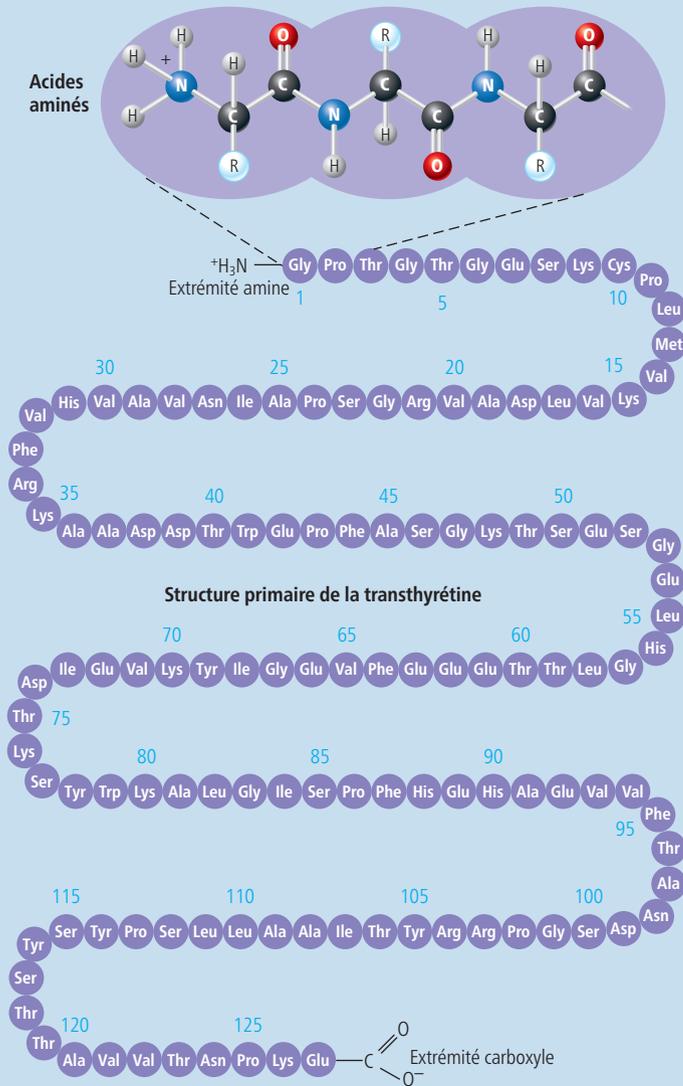


Structure primaire

Chaîne linéaire d'acides aminés



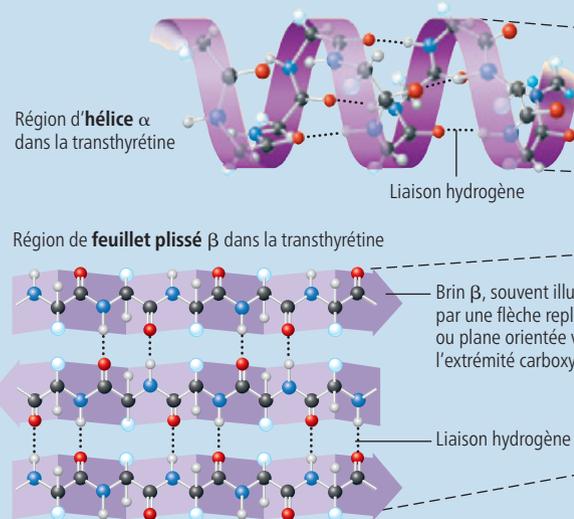
Structure primaire de la transthyréine

La **structure primaire** d'une protéine correspond à sa séquence d'acides aminés. À titre d'exemple, examinons la transthyréine, une protéine sanguine globulaire assurant le transport dans l'organisme de la vitamine A et d'une hormone thyroïdienne. La transthyréine est constituée de quatre chaînes polypeptidiques identiques, chacune comportant 127 acides aminés. Le schéma ci-dessus montre l'une d'elles alors qu'elle est déroulée, ce qui facilite l'observation de la structure primaire. Chacune des 127 positions de la chaîne est occupée par un des 20 acides aminés, indiqués ici par l'abréviation de trois lettres correspondant à leur nom.

La structure primaire fait penser à l'ordre des lettres dans un texte. S'il était laissé au hasard, l'arrangement des 127 acides aminés d'une telle chaîne pourrait se faire de 20^{127} façons. Cependant, la structure primaire d'une protéine n'est pas déterminée par l'association aléatoire des acides aminés, mais par l'information génétique qui préside à son assemblage. La structure primaire elle-même dicte les structures secondaire et tertiaire, qui sont déterminées par la nature chimique de la chaîne polypeptidique et des chaînes latérales (radicaux R) des acides aminés positionnés le long du polypeptide.

Structure secondaire

Régions stabilisées par des liaisons hydrogène établies entre les atomes de la chaîne polypeptidique



Dans la plupart des protéines, certains segments de la chaîne polypeptidique sont enroulés ou pliés de façon répétitive, ce qui détermine des motifs qui contribuent à la forme globale de la protéine. L'ensemble de ces motifs constitue la **structure secondaire** de la macromolécule et provient de liaisons hydrogène qui se forment le long de la chaîne polypeptidique. Seuls les atomes d'hydrogène ou d'oxygène fixés à la structure répétitive du polypeptide participent à ces liaisons. Les atomes d'oxygène de la chaîne polypeptidique portent une charge partielle négative, tandis que l'atome d'hydrogène qui est attaché à l'atome d'azote porte une charge partielle positive (voir la figure 2.14); des liaisons hydrogène peuvent donc s'établir entre ces atomes. Individuellement, ces liaisons hydrogène sont faibles, mais comme elles se forment en grand nombre sur une section relativement longue de la chaîne polypeptidique, elles peuvent ensemble conférer une forme particulière à cette section de la protéine.

L'**hélice alpha** (α), un enroulement délicat maintenu en place par des liaisons hydrogène tous les quatre acides aminés, est un exemple de structure secondaire, illustré ci-dessus dans le cas de la transthyréine. Dans cette molécule, seule une région de chaque chaîne polypeptidique forme une hélice α (voir la partie Structure tertiaire de la présente figure), mais d'autres protéines globulaires présentent plusieurs parties en hélice α séparées par des régions complètement déployées (voir la partie Structure quaternaire de la présente figure, section sur l'hémoglobine). Certaines protéines fibreuses comme la kératine α , une protéine structurale des cheveux, présentent des hélices α sur la majeure partie de leur longueur.

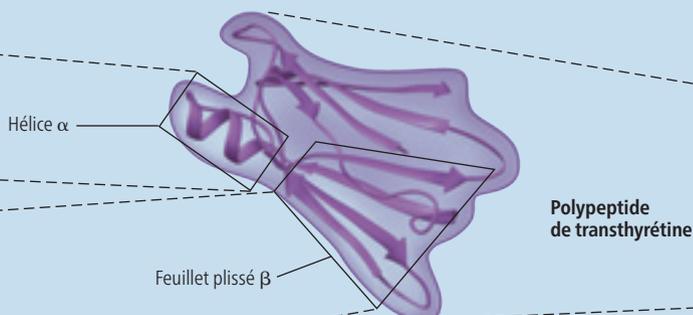
Le **feuillet plissé bêta** (β) représente un autre des principaux types de structure secondaire où, comme on le voit ci-dessus, deux ou plusieurs brins (appelés brins β) de la même chaîne polypeptidique repliée se déploient côte à côte, dans le même plan, grâce à la formation de liaisons hydrogène entre les deux structures répétitives parallèles; les chaînes peuvent aussi être antiparallèles, c'est-à-dire disposées en sens opposé, ce qui augmente la stabilité de la molécule. Les feuillets plissés β constituent la partie dense de nombreuses protéines globulaires, comme la transthyréine (voir la partie Structure tertiaire de la présente figure). Cet agencement prédomine aussi dans certaines protéines fibreuses, comme la fibroïne, qui

► **Les araignées sécrètent des fibres de soie formées d'une protéine structurale constituée de feuillets plissés β , ce qui permet à la toile de s'étirer et de s'enrouler.**



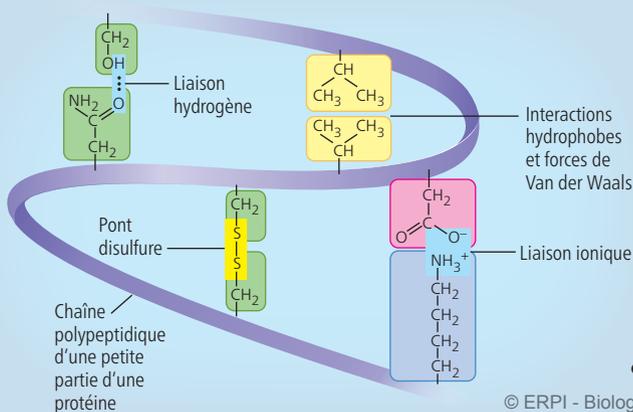
Structure tertiaire

Forme tridimensionnelle stabilisée par les interactions entre les chaînes latérales



