

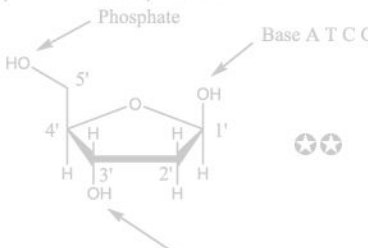
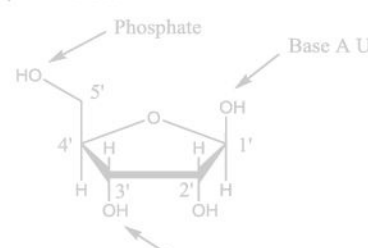
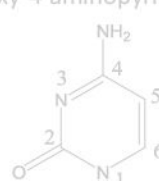
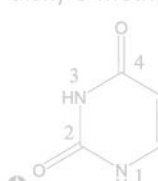
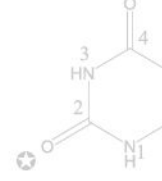
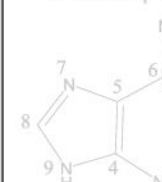
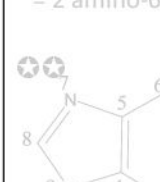
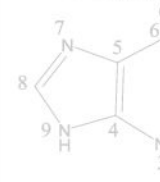
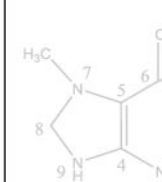
UE 1B :
Biomolécules, génome, bioénergétique,
métabolisme

ACTUALISATION
Fiche de cours n°14

Le génome et son organisation

- ★ Notion tombée 1 fois au concours
- ★★ Notion tombée 2 fois au concours
- ★★★ Notion tombée 3 fois ou plus au concours

COMPOSITION DES ACIDES NUCLEIQUES
LES NUCLEOSIDES

		<div>▪ β-D-2'-Désoxyribose</div> <div></div> <div>▪ Plus stable que le ribose à cause de l'absence de OH en 2' : protection contre les agressions chimiques comme les hydrolyses</div>		<div>▪ β-D-Ribose</div> <div></div>		
	Caractéristiques communes	<div>▪ Hétérocycles azotés aromatiques</div> <div>▪ Absorbance maximum à 260 nm dans l'UV : permet le dosage des acides nucléiques</div>				
	Bases pyrimidiques	<div>Cytosine = 2-oxy-4 aminopyrimidine</div> <div></div>	<div>Thymine = 2,4-dioxy-5-méthylpyrimidine</div> <div></div>	<div>Uracile = 2,4-dioxypyrimidine</div> <div></div>		
	Bases puriques = Pyrimidine + imidazole	<div>Adénine = 6-aminopurine</div> <div></div>	<div>Guanine = 2 amino-6-oxypurine</div> <div></div>	<div>Hypoxanthine = 6-oxypurine</div> <div></div> <div>IMP précurseur AMP et GMP</div>	<div>7-méthyl-guanine</div> <div></div> <div>Coiffe des ARNm</div>	
	<div>D'autres bases puriques sont issues du catabolisme : xanthine, acide urique, caféine, théophylline (=méthyl-xanthine, stimulant chez les végétaux)</div>					
	Liaisons	<div>▪ Nucléosides = pentose + base</div> <div>▪ Désoxynucléoside = désoxyribose + base</div> <div>▪ Liaison Sucre-Base = liaison N-β-osidique sur le 1' du pentose avec :<ul style="list-style-type: none">○ N1 des pyrimidines : suffixe « idine »○ N9 des purines : suffixe « osine »</div>				
	Nomenclature des nucléosides	Bases		Désoxyribonucléoside (ADN)	Ribonucléoside (ARN)	
		Bases pyrimidiques	Thymine	Désoxythymidine (dT)		
			Cytosine	Désoxycytidine (dC)	Cytidine (C)	
Uracile				Uridine (U)		
Bases puriques		Adénine	Désoxyadénosine (dA)	Adénosine (A)		
	Guanine	Désoxyguanosine (dG)	Guanosine (G)			
		Hypoxanthine		Inosine (I)		

