres: A, T, G, C

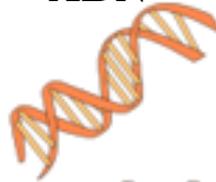


Protéine (à partir de 20 acides aminés)

Traduction
Protéine



ADN

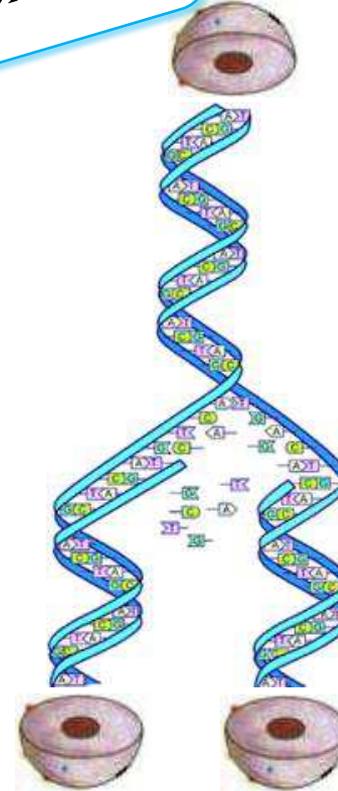


Transcription

ARN



Réplication de l'ADN



Le rôle principal de l'ADN est de servir de "livre de recettes" pour construire toutes les **PROTÉINES** nécessaires au bon fonctionnement des cellules

Un autre rôle important qu'a l'ADN est celui de se dupliquer (se copier, se reproduire) lors de la division cellulaire. Cela engendre des cellules filles avec le même "bagage génétique"

Matériel génétique :

2. L'ARN : acide ribonucléique est une macromolécule structurée souvent d'une seule chaîne nucléotidique = **Monocaténaire** (simple brin)

Le squelette est constitué d'une suite de sucre (**ribose**) –phosphate attachés les uns aux autres par des liaisons **phosphodiester**

On trouve quatre bases azotées où la thymine de l'ADN y est remplacée par l'**uracile**, qui possède les mêmes propriétés d'appariement avec l'adénine

Dans la chaîne d'ARN des portions peuvent être sous forme **bicaténaire** avec une complémentarité suivant la règle :

2 liaisons hydrogène entre A et U
et 3 liaisons hydrogène entre C et G

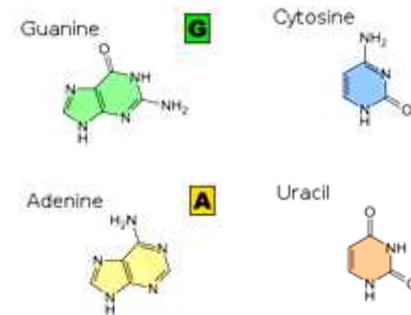
Il existe 3 types d'ARN:

ARN_m (messagers) : qui jouent un rôle essentiel dans la transcription

ARN_t (de transfert) et **ARN_r** (ribosomiques) : interviennent dans la traduction de l'information génétique qui aboutit à la biosynthèse des protéines

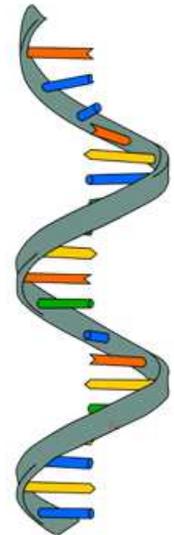


ARN à une portion
bicaténaire



Bases azotées

ARN

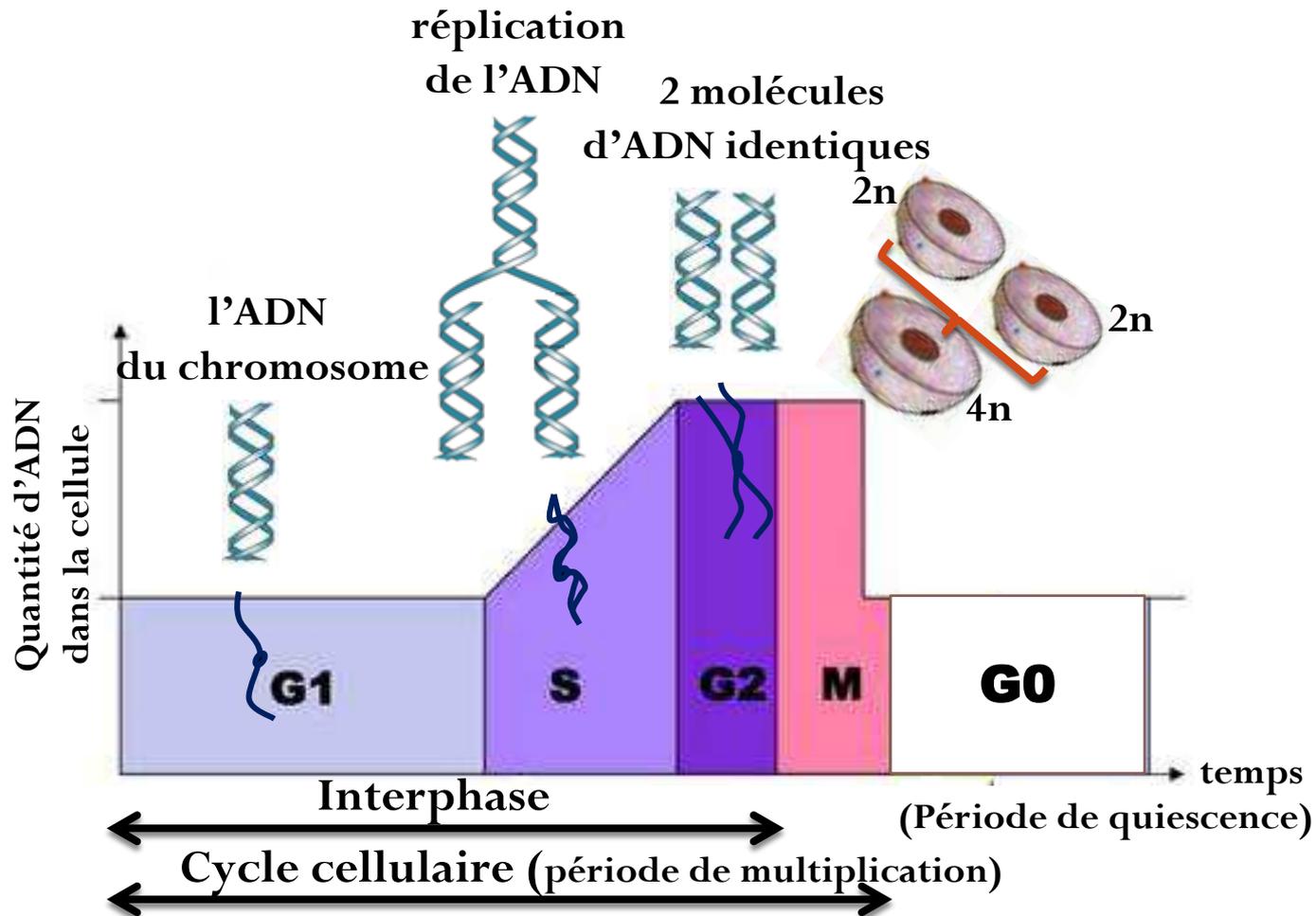


ARN

Monocaténaire

Réplication de l'ADN

La réplication, est le phénomène qui permet d'obtenir à partir d'**une molécule d'ADN, deux molécules** identiques à la molécule initiale, ce qui permet à l'information génétique de se transmettre d'une cellule mère aux cellules filles **lors de la division cellulaire.**



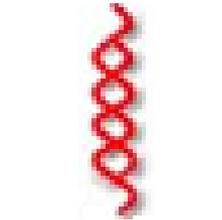
Réplication de l'ADN

Les hypothèses de réplication de l'ADN

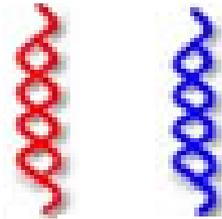
Pour expliquer la duplication d'un ADN bicaténaire, trois modèles ont été proposés. Ces modèles se basent tous sur l'utilisation de la molécule d'ADN "mère" comme matrice pour sa réplication, mais selon des modalités différentes :

1: modèle conservatif

Cellulaire
mère :

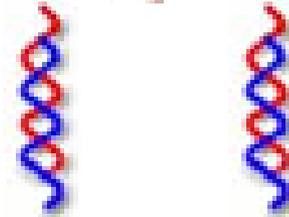
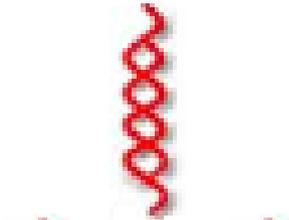


après une
réplication :



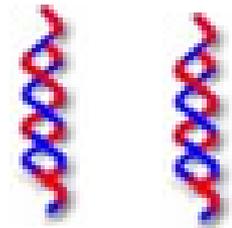
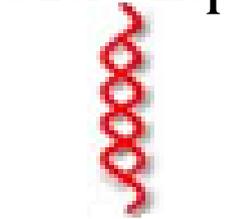
A partir d'une molécule d'ADN **mère**, une nouvelle molécule d'ADN est formée. On garde ici la molécule "mère", non modifiée (elle est donc conservée).

2: modèle semi-conservatif



les deux brins de la molécule d'ADN **mère** se séparent. Chaque brin sert de matrice à la synthèse d'un brin complémentaire. Chaque nouvelle molécule "fille" ne conserve donc que la moitié de la molécule "mère".

3 : modèle dispersif



La copie se réalise par fragments dispersés dans l'ensemble de l'ADN, aucun brin n'est conservé intact.

Réplication de l'ADN

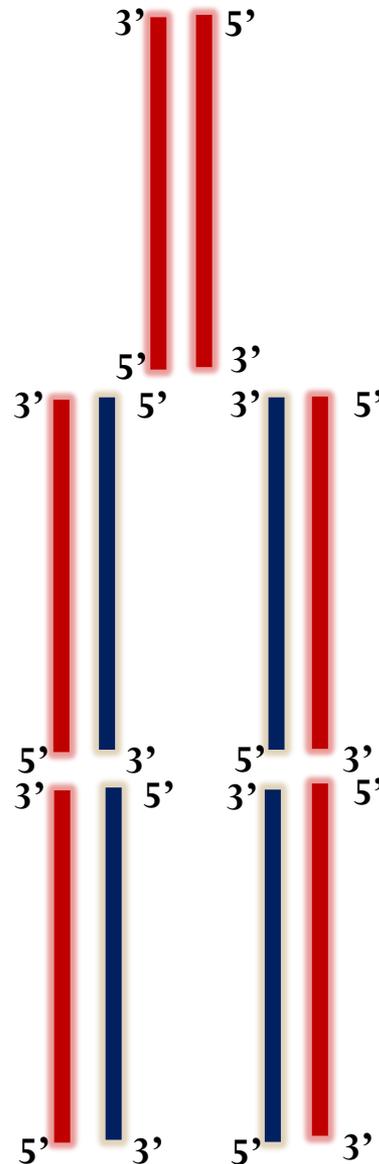
C'est l'expérience de **Meselson et Stahl en 1958** qui a permis de démontrer.
Que la duplication de l'ADN est **semi-conservatrice**

La double hélice d'ADN se sépare
en 2 brins d'ADN parents

brin parental qui sert de **matrice**

Le **brin néoformé** est le nouveau
brin complémentaire au brin
parental

la synthèse d'ADN progresse
toujours dans **le sens 5' vers 3'**
la réplication de l'ADN est
bidirectionnelle



La réplication produit 2
molécules d'ADN, chacune
d'elles contient un brin
parental et un brin fils

La **réplication** comporte trois
étapes principales :
l'initiation,
l'élongation
et **la terminaison**.

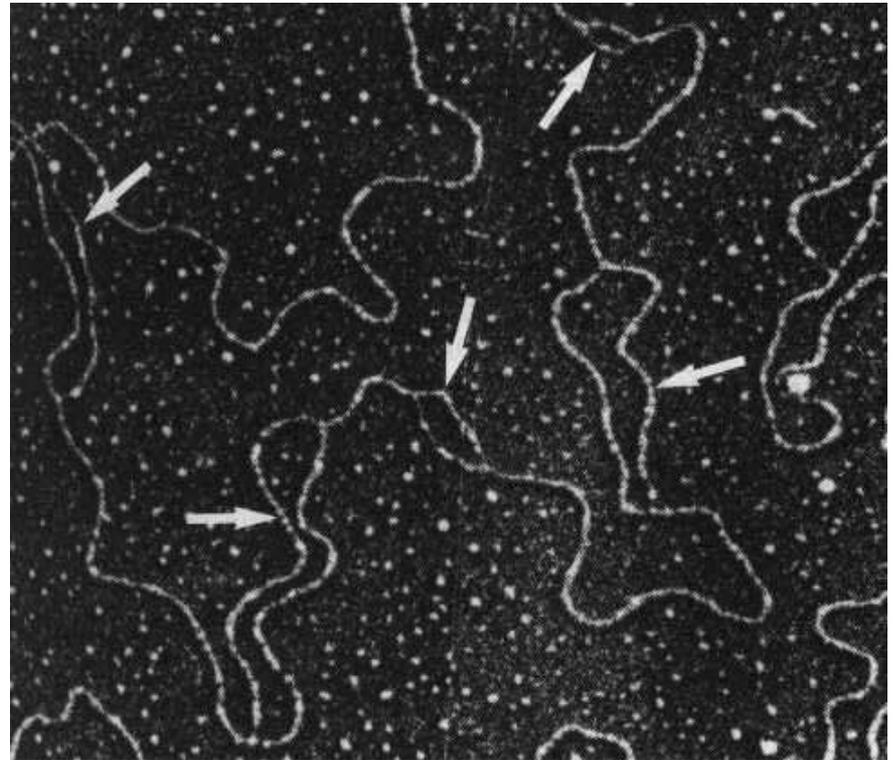
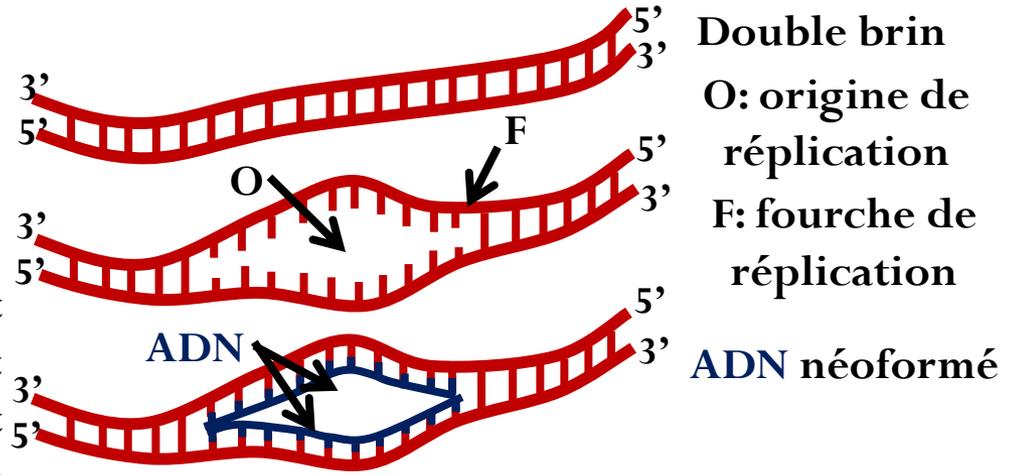
Réplication de l'ADN

Œil de réplication

Œil de réplication désigne la **forme** que prend la molécule **d'ADN** lors de la **réplication**

Les **protéines de réplication** vont s'attacher aux **origines**, permettant l'ouverture des deux brins de l'ADN et ainsi "faire apparaître" des **fourches de réplication**.

la réplication commence grâce à une ou plusieurs **origines de réplication** qui sont des séquences de nucléotides spécifiques à **liaisons faibles** riche en **A=T**



Réplication de l'ADN

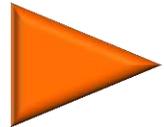
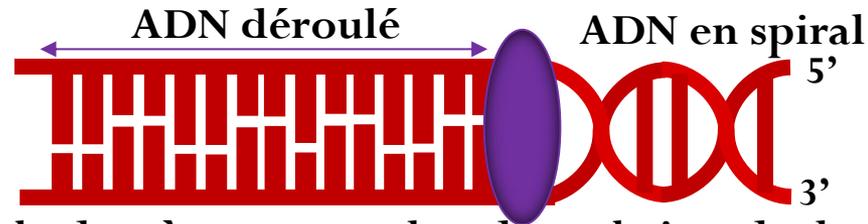
Initiation de la réplication: Fourche de réplication

La réplication fait intervenir un **réplisome**



ADN topoisomérases, déroule l'ADN pour enlever les supers tours

ADN topoisomérase



brisent les liaisons hydrogènes entre les deux brins de la double hélice d'ADN ce qui permet leur séparation au niveau des origines de réplifications

Hélicases



ADN
Fourche de
réplication



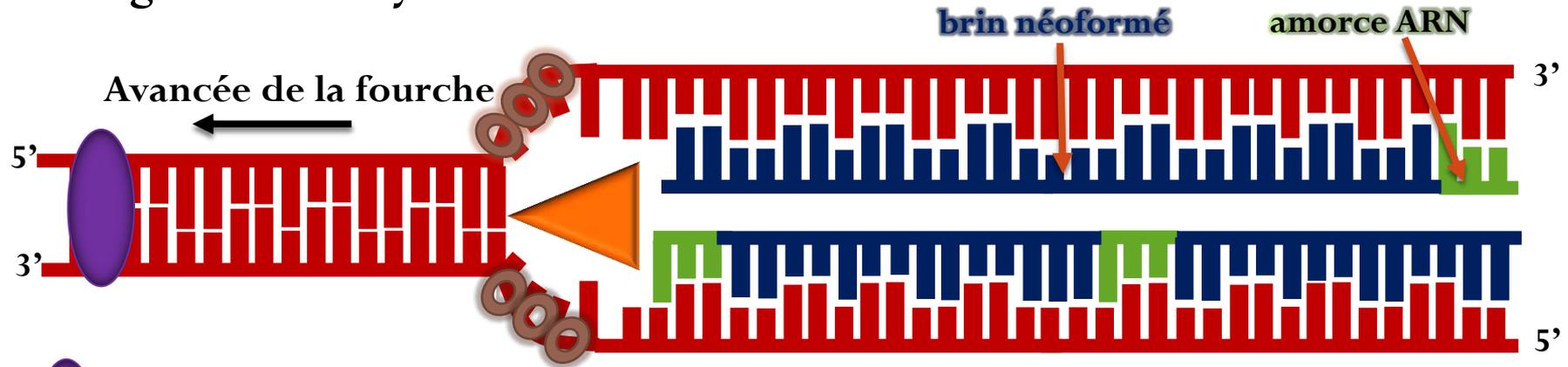
protéines qui se lient à l'ADN simple brin ainsi formé et évitent la reformation de la double hélice.

DNA binding proteins

L'**hélicase** va détacher les deux brins, pour augmenter la taille de l'œil de réplication et transformer les extrémités des yeux de réplication en forme de **Y**, appelées fourches de réplication.

