

Plusieurs protéines codées par un même gène ?

Dans la première partie de cette séquence, nous avons étudié les différentes étapes de l'expression de l'information génétique, à savoir la transcription et la traduction. Ici, nous allons préciser et rectifier un de ces modèles que nous avons étudiés. Nous allons donc dans un premier temps étudier les données qui vont à l'encontre du modèle de transcription que nous avons précédemment établi, puis dans un deuxième rectifier ce modèle.

1) Etude d'une séquence de nucléotides d'un gène d'hémoglobine

Tout d'abord, nous allons comparer la séquence de nucléotides d'un brin d'ADN codant d'un gène d'hémoglobine avec celle du brin d'ARNm correspondant à partir du logiciel Anagenèse.

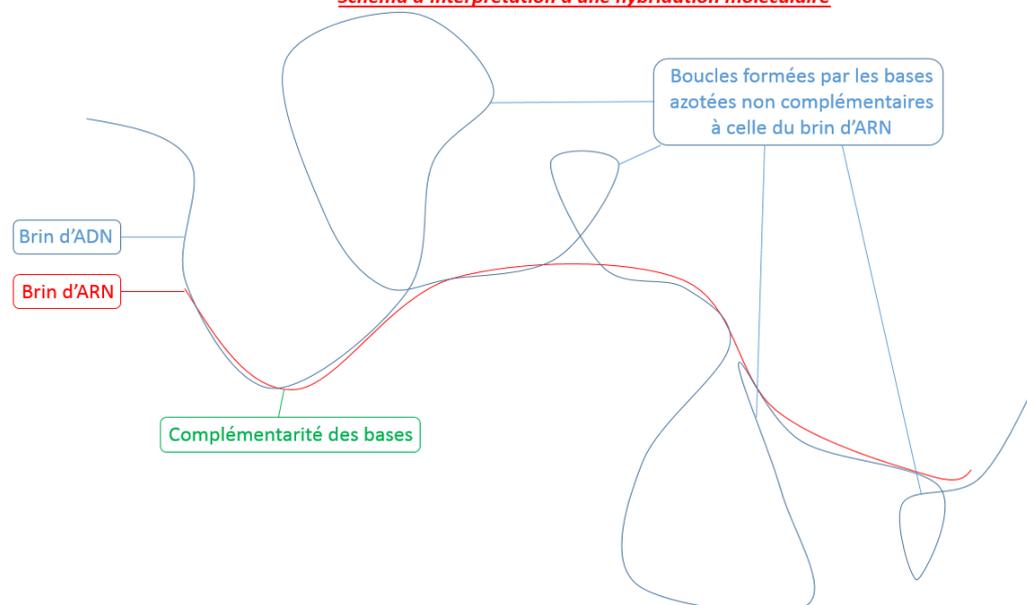
	340	350	360	370	380	390	400	410	420	430	440	450	460	470	480
alpha.adn	TCTGCC	CAGGTTA	AGGGCC	CACGGCA	AGAGGT	GCCCGAC	CGCTGAC	CAACGCC	TGGCCAC	GTGGAC	GACATGCC	CAACGCC	TGTCCGCC	CTGAGCG	ACCTGC
alphacod.arn	ACC	CCCCCG	CGAGU	UACCC	CCUGCG	GACGCG	CCUCC	UGGACA	AGUCC	UGGCU	UCUG	AGAC	CCGUG	ACCCU	CCAAU

Nous constatons deux anomalies : en premier lieu, nous voyons que la molécule d'ARNm est beaucoup plus courte que la molécule d'ADN, elle possède moins de nucléotide que celle-ci. De plus, les nucléotides ne sont pas identiques contrairement à ce à quoi on pourrait s'attendre de la part d'un brin d'ADN codant et du brin d'ARNm correspondant. Ces deux anomalies remettent donc en cause le modèle que nous avons étudié auparavant.

