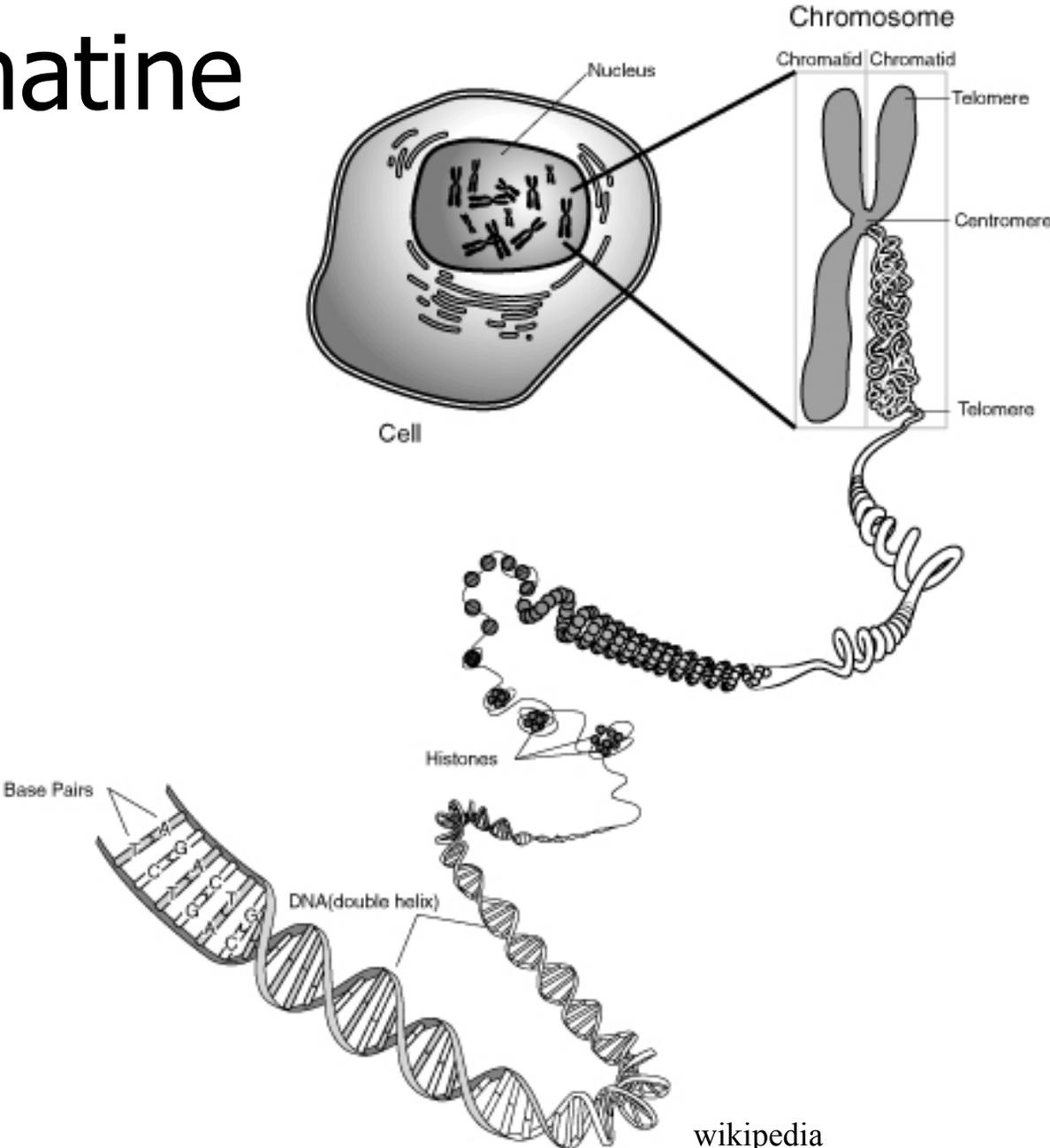


Chapitre 5:

