

Structure et fonction des molécules organiques complexes

5



VOS OUTILS INTERACTIFS

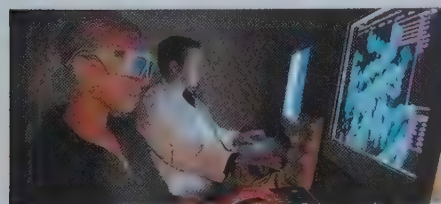


Consultez votre MANUEL NUMÉRIQUE, qui vous donne accès aux animations, aux exercices et à la plateforme d'anatomie interactive.

▲ **Figure 5.1** Pourquoi la structure d'une protéine est-elle à ce point importante pour sa fonction ?

CONCEPTS CLÉS

- 5.1 Les macromolécules sont des polymères synthétisés à partir de monomères
- 5.2 Les glucides servent de sources d'énergie et de matériaux de structure
- 5.3 Les lipides sont des molécules hydrophobes de structures, de propriétés et de fonctions variées
- 5.4 Les protéines possèdent plusieurs niveaux de structure, ce qui leur confère des fonctions très diversifiées
- 5.5 Les acides nucléiques emmagasinent et transmettent l'information génétique tout en contribuant à son expression
- 5.6 La génomique et la protéomique ont transformé la recherche et ses applications en biologie



Les molécules de la vie

Étant donné la richesse et la complexité de la vie sur Terre, on peut s'étonner que les molécules complexes les plus importantes pour tous les êtres vivants (des bactéries aux éléphants) appartiennent à seulement quatre grandes catégories : les lipides, les glucides, les protéines et les acides nucléiques. Les molécules des trois dernières classes étant particulièrement volumineuses à l'échelle moléculaire, on les qualifie de **macromolécules**. Par exemple, les protéines peuvent comporter des milliers d'atomes et constituer de véritables colosses moléculaires dont la masse peut largement dépasser 100 000 Da (daltons). Les macromolécules sont si grosses et si incroyablement complexes qu'il peut paraître surprenant que les biochimistes aient réussi à déterminer la structure détaillée d'un si grand nombre d'entre elles. La **figure 5.1** montre un modèle moléculaire de l'alcool-déshydrogénase, une protéine qui dégrade l'alcool dans l'organisme.

La fonction d'une macromolécule dépend largement de son architecture. Comme l'eau et les molécules organiques simples, les molécules biologiques complexes présentent des propriétés émergentes uniques que leur confère l'arrangement ordonné de leurs atomes. Dans ce chapitre, nous étudierons d'abord comment sont synthétisées les macromolécules. Puis, nous examinerons la structure et la fonction des molécules organiques complexes appartenant aux quatre classes, les glucides, les lipides, les protéines et les acides nucléiques.

◀ La scientifique à l'avant-plan porte des lunettes stéréoscopiques pour visualiser la structure spatiale de la protéine affichée sur son écran.

Les macromolécules sont des polymères synthétisés à partir de monomères

Les macromolécules appartenant aux glucides, aux protéines et aux acides nucléiques sont des **polymères** (du grec *polus*, « plusieurs », et *meros*, « partie »). Un polymère est une molécule constituée d'un grand nombre d'unités structurales identiques ou semblables rattachées par des liaisons covalentes, comme un train formé d'une chaîne de wagons. Chacune des petites unités structurales formant un polymère s'appelle **monomère** (du grec *monos*, « un seul »). En plus de former des polymères, certains monomères remplissent une fonction qui leur est propre.

La synthèse et la dégradation des polymères

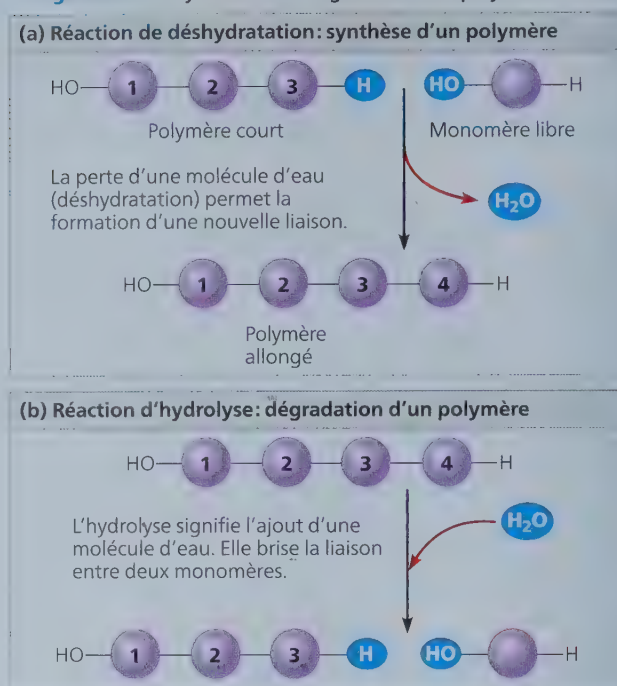
Chaque classe de polymères est constituée d'un type différent de monomères, mais les mécanismes chimiques par lesquels les cellules synthétisent ou dégradent les macromolécules sont toujours les mêmes. Dans les cellules, ces processus font intervenir des **enzymes**, des macromolécules spécialisées qui accroissent la vitesse des réactions chimiques (figure 5.2). La réaction qui entraîne la liaison des monomères est un bon exemple de **réaction de déshydratation** (ou **condensation**), une réaction dans laquelle deux molécules s'associent par une liaison covalente en même temps qu'il se forme une molécule d'eau (figure 5.2a). Chaque fois que deux monomères s'unissent, chacun fournit une partie de la molécule d'eau éliminée au cours de la réaction : l'un d'eux perd un groupement hydroxyle ($-OH$), l'autre, un atome d'hydrogène ($-H$). Cette réaction de condensation, ou polymérisation, se répète chaque fois qu'un monomère est ajouté à la chaîne et aboutit à la formation du polymère.

Inversement, les polymères se scindent en monomères par hydrolyse, le processus inverse de la réaction de déshydratation (figure 5.2b). Le terme **hydrolyse** signifie « briser à l'aide de l'eau » (du grec *hudôr*, « eau », et *lisis*, « briser »). L'addition de molécules d'eau rompt la liaison entre les monomères ; l'atome d'hydrogène provenant de l'eau s'attache à un monomère, tandis que le groupement hydroxyle s'attache au monomère adjacent. Le processus de la digestion constitue un exemple d'hydrolyse. La majeure partie de la matière organique présente dans nos aliments se compose de polymères beaucoup trop volumineux pour entrer dans nos cellules. Dans le tube digestif, diverses enzymes accélèrent l'hydrolyse des polymères. Les monomères ainsi libérés traversent la paroi du tube digestif et passent dans la circulation sanguine, qui les distribue à toutes les cellules de l'organisme. Les cellules peuvent alors faire appel aux réactions de déshydratation pour assembler les monomères en nouveaux polymères différents qui répondent à leurs besoins particuliers. (Les réactions de déshydratation ainsi que l'hydrolyse interviennent aussi dans la formation et la dégradation de molécules qui ne sont pas des polymères, tels certains lipides.)

La diversité des polymères

Chaque cellule d'un organisme contient des milliers de macromolécules différentes, dont un grand nombre varie d'un tissu à

▼ Figure 5.2 La synthèse et la dégradation des polymères.



l'autre. Les différences héréditaires qui existent entre proches parents (entre frères et sœurs, par exemple) témoignent de légères variations dans les polymères, notamment dans l'ADN et les protéines. Les différences moléculaires sont plus importantes entre les individus sans liens de parenté, et encore plus entre les espèces. La diversité des macromolécules dans le monde vivant est considérable ; son potentiel tend vers l'infini.

D'où provient la pluralité des polymères ? Ceux-ci ne s'élaborent qu'à partir de 40 à 50 monomères communs et de quelques autres plus rares. Créer une énorme variété de polymères à partir d'un nombre aussi limité de monomères, c'est comme former des centaines de milliers de phrases différentes à partir des 26 lettres de l'alphabet. Tout réside dans l'arrangement, c'est-à-dire dans la façon particulière de combiner en séquence linéaire les unités structurales de base. Toutefois, l'analogie avec l'écriture ne rend pas bien compte de la grande diversité des macromolécules, car la plupart des polymères biologiques comportent beaucoup plus de monomères que le nombre de mots des phrases les plus longues. Les protéines, par exemple, sont fabriquées à partir de 20 acides aminés différents arrangés en chaînes qui peuvent compter plusieurs centaines d'acides aminés. La vie s'articule autour de cette logique moléculaire simple, mais efficace : de petites molécules communes à tous les organismes sont les unités structurales qui s'agencent en macromolécules distinctes.

Malgré cette immense diversité, il est possible de regrouper les structures moléculaires et les fonctions de façon générale en catégories. Examinons chacune des quatre principales catégories de macromolécules biologiques. Nous allons voir que les molécules complexes de chacune de ces catégories ont des propriétés que leurs monomères ne possèdent pas, une autre manifestation de l'émergence.

1. Nommez les quatre principales catégories de macromolécules biologiques. Laquelle n'est pas constituée de polymères ?
2. Combien de molécules d'eau faut-il pour hydrolyser complètement un polymère formé de 10 monomères ?
3. **ET SI ?** ► Si vous mangez une portion de poisson, quelles réactions doivent se produire pour convertir les acides aminés (monomères) contenus dans les protéines de poisson en nouvelles protéines de votre organisme ?

Voir les réponses proposées à l'appendice A.

CONCEPT 5.2

Les glucides servent de sources d'énergie et de matériaux de structure

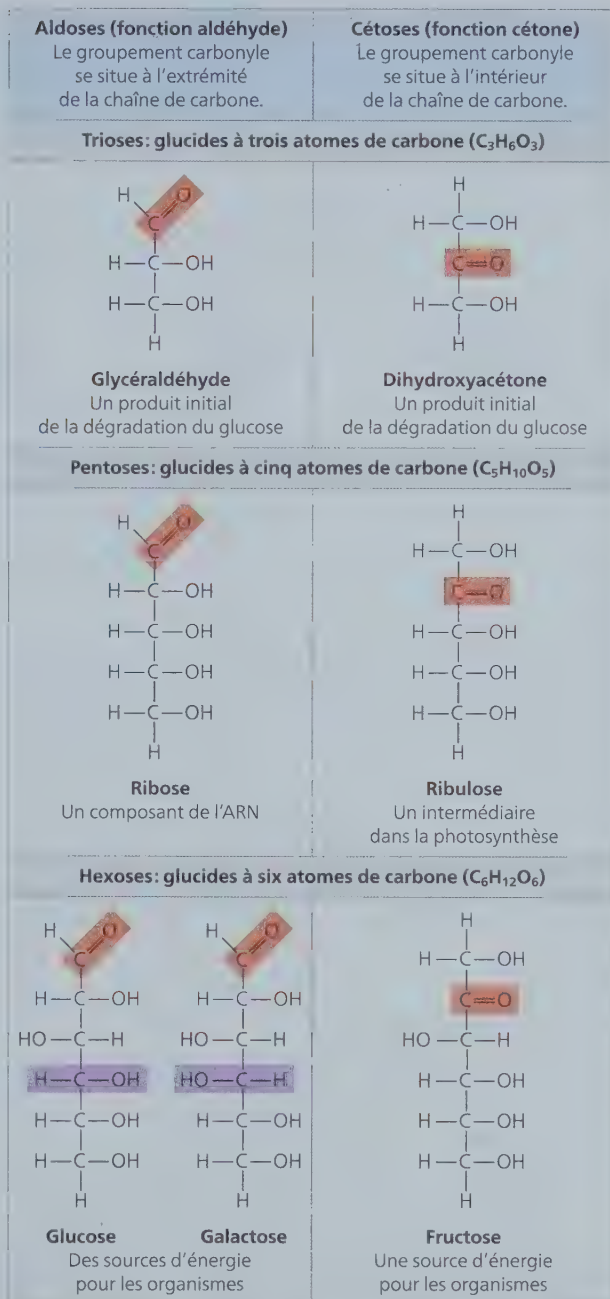
La classe des **glucides** comprend des glucides simples et des polymères de glucides. Les glucides les plus simples sont les monosaccharides ; ce sont des monomères à partir desquels sont synthétisés les glucides plus complexes. Les disaccharides sont des glucides doubles qui résultent de l'union de deux monosaccharides unis par une liaison covalente. Les glucides comprennent également des macromolécules appelées polysaccharides, c'est-à-dire des polymères formés de nombreux monosaccharides (monomères).

Les monosaccharides et les disaccharides

Les **monosaccharides** (du grec *monos*, « un seul », et *sakcharon*, « sucre ») ont habituellement des formules moléculaires qui sont des multiples de CH_2O . Le glucose ($\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$), le monosaccharide le plus courant, joue un rôle capital dans la chimie des êtres vivants. Il a la structure typique d'un glucide : la molécule possède un groupement carbonyle >C=O et de nombreux groupements hydroxyle ($-\text{OH}$) (figure 5.3). Selon la position du groupement carbonyle, un monosaccharide est soit un aldose (le carbonyle fait partie de la classe fonctionnelle des aldéhydes), soit un cétose (le carbonyle fait partie des cétones). Par exemple, le glucose est un aldose, alors que le fructose, un isomère du glucose, est un cétose. (La plupart des noms de glucides se terminent en *-ose*.) La longueur des chaînes carbonées est un autre facteur de classification des monosaccharides ; celles-ci sont constituées de trois à sept atomes de carbone. Le glucose, le fructose et les autres monosaccharides qui possèdent six atomes de carbone se nomment hexoses. Les trioses (qui ont trois atomes de carbone) et les pentoses (qui en ont cinq) sont également répandus dans la nature.

L'arrangement spatial autour d'un atome de carbone, parfois asymétrique, contribue à la diversité des monosaccharides, qui forment de nombreux isomères. (Nous avons vu qu'un atome de carbone asymétrique est lié à quatre atomes ou groupes d'atomes différents.) Par exemple, le glucose et le galactose diffèrent seulement par la disposition de leurs groupements hydroxyle autour d'un carbone asymétrique (voir les sections violettes dans la figure 5.3). Cette différence peut sembler minime, mais elle suffit à donner à ces deux monosaccharides une forme et des affinités de liaison distinctes, et donc des comportements différents.