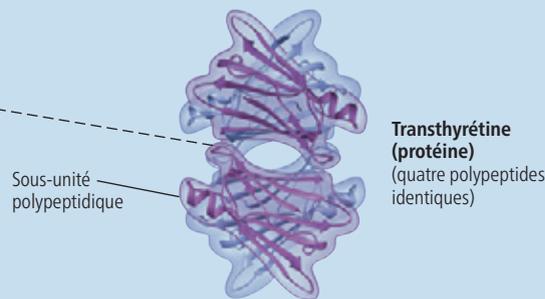
La structure tertiaire d'une protéine, illustrée ci-dessus par le modèle en ruban de la transthyréline, se superpose aux motifs de la structure secondaire. Alors que la structure secondaire fait intervenir les interactions entre les structures répétitives, la **structure tertiaire** correspond à la forme globale découlant des interactions entre les chaînes latérales (radicaux R) d'acides aminés différents. Les **interactions hydrophobes** (une dénomination quelque peu trompeuse) font partie de ces interactions qui aident à stabiliser la structure tertiaire. Les acides aminés et les chaînes latérales hydrophobes (non polaires) d'une protéine se rassemblent au cœur de celle-ci ; ils sont donc isolés de l'eau. En conséquence, une « interaction hydrophobe » est, en fait, causée par l'exclusion des molécules d'eau lorsque des substances non polaires se rapprochent. Une fois que les chaînes latérales non polaires des acides aminés se sont fondues, les forces de Van der Waals (voir le chapitre 2) contribuent à les maintenir ensemble. Les **liaisons hydrogène** entre les chaînes latérales polaires, ainsi que les **liaisons ioniques** entre les chaînes latérales chargées positivement et négativement, aident également à stabiliser la structure tertiaire. Malgré leur faiblesse relative, ces interactions dans le milieu cellulaire aqueux contribuent à doter la protéine d'une forme particulière, étant donné leur très grand nombre.

La forme d'une protéine peut se stabiliser davantage sous l'action de liaisons covalentes fortes appelées ponts disulfure. Un **pont disulfure** se forme quand deux monomères de cystéine, un acide aminé portant un groupement thiol ($-SH$) dans sa chaîne latérale (voir la figure 4.9), se rapprochent l'un de l'autre lors du repliement de la protéine. Le soufre d'un monomère de cystéine se lie alors au soufre de l'autre, et ce pont disulfure ($-S-S-$) assure la cohésion de certaines parties de la protéine (voir les lignes jaunes dans le modèle en ruban de la figure 5.16). Remarquez que ces quatre types d'interactions peuvent contribuer à la structure tertiaire d'une protéine, ainsi que le montre l'exemple ci-dessous d'une petite section d'une protéine hypothétique.



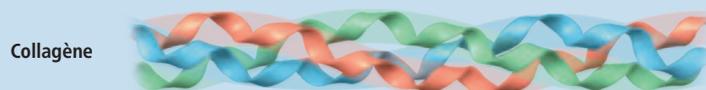
Structure quaternaire

Association d'au moins deux polypeptides (quelques protéines seulement)

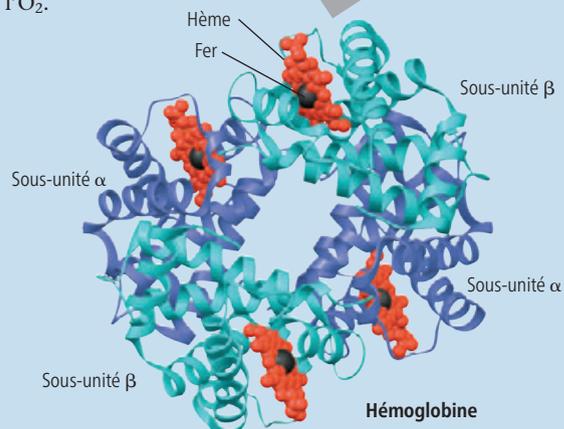


Beaucoup de protéines se composent de deux ou de plusieurs chaînes polypeptidiques assemblées de façon à former une macromolécule fonctionnelle. (La plupart n'ont que deux, trois ou quatre chaînes, mais certaines en possèdent plusieurs dizaines.) Chaque chaîne polypeptidique constitue une sous-unité. La **structure quaternaire** est la structure générale d'une protéine ; elle résulte des interactions (liaisons hydrogène et forces de Van der Waals surtout) entre les sous-unités. Par exemple, la figure ci-dessus illustre la forme complète de la transthyréline, une protéine globulaire composée de quatre polypeptides.

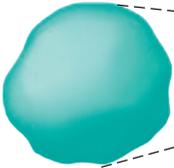
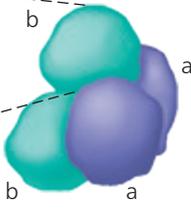
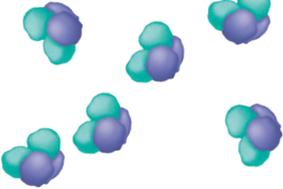
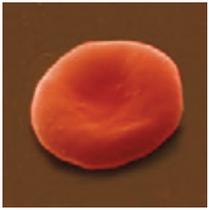
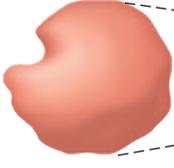
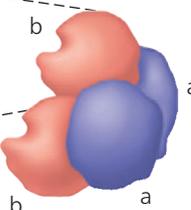
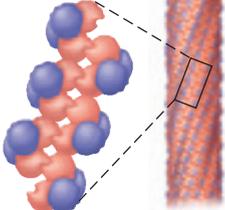
Le collagène, illustré ci-dessous, est un autre exemple ; c'est une protéine fibreuse qui possède trois polypeptides hélicoïdaux identiques enroulés en une triple hélice qui confère à ses longues fibres une résistance exceptionnelle. Cela permet aux fibres de collagène de remplir leur fonction, qui consiste à soutenir le tissu conjonctif de la peau, des os, des tendons, des ligaments et d'autres parties du corps (le collagène représente 40% des protéines du corps humain).



L'hémoglobine (illustrée ci-dessous), qui fixe la molécule d'oxygène (O_2) dans les globules rouges, constitue un exemple de protéine globulaire à structure quaternaire. Elle comporte quatre sous-unités polypeptidiques de deux sortes : deux chaînes α identiques et deux chaînes β identiques. Celles-ci se caractérisent principalement par une structure secondaire en hélice α . Chaque sous-unité a une composante non polypeptidique, l'hème, portant un ion fer qui se lie à l' O_2 .



▼ **Figure 5.19** La substitution, dans une protéine, d'un seul acide aminé par un autre acide aminé provoque l'anémie à hématies falciformes.

	Structure primaire	Structures secondaire et tertiaire	Structure quaternaire	Fonction	Forme des globules rouges
Hémoglobine normale	<ol style="list-style-type: none"> Val His Leu Thr Pro Glu Glu 	Sous-unité β normale 	Hémoglobine normale 	Les molécules d'hémoglobine normales ne s'associent pas; chacune transporte l'O ₂ . 	Les cellules normales sont remplies de molécules d'hémoglobine individuelles, chacune transportant l'O ₂ .  5 μm (3 500x)
Hémoglobine des hématies falciformes	<ol style="list-style-type: none"> Val His Leu Thr Pro Val Glu 	Sous-unité β falciforme 	Hémoglobine falciforme 	Les interactions hydrophobes entre les hémoglobines anormales des hématies falciformes entraînent leur agrégation en fibres insolubles; la capacité de transport de l'O ₂ s'en trouve considérablement réduite. 	Les fibres insolubles de l'hémoglobine anormale entraînent une déformation caractéristique des globules rouges: ceux-ci ressemblent à des faucilles ou à des croissants.  5 μm (3 500x)

FAITES DES LIENS ► Revoyez les caractéristiques chimiques des acides aminés valine et acide glutamique (figure 5.14). Selon vous, pourquoi la simple substitution de l'acide glutamique par la valine a-t-elle un effet aussi grave sur la fonction d'une protéine ?