2) L'hybridation moléculaire

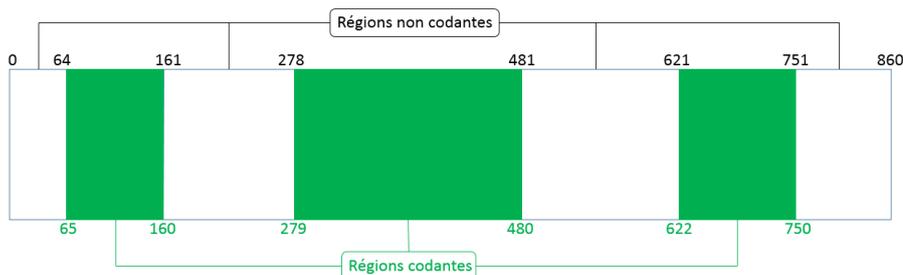
A présent, nous allons étudier une technique de laboratoire qui appuie et prouve que ces anomalies sont bien présentes pour toute molécule d'ADN. Celle-ci se nomme hybridation moléculaire : elle consiste à mettre en commun un brin d'ADN transcrit avec son brin d'ARNm correspondant. Cela entraîne une hybridation des parties contenant des bases azotées complémentaires entre les deux brins. Nous l'avons observé avec le gène de l'ovalbumine : nous avons ainsi observé un brin à épaisseur double pour certaines régions ainsi que des boucles à épaisseur simple, donc formé mécaniquement par les parties non complémentaires de la molécule d'ADN. En voici un schéma d'interprétation :

Schéma d'interprétation d'une hybridation moléculaire



Cette hybridation nous permet donc également de corriger l'observation que nous avons réalisé plus tôt : nous pensions que tout les nucléotides du brin d'ARNm était différent de ceux du brin d'ADN codant. Nous venons d'apprendre que certaines parties du brin d'ARNm sont toutefois identiques au brin d'ADN, chose qui va nous aider à comprendre les mécanismes qui s'effectuent pour obtenir un tel brin d'ARNm. Pour cela, nous allons étudier cette technique sous la forme d'une structure linéaire.

Structure linéaire d'une hybridation moléculaire entre un brin transcrit d'ADN du gène de la chaîne alpha de l'hémoglobine et le brin d'ARNm correspondant



De par ce schéma, nous pouvons observer distinctement qu'un certain nombre de nucléotides restent complémentaires, et sont ici regroupées en 3 régions dite « codantes ». Nous rappelons que ces 3 régions assemblées représentent le brin d'ARN. Cela nous permet donc de comprendre qu'il manque une étape à notre modèle, que nous allons dès à présent corriger.

3) Rectification du modèle

Nous avons étudié qu'une enzyme, l'ARN polymérase, avait pour fonction de faire rompre les liaisons faibles entre les bases azotées et ainsi sépareit les deux brins de la molécule d'ADN. Par la suite, les bases azotées de l'ARN messenger se formerait par complémentarité sur un brin dit « transcrit » de la molécule d'ADN. En réalité, la molécule que nous obtenons par ce phénomène est appelée ARN pré-messenger. Celui-ci est composé de différentes parties que nous séparons en deux catégories : les exons et les introns. Cette molécule va ainsi subir un épissage, seuls les exons seront conservés. Ils se relieront par la suite les uns aux autres, formant une nouvelle molécule qui elle correspond à l'ARN messenger. C'est pour cela que seules certaines régions des brins transcrits d'ADN et de leur ARN messenger sont complémentaires, celui-ci est une version épissée de l'ARN pré-messenger qui lui possède l'information dans sa totalité.

Cette rectification nous permet d'expliquer la quantité de protéines existante qui est largement supérieur à la quantité de gènes : il existe ainsi une très grande quantité d'épissage alternatif possible, permettant ainsi la production d'une protéine différente à chaque fois.

Schéma représentant les différentes étapes de la transcription

