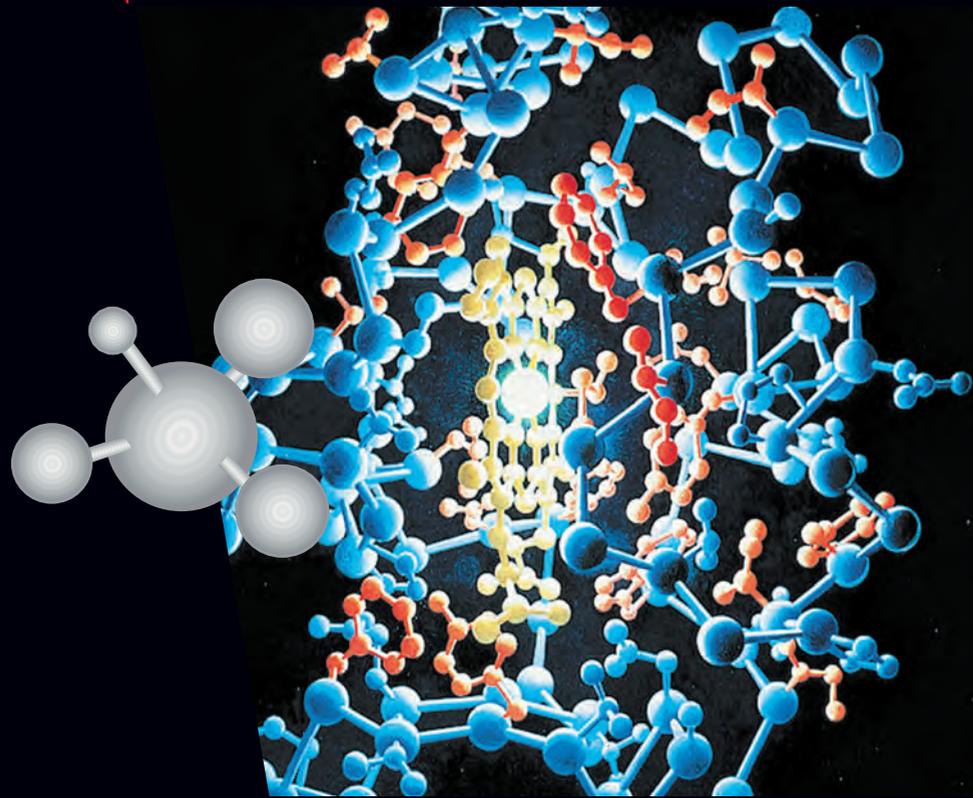


Voet | Voet

Biochimie

3^e édition

Traduction de Lionel Domenjoud



deboeck **B**
SUPÉRIEUR

NOTO
VERSION NUMÉRIQUE

Biochimie

Chez le même éditeur

ATKINS P.W. et JONES L., Principes de chimie, 3^e éd.

BURROWS A., HOLMAN J., PARSONS A., PILLING G., PRICE G., Chimie³. Introduction à la chimie inorganique, à la chimie organique et à la chimie-physique

CLAYDEN J., GREEVES N., WARREN S., Chimie organique, 2^e éd.

DEPOVERE P., Chimie générale, 3^e éd.

DEPOVERE P., Chimie organique, 2^e éd.

KARP G., Biologie cellulaire et moléculaire. Concepts et expériences

LODISH H., AMON A., BERK A., BRETSCHER A., KAISER C.A., KRIEGER M., PLOEGH H., SCOTT M.P., Biologie moléculaire de la cellule, 4^e éd.

MCQUARRIE D.A., GALLOGLY E.B., ROCK P.A., Chimie générale, 3^e éd.

MOUSSARD C., Biochimie structurale et métabolique, 3^e éd.

MOUSSARD C., Biologie moléculaire. Biochimie des communications cellulaires

MURRAY R.K., BENDER D.A., BOTHAM K.M., KENNELLY P.J., RODWELL V.W., WEIL A., Biochimie de Harper, 5^e éd.

PRATT C.W., CORNELLY K., Biochimie

PRESCOTT L.M., WILLEY J.M., SHERWOOD L.M., WOOLVERTON C.J., Microbiologie, 4^e éd.

SHERWOOD L. Physiologie humaine, 3^e éd.

VOLLHARDT K.P.C., SCHORE N.E., Traité de chimie organique, 6^e éd.

VOET | VOET

Biochimie

3^e édition

Traduction de la 4^e édition américaine de Lionel Domenjoud

deboeck **B**
SUPÉRIEUR

Ouvrage original

Biochemistry, Voet & Voet, 4th edition, John Wiley & Sons, Inc. Copyright © 2011, 2004, 1995, 1990 by Donald Voet, Judith G. Voet. All rights reserved. This translation published under license.

Pour toute information sur notre fonds et les nouveautés dans votre domaine de spécialisation, consultez notre site web :

www.deboecksuperieur.com

© De Boeck Supérieur s.a., 2016
Rue du Bosquet, 7, B-1348 Louvain-la-Neuve
Pour la traduction et l'adaptation en français

Tous droits réservés pour tous pays.

Il est interdit, sauf accord préalable et écrit de l'éditeur, de reproduire (notamment par photocopie) partiellement ou totalement le présent ouvrage, de le stocker dans une banque de données ou de le communiquer au public, sous quelque forme et de quelque manière que ce soit.

Imprimé en Italie

Dépôt légal : 2016/13647/133
Bibliothèque nationale, Paris : septembre 2016 :
Bibliothèque royale de Belgique, Bruxelles : 2016/13647/133

3^e édition 2016
ISBN : 978-2-8041-7101-8

Pour nos petits-enfants Maya, Leo, Cora et Elisabeth

AVANT-PROPOS

La biochimie est un domaine à la fois fascinant et d'une grande portée pratique en raison de notre propre intérêt. Le bien-être humain, notamment en ce qui concerne ses aspects médicaux et nutritionnels a énormément progressé grâce à la rapide croissance de notre compréhension de la biochimie. En effet, il ne se passe pratiquement pas un jour sans que ne soit publiée une découverte médicale qui profite à une partie significative de l'humanité. Les progrès futurs de ce champ de connaissances en rapide extension conduiront sans nul doute à des avancées encore plus spectaculaires dans notre capacité à comprendre la nature et à maîtriser notre destin. C'est pourquoi il est nécessaire que ceux qui entreprennent une carrière dans les sciences biomédicales aient une bonne compréhension de la biochimie.

Ce livre est un condensé de nos expériences d'enseignement avec des étudiants de premier cycle et au-delà de la licence, à l'université de Pennsylvanie et au Collège Swarthmore, il est destiné à fournir des bases solides en biochimie à de tels étudiants. Nous partons du principe que les étudiants utilisant ce livre ont un niveau de fin de première année de licence en chimie et possèdent suffisamment de chimie organique pour être familiarisés avec les principes de base et la nomenclature. Ces étudiants doivent aussi avoir suivi un cours de première année de biologie générale dans lequel les concepts biochimiques élémentaires ont été traités. Les étudiants auxquels ces bases feraient défaut sont invités à consulter les manuels de base appropriés concernant ces sujets.

NOUVEAUTÉS DE CETTE ÉDITION

Depuis la publication de la première édition de *Biochemistry* en 2004, le domaine de la biochimie a poursuivi sa croissance phénoménale en accélération rapide. Cette remarquable expansion de nos connaissances, fruit du travail des milliers de scientifiques talentueux qui s'y sont consacrés, s'est traduite par de nombreux nouveaux paradigmes ainsi que par un énorme enrichissement de presque tous les aspects de la biochimie. Ainsi, le nombre de structures connues de protéines et d'acides nucléiques, déterminées tant par des techniques de diffraction des rayons X que de RMN a plus que triplé. De plus, la qualité et la complexité de ces structures, parmi lesquelles, de nombreuses protéines membranaires, se sont considérablement améliorées, permettant ainsi d'énormes progrès de notre compréhension de la biochimie structurale. La bioinformatique, un nom d'invention relativement récente, a pris une place prépondérante dans la façon d'aborder et de traiter de nombreux aspects de la biochimie. Depuis la publication de la troisième édition de *Biochemistry*, le nombre de séquences génomiques connues a plus que décuplé et l'objectif de la médecine personnalisée de déterminer la séquence du génome de chaque patient, est à portée de main. De même, l'état de nos connaissances s'est accru de façon explosive dans des disciplines comme la biologie moléculaire des eucaryotes et des procaryotes, le contrôle métabolique, le repliement des protéines, le transport des

électrons, le transport membranaire, l'immunologie, la transduction du signal, etc. De nouvelles méthodes ou des améliorations comme les puces à ADN, le séquençage à haut débit, l'interférence d'ARN, la microscopie cryoélectronique, la spectrométrie de masse, les techniques d'étude sur molécule isolée et les appareils robotisés sont maintenant utilisés en routine en laboratoire pour répondre à des questions qui semblaient totalement hors de portée une décennie plus tôt. Ces progrès ont effectivement modifié notre quotidien car ils ont changé la pratique médicale, notre façon de protéger notre santé et la façon de produire la nourriture.

THÈMES

Dans ce livre, nous avons mis l'accent sur plusieurs thèmes. En premier lieu, la biochimie est un ensemble de connaissances accumulées grâce à l'expérimentation. C'est pourquoi lorsque nous présentons des connaissances, nous nous efforçons d'expliquer comment elles ont été acquises. Nous pensons que l'effort supplémentaire de compréhension qui est demandé à l'étudiant est largement récompensé par le fait qu'il développe l'attitude critique nécessaire à la réussite de toute entreprise scientifique. Bien que la science soit généralement décrite comme quelque chose d'impersonnel, elle est en fait façonnée par les travaux originaux des chercheurs individuels. C'est pourquoi nous nommons certains des biochimistes les plus éminents (la plupart sont encore en activité) et nous nous intéressons dans de nombreux cas aux approches qu'ils ont utilisées pour répondre à certains casse-têtes biochimiques. Il faut que les étudiants réalisent que la plupart des travaux décrits n'auraient pas pu aboutir sans les efforts dévoués et souvent indispensables de nombreux collaborateurs.