▼ **Figure 5.3** Structure et classification de quelques monosaccharides. Les monosaccharides se distinguent selon la position de leur groupement carbonyle (orange), la longueur de leur chaîne carbonée et la façon dont leurs parties sont arrangées dans l'espace autour d'un atome de carbone asymétrique (comparez, par exemple, les parties en violet dans le glucose et le galactose).



FAITES DES LIENS ► Dans les années 1970, on a mis au point un procédé permettant de convertir le glucose contenu dans le sirop de maïs en fructose, un isomère au pouvoir sucrant plus puissant. Le sirop de maïs à haute teneur en fructose, un ingrédient courant dans les boissons gazeuses et les aliments transformés, est un mélange de glucose et de fructose. Quel type d'isomères représentent le glucose et le fructose ? Voir la figure 4.7.

Bien qu'il soit commode de représenter le glucose sous forme de chaîne carbonée linéaire, cette schématisation n'est pas tout à fait exacte. En effet, dans une solution aqueuse, les molécules de glucose se présentent surtout sous une forme cyclique, comme la majorité des autres monosaccharides à cinq ou à six carbones, parce que cette forme est la forme la plus stable de ces monosaccharides dans des conditions physiologiques (**figure 5.4**).

Les monosaccharides sont des nutriments essentiels aux cellules, le glucose en particulier. Au cours des processus appelés respiration cellulaire et fermentation, les cellules récupèrent l'énergie des molécules de glucose en les dégradant dans une série de réactions. Les monosaccharides ne constituent pas seulement une source d'énergie importante pour le travail cellulaire; leur squelette carboné sert également de matière première à la synthèse d'autres petites molécules organiques, comme les acides aminés et les acides gras. Lorsque leur énergie ou leurs atomes de carbone ne sont pas immédiatement utilisés pour le travail cellulaire, ils s'incorporent à titre de monomères à des disaccharides ou à des polysaccharides.

Un **disaccharide** se compose de deux monosaccharides unis par une liaison covalente, ou **liaison glycosidique**, qui se forme lors d'une réaction de déshydratation (le préfixe *glyco* fait référence au glucose). Par exemple, le maltose est un disaccharide formé par la liaison de deux molécules de glucose (**figure 5.5a**). Il est également appelé sucre de malt, et il constitue un ingrédient important dans la fabrication de la bière. Le disaccharide le plus répandu est le saccharose, plus connu sous le nom de sucre granulé. Les deux monomères qui le constituent sont le glucose et le fructose (**figure 5.5b**). C'est sous forme de saccharose que les glucides élaborés dans les feuilles des plantes se rendent jusqu'aux racines et aux autres organes non photosynthétiques. Le glucide présent dans le lait, le lactose, est aussi un disaccharide; celui-ci est formé d'une molécule de glucose liée à une molécule de galactose. Les disaccharides doivent être décomposés en monosaccharides avant de servir de source d'énergie aux organismes. L'intolérance au lactose est courante chez les humains dépourvus de lactase, l'enzyme qui dégrade le

lactose. En l'absence de lactase, le lactose est dégradé par les bactéries intestinales, ce qui cause la formation de gaz et provoque des flatuosités et des crampes abdominales. Pour éviter ces désagréments, les personnes intolérantes au lactose peuvent prendre un supplément de lactase au moment de consommer des produits laitiers ou bien ne consommer que des produits laitiers préalablement traités à la lactase.

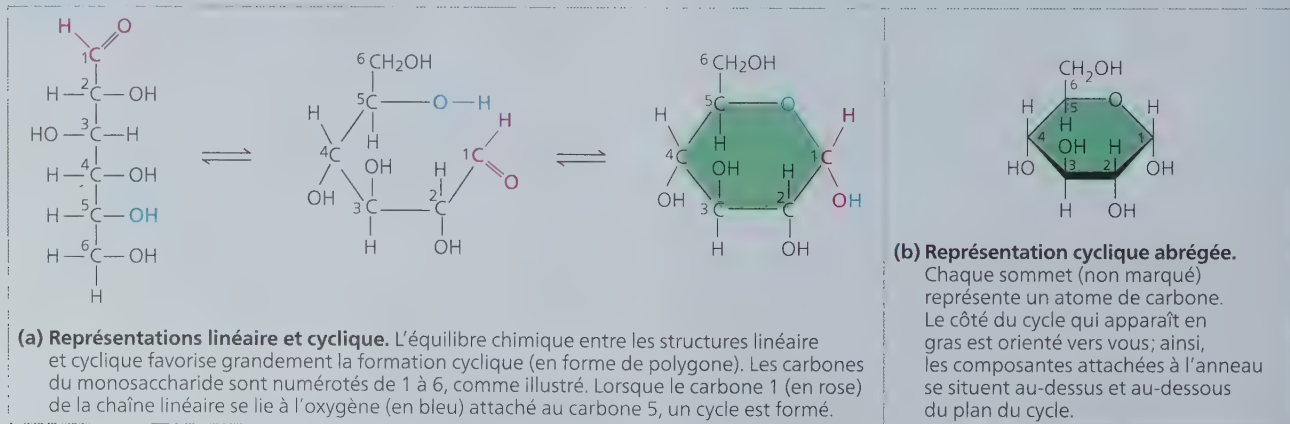
Les polysaccharides

Les **polysaccharides** sont des macromolécules, soit des polymères composés de quelques centaines à quelques milliers de monosaccharides unis par des liaisons glycosidiques. Certains polysaccharides jouent le rôle de substances de réserve et sont hydrolysés en fonction des besoins de la cellule en monosaccharides. D'autres polysaccharides servent de matière première destinée à l'édification des structures protégeant la cellule ou l'organisme entier. L'architecture et la fonction d'un polysaccharide sont déterminées par la nature de ses monomères et par la position des liaisons glycosidiques.

Les polysaccharides de réserve

Les végétaux et les animaux emmagasinent des monosaccharides sous forme de polysaccharides de réserve pour un usage ultérieur (**figure 5.6**). Les végétaux emmagasinent l'**amidon**, un polymère formé de glucose, sous forme de granules dans des structures cellulaires appelées plastes (les chloroplastes sont un autre type de plastes). En synthétisant l'amidon, les végétaux constituent des réserves de glucose, une source d'énergie cellulaire importante. La cellule végétale peut ultérieurement puiser dans ces réserves en faisant appel à des réactions d'hydrolyse qui rompent les liaisons entre les monomères de glucose. La plupart des animaux, y compris les êtres humains, possèdent également des enzymes hydrolysant l'amidon des nutriments pour libérer du glucose qui servira de nutriment aux cellules. La pomme de terre et les céréales (comme le blé, le maïs, le riz et les autres graminées) sont les principales sources d'amidon du régime alimentaire des humains.

▼ **Figure 5.4** Les représentations linéaire et cyclique du glucose.

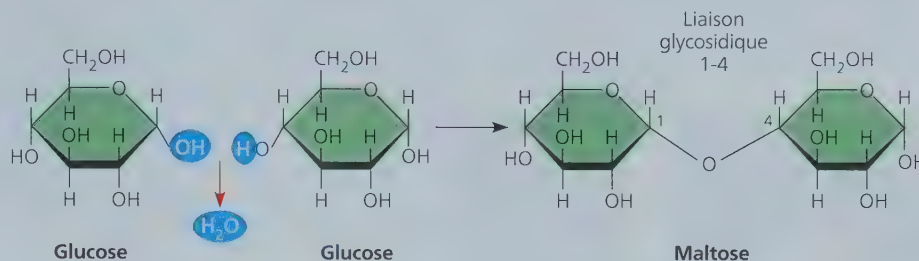


FAITES UN DESSIN ▶ À partir de la structure linéaire du fructose que vous aurez préalablement tracée (voir la figure 5.3), dessinez la formation du cycle du fructose en procédant en deux étapes, comme on le voit en (a). Commencez par numéroté les atomes de carbone en partant du sommet de la structure linéaire, puis dessinez la molécule selon sa structure cyclique et reliez le carbone 5 par l'intermédiaire de son atome d'oxygène au carbone 2. Comparez le nombre d'atomes de carbone dans les cycles de fructose et de glucose.

▼ **Figure 5.5** Exemples de la synthèse de disaccharides.

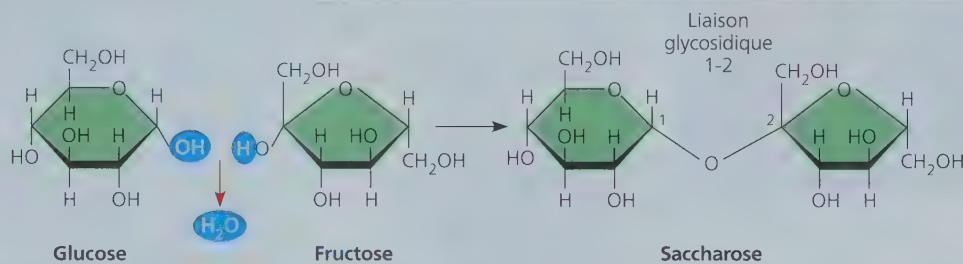
(a) Synthèse du maltose par une réaction de déshydratation.

La combinaison de deux molécules de glucose donne une molécule de maltose. Une liaison glycosidique s'établit entre le carbone 1 d'un glucose et le carbone 4 de l'autre glucose. L'union de ces deux monomères à un autre emplacement aboutirait à la formation d'un disaccharide différent.



(b) Synthèse du saccharose par une réaction de déshydratation.

Le saccharose est un disaccharide formé d'une molécule de glucose et d'une molécule de fructose. Remarquez que le fructose forme un cycle à cinq côtés plutôt qu'à six côtés, bien qu'il soit un hexose comme le glucose.



FAITES UN DESSIN ► En vous reportant aux figures 5.3 et 5.4, numérotez les carbones sur chaque glucide de la présente figure. En quoi la numérotation concorde-t-elle avec le nom de chaque liaison glycosidique ?

La plupart des monomères de glucose qui composent l'amidon sont unis par des liaisons glycosidiques 1-4 (entre le carbone 1 d'une molécule de glucose et le carbone 4 de la suivante), comme les unités de glucose dans le maltose (voir la figure 5.5a). L'amidon a deux composantes : la plus simple, l'amylose, est constituée d'une chaîne non ramifiée ; la plus complexe, l'amylopectine, est faite d'une chaîne ramifiée comportant des liaisons glycosidiques 1-6 aux embranchements. Ces deux formes d'amidon sont illustrées à la figure 5.6a.

Les animaux emmagasinent un polysaccharide appelé **glycogène**, un polymère du glucose semblable à l'amylopectine, mais plus ramifié (figure 5.6b) : les ramifications se rencontrent à tous les 30 monomères dans le cas de l'amylopectine et à tous les 10 à 12 monomères dans le cas du glycogène. Les vertébrés emmagasinent du glycogène principalement dans les cellules du foie et dans les muscles. L'hydrolyse de ce polysaccharide libère du glucose dans ces cellules lorsque les besoins en monosaccharides augmentent. La structure abondamment ramifiée du glycogène est ainsi bien adaptée à sa fonction puisqu'elle compte davantage d'extrémités libres pouvant subir l'hydrolyse. Cependant, cette énergie de réserve ne soutient pas un animal bien longtemps. La réserve de glycogène des êtres humains, par exemple, s'épuise en un jour environ si aucun aliment ne vient la réapprovisionner. C'est d'ailleurs un sujet de préoccupation dans les régimes pauvres en glucides, qui peuvent entraîner faiblesse et fatigue.

Les polysaccharides structuraux

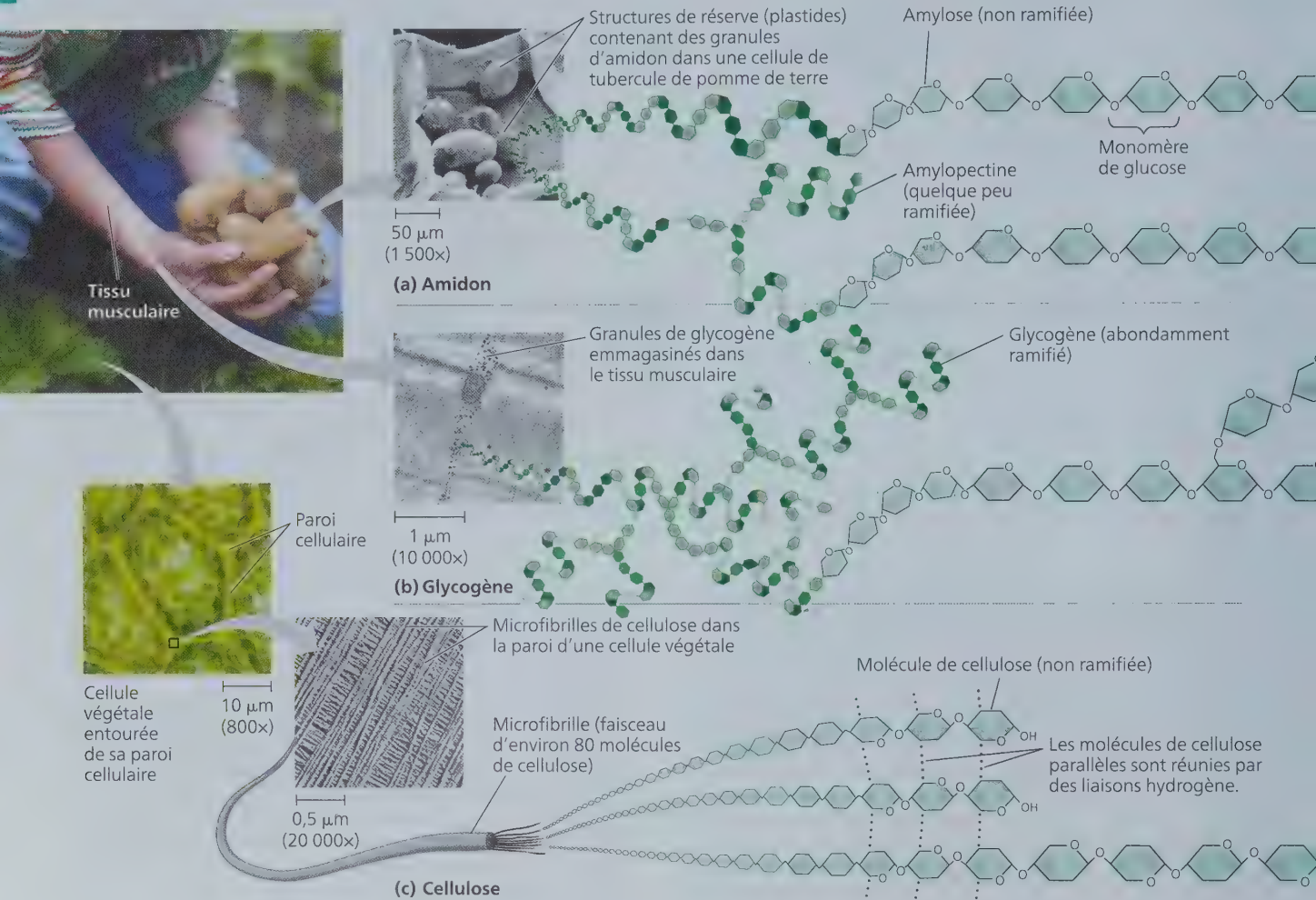
Certains organismes fabriquent des matériaux solides à partir de polysaccharides structuraux. Par exemple, le polysaccharide appelé **cellulose** est un constituant important, car il est à

l'origine de la grande résistance de la paroi des cellules végétales (figure 5.6c). Pris dans leur ensemble, les végétaux de la biosphère produisent environ 10^{14} kg de cellulose par année, soit 100 milliards de tonnes ; il s'agit du composé organique le plus abondant sur la Terre.