Réplication de l'ADN

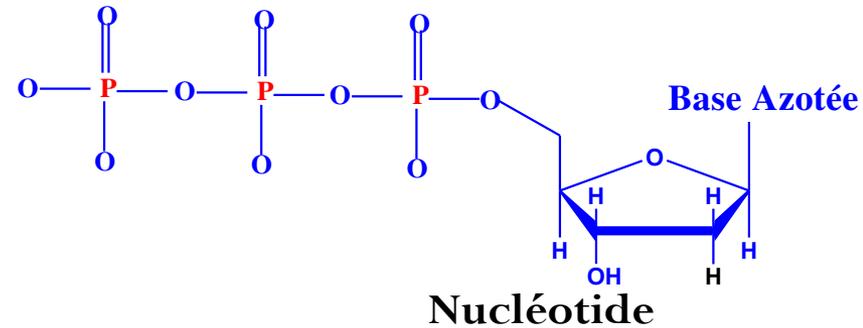
L'élongation ou la synthèse d'ADN



Crée les **amorces d'ARN** qui permettent à l'ADN polymérase de fonctionner



Synthétise le **brin néoformé**, elle ne fonctionne que dans le sens 5'-3'



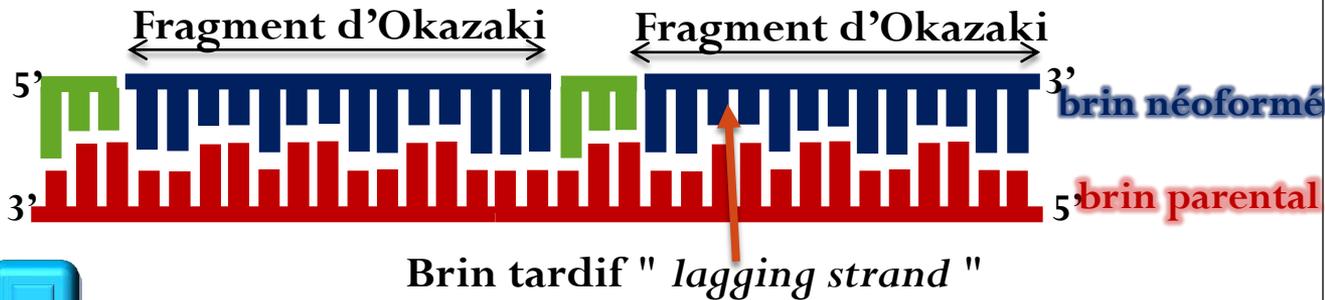
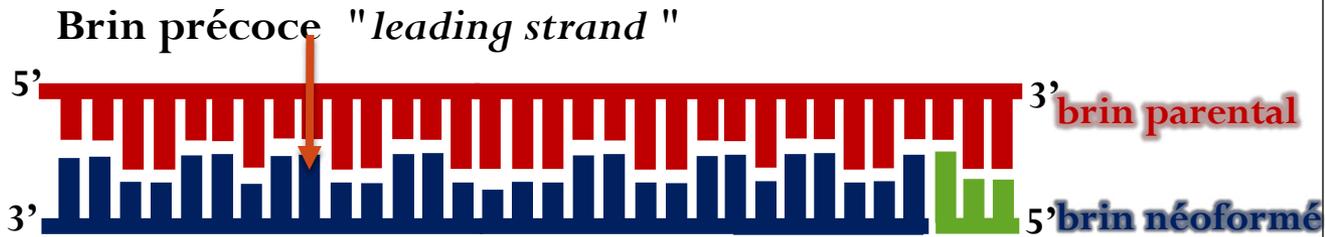
déoxyNucléotide **TriPhosphates** : **dNTP**
 apportant à la fois:

- le nucléoside monophosphate
- l'énergie pour relier chaque nucléotide au précédent

Brin direct: est le brin **complémentaire** du brin parental orienté 3' vers 5'. Il est créé de façon **continue**, dans le sens 5' vers 3'

Brin indirect : est le brin **complémentaire** du brin parental orienté 5' vers 3'. Il est créé de façon **discontinue**, sous forme de **fragments d'Okazaki**; il comprend des jonctions **ARN-ADN**

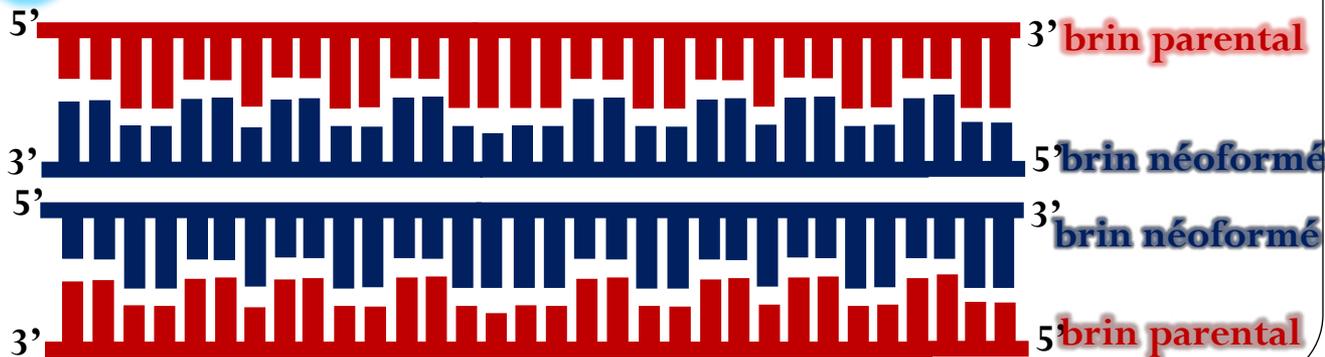
Réplication de l'ADN



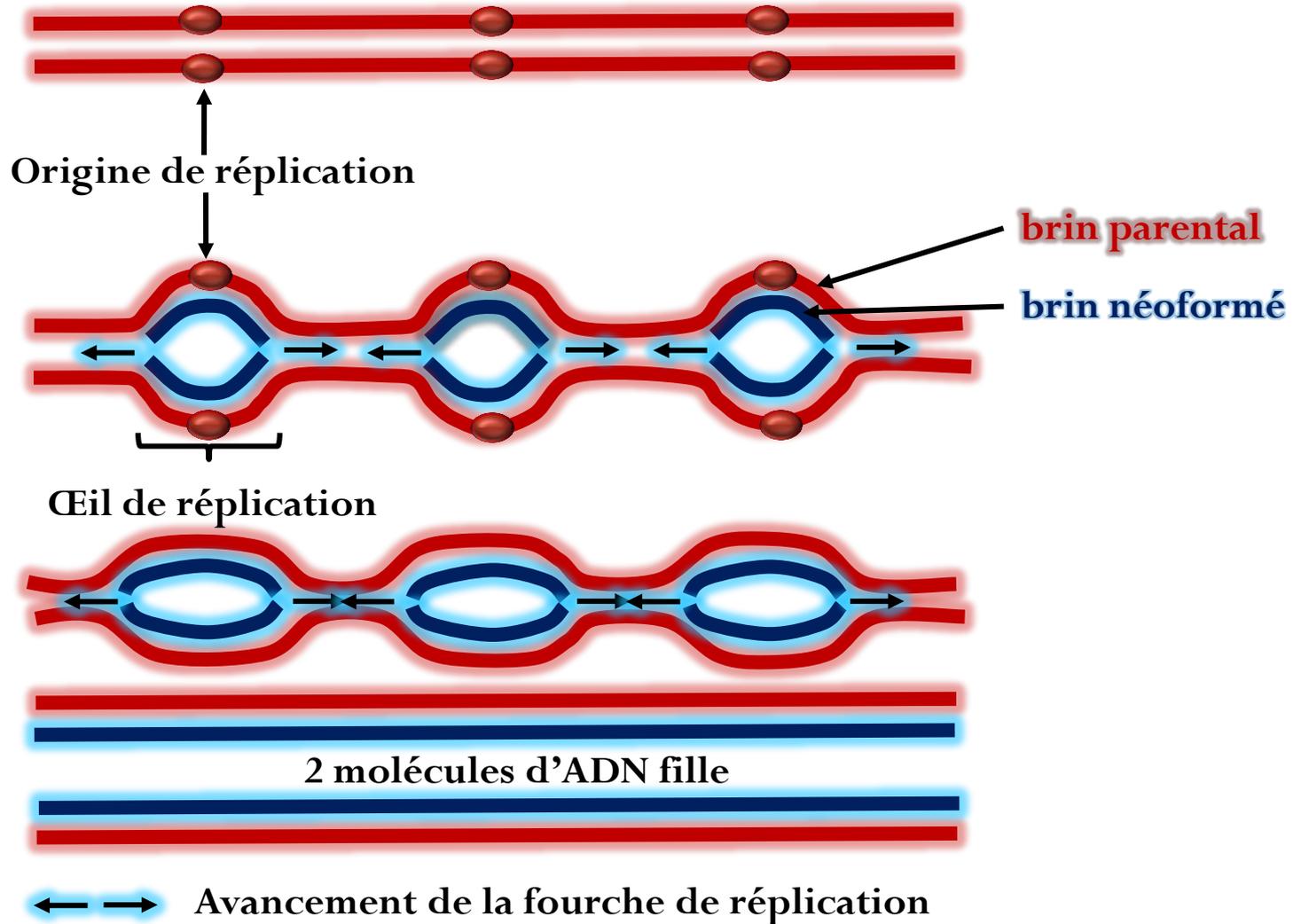
ADN polymérase, Synthétise l'ADN sur l'amorce d'ARN



ADN ligase; Attache les fragments d'Okazaki par des liaisons phosphodiester



Réplication de l'ADN



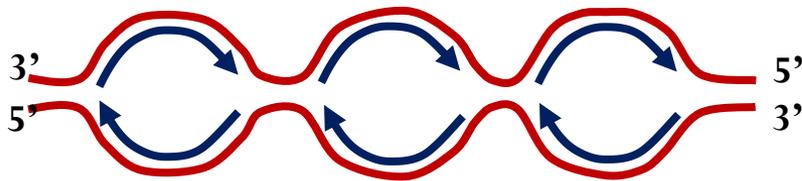
La répliation produit 2 molécules d'ADN, chacune d'elles contient un brin parental et un brin néoformé

Réplication chez les eucaryotes et les procaryotes

La réplication de l'ADN chez les bactéries est semblable à celle observée chez les eucaryotes, avec quelques différences

Eucaryotes

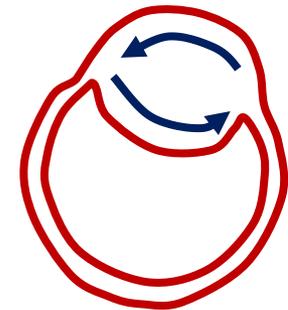
- L'ADN est beaucoup plus long
- Il existe plusieurs origines de réplifications chez les eucaryotes jusqu'à 6000 fourches de réplication.



- Les fragments d'Okazaki mesurent chez les eucaryotes 200 bases
- La vitesse de réplication est de 50 nucléotides secondes, Ceci compensé par de multiples origines de réplication ;
- Duplication de la masse des histones, les protéines néosynthétisées et parentales se répartissent de façon aléatoire sur chaque brin ;

Procaryotes

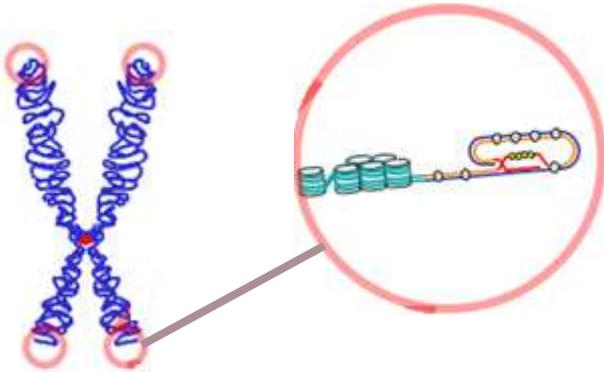
- L'ADN est moins long
- L'ADN bactérien est circulaire, il y'a une seule origine de réplication, à partir de la quelle progressent deux fourches de réplifications dans 2 directions opposées



- Les fragments d'Okazaki mesurent chez les procaryotes 1000 à 2000 bases.

Eucaryotes

○Le télomère synthéase empêche le brin retardé de se raccourcir progressivement lors de la réplication.



Procaryotes

○En fin de synthèse des deux nouveaux ADN,
- les fourches se rejoignent et fusionnent, les deux nouveaux chromosomes se séparent
- Il y a aussi les "ter" : terA terD terB terC qui freine les fourches de réplication.

2. Synthèse protéique

Synthèse protéique

le langage protéique

le langage nucléique



Les protéines sont composées d'une suite d'acides aminés



Il existe 20 acides aminés possibles pour toutes les combinaisons de bases.



Guanine



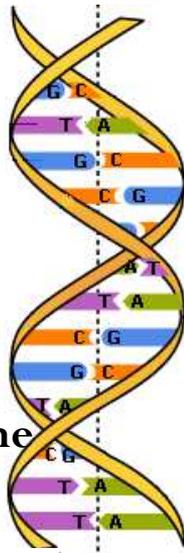
Adénine



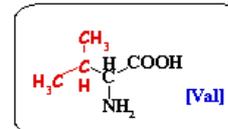
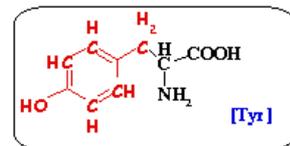
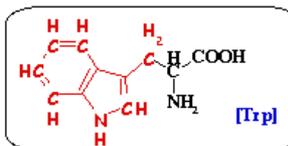
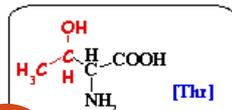
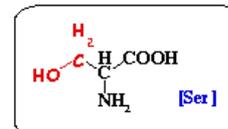
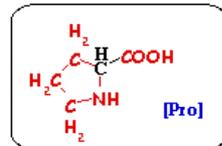
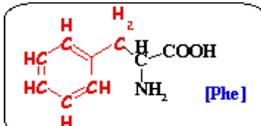
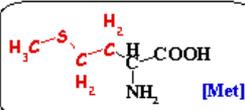
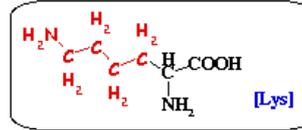
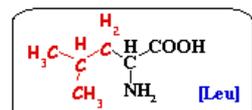
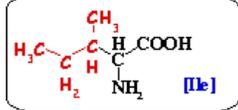
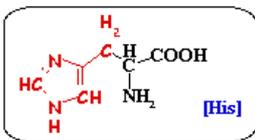
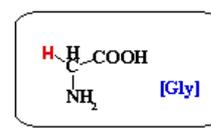
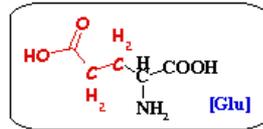
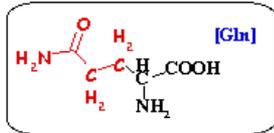
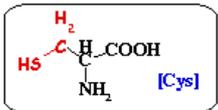
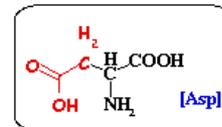
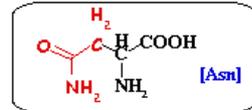
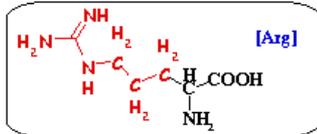
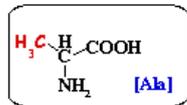
Cytosine



Thymine



$4^3 = 64$ triplets possibles



Synthèse protéique

Protéines

- Une protéine est un ensemble **d'acides aminés (AA, Aa, aa)** liés entre eux par des **liaisons peptidiques**
- Ces chaînes sont formées d'un **nombre précis** d'acide aminés on parle de **protéine** lorsque la chaîne contient au moins **50 acides aminés**.
- Liés les uns aux autres dans un **ordre précis**

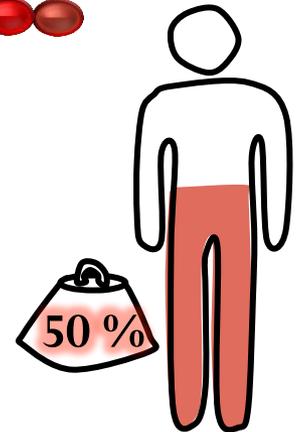
Protéine 1



Protéine 2



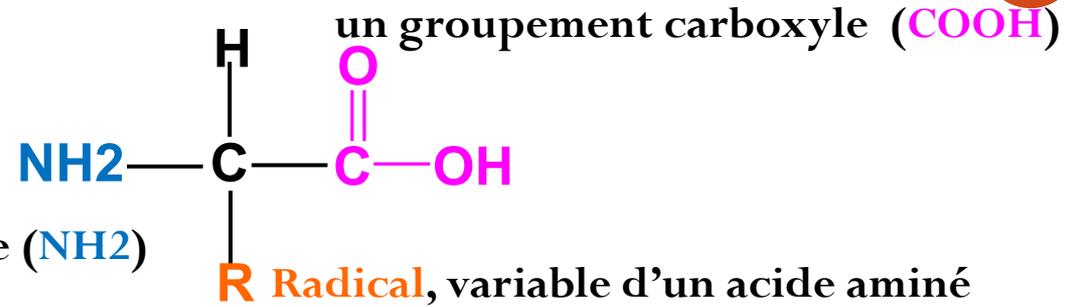
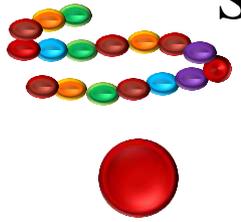
- L'être humain fabrique ≈ 100.000 sortes différentes de protéines
- Près de 50% du poids sec d'un être vivant est fait de protéines, ce sont des constituants des muscles, des os ..., ils conduisent les réactions chimiques et les transmissions de signale dans nos cellules
- Des mutations engendrent des défauts de synthèse de la protéine, ce qui les rendent non fonctionnelle, du moment qu'elles s'impliquent à tous chez un être vivant cela provoque l'apparition de maladies



Synthèse protéique

Protéines

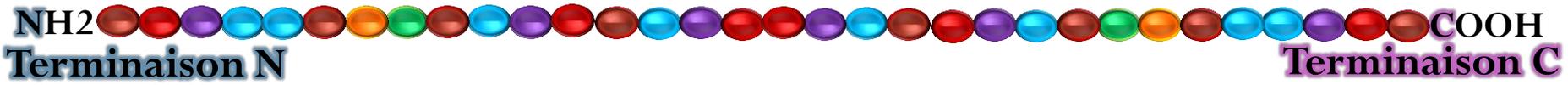
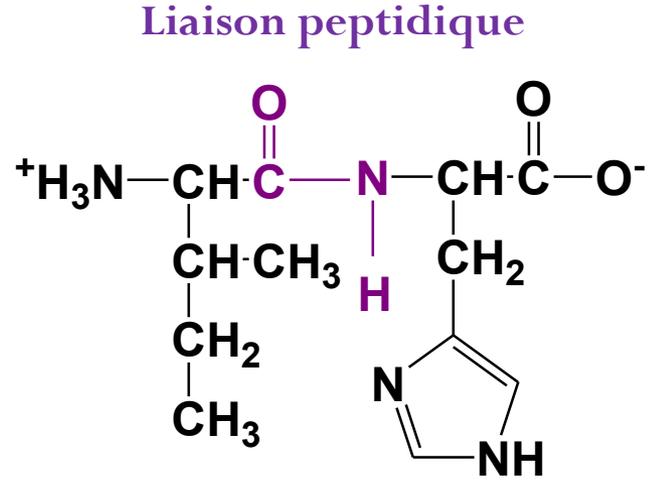
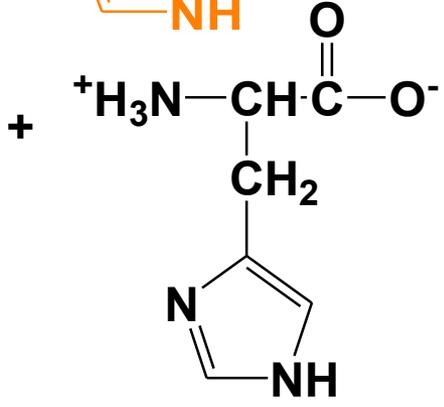
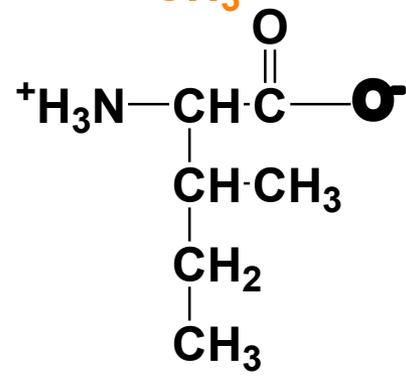
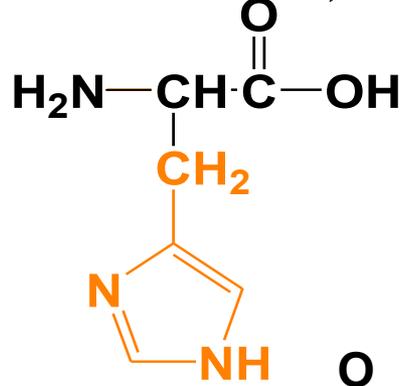
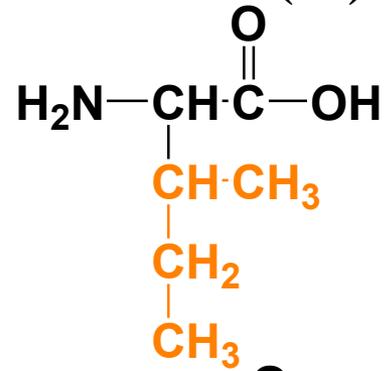
Acide aminé