L'unité du vivant et ses variations évolutives constituent un second thème dominant développé tout au long de cet ouvrage. L'une des caractéristiques les plus remarquables de la vie sur terre est son énorme diversité ainsi que son pouvoir d'adaptation. Les recherches biochimiques ont amplement démontré que tous les êtres vivants sont étroitement apparentés au niveau moléculaire. Par conséquent, les différences moléculaires entre les différentes espèces ont apporté de précieux renseignements sur la façon dont les organismes ont évolué les uns à partir des autres et nous ont permis d'identifier les parties cruciales d'un point de vue fonctionnel, de leur machinerie moléculaire.

Un troisième thème majeur est l'organisation des processus biologiques en réseaux de contrôles sophistiqués et interdépendants. Ces systèmes permettent aux organismes de maintenir des milieux intérieurs relativement constants, de répondre rapidement à des stimuli externes, de croître et de se différencier.

Un quatrième thème est l'importance des conséquences médicales de la biochimie. C'est pourquoi nous illustrons fréquemment les principes biochimiques par des exemples de physiologie humaine normale ou pathologique et abordons les mécanismes d'action de divers médicaments.

ORGANISATION ET CONTENU

Du fait de l'explosion des connaissances en biochimie, les enseignants ont exploré des méthodes d'enseignement plus actives telles que l'apprentissage par problèmes, l'apprentissage basé sur l'expérience et l'apprentissage coopératif en groupes d'étudiants. Ces nouvelles méthodes d'enseignement et d'apprentissage impliquent davantage d'interactions entre les étudiants et les enseignants et nécessitent surtout plus de temps en classe. Lors de la rédaction de la quatrième édition de ce livre nous avons été confrontés à la double pression d'un contenu plus important et de l'innovation pédagogique. Nous avons répondu à ce défi en présentant les différents thèmes de biochimie de façon aussi complète et précise que possible pour fournir aussi bien aux étudiants qu'aux enseignants le bagage nécessaire tandis qu'ils explorent diverses stratégies innovantes d'apprentissage. Nous évitons ainsi le reproche assez généralement fait, que ces nouvelles méthodes de stimulation de l'apprentissage de l'étudiant tendent à diminuer de façon importante le contenu du cours. Nous avons donc écrit un manuel qui permet aux enseignants d'orienter leurs étudiants vers des contenus qui peuvent être explorés en dehors des heures de cours tout en fournissant le matériel nécessaire aux discussions en cours.

Nous avons traité des nombreux progrès des sept dernières années dans la quatrième édition de *Biochemistry* et avons substantiellement enrichi presque toutes ses sections. Cependant, l'organisation de base de la quatrième édition est restée la même que dans la troisième édition.

Le texte est organisé en cinq parties :

I. Introduction et notions de base : Un chapitre d'introduction suivi de plusieurs chapitres dans lesquels les propriétés des solutions aqueuses et les principes de la thermodynamique sont rappelés.

II. Les biomolécules : Étude structurale et fonctionnelle des protéines, des acides nucléiques, des glucides et des lipides.

III. Les mécanismes d'action des enzymes : Une introduction aux propriétés des enzymes, à la cinétique enzymatique et aux mécanismes catalytiques des enzymes.

IV. Le métabolisme : Une étude de la synthèse et de la dégradation des glucides, des lipides, des acides aminés et des nucléotides en insistant sur l'origine et l'utilisation de l'énergie.

V. L'expression et la transmission de l'information génétique : Développement de l'étude de la structure des acides nucléiques exposée dans la partie II, suivie d'une présentation de la biologie moléculaire des procaryotes et des eucaryotes.

Ce plan nous permet d'aborder les principaux domaines de la biochimie de façon logique et cohérente. Cependant, la biochimie contemporaine est une science d'une telle portée que pour garder un niveau relativement homogène, nous apportons davantage d'informations que n'en dispensent la plupart des cours de biochimie sur un an. Nous pensons que cet approfondissement des connaissances est un des points forts de cet ouvrage ; il permet à l'enseignant de concevoir son cours comme il l'entend et fournit à l'étudiant du matériel sur des sujets biochimiques non approfondis en cours.

L'ordre dans lequel sont traitées les différentes questions est *grosso modo* identique à celui de la plupart des

cours de biochimie. Toutefois, plusieurs points quant à l'organisation du livre méritent des commentaires :

1. Le Chapitre 5 (acides nucléiques, expression des gènes et technologies de l'ADN recombinant) permet d'introduire tôt dans l'ouvrage la biologie moléculaire en raison du rôle capital joué par la technologie de l'ADN recombinant dans la biochimie moderne. Pour la même raison, le domaine en effervescence de la bioinformatique est traité dans une section séparée du Chapitre 7.

2. La thermodynamique fait l'objet de deux chapitres. Les notions de base de la thermodynamique – enthalpie, entropie, énergie libre, équilibre des réactions – sont étudiés dans le Chapitre 3 car ces notions sont indispensables pour comprendre la biochimie structurale, l'enzymologie et la cinétique des réactions. La thermodynamique liée au métabolisme – la thermodynamique des composés phosphorylés et des réactions d'oxydo-réduction – fait l'objet du Chapitre 16, car il n'est pas utile de connaître ces notions pour les chapitres qui le précèdent.

3. Les techniques de purification des protéines sont décrites dans un chapitre à part (Chapitre 6) qui précède l'étude de la structure et de la fonction des protéines. Nous avons fait ce choix afin de ne pas donner aux étudiants l'impression que les protéines sont plus ou moins « sorties d'un chapeau ». Toutefois le Chapitre 6 a été conçu comme un chapitre de référence qui peut être consulté autant que nécessaire. Pour les mêmes raisons, ce chapitre traite également des techniques de purification des acides nucléiques.

4. Le Chapitre 10 décrit en détail les propriétés de l'hémoglobine, ce qui permet de concrétiser l'étude précédente sur la structure et les fonctions des protéines. Ce chapitre fait appel à la théorie de l'allostérie pour expliquer la nature coopérative de la liaison de l'oxygène à l'hémoglobine. Le passage de la théorie de l'allostérie à l'enzymologie (Chapitre 13) devrait aller de soi.

5. Les concepts du contrôle du métabolisme sont exposés dans les chapitres sur la glycolyse (Chapitre 17) et sur le métabolisme du glycogène (Chapitre 18) par le biais d'études sur l'origine du flux métabolique, la régulation allostérique, les cycles de substrat, les modifications covalentes d'enzymes et les cascades cycliques, ainsi que d'une discussion sur l'analyse du contrôle métabolique. Nous pensons que ces concepts sont mieux compris quand ils sont étudiés dans un contexte métabolique plutôt que traités à part.

6. En raison du progrès rapide des connaissances sur la transduction du signal en biologie, ce sujet important est traité dans un chapitre à part, le Chapitre 19.

7. Il n'y a pas de chapitre consacré à l'étude des coenzymes. Il nous a semblé plus rationnel d'étudier ces molécules en même temps que les réactions enzymatiques auxquelles elles participent.

8. La glycolyse (Chapitre 17), le métabolisme du glycogène (Chapitre 18), le cycle de l'acide citrique (Chapitre 21) et le transport des électrons et les phosphorylations oxydatives (Chapitre 22) sont étudiés en détail comme modèles de voies métaboliques classiques en mettant l'accent sur nombre des mécanismes de catalyse et de contrôle des enzymes mis en jeu. Les principes étudiés dans ces chapitres sont repris de manière moins approfondie dans les autres chapitres de la Partie IV.

9. L'étude des transports membranaires (Chapitre 20) précède celle des voies métaboliques mitochondriales, telles que le cycle de l'acide citrique, le transport des électrons et les phosphorylations oxydatives. Ainsi, la notion de compartimentation des processus biologiques devient facilement compréhensible. Le Chapitre 20 étudie aussi la neurotransmission car elle dépend étroitement des transports membranaires.

10. L'étude de la synthèse et de la dégradation des lipides fait l'objet d'un seul chapitre (Chapitre 25) de même que l'étude du métabolisme des acides aminés (Chapitre 26) et des nucléotides (Chapitre 28).

11. Le métabolisme énergétique est résumé et intégré en fonction de la spécialisation des organes dans le Chapitre 27, à la suite de l'étude du métabolisme des glucides, des lipides et des acides aminés.

12. Les principes de base de la biologie moléculaire des procaryotes et des eucaryotes, esquissés dans le Chapitre 5, sont développés dans des chapitres successifs : réplication, réparation et recombinaison de l'ADN (Chapitre 30), transcription (Chapitre 31) et traduction (Chapitre 32). Les virus (Chapitre 33) sont ensuite présentés en tant que paradigmes de fonctions cellulaires plus complexes, avant l'étude de l'expression des gènes des eucaryotes (Chapitre 34).

13. Le dernier chapitre (Chapitre 35) est une suite de mini-chapitres qui décrivent la biochimie de divers processus caractéristiques de la physiologie humaine : coagulation du sang, réponse immunitaire et contraction musculaire.