Régulation de l'accès à la chromatine

La chromatine

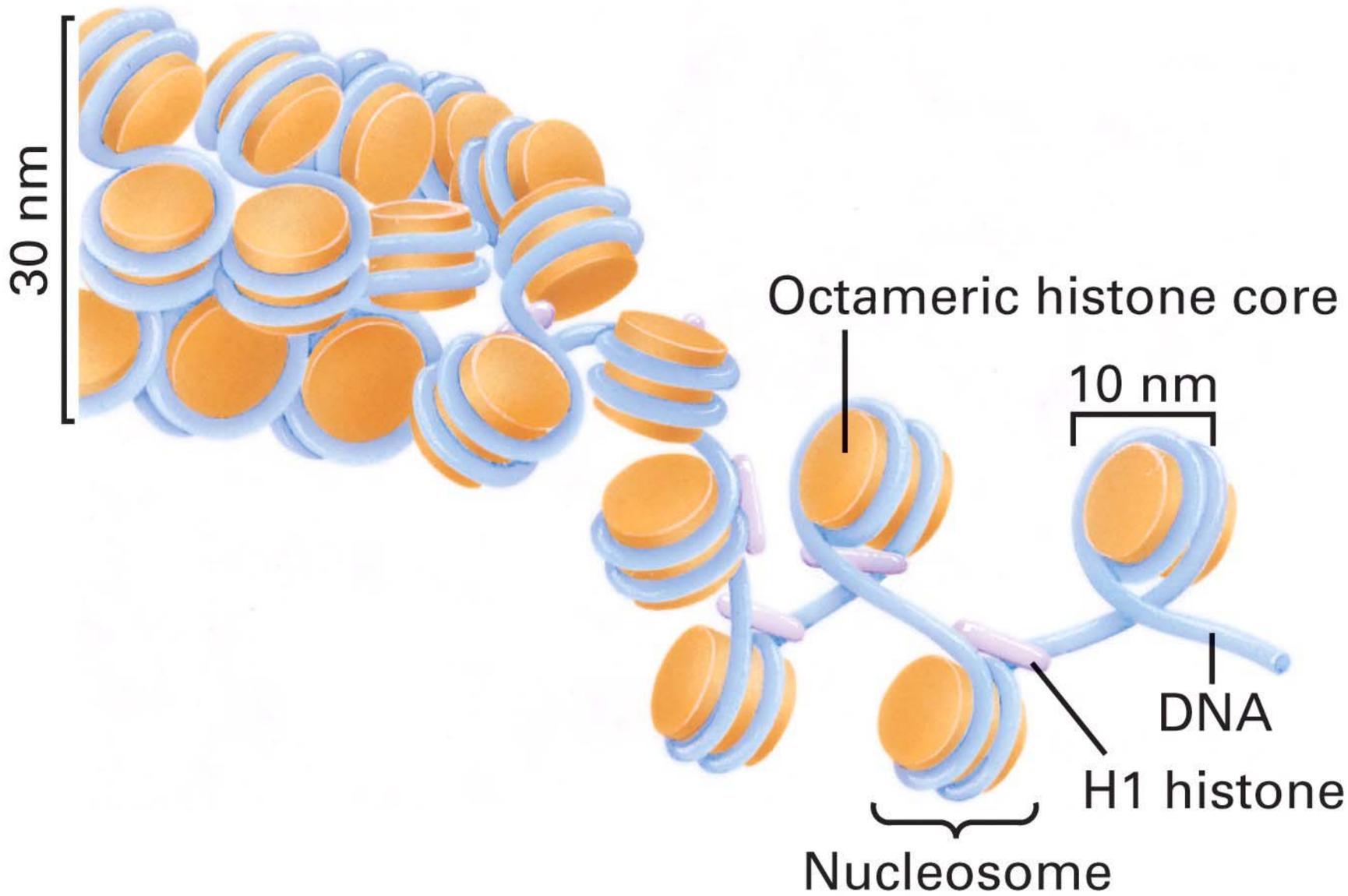


Les deux formes de la chromatine

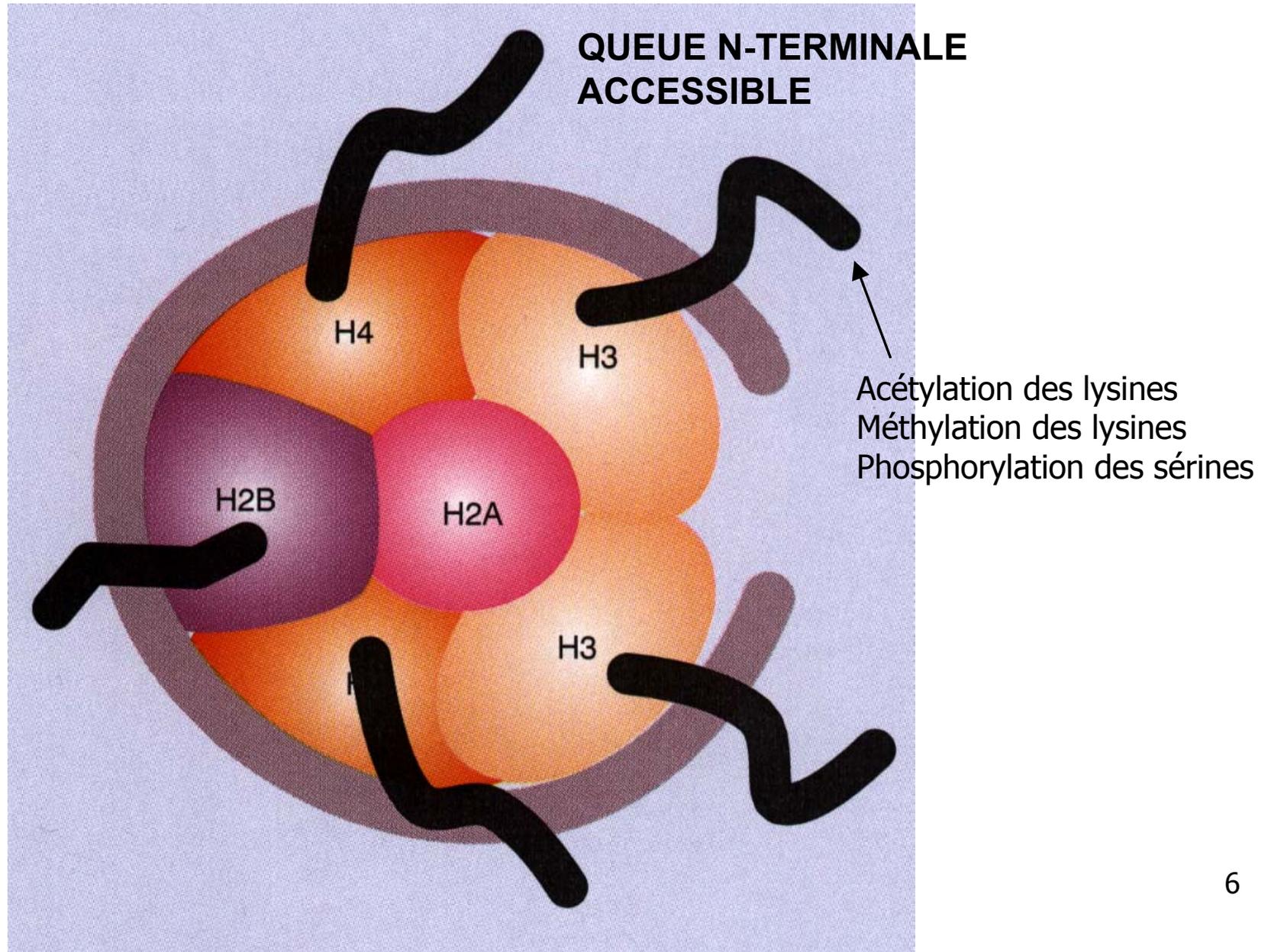
- Euchromatine
 - Active, ouverte
- Hétérochromatine
 - Inactive, condensée

Les changements de forme de la chromatine

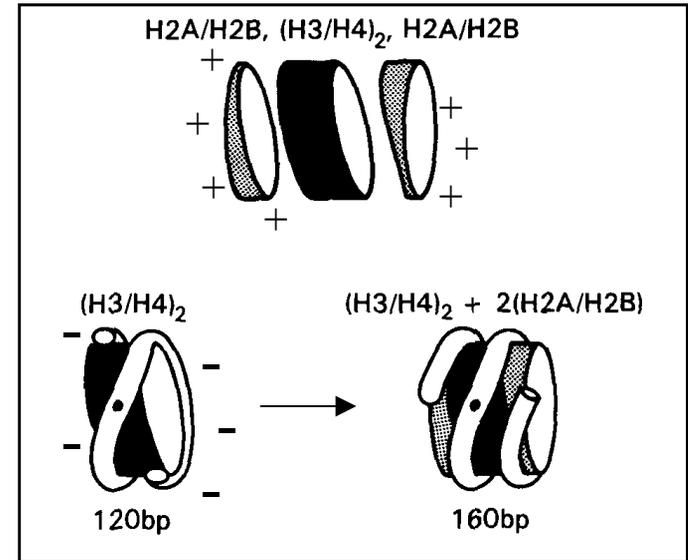
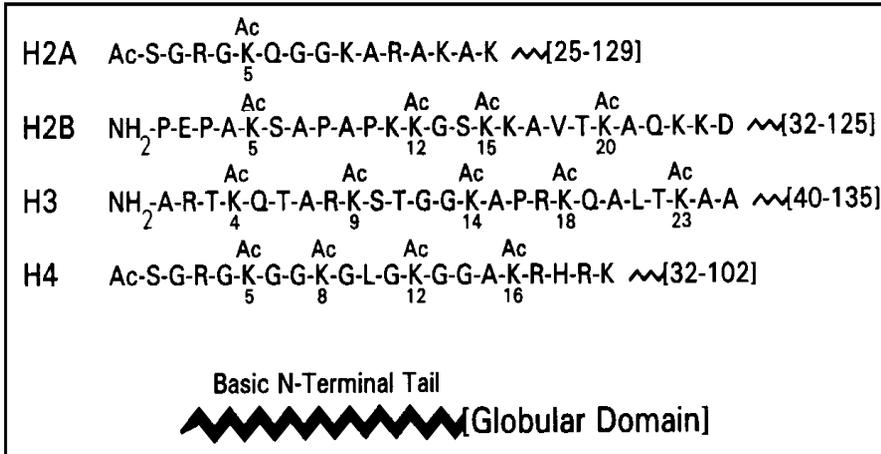
- 2 moyens utilisées
 - La modification des histones
 - Le remodelage



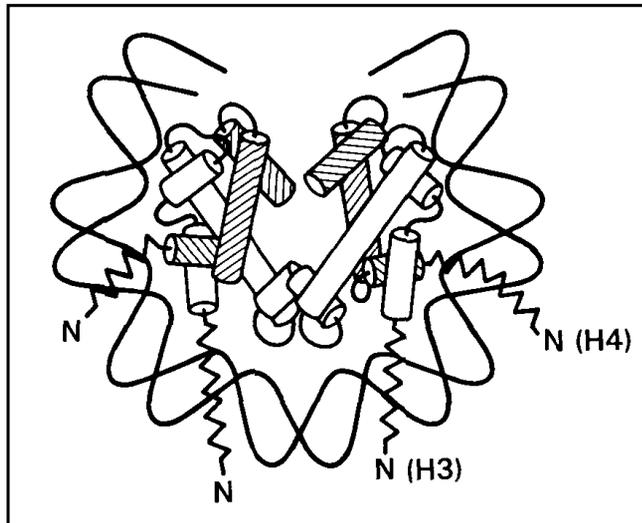
Structure d'un octamère d'histones



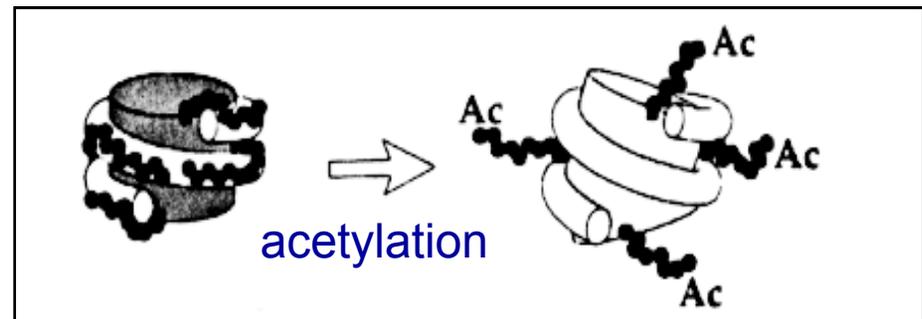
Acétylation des histones



Interaction histone-histone via ADN



Interaction directe avec l'ADN



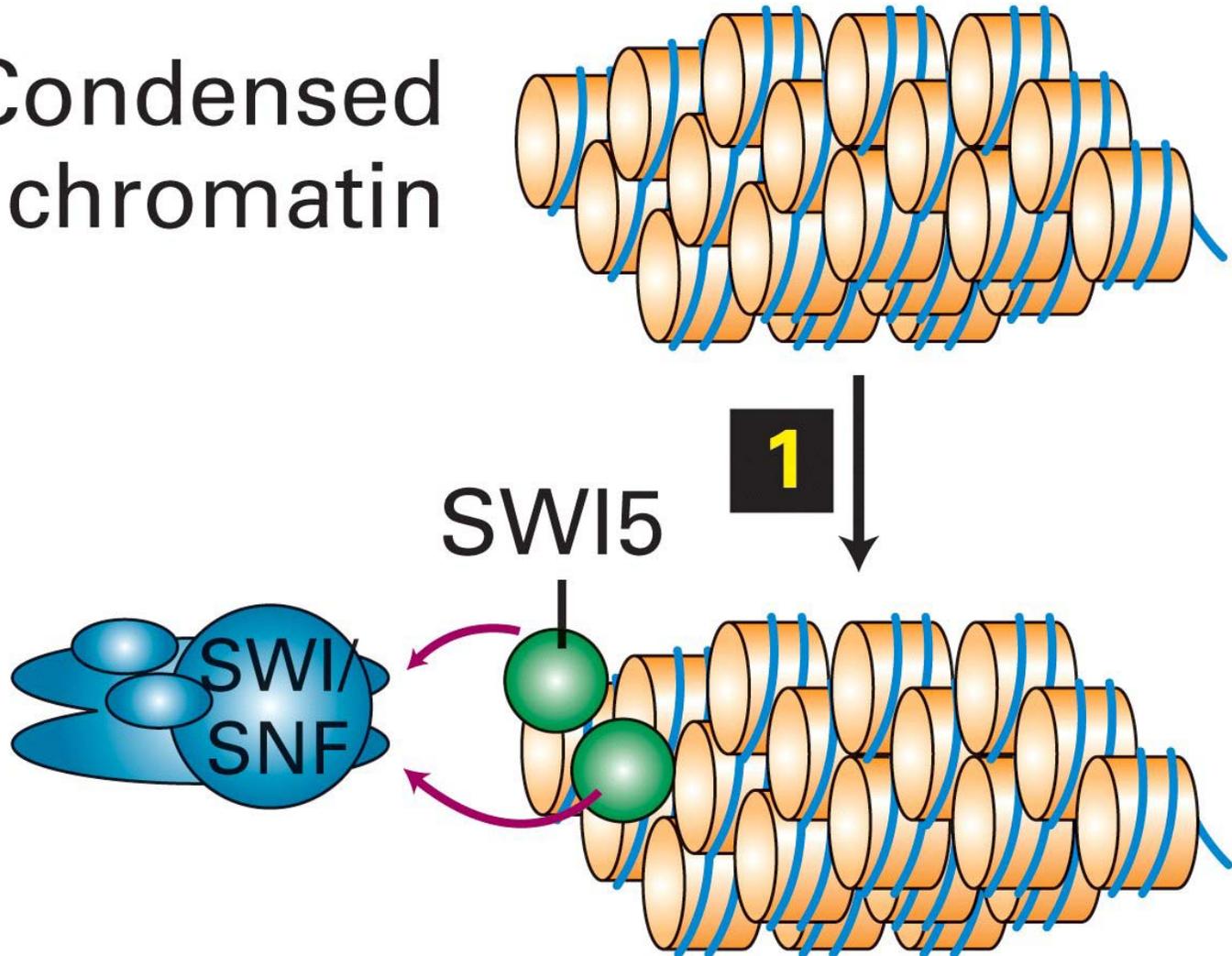
Les Histone Acetylases (HAT)