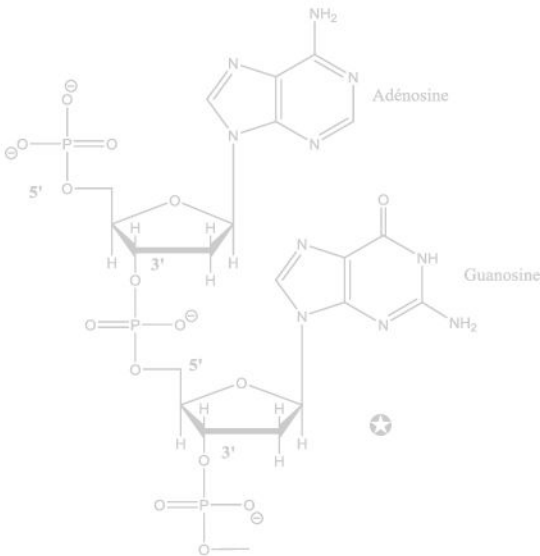
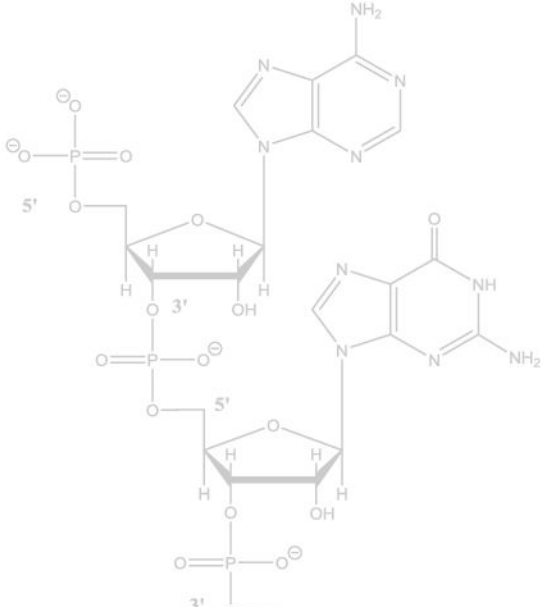
COMPOSITION DES ACIDES NUCLEIQUES

LES NUCLEOTIDES

	<ul style="list-style-type: none"> Nucléotides = base + pentose + groupe phosphate = nucléoside + groupe phosphate ★★ Liaison Sucre-acide phosphorique en 5' : estérification : mono, di ou tri phosphate Nomenclature : on rajoute mono-, di- ou triphosphate au nom du nucléoside Ils peuvent être cyclisés
	<ul style="list-style-type: none"> AMPC, GMPc: messagers de signalisation intracellulaire Régulation métabolisme Transporteur d'énergie (ATP, GTP), de glucose (UDP-glucose), de vitamine (B12 cobalamine) ATP : donneur de groupements phosphate pour kinases Structure des coenzymes (NAD, NADPH, FAD...) Constituant des acides nucléiques ADN et ARN

COMPOSITION DES ACIDES NUCLEIQUES

LES POLYNUCLEOTIDES ou ACIDES NUCLEIQUES

	<ul style="list-style-type: none"> Polynucléotides = Polymères linéaires de nucléotides Formation de brins par liaison 3'-5'-phosphodiester entre C3' du pentose et fonction acide du phosphate 	
	ADN	ARN
		
	<ul style="list-style-type: none"> Certains médicaments antiviraux sont des analogues des nucléosides C'est le cas de l'acycloguanosine Zovirax® contre le virus de l'herpès : <ul style="list-style-type: none"> Analogue G dont la chaîne du pentose est ouverte : absence de 3'OH Lors de la fixation sur le 3'OH du brin en formation : blocage de l'élongation ★ Arrêt de la réplication de l'ADN viral Utilisé également contre le VIH Didésoxycytidine (ddC) Zalcitabine® : <ul style="list-style-type: none"> Analogue C Antirétroviral utilisé en traitement contre le VIH 	