Exemple :

Isoleucine (Ile)

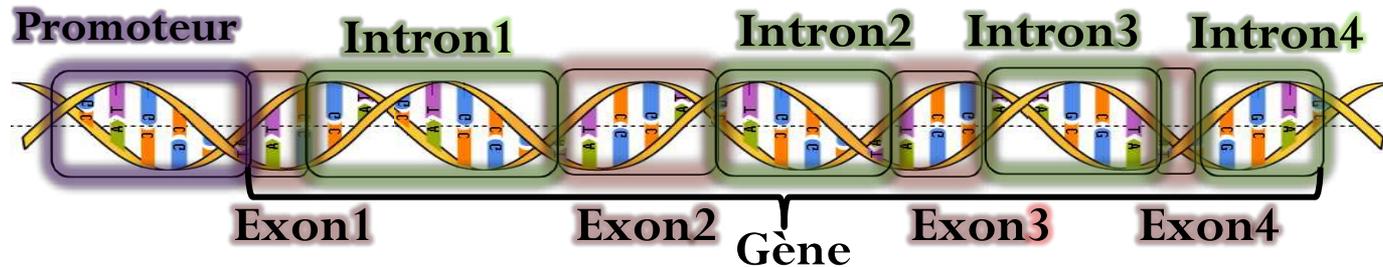
Histidine (His)



Synthèse protéique

Gène:

Gène: est une séquence d'ADN qui fournit l'information génétique pour produire une protéine ou un ARN fonctionnel (ARNr, ARNt)



Les gènes des eucaryotes ont une structure complexe, ils renferment: les régions de contrôle,

Le promoteur: contrôle l'activation du gène, séquence située en amont du gène adjacente au site d'initiation de transcription du gène

Les exons: chez les eucaryotes, l'information codante du gène est souvent morcelée, en une série de séquences codantes, appelées exons, séparés les uns des autres par les introns

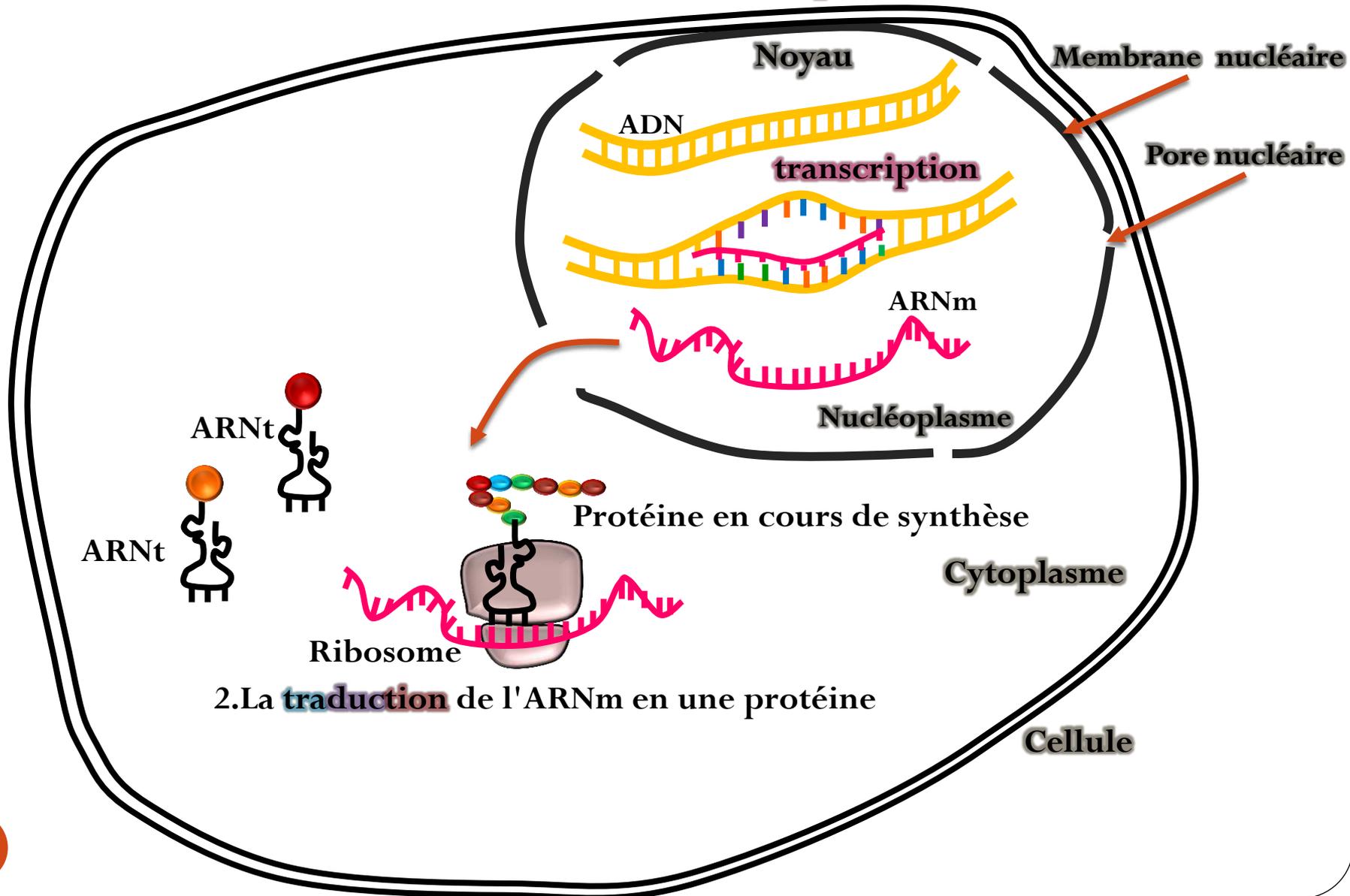
Les introns: ce sont des séquences à l'intérieur du gène non codantes.

Le nombre et la longueur des introns et exons sont très variables. Les introns sont en général plus longs que les exons, constituant parfois la majeure partie du gène

Synthèse protéique

La synthèse d'une protéine à partir de l'information contenue dans l'ADN se déroule en 2 étapes

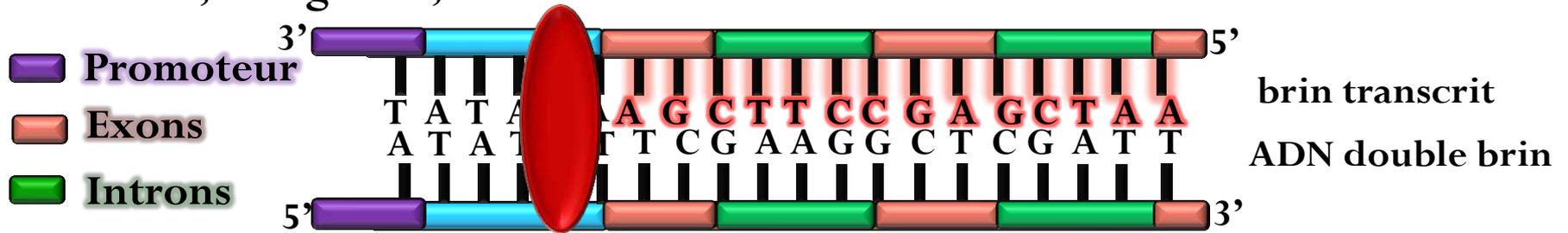
1. La transcription de l'ADN en ARNm



Synthèse protéique

La transcription:

Initiation, élongation, terminaison



L'ARN m est synthétisé sur le brin matrice d'ADN



L'ARN polymérase polymérise dans le sens 5'-3'.

Le brin matrice est parcourue dans le sens 3'-5'

L'ARN polymérase se fixe sur son site d'attache sur le promoteur **TATA box**



Les signaux de fin de synthèse de l'ARN m ne sont pas clairement établis. En fin de synthèse ARNm est libéré dans le nucléoplasme, et commence sa maturation

Synthèse protéique

La transcription:

Maturation de l'ARNm

Pour devenir fonctionnel l'ARNm nécessite une maturation. Qui correspond aux étapes de méthylation, de polyadénylation et épissage des exons

 Exons

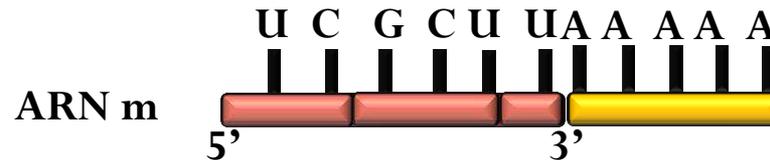
 Introns



La méthylation :est l'attache de groupements méthyle $-CH_3$ sur l'extrémité 5' de l'ARNm

La **polyadénylation** : est l'addition d'une séquence poly A à l'extrémité 3' de l'ARNm. Elle permet de stabiliser l'ARNm et de le protéger contre la dégradation prématurée

L'épissage : opération d'élimination des introns. Seuls les exons seront traduits en polypeptide, grâce aux **splicésomes**



Synthèse protéique

Le code génétique: Correspondance codons – acides aminés

C'est la loi de correspondance entre la séquence en nucléotide de l'ADN ou de l'ARN et la séquence en acide aminée du polypeptide correspondant

Le code est par triplet de bases : qu'on appelle codon

Le code est universel

Deuxième lettre

		U	C	A	G	
Première lettre	U	UUU 	UCU	UAU 	UGU 	U
		UUC 	UCC 	UAC 	UGC 	C
		UUA 	UCA 	UAA STOP	UGA STOP	A
		UUG 	UCG	UAG STOP	UGG 	G
	C	CUU	CCU	CAU 	CGU	U
		CUC 	CCC 	CAC 	CGC 	C
		CUA 	CCA 	CAA 	CGA 	A
		CUG	CCG	CAG 	CGG	G
	A	AUU 	ACU	AAU 	AGU 	U
		AUC 	ACC 	AAC 	AGC 	C
		AUA 	ACA 	AAA 	AGA 	A
		AUG 	ACG	AAG 	AGG 	G
	G	GUU	GCU	GAU 	GGU	U
		GUC 	GCC 	GAC 	GGC 	C
		GUA 	GCA 	GAA 	GGA 	A
		GUG	GCG	GAG 	GGG	G

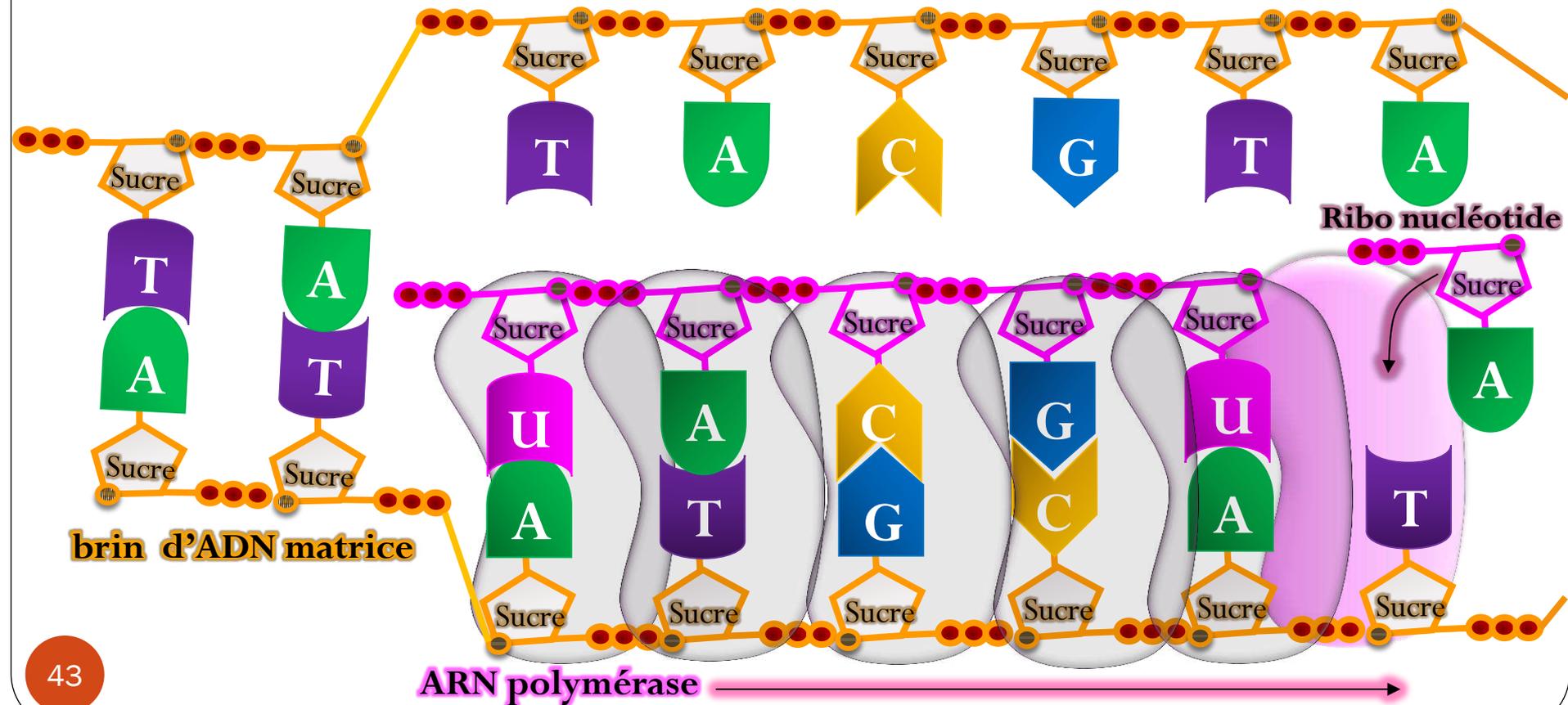
Troisième lettre

Synthèse protéique

La transcription de l'ADN:

La transcription de l'ADN = l'encodage de l'information en ARN, c'est-à-dire la synthèse d'un brin d'ARN à partir d'un seul brin d'ADN (brin matrice 3'-5')

- L'ARN polymérase, transcrit le gène qui code pour la synthèse de protéine, elle a une affinité avec le promoteur, elle s'insère dans la région TATAbox, il se produit un déroulement local de la double hélice, la synthèse de l'ARN se fait dans le sens 5'-3'



Synthèse protéique

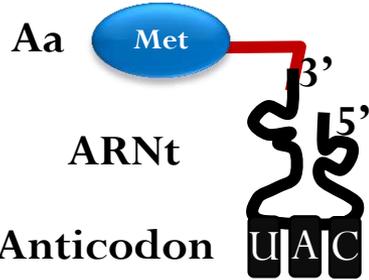
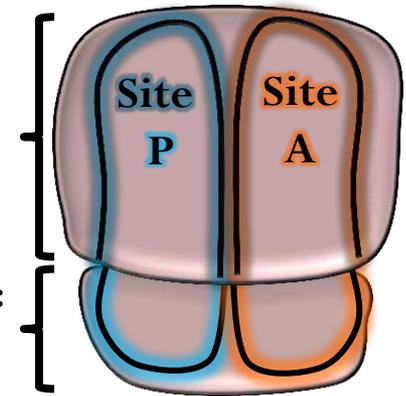
Les étapes de la traduction : initiation, élongation, terminaison

Les agents de la traduction: ARN t, Ribosome, ARN m

aminoacyl-ARNt synthétase

Grande sous-unité ribosomale :
Catalyse la formation de liaison
peptidique entre les acides aminés

Petite sous-unité ribosomale:
se lie à l'ARNm et aux ARNt

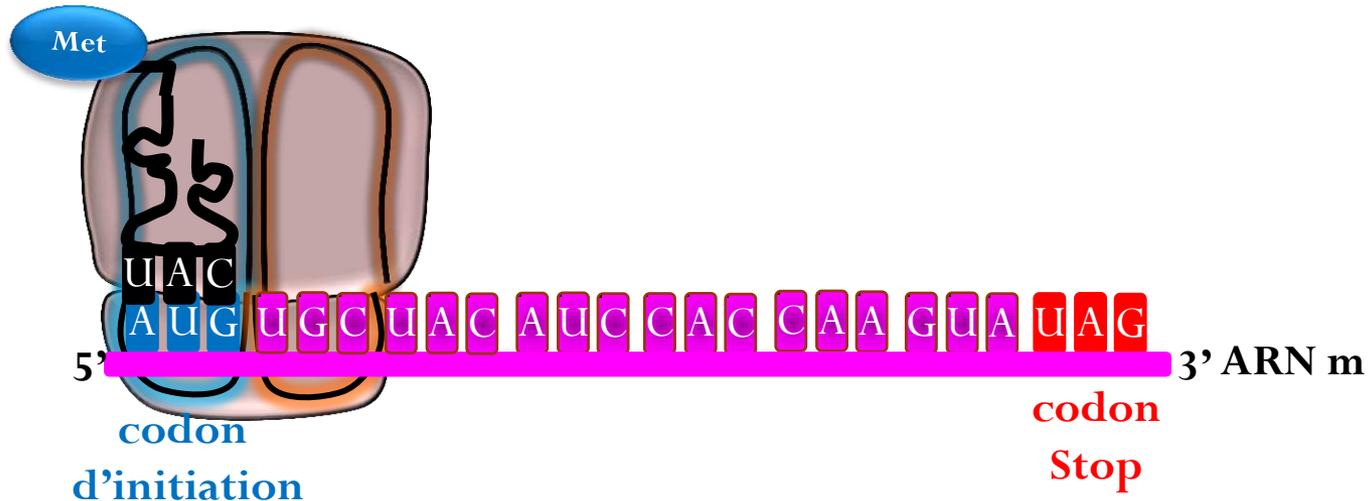


méthionyl-ARNt initiateur
(M-ARNt-I)

Initiation: attachement de l'ARNm sur le ribosome

- Début au niveau du codon d'initiation **AUG** [le codon AUG est reconnu par le méthionyl-ARNt initiateur (M-ARNt-I)]

- Intervention du segment en 5' de l'ARNm, d'une coiffe méthylée et le facteur protéique



Synthèse protéique

Élongation:

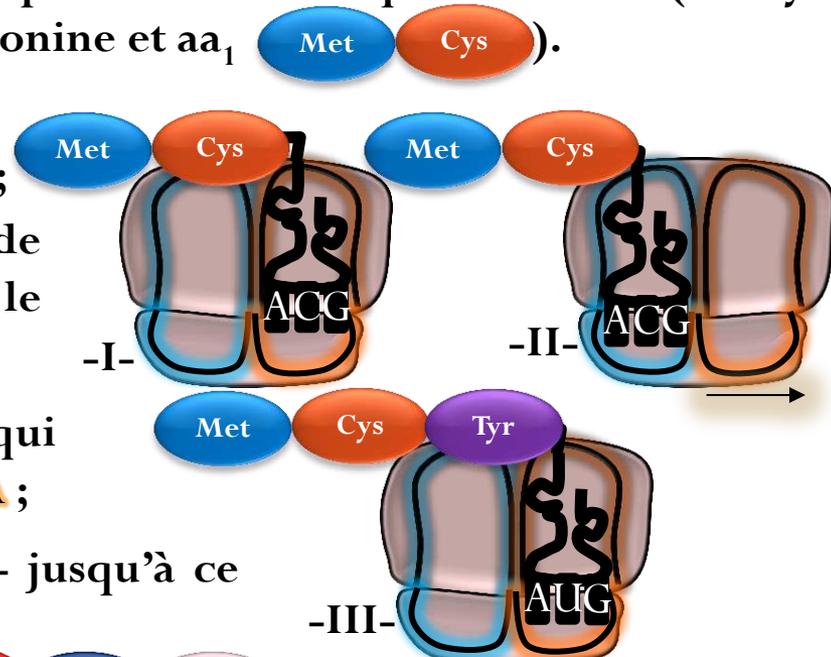
- Le M-ARNt-I reconnaît AUG et se fixe sur le site **P** du ribosome.
 - Au site **A** se fixe l'amino-acyl ARNt qui correspond au codon qui suit AUG (l'enzyme peptidyl transférase catalyse la liaison entre méthionine et aa₁ Met Cys).