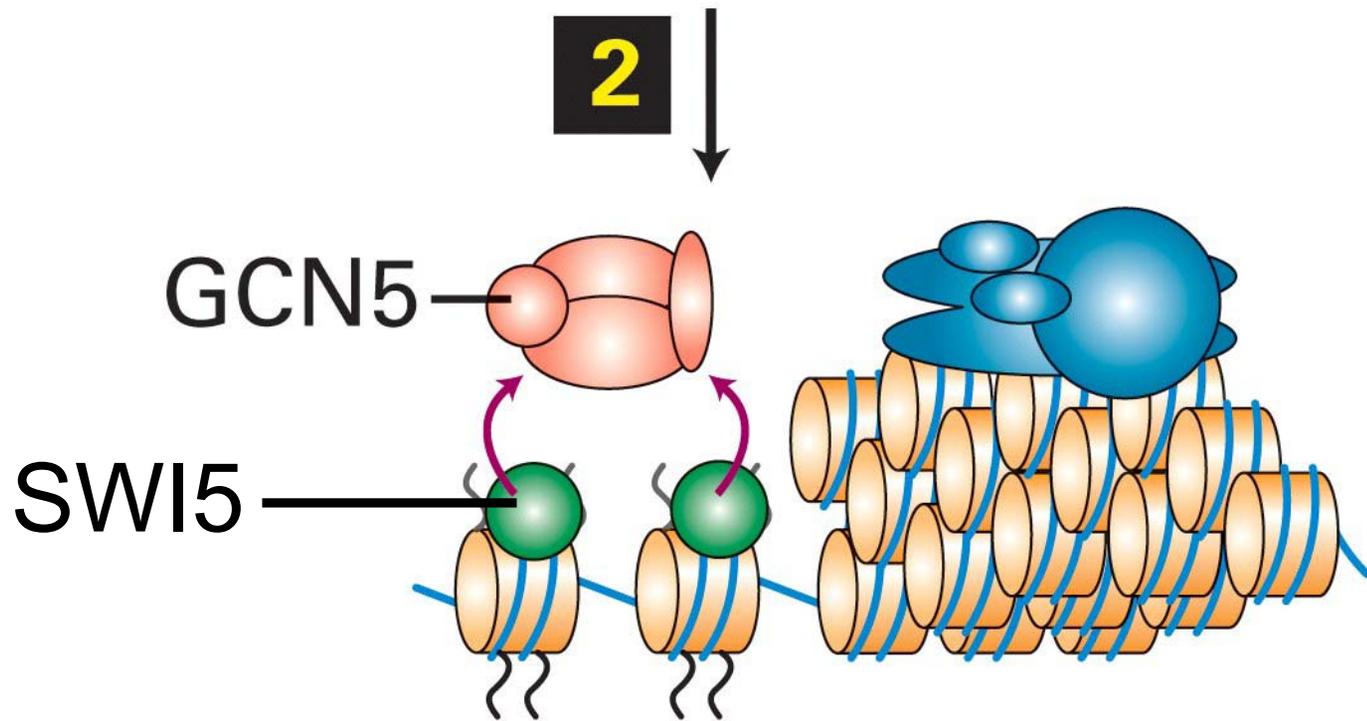
- Les Histone acetylase (HAT) n'interagissent pas avec l'ADN.
- Elles sont dirigées vers les histones via les facteurs de transcription. Puis une fois proches de l'ADN, elles peuvent entrer en contact avec les histones.

Remodelage de la chromatine

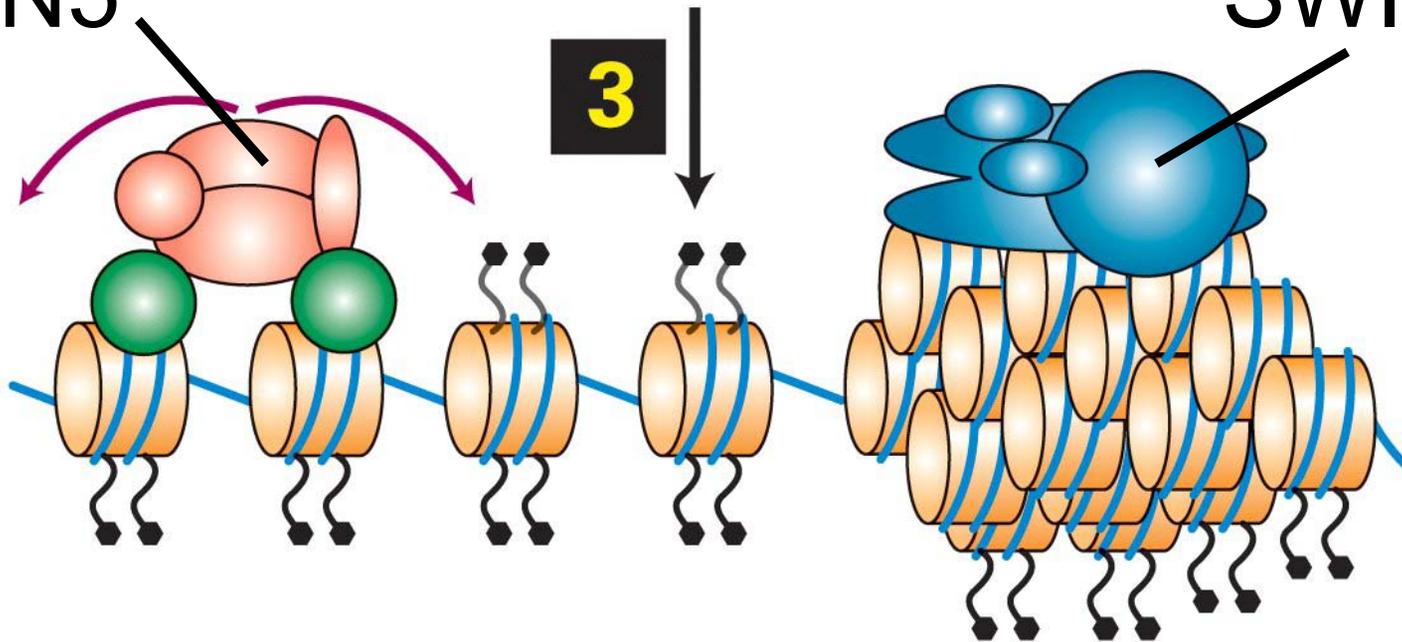
- Le remodelage : repositionnement des nucléosomes donnant accès à une région d'ADN
 - Non covalent
 - Energie-dépendant
 - Exemple chez la levure: gènes du cycle cellulaire