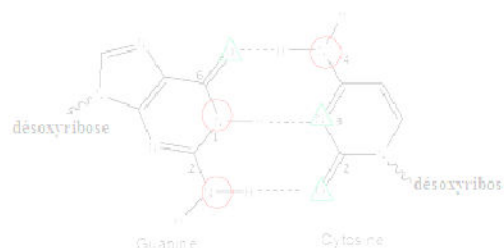
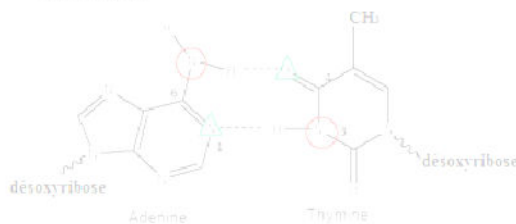
STRUCTURE DE L'ADN
STRUCTURE PRIMAIRE

- Polymère linéaire de nucléotides
- Bases présentes : **T, A, C, G**
- Pentose présent : **désoxyribose**
- **Les groupements phosphate sont liés au nucléotide précédent par une liaison phosphodiester**
- Le brin d'ADN possède une extrémité 5'P libre et une extrémité 3'OH libre
 - Par convention l'enchaînement des bases est toujours lu de 5'P vers 3'OH

 STRUCTURE DE L'ADN
STRUCTURE SECONDAIRE

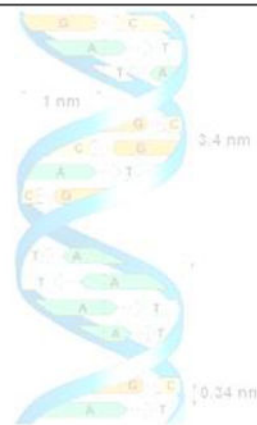
Règles de complémentarité et d'appariement

- **Appariement par bases complémentaires** à l'intérieur de la double hélice par des **liaisons faibles** = **liaisons hydrogène**, assurant la cohésion de la structure
- **Règles de Chargaff** : dans l'ADN d'une espèce donnée :
 - Nombre de A = Nombre de T
 - Nombre des C = Nombre des G
 - Nombre de purines = Nombre de pyrimidines $\rightarrow A+G = C+T$
- **Une base purique s'associe toujours avec une base pyrimidique** :
 - A avec T ou U \rightarrow par 2 liaisons hydrogène
 - C avec G par 3 liaisons hydrogène
- Ainsi la liaison C-G est plus forte que la liaison A-T : un ADN riche en GC sera plus difficile à dénaturer



Structure en double hélice

- **Watson, Crick et Franklin** : l'ADN possède une **structure hélicoïdale constituée de deux brins antiparallèles**
 - 1 brin va dans le sens des extrémités 5'P-3'OH et l'autre brin dans le sens des extrémités 3'OH-5'P
- Les **bases azotées** hydrophobes sont orientées à l'intérieur de la double hélice. Elles se font face et **s'associent par complémentarité**
- Les groupements phosphates polaires sont à l'extérieur
- Un tour complet = **pas de l'hélice** mesure 3,4 nm et 10 paires de bases (pb) car l'espacement entre les bases est de 0,34 nm
- Rayon = 1 nm
- Présence d'un grand et d'un petit sillon
 - Les protéines comme les facteurs de transcription accèdent à l'ADN par le grand sillon