Comme l'amidon, la cellulose est un polymère de glucose à liaisons glycosidiques 1-4 ; toutefois, les liaisons glycosidiques de ces deux polymères ne sont pas identiques. En effet, le cycle du glucose existe sous deux formes (figure 5.7a) : le groupement hydroxyle lié au carbone 1 peut se situer soit au-dessous, soit au-dessus du plan de l'anneau. Ces deux formes cycliques du glucose se nomment respectivement alpha (α) et bêta (β). Les lettres grecques sont souvent employées pour désigner les différentes variantes de structures biologiques (un peu comme on utilise les lettres *a*, *b*, *c*, etc. pour énumérer les parties d'une question ou d'une figure). Dans l'amidon, tous les monomères de glucose présentent la configuration α (figure 5.7b), l'arrangement que nous avons vu aux figures 5.4 et 5.5. Dans la cellulose, par contre, tous les monomères prennent la configuration β , de sorte que chaque monomère de glucose est inversé par rapport aux monomères adjacents (figure 5.7c ; voir aussi la figure 5.6c).

Étant donné que les molécules d'amidon et de cellulose ont des liaisons glycosidiques différentes, elles diffèrent aussi par leur structure tridimensionnelle. Certaines molécules d'amidon sont essentiellement hélicoïdales, et c'est là une structure bien adaptée à leur fonction qui consiste à emmagasiner efficacement du glucose. Quant à la molécule de cellulose, elle est droite, jamais ramifiée, et quelques-uns de ses groupements hydroxyle situés sur les monomères de glucose peuvent former des liaisons hydrogène avec des groupements hydroxyle d'autres molécules de cellulose parallèles. Dans la paroi d'une cellule végétale, des

▼ **Figure 5.6 Les polysaccharides de réserve des végétaux et des animaux.** L'amidon emmagasiné dans les cellules végétales (en a), le glycogène emmagasiné dans des cellules musculaires (en b) et les fibres de cellulose structurale dans la paroi d'une cellule végétale (en c) sont tous des polysaccharides entièrement constitués de monomères de glucose (hexagones verts). Dans l'amidon et le glycogène, l'angle des liaisons entre les molécules de glucose confère aux chaînes polymériques une forme hélicoïdale dans les parties non ramifiées. Il existe deux sortes d'amidon: l'amylose et l'amylopectine. La cellulose, dont les liaisons entre des molécules de glucose sont d'un type différent, n'est jamais ramifiée.



molécules de cellulose parallèles, retenues ensemble de cette façon, s'associent en unités appelées microfibrilles (figure 5.6c). Semblables à des câbles, ces microfibrilles forment un matériau de soutien résistant pour les végétaux qui permet de consolider différentes parties de la plante. Notons que la cellulose est aussi une substance importante pour les êtres humains, car elle est le principal constituant du papier et la seule composante du coton.

Les enzymes qui digèrent l'amidon en hydrolysant les liaisons glycosidiques α sont incapables d'hydrolyser les liaisons glycosidiques β de la cellulose en raison des configurations distinctes de ces deux molécules. En fait, peu d'organismes produisent des enzymes capables d'hydrolyser la cellulose, ce qui est un atout très important compte tenu de la fonction structurale de cette substance. Ni les animaux ni les êtres humains ne peuvent dégrader la cellulose. Celle que contiennent les aliments n'est pas digérée: elle passe tout droit dans le tube digestif et elle est éliminée avec les matières fécales. En érodant les parois du tube

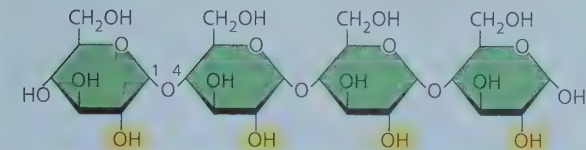
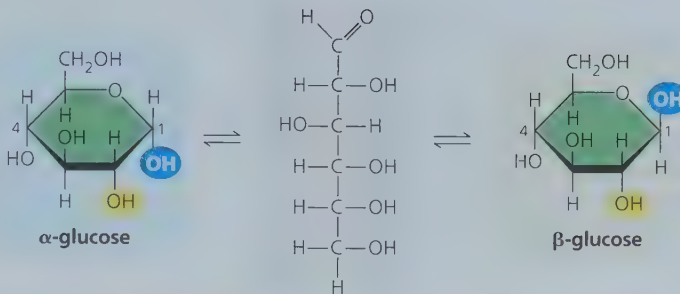
digestif, la cellulose stimule la sécrétion de mucus, lequel facilite le passage des aliments. Donc, même si la cellulose ne constitue pas un nutriment pour les humains, elle fait partie de tout régime alimentaire sain. On en trouve en grande quantité dans la plupart des fruits, dans les légumes et dans les céréales. Le terme *fibres insolubles* qui figure sur les emballages des produits alimentaires désigne surtout la cellulose.

Certains microorganismes digèrent la cellulose en la décomposant en monomères de glucose. Par exemple, les premiers compartiments de l'estomac d'une vache abritent une grande variété de microorganismes capables d'assurer la digestion de cette molécule. Dans ces compartiments appelés panse et bonnet, ces microorganismes hydrolysent la cellulose du foin et de l'herbe pour libérer le glucose et le transformer en d'autres composés qui deviennent des nutriments pour la vache. De même, les termites ne peuvent digérer la cellulose provenant du bois dont ils se nourrissent, mais les microorganismes qui colonisent leur intestin

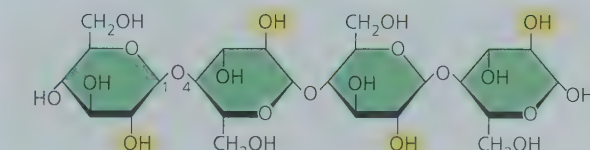
▼ **Figure 5.7** Les structures de l'amidon et de la cellulose.

(a) Structures cycliques α et β du glucose.

Ces deux formes interchangeables du glucose diffèrent par la position du groupement hydroxyle (en bleu) attaché au carbone 1.



(b) Amidon: liaison glycosidique 1-4 entre les monomères de glucose α . Tous les monomères possèdent la même orientation. Comparez les positions des groupements —OH surlignés en jaune avec ceux de la cellulose (c).



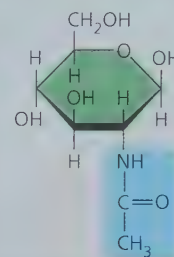
(c) Cellulose: liaison glycosidique 1-4 entre les monomères de glucose β . Dans la cellulose, chaque monomère de glucose β est inversé par rapport aux monomères adjacents. (Remarquez l'alternance des groupements —OH surlignés en jaune.)

peuvent effectuer cette tâche. Certaines moisissures (champignons microscopiques) hydrolysent la cellulose dans le sol et les troncs d'arbres morts; elles accomplissent ainsi une fonction essentielle à la circulation de la matière dans les écosystèmes.

La **chitine** est également un polysaccharide structural important. Les arthropodes, parmi lesquels figurent les insectes, les araignées et les crustacés, synthétisent de la chitine pour construire leur exosquelette (**figure 5.8**). Un exosquelette est une enveloppe rigide qui recouvre les parties molles d'un animal, telle la carapace d'un homard. Composé de chitine enchâssée dans une couche de protéines, l'exosquelette est d'abord flexible et semblable à du cuir, mais il durcit lorsque ces protéines se lient chimiquement les unes aux autres (comme chez les insectes) ou lorsqu'il est imprégné de carbonate de calcium (comme chez les crabes). On trouve également de la chitine chez les champignons (eumycètes), où ce polysaccharide remplace la cellulose comme matériau de construction de leur paroi cellulaire. Avec ses liaisons β , la chitine ressemble à la cellulose, sauf pour ce qui est de son monomère de glucose, qui possède une chaîne latérale contenant de l'azote (voir la figure 5.8, en haut à droite).

▼ **Figure 5.8** La chitine, un polysaccharide structural.

► **Structure d'un monomère de chitine.**



◀ **L'exosquelette des arthropodes est constitué de chitine enchâssée dans des protéines.** Cet anax empereur (*Anax imperator*) est en train de muer: la libellule se dépouille de son vieil exosquelette pour apparaître dans sa forme adulte.

RETOUR SUR LE CONCEPT **5.2**

1. Écrivez la formule d'un monosaccharide à trois carbones.
2. Une réaction de déshydratation unit deux molécules de glucose pour former le maltose. Si la formule du glucose est $C_6H_{12}O_6$, quelle est celle du maltose ?
3. **ET SI ?** ► Après avoir traité une vache par des antibiotiques pour une infection, un vétérinaire lui fait prendre un breuvage contenant diverses espèces microbiennes intestinales. Pourquoi ce traitement est-il nécessaire ?

Voir les réponses proposées à l'appendice A.

CONCEPT **5.3**

Les lipides sont des molécules hydrophobes de structures, de propriétés et de fonctions variées

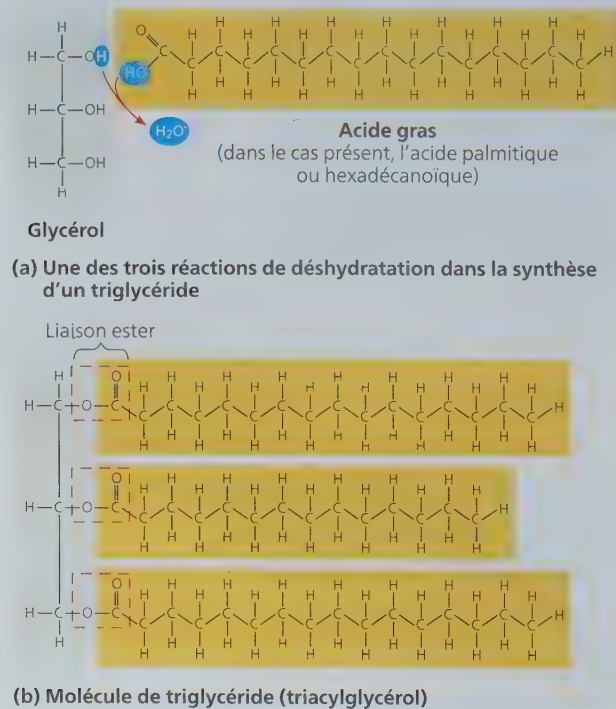
La classe des lipides est formée de molécules biologiques plus ou moins complexes qui ne sont pas de vrais polymères et ne sont pas assez grosses pour être considérées comme des macromolécules. Les **lipides** sont des composés regroupés en fonction

d'une caractéristique commune importante: ils ne se mélangent pas, sinon très peu, avec l'eau. Leur comportement hydrophobe repose sur leur structure moléculaire. Bien qu'ils contiennent quelques liaisons polaires associées à l'oxygène, ils sont en majeure partie constitués d'hydrocarbures, donc de chaînes carbonées non polaires. Ils forment un groupe très hétérogène, dont les éléments varient par leur structure et leur fonction. Les lipides comprennent notamment les cires (qui imperméabilisent les feuilles des plantes) ainsi que certains pigments végétaux ou animaux, mais nous ne nous attarderons ici que sur les familles les plus importantes: les triglycérides, les phospholipides (phosphoglycérolipides) et les stéroïdes.

Les triglycérides

Les triglycérides sont de grosses molécules construites à partir de molécules plus petites qui s'associent par des réactions de déshydratation, comme celles décrites pour la polymérisation des monomères à la figure 5.2a. Un *triglycéride* se compose de deux types de molécules: glycérol et acides gras (figure 5.9a). Le glycérol est un alcool à trois atomes de carbone, qui portent chacun un groupement hydroxyle. Chaque **acide gras** possède une longue chaîne d'hydrocarbures qui compte habituellement de 16 à 18 atomes de carbone. À l'une des extrémités de cette chaîne se trouve un groupement carboxyle, le groupement

▼ **Figure 5.9** La synthèse et la structure d'un triglycéride, ou triacylglycérol. Le triglycéride se compose d'une molécule de glycérol et de trois molécules d'acides gras. (a) Il y a libération d'une molécule d'eau chaque fois qu'un acide gras se lie au glycérol. (b) Cette molécule de triglycéride possède trois acides gras, dont deux sont identiques. Les atomes de carbone des chaînes d'acides gras sont disposés en zigzag, ce qui indique les orientations réelles des quatre liaisons simples qui émergent de chacun d'eux (voir les figures 4.3a et 4.6b).



fonctionnel qui confère à cette molécule le nom d'*acide gras*. Le reste de la molécule est constitué d'une chaîne d'hydrocarbures dont les liaisons C—H sont relativement non polaires, ce qui explique le caractère hydrophobe des triglycérides. Ces chaînes ne se dissolvent pas dans l'eau, parce que les molécules d'eau établissent des liaisons hydrogène entre elles, repoussant ainsi les triglycérides. C'est la raison pour laquelle, dans une vinaigrette, l'huile végétale (un triglycéride liquide à la température ambiante) se sépare de la solution aqueuse de vinaigre.

Un triglycéride se forme lorsque trois molécules d'acides gras s'unissent par des liaisons ester avec une molécule commune de glycérol. (Une liaison ester est une liaison résultant d'une réaction de déshydratation entre un groupement hydroxyle et un groupement carboxyle.) Le triglycéride produit est aussi appelé **triacylglycérol**. On trouve souvent le terme *triglycéride* dans la liste des ingrédients figurant sur les emballages alimentaires. Dans une molécule de triglycéride, les acides gras peuvent être identiques ou ils peuvent être différents, comme dans la **figure 5.9b**.