Condensed chromatin

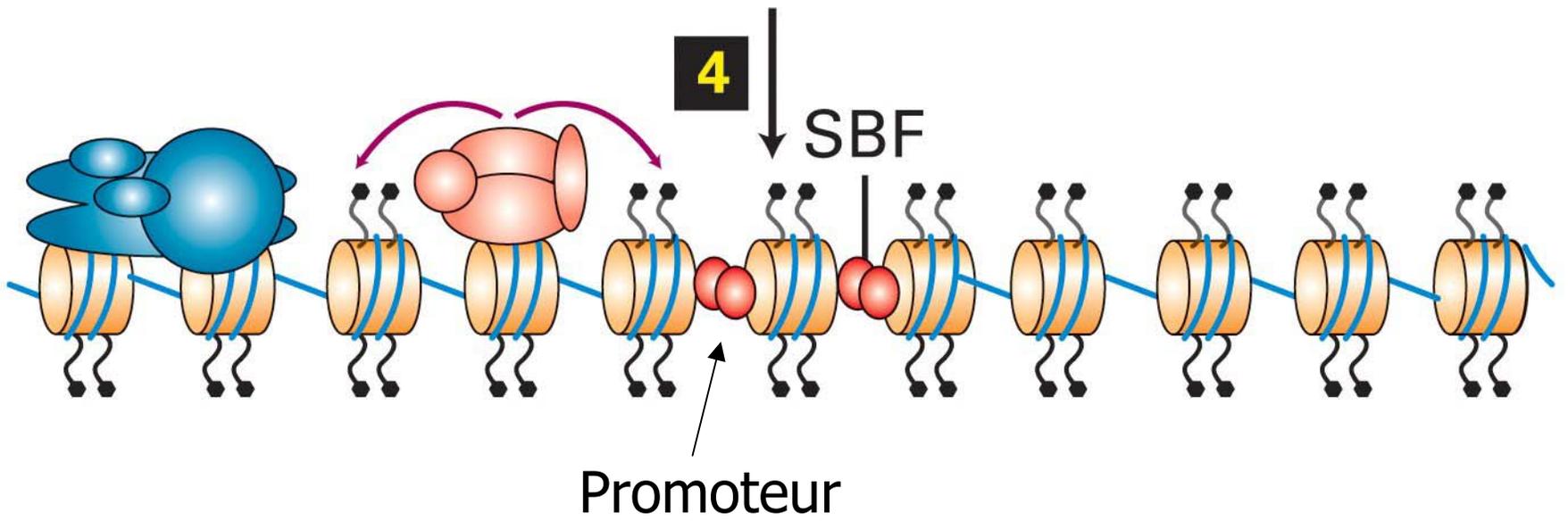




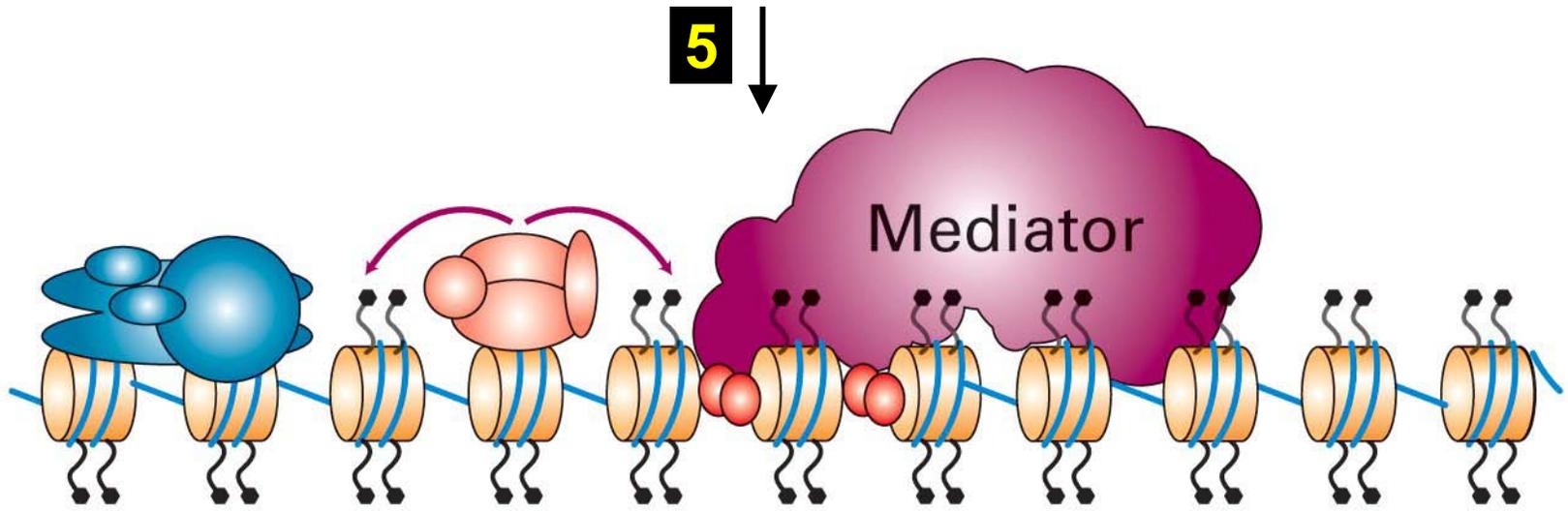
GCN5



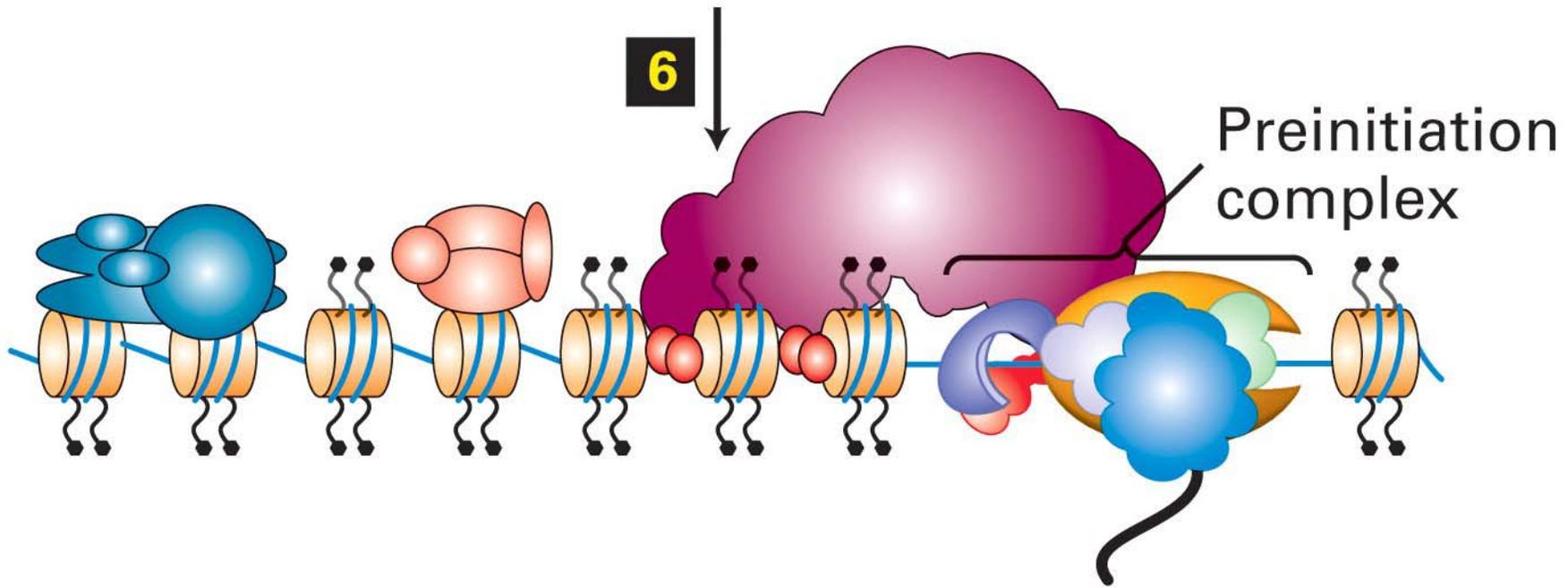
SWI/SNF

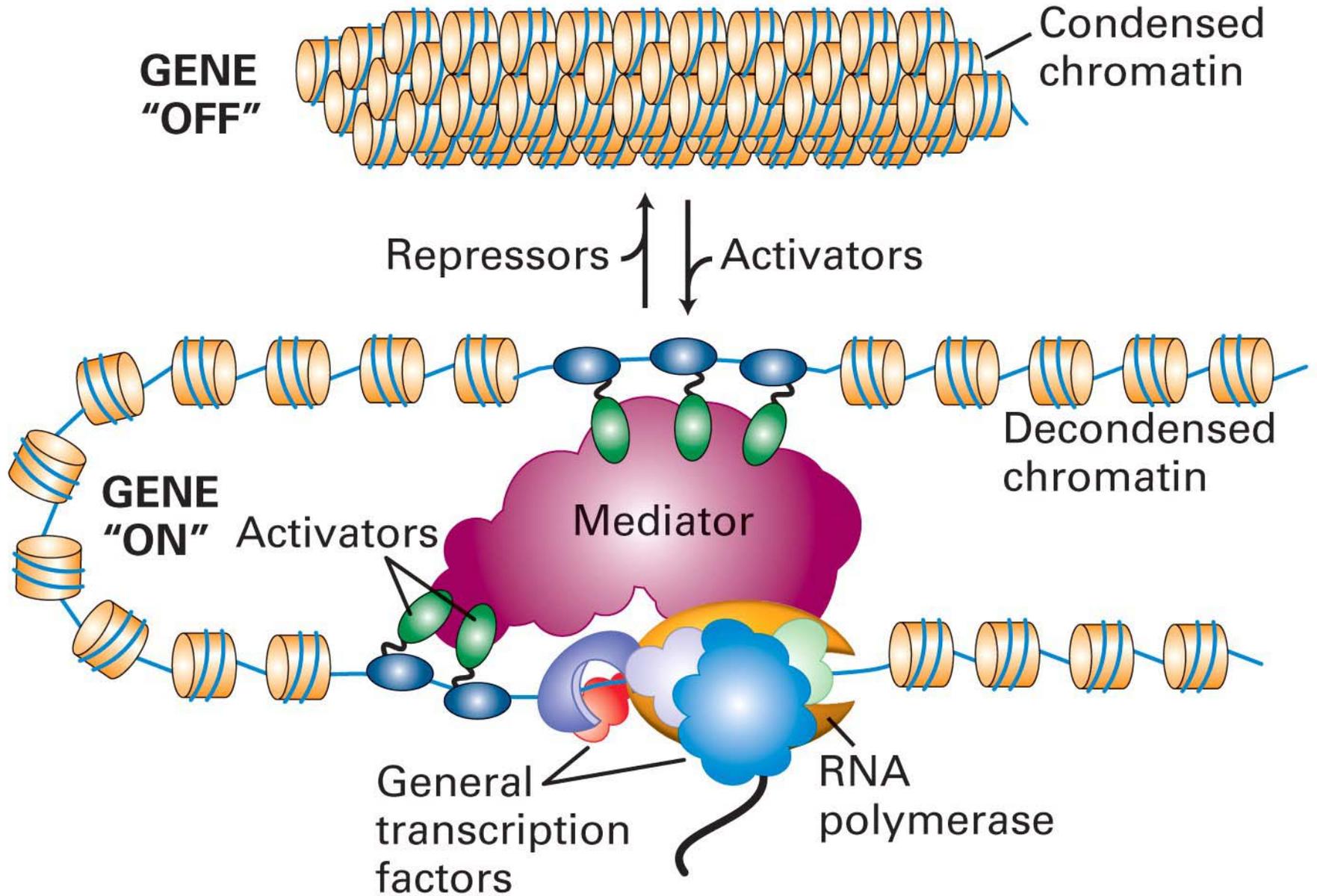