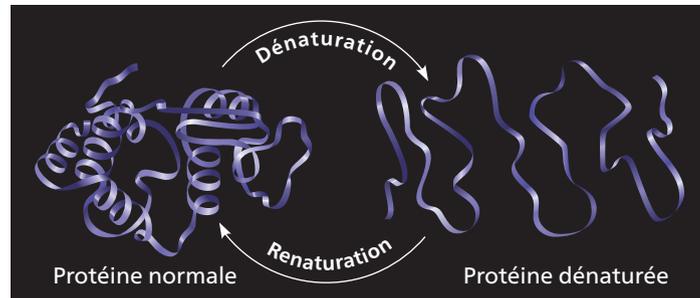
Les facteurs déterminant la structure d'une protéine

Nous avons appris que la forme unique de chaque protéine confère à celle-ci une fonction spécifique; mais quels sont les facteurs qui déterminent cette structure ? Nous connaissons déjà une bonne partie de la réponse : une chaîne polypeptidique comportant une séquence particulière d'acides aminés peut prendre une forme tridimensionnelle qui résulte des interactions déterminant des structures secondaire et tertiaire de la protéine. Le repliement qui préside à cette forme tridimensionnelle se produit normalement lors de la synthèse de la protéine dans un environnement cellulaire encombré, avec l'aide d'autres protéines, mais il dépend également des conditions physiques et chimiques dans lesquelles baigne la protéine : si le pH, la concentration en sels, la température ou d'autres facteurs changent, les liaisons chimiques faibles et les interactions au sein d'une protéine risquent d'être modifiées ou même de se rompre. La protéine peut se dérouler et perdre sa forme originelle. Elle subit alors une **dénaturation** (figure 5.20) et devient biologiquement inactive.

La plupart des protéines se dénaturent si on les transfère d'un milieu aqueux à un solvant non polaire, tels l'éther ou le chloroforme; la chaîne polypeptidique se replie de façon à orienter ses régions hydrophobes à l'extérieur vers le solvant. Parmi les autres agents de dénaturation figurent les substances chimiques qui brisent les liaisons hydrogène, les liaisons ioniques et les ponts disulfure, dont dépend la forme d'une protéine. La dénaturation peut également résulter d'une chaleur excessive; celle-ci agite les chaînes polypeptidiques suffisamment pour vaincre les

▼ **Figure 5.20** Dénaturation et renaturation d'une protéine.

Des températures élevées ou divers traitements chimiques dénaturent la protéine. Ils lui font perdre sa forme, donc sa capacité de fonctionner. Si elle reste dissoute, la protéine dénaturée peut retrouver sa forme originelle lorsque le milieu revient à la normale.



interactions faibles qui stabilisent la structure d'une protéine. Ainsi, le blanc d'œuf devient opaque pendant la cuisson, car les protéines qui le composent sont dénaturées par la chaleur : elles deviennent insolubles et coagulent. Ce facteur explique également pourquoi une très forte fièvre peut être fatale : les températures élevées tendent à dénaturer les protéines du sang.

Une protéine dénaturée dans une éprouvette, que ce soit par des produits chimiques ou par la chaleur, peut parfois reprendre sa forme fonctionnelle quand l'agent dénaturant disparaît. (Cela n'est pas toujours possible : par exemple, un œuf poêlé ne se liquéfiera pas si on le remet au réfrigérateur !) On peut en conclure que l'information conduisant à l'adoption d'une forme spécifique est liée à la structure primaire; il en est souvent ainsi

pour les petites protéines. C'est donc la séquence des acides aminés qui détermine la forme d'une protéine, c'est-à-dire les endroits où se formeront des hélices α , des feuilletts plissés β , des ponts disulfure, des liaisons ioniques, etc. Mais comment le repliement d'une protéine se produit-il dans la cellule ?

Le repliement des protéines dans la cellule

Les biochimistes connaissent maintenant la séquence des acides aminés de quelque 65 millions de protéines (il s'en ajoute environ 1,5 million par mois) et la forme tridimensionnelle de plus de 50 000 protéines. Les chercheurs ont essayé d'établir une corrélation entre la structure primaire de nombreuses protéines et la structure tridimensionnelle afin de déterminer les règles régissant le repliement de ces macromolécules. Malheureusement, le processus n'est pas aussi simple. La plupart des protéines passent probablement par plusieurs étapes intermédiaires avant d'adopter une forme stable. L'étude de cette structure ne révèle pas ces étapes. Cependant, les biochimistes ont élaboré des méthodes pour suivre les étapes intermédiaires de la formation d'une protéine et en apprendre toujours davantage sur cet important processus.

Le repliement inadéquat des polypeptides dans les cellules constitue un problème sérieux qui intéresse de plus en plus les chercheurs en médecine. De nombreuses maladies, dont la fibrose kystique, la maladie d'Alzheimer, la maladie de Parkinson et l'encéphalopathie spongiforme bovine (maladie de la vache folle), sont associées à une accumulation de protéines anormalement repliées. En fait, des versions mal repliées de la transthyréline, la protéine représentée à la figure 5.18, ont été mises en cause dans plusieurs maladies, dont une forme de démence sénile.

Même lorsque les scientifiques sont en présence d'une protéine repliée correctement, ils ont parfois de la difficulté à déterminer sa structure tridimensionnelle exacte, car elle est composée de milliers d'atomes. La méthode la plus utilisée pour déterminer la structure tridimensionnelle d'une protéine est la **crystallographie par diffraction de rayons X**, qui utilise la diffraction d'un faisceau de rayons X par les atomes d'une molécule cristallisée. Cette technique permet aux chercheurs de construire un modèle tridimensionnel qui révèle la position exacte de chaque atome d'une molécule de protéine (figure 5.21). Parmi les autres méthodes d'analyse, mentionnons la spectroscopie par résonance magnétique nucléaire (RMN), une technique qui ne nécessite pas la cristallisation d'une protéine, de même que la bio-informatique (voir le concept 5.6), une approche toute nouvelle qui permet de prédire la structure tridimensionnelle des polypeptides à partir de la séquence de leurs acides aminés. La crystallographie par diffraction de rayons X, la spectroscopie par RMN et la bio-informatique constituent des approches complémentaires à la compréhension de la structure et de la fonction des protéines.

RETOUR SUR LE CONCEPT 5.4

1. Quelles parties d'une chaîne polypeptidique participent aux liaisons contribuant à fixer la structure secondaire ? La structure tertiaire ?
2. Jusqu'à maintenant, dans ce chapitre, nous avons utilisé les lettres grecques α et β pour distinguer au moins trois paires de structures. Nommez-les et donnez-en une brève description.

3. **ET SI ?** ▶ À quel endroit, dans un polypeptide, peut-on s'attendre à trouver une région contenant une grande quantité des acides aminés suivants : valine, leucine et isoleucine ? Expliquez votre réponse.

Voir les réponses proposées à l'appendice A.

DÉMARCHE SCIENTIFIQUE

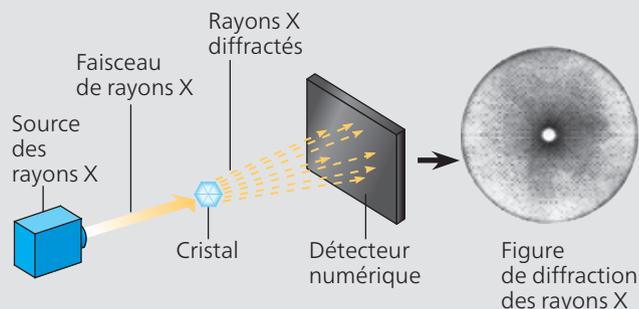
MÉTHODE DE RECHERCHE

▼ Figure 5.21

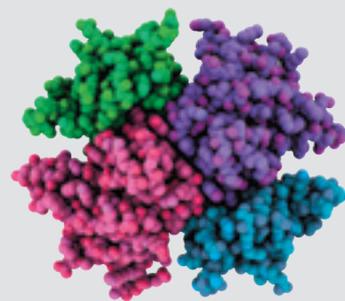
La cristallographie par diffraction de rayons X

■ **APPLICATION** ■ Les scientifiques utilisent la cristallographie par diffraction de rayons X pour déterminer la structure tridimensionnelle (3D) de macromolécules telles que des acides nucléiques et des protéines.

■ **TECHNIQUE** ■ On dirige un faisceau de rayons X sur une protéine cristallisée ou sur un acide nucléique cristallisé. Les atomes du cristal diffractent (dévient) les rayons X selon une disposition ordonnée qu'un détecteur numérique enregistre sous la forme d'un ensemble de points qui détermine une «figure de diffraction des rayons X», dont on voit une illustration ci-dessous.



■ **RÉSULTATS** ■ À l'aide des données provenant des différentes figures de diffraction des rayons X, ainsi que de la séquence des acides aminés déterminée par des méthodes chimiques, les chercheurs peuvent élaborer un modèle informatique tridimensionnel de la macromolécule étudiée, comme la transthyréline qu'on voit ici avec ses quatre sous-unités (voir la figure 5.18).