Le vieil adage selon lequel vous apprenez mieux une question en l'enseignant signifie simplement qu'apprendre est

une démarche plutôt active que passive. Les problèmes posés à la fin de chaque chapitre ont pour but d'inciter les étudiants à réfléchir plutôt qu'à régurgiter simplement des connaissances mal assimilées et vite oubliées. Certains problèmes sont faciles et d'autres (particulièrement ceux marqués par un astérisque) sont plutôt difficiles. Toutefois, résoudre de tels problèmes peut être une des meilleures récompenses pour celui qui apprend. Ce n'est qu'en réfléchissant longuement et intensément que les étudiants peuvent vraiment s'appropriier un ensemble de connaissances.

Nous donnons une liste de références bibliographiques à la fin de chaque chapitre afin de fournir aux étudiants des points de départ pour une recherche bibliographique personnelle. L'immensité du champ de la littérature biochimique nous a contraints à n'indiquer que les publications des travaux de recherche les plus importants. Nous donnons également une liste des revues et monographies qui nous semblent les plus utiles sur les différentes questions traitées dans chaque chapitre.

Enfin, bien que nous ayons œuvré pour que ce livre soit exempt d'erreurs, nous ne nous faisons pas trop d'illusions. Nous sommes particulièrement reconnaissants envers les nombreux lecteurs des précédentes éditions, étudiants et professeurs, qui ont pris la peine de nous suggérer des améliorations et de nous signaler des erreurs. Nous espérons vivement que les lecteurs de cette quatrième édition nous feront également cette faveur.

Donald Voet
Judith G. Voet

RESSOURCES NUMÉRIQUES

Le site compagnon www.wiley.com/college/voet fournit des ressources en ligne. Ces ressources sont destinées à améliorer la compréhension de la biochimie par l'étudiant. Elles sont toutes connectées à des figures ou à des paragraphes du livre et mentionnées dans le livre à l'aide d'une icône rouge de souris .

Exercices de bioinformatique : Série d'exercices couvrant le contenu et l'utilisation des bases de données relatives aux acides nucléiques, aux séquences de protéines, aux structures de protéines, à l'inhibition des enzymes et d'autres sujets. Ces exercices écrits par Paul Craig (Rochester Institute of Technology, Rochester, New York) utilisent des jeux de données réelles, posent des questions précises et incitent l'étudiant à chercher l'information dans des bases de données en ligne et à accéder à des outils logiciels pour analyser ces données.

Explorations guidées : 30 présentations indépendantes, souvent avec un commentaire, qui utilisent des images animées de synthèse pour améliorer la compréhension des sujets clés par les étudiants.

Exercices interactifs : 58 structures moléculaires du livre ont été illustrées avec Jmol par Stephen Rouse. Jmol est une

interface indépendante du navigateur, permettant de manipuler les structures en trois dimensions, les structures sont associées à des questions pour faciliter la compréhension des concepts. Un tutoriel d'utilisation de Jmol est également fourni.

Kinemages : Série de 22 exercices comprenant 55 images tridimensionnelles d'une sélection de protéines et d'acides nucléiques, qui peuvent être manipulées par les utilisateurs aidés par des suggestions dans un texte correspondant.

Figures animées : 67 figures du livre, illustrant différents concepts, techniques et processus, sont présentées sous forme d'animations courtes pour faciliter l'apprentissage.

Étude de cas : Une série de 33 études de cas par Kathleen Cornely (Providence College, Providence, Rhode Island) utilise un apprentissage par problème pour permettre de comprendre les concepts de la biochimie. Chaque cas présente des données de la littérature scientifique et pose des questions qui demandent à l'étudiant d'appliquer des principes à des situations nouvelles impliquant souvent des sujets de plusieurs chapitres de ce livre.

REMERCIEMENTS

Cet ouvrage est le fruit du travail de nombreuses personnes, un certain nombre méritent d'être mentionné, tout particulièrement : Laura Ierardi a ingénieusement combiné les textes, les figures et les tableaux au sein des pages de ce livre. Suzanne Ingraio, notre éditrice de production a habilement dirigé la confection du livre. Madelyn Lesure a conçu la typographie du livre et sa couverture. Joan Kalkut, notre éditrice, a organisé et dirigé le projet dans son ensemble de main de maître. Hilary Newman et Elyse Rieder ont rassemblé un grand nombre de photographies du livre et veillé à leur bon usage. Connie Parks, notre éditrice, a apporté les dernières corrections au manuscrit en éliminant un grand nombre de fautes de grammaire et d'erreurs typographiques. Des remerciements particuliers à Alyson Rentrop, notre éditrice associée, qui a coordonné et dirigé un ensemble exceptionnel de suppléments, et à Tom Kulesa, éditeur senior de média et Marc Wezdecki éditeur de média, qui ont énormément amélioré et développé les ressources interactives. La plupart des illustrations de cette quatrième édition de *Biochemistry* proviennent de la première et de la seconde édition et sont dues à John et Bette Woolsey et Patrick Lane de J/B Woolsey Associates. Le regretté Irving Geis nous a fourni ses extraordinaires illustrations de molécules et nous a fait profiter de ses conseils avisés.

Les coordonnées atomiques de la plupart des protéines et des acides nucléiques représentés dans ce manuel proviennent de la Protein Data Bank (PDB), qui est administrée par le Research Collaboratory for Structural Bioinformatics (RCSB). Nous avons réalisé ces illustrations en utilisant les programmes de graphisme moléculaire PyMOL de Warren DeLano ; RIBBONS de Mike Carson ; et GRASP d'Anthony Nicholls, Kim Sharp et Barry Honig.

Les diagrammes graphiques interactifs présentés sur le site internet qui accompagne ce livre sont des images Jmol ou Kinemage. Jmol est un applet pour navigateur internet, gratuit, open source interactif pour manipuler des molécules en trois dimensions. Il est basé sur le programme RasMol de Roger Sayle, qui l'a généreusement mis en accès publique. Les Kinemages sont visualisées par le programme KING, qui a été écrit et généreusement mis à disposition par David C. Richardson, qui a également écrit et fourni le programme PREKIN, que nous avons utilisé pour aider à créer les Kinemages. KING (Kinemages, Next Generation) est un système interactif pour dessins vectoriels tridimensionnels, qui fonctionne sous les systèmes, Windows, Mac OS X et Linux/Unix.

Nous souhaitons remercier particulièrement les collègues ci-après, qui ont revu le manuel, aussi bien dans sa forme actuelle que dans ses éditions antérieures et qui nous ont fait bénéficier de leurs conseils avisés :

Joseph Babitch, *Texas Christian University*

E.J. Berhman, *Ohio State University*

Karl D. Bishop, *Bucknell University*

Robert Blankenshop, *Arizona State University*

Charles L. Borders, Jr., *The College of Wooster*

Kenneth Brown, *University of Texas at Arlington*

Larry G. Butler, *Purdue University*

Carol Caparelli, *Fox Chase Cancer Center*

W. Scott Champney, *East Tennessee State University*

Paul F. Cook, *The University of Oklahoma*

Glenn Cunningham, *University of Central Florida*

Eugene Davidson, *Georgetown University*

Don Dennis, *University of Delaware*

Walter A. Deutsch, *Louisiana State University*

Kelsey R. Downum, *Florida International University*

William A. Eaton, *National Institutes of Health*

David Eisenberg, *University of California at Los Angeles*

Jeffrey Evans, *University of Southern Mississippi*

David Fahrney, *Colorado State University*

Paul Fitzpatrick, *Texas A&M University*

Robert Fletterick, *University of California at San Francisco*

Norbert C. Furumo, *Eastern Illinois University*

Scott Gilbert, *Swarthmore College*

Guido Guidotti, *Harvard University*

James H. Hageman, *New Mexico State University*

Lowell Hager, *University of Illinois at Urbana-Champaign*

James H. Hammons, *Swarthmore College*

Edward Harris, *Texas A&M University*

Angela Hoffman, *University of Portland*

Ralph A. Jacobson, *California Polytechnic State University*

Eileen Jaffe, *Fox Chase Cancer Center*

Jan G. Jaworski, *Miami University*

William P. Jencks, *Brandeis University*

Mary Ellen Jones, *University of North Carolina*

Jason D. Kahn, *University of Maryland*

Tokuji Kimura, *Wayne State University*

Barrie Kitto, *University of Texas at Austin*

Daniel J. Kosman, *State University of New York at Buffalo*

Robert D. Kuchta, *University of Colorado, Boulder*

Thomas Laue, *University of New Hampshire*

Albert Light, *Purdue University*

Dennis Lohr, *Arizona State University*

Larry Louters, *Calvin College*

Robert D. Lynch, *University of Lowell*

Harold G. Martinson, *University of California at Los Angeles*

Michael Mendenhall, *University of Kentucky*
 Sabeeha Merchant, *University of California at Los Angeles*
 Christopher R. Meyer, *California State University at Fullerton*
 Ronald Montelaro, *Louisiana State University*
 Scott Moore, *Boston University*
 Harry F. Noller, *University of California at Santa Cruz*
 John Ohlsson, *University of Colorado*
 Gary L. Powell, *Clemson University*
 Alan R. Price, *University of Michigan*
 Paul Price, *University of California at San Diego*
 Thomas I. Pynadath, *Kent State University*
 Frank M. Raushel, *Texas A&M University*
 Ivan Rayment, *University of Wisconsin*
 Frederick Rudolph, *Rice University*
 Raghupathy Sarma, *State University of New York at Stony Brook*
 Paul R. Schimmel, *The Scripps Research Institute*
 Thomas Schleich, *University of California at Santa Cruz*
 Allen Scism, *Central Missouri State University*

Charles Shopsis, *Adelphi University*
 Marvin A. Smith, *Brigham Young University*
 Thomas Sneider, *Colorado State University*
 Jochanan Stenish, *Western Michigan University*
 Phyllis Strauss, *Northeastern University*
 JoAnne Stubbe, *Massachusetts Institute of Technology*
 William Sweeney, *Hunter College*
 John Tooze, *European Molecular Biology Organization*
 Mary Lynn Trawick, *Baylor University*
 Francis Vella, *University of Saskatchewan*
 Harold White, *University of Delaware*
 William Widger, *University of Houston*
 Ken Willeford, *Mississippi State University*
 Lauren Williams, *Georgia Institute of Technology*
 Jeffery T. Wong, *University of Toronto*
 Beulah M. Woodfin, *The University of New Mexico*
 James Zimmerman, *Clemson University*

D.V.
 J.G.V.