5



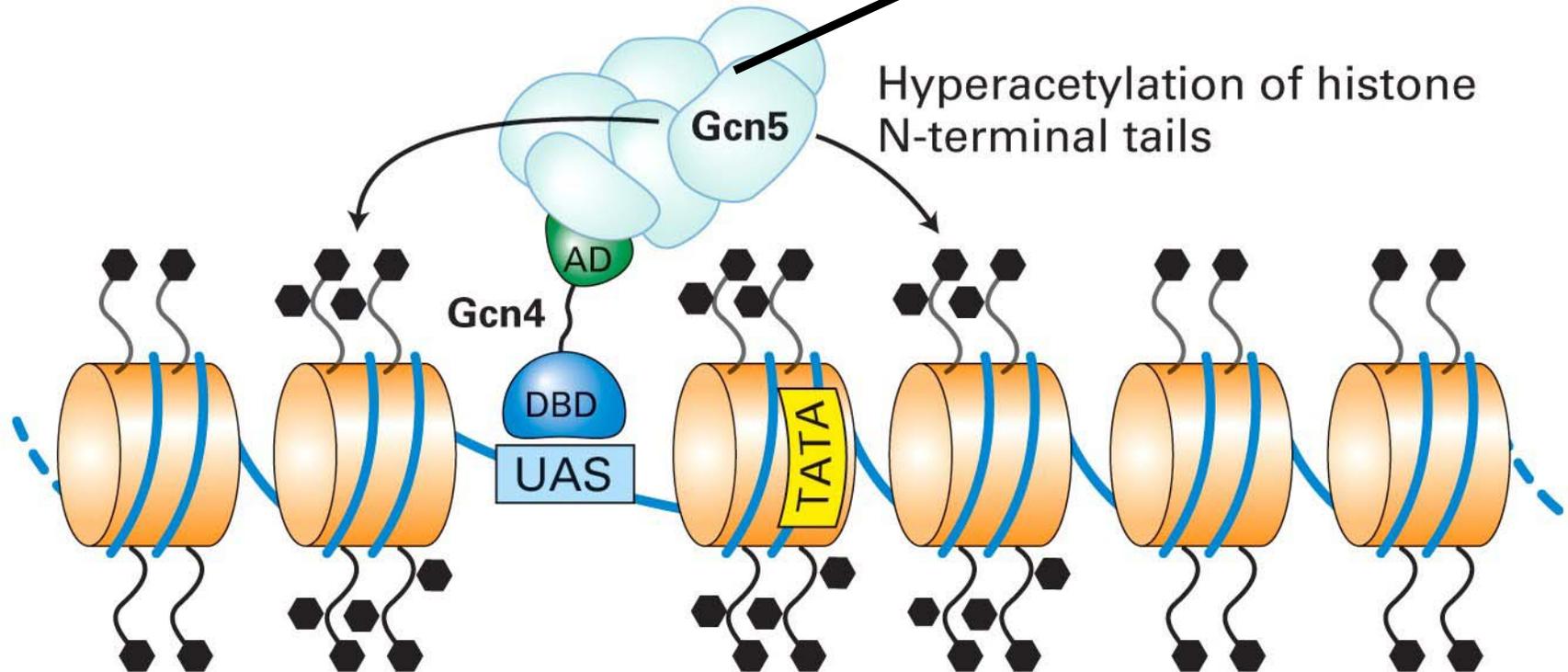
6





Complexe d'hyperacétylation
des histones

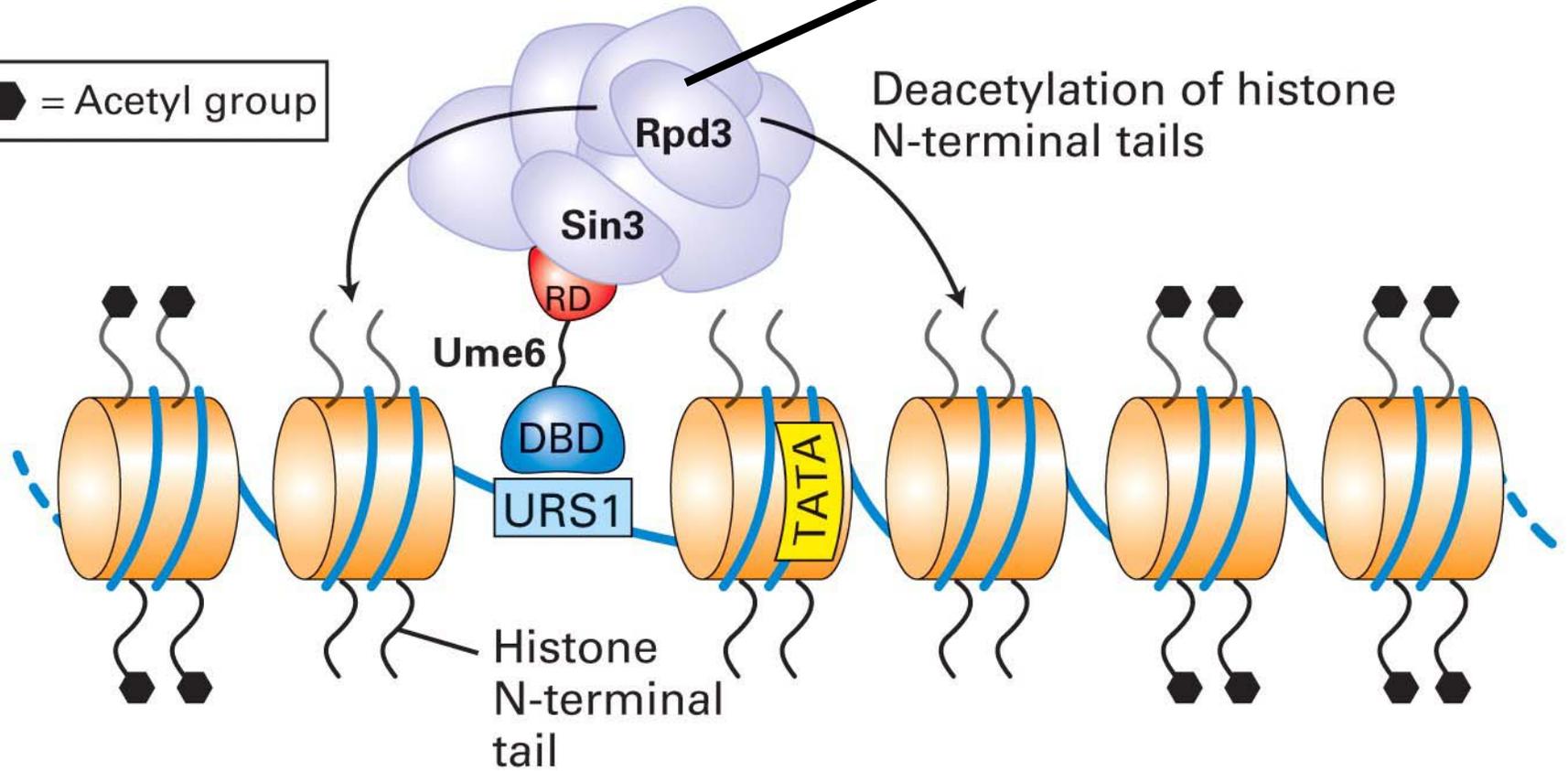
(b) Activator-directed histone hyperacetylation