CONCEPT 5.5

Les acides nucléiques emmagasinent et transmettent l'information génétique tout en contribuant à son expression

Nous avons vu que la structure primaire des polypeptides détermine la forme d'une protéine, mais qu'est-ce qui détermine la structure primaire ? En fait, la séquence d'acides aminés est

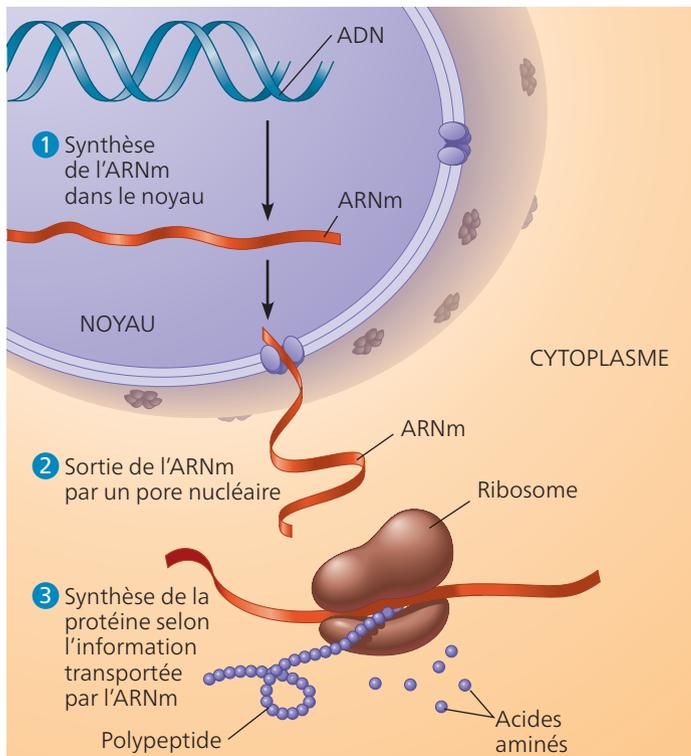
programmée par une unité d'information génétique appelée **gène**. Les gènes sont formés d'ADN, lequel appartient à la classe des acides nucléiques. Les **acides nucléiques** sont des polymères composés de monomères appelés nucléotides.

Les rôles des acides nucléiques

Les deux types d'acides nucléiques, l'**acide désoxyribonucléique (ADN)** et l'**acide ribonucléique (ARN)**, permettent aux organismes de reproduire leurs composantes complexes d'une génération à l'autre. Molécule unique en son genre, l'ADN fournit les directives de sa propre répllication. Il dirige également la synthèse de l'ARN et, ce faisant, il contrôle la synthèse des protéines. On a donné le nom d'**expression génétique** à l'intégralité de ce processus (**figure 5.22**).

L'ADN constitue le matériel génétique que les parents lèguent à leur progéniture. Chaque chromosome contient une longue molécule d'ADN qui porte des centaines de gènes, ou plus. Lorsqu'une cellule se reproduit en se divisant, ses molécules d'ADN sont copiées et transmises à la génération suivante. Les instructions qui programment toutes les activités de la cellule sont encodées dans la structure de l'ADN. Cependant, l'ADN ne participe pas directement aux opérations de la cellule, pas plus qu'un logiciel ne peut lire un code à barres sur une boîte de céréales. Tout comme il faut un lecteur pour lire un code à barres, il faut des protéines pour exécuter les programmes génétiques. Les protéines sont à la cellule ce que le matériel informatique est à l'ordinateur. Par exemple, la molécule qui transporte l'O₂ dans les globules rouges du sang est l'hémoglobine (la protéine illustrée à la figure 5.18) et non l'ADN, qui, lui, spécifie la structure de l'hémoglobine.

▼ **Figure 5.22** L'expression génétique: ADN → ARN → protéine. Dans une cellule eucaryote, l'ADN nucléaire programme la production de protéines en dictant la synthèse de l'ARN messenger (ARNm).



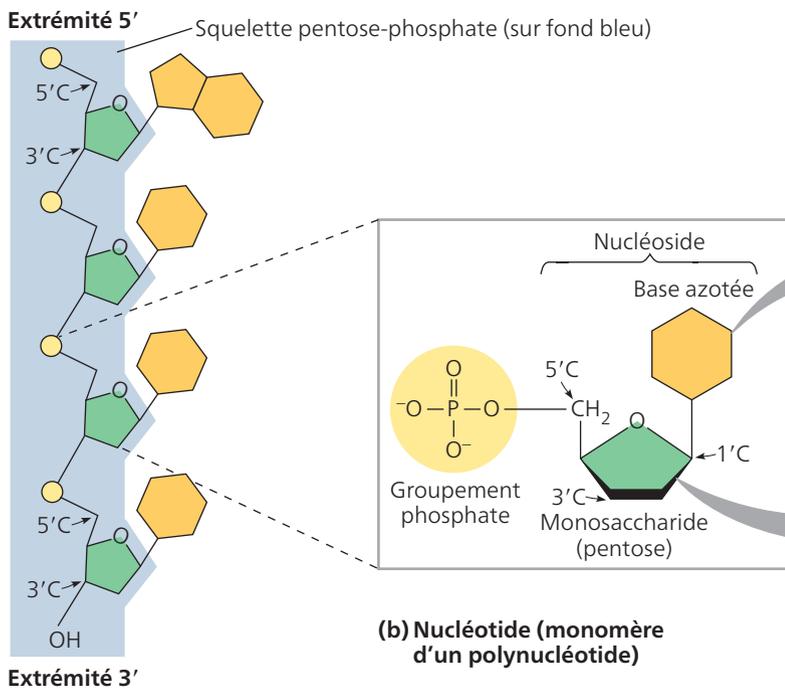
Comment l'ARN, l'autre type d'acide nucléique, sert-il d'intermédiaire dans l'expression génétique, la circulation de l'information génétique de l'ADN aux protéines? Un gène présent sur la molécule d'ADN peut diriger la synthèse d'un type d'ARN appelé *ARN messenger (ARNm)*. La molécule d'ARNm interagit avec le mécanisme de la synthèse protéique pour diriger la production d'un polypeptide qui se replie pour former une protéine complète ou une partie de protéine. Nous pouvons résumer cette circulation de l'information génétique de la manière suivante: ADN → ARN → protéine (voir la figure 5.22). Les sites de la synthèse protéique sont des structures cellulaires appelées ribosomes. Dans une cellule eucaryote, les ribosomes baignent dans le cytoplasme (situé entre le noyau et la membrane plasmique, laquelle circonscrit la cellule), alors que l'ADN se trouve dans le noyau. C'est donc du noyau au cytoplasme que l'ARN messenger transmet les instructions génétiques relatives à l'élaboration des protéines. Les cellules procaryotes, qui sont dépourvues de noyau, utilisent également l'ARNm pour transmettre un message de l'ADN aux ribosomes et à d'autres éléments de la cellule; ceux-ci traduisent l'information codée en séquences d'acides aminés. Plus loin dans cet ouvrage, vous en apprendrez davantage sur les fonctions de certaines molécules d'ARN récemment découvertes; les segments d'ADN qui dirigent la synthèse de ces molécules d'ARN sont également qualifiés de gènes (voir le concept 18.3).

Les constituants des acides nucléiques

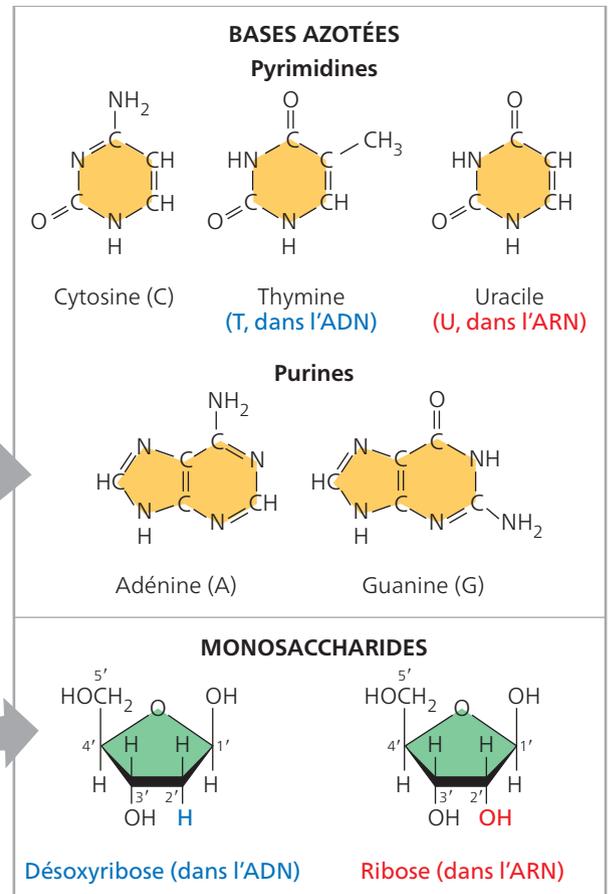
Les acides nucléiques sont des macromolécules qui existent sous forme de polymères appelés **polynucléotides** (**figure 5.23a**). Comme son nom l'indique, chaque polynucléotide se compose de monomères nommés **nucléotides**. Un nucléotide est généralement constitué de trois parties: un monosaccharide à cinq atomes de carbone (un pentose), une base contenant de l'azote (base azotée) et un ou plusieurs groupements phosphate (**figure 5.23b**). Chaque monomère qui entre dans la construction d'un polynucléotide porte trois groupements phosphate, mais il en perd deux durant sa polymérisation. Dans un nucléotide, la portion dépourvue de groupement phosphate (base et pentose seulement) est nommée *nucléoside*.