Structure dynamique : isoformes

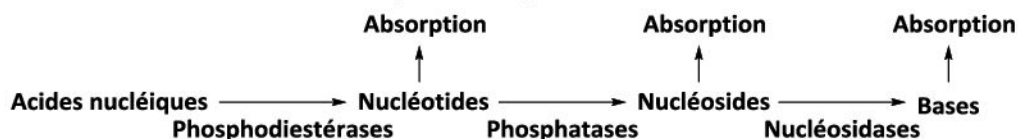
- **La conformation normale est l'ADN-B** : 10 pb par tour d'hélice, hydratée
- **L'ADN-A** est une forme rare présentant :
 - **Conformation déshydratée plus condensée** : 11 pb par tour
 - Fortes torsions des paires de bases vis-à-vis de l'axe de l'hélice à droite
 - Distinguable des autres conformations par la présence d'un **trou central important**
- **L'ADN-Z** résulte d'un enroulement à gauche de d'une fine hélice d'ADN
 - Son squelette sucre-phosphate forme un zigzag
 - 12 pb par tour
 - Moins stable
 - Alternance de G-5MeC-G-5MeC-G

Origine des nucléotides : BIOSYNTHESE DE NOVO DES NUCLEOTIDES POINT COMMUN : SYNTHÈSE DU PRPP	
	<ul style="list-style-type: none"> PRPP = 5'-phosphoribosyl-1'-pyrophosphate Synthèse des purines à partir du PRPP Utilisation du PRPP au cours de la synthèse des pyrimidines
	<ul style="list-style-type: none"> Synthèse par la PRPP synthétase $\text{Ribose-5-P} + \text{ATP} \rightarrow \text{PRPP} + \text{AMP}$ Consommation de 2 équivalents ATP Fixation de 2 phosphates en C1
	<ul style="list-style-type: none"> Quantité de PRPP limitante En fonction de l'apport en glucose : nécessité de la voie des pentoses-phosphate Fonction de la quantité de nucléotides puriques et pyrimidiques qui inhibent la PRPP synthase

Origine des nucléotides : BIOSYNTHESE DE NOVO DES NUCLEOTIDES A BASE PURIQUE SYNTHÈSE DES NUCLEOTIDES PURIQUES A, G, I					
	<p style="text-align: center;">glutamylaminotransférase</p>				
	<ul style="list-style-type: none"> Synthèse en 10 étapes nécessitant différentes molécules permettant de former le noyau purique. <ul style="list-style-type: none"> 1 Gly 4 ATP 2 Formyl-THF 2 Gln 1 HCO₃⁻ 1 Asp Etape limitante régulée = étape catalysée par la PRPP glutamylaminotransférase 				
	<ul style="list-style-type: none"> Synthèse en 2 étapes : <ul style="list-style-type: none"> IMP + Asp + GTP → adénylosuccinate + GDP catalysée par l'adénosylsuccinate synthétase adénylosuccinate → AMP + fumarate par une adénosylsuccinate lyase 				
	<ul style="list-style-type: none"> Synthèse en 2 étapes : <ul style="list-style-type: none"> IMP + NAD⁺ + H₂O → Xanthylate (XMP) + NADH, H⁺ catalysée par l'IMP déshydrogénase = oxydation XMP + Gln + ATP → GMP + Glu + AMP par une GMP synthétase = transamination 				
	Equilibre global des bases puriques		AMP/ADP	GMP/GDP	IMP
		PRPP synthétase	(-)	(-)	
		PRPP glutaryl-aminotransférase	(-)	(-)	(-)
		Adénylo-succinate synthétase	(-)		
		IMP déshydrogénase		(-)	
	Equilibre A/G	<ul style="list-style-type: none"> ATP active IMP déshydrogénase GTP active adénylosuccinate synthétase Pas de régulation par les nucléotides pyrimidiques 			

Origine des nucléotides : BIOSYNTHESE DE NOVO DES NUCLEOTIDES A BASE PURIQUE
SAUVETAGE / RECUPERATION DES BASES PURIQUES EN NUCLEOTIDES