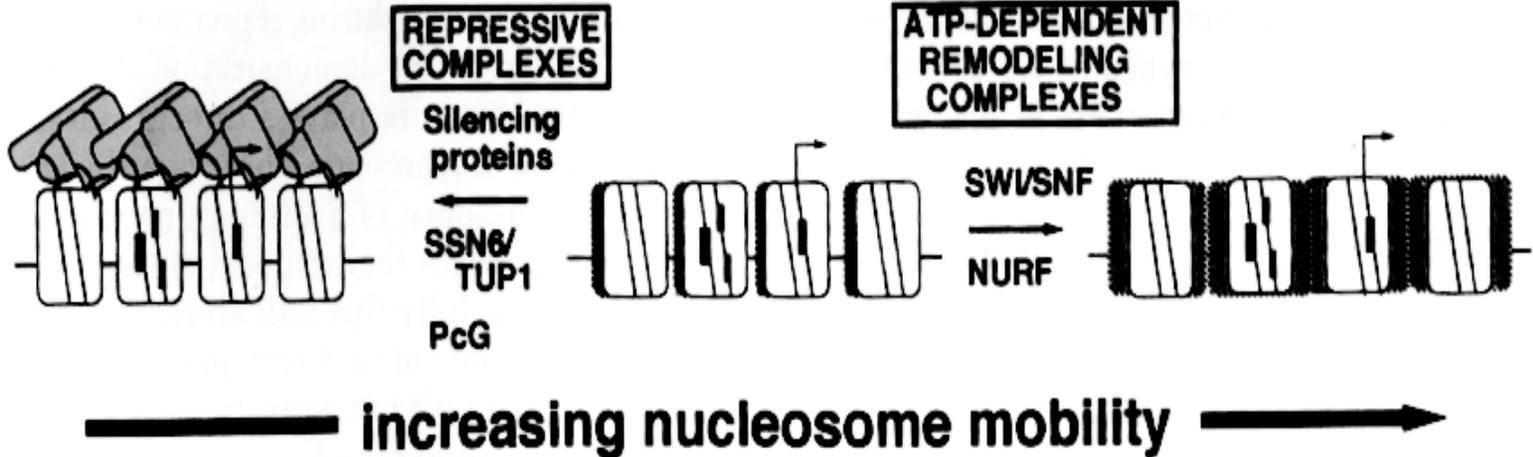
Complexe de désacétylation
des histones

(a) Repressor-directed histone deacetylation

● = Acetyl group



Modifications de la chromatine: répression et activation



Les étapes de l'activation transcriptionnelle

(ex:Swi5)

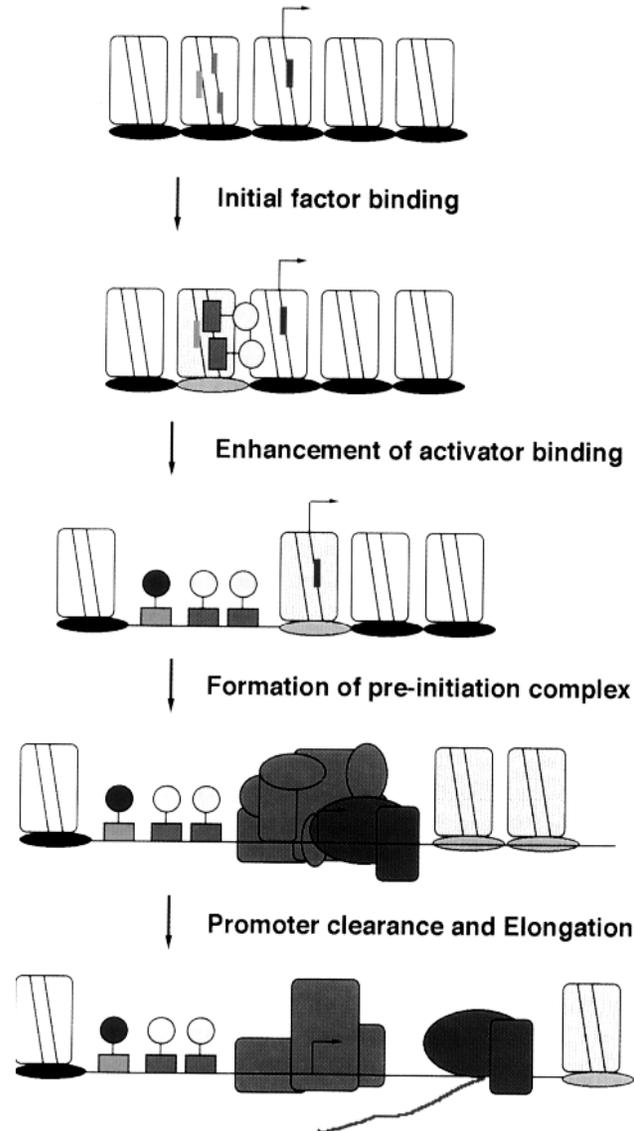
Facteurs d'activation
"Transactivateurs"