En nutrition, on utilise souvent les expressions *gras saturés* et *gras insaturés* (figure 5.10). Celles-ci font référence à la structure de la chaîne hydrocarbonée des acides gras. S'il n'y a pas de liaisons doubles entre des atomes du squelette carboné, un maximum d'atomes d'hydrogène est lié à l'acide gras. Une telle structure est dite *saturée* d'hydrogène et forme ainsi un **acide gras saturé** (figure 5.10a). Par contre, un **acide gras insaturé** renferme une ou plusieurs liaisons doubles. Il y a un atome d'hydrogène en moins sur chaque carbone engagé dans une telle liaison; on parlera alors d'acide gras *mono-insaturé* (une seule liaison double) ou *polyinsaturé* (deux liaisons doubles ou plus). Presque toutes les liaisons doubles dans les acides gras d'origine naturelle prennent une configuration *cis*, ce qui crée un angle dans la chaîne d'hydrocarbures partout où elles s'établissent (figure 5.10b). (Voir la figure 4.7b pour vous rappeler les notions de liaisons doubles *cis* et *trans*.)

Un triglycéride composé d'acides gras saturés est dit saturé. C'est le cas de la plupart des triglycérides animaux: leurs chaînes carbonées (les « queues » des molécules de triglycéride) ne portent aucune liaison double, et leur flexibilité permet aux molécules de triglycérides de s'agglomérer fermement. C'est pourquoi les triglycérides animaux saturés, comme le saindoux et le beurre, sont solides à la température ambiante; on leur donne communément le nom de graisses. Par contre, les triglycérides végétaux (extraits des graines des plantes) et ceux des poissons sont généralement insaturés: ils comportent un ou plusieurs types d'acides gras insaturés. Ils sont habituellement liquides à la température ambiante, et on les appelle huiles (on dit, par exemple, huile d'olive et huile de foie de morue). Dans une huile, les liaisons doubles *cis* forment des angles prononcés qui empêchent les molécules de s'agglomérer pour former un solide à la température ambiante. L'expression « huile végétale hydrogénée », souvent mentionnée sur les étiquettes des aliments, signifie que des triglycérides insaturés ont été convertis en triglycérides plus ou moins saturés par l'addition d'hydrogène grâce à un procédé industriel, ce qui leur permet de rester solides à plus haute température. Le beurre d'arachide, la margarine et de nombreux autres produits sont hydrogénés pour empêcher les lipides de se séparer et de se liquéfier.

Un régime alimentaire riche en triglycérides saturés est un des facteurs qui contribuent à l'apparition de l'athérosclérose, une maladie cardiovasculaire. Dans cette affection, des dépôts appelés athéromes se forment sur les parois des vaisseaux

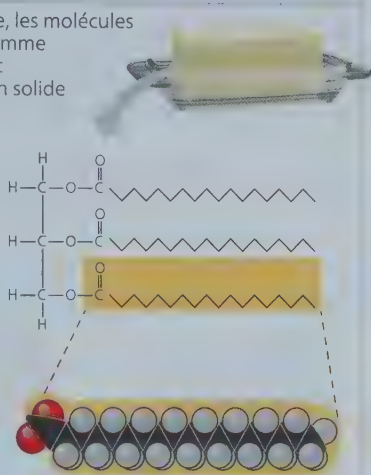
▼ **Figure 5.10** Les triglycérides et les acides gras saturés et insaturés.

(a) Triglycéride saturé

À la température ambiante, les molécules d'un triglycéride saturé, comme le beurre, sont étroitement agglomérées et forment un solide appelé **graisse**.

Formule développée d'une molécule de triglycéride saturé (Chaque chaîne d'hydrocarbures est illustrée par une ligne en zigzag où chaque sommet représente un atome de carbone; les hydrogènes ne sont pas montrés.)

Modèle compact de l'acide stéarique, un acide gras saturé (rouge = oxygène; noir = carbone; gris = hydrogène)

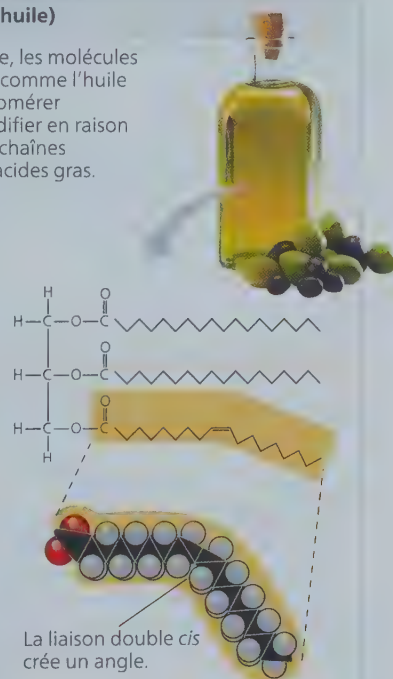


(b) Triglycéride insaturé (huile)

À la température ambiante, les molécules d'un triglycéride insaturé, comme l'huile d'olive, ne peuvent s'agglomérer suffisamment pour se solidifier en raison des angles dans certaines chaînes d'hydrocarbures de leurs acides gras.

Formule développée d'une molécule de triglycéride insaturé

Modèle compact de l'acide oléique, un acide gras insaturé



sanguins, créant des saillies internes qui entravent la circulation et réduisent l'élasticité des vaisseaux. L'hydrogénation des triglycérides végétaux produit non seulement des gras saturés, mais aussi des gras insaturés comportant des liaisons doubles *trans*, liaisons rares dans les acides gras naturels (voir la figure 4.7b). Il s'avère que les **gras trans** peuvent contribuer à la maladie coronarienne (voir le concept 42.4). Santé Canada limite la teneur totale en acides gras *trans* à 2% de la teneur totale en graisses pour les huiles végétales et les margarines molles et tartinables, et à 5% de la teneur totale en graisses pour tous les autres aliments, y compris ceux vendus dans les restaurants. Quelques

pays, dont le Danemark et la Suisse, ont déjà banni l'utilisation des gras *trans* dans les aliments.

La fonction principale des triglycérides consiste à emmagasiner de l'énergie. Les hydrocarbures qu'ils contiennent ressemblent aux molécules d'essence et sont aussi riches en énergie. Un gramme de triglycéride emmagasine plus de deux fois la quantité d'énergie contenue dans un gramme de polysaccharide comme l'amidon. En raison de leur relative immobilité, les végétaux peuvent très bien fonctionner avec des réserves énergétiques volumineuses sous forme d'amidon. Les triglycérides végétaux proviennent généralement des graines, dont les réserves moins volumineuses constituent un atout pour la plante sur le plan de la reproduction. Les animaux, par contre, doivent transporter leur bagage d'énergie avec eux, de sorte qu'il est avantageux pour eux d'avoir une réserve d'énergie plus compacte: les triglycérides solides. Les humains et les autres mammifères accumulent leurs réserves d'énergie à long terme dans leurs cellules adipeuses (voir la figure 4.6a), qui s'emplissent ou se vident selon que le triglycéride y est emmagasiné ou en est retiré. Le tissu adipeux sert aussi d'amortisseur protégeant les organes vitaux (les reins, par exemple). Le tissu adipeux sous-cutané assure également une isolation thermique; il est particulièrement épais chez les baleines, les phoques et la plupart des autres mammifères marins, afin de les protéger des eaux froides de la mer.

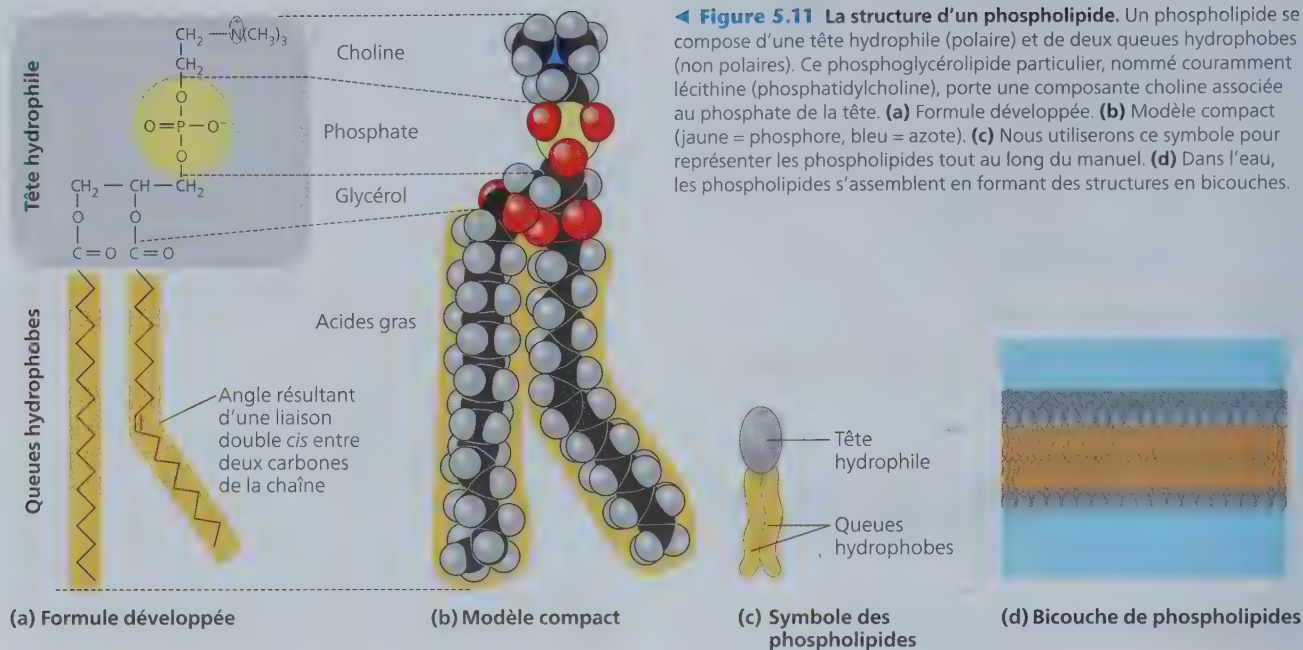
Les phospholipides

Les **phospholipides** (phosphoglycérolipides)* sont un autre type de lipides essentiel à l'existence des cellules telles que nous les connaissons. En effet, ils composent les membranes cellulaires dans une large proportion. Leur structure présente un exemple classique de la relation entre structure et fonction. Comme le montre la **figure 5.11**, un phospholipide ressemble aux triglycérides, mais il ne possède que deux acides gras au lieu de trois. En effet, le troisième groupement hydroxyle du glycérol est lié à un groupement phosphate porteur de charges négatives. Des molécules additionnelles, habituellement chargées ou polaires, peuvent se lier à ce groupement phosphate pour former divers phosphoglycérolipides (telle que la choline) ou des sphingolipides (lorsque le phosphate est lié à une sphingosine). La grande variété des molécules ou groupements liés au phosphate porté par le glycérol permet la formation de phospholipides diversifiés qui confèrent aux membranes des propriétés importantes, comme nous le verrons plus loin.

Les deux extrémités des phospholipides manifestent un comportement différent à l'égard de l'eau. Les queues hydrocarbonées sont hydrophobes et sont isolées de l'eau. Par contre, le groupement phosphate et les molécules qui s'y rattachent forment une tête hydrophile, qui a une affinité pour l'eau. Dans l'eau, les phospholipides s'agglomèrent pour former des structures en doubles couches, nommées « bicouches », qui cachent leurs queues d'acides gras hydrophobes (figure 5.11d).

Les phospholipides à la surface d'une cellule sont disposés de telle sorte qu'ils constituent une bicouche. Leurs queues, hydrophobes, se font face et pointent vers l'intérieur de la membrane, ce qui leur permet de s'éloigner de l'eau, alors que leurs têtes, hydrophiles, se trouvent complètement à l'opposé et sont en

* Les phospholipides membranaires englobent notamment les phosphoglycérolipides et les sphingomyélines, qui exercent des fonctions différentes.



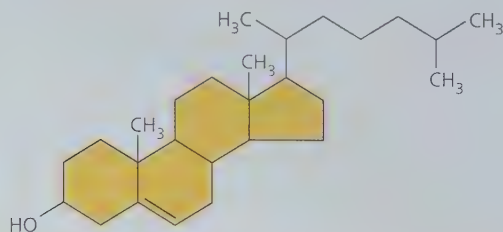
FAITES UN DESSIN ▶ Tracez un ovale autour de la tête hydrophile du modèle compact.

contact avec les solutions aqueuses de part et d'autre de la membrane cellulaire. La bicouche de phospholipides forme une frontière entre la cellule et son environnement externe; en fait, les cellules ne pourraient pas exister sans les phospholipides.

Les stéroïdes

Les **stéroïdes** sont classés parmi les lipides en raison de leur faible affinité pour l'eau et non à cause de leur structure; ces molécules se différencient des graisses et des huiles par leur squelette carboné formé de quatre cycles accolés. Différents stéroïdes se distinguent par les groupements fonctionnels particuliers attachés à l'ensemble des cycles. Le **cholestérol**, un type de stéroïde, est une molécule essentielle aux animaux (**figure 5.12**). Présent dans les membranes cellulaires animales, le cholestérol constitue également le précurseur d'autres stéroïdes, comme les

▼ **Figure 5.12 Le cholestérol: un stéroïde.** Le cholestérol est le précurseur d'autres stéroïdes, comme les hormones sexuelles. Les stéroïdes diffèrent par les groupements chimiques qui se fixent à leurs quatre cycles accolés (illustrés en doré).



FAITES DES LIENS ▶ Comparez le cholestérol avec les hormones sexuelles illustrées au concept 4.3. Encercliez les groupements chimiques communs au cholestérol et à l'estradiol; tracez un carré autour des groupements chimiques communs au cholestérol et à la testostérone.

hormones sexuelles des vertébrés. Chez les vertébrés, une partie du cholestérol est synthétisée dans le foie et l'autre provient du régime alimentaire. Un taux sanguin élevé de cette molécule peut causer de l'athérosclérose, mais certains chercheurs s'interrogent sur le rôle réel du cholestérol et des gras saturés dans l'apparition de cette affection.