- La **synthèse de novo** des bases puriques est **très couteuse en énergie**
 - 6 ATP pour IMP
 - 7 ATP pour AMP
 - 8 ATP pour GMP
- Grand intérêt pour la **récupération des bases**, très peu consommateur d'énergie, surtout pour les cellules avec renouvellement rapide :
 - Moelle osseuse
 - Peau
 - Foie
 - Intestin majoritaire**
- Origine des bases :
 - Turnover des nucléotides
 - Alimentation : les acides nucléiques sont digérés et absorbés à différents niveaux :**



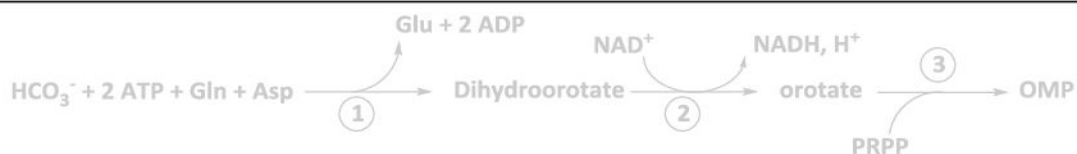
- Peu utilisée
- Valable pour A, G et I
- Etape ① : nécessité de **phosphorylases**
 - Base + ribose-1-P → nucléoside
- Etape ② : nécessité de **kinases** spécifiques de la base
 - Nucléoside + ATP → Nucléoside monophosphate

- La plus utilisée** ⚡
- Pour A
 - Adénine + PRPP → AMP par une **adenine phosphoribosyl transférase** ou APRTase
 - Adénosine → inosine par **adénosine / AMP desaminase** ou ADA
- Pour G
 - Guanine + PRPP → GMP par une **hypoxanthine phosphoribosyl transférase** ou HGPRTase
- Pour H
 - Hypoxanthine + PRPP → IMP par une **hypoxanthine phosphoribosyl transférase** ou HGPRTase

- Syndrome de Lesh-Nyhan**
- Pas de recyclage de G et H
- Accumulation de **PRPP**
 - Synthèse de novo des purines très active
 - Consommation très élevée de folates
 - Anémie macrocytaire
- Accumulation de **bases G et H**
 - Accumulation de métabolites toxiques : hypoxanthine → xanthine → acide urique
 - Retard psycho-moteur, **automutilation**, lithiase, **goutte**

	AMP/ADP / ATP	GMP/GDP/ GTP
ADA	(+)	(-)
APRTase	(-)	
HGPRTase		(-)

ORIGINE DES NUCLEOTIDES :
BIOSYNTHESE DE NOVO DES NUCLEOTIDES A BASE PYRIMIDIQUE C, T, U



Etape ①

- Complexe enzymatique CAD multifonctionnelle
- Dans le cytoplasme
- Possède 3 activités enzymatiques :
 - Carbamoylphosphate-synthétase
 - Aspartate transcarbamylase
 - Dihydroorotase
- Comprend une cyclisation
- Etape limitante régulée

Etape ②

- Enzyme dihydroorotate deshydrogénase
- Dans la mitochondrie
- Oxydation du dihydroorotate

Etape ③

- Enzyme orotate phosphoribosyltransférase, OPRTase
- Dans le cytoplasme



Etape ①

- Enzyme OMP décarboxylase
- Décarboxylation

Etape ②

- Enzyme UMP kinase
- Spécifique de U

Etape ③

- Enzyme Nucléoside diphosphate kinase
- Non spécifique de la base

Etape ④

- Enzyme cytidylate synthétase
- Amination



ORIGINE DES NUCLEOTIDES :
BIOSYNTHESE DE NOVO DES NUCLEOTIDES A BASE PYRIMIDIQUE (SUITE)