Modification locale
de la chromatine

Recrutement du complexe
de démarrage

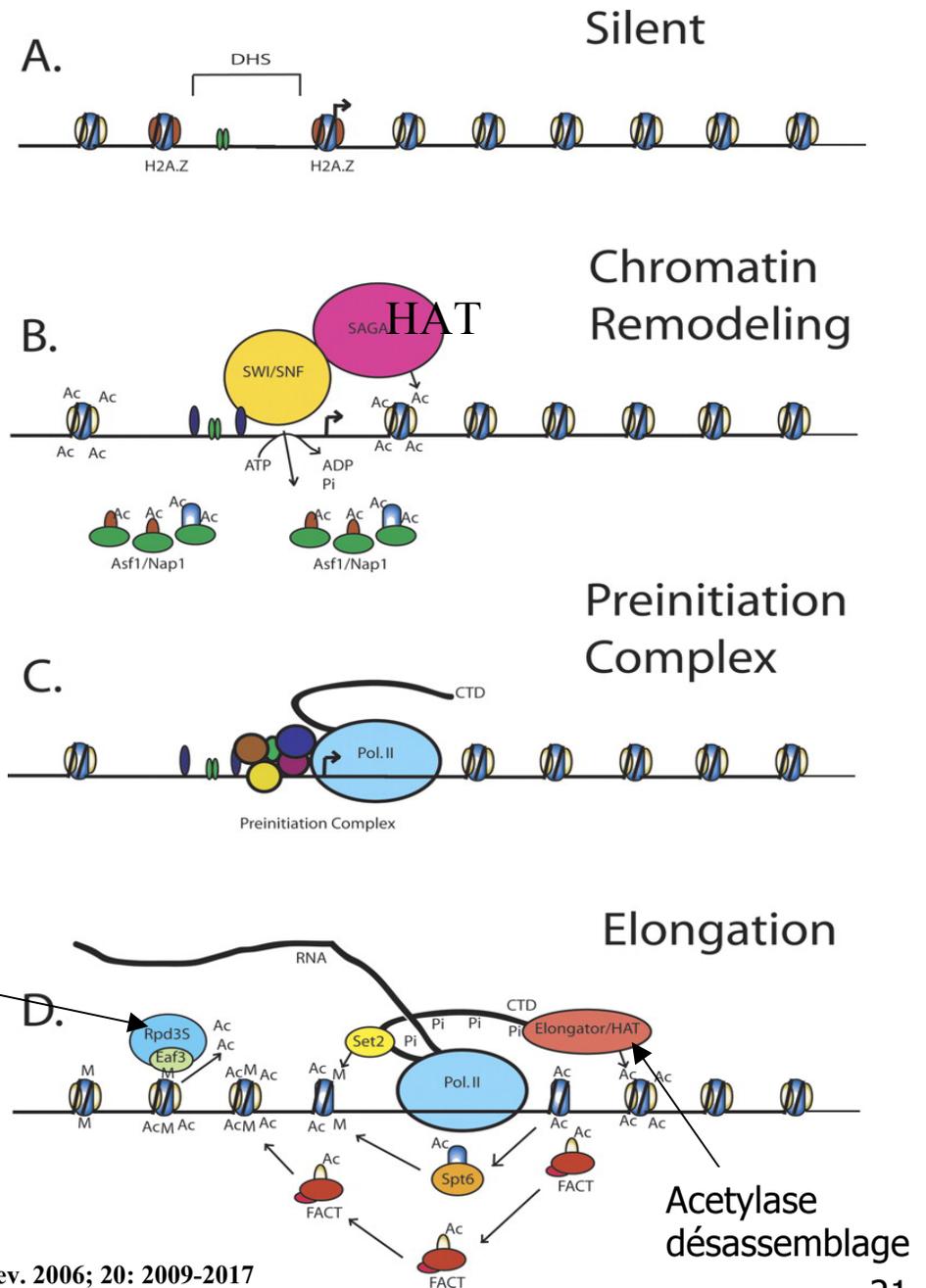
Démarrage de la transcription

Elongation

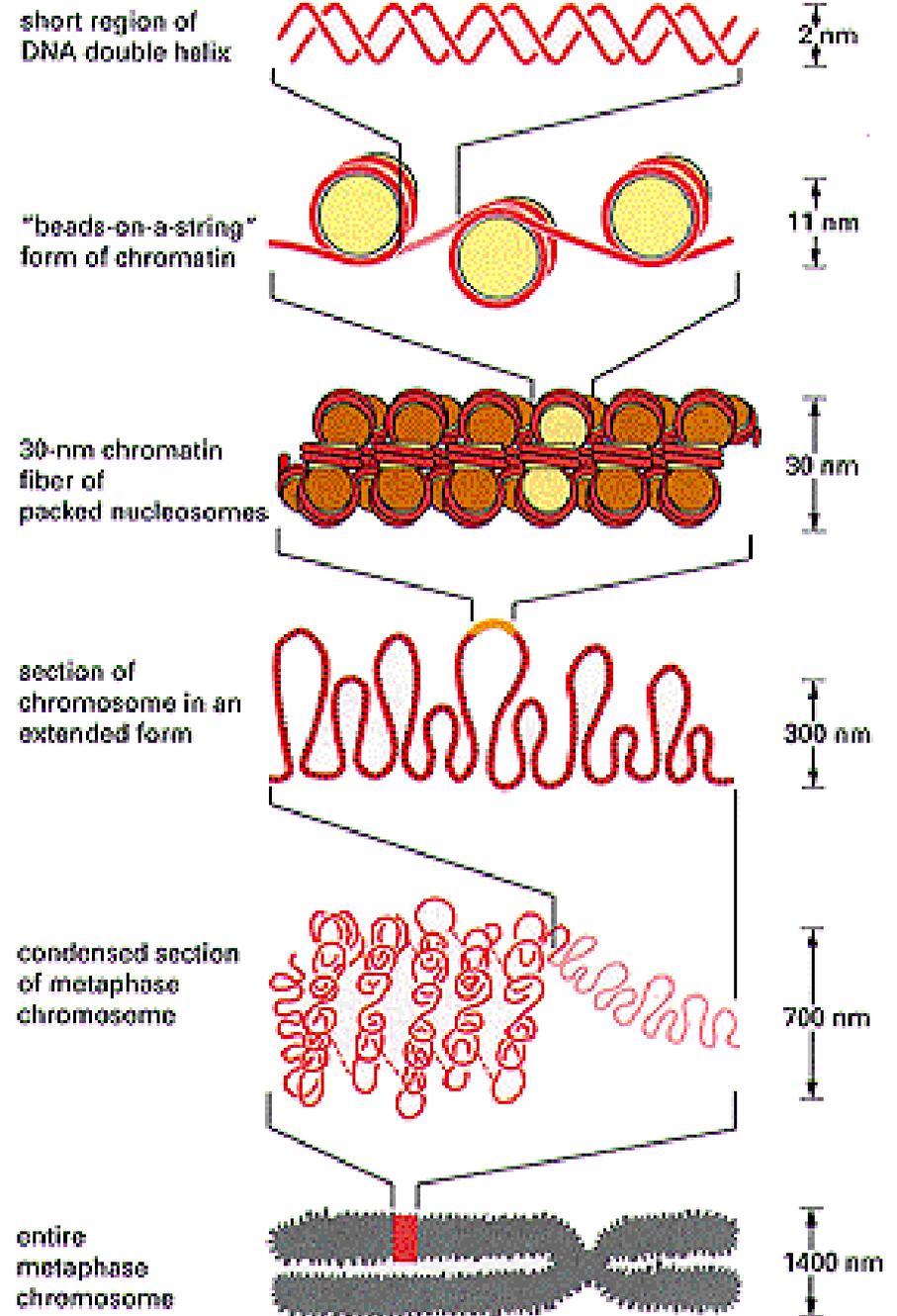


Dynamique de la chromatine en cours de transcription

Chez la levure *S. cerevisiae*

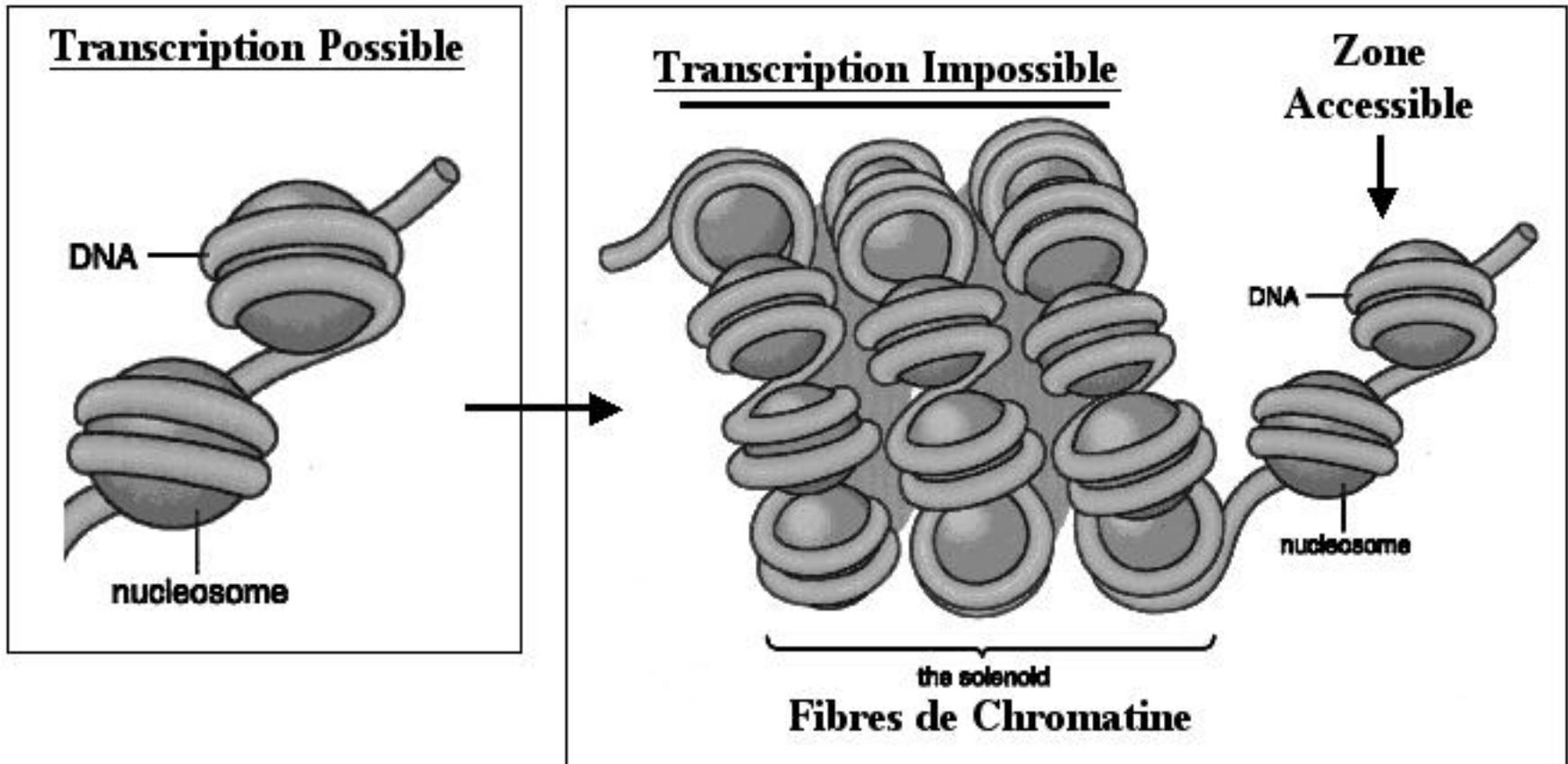


Niveaux d'organisation de la chromatine

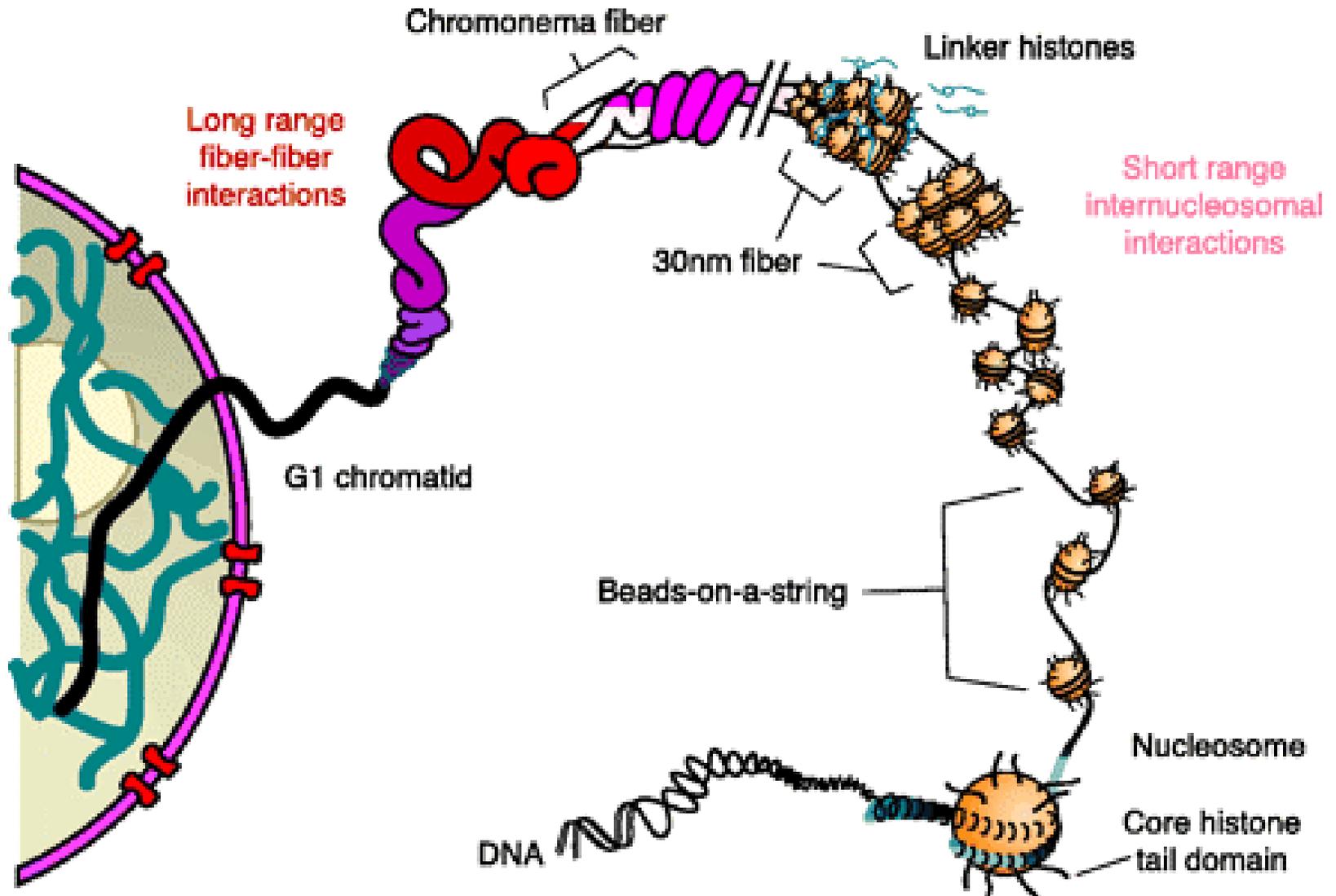


Formation des fibres de chromatine

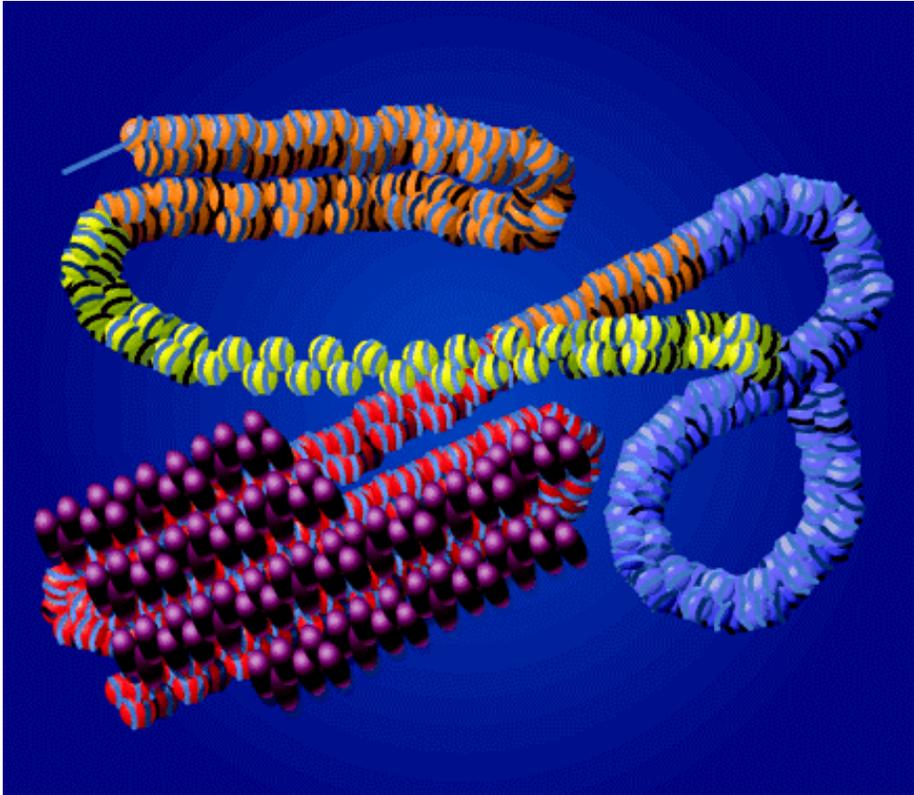
**Il Existe Plusieurs Niveaux de Compaction de l'ADN
Correspondant à des Niveaux d'Activité Transcriptionnelle Différents**



Compaction de la chromatine

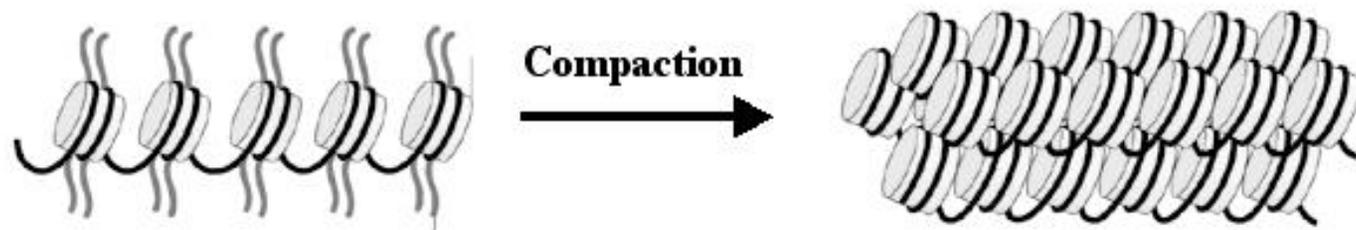


Des différences dans la composition en histones ou dans leur modification engendrent une hétérogénéité dans la structure (niveaux de compaction) de la chromatine

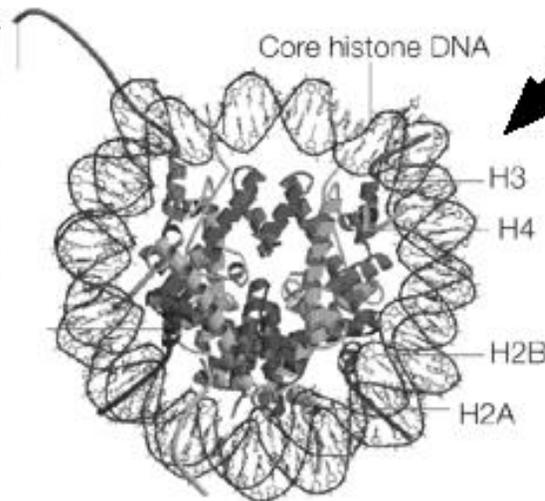