Pour comprendre la structure d'un nucléotide, commençons par examiner les bases azotées (**figure 5.23c**). Chaque base azotée possède un ou deux cycles contenant des atomes d'azote. Les atomes d'azote tendent à capter des ions H⁺ de la solution et agissent ainsi comme des bases, ce qui explique l'appellation *base azotée*. (On appelle *acide* nucléique le polymère de nucléotide complet en raison des groupements phosphate – PO₄³⁻ – jouant le rôle d'acide en solution.) Il existe deux familles de bases azotées: les pyrimidines et les purines. Une **pyrimidine** possède un seul cycle contenant quatre atomes de carbone et deux d'azote. Les membres de la famille des pyrimidines sont la cytosine (C), la thymine (T) et l'uracile (U). Quant aux **purines**, elles ont une masse moléculaire plus importante, puisqu'elles se composent d'un cycle de six atomes accolé à un autre de cinq atomes. Les purines sont l'adénine (A) et la guanine (G). Comme les pyrimidines, elles se distinguent par les groupements fonctionnels attachés aux cycles. L'adénine, la guanine et la cytosine entrent dans la composition des deux types d'acides nucléiques, l'ADN et l'ARN; on trouve la thymine seulement dans l'ADN et l'uracile seulement dans l'ARN.

▼ **Figure 5.23 Les constituants des acides nucléiques.** (a) Un polynucléotide est constitué d'un squelette pentose-phosphate sur lequel se rattachent différentes chaînes latérales, les bases azotées. (b) Dans un polynucléotide, chaque monomère comporte une base azotée, un monosaccharide (pentose) et un groupement phosphate. Notez que les numéros attribués aux atomes de carbone du pentose sont marqués du symbole prime ('). (c) Les constituants d'un nucléoside sont une base azotée (une pyrimidine ou une purine) et un monosaccharide à cinq atomes de carbone (un désoxyribose ou un ribose).



(a) Polynucléotide, ou acide nucléique



(c) Constituants des nucléosides

Ajoutons maintenant le monosaccharide auquel est fixée la base azotée. Celui qui est lié à la base azotée des nucléotides de l'ADN est le **désoxyribose**, tandis que celui qui est lié à la base azotée des nucléotides de l'ARN est le **ribose** (voir la figure 5.23c). Il n'existe qu'une seule différence entre ces deux monosaccharides: il n'y a pas d'oxygène lié au deuxième atome de carbone du cycle du désoxyribose, d'où son nom *désoxyribose*.

Jusqu'ici, nous avons construit un nucléoside, c'est-à-dire une molécule contenant une base associée à un pentose. Pour faire un nucléotide, nous devons attacher un groupement phosphate au cinquième atome de carbone (5') du pentose (voir la figure 5.23b). Pourvue d'un groupement phosphate, cette molécule est un nucléotide. Notez qu'il existe plusieurs types de nucléotides qui n'entrent pas dans la composition des acides nucléiques: nous avons déjà parlé au chapitre 4 de l'ATP, une molécule importante permettant les transferts d'énergie, et nous en verrons d'autres (transporteurs d'électrons et messagers intracellulaires) lorsque nous étudierons la cellule et le métabolisme.

Les polymères des nucléotides

L'assemblage des nucléotides en un polynucléotide fait intervenir des réactions de déshydratation. (Vous en apprendrez davantage à ce sujet au concept 16.2.) Dans un polynucléotide, les monomères sont unis par une liaison phosphodiester, qui consiste en un groupement phosphate attaché aux monosaccharides de deux nucléotides. Cette liaison contribue à former un squelette

dont la séquence d'unités pentose-phosphate se répète et qu'on nomme *squelette pentose-phosphate* (voir la figure 5.23a). (Notez que les bases azotées ne font pas partie de ce squelette.) Les deux extrémités libres du polymère sont différentes l'une de l'autre: l'une se termine par un groupement phosphate attaché à un carbone 5', tandis que l'autre porte un groupement hydroxyle sur un carbone 3'. On les appelle respectivement l'extrémité 5' — P et l'extrémité 3' — OH. On peut donc affirmer que chaque brin d'ADN possède une orientation intégrée le long de son squelette pentose-phosphate, semblable à une rue à sens unique. Les bases sont attachées tout le long du squelette pentose-phosphate.

La séquence des bases azotées du polymère d'ADN (ou d'ARNm) constitue sa structure primaire, typique de chaque gène, et elle fournit une information très spécifique à la cellule. Comme les gènes comprennent habituellement des centaines ou des milliers de nucléotides, le nombre de séquences possibles est pratiquement illimité. L'information portée par un gène se trouve encodée dans la séquence spécifique de ses quatre bases d'ADN. Par exemple, la séquence génétique 5'-AGGTAACCT-3' a une signification tout à fait différente de celle de la séquence 5'-CGCTTTAAC-3'. (Évidemment, tous les gènes comportent des séquences beaucoup plus longues que celles-ci.) C'est l'ordre linéaire des quatre bases tel qu'il est encodé dans un gène qui détermine la séquence des acides aminés (la structure primaire) d'une protéine. Cette séquence détermine à son tour la structure tridimensionnelle de la protéine, ce qui lui permet ainsi d'accomplir sa fonction dans la cellule.

La structure des molécules d'ADN et d'ARN

Les molécules d'ADN se composent de deux chaînes de nucléotides, ou « brins », enroulées en spirale autour d'un axe central de façon à former une **double hélice** (figure 5.24a). Les deux chaînes hélicoïdales s'enroulent dans des directions opposées 5' → 3'; on qualifie cet arrangement d'**antiparallèle**, un peu comme une route à chaussées séparées. Les deux squelettes désoxyribose-phosphate se trouvent sur les bordures extérieures de l'hélice, alors que les bases azotées s'apparient à l'intérieur de l'hélice. Les deux brins demeurent attachés ensemble grâce aux liaisons hydrogène qui unissent les bases azotées appariées (deux ou trois liaisons, selon les bases azotées) (voir la figure 5.24a). La majorité des molécules d'ADN sont très longues; elles possèdent des milliers, voire des millions, de paires de bases reliant les deux chaînes. Dans un chromosome d'eucaryote, une double hélice d'ADN compte un grand nombre de gènes, chacun occupant un segment particulier de la molécule.

Lors de l'appariement des bases dans la double hélice, chacune des bases azotées a un complément exclusif, une purine étant toujours unie à une pyrimidine: l'adénine (A) dans un brin forme toujours une paire avec la thymine (T) dans l'autre brin, et la guanine (G), avec la cytosine (C). Ainsi, quand nous lisons la séquence des bases d'un brin de la double hélice, nous pouvons déduire la séquence des bases de l'autre brin. Par exemple, si un bout de brin possède la séquence de bases 5'-AGGTCCG-3', la règle d'appariement des bases nous dit que le bout de brin opposé doit avoir la séquence 3'-TCCAGGC-5'. Les deux brins de la double hélice sont *complémentaires*, chacun représentant la contrepartie prévisible de l'autre. Par ailleurs, la complémentarité des deux brins de l'ADN permet de produire deux copies identiques de chaque molécule d'ADN dans une cellule qui s'apprête à se diviser. Au moment de la division, les copies sont distribuées dans les cellules filles, les rendant génétiquement identiques à la cellule mère. Ainsi, la structure de l'ADN explique sa fonction de transmission de l'information génétique quand une cellule se reproduit: il s'agit d'un autre exemple de la corrélation entre la structure et la fonction à l'échelle moléculaire.