RETOUR SUR LE CONCEPT 5.3

1. Comparez la structure d'une graisse (triglycéride) avec celle d'un phospholipide.
2. Pourquoi les hormones sexuelles des êtres humains sont-elles considérées comme des lipides ?
3. **ET SI ?** ▶ Supposons qu'une membrane entoure une gouttelette d'huile, comme c'est le cas dans les cellules des graines de végétaux et dans certaines cellules animales. Décrivez et expliquez la forme qu'elle pourrait prendre.

Voir les réponses proposées à l'appendice A.

CONCEPT 5.4

Les protéines possèdent plusieurs niveaux de structure, ce qui leur confère des fonctions très diversifiées

Chez les êtres vivants, la quasi-totalité des fonctions dynamiques dépend des protéines. En fait, le terme *protéines* exprime en lui-même l'importance de ces molécules; il vient du grec *prôtos*, qui

signifie « premier », « essentiel ». Les protéines représentent plus de 50 % de la masse sèche de la plupart des cellules et interviennent dans presque toutes les activités cellulaires. Certaines accélèrent la vitesse des réactions chimiques, alors que d'autres jouent un rôle de défense, emmagasinent et transportent des substances, interviennent dans les communications cellulaires, permettent de produire le mouvement et soutiennent les tissus.

▼ **Figure 5.13** Résumé des fonctions des protéines.

Protéines enzymatiques

Fonction: Accélération sélective de la vitesse des réactions chimiques

Exemple: Les enzymes digestives catalysent l'hydrolyse des liaisons dans les aliments.



Protéines d'entreposage

Fonction: Mise en réserve d'acides aminés

Exemples: La caséine, une protéine du lait, constitue la principale source d'acides aminés des petits des mammifères avant leur sevrage. Les végétaux emmagasinent des protéines dans les graines. L'ovalbumine est la protéine du blanc d'œuf; elle est employée comme source d'acides aminés par l'embryon de l'oiseau en développement.



Protéines hormonales

Fonction: Coordination des activités d'un organisme

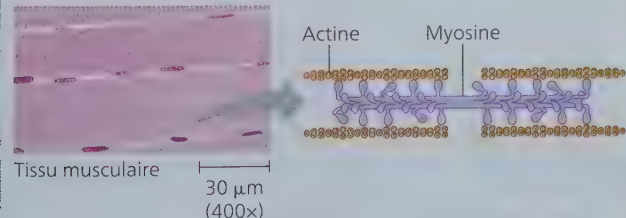
Exemple: L'insuline, une hormone sécrétée par le pancréas, provoque l'absorption de glucose par d'autres tissus, contribuant ainsi à la régulation de la concentration de glucose dans le sang (glycémie).



Protéines contractiles et motrices

Fonction: Mouvement

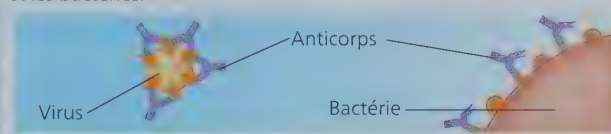
Exemples: Les protéines motrices permettent de faire onduler les cils et les flagelles propulsant de nombreuses cellules. L'actine et la myosine sont des protéines servant à la contraction des muscles.



Protéines de défense

Fonction: Protection contre la maladie

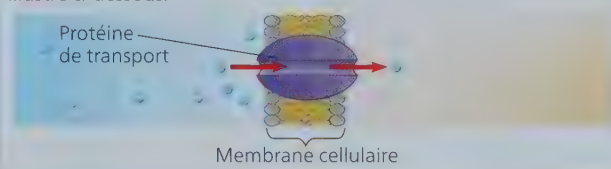
Exemple: Les anticorps inactivent et aident à détruire les virus et les bactéries.



Protéines de transport

Fonction: Transport de substances

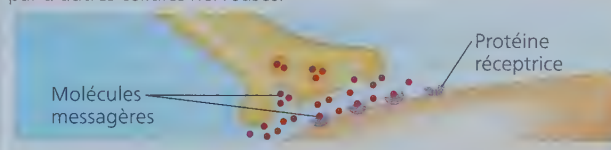
Exemples: Chez les vertébrés, l'hémoglobine, une protéine sanguine contenant du fer, transporte l'oxygène des poumons vers les différentes parties de l'organisme. D'autres protéines de transport font passer des molécules à travers la membrane cellulaire, comme illustré ci-dessous.



Protéines réceptrices

Fonction: Réaction des cellules à des stimulus chimiques

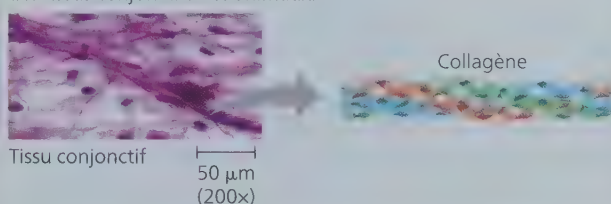
Exemple: Les protéines réceptrices intégrées à la membrane d'une cellule nerveuse détectent les molécules messagères émises par d'autres cellules nerveuses.



Protéines structurales

Fonction: Soutien

Exemples: La kératine est la protéine des cheveux, des cornes, des plumes, des griffes, des écailles, etc. Certains insectes et la plupart des araignées utilisent des fibres de soie pour construire leur cocon et leur toile. Le collagène et l'élastine composent la structure fibreuse des tissus conjonctifs des animaux.



chimiques qui accélèrent la vitesse des réactions tout en restant inchangés. Comme les enzymes peuvent remplir continuellement leur fonction, on les considère comme le moteur qui permet aux cellules d'effectuer les processus de la vie.

L'être humain possède des dizaines de milliers de protéines différentes, chacune ayant une structure et une fonction spécifiques; en fait, sur le plan de la structure, les protéines sont les molécules les plus complexes que l'on connaisse. Tout comme leurs fonctions, leurs structures varient considérablement: chaque type de protéine possède une forme tridimensionnelle unique.

Toutes les protéines sont élaborées à partir du même ensemble de 20 acides aminés en proportions variables et leurs acides aminés sont reliés dans des polymères non ramifiés. La liaison entre les acides aminés de ces polymères porte le nom de *liaison peptidique*; les polymères d'acides aminés se nomment **polypeptides**. Une **protéine** est une molécule biologique fonctionnelle constituée d'un ou de plusieurs polypeptides, chacun étant replié et enroulé dans une structure tridimensionnelle spécifique.

Les monomères d'acides aminés

Tous les acides aminés partagent une structure commune. Un **acide aminé** est une molécule organique qui possède des groupements carboxyle et amine (voir la figure 4.9). La petite figure ci-contre montre sa formule générale. Excepté pour la glycine, un acide aminé comporte en son centre un atome de carbone asymétrique, nommé *carbone alpha* (α). Sur cet atome se fixent quatre atomes ou groupes d'atomes différents: un groupement amine, un groupement carboxyle, un atome d'hydrogène et un radical variable symbolisé par la lettre R. Celui-ci est également appelé chaîne latérale et il varie d'un acide aminé à l'autre.

La **figure 5.14** présente les 20 acides aminés que les cellules utilisent pour fabriquer des milliers de protéines différentes. Les groupements amine et carboxyle y sont illustrés sous leur forme ionisée, l'état dans lequel ils existent habituellement au pH qui règne à l'intérieur d'une cellule. La chaîne latérale (le radical R) peut aussi bien être un simple atome d'hydrogène, comme dans la glycine, qu'une chaîne carbonée portant divers groupements fonctionnels, comme dans la glutamine.

Les propriétés physiques et chimiques de la chaîne latérale déterminent les caractéristiques particulières d'un acide aminé, influant ainsi sur son rôle dans un polypeptide. La figure 5.14 classe les acides aminés selon les propriétés de leur chaîne latérale. Le premier groupe est constitué de ceux qui portent une chaîne latérale non polaire et hydrophobe. Le deuxième groupe réunit ceux qui ont une chaîne latérale polaire, donc hydrophile. Dans le troisième groupe figurent les acides aminés dits acides et ceux dits basiques. Les premiers, qui sont les deux seuls acides aminés dont l'appellation débute par le mot «acide», portent une chaîne latérale ayant un groupement carboxyle qui a tendance (quoique plus faiblement que celui du carbone α) à se dissocier (en s'ionisant) dans un milieu intracellulaire, qui a un pH de 7 environ; en conséquence, la charge

de la chaîne est généralement négative. Les deuxièmes (les acides aminés basiques) ont une chaîne latérale de charge généralement positive, un atome d'azote ayant accepté un proton. (*Remarque: Tous les acides aminés possèdent des groupements carboxyle et amine; les termes *acide* et *basique* font ici uniquement référence à la nature des chaînes latérales.*) Les chaînes latérales acides et basiques sont hydrophiles en raison de leur caractère ionique.

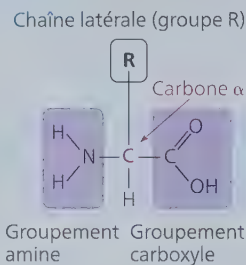
Les polypeptides (polymères d'acides aminés)

Maintenant que nous avons passé en revue les acides aminés, voyons comment ils se lient pour former des polymères (**figure 5.15**). Lorsque deux acides aminés sont placés de telle sorte que le groupement carboxyle de l'un se trouve à côté du groupement amine de l'autre, une réaction de déshydratation peut provoquer leur union, avec perte d'une molécule d'eau. Une liaison covalente appelée **liaison peptidique** s'établit ainsi entre eux. Lorsque cette réaction se répète un certain nombre de fois, il se forme un polypeptide: il s'agit d'un polymère constitué de nombreux acides aminés unis par des liaisons peptidiques. Au concept 17.4, vous en apprendrez davantage sur la façon dont les cellules synthétisent des polypeptides.

La structure répétitive des atomes, encadrée de violet dans la figure 5.15, se nomme *chaîne polypeptidique*. Cette dernière porte les différentes chaînes latérales (radicaux R) des acides aminés. La longueur d'une chaîne polypeptidique va de quelques-uns à plus de 1 000 monomères. Chaque polypeptide spécifique possède une séquence linéaire unique d'acides aminés. Notez qu'à une extrémité (à gauche par convention) se trouve un groupement amine libre (côté N-terminal du polypeptide), alors qu'à l'autre extrémité figure un groupement carboxyle libre (côté C-terminal). Le type et la séquence de ces chaînes déterminent la façon dont un polypeptide se repliera et définissent la molécule dans son ensemble, donc la forme finale qu'elle prendra ainsi que les caractéristiques chimiques qu'elle possédera. L'immense diversité des polypeptides présents dans la nature provient de la capacité des cellules à utiliser un nombre limité d'acides aminés et à les assembler en polymères selon une variété étonnante de séquences, comme nous le verrons dans la section suivante.

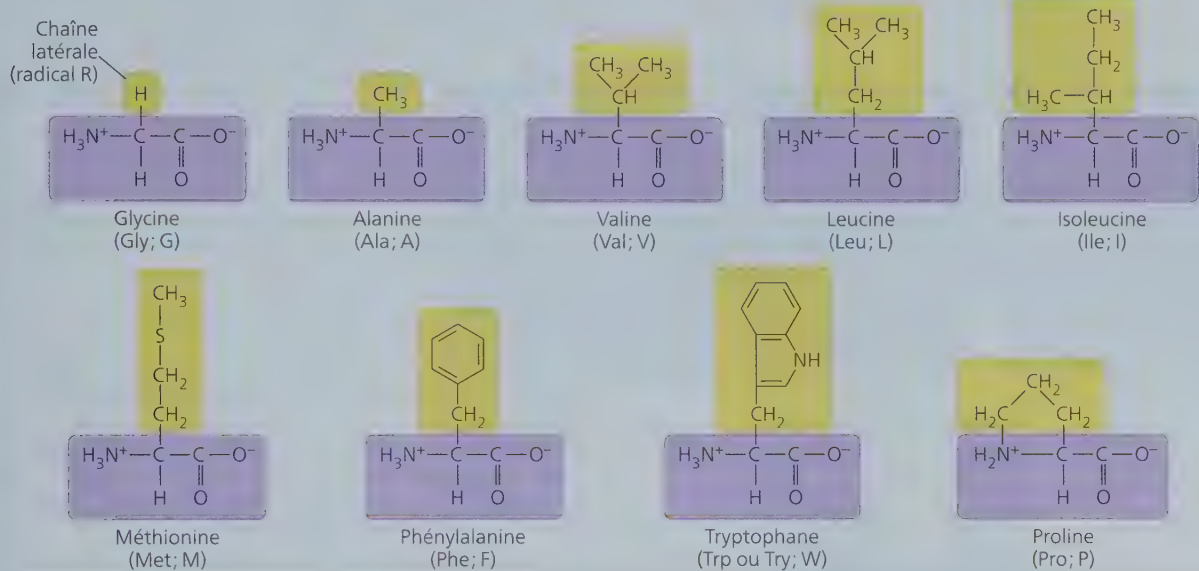
Structure et fonction d'une protéine

Les activités spécifiques des protéines découlent de leur architecture tridimensionnelle complexe, dont le niveau le plus simple est la séquence des acides aminés. Que peut nous apprendre la séquence des acides aminés d'un polypeptide sur la structure tridimensionnelle (désignée couramment par le simple terme «structure») d'une protéine et sur sa fonction? Le terme *polypeptide* n'est pas synonyme de *protéine*. Même dans le cas d'une protéine composée d'un seul polypeptide, la relation entre ces termes est analogue à celle qui existe entre un long fil de laine et un chandail de forme et de taille particulières que l'on peut tricoter avec le fil. Une protéine fonctionnelle n'est pas *seulement* une chaîne polypeptidique, mais un ou plusieurs polypeptides entortillés, pliés et enroulés de façon à créer une molécule de forme unique, qu'on peut représenter au moyen de divers types de modèles (**figure 5.16**). C'est la séquence des acides aminés de chaque polypeptide qui détermine la structure tridimensionnelle que la protéine prendra dans des conditions cellulaires normales.