-I- Le dipeptide formé est fixé au site **A** sur l'ARNt;

-II- Le ribosome avance d'un codon le long de l'ARNm dans le sens 5'-3' (le peptidyl ARNt sur le site **P**) le site **A** est ainsi vacant;

-III- fixation d'un nouveau amino-acyl ARNt qui correspond au codon du deuxième aa₂ sur le site **A**;

- Renouvellement de cette opération -I-, -II-, -III- jusqu'à ce que le ribosome arrive sur un site de terminaison.

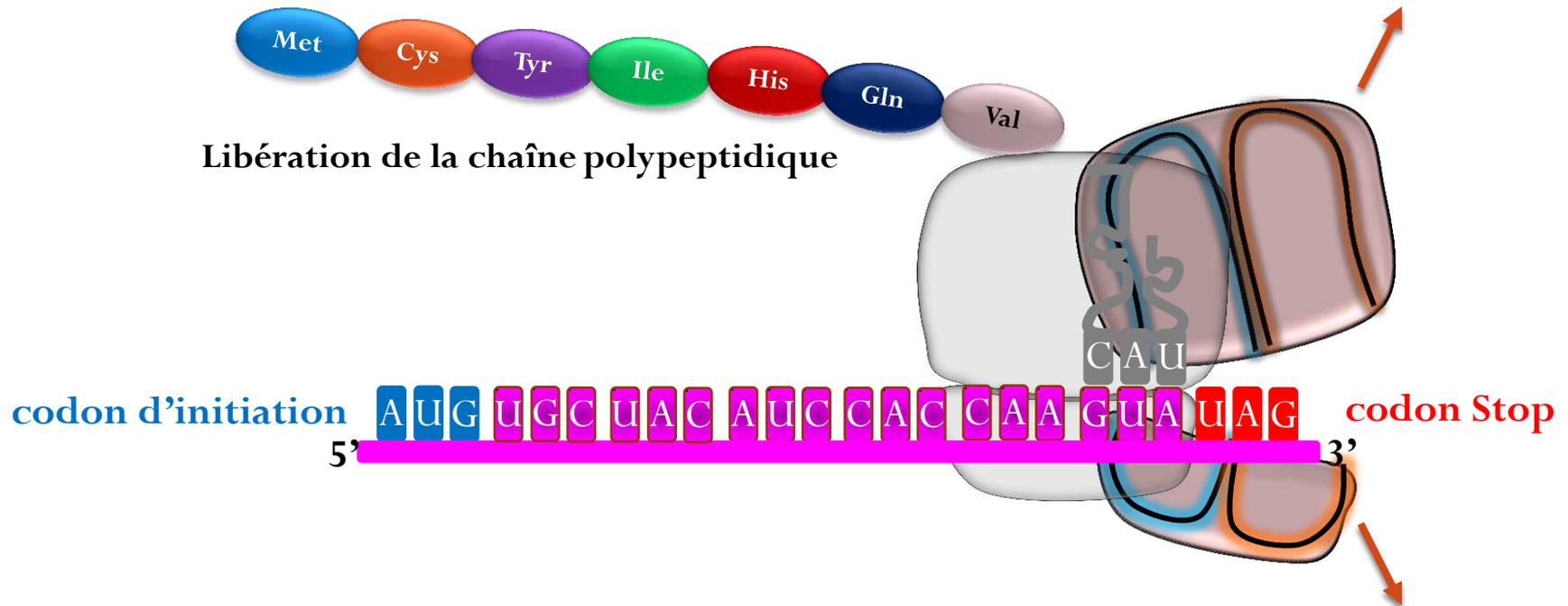


Le ribosome avance d'un codon le long de l'ARNm dans le sens 5'-3'

Synthèse protéique

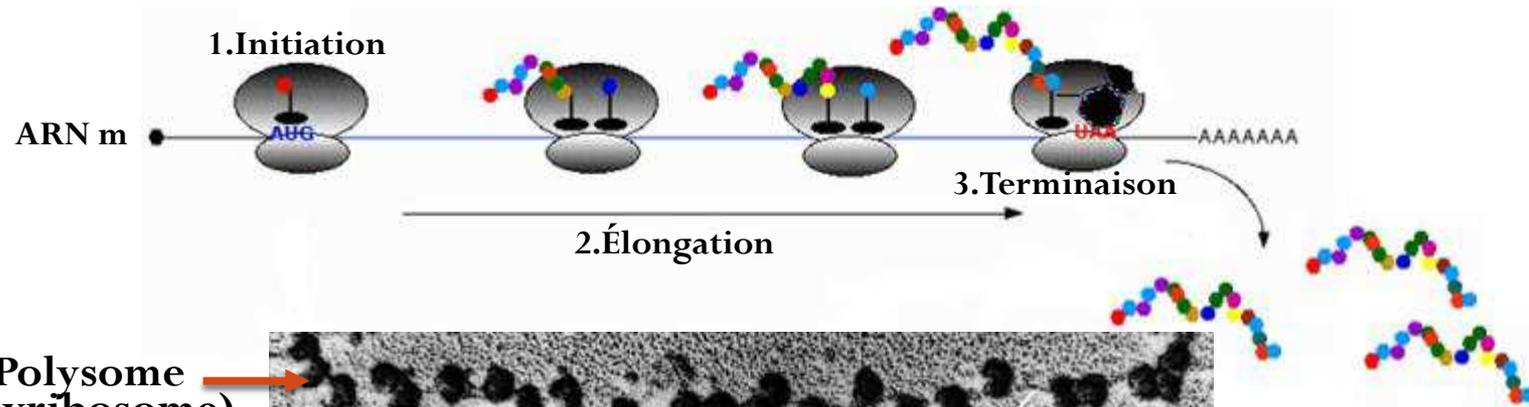
Terminaison:

Arrêt de la traduction au niveau de l'un des codons stop : **UAA**, **UAG** ou **UGA**
il y a séparation des deux sous unités du ribosome et libération de la chaîne polypeptidique.

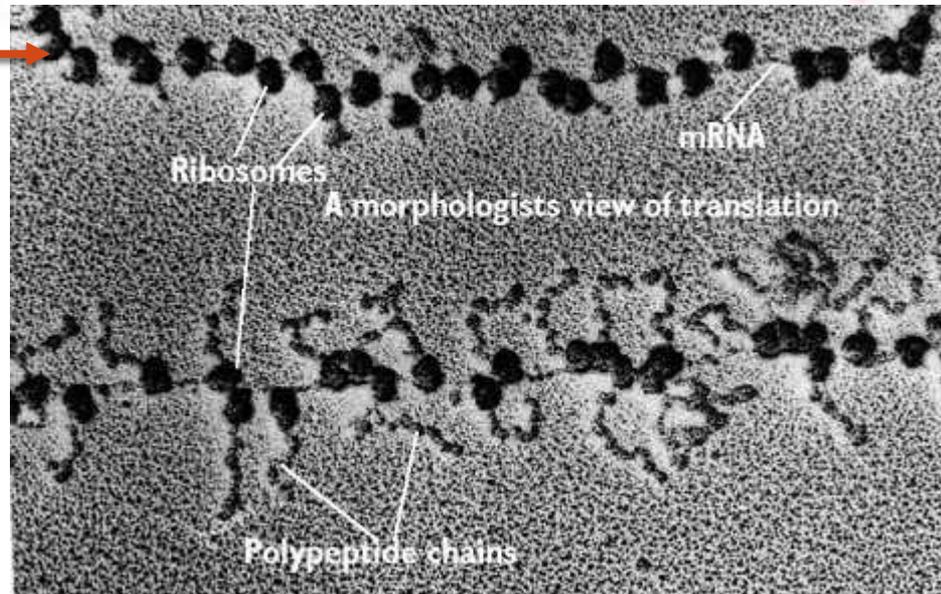


Synthèse protéique

De nombreuses séquences d'initiation ont lieu sur chaque molécule d'ARN m dès que le ribosome précédent a traduit une séquence suffisante d'acides aminés pour laisser la place.



Polysome (polyribosome)



Polysome ou polyribosome : est un ensemble de ribosomes reliés entre eux par un ARN m

Synthèse protéique

La production de protéines par la cellule ne consiste pas seulement en une traduction de la séquence d'acide nucléique, La chaîne polypeptidique doit subir une série de modifications pour être activée ce sont les modifications post traductionnelles

Les protéines présentent différents niveaux de structure au sein de l'organisme , on distingue 4 niveaux:

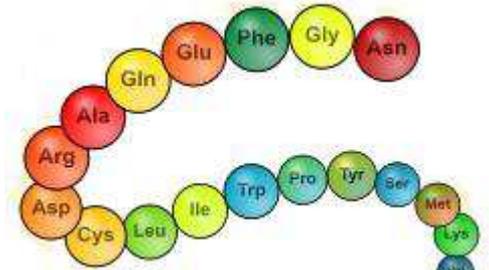
La structure primaire correspond à la séquence en acides-aminés de la protéine.

La structure secondaire est relative au premier niveau de compaction des protéines ; deux structures sont observées : les hélices α (alpha) et les feuillets β (bêta) formées grâce aux liaisons hydrogène.

La structure tertiaire correspond à la compaction des structures secondaires entre elles.

La structure quaternaire est caractérisée par l'assemblage de plusieurs sous-unités protéiques (présentant chacune une structure tertiaire) entre elles

La structure primaire

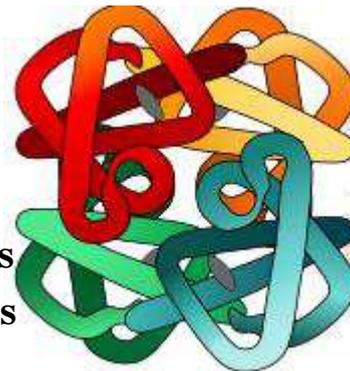


feuillets β

hélices α

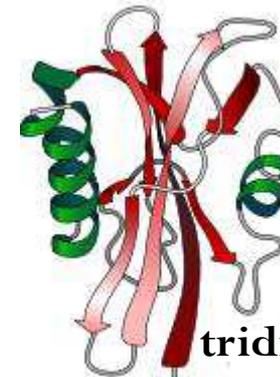
La structure secondaire

La structure quaternaire



Association de plusieurs chaînes polypeptidiques

La structure tertiaire



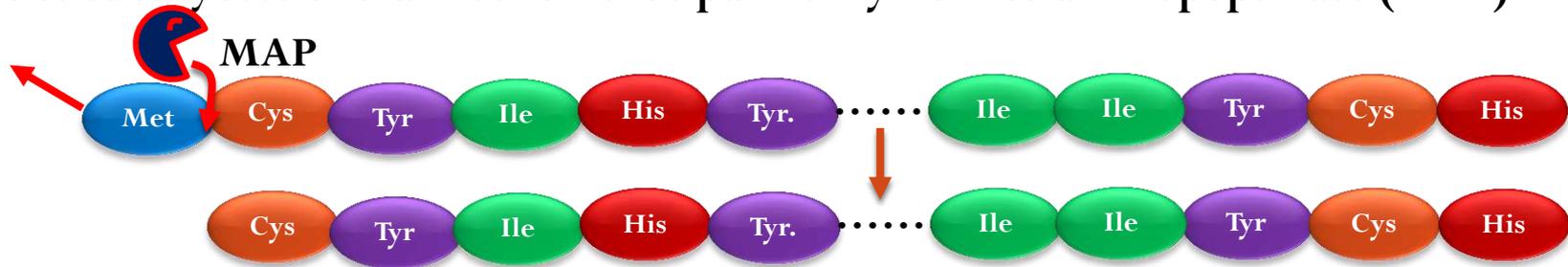
Structure tridimensionnelle

Synthèse protéique

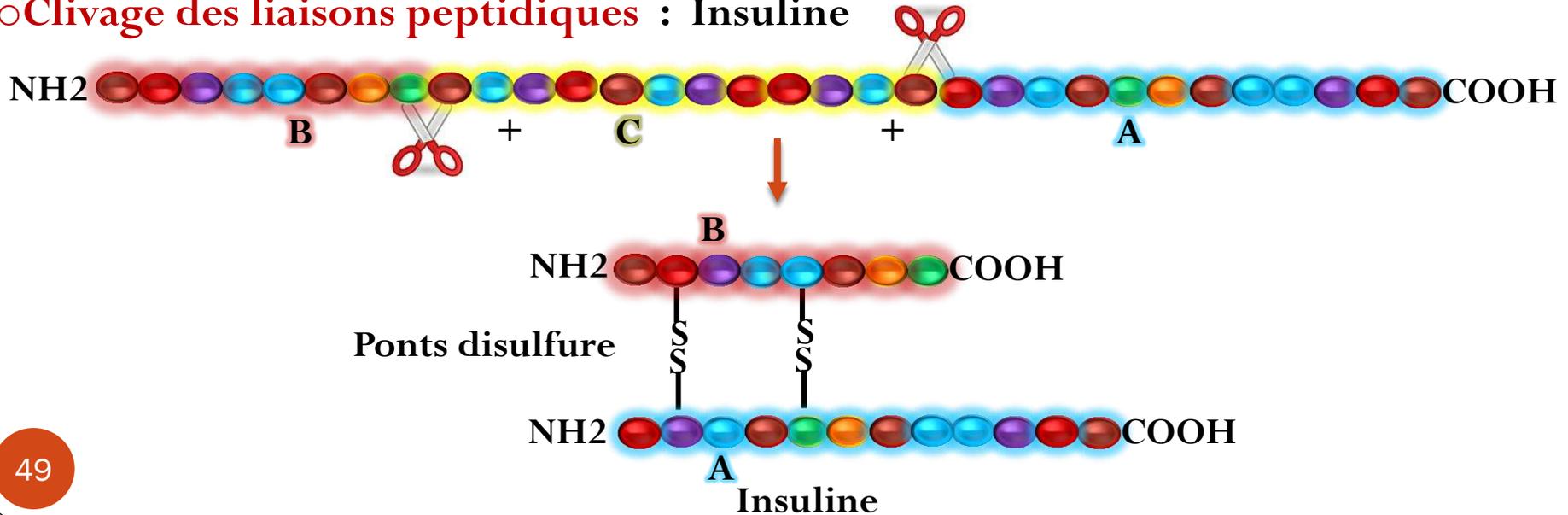
La production de protéines par la cellule ne consiste pas seulement en une traduction de la séquence d'acide nucléique, des modifications chimiques ou biologiques interviennent après l'étape de polymérisation des acides aminés par le ribosome ce sont :

Les modifications post traductionnelles: il'y a 10 majeures modifications

○ **L'élimination de l'acide aminé (Méthionine)** : 50% des protéines des cellules procaryotes et eucaryotes ont la Met1 enlevée par l'enzyme Met-aminopeptidase (MAP)

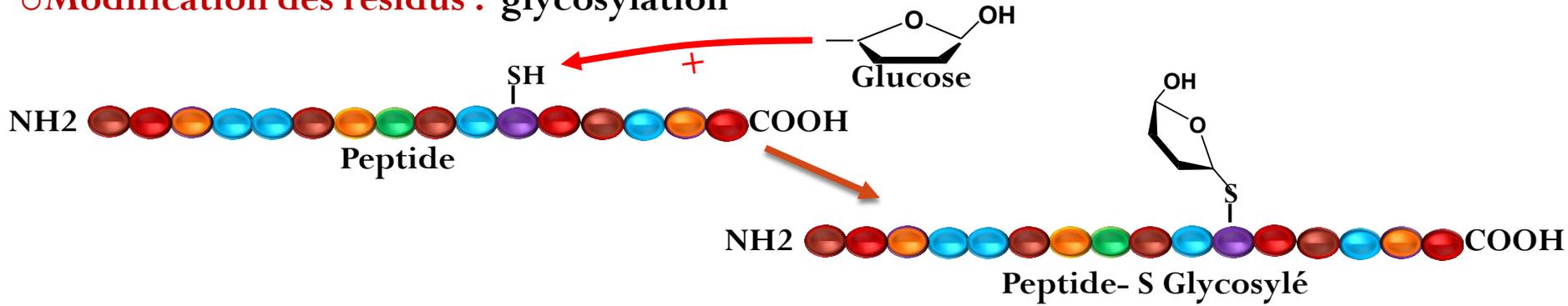


○ **Clivage des liaisons peptidiques** : Insuline



Synthèse protéique

○ **Modification des résidus : glycosylation**



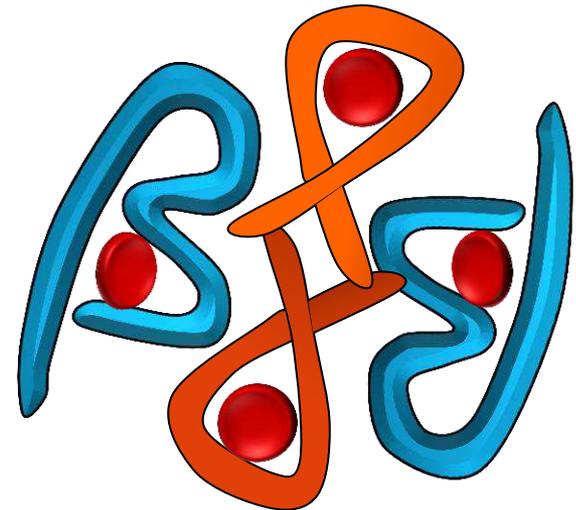
○ **Association à d'autres chaînes polypeptidiques identiques ou non et à des ligands :**

L'hémoglobine : structuré
en **deux sous-unités β**

et les **deux sous-unités α**

Plus quatre groupements organiques appelés
hèmes contenant chacun un atome de fer (c'est
à ce niveau que se lie l'oxygène)

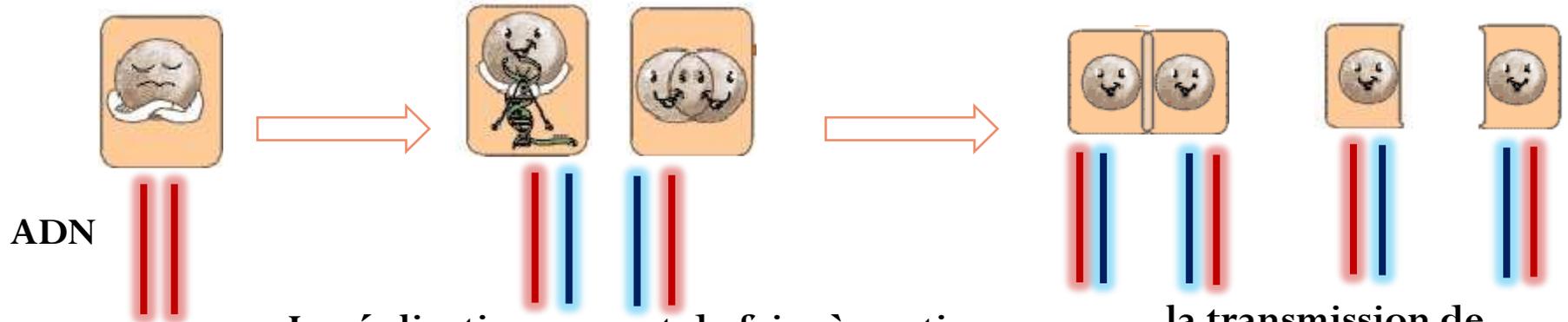
Chaque globule rouge contient quelque chose
comme 280 millions de molécules d'hémoglobine



3. Les mutations

Les mutations

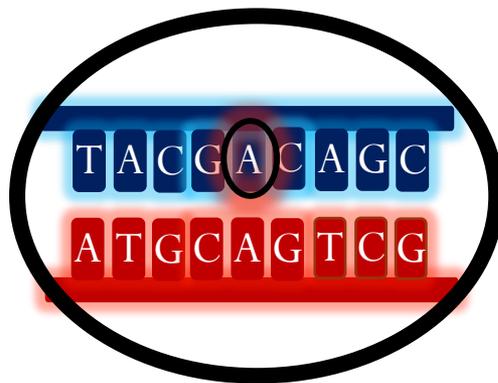
Les mutations sont des modifications spontanées ou provoquées du génome d'une cellule, d'un tissu ou d'un organisme, souvent héréditaires



La réplication permet de faire à partir d'une molécule ADN une copie conforme (exacte)

la transmission de l'information génétique

Exemple :



Erreurs au niveau de la réplication aboutissant à des copies qui diffèrent de **l'ADN initiale**

la mutation génique : porte sur la modification nucléotidique des gènes

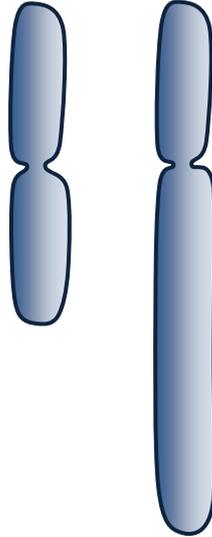
Les mutations

Les mutations désignent également les variations structurales des chromosomes, des accidents résultant de cassures peuvent affecter la structure des chromosomes, les chromosomes concernés perdent ou gagnent des morceaux d'autres chromosomes.