En revanche, les molécules d'ARN n'existent qu'en brins individuels. L'appariement de bases complémentaires peut néanmoins se produire entre des régions de deux molécules d'ARN ou même entre deux segments de nucléotides dans la *même* molécule d'ARN. En fait, l'appariement des bases dans une molécule d'ARN lui permet d'adopter la forme tridimensionnelle particulière nécessaire à sa fonction. Examinons, par exemple, le type d'ARN appelé *ARN de transfert* (ARNt), qui achemine les acides aminés au ribosome durant la synthèse d'un polypeptide. Une molécule d'ARNt a une longueur d'environ 80 nucléotides. Sa forme fonctionnelle résulte de l'appariement de bases entre des nucléotides où les segments complémentaires de la molécule peuvent être disposés de façon antiparallèle l'un par rapport à l'autre (figure 5.24b).

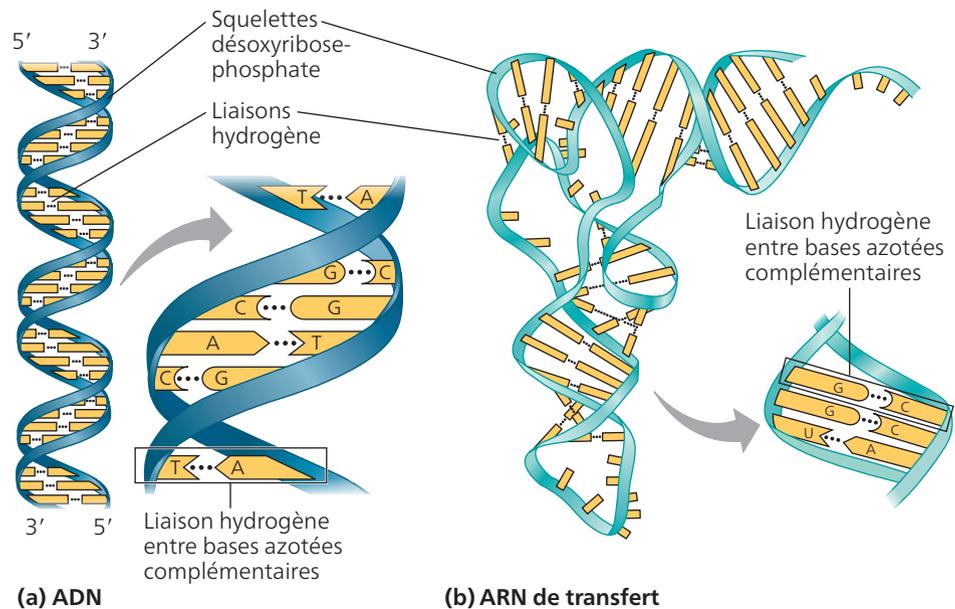
Notez que dans l'ARN, l'adénine (A) forme une paire avec l'uracile (U); la thymine (T) n'est pas présente dans l'ARN. Il existe une autre différence entre l'ADN et l'ARN: l'ADN se trouve presque toujours sous forme de double hélice, alors que les molécules d'ARN prennent diverses formes. Les molécules d'ARN sont polyvalentes, et nombre de biologistes estiment qu'elles ont peut-être bien précédé les molécules d'ADN et porté l'information génétique des premières formes de vie (voir le concept 25.1).

RETOUR SUR LE CONCEPT 5.5

- FAITES UN DESSIN** ▶ Reportez-vous à la figure 5.23a. Numérotez tous les carbones dans les monosaccharides des trois nucléotides du haut; encerclez les bases azotées et marquez d'un astérisque les groupements phosphate.
- FAITES UN DESSIN** ▶ Dans la double hélice d'ADN, une région dans un des brins possède la séquence de bases azotées suivante: 5'-TAGGCCT-3'. Copiez cette séquence et écrivez son brin complémentaire, en indiquant clairement les extrémités 5' et 3' de ce brin.

Voir les réponses proposées à l'appendice A.

► **Figure 5.24** La structure des molécules d'ADN et d'ARNt. (a) La molécule d'ADN est généralement une double hélice. Les squelettes désoxyribose-phosphate des brins antiparallèles du polynucléotide forment les bordures extérieures de la double hélice (les parties en bleu). Les paires de bases azotées se trouvent à l'intérieur de celle-ci. Elles maintiennent les deux brins ensemble par des liaisons hydrogène. Comme on le voit dans la figure, l'adénine (A) s'apparie seulement avec la thymine (T), et la guanine (G), avec la cytosine (C). Chaque brin d'ADN illustré ici est l'équivalent structural du polynucléotide dessiné à la figure 5.23a. (b) L'appariement de bases complémentaires de régions antiparallèles confère à la molécule d'ARNt une structure qui ressemble vaguement à un L. Dans l'ARN, A forme des paires avec U.



La génomique et la protéomique ont transformé la recherche et ses applications en biologie

Dans la première moitié du 20^e siècle, la recherche expérimentale a permis d'établir le rôle de l'ADN en tant que support de l'information génétique qui se transmet d'une génération à l'autre et qui détermine le fonctionnement des cellules vivantes et des organismes. Dès lors qu'on a pu décrire la structure de la molécule d'ADN, en 1953, et compris que la séquence linéaire des bases nucléotidiques déterminait la séquence des acides aminés des protéines, on a voulu « décoder » les gènes en mettant au jour leurs séquences de nucléotides (souvent appelées « séquences de bases »).

Les premières techniques chimiques de *séquençage de l'ADN* ont vu le jour durant les années 1970 et, grâce à cette innovation, il est devenu possible de déterminer la séquence des nucléotides d'un brin d'ADN, un nucléotide à la fois. Les chercheurs ont alors commencé à étudier les séquences des gènes, un par un, et plus ils apprenaient, plus ils se questionnaient : Qu'est-ce qui régit l'expression des gènes ? Les gènes et les protéines qui en sont les produits interagissent, certes, mais de quelle façon ? Quelle est la fonction, si fonction il y a, de l'ADN qui ne fait pas partie des gènes ? Pour bien comprendre le fonctionnement génétique d'un organisme vivant, il leur fallait connaître la séquence de l'ensemble de son ADN, c'est-à-dire son *génome*. À la fin des années 1980, malgré l'apparente infaisabilité de l'entreprise, quelques biologistes réputés ont proposé un audacieux projet dont la mission serait de séquencer l'intégralité du génome humain, ce qui représentait pas moins de 3 milliards de bases ! Contre toute attente, cet ambitieux programme amorcé en 1990 s'est achevée en 2003.

Le Projet du génome humain a eu comme effet inattendu, mais crucial, de susciter la mise au point rapide de techniques de séquençage moins coûteuses et plus rapides que la technique originale. Et cette tendance n'a pas cessé depuis : le séquençage de 1 million de bases coûtait plus de 5 000 \$ US en 2001, mais moins de 0,02 \$ US en 2016, et le séquençage d'un génome humain prend aujourd'hui quelques jours, alors qu'il a fallu plus de 10 années pour séquencer le tout premier (figure 5.25). Le nombre de génomes séquencés dans leur intégralité a explosé.



◀ **Figure 5.25**
Les machines qui séquentent automatiquement l'ADN et la puissance des ordinateurs d'aujourd'hui permettent de séquencer promptement des gènes et des génomes.

Il en a résulté une mine de données et la naissance de la **bio-informatique**, qui consiste à utiliser divers logiciels et d'autres outils de calcul capables de traiter et d'analyser de très volumineux ensembles de données en biologie.

Ces développements ont transformé l'étude de la biologie et plusieurs domaines connexes. De nos jours, pour mieux comprendre les questions qu'ils abordent, les biologistes utilisent souvent de grands ensembles de données ou, même, comparent des génomes entiers de différentes espèces, une méthode appelée **génomique**. Une autre méthode similaire, la **protéomique**, consiste à analyser des ensembles de protéines, y compris leurs structures primaires. (On peut déterminer les séquences des protéines au moyen de techniques biochimiques ou en traduisant les séquences d'ADN qui codent pour ces protéines.) Ces techniques d'analyse se sont propagées dans tous les domaines de la biologie, comme nous le montrent les exemples de la figure 5.26.

C'est probablement dans le domaine de l'évolution que la génomique et la protéomique ont le plus fait progresser la compréhension des biologistes. En plus de confirmer les données fournies par les archives fossiles et les caractéristiques des espèces contemporaines au sujet de l'évolution, la génomique nous a aidés à élucider les relations entre différents groupes d'organismes que les données d'avant ne nous avaient pas permis de comprendre. En somme, la génomique et la protéomique ont étendu notre connaissance de l'histoire évolutive.