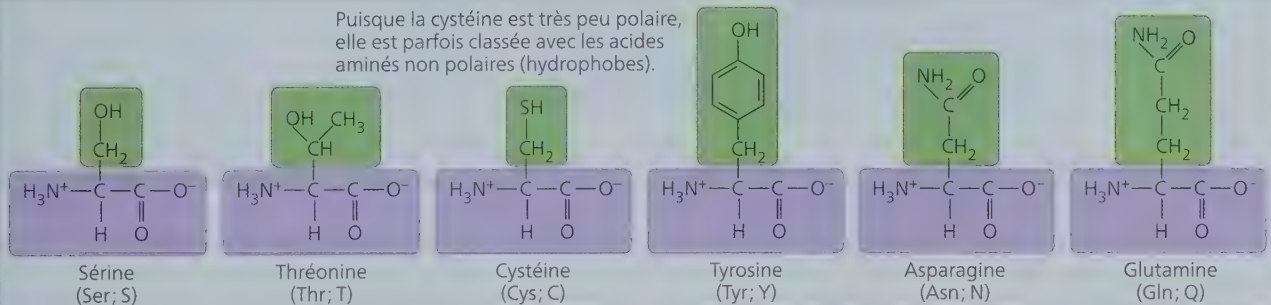
▼ **Figure 5.14** Les 20 acides aminés qui servent à la synthèse des protéines. Les acides aminés sont regroupés ici en fonction des propriétés de leur chaîne latérale (radical R), et illustrés dans leur forme ionisée dominante au pH intracellulaire de 7,2. Vous trouverez entre parenthèses leur abréviation en trois lettres suivie de leur symbole en une lettre. Tous les acides aminés qui participent à la synthèse des protéines se présentent sous la forme L de leurs isomères optiques, ce qui constitue encore une énigme pour les biologistes (voir la figure 4.7c).

Chaînes latérales non polaires: hydrophobes



Chaînes latérales polaires: hydrophiles

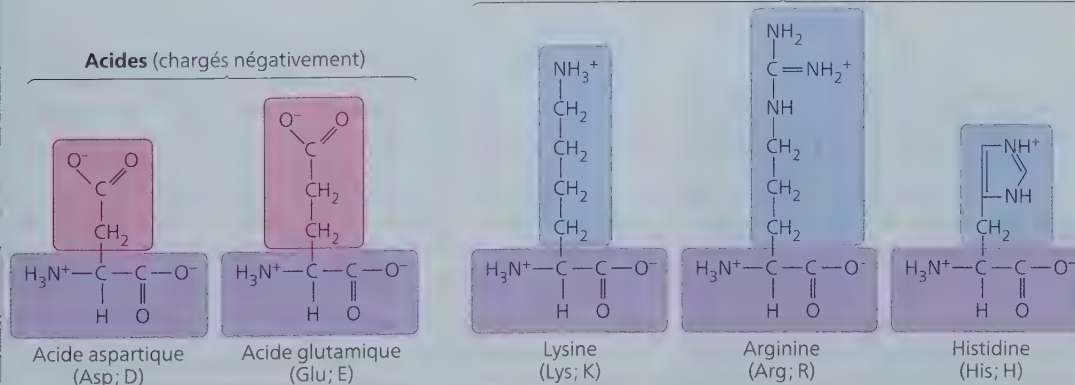
Puisque la cystéine est très peu polaire, elle est parfois classée avec les acides aminés non polaires (hydrophobes).



Chaînes latérales ionisées: hydrophiles

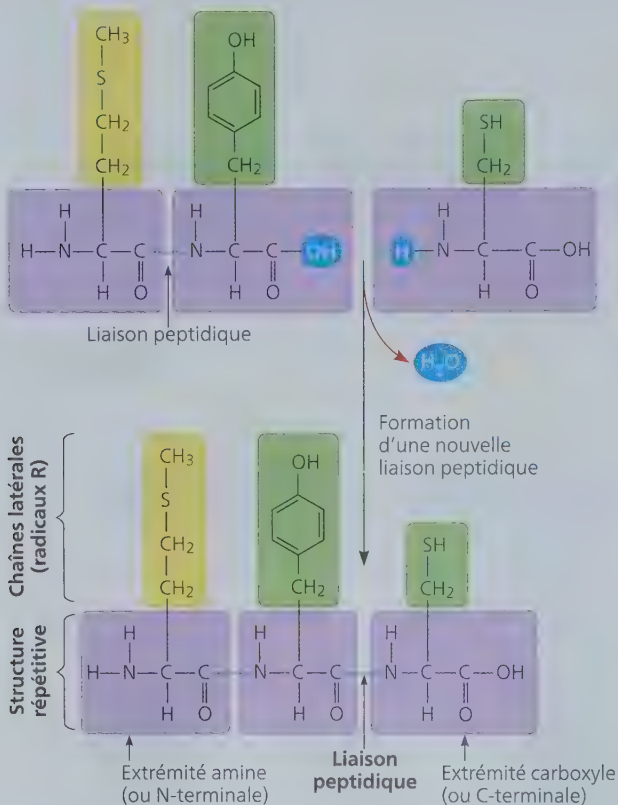
Basiques (chargés positivement)

Acides (chargés négativement)



▼ Figure 5.15 La formation d'une chaîne polypeptidique.

La liaison peptidique formée au cours d'une réaction de déshydratation unit le groupement carboxyle d'un acide aminé au groupement amine d'un autre acide aminé. Les liaisons peptidiques s'établissent une à une, en commençant par l'acide aminé de l'extrémité amine (N-terminale). Le polypeptide possède une structure répétitive (en violet) à laquelle les chaînes latérales des acides aminés (en jaune et en vert) sont attachées.



FAITES UN DESSIN ► Écrivez les trois acides aminés du haut de la figure à l'aide des abréviations en trois lettres et des symboles en une lettre. Ensuite, encerclez et désignez les groupements carboxyle et amine qui vont former la nouvelle liaison peptidique.

Lorsqu'une cellule synthétise un polypeptide, la chaîne polypeptidique se replie spontanément et adopte la structure fonctionnelle convenant à la protéine. Ce processus est assuré et renforcé par les différentes liaisons chimiques s'établissant entre les parties de la chaîne et dépendant de la séquence des acides aminés. De nombreuses protéines sont grossièrement sphériques (*protéines globulaires*), tandis que d'autres prennent la forme de longues fibres (*protéines fibreuses*). À l'intérieur de ces deux vastes catégories, les variations possibles sont innombrables.

La fonction d'une protéine dépend de sa structure particulière et, dans presque tous les cas, de sa capacité à reconnaître une autre molécule et à se lier à elle. La **figure 5.17** illustre un exemple particulièrement frappant de la relation étroite entre la forme et la fonction : elle révèle en effet l'adéquation parfaite de la forme entre un anticorps (une protéine intervenant dans l'organisme) et une substance étrangère particulière du virus de la grippe. L'anticorps s'y attache et enclenche le processus qui conduira à sa destruction. Au concept 2.3, vous avez vu un autre

exemple de molécules particulières, les endorphines, dont les formes sont adaptées aux fonctions qu'elles exercent. La molécule d'endorphine (produite par le corps) et la molécule de morphine (un médicament) se lient aussi bien l'une que l'autre à des protéines réceptrices spécifiques à la surface des cellules nerveuses chez les êtres humains, ce qui provoque l'euphorie et apaise la douleur. La morphine, l'héroïne et d'autres opiacés peuvent imiter les endorphines parce que ces drogues ont une forme semblable, ce qui leur permet de s'ajuster et de se fixer aux récepteurs spécifiques des endorphines. Ce processus est très spécifique, comme une clé qui est adaptée à une serrure (voir la figure 2.16). Le récepteur de l'endorphine, comme les autres molécules réceptrices, est une protéine. La fonction d'une protéine (par exemple, la capacité d'une protéine réceptrice à reconnaître une molécule messagère analgésique particulière et à s'y lier) résulte d'une organisation moléculaire précise. Il s'agit d'une autre manifestation de l'émergence.

Les quatre niveaux de l'organisation structurale des protéines

En dépit de leur grande diversité, toutes les protéines partagent trois niveaux d'organisation structurale intégrés : un niveau primaire, un niveau secondaire et un niveau tertiaire. Un quatrième niveau, la structure quaternaire, apparaît quand une protéine se compose de deux ou de plusieurs chaînes polypeptidiques. Dans les deux pages suivantes, la **figure 5.18** décrit ces quatre niveaux d'organisation structurale des protéines. Étudiez bien cette figure avant de passer à la section suivante.

L'anémie à hématies falciformes : une modification de la structure primaire

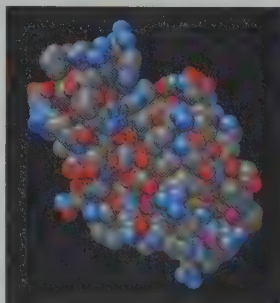
La plupart du temps, le remplacement de plusieurs acides aminés à l'intérieur d'un polypeptide n'affecte pas sa fonction, mais ce n'est pas toujours le cas. Il arrive qu'un petit changement dans la structure primaire d'une protéine entraîne des effets désastreux : si le changement modifie la forme de la protéine, ses capacités fonctionnelles risquent d'être altérées. Par exemple, l'**anémie à hématies falciformes** (ou drépanocytose) est une maladie sanguine héréditaire causée par la substitution d'un seul acide aminé (l'acide glutamique, qui est assez fortement hydrophile) par un autre (la valine, qui est très hydrophobe), à la sixième position dans la structure primaire de la chaîne β de l'hémoglobine normale. L'hémoglobine est la protéine des globules rouges (ou hématies, érythrocytes) qui transporte la molécule d'oxygène (O₂). Les globules rouges normaux ont la forme d'un disque biconcave (un peu à l'image d'une chambre à air bien gonflée) dont le centre est occupé par une fine membrane. Dans l'anémie à hématies falciformes, l'hémoglobine anormale, moins soluble, a tendance à s'agréger en chaînes lorsque la concentration d'O₂ est faible, ce qui entraîne une déformation caractéristique des globules rouges (**figure 5.19**), qui ressemblent alors à des croissants ou à des faucilles (d'où le qualificatif de falciforme). Des crises douloureuses se produisent chez la personne atteinte lorsque les cellules falciformes s'agglomèrent dans les petits vaisseaux sanguins, obstruant par le fait même la circulation. Les ravages de la maladie constituent un exemple remarquable de l'effet dévastateur que peut entraîner un simple changement dans la structure primaire sur la fonction d'une protéine.

On peut représenter les protéines selon différents modèles, selon ce qu'on veut mettre en évidence.

Modèles structuraux

À partir des données des études réalisées sur la structure des protéines, on peut générer divers modèles par ordinateur. Chaque modèle fait ressortir un aspect différent de la structure de la protéine, mais aucun ne montre à quoi elle ressemble réellement. Les trois modèles ci-contre représentent le lysozyme, une protéine présente dans les larmes et la salive, et qui aide à prévenir l'infection en se liant avec certaines molécules cibles des bactéries.

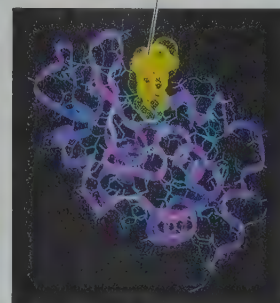
? Quel modèle permet de suivre le plus facilement la chaîne du polypeptide ?



Modèle compact.
Mise en évidence de tous les atomes de la protéine (sauf l'hydrogène) et de sa forme globulaire. Les atomes sont présentés selon un code de couleurs : gris = carbone ; rouge = oxygène ; bleu = azote et jaune = soufre.



Modèle en ruban.
Représentation de la chaîne polypeptidique, de son repliement et de son enroulement. On obtient une forme tridimensionnelle, ici stabilisée par des liaisons intramoléculaires (traits jaunes).



Modèle fil de fer (en bleu).
Représentation de la chaîne polypeptidique et des chaînes latérales (radicaux R) sur le pourtour (voir la figure 5.15). Un modèle en ruban (en violet) est superposé au modèle fil de fer.

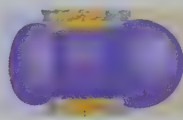
Molécule cible (à la surface de la cellule bactérienne) liée au lysozyme

Schémas simplifiés

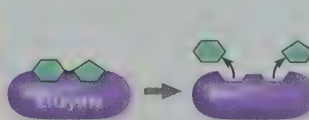
Il n'est pas toujours nécessaire de recourir à un modèle détaillé produit par ordinateur. Lorsqu'une figure veut illustrer la fonction d'une protéine, et non sa structure, un schéma simplifié peut suffire.



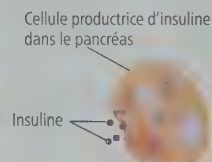
Dans ce schéma de la protéine rhodopsine, on a dessiné une forme simple et transparente par-dessus un modèle en ruban afin de montrer la forme globale de la molécule ainsi que quelques détails internes.



Lorsqu'il n'est pas nécessaire de détailler la structure, on peut représenter une protéine à l'aide d'une simple forme pleine.



Ici, on a utilisé une forme simple pour représenter une enzyme non spécifique, car le but du schéma est de montrer l'action générale de l'enzyme.



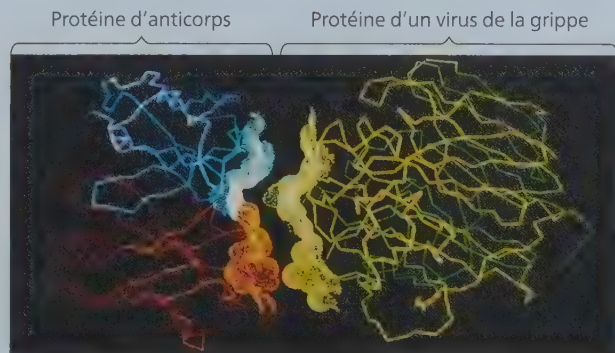
Parfois, c'est un simple point qui représente une protéine, comme ici pour l'insuline.

? Dans le schéma ci-dessus, pourquoi n'est-il pas nécessaire de montrer la véritable forme de l'insuline ?

? En vous inspirant des modèles moléculaires au haut de cette figure, dessinez un modèle simple de lysozyme qui montre sa forme générale.