Exemple :



Chromosome normal

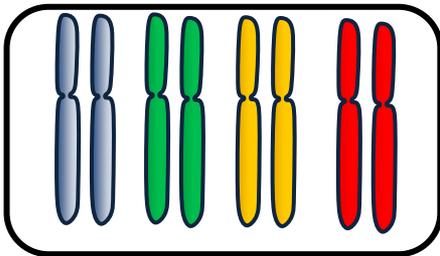


Chromosomes mutants

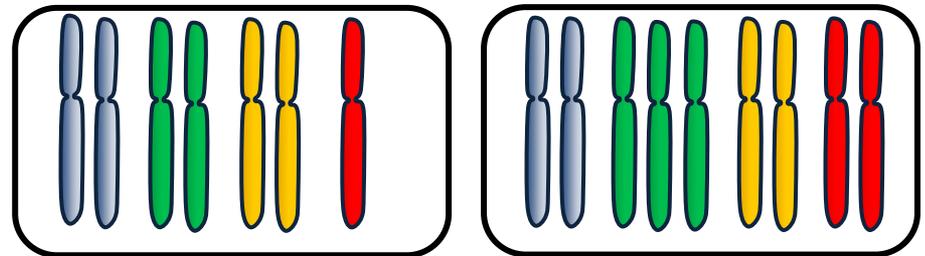
Ce sont **les mutations chromosomique**

La mutation génomique: l'altération touche le nombre des chromosomes (variation numérique ou de la ploïdie des chromosomes).

Exemple :



Cas normal



Cas mutants

Types de mutations:

Les mutations

1. Mutation génique

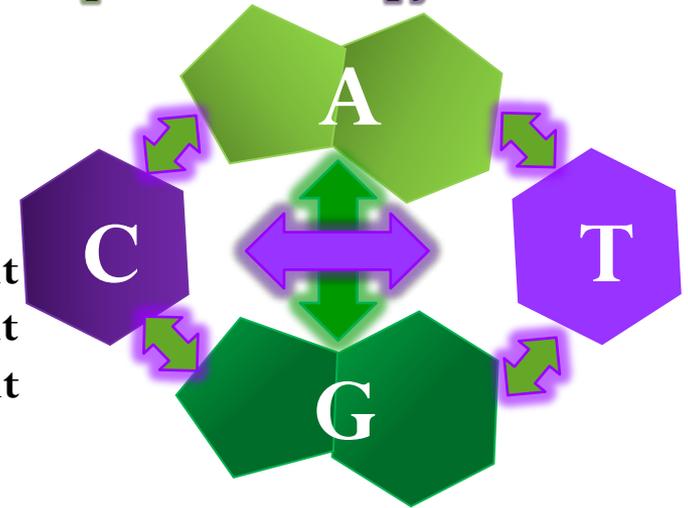
Mutation ponctuelles: Ce sont des modifications qui touchent une **seule paire** de base à la fois ou un **nombre très faible de paires** de bases. Il y a deux types de mutations ponctuelles: les **substitutions** et les **délétions/additions**.

- Substitutions

↕ C'est le changement d'une base par une autre : **bases purines**, **bases pyrimidines**

↕ Quand la substitution consiste en le changement de purine par une purine ou le changement d'une pyrimidine par une pyrimidine, on dit que c'est une **transition**

↔ Quand la substitution consiste en le changement d'une purine par une pyrimidine ou inversement changement d'une pyrimidine par une purine, on dit que c'est une **transversion**.



-Délétion ou addition

Délétion : une base délétée = perdue lors de la répliation

- G



Addition : une base insérée = ajoutée lors de la répliation

+ A



Types de mutations:

1. Mutation génique:

On distingue **quatre types de mutations par substitutions** selon leur conséquence au niveau de **la protéine** et donc au niveau du phénotype.

1. Mutation conservatrice:

Codon codant un acide aminé est remplacé par un codon codant un autre acide aminé appartenant au **même groupe**



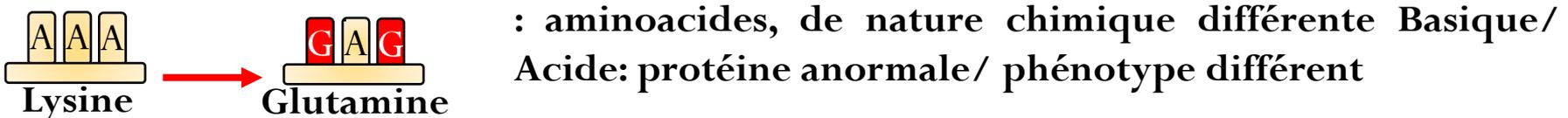
2. Mutation silencieuse:

Touche généralement la troisième base du codon, l'acide aminé n'est pas modifié



3. Mutation faux sens:

Lorsqu'un codon est remplacé par un autre codon très différent, l'effet au niveau du phénotype dépend de la **nature chimique** de l'acide aminé mutant et son **emplacement** au niveau de la protéine le résultat peut être une protéine (enzyme) mutante inactive, moins efficace ou thermosensible



Les mutations

Types de mutations:

1. Mutation génique:

4. Mutation non-sens

consiste en la transformation d'un codon sens en l'un des trois codons non-sens (UAG, UAA ou UGA) qui ne codent pas pour un aminoacide mais détermine la fin de la synthèse protéique.



Le contraire peut se produire ce qui engendre une protéine plus longue

Délétion ou addition

Dans ce type de mutation nous avons un ajout (addition/insertion) ou une diminution (délétion) (**indels**) d'un petit nombre de paires de bases

Il existe **deux types de mutations** selon le **nombre** de nucléotides ajoutés ou supprimés

○ Le nombre de nucléotide ajouté ou supprimé **est un multiple de 3**

il y aura au niveau de la protéine un ajout ou une diminution d'un certain nombre d'acides aminés

Les mutations

Types de mutations:

1. Mutation génétique:

Délétion ou addition / indels

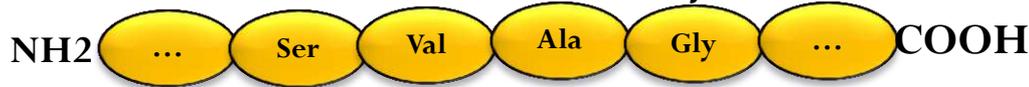
○ Le nombre de nucléotide ajouté ou supprimé est un multiple de 3

Cas normal



..... Sérine Valine Alanine Glycine

Protéine normale



Addition

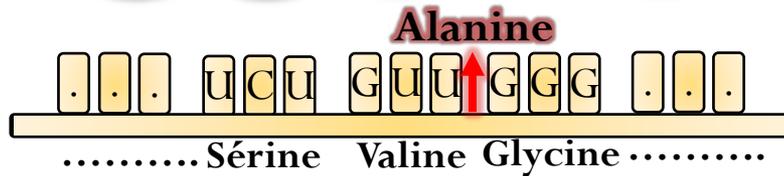


..... Sérine Valine Alanine Glycine **Lysine**

Protéine anormale



Délétion



..... Sérine Valine Glycine

Protéine anormale



Il y aura au niveau de la protéine un ajout ou une diminution d'un certain nombre d'acides aminés

Types de mutations:

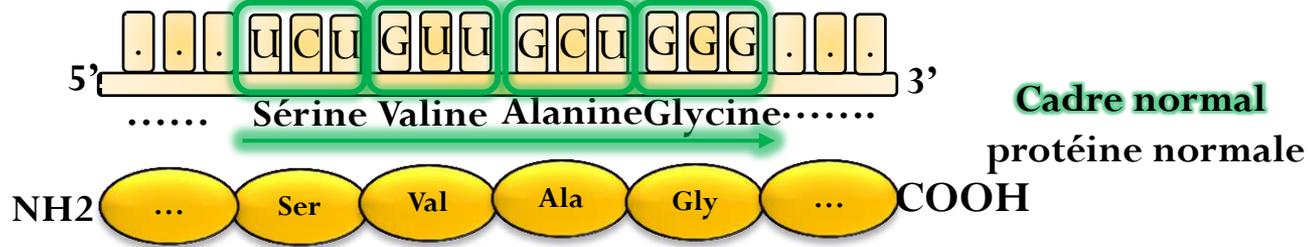
Les mutations

1. Mutation génique:

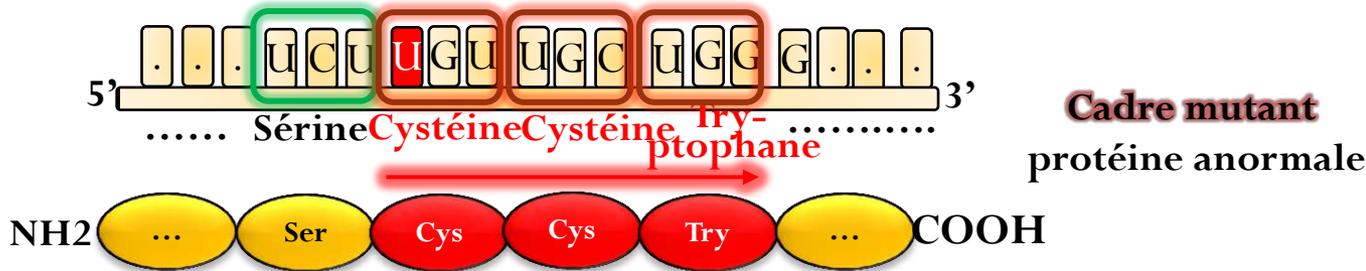
Délétion ou addition / indels

Le nombre de nucléotide ajouté ou supprimé n'est pas un multiple de 3

Cas normal

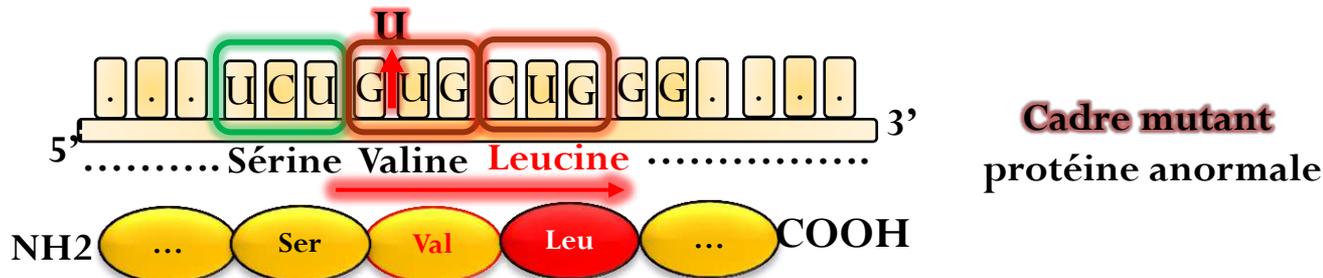


Addition



Ceci se traduit au niveau de la protéine par un changement de toute la séquence qui est en aval de la mutation. C'est ce qu'on appelle des mutations de décalage "frame shift".

Délétion



Le décalage du cadre de lecture aboutit très fréquemment à l'apparition de codon stop (UAG, UAA ou UGA) ce qui provoque l'arrêt de la traduction et donne donc des protéines tronquées.

Les mutations

Types de mutations:

2. Mutation chromosomique:

Les mutations chromosomiques sont des altérations majeures des chromosomes. Elles touchent la structure des chromosomes, et touchent donc plusieurs gènes à la fois;

Il existe quatre types de mutations chromosomiques:

1 **Les délétions ou déficiences**: disparition d'un segment du chromosome.

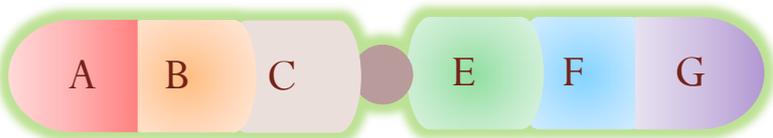
2 **Les duplications**: dédoublement d'un segment du chromosome.

3 **Les inversions**: un segment du chromosome trouve son orientation par rapport au reste du chromosome changé.

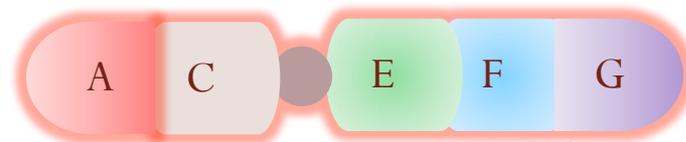
4 **Les translocations**: c'est un échange de segment de chromosome entre deux chromosomes non homologues.

Les délétions ou déficiences

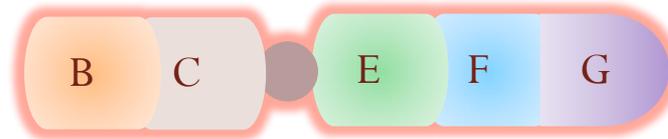
La déficience qui consiste en la perte d'un segment de chromosome implique qu'il y a perte d'au moins quelques gènes (le nombre de gènes dépend de la taille de la déficience et de l'endroit auquel elle s'est produite)



Chromosome **normal**



Délétion interstitielle



Délétion terminale
Chromosomes **mutants**

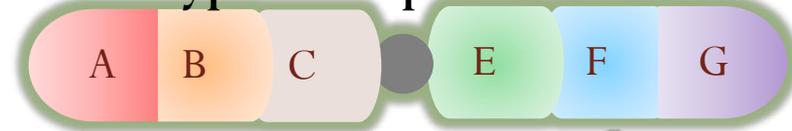
Les mutations

Types de mutations:

2. Mutation chromosomique:

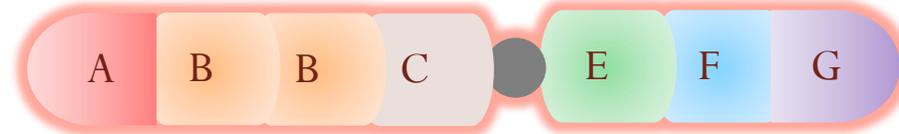
Les duplications

Les duplications, bien qu'elles correspondent à un ajout de matériel héréditaire, peuvent donner un phénotype mutant. Il existe plusieurs types de duplications:



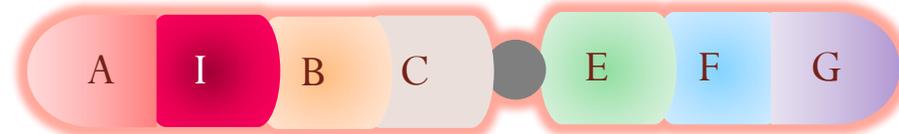
Chromosome **normal**

Intrachromosomique: le segment dupliqué est contenu dans le chromosome



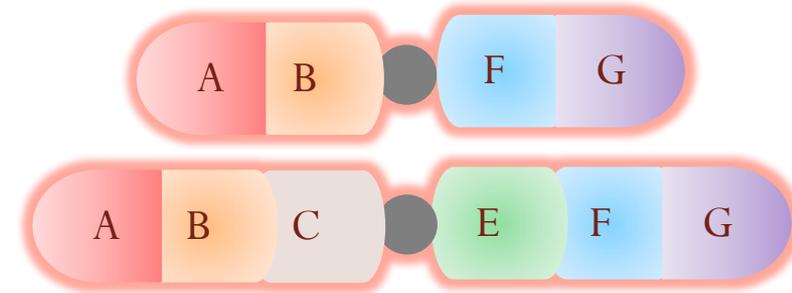
Duplication intrachromosomique

Interchromosomique: le segment dupliqué provient d'un chromosome non homologue.



Duplication interchromosomique

Libre: le segment dupliqué a son propre centromère. Il y a donc formation d'un petit chromosome supplémentaire.



Duplication libre

Les mutations

Types de mutations:

2. Mutation chromosomique:

Inversions

Elles peuvent être **simples**, où un seul segment est impliqué: comme elles peuvent être **complexes** où plusieurs segments sont impliqués

Inversion paracentrique: lorsque le fragment chromosomique est inversé entre deux points de cassure, n'incluant pas le centromère

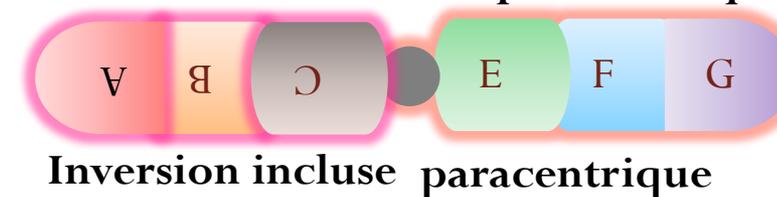
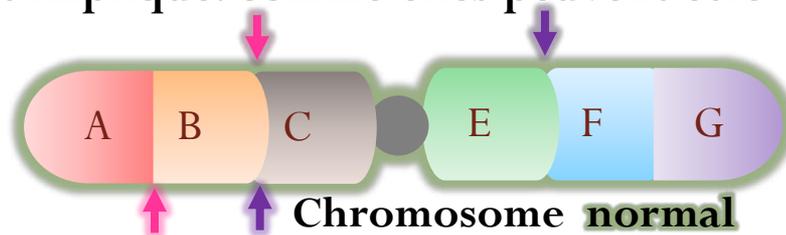
Inversion péricentrique: lorsque le fragment chromosomique est inversé entre deux points de cassure, incluant le centromère

Les inversions complexes peuvent être:

Indépendantes: les deux segments inversés sont totalement indépendants

Chevauchantes: les deux segments inversés sont chevauchants. Une partie du chromosome est doublement inversé.