L'ADN et les protéines: reflets de l'évolution

ÉVOLUTION Nous sommes habitués à considérer les caractères communs, par exemple la pilosité et la production de lait chez les mammifères, comme une preuve de l'existence d'ancêtres communs. Étant donné que l'ADN transmet les informations héréditaires sous la forme de gènes (ADN), ceux-ci et leurs produits (protéines) nous documentent sur le bagage héréditaire d'un organisme. Les séquences linéaires de nucléotides dans les molécules d'ADN se transmettent des parents à leurs descendants, et l'ADN détermine les séquences d'acides aminés des protéines. Il s'ensuit que l'ADN et les protéines des enfants issus des mêmes parents se ressemblent davantage que ceux des individus sans lien de parenté.

D'un point de vue évolutionniste, on peut appliquer ce concept de « généalogie moléculaire » aux relations qui existent entre les espèces. Donc, si deux espèces semblent apparentées en raison de leur morphologie et de données anatomiques similaires (dont les données fossiles), a-t-on raison de s'attendre à ce que leurs ADN et leurs protéines se ressemblent davantage que ceux de deux espèces moins proches ? La réponse est oui. La comparaison de la chaîne polypeptidique β de l'hémoglobine humaine avec le polypeptide de l'hémoglobine correspondant chez d'autres vertébrés en constitue un exemple. Dans cette chaîne de 146 acides aminés, les êtres humains et les gorilles ne diffèrent que par 1 seul acide aminé, tandis que les humains et les grenouilles (deux espèces plus éloignées l'une de l'autre) diffèrent par 67 acides aminés. La biologie moléculaire offre aux chercheurs un nouvel outil pour évaluer la filiation entre les espèces. Dans la rubrique **Habiletés scientifiques**, vous aurez l'occasion d'aborder ce type de description pour d'autres espèces. Et la conclusion demeure la même après la comparaison des génomes entiers : le génome humain est identique à celui

FAITES DES LIENS Les apports de la génomique et de la protéomique à la biologie



Grâce à l'avancement de la technologie et du traitement de l'information, il est désormais possible d'effectuer rapidement et à peu de frais le séquençage des nucléotides et d'analyser de vastes ensembles de données sur les gènes et les protéines. Ensemble, la génomique et la protéomique ont permis d'approfondir notre compréhension de la biologie dans plusieurs de ses champs d'activité.

► La paléontologie

Les nouvelles techniques de séquençage d'ADN permettent de décoder des quantités infimes d'ADN trouvées dans les tissus de nos ancêtres disparus, les Néandertaliens (*Homo neanderthalensis*). Le séquençage du génome des Néandertaliens nous donne une bonne idée de leur apparence physique (voir la reconstitution ci-contre) et de leur parenté avec les êtres humains modernes. (Voir les figures 34.51 et 34.52.)



▼ La biologie évolutionniste

La biologie évolutionniste a notamment pour but de nous aider à comprendre les liens de parenté entre les espèces, tant celles qui existent encore que les espèces éteintes. Par exemple, grâce à la comparaison de génomes, on sait aujourd'hui que l'hippopotame est le mammifère terrestre qui partage avec les baleines l'ancêtre commun le plus récent. (Voir la figure 22.20.)



Hippopotame



Globicéphale du Pacifique

► La biologie de conservation

La génétique moléculaire et la génomique sont des outils de plus en plus prisés par les écologistes légistes pour identifier les espèces animales et végétales qui sont tuées de manière illégale. Par exemple, des écologistes légistes ont utilisé les séquences génomiques d'ADN provenant d'envois illégaux de défenses d'éléphant pour retrouver des braconniers et repérer le territoire où ils se livraient au braconnage. (Voir la figure 56.9.)



FAITES DES LIENS ► À partir des exemples présentés sur cette page, décrivez comment les activités de génomique et de protéomique nous aident à étudier toutes sortes de questions en biologie.

▼ La recherche médicale

La détermination des causes génétiques de certaines maladies humaines, comme le cancer, aide les scientifiques à orienter leurs recherches pour trouver des traitements. À l'heure actuelle, le séquençage de ensembles de gènes qui s'expriment dans la tumeur d'une personne permet de cibler le traitement anticancéreux le plus approprié. C'est la « médecine personnalisée ». (Voir les figures 12.20 et 18.27.)



▼ Les interactions entre espèces

La plupart des plantes vivent un compagnonnage mutuellement avantageux avec des champignons (à droite) et des bactéries fixées sur leurs racines ; ces interactions favorisent la croissance des plantes. Le séquençage génomique et l'analyse de l'expression génétique permettent de caractériser les communautés végétales, aident à mieux comprendre les interactions entre les espèces et contribueront vraisemblablement à améliorer les pratiques agricoles. (Voir la rubrique Habiletés scientifiques du chapitre 31 et la figure 37.11.)



Analyser des séquences polypeptidiques



■ **QUELS SINGES SONT LES PLUS ÉTROITEMENT APPARENTÉS AUX HUMAINS : LES MACAQUES RHÉSUS OU LES GIBBONS ?** ■

Dans cet exercice, vous examinerez des données provenant des séquences d'acides aminés de la chaîne polypeptidique β de l'hémoglobine, souvent appelée β -globine. Ensuite, vous interprétez ces données et vous émettez une hypothèse, à savoir si c'est le macaque rhésus ou le gibbon qui est le plus proche parent de l'humain.

■ **MÉTHODE** ■ Les chercheurs peuvent isoler un polypeptide appartenant à un organisme afin de déterminer la séquence de ses acides aminés. Le plus souvent, ils séquencent l'ADN du gène qui les intéresse et déduisent la séquence d'acides aminés du polypeptide appartenant à l'ADN de ce gène.

■ **RÉSULTATS** ■ Dans les données ci-dessous, les lettres représentent la séquence des 146 acides aminés de la β -globine des humains, des macaques rhésus et des gibbons. Comme il n'est pas possible de

présenter une séquence complète sur une seule ligne, chacune d'elles a été divisée en trois segments. Les séquences des trois espèces sont alignées, de sorte que vous pouvez aisément les comparer. Par exemple, vous pouvez voir, pour les trois espèces, que le premier acide aminé est V (valine) et que le 146^e acide aminé est H (histidine).

Source des données: Humain : www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/AAA21113.1; macaque rhésus : www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/122634; gibbon : www.ncbi.nlm.nih.gov/protein/122616

INTERPRÉTEZ LES DONNÉES ▼

- Examinez les séquences des macaques et des gibbons, lettre par lettre, et encerclez les acides aminés différents de ceux des humains. (a) Combien y a-t-il d'acides aminés différents entre les macaques et les humains ? (b) Entre les gibbons et les humains ?
- Quel pourcentage des acides aminés des macaques est identique aux acides aminés de la β -globine humaine ? Quel pourcentage des acides aminés des gibbons est identique aux acides aminés de la β -globine humaine ?
- À partir de ces données, rédigez une hypothèse indiquant laquelle des deux espèces animales est la plus étroitement apparentée aux humains. Expliquez votre raisonnement.
- Quelles autres données pourriez-vous utiliser pour appuyer votre hypothèse ?

Espèce	Alignement des séquences d'acides aminés de la β -globine					
Humain	1	VHLTPEEKSA	VTALWGKVVN	DEVGGEALGR	LLVVYPWTQR	FFESFGDLST
Macaque	1	VHLTPEEKNA	VTTLWGKVVN	DEVGGEALGR	LLLVYPWTQR	FFESFGDLSS
Gibbon	1	VHLTPEEKSA	VTALWGKVVN	DEVGGEALGR	LLVVYPWTQR	FFESFGDLST
Humain	51	PDAVMGNPKV	KAHGKKVLGA	FSDGLAHLDN	LKGTFAQLSE	LHCDKLHVDP
Macaque	51	PDAVMGNPKV	KAHGKKVLGA	FSDGLNHLDN	LKGTFAQLSE	LHCDKLHVDP
Gibbon	51	PDAVMGNPKV	KAHGKKVLGA	FSDGLAHLDN	LKGTFAQLSE	LHCDKLHVDP
Humain	101	ENFRLLGNVL	VCVLAHHFGK	EFTPPVQAAY	QKVVAGVANA	LAHKYH
Macaque	101	ENFKLLGNVL	VCVLAHHFGK	EFTPQVQAAY	QKVVAGVANA	LAHKYH
Gibbon	101	ENFRLLGNVL	VCVLAHHFGK	EFTPQVQAAY	QKVVAGVANA	LAHKYH

des chimpanzés à plus de 94 %, mais seulement à 85 % environ à celui de la souris, un parent plus éloigné dans l'évolution. La biologie moléculaire dote les biologistes d'un nouvel outil pour évaluer l'évolution des liens de parenté entre les espèces.

Terminons en précisant que le séquençage de génomes comporte également des applications pratiques. Dans la rubrique **Résolution de problème**, vous verrez comment l'analyse génomique peut aider à déceler les fraudes contre le consommateur.