SOMMAIRE

PARTIE I	INTRODUCTION ET CONTEXTE	1
1	La vie	3
2	Les solutions aqueuses	40
3	Principes de thermodynamique : vue d'ensemble	52
PARTIE II	BIOMOLÉCULES	65
4	Les acides aminés	67
5	Acides nucléiques, expression des gènes et technologie de l'ADN recombinant	82
6	Techniques de purification des protéines et des acides nucléiques	129
7	Structures covalentes des protéines et des acides nucléiques	163
8	Structures tridimensionnelles des protéines	221
9	Repliement des protéines, dynamique et évolution structurale	278
10	L'hémoglobine : fonction d'une protéine dans un microcosme	323
11	Sucres et polysaccharides	359
12	Lipides et membranes	386
PARTIE III	LES MÉCANISMES DE L'ACTION ENZYMATIQUE	467
13	Introduction aux enzymes	469
14	Vitesses des réactions enzymatiques	482
15	Catalyse enzymatique	506
PARTIE IV	LE MÉTABOLISME	557
16	Introduction au métabolisme	559
17	La glycolyse	593
18	Métabolisme du glycogène	638
19	Transduction du signal	671
20	Les transports membranaires	744
21	Le cycle de l'acide citrique	789
22	Transport des électrons et phosphorylations oxydatives	823
23	Autres voies du métabolisme des glucides	871
24	La photosynthèse	901
25	Métabolisme des lipides	940
26	Métabolisme des acides aminés	1019
27	Métabolisme énergétique : intégration et spécialisation d'organes	1088
28	Métabolisme des nucléotides	1107
PARTIE V	L'EXPRESSION ET LA TRANSMISSION DE L'INFORMATION GÉNÉTIQUE	1143
29	Structure des acides nucléiques	1145
30	Réplication, réparation et recombinaison de l'ADN	1173
31	Transcription	1260
32	Traduction	1338
33	Les virus : des modèles pour comprendre le fonctionnement à l'échelle cellulaire	1429
34	L'expression des gènes eucaryotes	1481

TABLE DES MATIÈRES

PARTIE I

INTRODUCTION ET CONTEXTE 1

CHAPITRE 1 La vie 3

1. Les procaryotes 3
2. Les eucaryotes 6
3. La biochimie : prologue 14
4. La génétique : vue d'ensemble 19
5. L'origine de la vie 28
6. La littérature en biochimie 34

CHAPITRE 2 Les solutions aqueuses 40

1. Propriétés de l'eau 40
2. Acides, bases et tampons 45

CHAPITRE 3 Principes de thermodynamique : vue d'ensemble 52

1. Premier principe de la thermodynamique : l'énergie se conserve 52
2. Deuxième principe de la thermodynamique : l'univers tend vers un désordre maximal 54
3. L'énergie libre : indice de spontanéité 57
4. Les équilibres chimiques 58

PARTIE II

BIOMOLÉCULES 65

CHAPITRE 4 Les acides aminés 67

1. Acides aminés des protéines 67
2. Activité optique 73
3. Acides aminés « non standards » 78

CHAPITRE 5 Acides nucléiques, expression des gènes et technologie de l'ADN recombinant 82

1. Nucléotides et acides nucléiques 82
2. L'ADN est le support de l'information génétique 85
3. L'ADN en double hélice 88
4. Expression des gènes et réplication : vue d'ensemble 95
5. Le clonage moléculaire 104

CHAPITRE 6 Techniques de purification des protéines et des acides nucléiques 129

1. Isolement des protéines 129
2. Solubilité des protéines 133
3. Séparation par chromatographie 135
4. Électrophorèse 146
5. Ultracentrifugation 152
6. Fractionnement des acides nucléiques 156

CHAPITRE 7 Structures covalentes des protéines et des acides nucléiques 163

1. Détermination de la structure primaire des protéines 164
2. Séquençage des acides nucléiques 176
3. Évolution chimique des protéines 185
4. Introduction à la bioinformatique 194
5. Synthèse chimique de polypeptides 205
6. Synthèse chimique d'oligonucléotides 209

CHAPITRE 8 Structures tridimensionnelles des protéines 221

1. Structure secondaire 221
2. Les protéines fibreuses 232
3. Les protéines globulaires 241
4. Stabilité des protéines 259
5. Structure quaternaire 266

CHAPITRE 9 Repliement des protéines, dynamique et évolution structurale 278

1. Repliement des protéines : théorie et expérimentation 278
2. Rôle des protéines auxiliaires du repliement 290
3. Prédiction et conception de la structure des protéines 302
4. Dynamique des protéines 306
5. Maladies conformationnelles : amyloïdes et prions 309
6. Évolution structurale 316

CHAPITRE 10 L'hémoglobine : fonction d'une protéine dans un microcosme 323

1. Fonction de l'hémoglobine et de la myoglobine 323
2. Structure et mécanisme 331
3. Hémoglobines anormales 341
4. Régulation allostérique 347

CHAPITRE 11 Sucres et polysaccharides 359

1. Les monosaccharides 359
2. Les polysaccharides 365
3. Les glycoprotéines 373

CHAPITRE 12 Lipides et membranes 386

1. Classification des lipides 386
2. Propriétés des agrégats lipidiques 393
3. Les membranes biologiques 399
4. Assemblage des membranes et adressage des protéines 418
5. Les lipoprotéines 449

PARTIE III LES MÉCANISMES DE L'ACTION ENZYMATIQUE 467

CHAPITRE 13 Introduction aux enzymes 469

1. Perspective historique 469
2. Spécificité pour le substrat 470
3. Coenzymes 473
4. Régulation de l'activité enzymatique 474
5. Une amorce de nomenclature des enzymes 479

CHAPITRE 14 Vitesses des réactions enzymatiques 482

1. Cinétique chimique 482
2. Cinétique enzymatique 487
3. Inhibition 492
4. Influence du pH 496
5. Réactions à deux substrats 497

CHAPITRE 15 Catalyse enzymatique 506

1. Mécanismes catalytiques 506
2. Le lysozyme 517
3. Les protéases à sérine 525
4. La conception de médicaments 539

PARTIE IV LE MÉTABOLISME 557

CHAPITRE 16 Introduction au métabolisme 559

1. Voies métaboliques 559
2. Mécanismes des réactions organiques 562
3. Approches expérimentales de l'étude du métabolisme 569
4. Thermodynamique des composés phosphorylés 578
5. Réactions d'oxydo-réduction 583
6. Réactions thermodynamiques de la vie 586

CHAPITRE 17 La glycolyse 593

1. La voie Glycolytique 593
2. Réactions de la glycolyse 595
3. La fermentation : sort du pyruvate en anaérobiose 614
4. Régulation métabolique et contrôle métabolique 619
5. Métabolisme d'hexose autres que le glucose 630

CHAPITRE 18 Métabolisme du glycogène 638

1. Dégradation du glycogène 638
2. Synthèse du glycogène 644
3. Contrôle du métabolisme du glycogène 647
4. Maladies de stockage du glycogène 666

CHAPITRE 19 Transduction du signal 671

1. Les hormones 671
2. Protéines G hétérotrimériques 688
3. Signalisation par des tyrosine-kinases 699
4. Cascade des phosphoinositides 725

CHAPITRE 20 Les transports membranaires 744

1. Thermodynamique des transports 744
2. Cinétique et mécanismes des transports 745

3. Transports actifs ATP-dépendants 758
4. Transports actifs secondaires par dissipation de gradients d'ions 768
5. La neurotransmission 771

CHAPITRE 21 Le cycle de l'acide citrique 789

1. Vue d'ensemble du cycle 789
2. Origines métaboliques de l'acétyl-coenzyme A 792
3. Enzymes du cycle de l'acide citrique 806
4. Régulation du cycle de l'acide citrique 815
5. Caractère amphibolique du cycle de l'acide citrique 817

CHAPITRE 22 Transport des électrons et phosphorylations oxydatives 823

1. La mitochondrie 823
2. Le transport des électrons 828
3. Les phosphorylations oxydatives 845
4. Contrôle de la production d'ATP 862

CHAPITRE 23 Autres voies du métabolisme des glucides 871

1. Gluconéogenèse 871
2. Cycle du glyoxylate 880
3. Biosynthèse des oligosaccharides et des glycoprotéines 880
4. Voie des pentoses phosphate 892

CHAPITRE 24 La photosynthèse 901

1. Les chloroplastes 901
2. La phase lumineuse 903
3. La phase obscure 926

CHAPITRE 25 Métabolisme des lipides 940

1. Digestion, absorption et transport des lipides 940
2. Oxydation des acides gras 945
3. Corps cétoniques 959
4. Biosynthèse des acides gras 961
5. Régulation du métabolisme des acides gras 973
6. Métabolisme du cholestérol 975
7. Métabolisme des eicosanoïdes : prostaglandines, prostacyclines, thromboxanes, leucotriènes et lipoxines 993
8. Métabolisme des phospholipides et des glycolipides 1004

