

Au sein du noyau, l'ADN s'organise en une double hélice qui s'enroule, tel le fil d'une bobine, autour de protéines nommées histones. L'ensemble forme une fibre, la chromatine, qui s'enroule sur elle-même plus ou moins fortement, de façon dynamique (voir l'encadré ci-dessous). La chromatine porte ainsi les gènes, les unités d'information qui codent les instructions permettant à la cellule de produire des protéines spécifiques.

La chromatine est organisée en chromosomes (23 paires chez l'homme). Pendant la division cellulaire, les chromosomes se compactent fortement, prenant une forme caractéristique « en croix ». Lorsque les cellules ne sont pas en division, les chromosomes forment une fibre plus relâchée, mais qui peut se compacter localement, ce qui joue un rôle majeur sur la façon dont les informations contenues dans les gènes sont lues.

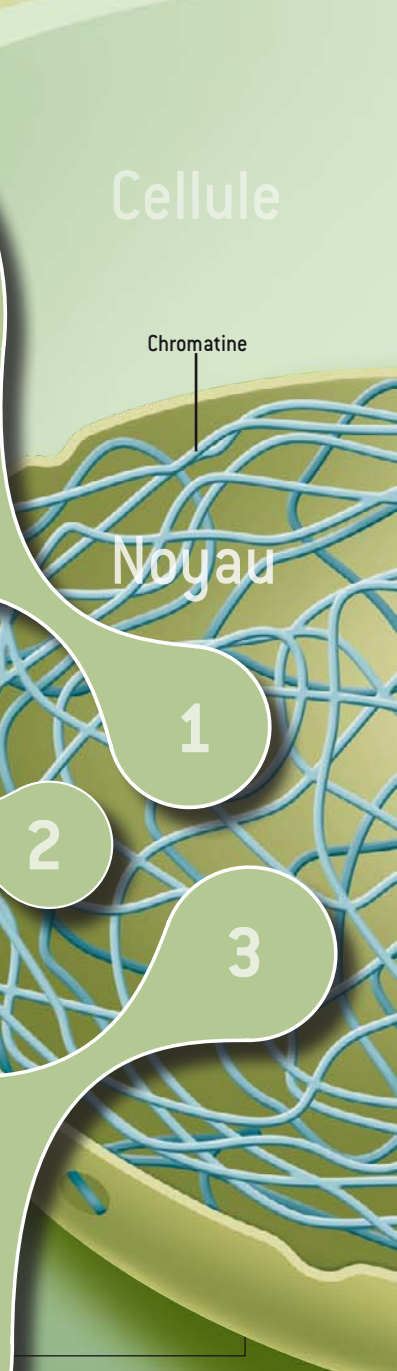
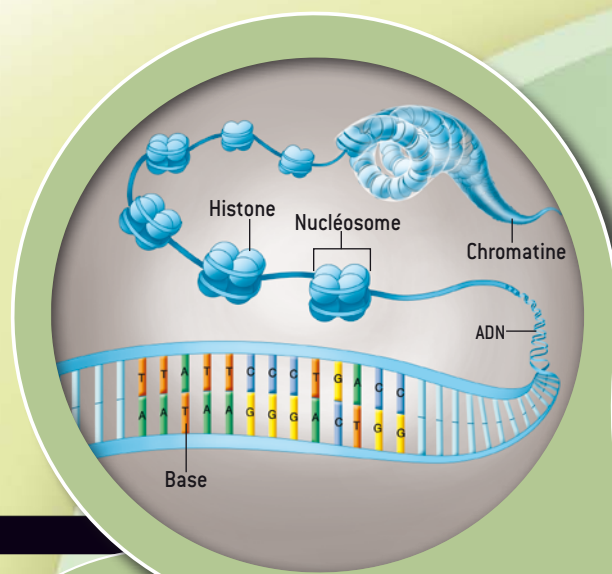
Quand la chromatine a une structure compacte, les gènes ne peuvent être lus et sont inactifs ; pour que les gènes s'activent, il faut au préalable que la structure de la chromatine s'ouvre. Il existe ainsi deux codes dans le noyau : le code génétique, qui permet de lire la séquence d'ADN, et

le code dit épigénétique, qui dicte l'état de compaction de la chromatine et, par là même, la façon dont ce texte est lu, c'est-à-dire la façon dont les gènes fonctionnent.

La compaction de la chromatine dépend de modifications chimiques de l'ADN et des histones, et c'est la combinaison de ces modifications qui est à la base du code épigénétique. L'ADN peut être modifié par la méthylation (l'addition d'un groupe méthyle) de l'un de ses constituants (la base C, ou cytosine) ; les histones, quant à elles, peuvent subir une acétylation (addition d'un groupe acétyle), une phosphorylation

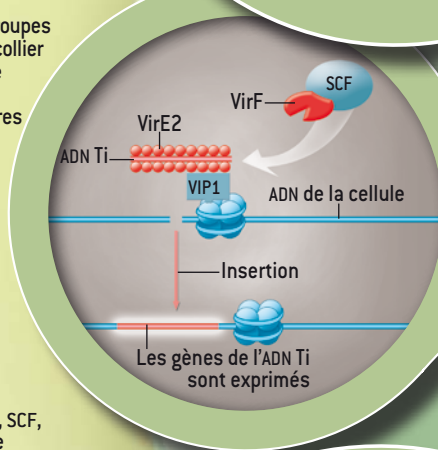
(addition d'un groupe phosphate) ou une méthylation. Les diverses combinaisons de modifications chimiques créent des sites de reconnaissance pour des protéines impliquées dans le remodelage de la chromatine (par exemple le glissement des histones le long de l'ADN). Ce remodelage régule l'accessibilité des gènes aux protéines qui permettent de les lire – les facteurs de transcription.

Les modifications de la chromatine sont mises en place par des enzymes qui agissent au sein de grands ensembles multiprotéiques nommés complexes de remodelage de la



SUR LES GÈNES

1 Dans le noyau, l'ADN, enroulé autour de groupes de huit protéines, les histones, forme un collier de perles (les nucléosomes) qui s'enroule encore sur lui-même, constituant la chromatine. L'ADN est composé de deux chaînes complémentaires construites avec quatre éléments, distingués par leurs extrémités – les bases A, T, G, C.



2 *Agrobacterium* injecte dans la cellule un fragment d'ADN, Ti. Protégé par les protéines bactériennes VirE2, Ti entre dans le noyau et se lie à la chromatine avec l'aide d'une protéine de la plante, VIP1. La protéine bactérienne VirF détourne alors un complexe protéique de la plante, SCF, qui élimine VirE2. Ti s'insère dans l'ADN de la plante à des endroits où l'ADN est cassé, et les gènes portés par Ti sont exprimés.

3 La protéine TAL de *Xanthomonas* se lie à un promoteur spécifique de la cellule hôte – une séquence qui contrôle l'activité de gènes – grâce à la répétition d'un domaine dont deux éléments (acides aminés) varient. Selon ces éléments, chaque domaine reconnaît une base précise de l'ADN. La protéine TAL déclenche ainsi l'expression de gènes de la cellule qui modifient le fonctionnement cellulaire.