$\text{UDP} \xrightarrow{\textcircled{1}} \text{dUDP} \longrightarrow \text{dUMP} \xrightarrow{\textcircled{2}} \text{dTMP}$	
Etape ①	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Enzyme ribonucléotide reductase ▪ Spécifique des nucléosides diphosphates
Etape ②	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Enzyme Thymidylate synthase ▪ Méthylation en C5 ▪ Cofacteur = méthylène tétrahydrofolate ou Méthylène-THF <ul style="list-style-type: none"> ○ Synthétisé à partir de dihydrofolate par la dihydrofolate réductase ○ Un déficit en folates diminue la synthèse de dTMP <ul style="list-style-type: none"> – Supplémentation en folates systématique chez les femmes enceintes – Risques de spina bifida lors de l'embryogenèse si carence en folates chez la mère
Cible pharmacologique	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Inhibition de la thymidylate synthase <ul style="list-style-type: none"> ○ Baisse de la synthèse de dTMP ○ Réduction de la réplication d'ADN ○ Anti-prolifératif ▪ 5 fluoro-uracile, 5FU <ul style="list-style-type: none"> ○ anticancéreux ○ Pro-drogue convertie in vivo en fluoro-dUMP ○ inhibe irréversiblement la thymidylate synthase ▪ Méthotrexate <ul style="list-style-type: none"> ○ anticancéreux et immunosuppresseur ○ Inhibiteur compétitif de la dihydrofolate reductase ○ pas de régénération de THF ⊖ Réduit le cofacteur de la thymidylate synthase
Régulation par les pyrimidines	<ul style="list-style-type: none"> ▪ UMP / UTP / CTP inhibent la Carbamoylphosphate-synthétase ▪ CTP /UTP inhibent l'aspartate transcarbamylase ▪ Les pyrimidines / CTP / UTP inhibent la PRPP synthétase
Régulation par les purines	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Les purines activent la Carbamoylphosphate-synthétase ▪ ATP active l'aspartate transcarbamylase ▪ Les bases puriques activent la synthèse des bases pyrimidiques mais pas le contraire
Régulation par le PRPP	<ul style="list-style-type: none"> ▪ PRPP active la Carbamoylphosphate-synthétase
	<ul style="list-style-type: none"> ▪ La faible consommation en ATP de la voie de biosynthèse de novo des pyrimidines implique une faible utilisation de la voie de recyclage ▪ Cette voie passe par les pyrimidine-nucléoside kinases

ORIGINE DES NUCLEOTIDES : REDUCTION DES NUCLEOSIDES DIPHOSPHATES (NDP)	
	<p>▪ Par la ribonucléotide réductase</p> <p>NDP $\xrightarrow{\hspace{1cm}}$ dNDP</p> <p>NADPH $\xrightarrow{\hspace{1cm}}$ NADP</p> <p>ATP $\xrightarrow{\hspace{1cm}}$ ADP</p> <p>Mg²⁺</p> <p>Thioredoxine</p>
	<p>▪ Régulation allostérique de l'activité globale</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ selon les besoins globaux ○ Inhibition par les désoxynucléotides ○ Activation par les nucléotides non désoxy <p>▪ Régulation allostérique de la spécificité de substrat</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Pour l'équilibre entre les bases ○ dATP active la réduction de CDP et UDP pour association A-T ○ dGTP active la réduction de ADP

ORIGINE DES NUCLEOTIDES : INTERCONVERSION DES NUCLEOSIDES MONO-, DI- ET TRIPHOSPHATE	
	<p>▪ NMP + ATP \rightleftharpoons NDP + ADP</p> <p>▪ Spécifiques de la base N</p>
	<p>▪ NDP + ATP \rightleftharpoons NTP + ADP</p> <p>▪ Non spécifiques de la base N</p>