CHAPITRE 26 Métabolisme des acides aminés 1019

1. Désamination des acides aminés 1019
2. Le cycle de l'urée 1025
3. Catabolisme des acides aminés 1029
4. Acides aminés en tant que précurseurs biosynthétiques 1047
5. Biosynthèse des acides aminés 1064
6. Fixation de l'azote 1078

CHAPITRE 27 Métabolisme énergétique : intégration et spécialisation d'organes 1088

1. Principales voies et stratégies du métabolisme énergétique : résumé 1088

- 2. Spécialisation d'organes 1090
- 3. Homéostasie métabolique : régulation de l'appétit, de la dépense d'énergie et de la masse corporelle 1095
- 4. Adaptation métabolique 1101

CHAPITRE 28 **Métabolisme des nucléotides** 1107

- 1. Synthèse des ribonucléotides puriques 1107
- 2. Synthèse des ribonucléotides pyrimidiques 1114
- 3. Formation des désoxyribonucléotides 1119
- 4. Dégradation des nucléotides 1130
- 5. Biosynthèse des coenzymes nucléotidiques 1136

PARTIE V **L'EXPRESSION ET LA TRANSMISSION DE L'INFORMATION GÉNÉTIQUE** 1143

CHAPITRE 29 **Structure des acides nucléiques** 1145

- 1. Les structures en doubles hélices 1145
- 2. Les forces stabilisant les structures des acides nucléiques 1151
- 3. L'ADN superenroulé 1158

CHAPITRE 30 **Réplication, réparation et recombinaison de l'ADN** 1173

- 1. La réplication de l'adn : généralités 1173
- 2. Les enzymes de la réplication 1176
- 3. Les mécanismes de la réplication chez les procaryotes 1190
- 4. La réplication de l'adn chez les eucaryotes 1201
- 5. La réparation de l'ADN 1213
- 6. La recombinaison et les éléments génétiques mobiles 1225
- 7. La méthylation de l'ADN et l'expansion des répétitions de motifs de trois nucléotides 1246

CHAPITRE 31 **Transcription** 1260

- 1. Le rôle de l'ARN dans la synthèse protéique 1260
- 2. L'ARN polymérase 1265
- 3. Contrôle de la transcription chez les procaryotes 1283
- 4. Maturations post-transcriptionnelles 1301

CHAPITRE 32 **Traduction** 1338

- 1. Le code génétique 1338
- 2. L'ARN de transfert et son amino-acylation 1345
- 3. Les ribosomes et la synthèse polypeptidique 1362
- 4. Contrôle de la traduction chez les eucaryotes 1398
- 5. Modifications post-traductionnelles 1403
- 6. Dégradation des protéines 1408

CHAPITRE 33 **Les virus : des modèles pour comprendre le fonctionnement à l'échelle cellulaire** 1429

- 1. Le virus de la mosaïque du tabac 1431
- 2. Les virus icosaédriques 1436
- 3. Le bactériophage λ 1448
- 4. Le virus de la grippe 1468

CHAPITRE 34 **L'expression des gènes eucaryotes** 1481

- 1. Structure des chromosomes 1481
- 2. Organisation des génomes 1496
- 3. Contrôle de l'expression génique 1511
- 4. Différenciation cellulaire et croissance 1549

CHAPITRE 35 **Physiologie moléculaire** 1593

- 1. La coagulation sanguine 1593
- 2. L'immunité 1607
- 3. La motilité : muscles, cils et flagelles 1639

INDEX I-1

GUIDES DES RESSOURCES SUR LE WEB

Le site compagnon (www.wiley.com/college/voet) offrent différentes ressources pour renforcer la compréhension de la biochimie chez l'étudiant. Vous y trouverez des liens vers des figures et des sections du texte. Ces compléments sont signalés dans le livre par l'icône d'une souris rouge.

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page	
2 Les solutions aqueuses	Animated Figure	Courbes de titration acide-base d'1 L de solutions 1 M d'acide acétique, de H_2PO_4^- et de NH_4^+ par une base forte.	Figure 2-11	47	
	Animated Figure	Courbe de titration d'une solution d'1 L de H_3PO_4 1 M.	Figure 2-13	49	
4 Les acides aminés	Animated Figure	Courbe de titration de la glycine.	Figure 4-6	72	
5 Acides nucléiques, expression des gènes et technologie de l'ADN recombinant	Kinimage Exercise	2.1. Structure 3-D de l'ADN-B.	Figure 5-11	89	
	Interactive Exercise	1. Structure 3-D de l'ADN-B.	Figure 5-11	89	
	Kinimage Exercise	2-2, 17-2. Les paires de bases Watson-Crick.	Figure 5-12	89	
	Animated Figure	Démonstration de la nature semi-conservative de la réplication de l'ADN, chez <i>E. coli</i> , par ultracentrifugation en gradient de densité.	Figure 5-13	89	
	Animated Figure	Spectre d'absorbance des bases des acides nucléiques et de l'ADN.	Figure 5-15	92	
	Animated Figure	Exemple de courbe de fusion de l'ADN.	Figure 5-16	93	
	Guided Exploration	1 : Expression des gènes et réplication : vue d'ensemble	Section 5-4	95	
	Guided Exploration	2 : Contrôle de la transcription de l'opéron <i>lac</i> .	Figure 5-25	97	
	Animated Figure	Construction d'une molécule d'ADN recombinant.	Figure 5-44	109	
	Animated Figure	Clonage d'ADN étranger dans des phages λ .	Figure 5-47	111	
6 Techniques de purification des protéines et des acides nucléiques	Guided Exploration	3 : Amplification d'ADN par réaction de polymérisation en chaîne	Section 5-5F	114	
	Animated Figure	Mutagenèse dirigée.	Figure 5-55	119	
	Animated Figure	Test immunoenzymatique ou ELISA (<i>enzyme-linked immunosorbent assay</i>).	Figure 6-1	132	
	Animated Figure	Chromatographie d'échanges d'ions avec élution par paliers.	Figure 6-6	136	
	Animated Figure	Chromatographie par filtration sur gel.	Figure 6-9	139	
	7 Structures covalentes des protéines et des acides nucléiques	Guided Exploration	4 : Détermination de la structure primaire des protéines	Section 7-1	164
		Animated Figure	La dégradation d'Edman.	Figure 7-4	167
		Animated Figure	La séquence en acides aminés d'une chaîne polypeptidique est déterminée en comparant les séquences de deux séries de fragments peptidiques se recouvrant mutuellement.	Figure 7-6	171
		Guided Exploration	5 : Méthode de Sanger par blocage de chaîne en cours de synthèse	Section 7-2A	176
		Guided Exploration	6 : Introduction à la bioinformatique	Section 7-4	194

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
8 Structures tridimensionnelles des protéines	Kinemage Exercise	3-1. Le groupement peptidique trans.	Figure 8-1, 8-2, 8-4	221, 222, 223
	Guided Exploration	7 : Structures en hélice	Section 8-1B	225
	Kinemage Exercise	3-2. L'hélice α de pas à droite.	Figure 8-11, 8-12	226, 227
	Animated Figure	L'hélice α de pas à droite.	Figure 8-11	226
	Guided Exploration	8 : Liaisons hydrogène dans les feuillets β	Section 8-1C	229
	Guided Exploration	9 : Structures secondaires dans les protéines	Section 8-1C	229
	Kinemage Exercise	3-3. Feuilletts plissés β .	Figure 8-16, 8-17, 8-18	229, 230, 231
	Animated Figure	Feuilletts plissés β .	Figure 8-16	229
	Interactive Exercise	2. Triose phosphate isomérase	Figure 8-19	231
	Kinemage Exercise	3-4. Beta bends (reverse turns)	Figure 8-22	233
	Kinemage Exercise	4-1, 4-2. Spire enroulée à deux brins.	Figure 8-26	235
	Kinemage Exercise	4-3, 4-4. Structure d'un peptide modèle du collagène.	Figure 8-29, 8-30	237
	Kinemage Exercise	6-1. Myoglobine	Figure 8-39	245
	Interactive Exercise	3. Structure par rayons X de l'anhydrase carbonique humaine.	Figure 8-41 (also Figure 15-5)	246 (also 512)
	Interactive Exercise	4. Structure par rayons X du cytochrome <i>c</i> de cœur de cheval.	Figure 8-42	247
	Kinemage Exercise	5-1. Cytochromes <i>c</i>	Figure 8-42	247
	Kinemage Exercise	3-2. L'hélice	Figure 8-43	248
	Kinemage Exercise	3-3. Feuillet β	Figure 8-44	249
	Interactive Exercise	5. Glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase	Figure 8-45	249
	Animated Figure	Exemples de symétries possibles de protéines ayant des protomères identiques.	Figure 8-65	268
9 Repliement des protéines, dynamique et évolution structurale	Animated Figure	Réactions catalysées par la protéine disulfure isomérase (PDI).	Figure 9-15	290
	Guided Exploration	10 : Évolution de la protéine	Section 8-6A	316
	Kinemage Exercise	5-1. Cytochromes <i>c</i>	Figure 9-41	317
10 L'hémoglobine : fonction d'une protéine dans un microcosme	Animated Figure	Courbes de dissociation de l'oxygène à partir de MbO ₂ et de HbO ₂ dans le sang complet.	Figure 10-3	326
	Animated Figure	Influences du BPG et du CO ₂ , seuls ou ensemble, sur la courbe de dissociation de HbO ₂ comparée à celle du sang complet (<i>courbe en rouge</i>).	Figure 10-8	330
	Kinemage Exercise	6-1. Myoglobine	Figure 10-11, 10-12	332, 333
	Kinemage Exercise	6-2, 6-3. Hémoglobine et myoglobine	Figure 10-13	334
	Kinemage Exercise	6-4. Structure de l'hémoglobine	Figure 10-15, 10-16	336
	Animated Figure	Mécanisme du déclenchement de la transition T \rightarrow R de Hb.	Figure 10-16	336
	Kinemage Exercise	6-5. L'interface α_1 C- β_2 FG dans HB (<i>a</i>) à l'état T et (<i>b</i>) à l'état R.	Figure 10-17	337
	Kinemage Exercise	Liaison du BPG à la désoxyHb.	Figure 10-21	341