Incluses: un des segments inversés est totalement inclus dans une deuxième inversion



Les mutations

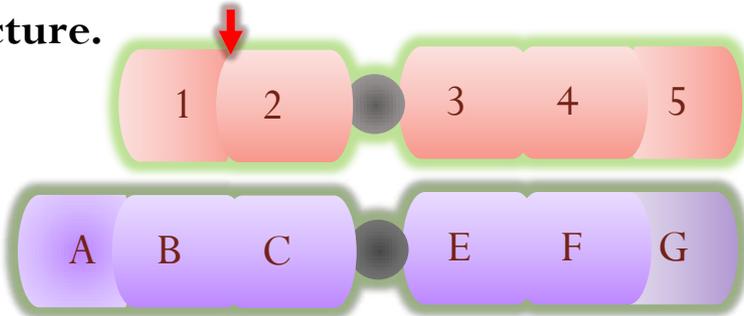
Types de mutations:

2. Mutation chromosomique:

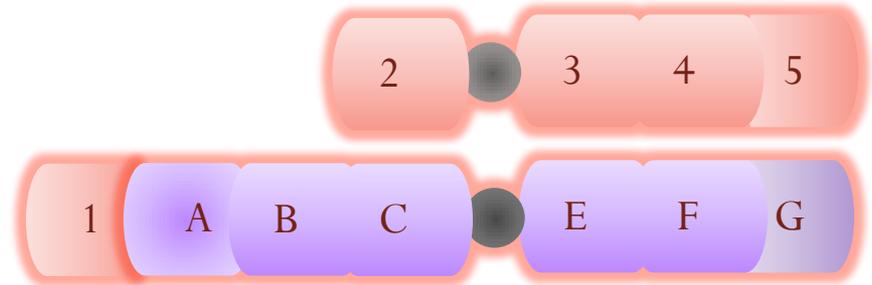
Translocations

La translocation est caractérisée par l'échange de fragments chromosomiques entre des chromosomes non homologues. Il existe Trois types de translocation:

La translocation simple: implique le transfert d'une partie terminale d'un chromosome à l'une des extrémités d'un autre chromosome. Cette opération ne requiert qu'une seule fracture.



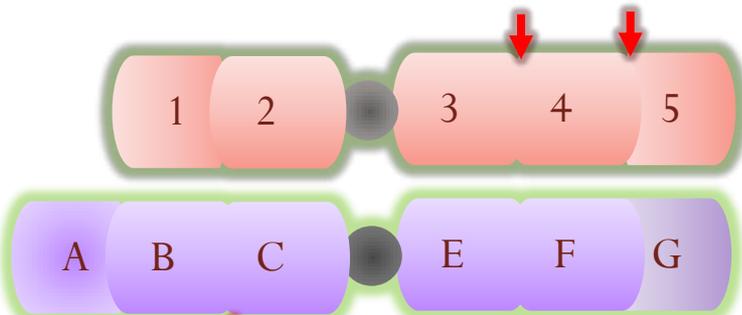
Chromosomes **normaux**



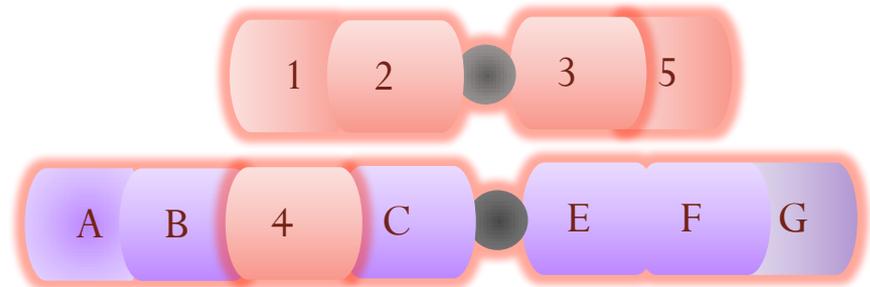
Chromosomes **mutants**

Le Shift implique le transfert d'un segment interstitiel d'un chromosome à un autre lieu, dans le même chromosome ou dans un autre chromosome. Cette opération requiert trois fractures.

I. Deux chromosomes non homologues



Chromosomes **normaux**



Chromosomes **mutants**

Les mutations

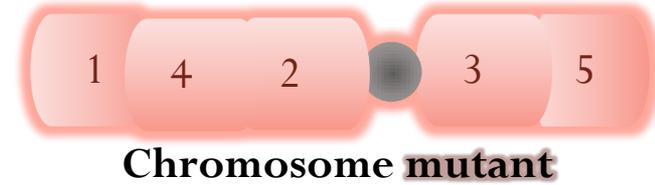
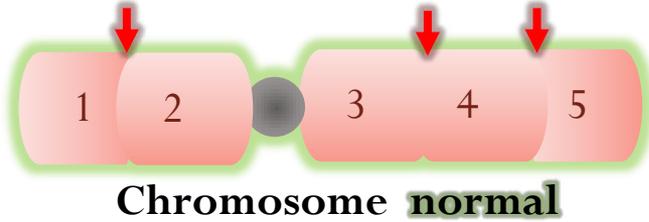
Types de mutations:

2. Mutation chromosomique:

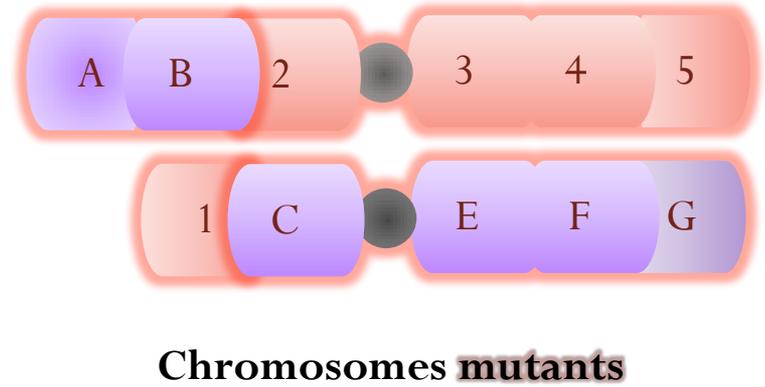
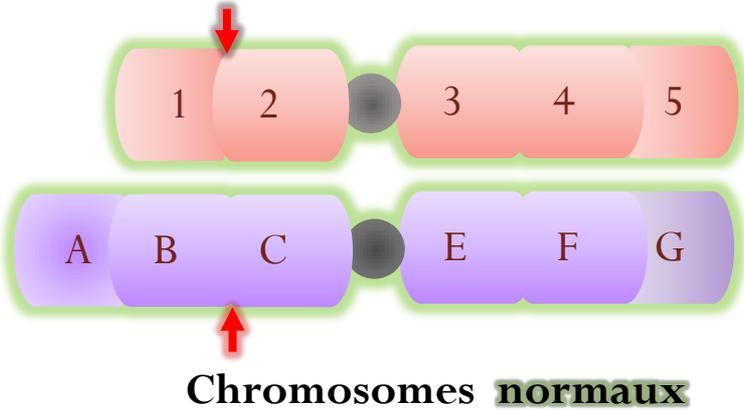
Translocations

Le Shift

II. Au niveau du même chromosome



Translocation réciproque: consiste en un échange de segments terminaux entre deux chromosomes non homologues, ce qui nécessite deux fractures.



Les mutations

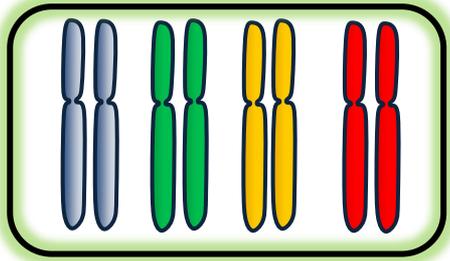
Types de mutations:

3. Mutation génomique:

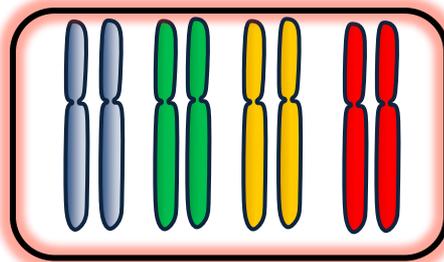
Ce sont des modifications qui touchent le nombre des chromosomes. Il y a deux grands groupes de mutation génomiques.

Mutations Euploïdes : ce sont des variations numériques touchant de la même façon toute la garniture chromosomique (chaque chromosome a subi la même variation numérique).

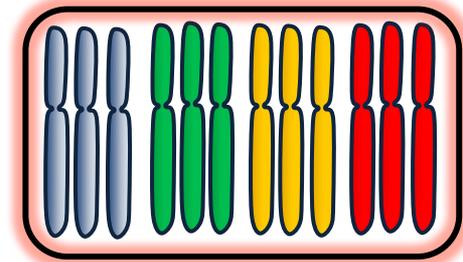
Il existe deux types d'euploïdie:



Cas **normal**



1. Haploïdie



2. Polyploïdie

1. Haploïdie : lorsque le nombre chromosomique de base est représenté une seule fois

2. Polyploïdie : lorsque le nombre chromosomique de base est représenté plusieurs fois

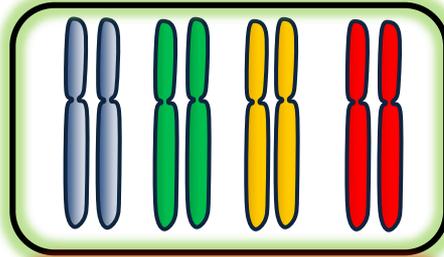
Les mutations

Types de mutations:

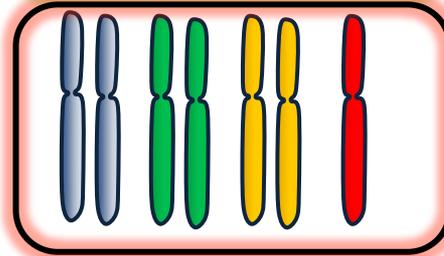
3. Mutation génomique:

Mutations Aneuploïdes: ce sont des variations numériques chromosomiques, mais qui ne touchent pas de la même façon tous les chromosomes.

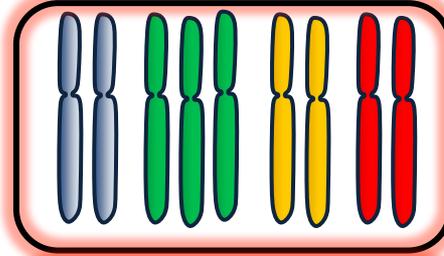
Cas **normal** $2n = 8$



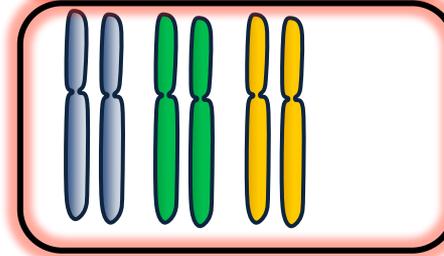
Si $2n-1$: Monosomie



Si $2n+1$: Trisomie



Si $2n-2$: Nullisomie



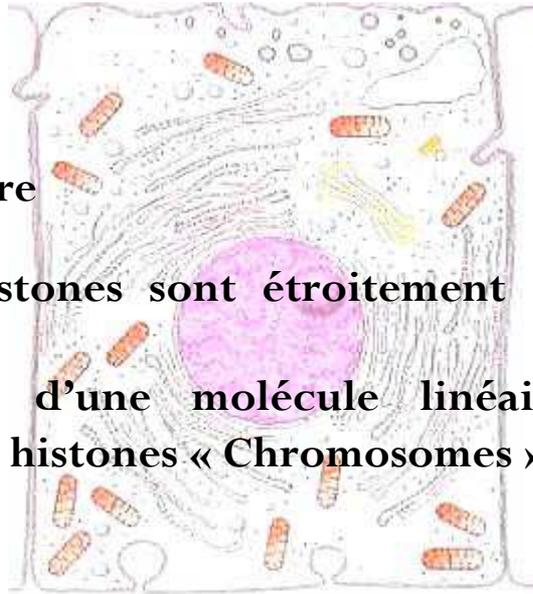
4. Génétique bactérienne

Génétique bactérienne

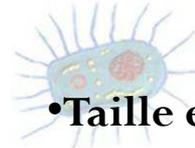
Majeures différences entre procaryotes et eucaryotes :

Eucaryotes :

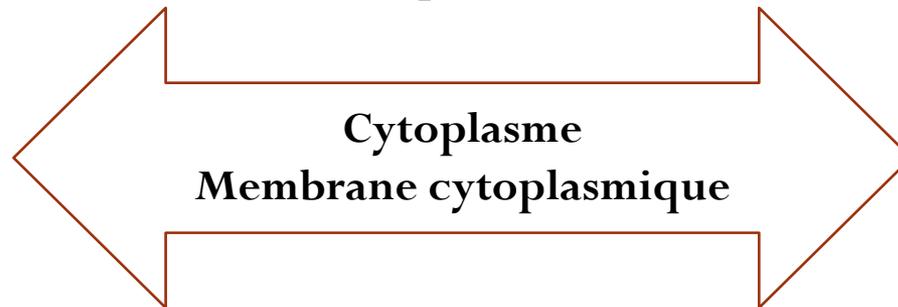
- Taille en mm
- Présence de noyau
- Membrane nucléaire
- Nucléole
- Cinq espèces d'histones sont étroitement liées à l'ADN
- En général, plus d'une molécule linéaire d'ADN associée aux histones « Chromosomes »
- Introns et exons courants
- Ribosomes 70S (sous-unités 30S et 50S)
- Paroi (cellule végétale) , absence de paroi (cellule animale)



Procaryotes :

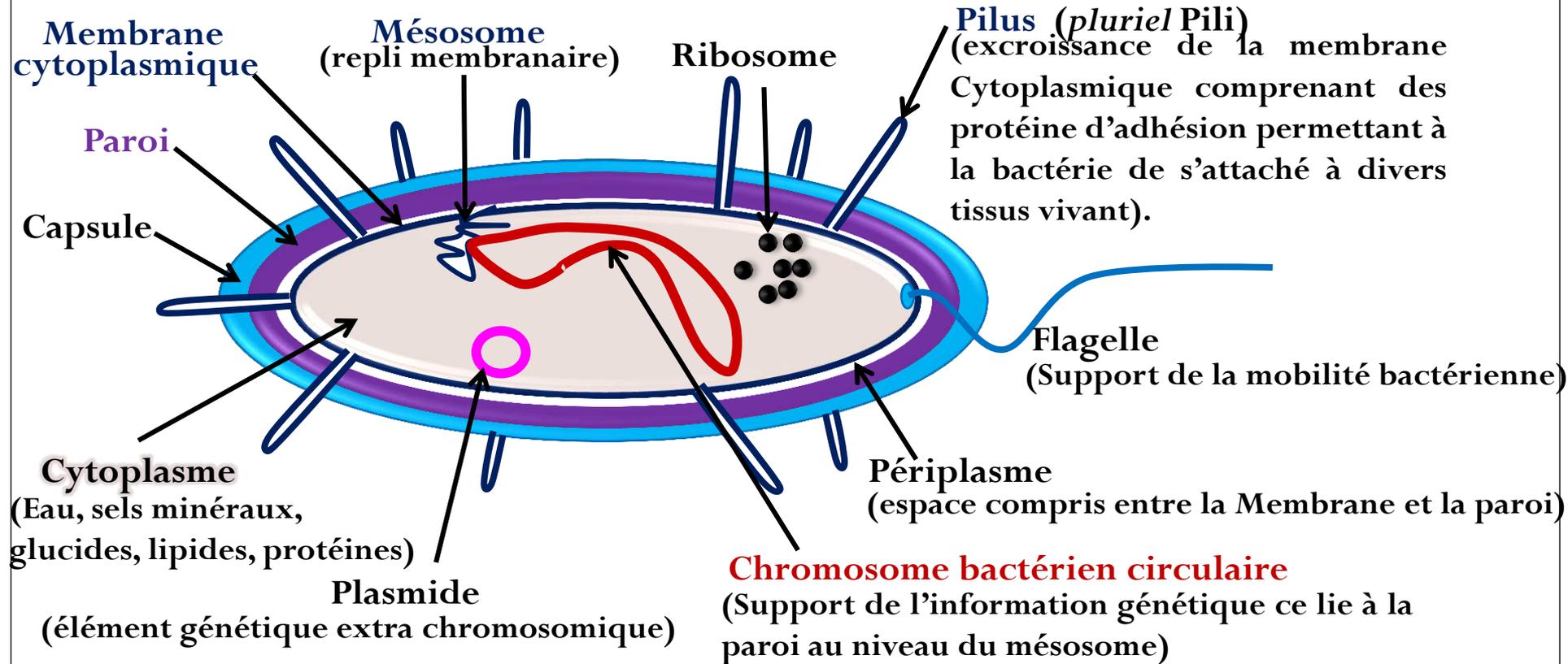


- Taille en μm
- Absences de noyau
- Pas de membrane nucléaires
- Pas de nucléole
- Pas d'histones
- Une seule molécule circulaire d'ADN « Chromosome » suffit à la vie de la cellule, il n'ya pas de centromère
- Pas d'introns
- Ribosomes 80S (sous-unités 40S et 60S)
- Présence constante de paroi



Génétique bactérienne

Bactérie :



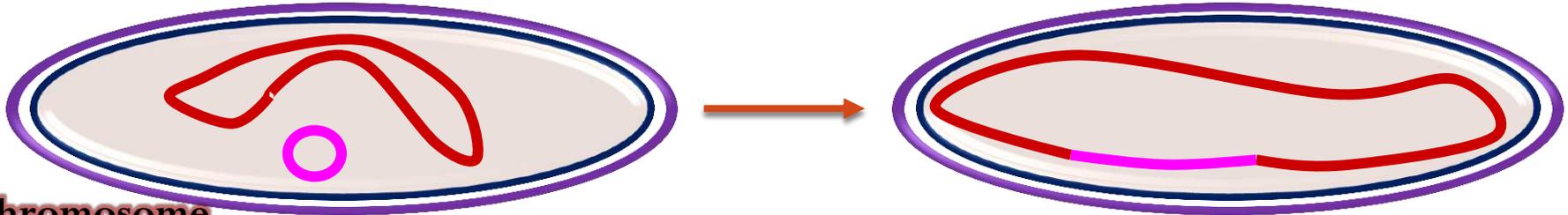
Plasmide: élément cellulaire extrachromosomique, formé d'une molécule d'ADN circulaire capable de réplication autonome, les gènes du plasmide sont non nécessaire au métabolisme normal de la cellule, mais avantageux pour les bactéries

- Ils sont médiateurs de nombreuses propriétés permettant une meilleure adaptation des bactéries
- Ils participent dans les transferts horizontaux de gènes entre les populations bactériennes

Génétique bactérienne

Bactérie :

