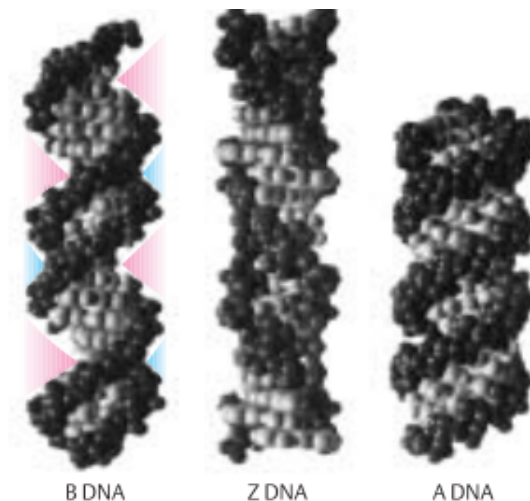


Les structures alternatives de l'ADN

L'expression et la transcription des gènes peut être influencée par des modifications de la topologie de l'ADN. Cependant, ce type de contrôle de l'expression génique est relativement universel et non spécifique. Ainsi, il est plus approprié pour la suppression permanente de la transcription, par exemple, dans les gènes qui sont exprimés seulement dans certains tissus ou sont actifs seulement pendant la période embryonnaire et devenant plus tard définitivement inactifs.

Trois formes d'ADN



Les trois formes d'ADN

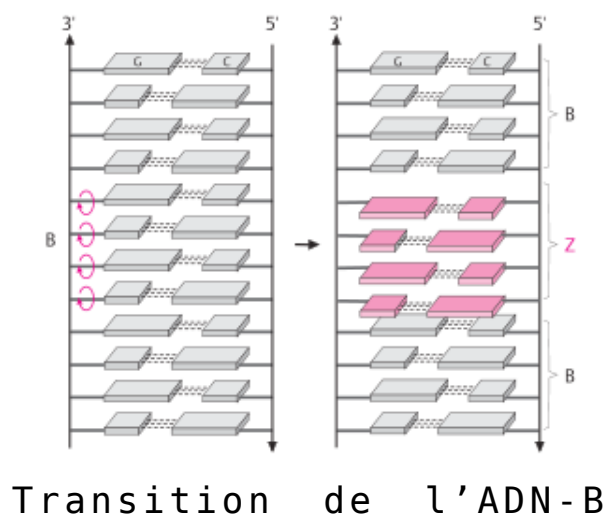
La double hélice d'ADN ne se présente pas comme une structure unique, mais représente plutôt une famille structurale de différents types. La forme classique originale, déterminée par Watson et Crick en 1953, est l'ADN-B. La caractéristique structurale essentielle de l'ADN-B est la formation de deux sillons, l'un grand (sillon principal) et l'autre petit (sillon mineur). Il existe au moins deux autres formes alternatives de la double hélice d'ADN, de l'ADN-Z et de la forme rare de l'ADN-A. Alors que l'ADN-B forme une hélice

droite, l'ADN-Z montre une conformation gauchère. Cela conduit à une plus grande distance (0,77 nm) entre les paires de bases que dans l'ADN B et une forme de zigzag (d'où la désignation Z-ADN). L'ADN A est rare. Il n'existe que dans l'état déshydraté et diffère de la forme B par une rotation de 20 degrés de l'axe perpendiculaire de l'hélice. L'ADN-A a un sillon majeur profond et un sillon mineur plat (Figures de Watson et al, 1987).

Sillons majeurs et mineurs dans l'ADN-B

L'appariement des bases dans l'ADN (adénine-thymine et guanine-cytosine) conduit à la formation d'un grand et d'un petit sillon car les liaisons glycosidiques au désoxyribose (dRib) ne sont pas diamétralement opposées. Dans l'ADN B, les anneaux de purine et de pyrimidine sont espacés de 0,34 nm. L'ADN a dix paires de bases par tour de la double hélice. La distance d'un tour complet à l'autre est de 3,4 nm. De cette manière, des courbes localisées apparaissent dans la double hélice. Le résultat est un sillon un peu plus grand et un autre un peu plus petit. <fn> Stryer, L.: Biochimie, 4 e éd. W.H. Freeman & Co., New York, 1995. </ Fn>

Transition entre l'ADN B et l'ADN-Z



vers l'ADN-Z

L'ADN B est une double hélice régulière parfaite, sauf que les paires de bases opposées ne se trouvent pas exactement au même niveau. Ils sont tordus de manière hélicoïdale. De cette façon, l'ADN peut facilement être plié sans provoquer de changements essentiels dans les structures locales. Dans l'ADN-Z, le squelette sucre-phosphate a un motif en zigzag; le sillon unique de l'ADN-Z a une plus grande densité de molécules chargées négativement. L'ADN-Z peut apparaître dans des segments limités in vivo. Un segment d'ADN B constitué de paires de GC peut être converti en ADN-Z lorsque les bases sont tournées de 180 degrés. Normalement, l'ADN-Z est thermodynamiquement relativement instable. Cependant, la transition vers l'ADN-Z est facilitée lorsque la cytosine est méthylée en position 5 (C5). La modification de l'ADN par la méthylation de la cytosine est fréquente dans certaines régions de l'ADN des eucaryotes. Il existe des protéines spécifiques qui se lient à l'ADN-Z, mais leur rôle pour la régulation de la transcription n'est pas claire.

Source: Watson, J.D. et al .: Molecular Biology of the Gene. 3ème éd. Benjamin / Cummings Publishing Co., Menlo Park, Californie, 1987.