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
11 Sucres et polysaccharides	Kinimage Exercise	7-1. D-Glucopyranose	Figure 11-5, 11-7	362, 363
	Kinimage Exercise	7-2. Sucrose	Figure 11-13	367
	Kinimage Exercise	7-3. Acide hyaluronique	Figure 11-21	371
	Kinimage Exercise	7-4. Structure d'un carbohydrate complexe	Figure 11-32	379
12 Lipides et membranes	Guided Exploration	11 : Structure membranaire et le modèle en mosaïque fluide	Figures 12-15, 12-16, 12-20	396, 397, 400
	Kinimage Exercise	8-1. Structure de la bactériorhodopsine.	Figure 12-25	403
	Kinimage Exercise	8-2. Centre de réaction photosynthétique	Figure 12-26	404
	Kinimage Exercise	8-3. Porine	Figure 12-27	405
	Animated Figure	Synthèse ribosomique, insertion membranaire, et début de la glycosylation d'une protéine membranaire intrinsèque, par la voie sécrétoire.	Figure 12-46	421
	Animated Figure	Un modèle pour le transport plasmatique des triacylglycérols et du cholestérol chez l'être humain.	Figure 12-86	452
13 Introduction aux enzymes	Animated Figure	Variation de la vitesse de la réaction catalysée par l'ATCase en fonction de la concentration en aspartate.	Figure 13-5	475
	Kinimage Exercise	11-1. Structure de l'ATCase	Figure 13-7, 13-9	476, 478
	Kinimage Exercise	11-2. Changements conformationnels de l'ATCase	Figure 13-9	478
14 Vitesses des réactions enzymatiques	Guided Exploration	12 : La cinétique de Michaelis-Menten, les représentations graphiques de Lineweaver et Burk et l'inhibition enzymatique	Section 14-2	487
	Animated Figurevw	Courbes d'évolution des composés lors d'une réaction de Michaelis-Menten simple.	Figure 14-7	488
	Animated Figure	Variation de la vitesse initiale v_0 en fonction de la concentration en substrat [S] pour une réaction de Michaelis-Menten simple.	Figure 14-8	489
	Animated Figure	Représentation en double inverse (Lineweaver-Burk).	Figure 14-9	490
	Animated Figure	Représentation de Lineweaver-Burk de l'enzyme michaelienne simple décrite à la Fig. 14-11, en présence d'un inhibiteur compétitif.	Figure 14-12	494
	Animated Figure	Représentation de Lineweaver-Burk d'une enzyme michaelienne simple en présence d'un inhibiteur incompétitif.	Figure 14-13	495
	Animated Figure	Représentation de Lineweaver-Burk d'une enzyme michaelienne simple en présence d'un inhibiteur mixte.	Figure 14-14	496
15 Catalyse enzymatique	Interactive Exercise	3. Anhydrase carbonique humaine	Figure 15-5	512
	Animated Figure	Représentation des trajets réactionnels d'une réaction enzymatique hypothétique à un substrat (<i>bleu</i>), et la même réaction non catalysée (<i>rouge</i>).	Figure 15-7	516
	Interactive Exercise	6. Lysozyme de HEW en complexe avec (NAG) ₆	Figure 15-10	519

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
	Kinemage Exercise	9. Lysozyme	Figure 15-10, 15-12, 15-14,	518, 519, 521
	Animated Figure	Conformations en chaise et en demi-chaise.	Figure 15-11	519
	Kinemage Exercise	10-1. Structure par rayon X de la trypsine	Figure 15-19	528
	Guided Exploration	12 : Le mécanisme catalytique des protéases à sérine	Section 15-3C	531
	Kinemage Exercise	10-2. Représentation schématique de la subtilisine, de la chymotrypsine et de la trypsine	Figure 15-22	531
	Kinemage Exercise	10-3. Stabilisation de l'état de transition de la chymotrypsine	Figure 15-25	534
	Kinemage Exercise	10-4. Comparaison du chymotrypsine avec le chymotrypsinogène	Figure 15-28	538
	Interactive Exercise	7. Protéase du VIH-1	Figure 15-38	548
17 La glycolyse	Guided Exploration	14 : Vue d'ensemble de la glycolyse	Section 17-2	595
	Animated Figure	Dégradation du glucose par la voie glycolytique.	Figure 17-3	596
	Interactive Exercise	8. Modifications conformationnelles dans l'hexokinase de levure lors de la liaison du glucose.	Figure 17-5	598
	Animated Figure	Mécanisme enzymatique des aldolases de Classe I.	Figure 17-9	602
	Interactive Exercise	2. Représentation en ruban de la TIM de levure complexée à l'analogue de l'état de transition, le 2-phosphoglycolate.	Figure 17-11	605
	Kinemage Exercise	12-1, 12-2. Triose phosphate isomérase	Figure 17-11	605
	Animated Figure	Mécanisme enzymatique de la glyceraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase.	Figure 17-14	608
	Interactive Exercise	9. Mécanisme réactionnel de la pyruvate décarboxylase.	Figure 17-28	617
	Kinemage Exercise	13-1, 13-2. Phosphofructokinase	Figure 17-32	626
	Animated Figure	Activité de la PFK en fonction de la concentration en F6P.	Figure 17-33	627
	Interactive Exercise	9A. Adenylate kinase	Figure 17-34	628
18 Métabolisme du glycogène	Kinemage Exercise	14-1. Glycogène	Figure 18-2	640
	Kinemage Exercise	14-2, 14-3. Modification conformationnelle de la glycogène phosphorylase	Figure 18-11	649
	Guided Exploration	16 : Contrôle de la glycogénolyse	Figure 18-14	652
	Animated Figure	Représentation schématique des principaux systèmes de modification impliqués dans le contrôle du métabolisme du glycogène dans le muscle.	Figure 18-14	652
	Interactive Exercise	10. Sous-unité catalytique (C) de la protéine kinase AMPc-dépendante (PKA)	Figure 18-15	654
	Kinemage Exercise	15-1. Protéine kinase A (PKA)	Figure 18-15	654
	Kinemage Exercise	16-1. Structure de la calmoduline	Figure 18-17, 18-18	656
	Kinemage Exercise	16-2. Complexe de calmoduline avec son polypeptide cible	Figure 18-19	657