ORGANISATION DE LA CHROMATINE ET STRUCTURE TRIDIMENSIONNELLE :
LA FIBRE DE 11 NM

	<ul style="list-style-type: none"> Les 3.10^9 paires de bases de l'ADN nécessitent une compaction très importante pour entrer dans le noyau Cette compaction est hiérarchisée et dynamique La fibre de 11 nm constitue le premier niveau de compaction de l'ADN : compaction x6 <ul style="list-style-type: none"> Structure en collier de perle L'ADN n'est jamais nu : toujours associé à des protéines Les « perles » sont des nucléosomes 	
	<ul style="list-style-type: none"> Rôle structural fondamental des protéines histones : compaction de l'ADN par repliement successif de la molécule d'ADN. Chaque nucléosome possède un noyau protéique constitué d'un octamère constitué de 4 histones : 2x H2A, 2x H2B, 2x H3 et 2x H4. Autour de ce nucléosome s'enroule une longueur d'ADN constante de 150 pb, en un peu moins de 2 tours Le stade supérieur de condensation est réalisé grâce à l'histone H1 Espace entre les nucléosomes de 20 à 60 pb 	
	<p>Petites protéines < 15 kDa</p>	<ul style="list-style-type: none"> Les histones sont riches en acides aminés basiques <ul style="list-style-type: none"> ce sont des charges + qui interagissent avec les charges – des groupements phosphate l'ADN Les différentes histones du nucléosome possèdent toutes une partie centrale possédant une structure de repliement commune : <ul style="list-style-type: none"> un domaine globulaire composé de 3 hélices alpha Ce sont des régions hélicoïdales permettant l'assemblage en dimères : imbrication en « poignée de main »
	<p>Assemblage</p>	<ul style="list-style-type: none"> L'assemblage coordonné des histones avec l'ADN pour former le nucléosome passe par : <ul style="list-style-type: none"> Deux dimères entre les histones H3-H4 forment un tétramère qui se lie à l'ADN l'arrivée de deux dimères H2A-H2B est la dernière étape de la formation du nucléosome.
	<p>Modifications post-traductionnelles des histones</p>	<ul style="list-style-type: none"> Les extrémités N terminales des histones peuvent subir des modifications covalentes, modifiant leur charge, qui altèrent la fonction du nucléosome pour contrôler la structure de la chromatine et l'expression génique : rôle structural et régulateur Ces modifications comprennent : <ul style="list-style-type: none"> les acétylations par les histones acétyl transférases : décondensation de la chromatine et activation de la transcription les histones désacétylases induisent une inhibition de la transcription les méthylases ont généralement un effet inhibiteur de la transcription

ORGANISATION DE LA CHROMATINE ET STRUCTURE TRIDIMENSIONNELLE :
LES NIVEAUX DE COMPACTION SUPERIEURS

- L'histone H1 est fixée sur l'ADN internucléosomique permettant le 2ème niveau de compaction ➡ : fibre de 30nm de diamètre
 - Formation d'une superhélice « solénoïde »
 - contient 6 nucléosomes / tour
 - Compaction x 40
-
- Passage par :
 - Boucles de chromatine non condensée
 - Boucles de chromatine condensée : hétérochromatine
 - La forme la plus condensée de l'ADN est le chromosome au cours de la mitose
 - Les chromosomes représentent une compaction x 10 000 : **forte compaction pour un maximum d'information**
-
-
- Double hélice d'ADN Nucléosomes Fibre de 30 nm Boucles de chromatine Boucles condensées Chromosome
- 2 nm 11 nm 30 nm 300 nm 700 nm 1400 nm
-
- Les 24 chromosomes contiennent ainsi les 3 milliards de pb du génome
 - Les ≈25 000 gènes du génome humain représentent 30 % de l'ADN total
 - Les régions codantes représentent 3 % du génome, ou 10 % des gènes