- Haut niveau d'acétylation des histones
→ Décondensation des fibres
- Bas niveau d'acétylation ou fixation d'histones « linker »
→ Condensation plus forte et association entre les fibres
- Méthylation et déacétylation des histones, recrutement de protéines non-histones (HP1 en violet)
→ Heterochromatine, régions inactives
- Incorporation d'histones « variants » H2AZ
→ Fibres de 30 nm, incapables de former des interactions avec d'autres fibres pour engendrer une compaction plus forte.
Régions actives pour la transcription

Le Compactage de l'ADN, les Histones



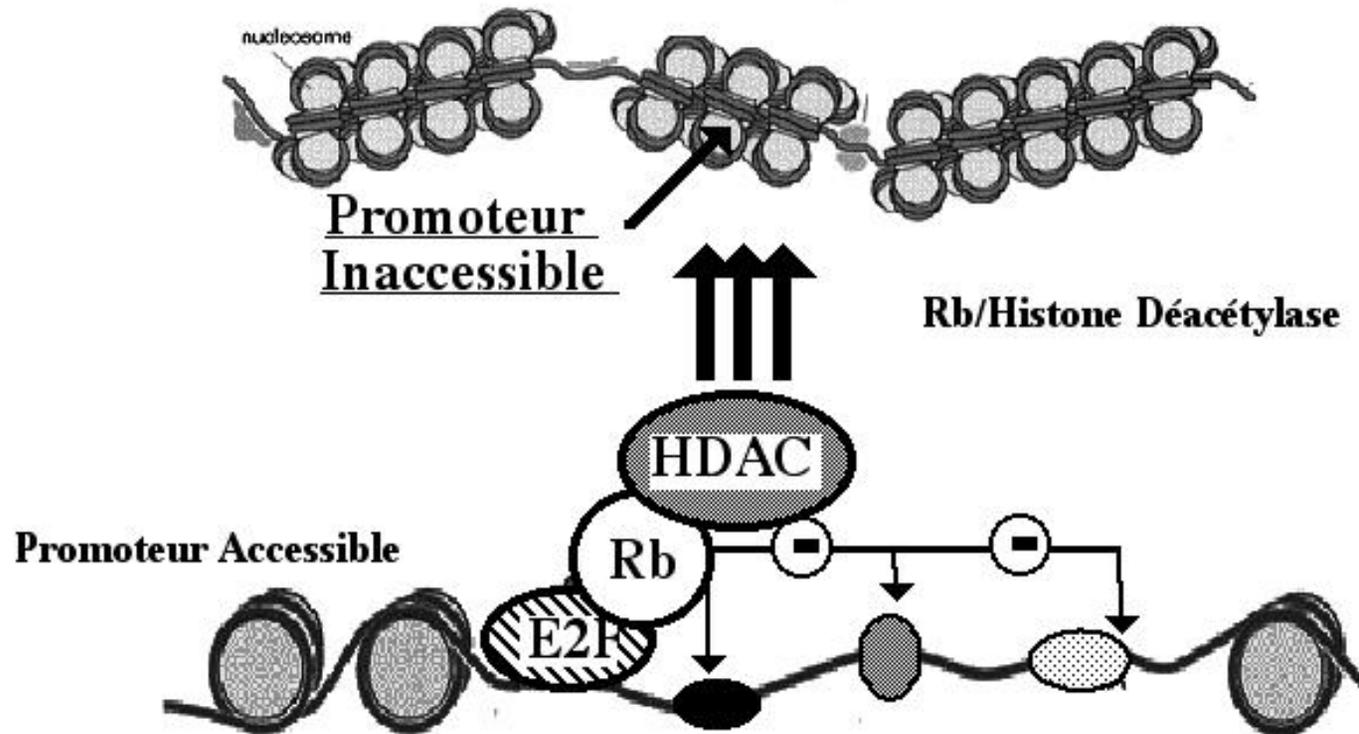
**La Partie NH2 Terminale
Des Histones H3 et H4
n'Est pas Compactée et
Est Accessible
À l'Extérieur du Nucléosome**



Compaction

Rb/HDAC

Entraîne la Fermeture de la Chromatine



**Rb Dirige l'Histone Déacétylase HDAC sur les Gènes Régulés par E2F
HDAC Elimine les Groupements Acétyl et Referme la Chromatine**

Nucléosomes