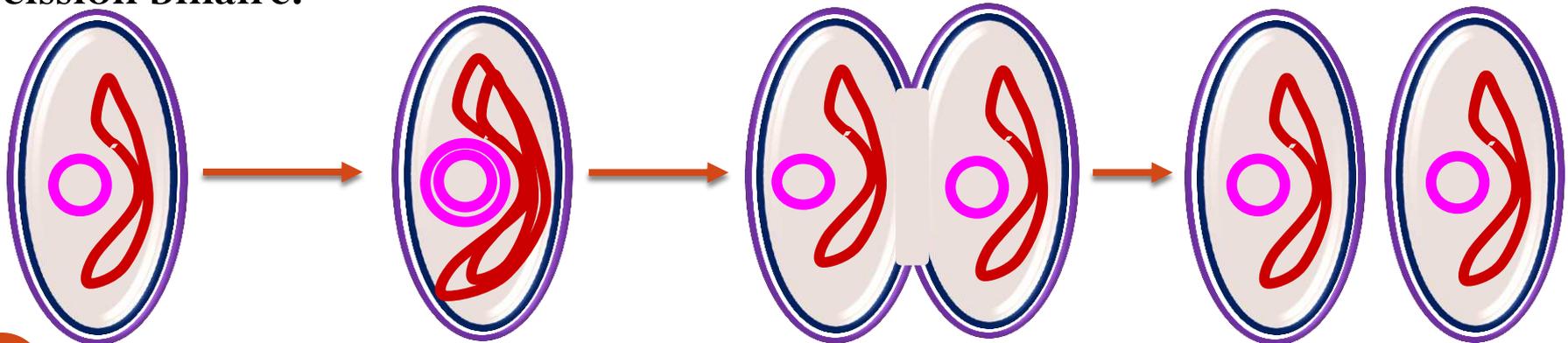
Certains plasmides sont capables de s'intégrer aux chromosomes, on appelle ces plasmides des **épisomes**



Chromosome
Plasmide

les procaryotes (bactéries) ne se reproduisent pas par mitose ou méiose mais uniquement par **scission binaire**, apparenté à la mitose, (réplication du chromosome suivie de division du cytoplasme). Pendant longtemps, on a cru il **n'y a pas de brassage génétique**, ils se forment donc uniquement des clones (des populations génétiquement homogènes)

Scission binaire:



Génétique bactérienne

les recombinaisons bactériennes:

Or , aujourd'hui on sait que les bactéries sont capables de faire **le brassage génétique**

3 modes différents permettent la recombinaison bactérienne, ce sont:

1.La transformation

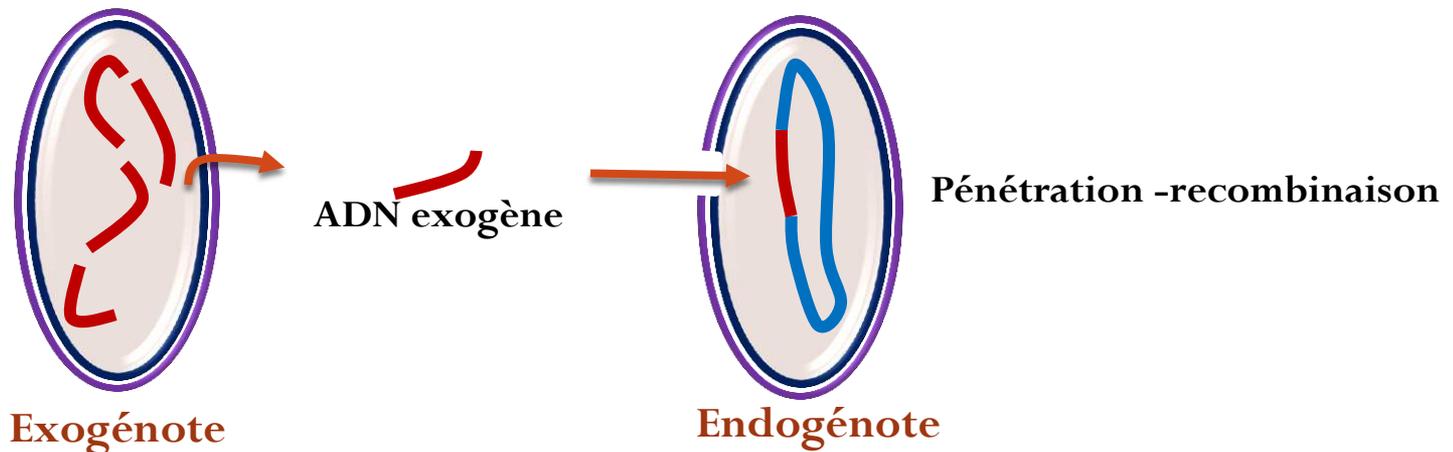
2.La conjugaison

3.La transduction

❑ Ces modes **sont unidirectionnels** « que dans un sens »

❑ De plus ces recombinaisons :

- N'affectent qu'un seul des deux organismes impliqués dans l'échange de matériels génétiques ;
- Reposent sur l'existence de bactéries donatrices (l'**exogénote**) et de bactéries réceptrices (l'**endogénote**);
- N'exigent pas nécessairement de contact entre les organismes échangeurs.



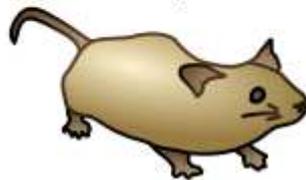
Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La transformation

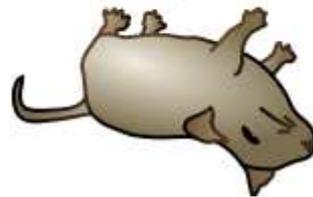
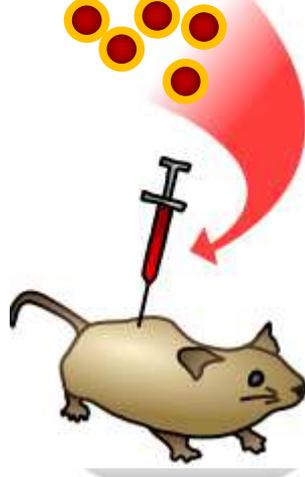
En 1928 **Griffith** réalise une expérience mettant en évidence le principe transformant chez les bactéries pneumocoques

1.Souche rugueuse
(non virulente *R*)



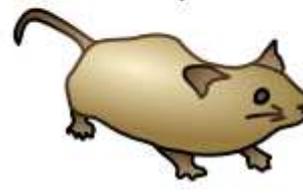
Souris vivantes

2.Souche lisse
(virulente *S*)



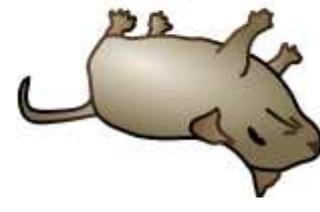
Souris mortes

3.Souche lisse
morte



Souris vivantes

4.Souche rugueuse vivante
et souche lisse morte



Souris mortes

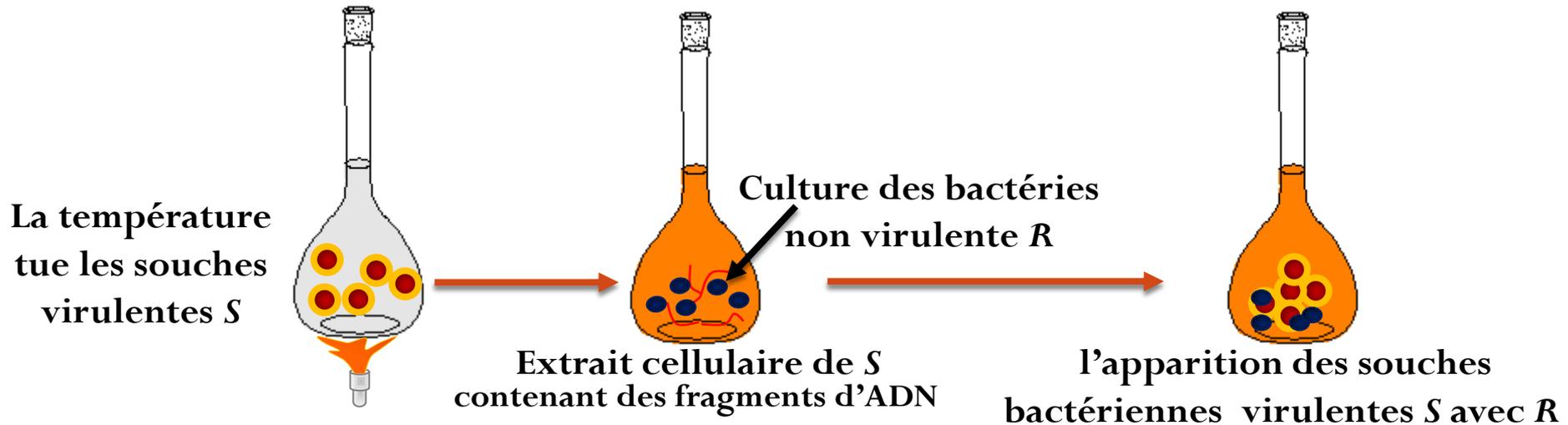
Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La transformation

La transformation a été découverte chez *Diplococcus pneumoniae* par Griffith

Ce mode de recombinaison se base sur l'intégration, dans une **bactérie vivante**, d'un **fragment d'ADN** provenant d'une **bactérie morte**.



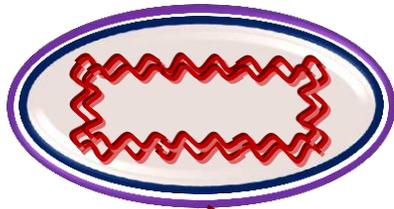
L'ADN transformant et l'ADN de la bactérie réceptrice **doivent être similaires** et la transformation n'est possible qu'**entre bactéries** d'une **même espèce** ou qu'**entre bactéries** appartenant à des **espèces voisines**.

Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La transformation

- ❑ toutes les cellules ne sont pas transformables. Les cellules capables de recevoir l'information génétique sous forme d'ADN libre, sont dites **compétentes**
- ❑ La compétence naturelle est un caractère héréditaire sous le contrôle de plusieurs gènes
- ❑ Ces gènes codent pour des protéines responsables de l'absorption de la molécule d'ADN exogène et de sa protection contre l'action des nucléases de la cellule réceptrice

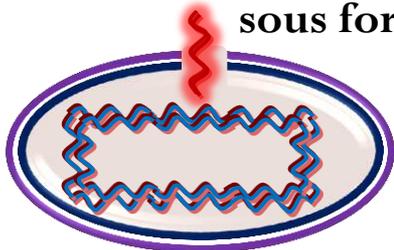


1. Bactérie donneuse virulente S

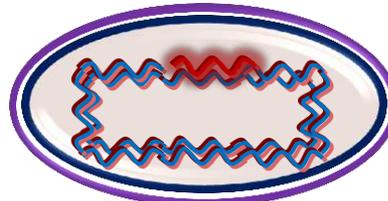


2. Lyse cellulaire

4. L'absorption se fait sous forme : simple brin.



3. Bactérie réceptrice Non virulente R **compétente**



6. La recombinaison se fait grâce aux enzymes impliquées dans la recombinaison spécialement "REC A".

Il y a, production d'un **hétéroduplexe** (un brin est parental et l'autre est recombiné par intégration de la molécule d'ADN exogène)

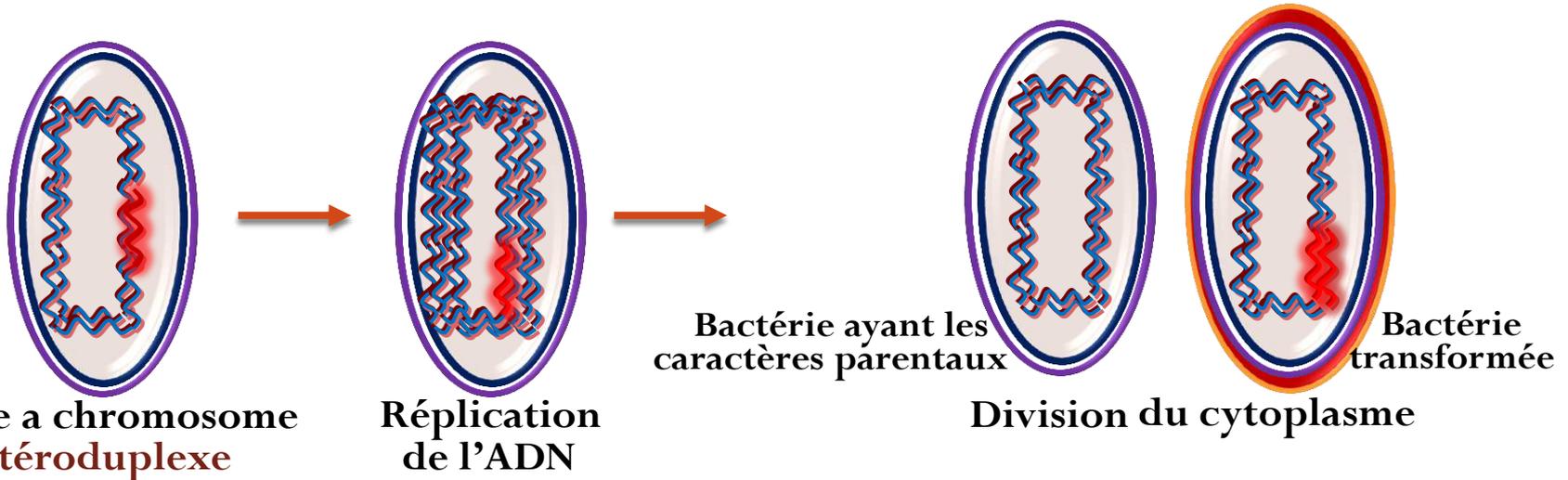
5. La transformation ne résulte pas d'**addition** de gènes mais d'une **substitution** de gènes

Génétique bactérienne

les recombinaisons bactériennes:

La transformation

À la réplication il y a formation de deux chromosomes. L'un est parental et le deuxième est recombiné. Ce dernier donnera la souche transformée



Compétence artificielle : un traitement des cellules non compétentes par du **chlorure de calcium** ou de **rubidium** ou par un **choc thermique** peut provoquer des altérations de l'enveloppe bactérienne augmentant ainsi leur capacité d'absorption d'ADN, les rendant ainsi compétentes.

Génétique bactérienne

les recombinaisons bactériennes:

La conjugaison:

La conjugaison a été découverte par **Lederberg et Tatum (1946)** grâce à des expériences conçues dans un but de trouver s'il existe ou non un transfert sexuel de l'information génétique chez les bactéries.

❑ La conjugaison est le seul processus d'échange génétique qui nécessite un contact et un échange direct entre les bactéries.

❑ Le matériel échangé est soit un **plasmide**, soit un **fragment du chromosome**

❑ un transfert unidirectionnel de l'information héréditaire d'une bactérie donneuse (bactérie de type +) vers une bactérie réceptrice (bactérie de type -)

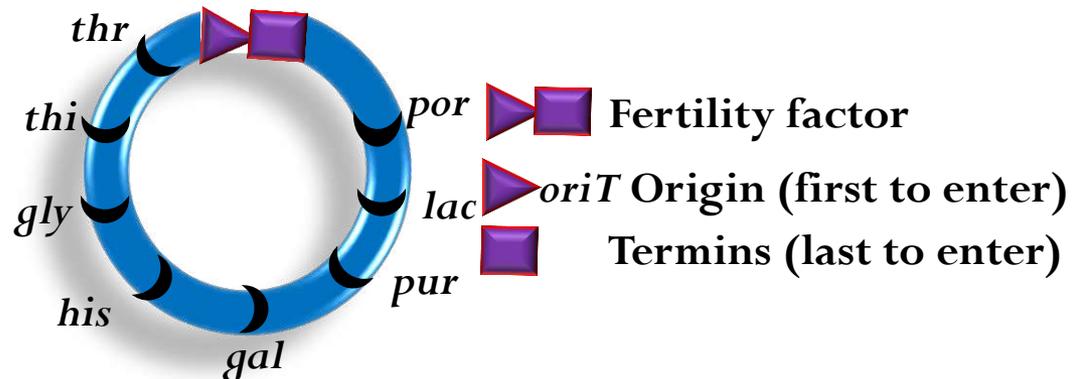


Le transfert de l'information

Les bactéries (+): possèdent un plasmide appelé **F** (pour **facteur de fertilité**)

• On les désigne par **F+**

• Les bactéries qui ne possèdent pas le facteur de fertilité on les désigne par **F-**



Plasmide F : ADN circulaire (environ 100 kb)

Génétique bactérienne

les recombinaisons bactériennes:

La conjugaison:

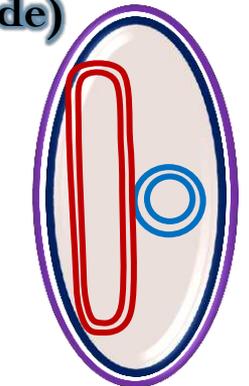
Le facteur F confère trois propriétés particulières à la cellule qui le porte :

- Il permet la production de pili sexuels,
- Il donne la capacité de transférer l'ADN dans une autre cellule,
- Il empêche la cellule d'agir comme une cellule receveuse.

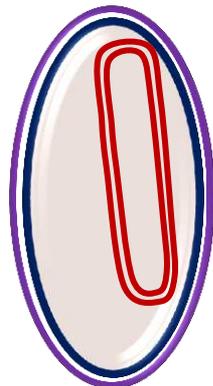
I. Croisement F⁺ x F⁻ :

1. La bactérie F⁺ établit un pilus sexuel avec la bactérie F⁻

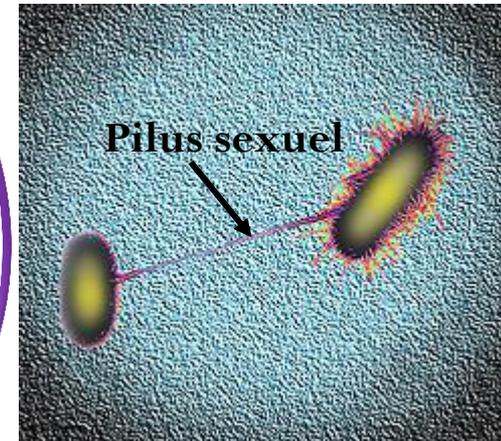
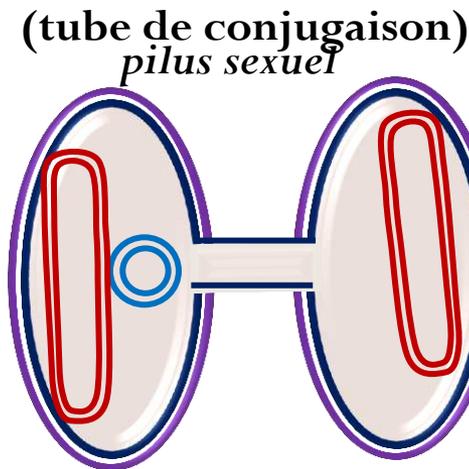
Chromosome
Facteur F
(plasmide)



Bactérie F⁺
donneuse



Bactérie F⁻
receveuse

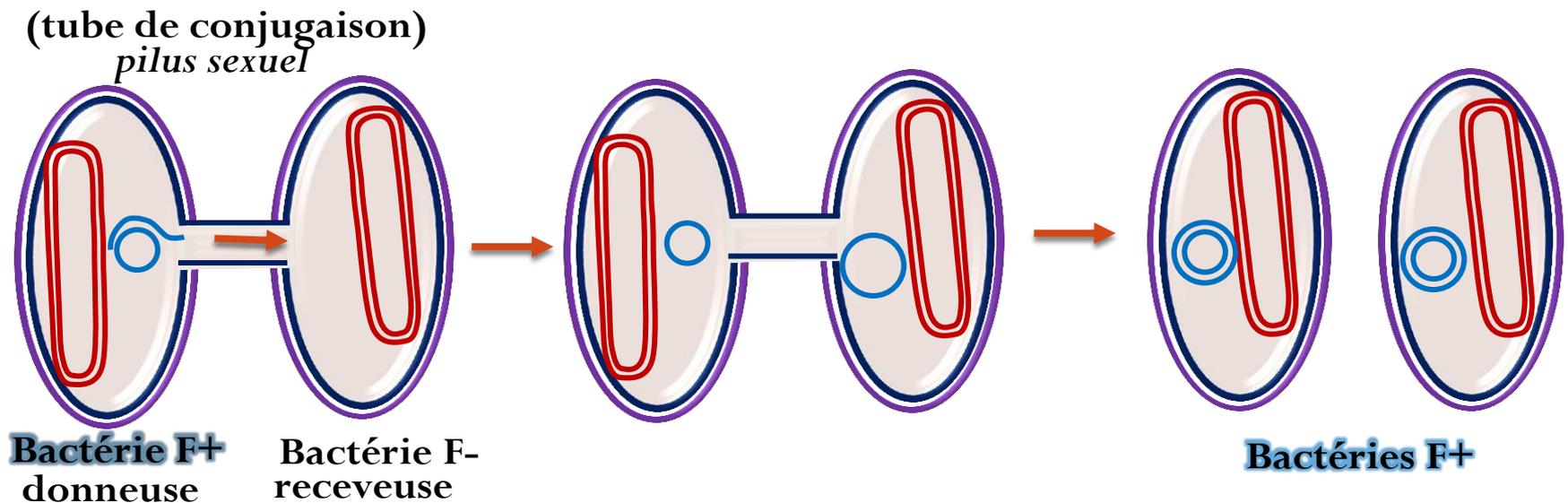


Génétique bactérienne

les recombinaisons bactériennes:

La conjugaison: I. Croisement $F^+ \times F^-$:

2. Le facteur **F** est coupé au niveau de l'origine de transfert par un complexe protéique *Relaxosome* un seul brin est détaché et transféré à travers le pilus sexuel
3. Réplication (autonome), formation de deux plasmides bicaténaires chez les deux bactéries donneuse et receveuse
4. Après conjugaison la bactérie receveuse devient une bactérie **F+**



Génétique bactérienne

les recombinaisons bactériennes:

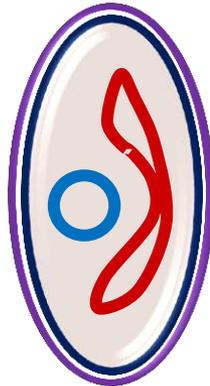
La conjugaison:

Lorsque le facteur F est intégré au chromosome bactérien la bactérie devient **Hfr** (**h**aute **f**réquence de **r**ecombinaison)

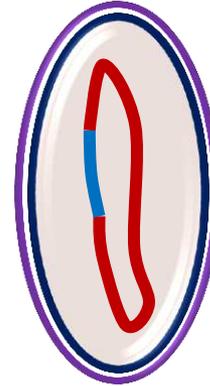
Les deux souches **F+** et **Hfr** possèdent le même **facteur de fertilité** mais, chez les souches **Hfr**, ce facteur est intégré au chromosome alors que chez les bactéries **F+**, il est indépendant du chromosome: il est situé sur un plasmide.