ORGANISATION DE LA CHROMATINE ET STRUCTURE TRIDIMENSIONNELLE
LES CONFORMATIONS CHROMATINIENNES

	Propriétés	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Chromatine claire présentant un faible marquage ▪ Structure relativement ouverte, décondensée à l'interphase ▪ Niveau d'expression génétique élevé
	Propriétés	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Marquage dense ▪ Structure condensée, compacte à l'interphase ▪ Zones de faible expression génétique : peu accessible aux facteurs de transcription
	Hétérochromatine constitutive	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Comporte des séquences jamais transcrites <ul style="list-style-type: none"> ○ ADN satellite des centromères ▪ ADN des télomères répétitif
	Hétérochromatine facultative	<ul style="list-style-type: none"> ▪ Séquences d'ADN présentes dans l'hétérochromatine de certaines cellules et l'euchromatine d'autres cellules ▪ Cas du chromosome X : <ul style="list-style-type: none"> ○ Un des chromosomes X chez la femelle est inactivé à un stade précoce du développement ○ Ce chromosome X inactivé se présente comme une pastille d'hétérochromatine située à la périphérie du noyau appelée corpuscule de Barr ○ il redevient décondensé lors de la gamétogenèse

LES ACIDES RIBONUCLEIQUES : ARN DIFFERENCES ADN/ARN			
		ADN	ARN
	Bases	A T C G	A U C G
	Sucre	Désoxyribose	Ribose
	Structure de la chaîne	bicaténaire	monocaténaire
	Règles d'appariement	AT et CG	AU et CG
	<ul style="list-style-type: none"> Le simple brin d'ARN peut se replier sur lui-même pour former une double hélice sur de courtes régions de séquences complémentaires. Ce sont des structures secondaires comportant des tiges : bases appariées et des boucles : bases non appariées, s'organisant en : <ul style="list-style-type: none"> épingles à cheveux en hernies ou en boucle 		

LES ACIDES RIBONUCLEIQUES : ARN DIFFERENTS TYPES D'ARN	
	<ul style="list-style-type: none"> ARNm : codent pour les protéines ARNr <ul style="list-style-type: none"> font partie des ribosomes et catalysent la synthèse des protéines les plus abondants ARNt : adaptateurs entre l'acide aminé et l'ARNm ARNsn : interviennent entre autres dans l'épissage ARNsno : maturation des ARNr mi ARN : régulent sélectivement la traduction Autres ARN non codants : synthèse des télomères, inactivation du chromosome X.... Ribozymes avec activité catalytique intrinsèque (ribonucléase P)

LE GENOME MITOCHONDRIAL HUMAIN : ADNmt

	<ul style="list-style-type: none"> Il s'agit d'un ADN double brin circulaire ☹ Constitué de 16 569 pb, comparé au génome nucléaire de 3 milliards de paires de bases Présent environ en 4 000 exemplaires dans la cellule : il représente 1 à 2 % de la masse d'ADN cellulaire totale, 2 à 10 ADN / mitochondrie Il contient <ul style="list-style-type: none"> 1 brin lourd H 1 brin léger L
	<ul style="list-style-type: none"> L'ADN mitochondrial contient 37 gènes sans introns Il code pour : <ul style="list-style-type: none"> une partie des sous-unités des complexes de la chaîne respiratoire ☹☹☹ : 13 sous-unités dont certaines de la NADH déshydrogénase, de l'ATP synthase, de la cytochrome c oxydase par exemple. 22-ARNt 2-ARNr
	<ul style="list-style-type: none"> L'ADN mitochondrial est organisé en nucléoïde Il n'est pas associé aux histones ☹ Transmission maternelle ☹ : <ul style="list-style-type: none"> hérédité cytoplasmique les mitochondries des spermatozoïdes ne pénètrent pas dans l'œuf ☹ 92% de la séquence est codante : absence d'introns Pas de promoteur individualisé pour chaque gène : 1 seul promoteur ☹ au niveau de la boucle D Variation du code génétique ☹ par rapport au génome nucléaire : 4 codons sur 64 ont une signification différente par rapport au code génétique universel Taux de mutation élevé ☹☹, supérieur à celui de l'ADN nucléaire, du fait : <ul style="list-style-type: none"> des dérivés actifs de l'oxygène produits par la chaîne respiratoire d'un système de réparation moins efficace