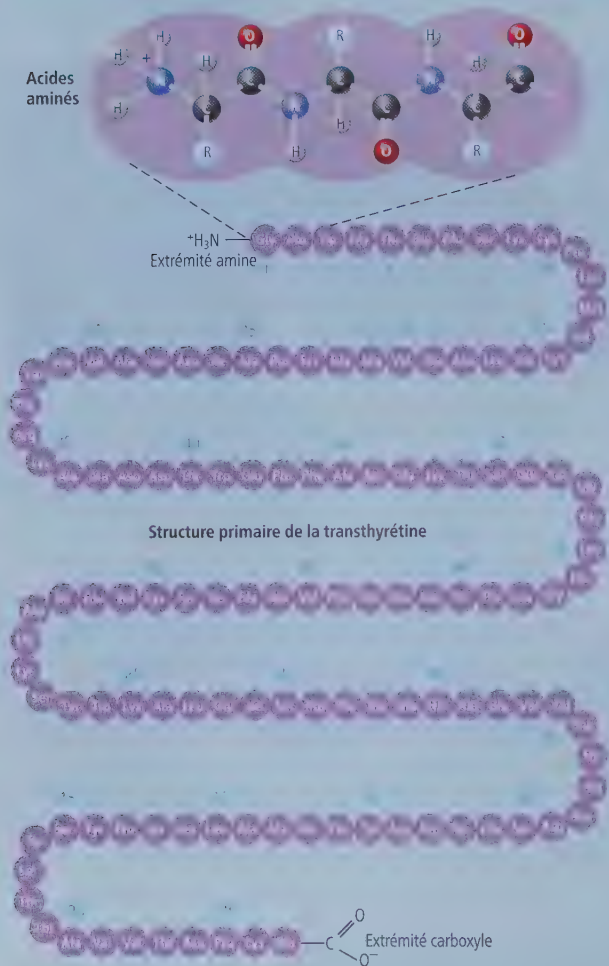
► **Figure 5.17 La complémentarité de forme entre les surfaces de deux protéines.** Une technique appelée cristallographie par diffraction des rayons X a été utilisée pour générer un modèle informatique d'une protéine d'anticorps (en bleu et en orange, à gauche) liée à la protéine d'un virus de la grippe (en jaune et en vert, à droite). Il s'agit d'un modèle fil de fer modifié par l'ajout d'une « carte de densité électronique » dans la région où les deux protéines se rencontrent. À l'aide d'un logiciel, les images ont été écartées l'une de l'autre, révélant ainsi la parfaite complémentarité de forme entre les deux surfaces des protéines.

HABILITÉS VISUELLES ► Que révèlent ces deux modèles informatiques au sujet des deux protéines qu'ils représentent ?



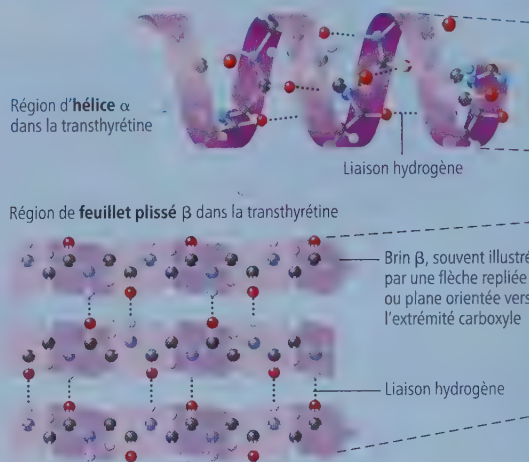
Structure primaire

Chaîne linéaire d'acides aminés



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 transthyréline. 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 **feuille 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 pliés β constituent la partie dense de nombreuses protéines globulaires, comme la transthyréline (voir la partie Structure tertiaire de la présente figure). Cet agencement prédomine aussi dans certaines protéines fibreuses, comme la fibroïne, qui compose la soie des fils d'araignée. C'est le travail d'équipe de tant de liaisons hydrogène qui rend chaque fibre de soie plus forte qu'un fil d'acier de même masse.

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

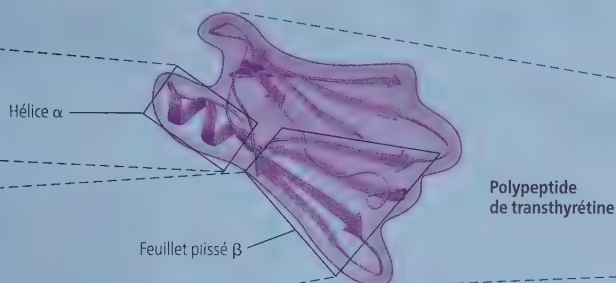


La **structure primaire** d'une protéine correspond à sa séquence d'acides aminés. À titre d'exemple, examinons la transthyréline, une protéine sanguine globale assurant le transport dans l'organisme de la vitamine A et d'une hormone thyroïdienne. La transthyréline est constituée de quatre chaînes polypeptidiques 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.

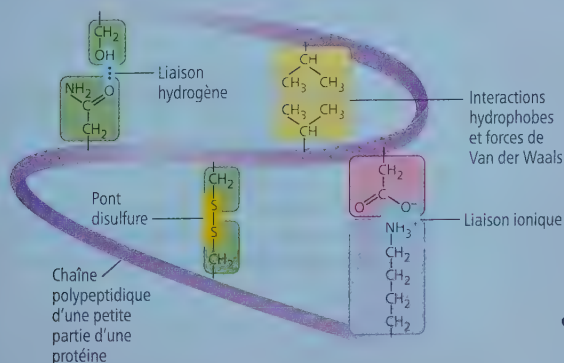
Structure tertiaire

Forme tridimensionnelle stabilisée par les interactions entre les chaînes latérales



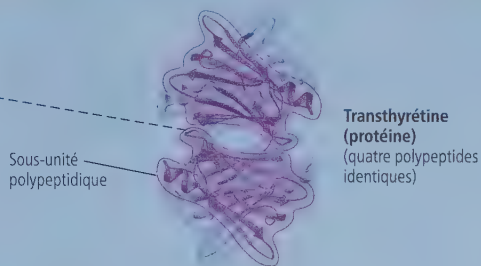
La structure tertiaire d'une protéine, illustrée ci-dessus par le modèle en ruban de la transthyréine, se superpose aux motifs de la structure secondaire. Alors que la structure secondaire fait intervenir les interactions entre les structures répétitives, la **structure tertiaire** correspond à la forme 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 font face, 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 ($-\text{SH}$) 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 ($-\text{S}-\text{S}-$) 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.



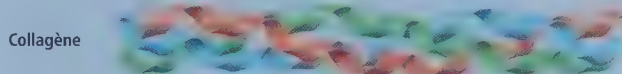
Structure quaternaire

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

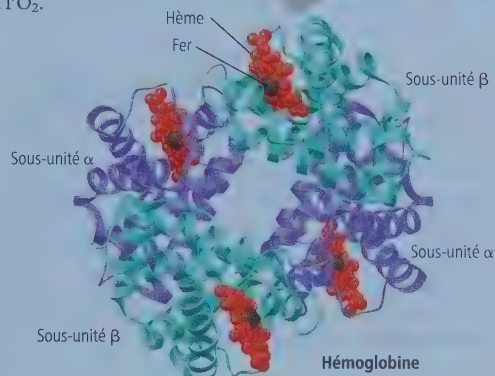


Beaucoup de protéines se composent de deux ou de plusieurs chaînes polypeptidiques assemblées de façon à former une macromolécule fonctionnelle. (La plupart n'ont que deux, trois ou quatre chaînes, mais certaines en possèdent plusieurs dizaines.) Chaque chaîne polypeptidique constitue une sous-unité. 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 transthyréine, une protéine globulaire composée de quatre polypeptides.

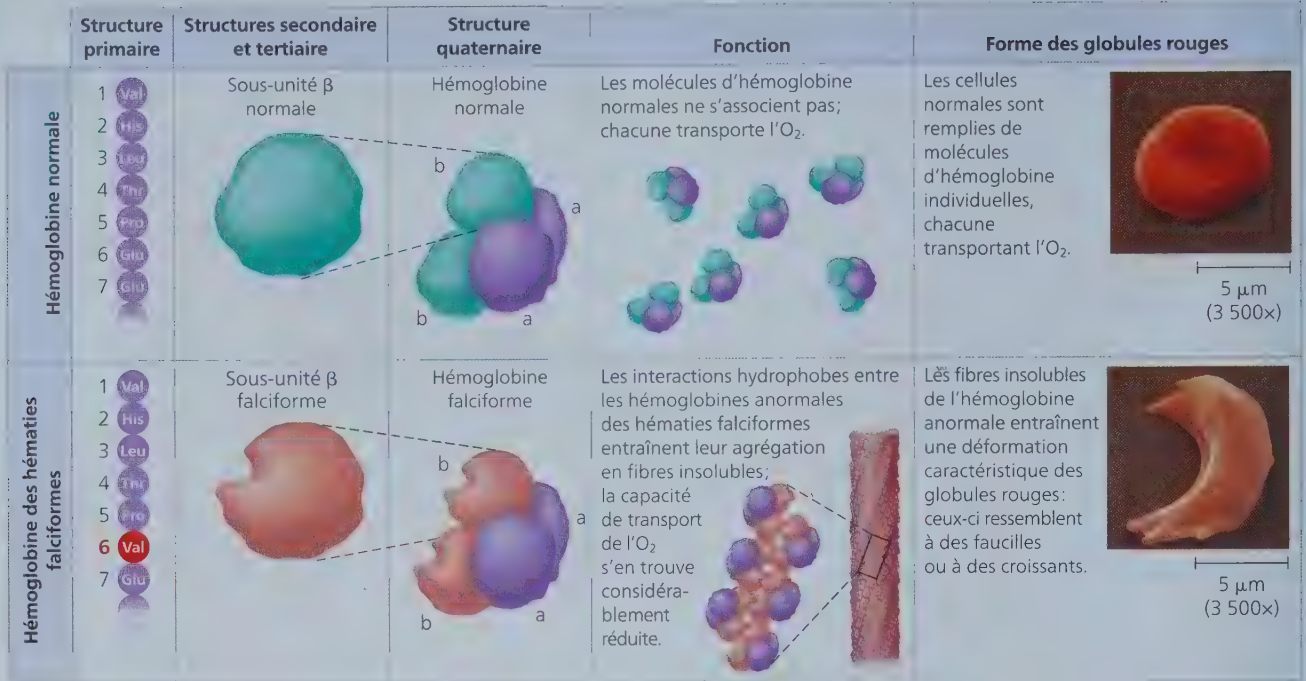
Le collagène, illustré ci-dessous, est un autre exemple; c'est une protéine fibreuse qui possède trois polypeptides hélicoïdaux identiques enroulés en une triple hélice qui confère à ses longues fibres une résistance exceptionnelle. Cela permet aux fibres de collagène de remplir leur fonction, qui consiste 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.



FAITES DES LIENS ► Revoquez 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 ?

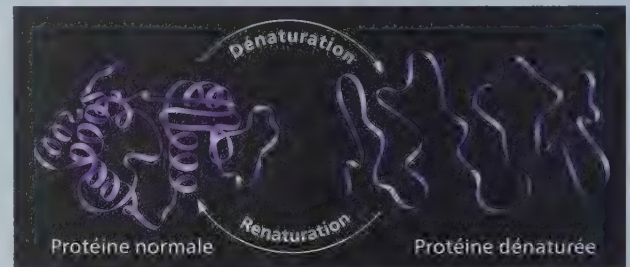
Les facteurs déterminant la structure d'une protéine

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 feuillets 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.

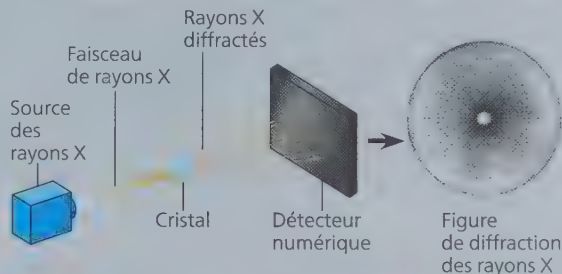
DÉMARCHE SCIENTIFIQUE

MÉTHODE DE RECHERCHE

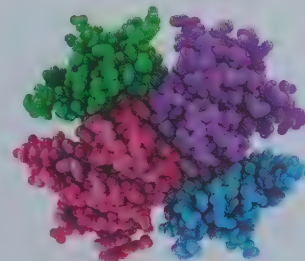
La crystallographie par diffraction de rayons X

■ **APPLICATION** ■ Les scientifiques utilisent la crystallographie 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.

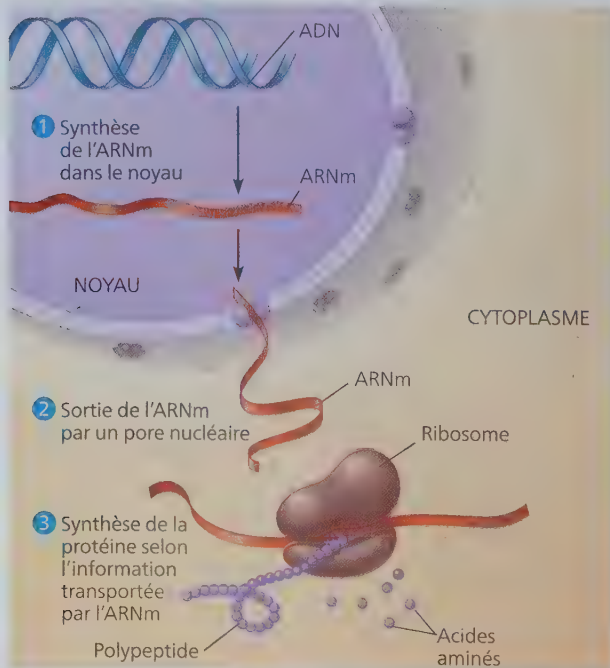
Les rôles des acides nucléiques

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 réplication. 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).