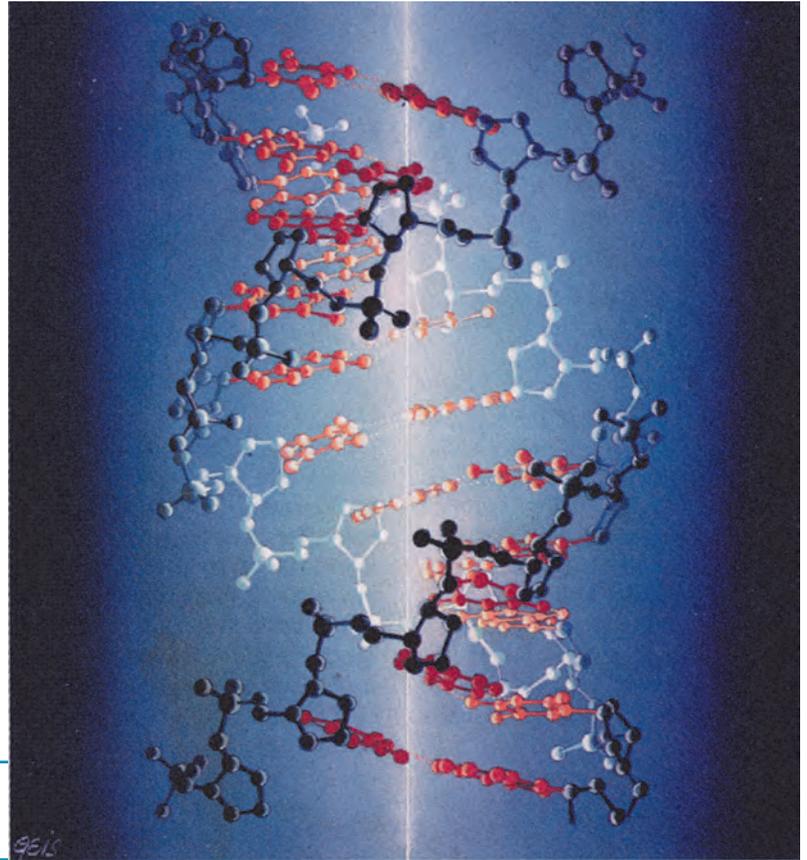
Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
19 Transduction du signal	Interactive Exercise	Structure, déterminée par rayons X, de l'hormone de croissance humaine (hGH), complexée avec deux molécules du domaine extracellulaire de son récepteur (hGHbp).	Figure 19-10	684
	Guided Exploration	16 : Les mécanismes de la signalisation hormonale utilisent le système de l'adénylate cyclase	Section 19-2A	688
	Interactive Exercise	12. Protéine G hétérotrimétrique	Figure 19-19	694
	Guided Exploration	17. Les mécanismes de la signalisation hormonale utilisant le système de récepteurs tyrosine kinase	Section 19-3	699
	Interactive Exercise	13. Récepteur insulinique	Figure 19-28	702
	Animated Figure	La cascade des MAP kinases activée par Ras.	Figure 19-40	712
	Animated Figure	Rôle de PIP2 dans la signalisation intracellulaire.	Figure 19-54	726
20 Les transports membranaires	Animated Figure	Modèle de conformations alternatives pour le transport du glucose.	Figure 20-10	751
	Animated Figure	Régulation de l'entrée du glucose dans les cellules musculaires et les adipocytes.	Figure 20-11	751
	Interactive Exercise	14. Canal potassique KcsA	Figure 20-13	754
21 Le cycle de l'acide citrique	Guided Exploration	18 : Vue d'ensemble du cycle de l'acide citrique	Section 21-1	789
	Animated Figure	Réactions du cycle de l'acide citrique.	Figure 21-1	790
	Interactive Exercise	15. Modifications conformationnelles de la citrate synthase.	Figure 21-18	806
	Animated Figure	Régulation du cycle de l'acide citrique.	Figure 21-25	816
	Animated Figure	Fonctions amphiboliques du cycle de l'acide citrique.	Figure 21-26	818
22 Transport des électrons et phosphorylations oxydatives	Guided Exploration	19. Transport des électrons et vue d'ensemble de la phosphorylation oxydative.	Section 22-2B	829
	Animated Figure	La chaîne mitochondriale de transport des électrons.	Figure 22-14	834
	Interactive Exercise	16. Ferrédoxine	Figure 22-16	835
	Interactive Exercise	17. Complexe III	Figure 22-23	840
	Interactive Exercise	18. Bovine heart cytochrome coxidase	Figure 22-24	842
	Animated Figure	Couplage entre le transport des électrons (<i>flèche verte</i>) et la synthèse d'ATP.	Figure 22-29	846
	Guided Exploration	20 : Le cycle Q	Section 22-3Be	847
	Guided Exploration	21 : ATP synthase F_1F_0 et le mécanisme du changement d'affinité de liaison	Section 22-3C	852
	Interactive Exercise	19. ATPase- F_1	Figure 22-38	854
	Animated Figure	Mécanisme du changement d'affinité énergie-dépendant de la synthèse d'ATP par l'ATP synthase-pompe à protons.	Figure 22-42	857
Animated Figure	Représentation schématique du contrôle coordonné de la glycolyse et du cycle de l'acide citrique par l'ATP, l'ADP, l'AMP, P_i , Ca^{2+} et le rapport $[NADH]/[NAD^+]$ (les flèches verticales indiquent une augmentation de ce rapport).	Figure 22-49	863	

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
23 Autres voies du métabolisme des glucides	Animated Figure	Transports du PEP et de l'oxaloacétate de la mitochondrie dans le cytosol.	Figure 23-7	877
	Animated Figure	Voies de la gluconéogenèse et de glycolyse.	Figure 23-8	878
	Animated Figure	Cycle des Cori.	Figure 23-10	880
	Animated Figure	Rôle du cycle calnexine/calréticuline dans le repliement des glycoprotéines au sein du réticulum endoplasmique.	Figure 23-16	884
24 La photosynthèse	Animated Figure	Diagramme énergétique représentant schématiquement les états électroniques de la chlorophylle et ses modes de transition les plus importants.	Figure 24-4	905
	Interactive Exercise	20. Structure par rayons X de LH2	Figure 24-8	907
	Interactive Exercise	21. Représentation en ruban du centre réactionnel photosynthétique (RC) de <i>Rb. sphaeroides</i> .	Figure 24-11	910
	Kinemage Exercise	8-2. Centre réactionnel photosynthétique	Figure 24-11, 24-12	910, 911
	Guided Exploration	22 : Vue d'ensemble de la photosynthèse à deux centres (schéma en Z)	Section 24-2C	913
	Interactive Exercise	22. La ferrédoxine–NADP ⁺ réductase.	Figure 24-28	924
	Animated Figure	Le cycle de Calvin.	Figure 24-31	929
25 Métabolisme des lipides	Animated Figure	Voie de la β oxydation des acyl-CoA.	Figure 25-12	947
	Interactive Exercise	23. Représentation en ruban de la région du site actif d'une sous-unité de l'acyl-CoA déshydrogénase à longueur de chaîne moyenne, de mitochondrie de foie de porc, complexée à de l'octanyl-CoA.	Figure 25-13	948
	Interactive Exercise	24. Methylmalonyl-CoA mutase	Figure 25-22	955
	Animated Figure	Comparaison des voies de β oxydation et de synthèse des acides gras.	Figure 25-29	962
	Animated Figure	Séquence des réactions de la biosynthèse des acides gras.	Figure 25-32	964
	Animated Figure	Endocytose par récepteurs de LDL dans les cellules de mammifère.	Figure 25-60	986
26 Métabolisme des acides aminés	Animated Figure	Mécanisme de la transamination enzymatique PLP-dépendante.	Figure 26-2	1021
	Animated Figure	Le cycle glucose–alanine.	Figure 26-3	1022
	Animated Figure	Le cycle de l'urée.	Figure 26-7	1027
	Interactive Exercise	Représentation en ruban de l'enzyme bifonctionnelle tryptophane synthase de <i>S. typhimurium</i> .	Figure 26-64	1078
	Interactive Exercise	26. <i>A. vinelandii</i> nitrogenase	Figure 26-67	1080
27 Métabolisme énergétique : intégration et spécialisation d'organes	Interactive Exercise	27. Leptine humaine	Figure 27-7	1098
28 Métabolisme des nucléotides	Animated Figure	Voie de biosynthèse <i>de novo</i> de l'IMP.	Figure 28-2	1108
	Animated Figure	Réseau de régulation de la voie de biosynthèse des purines.	Figure 28-5	1113
	Animated Figure	Régulation de la synthèse des pyrimidines.	Figure 28-11	1118
	Interactive Exercise	28. La ribonucléotide réductase de Classe I d' <i>E. coli</i> .	Figure 28-12	1120

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
	Interactive Exercise	29. Dihydrofolate réductase humaine	Figure 28-22	1129
	Interactive Exercise	30. Adénosine désaminase	Figure 28-24	1131
29 Structure des acides nucléiques	Guided Exploration	23 : Structures de l'ADN	Section 29-1	1145
	Kinemage Exercise	17-1, 17-4, 17-5, 17-6. Structures des ADN-A, -B et -Z.	Figure 29-1	1147
	Interactive Exercise	31. Hélice hybride d'ARN-ADN de 10-bp	Figure 29-4	1151
	Kinemage Exercise	17-3 Les conformations du sucre des nucléotides.	Figure 29-8	1153
	Guided Exploration	24. Surenroulement de l'ADN	Section 29-3	1158
	Interactive Exercise	32. Topoisomérase II de S	Figure 29-30	1168
30 Réplication, réparation et recombinaison de l'ADN	Interactive Exercise	33. Fragment de Klenow de l'ADN polymérase I d' <i>E. coli</i>	Figure 30-8	1178
	Guided Exploration	25 : La réplication de l'ADN chez <i>E. coli</i>	Section 30-3C	1193
	Interactive Exercise	34. Structure par rayons X de la protéine Tus d' <i>E. coli</i> complexée avec un ADN de 15 pb contenant un site <i>Ter</i> .	Figure 30-37	1199
	Interactive Exercise	35. PCNA humain	Figure 30-42	1204
	Interactive Exercise	36. Transcriptase inverse de VIH-1	Figure 30-48	1209
	Animated Figure	Le modèle de Holliday pour la recombinaison homologue entre des duplex d'ADN homologues.	Figure 30-67	1226
31 Transcription	Guided Exploration	2 : Régulation de l'expression génique par le système du répresseur lac	Section 31-1B	1264
	Interactive Exercise	37. Structure par rayons X d'un complexe d'élongation de RNAP II.	Figure 31-22	1279
	Interactive Exercise	38. Structure par rayons X de complexes CAP-AM-Pc-ADNdb.	Figure 31-31	1287
	Guided Exploration	Interactions facteurs de transcription-ADN	Section 31-3Da	1288
	Interactive Exercise	39. Structure par rayons X du fragment des 69 résidus N-terminaux du répresseur du phage 434 en complexe avec un fragment de 20 pb de sa séquence cible.	Figure 31-32	1289
	Kinemage Exercise	18-1. Complexe répresseur-ADN	Figure 31-32	1289
	Interactive Exercise	40. La structure par rayons X d'un complexe répresseur <i>trp</i> -opérateur-tryptophane d' <i>E. coli</i> .	Figure 31-34	1290
	Interactive Exercise	41. Structure par rayons X du complexe répresseur met-SAM-opérateur d' <i>E. coli</i> .	Figure 31-35	1291
	Interactive Exercise	42. L'intron auto-épissable de groupe I de <i>Tetrahymena thermophila</i> .	Figure 31-55	1309
	Interactive Exercise	43. Structure du ribozyme en tête de marteau de <i>Schistosoma mansoni</i> .	Figure 31-57	1311
	32 Traduction	Guided Exploration	26 : Structure de l'ARNt.	Section 32-2A, B
Kinemage Exercise		19-1, 19-2. Structure de l'ARNt ^{Phe} de levure.	Figure 32-11	1348
Kinemage Exercise		19-3. Les neuf interactions par appariements tertiaires dans l'ARNt ^{Phe} de levure.	Figure 32-12	1349
Guided Exploration		27 : Structures des aminoacyl-ARNt synthétases et interactions avec les ARNt.	Section 32-2C	1349
Kinemage Exercise		20-1. Structure par rayons X du complexe GlnRS · ARNt ^{Gln} · ATP d' <i>E. coli</i> .	Figure 32-17	1353
Interactive Exercise		44. Ribosome de <i>T. thermophilus</i>	Figure 32-34	1369