Chromosome

Facteur F
(plasmide)



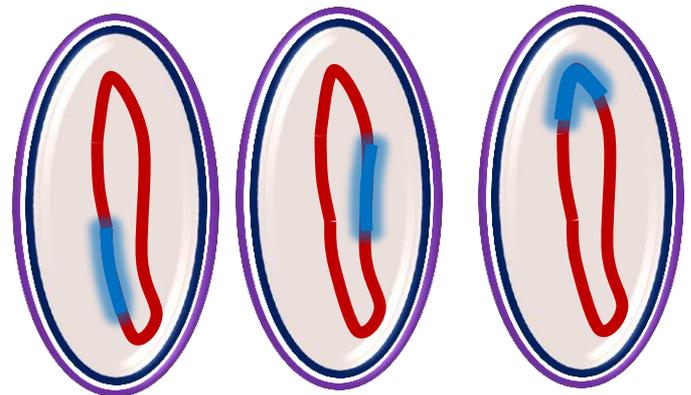
Bactérie **F+**



Bactérie **Hfr** (**h**aute **f**réquence de **r**ecombinaison)

Exemple:

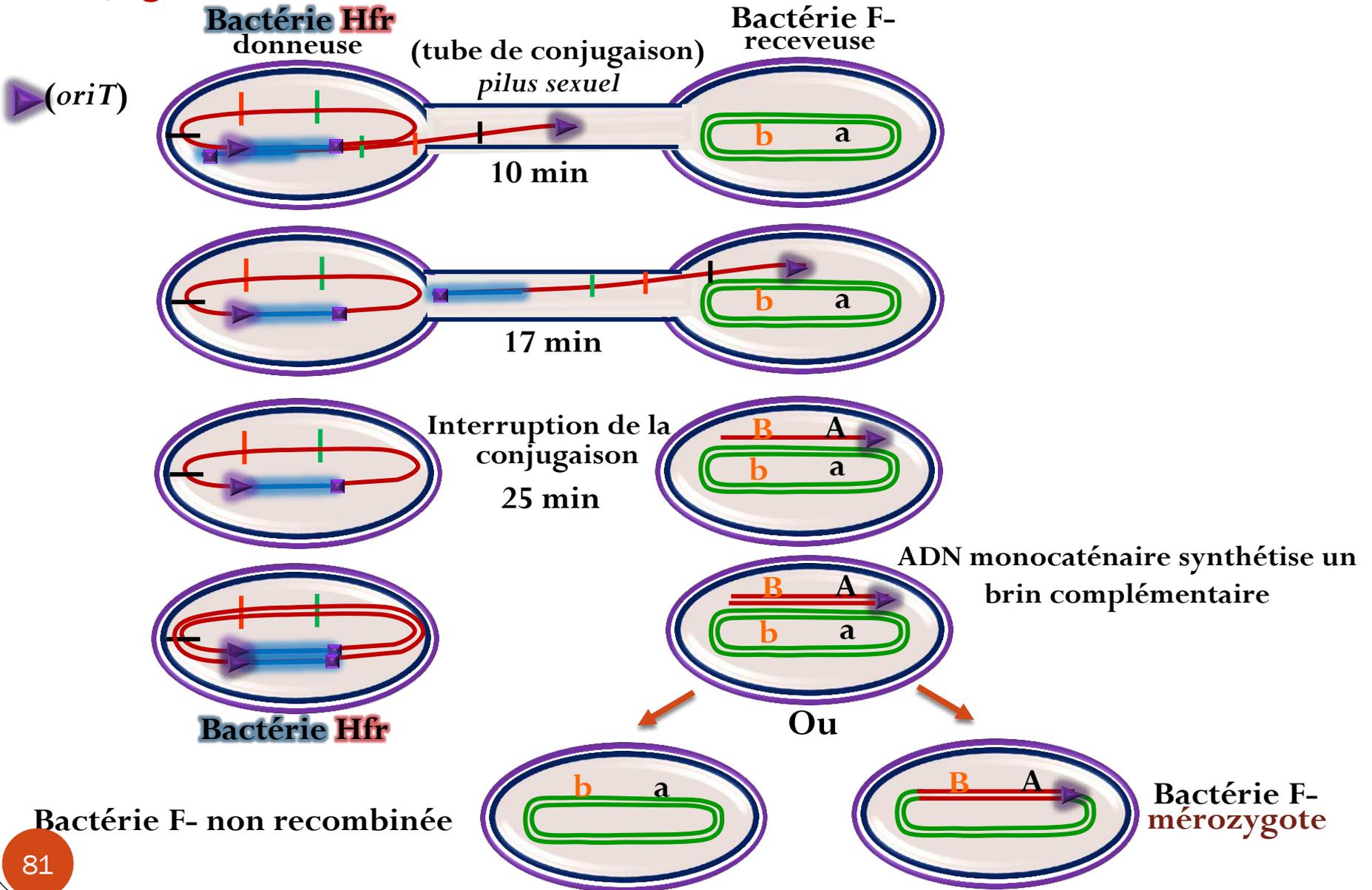
Chez *Escherichia coli*, l'intégration du facteur **F** peut se réaliser à différents endroits du chromosome.



Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La conjugaison: II. Croisement Hfr x F-



Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La conjugaison: Croisement Hfr x F-

- Comme ce facteur Hfr peut être intégré à différents endroits, les premiers gènes qui sont transférés varient d'une souche à une autre
- Plus la conjugaison dure longtemps, plus l'ADN bactérien est transféré
- Environ 100 minutes sont nécessaires pour transférer tout le chromosome bactérien
- ADN exogène soit reste dans le cytoplasme, soit s'intégrer au chromosome de la cellule receveuse
- On obtient à ce stade un **mérozygote** qui est un diploïde partiel, qu'elle n'est diploïde que pour les gènes reçus. la cellule receveuse reste F- la plupart du temps

Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La transduction:

La transduction a été découverte accidentellement quand **Zinder** qui cherchait à savoir s'il y a conjugaison dans d'autres espèces bactérienne que *E. coli*.

Zinder a étudié la recombinaison génétique chez *Salmonella typhimurium*

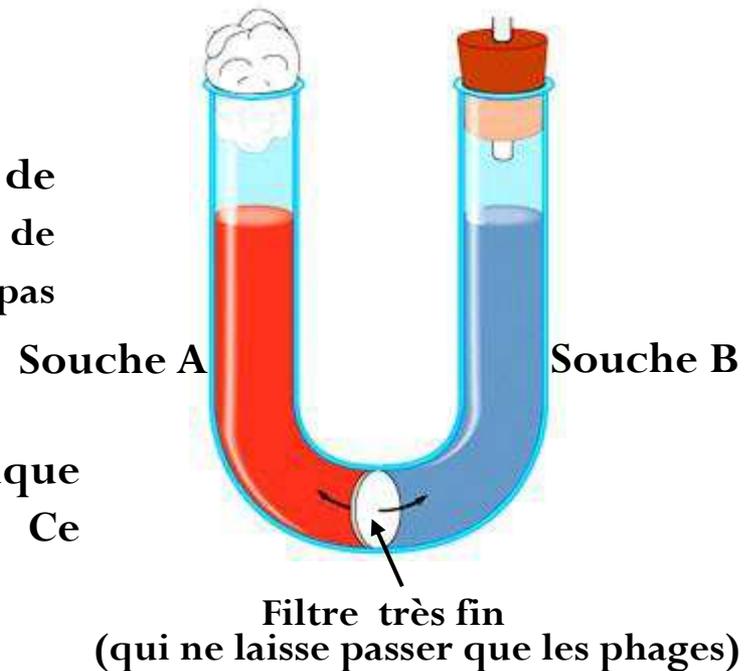
1- Les souches bactériennes parentales sont placées chacune dans un compartiment différent du tube en « U »

Remarque:

Les recombinants sont produits même s'il n'y a pas de contact physique entre les bactéries (pas de conjugaison) ni transformation (car le procédé n'est pas sensible à l'action des ADNase)

Conclusion:

Il y a un agent qui véhicule l'information génétique d'une bactérie à l'autre c'est un **bactériophage**. Ce mécanisme a été baptisé **transduction**.

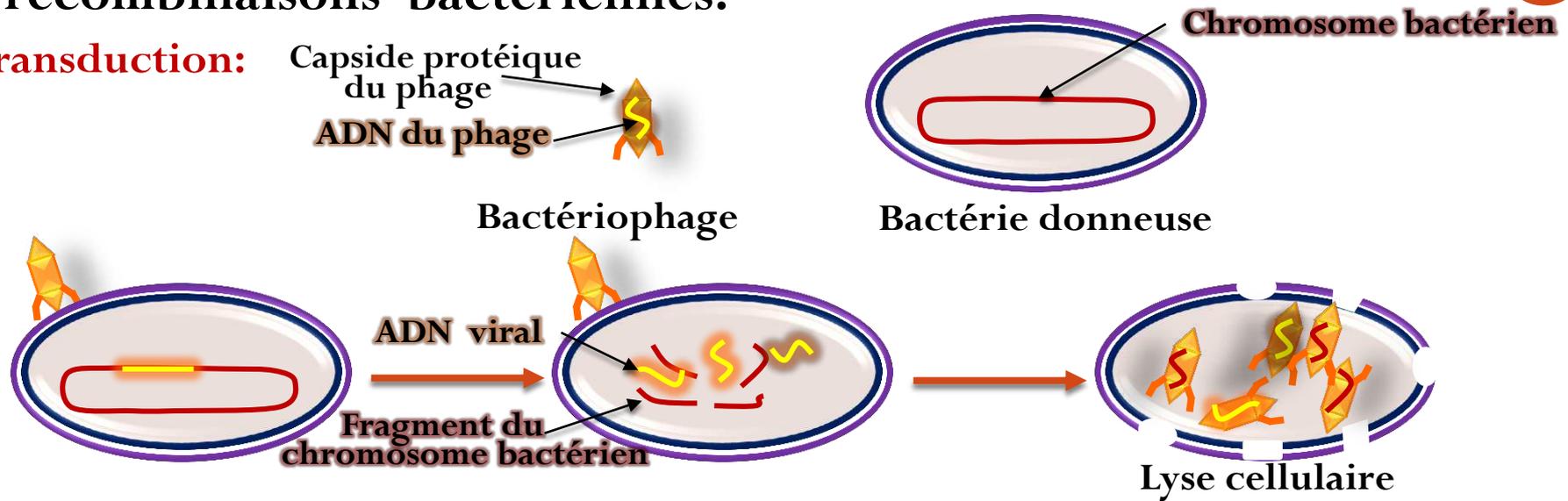


La méthode du tube en «U »

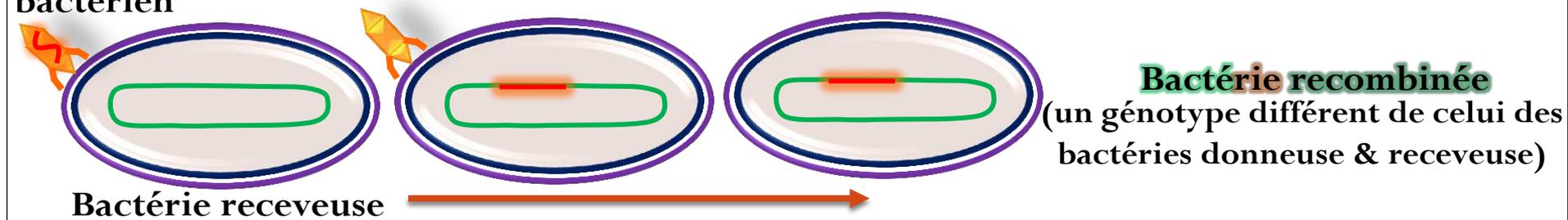
Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La transduction:



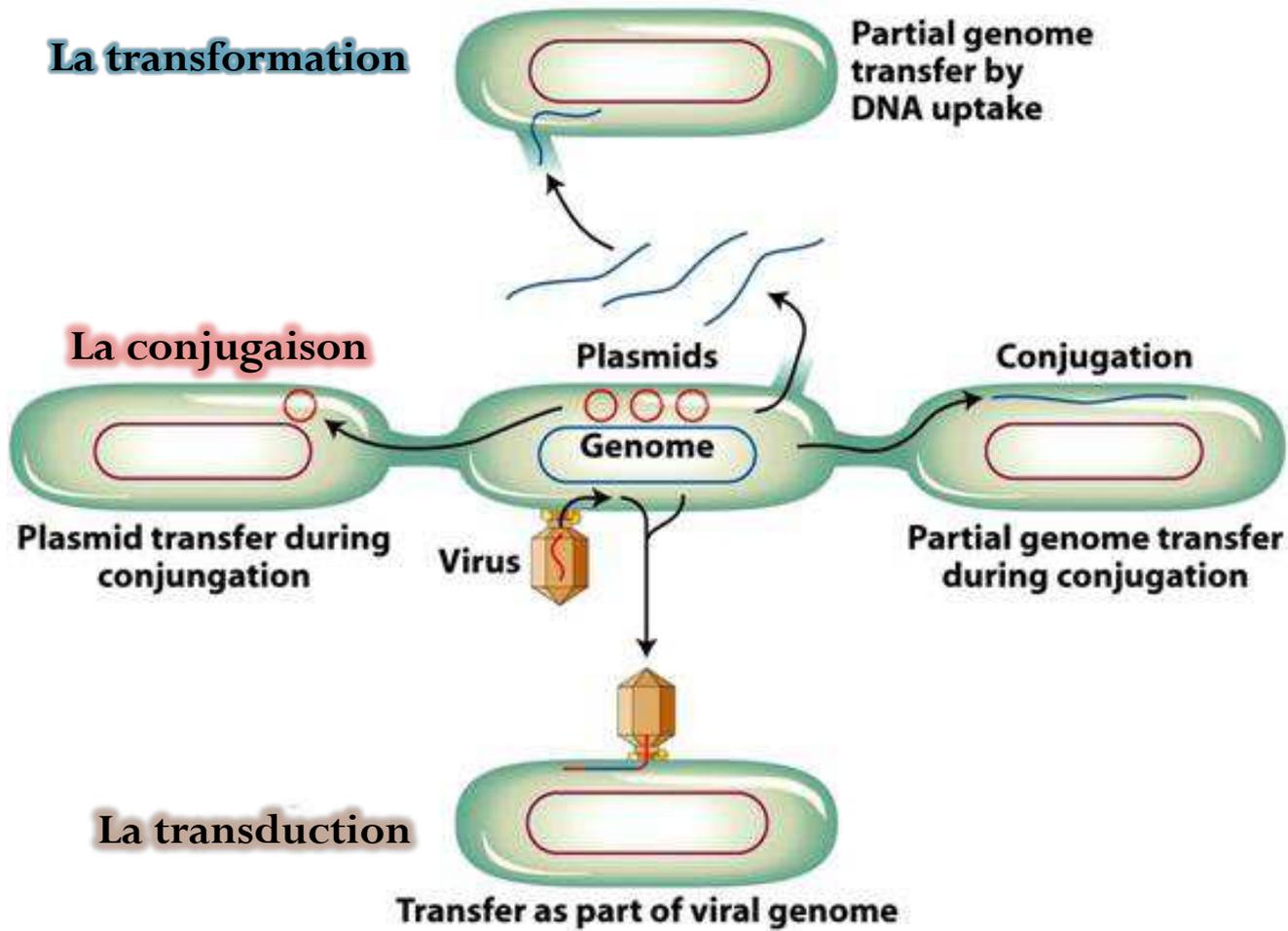
- Un phage infecte la cellule bactérienne donneuse
- L'ADN du phage est intégré dans le chromosome de l'hôte, il est répliqué et les protéines du phage seront produites, le chromosome bactérien est alors fragmenté
- Il arrive que durant l'assemblage des phages, des fragments d'ADN bactérien soient enfermés dans la capsid virale
- La lyse de la bactérie donneuse libère des particules de phages contenant de l'ADN bactérien



- Un phage transporte l'ADN bactérien, infecte une nouvelle bactérie et il se produit une recombinaison. Cette recombinaison est bénéfique pour l'hôte car elle n'est plus victime

Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:



Les trois modes de recombinaisons bactériennes
(3 voies d'acquisition d'ADN étranger par une bactérie)

Génétique bactérienne

Les recombinaisons bactériennes:

La transformation

1. Il n'y a pas de contact physique entre l'exogénote et l'endogénote
2. L'endogénote est appelée bactérie compétente
3. Le matériel génétique échangé est un fragment de chromosome d'une bactérie morte

La conjugaison

1. Il y a un contact physique entre l'exogénote et l'endogénote
2. L'exogénote est appelée bactérie F⁺, ou Hfr
3. Le matériel génétique échangé est soit un fragment de chromosome ou un plasmide

La transduction

1. Il n'y a pas de contact physique entre l'exogénote et l'endogénote la transmission se fait grâce à un intermédiaire, les bactériophages
2. L'exogénote est une bactérie infectée et tuée par un phage
3. Le matériel génétique échangé est un fragment de chromosome d'une bactérie morte