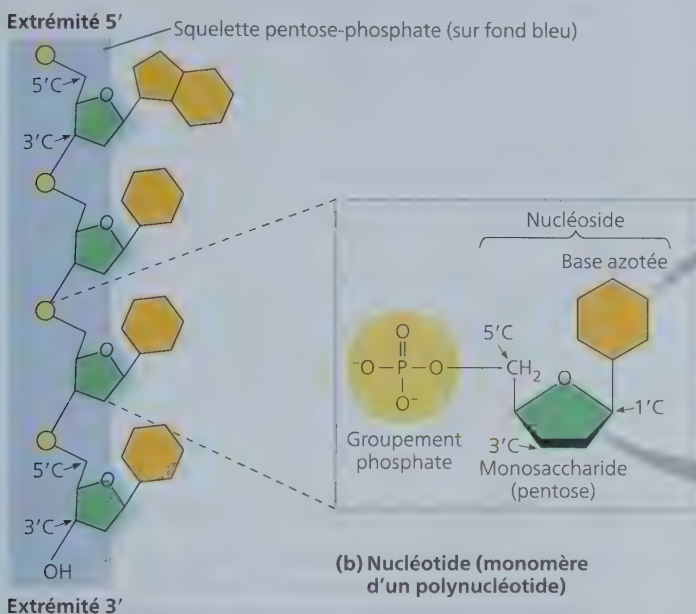
Comment l'ARN, l'autre type d'acide nucléique, sert-il d'intermédiaire dans l'expression génétique, la circulation de l'information génétique de l'ADN aux protéines ? Un gène présent sur la molécule d'ADN peut diriger la synthèse d'un type d'ARN appelé **ARN messenger (ARNm)**. La molécule d'ARNm interagit 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

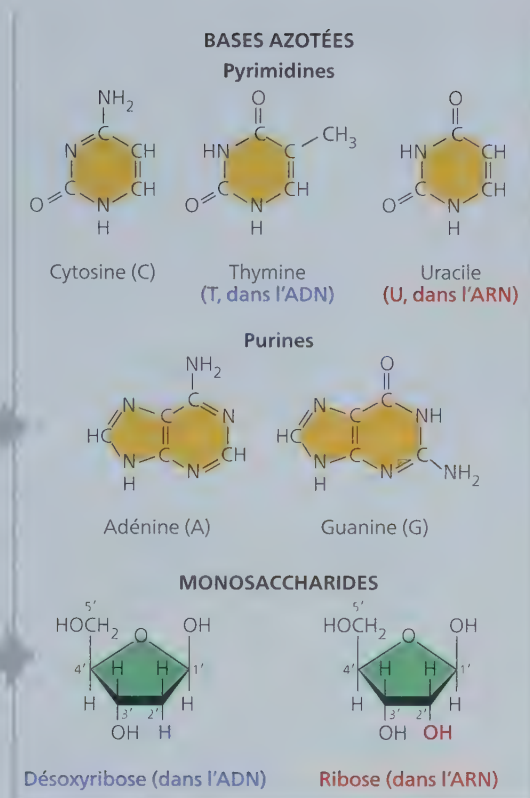
Les acides nucléiques sont des macromolécules qui existent sous forme de polymères appelés **polynucléotides (figure 5.23a)**. Comme son nom l'indique, chaque polynucléotide se compose de monomères nommés **nucléotides**. Un nucléotide est généralement constitué de trois parties: un monosaccharide à 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'-AGGTAAC-3' a une signification tout à fait différente de celle de la séquence 5'-CGCTTAA-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).

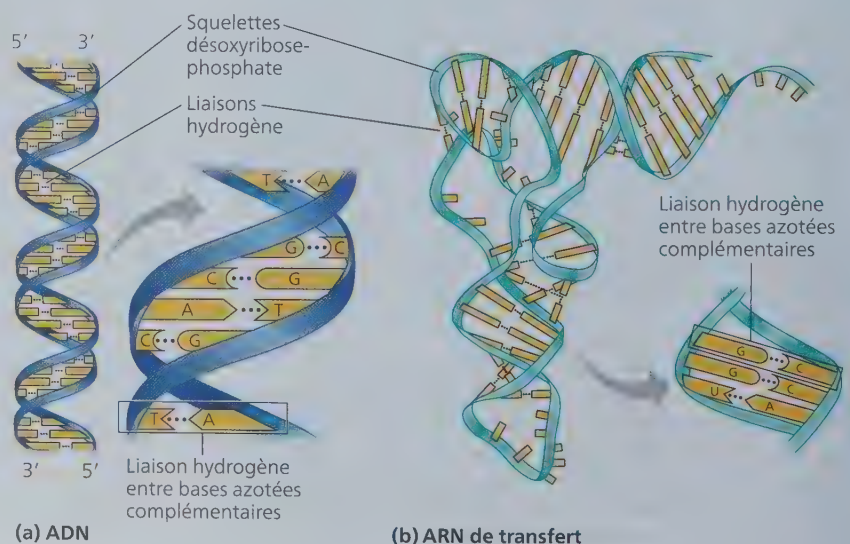
RETOUR SUR LE CONCEPT

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.

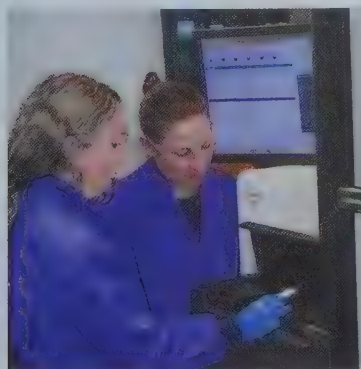


La génomique et la protéomique ont transformé la recherche et ses applications en biologie

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 séquent 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.

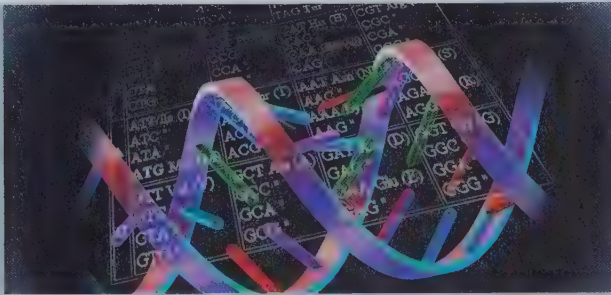
L'ADN et les protéines : reflets de l'évolution

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 **Habilités 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 Néanderthaliens (*Homo neanderthalensis*). Le séquençage du génome des Néanderthaliens 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.)



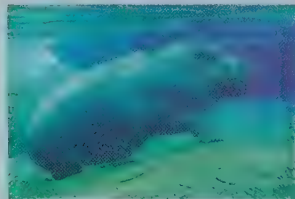
▼ La recherche médicale

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 des 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.)

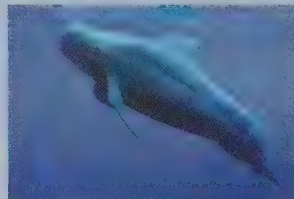


▼ La biologie évolutionniste

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

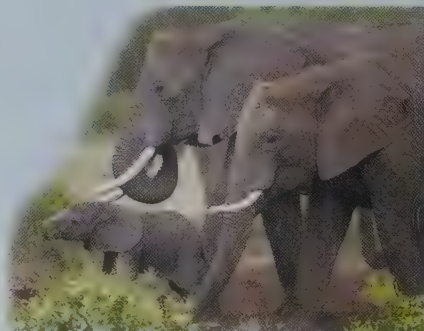
▼ Les interactions entre espèces

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.)



► 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'ivoires 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.

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 interpréterez ces données et vous émettrez 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

► Humain.



► Macaque rhésus.



► Gibbon.



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 encerlez 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 VTALWGKVNV DEVGGEALGR LLVYPWTQR FFESFGDLST
Macaque	1 VHLTPEEKNA VTTLWGKVNV DEVGGEALGR LLLVYPWTQR FFESFGDLSS
Gibbon	1 VHLTPEEKSA VTALWGKVNV DEVGGEALGR LLVYPWTQR FFESFGDLST
Humain	51 PDAVMGNPKV KAHGKKVLGA FSDGLAHLDN LKGTFAQLSE LHCDKLHVDP
Macaque	51 PDAVMGNPKV KAHGKKVLGA FSDGLNHLDN LKGTFAQLSE LHCDKLHVDP
Gibbon	51 PDAVMGNPKV KAHGKKVLGA FSDGLAHLDN LKGTFAQLSE LHCDKLHVDP
Humain	101 ENFRLGNVL VCVLAHHFGK EFTPQVQAA YQKVVAGVANA LAHKYH
Macaque	101 ENFKLLGNVL VCVLAHHFGK EFTPQVQAA YQKVVAGVANA LAHKYH
Gibbon	101 ENFRLGNVL VCVLAHHFGK EFTPQVQAA YQKVVAGVANA 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.

Lorsque vous achetez du saumon, vous préférez peut-être acheter le saumon sauvage du Pacifique (espèce *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'-CGGCACCGCCCTAAGTCTCT-3'
Séquences de référence	Séquence d' <i>O. kisutch</i> (saumon coho)	5'-AGGCACCGCCCTAAGTCTAC-3'
	Séquence d' <i>O. keta</i> (saumon keta)	5'-AGGCACCGCCCTGAGCCTAC-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, énoncez 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

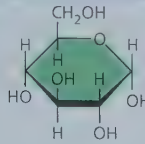
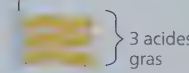
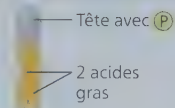
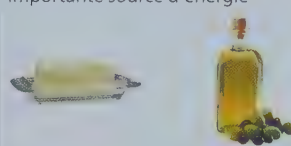
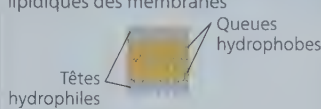
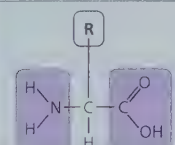
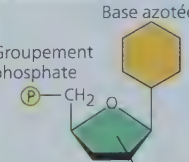


CONCEPT 5.1

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>Tête avec P 2 acides gras</p>	<p>Triglycérides (graisses ou huiles): glycérol + trois acides gras</p> <p>Phospholipides: glycérol + groupement phosphate + 2 acides gras</p>	<p>Importante source d'énergie</p>  <p>Principaux constituants des bicouches lipidiques des membranes</p>  <p>Têtes hydrophiles Queues hydrophobes</p> <p>Stéroïdes: quatre cycles accolés avec des groupements chimiques attachés</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>	 <p>Monomère d'acide aminé (20 types)</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</p> <p>Groupe phosphate</p>  <p>Monosaccharide</p> <p>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>Emmagasinage des informations héréditaires</p> <p>Contribution à diverses fonctions touchant l'expression génétique, dont le transport des instructions de l'ADN aux ribosomes</p>

La génomique et la protéomique ont transformé la recherche et ses applications en biologie (p. 95 et 97)

- Les récents progrès technologiques ayant permis de perfectionner le séquençage de l'ADN ont donné naissance à la génomique, qui rend possible l'étude de vastes ensembles de gènes ou de génomes entiers, ainsi qu'à la protéomique, qui permet d'étudier de vastes ensembles de protéines. La **bio-informatique** consiste à utiliser des outils de calculs et des logiciels pour analyser les ensembles de données accumulées.
- Plus deux espèces sont étroitement apparentées au niveau de leur histoire évolutive, plus leurs séquences d'ADN se ressemblent. Les données issues des séquences d'ADN confirment les modèles évolutionnistes fondés sur les archives fossiles et les données anatomiques.

À partir des séquences d'un gène donné de drosophile, de poisson, de souris et d'humain, prédiriez la ressemblance relative entre la séquence humaine et la séquence de chacune des autres espèces.

Évaluation

NIVEAU 1 : CONNAISSANCES ET COMPRÉHENSION

1. Parmi les catégories suivantes, laquelle inclut toutes les autres ?
 - a) Disaccharide.
 - b) Polysaccharide.
 - c) Amidon.
 - d) Glucide.
2. L'amylase est une enzyme qui peut rompre les liaisons glycosidiques entre les molécules de glucose seulement si ces monomères sont de la forme α . Parmi les molécules suivantes, lesquelles l'amylase peut-elle décomposer ?
 - a) Le glycogène, l'amidon et l'amylopectine.
 - b) Le glycogène et la cellulose.
 - c) La cellulose et la chitine.
 - d) L'amidon, l'amylopectine et la cellulose.
3. Parmi les énoncés ci-dessous au sujet des triglycérides *insaturés*, lequel est correct ?
 - a) Ils sont plus répandus chez les animaux que chez les végétaux.
 - b) Les chaînes carbonées de leurs acides gras possèdent des liaisons doubles.
 - c) Ils se solidifient généralement à la température ambiante.
 - d) Ils contiennent plus d'hydrogène que les triglycérides saturés portant le même nombre d'atomes de carbone.

4. Le niveau de structure d'une protéine le *moins* affecté par le bris de liaisons hydrogène est :
 - a) la structure primaire.
 - b) la structure secondaire.
 - c) la structure tertiaire.
 - d) la structure quaternaire.
5. Les enzymes qui dégradent l'ADN catalysent l'hydrolyse des liaisons entre les nucléotides. Qu'arrive-t-il aux molécules d'ADN soumises à l'action de ces enzymes ?
 - a) Les deux brins de la double hélice se séparent.
 - b) Les liaisons phosphodiester de la chaîne de nucléotides se rompent.
 - c) Les pyrimidines se séparent des molécules de désoxyribose.
 - d) Toutes les bases se séparent des molécules de désoxyribose.

NIVEAU 2 : APPLICATION ET ANALYSE

6. La formule moléculaire du glucose est $C_6H_{12}O_6$. Quelle serait la formule moléculaire d'un polymère de 10 molécules de glucose obtenu par des réactions de déshydratation ?
 - a) $C_{60}H_{120}O_{60}$.
 - b) $C_{60}H_{102}O_{51}$.
 - c) $C_{60}H_{100}O_{50}$.
 - d) $C_{60}H_{111}O_{51}$.
7. Quelles paires de séquences de bases peuvent s'apparier pour former une petite séquence d'une double hélice normale d'ADN ?
 - a) 5'-AGCT-3' avec 5'-TCGA-3'.
 - b) 5'-GCGC-3' avec 5'-TATA-3'.
 - c) 5'-ATGC-3' avec 5'-GCAT-3'.
 - d) Toutes ces paires sont correctes.
8. Construisez un tableau qui organise les termes suivants et nommez les colonnes et les rangées.

Monosaccharides	Polypeptides	Liaisons phosphodiester
Acides gras	Triglycérides	Liaisons peptidiques
Acides aminés	Polynucléotides	Liaisons glycosidiques
Nucléotides	Polysaccharides	Liaisons ester
9. **FAITES UN DESSIN** ► Copiez le brin de nucléotide de la figure 5.23a et placez-y les bases G, T, C et A, en commençant par l'extrémité 5'. En supposant qu'il s'agit d'un polynucléotide d'ADN, dessinez le brin complémentaire, en utilisant les mêmes symboles pour les groupements phosphate (cercles), les monosaccharides (pentagones) et les bases. Identifiez les bases. Tracez des flèches indiquant la direction 5' → 3' de chaque brin. Utilisez les flèches pour bien indiquer que le deuxième brin est antiparallèle au premier. *Suggestion* : Après avoir dessiné le premier brin verticalement, tournez le papier à 180° (le haut vers le bas); il est plus facile de dessiner le deuxième brin dans la direction 5' → 3' en allant de haut en bas.

Voir les réponses proposées à l'appendice A.