RETOUR SUR LE CONCEPT **5.6**

- En quoi le séquençage du génome entier d'un organisme aujourd'hui disparu peut-il aider les scientifiques à comprendre son fonctionnement ?
- Sachant la fonction de l'ADN, pourquoi peut-on s'attendre à ce que deux espèces ayant des caractères très semblables aient aussi des génomes très semblables ?

Voir les réponses proposées à l'appendice A.

RÉSOLUTION DE PROBLÈME

Êtes-vous victime de fraude alimentaire ?

Lorsque vous achetez du saumon, vous préférez peut-être acheter le saumon sauvage du Pacifique (espèces *Oncorhynchus*), qui coûte plus cher que le saumon d'élevage de l'Atlantique (*Salmo salar*). Toutefois, des études révèlent que 40% du temps environ, vous n'obtenez pas le saumon pour lequel vous avez payé!

Dans cet exercice, vous allez faire enquête pour déterminer si l'étiquette d'un morceau de poisson est frauduleuse.

Votre méthode

Le principe qui guide votre enquête est le suivant : les séquences d'ADN d'organismes d'une même espèce ou d'espèces étroitement apparentées se ressemblent davantage que les séquences d'espèces de parenté plus éloignée.

Vos données

On vous a vendu un morceau de saumon dont l'étiquette indique qu'il s'agit de saumon coho (*Oncorhynchus kisutch*). Pour déterminer si l'étiquette est frauduleuse, vous allez comparer une courte séquence d'ADN d'un échantillon de votre poisson avec les séquences de référence du même gène chez trois espèces de saumon. Voici ces séquences :

	Séquence de votre saumon, étiqueté « <i>O. kisutch</i> (saumon coho) »	5' - AGGCACCGCCCTAAGTCTAC - 3'
Séquences de référence	Séquence d' <i>O. kisutch</i> (saumon coho)	5' - AGGCACCGCCCTGAGCCTAC - 3'
	Séquence d' <i>O. keta</i> (saumon keta)	5' - CGGCACCGCCCTAAGTCTCT - 3'
	Séquence de <i>Salmo salar</i> (saumon de l'Atlantique)	5' - CGGCACCGCCCTAAGTCTCT - 3'

Votre analyse

1. Examinez les bases des séquences de référence (*O. kisutch*, *O. keta* et *S. salar*), une base à la fois, et encerclez les bases qui ne correspondent pas à celles du poisson que vous avez acheté.
2. Combien de bases différent (a) entre *O. kisutch* et votre poisson, (b) entre *O. keta* et votre poisson et (c) entre *S. salar* et votre poisson ?
3. Dans chaque séquence de référence, quel pourcentage des bases est identique à celui de votre poisson ?
4. À partir de ces données seulement, énoncéz une hypothèse sur la réelle identité de votre poisson. Expliquez votre raisonnement.

RÉVISION DU CHAPITRE 5



Consultez votre MANUEL NUMÉRIQUE, qui vous donne accès aux **animations**, aux **exercices** et à la plateforme d'**anatomie interactive**.

Résumé des concepts clés

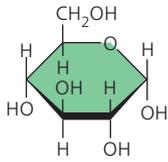
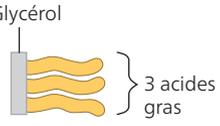
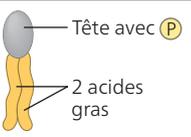
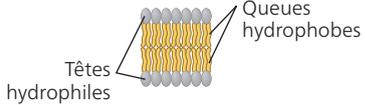
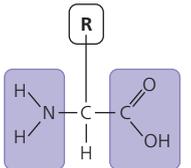
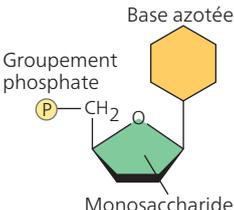
CONCEPT 5.1

Les macromolécules sont des polymères synthétisés à partir de monomères (p. 74 et 75)

- Les glucides complexes (polysaccharides), les protéines et les acides nucléiques sont des **polymères**, c'est-à-dire des chaînes

de **monomères**. Les composants des lipides varient. Les monomères forment des molécules plus complexes grâce à des **réactions de déshydratation**, au cours desquelles des molécules d'eau sont libérées. Les polymères peuvent se dissocier au cours de la réaction inverse, l'**hydrolyse**. On peut construire une infinité de polymères à partir d'un petit ensemble de monomères différents.

- ?
- Quelle est la base fondamentale des différences entre les glucides complexes, les protéines et les acides nucléiques ?

Molécules organiques complexes	Composants	Exemples	Fonctions
<p>CONCEPT 5.2</p> <p>Les glucides servent de sources d'énergie et de matériaux de structure (p. 75 à 79)</p> <p>? Comparez la composition, la structure et la fonction de l'amidon et de la cellulose. Quels rôles jouent l'amidon et la cellulose dans l'organisme humain ?</p>	 <p>Monomère de monosaccharide</p>	<p>Monosaccharides: glucose, fructose</p> <p>Disaccharides: lactose, saccharose</p> <p>Polysaccharides:</p> <ul style="list-style-type: none"> Cellulose (végétaux) Amidon (végétaux) Glycogène (animaux) Chitine (animaux et champignons) 	<p>Énergie; sources de carbone susceptibles d'être converties en d'autres types de molécules ou de servir de monomères entrant dans la constitution des polymères</p> <ul style="list-style-type: none"> Consolidation des parois des cellules végétales Réserve de glucose pour l'énergie Réserve de glucose pour l'énergie Consolidation des exosquelettes et des parois cellulaires des champignons
<p>CONCEPT 5.3</p> <p>Les lipides sont des molécules hydrophobes de structures, de propriétés et de fonctions variées (p. 79 à 82)</p> <p>? Pourquoi les lipides ne sont-ils pas considérés généralement comme des macromolécules ou des polymères ?</p>	<p>Glycérol</p>  <p>3 acides gras</p>	<p>Triglycérides (graisses ou huiles): glycérol + trois acides gras</p> 	<p>Importante source d'énergie</p>
<p>? Pourquoi les lipides ne sont-ils pas considérés généralement comme des macromolécules ou des polymères ?</p>	 <p>Tête avec P 2 acides gras</p>	<p>Phospholipides: glycérol + groupement phosphate + 2 acides gras</p>	<p>Principaux constituants des bicouches lipidiques des membranes</p>  <p>Queues hydrophobes Têtes hydrophiles</p>
<p>CONCEPT 5.4</p> <p>Les protéines possèdent plusieurs niveaux de structure, ce qui leur confère des fonctions très diversifiées (p. 82 à 91)</p> <p>? Expliquez le principe fondamental de la grande diversité des protéines.</p>	 <p>Monomère d'acide aminé (20 types)</p>	<p>Stéroïdes: quatre cycles accolés avec des groupements chimiques attachés</p>  <p>Représentation schématisée d'un stéroïde</p>	<ul style="list-style-type: none"> Constituants des membranes cellulaires (cholestérol) Molécules messagères circulant dans l'organisme (hormones)
<p>CONCEPT 5.4</p> <p>Les protéines possèdent plusieurs niveaux de structure, ce qui leur confère des fonctions très diversifiées (p. 82 à 91)</p> <p>? Expliquez le principe fondamental de la grande diversité des protéines.</p>	<ul style="list-style-type: none"> Enzymes Protéines de défense Protéines d'entreposage Protéines de transport Hormones Protéines réceptrices Protéines motrices Protéines structurales 	<ul style="list-style-type: none"> Catalyseur des réactions chimiques Protection contre les maladies Mise en réserve des acides aminés Transport des substances Coordination des activités de l'organisme Réception des signaux des cellules externes Participation au mouvement des cellules Contribution au soutien structural 	
<p>CONCEPT 5.5</p> <p>Les acides nucléiques emmagasinent et transmettent l'information génétique tout en contribuant à son expression (p. 91 à 94)</p> <p>? Quel rôle joue la formation des paires de bases complémentaires dans les fonctions des acides nucléiques ?</p>	 <p>Base azotée Groupement phosphate Monosaccharide Nucléotide (monomère d'un polynucléotide)</p>	<p>ADN: </p> <ul style="list-style-type: none"> Monosaccharide = désoxyribose Bases azotées = C, G, A, T Généralement à double brin <p>ARN: </p> <ul style="list-style-type: none"> Monosaccharide = ribose Bases azotées = C, G, A, U Généralement à simple brin 	<p>Emmagasinement des informations héréditaires</p> <p>Contribution à diverses fonctions touchant l'expression génétique, dont le transport des instructions de l'ADN aux ribosomes</p>