Chapitre	Type de média	Titre	Référence dans le texte	Page
	Guided Exploration	28 : Initiation de la traduction.	Section 32-3Cc	1375
	Guided Exploration	29 : Phase d'élongation de la traduction	Section 32-3D	1379
	Interactive Exercise	45. Comparaison des structures par rayons X d'EF-TU complexé soit au GDP, soit à GMPPNP.	Figure 32-48	1381
	Interactive Exercise	46. L'ubiquitine humaine	Figure 32-75	1409
33 Les virus : des modèles pour comprendre le fonctionnement à l'échelle cellulaire	Interactive Exercise	47. Structure du répresseur de λ	Figure 33-45	1463
	Interactive Exercise	48. Structure par rayons X du dimère de protéine Cro en complexe avec l'ADN-B.	Figure 33-46	1463
34 L'expression des gènes eucaryotes	Interactive Exercise	49. Structure par rayons X de la protéine de liaison à la boîte TATA (TBP).	Figure 34-53	1518
	Interactive Exercise	50. 3 ions de Zn^{2+} de Zif268 dans le complexe avec ADN-cible	Figure 34-62	1527
	Interactive Exercise	51. Liaison à l'ADN du récepteur dimérique des glucocorticoïdes	Figure 34-62	1527
	Interactive Exercise	52. Domaine de liaison à l'ADN de GAL4 associé à un ADN-cible	Figure 34-63	1528
	Kinemage Exercise	21-1. Motif de GCN4 en glissière à leucine.	Figure 34-64	1529
	Interactive Exercise	53. Structure par rayons X de la région GCN4 bZIP associée à son ADN cible.	Figure 34-65	1530
	Interactive Exercise	54. Structure par rayon X du dimère Max (22-113) associé à un ADN-cible.	Figure 34-66	1531
	Interactive Exercise	55. Structure par rayons X de l'homéodomaine de la protéine Engrailed associé à un ADN de 21 pb contenant sa séquence cible.	Figure 34-104	1559
	Interactive Exercise	56. Structure par rayons X de Cdk2, une kinase dépendante des cyclines.	Figure 34-109	1566
	Interactive Exercise	57. Structure par rayons X du domaine de liaison à l'ADN de la protéine p53 humaine associée à sa cible d'ADN.	Figure 34-113	1571
35 Physiologie moléculaire	Interactive Exercise	58. A mouse antibody	Chapitre 35	

« Hot wire » L'ADN
illuminé depuis l'axe
de son hélice



PARTIE I

INTRODUCTION ET CONTEXTE

La vie



CHAPITRE 1

1 Les procaryotes

- A. Morphologie et fonctions
- B. Classification des procaryotes

2 Les eucaryotes

- A. Architecture cellulaire
- B. Phylogénie et différenciation

3. La biochimie : prologue

- A. Structures biologiques
- B. Processus métaboliques
- C. Expression et transmission de l'information génétique

4 La génétique : vue d'ensemble

- A. Les chromosomes
- B. L'hérédité mendélienne
- C. La théorie chromosomique de l'hérédité
- D. La génétique bactérienne
- E. La génétique des virus

5 L'origine de la vie

- A. Les propriétés uniques du carbone
- B. L'évolution chimique
- C. L'émergence des systèmes vivants

6 La littérature en biochimie

- A. Conduire une recherche bibliographique
- B. Lire une publication

Il est d'habitude facile de déterminer si quelque chose est vivant ou non. En effet, les organismes vivants ont beaucoup de propriétés communes, telles que la capacité de récupérer de l'énergie à partir d'aliments pour assurer leurs différentes fonctions, la possibilité de s'adapter rapidement à des changements dans leur environnement, la faculté de croître, de se différencier et, peut-être ce qu'il y a de plus parlant, de se reproduire. Bien sûr, un organisme donné peut ne pas présenter toutes ces caractéristiques. Par exemple, les mulets, qui sont bel et bien vivants, ne se reproduisent que rarement. Inversement, la matière inanimée peut présenter certaines propriétés du vivant. C'est le cas des cristaux, susceptibles d'augmenter de volume lorsqu'on les immerge dans une solution sursaturée du matériau constitutif du cristal en question. Ainsi, la vie, comme beaucoup d'autres phénomènes complexes, est sans doute impossible à définir de façon précise. Norman Horowitz a cependant proposé trois critères pratiques pour reconnaître les systèmes vivants : *réplication, catalyse et mutabilité*. Une grande partie de cet ouvrage explique comment les êtres vivants assurent ces fonctions.

La biochimie est l'étude de la vie à l'échelle moléculaire. Cette étude sera d'autant plus intéressante qu'elle porte sur la biologie des organismes, voire même des populations

de tels organismes. Ce chapitre d'introduction commence donc par une étude sommaire du monde vivant. Suivront un examen succinct des grandes lignes de la biochimie, puis une discussion sur les origines de la vie et, finalement, une introduction à la littérature biochimique.

1 LES PROCARYOTES

On sait depuis longtemps que la vie est fondée sur des unités morphologiques appelées **cellules**. La formulation de ce concept est généralement attribuée à une publication de 1838 de Matthias Schleiden et Theodor Schwann, mais ses origines découlent sans doute des observations faites au dix-septième siècle par les premiers microscopistes tels que Robert Hooke. On distingue deux grandes catégories de cellules : les **eucaryotes** (du grec *eu*, bien ou vrai et *karyon*, amande ou noix), qui ont un **noyau** délimité par une membrane qui renferme leur **ADN (acide désoxyribonucléique)**, et les **procaryotes** (du grec *pro*, avant), qui sont dépourvus de noyau. Les procaryotes, qui comprennent les différents types de bactéries, ont une structure relativement simple et sont toujours unicellulaires (bien qu'ils puissent former des filaments ou des colonies de cellules indépendantes). On estime qu'ils représentent à peu près la moitié de la biomasse de notre planète. Les eucaryotes, qui peuvent être multicellulaires ou unicellulaires, sont beaucoup plus complexes que les procaryotes. (Les **virus**, qui sont des entités bien plus simples que les cellules, ne sont pas classés comme organismes vivants, car ils sont dépourvus de la machinerie métabolique qui leur permettrait de se reproduire hors de leur cellule hôte. Ce sont essentiellement des agrégats moléculaires de grande taille.) Dans cette section, nous étudierons les procaryotes. La section suivante sera consacrée à l'étude des eucaryotes.

A. Morphologie et fonctions

Les procaryotes sont les organismes les plus nombreux et les plus répandus sur Terre. Ceci parce que leurs métabolismes différents et souvent très adaptables leur permettent de vivre dans une variété considérable d'habitats. Outre la possibilité qu'ils ont de vivre dans notre environnement familier tempéré et oxygéné, certains types de bactéries peuvent se développer dans des conditions de vie hostiles aux eucaryotes, ou même exiger ces conditions, telles que des environnements chimiques inhabituels, des températures élevées (jusqu'à 130 °C) ou encore l'absence d'oxygène. De plus, la vitesse de reproduction rapide des procaryotes (un optimum < 20 minutes pour une division cellulaire pour de nombreuses espèces) leur permet de

mettre à profit des conditions de vie momentanément favorables. Inversement, la possibilité pour beaucoup de bactéries de former des **spores** résistantes leur permet de survivre dans des conditions hostiles.

a. Les procaryotes ont une anatomie relativement simple

Les procaryotes, observés pour la première fois en 1683 par l'inventeur du microscope, Antoine van Leeuwenhoek, ont une taille généralement comprise entre 1 et 10 μm . On distingue trois formes typiques (Fig. 1-1) : sphéroïdale (**coque**), en bâtonnet (**bacille**), ou enroulée en hélice (**spirille**), mais ils présentent tous la même disposition générale (Fig. 1-2). Les procaryotes sont délimités, comme toutes les cellules, par une **membrane cellulaire (membrane plasmique)** d'une épaisseur d'environ 70 Å constituée d'une bicouche lipidique dans laquelle sont enchâssées des protéines. Celles-ci contrôlent l'entrée et la sortie de molécules et catalysent diverses réactions. Les cellules de la plupart des procaryotes sont entourées d'une **paroi cellulaire** rigide polysaccharidique de 30 à 250 Å d'épaisseur et dont le rôle essentiel est de protéger la cellule de lésions mécaniques et d'empêcher son éclatement si la pression osmotique du milieu est inférieure à la pression osmotique intracellulaire. Certaines bactéries s'enrobert en plus dans une **capsule** gélatineuse polysaccharidique qui les protège des moyens de défense des organismes supérieurs. Bien que les procaryotes ne contiennent pas les organites subcellulaires membranaires caractéristiques des eucaryotes (Section 1-2), leur membrane plasmique peut se replier pour donner des structures multicouches appelées **mésosomes**. On pense que les mésosomes sont le siège de la réplication de l'ADN ainsi que d'autres réactions enzymatiques particulières.

Le **cytoplasme** des procaryotes (contenu cellulaire) n'a rien à voir avec une soupe homogène. Son unique **chromosome** (la molécule d'ADN, qui peut être présente en plusieurs copies dans le cas d'une cellule en croissance rapide) est condensé pour former un corpuscule appelé **nucléotide**. Le cytoplasme contient aussi de nombreux types d'ARN (**acide ribonucléique**), diverses **enzymes** solubles (protéines

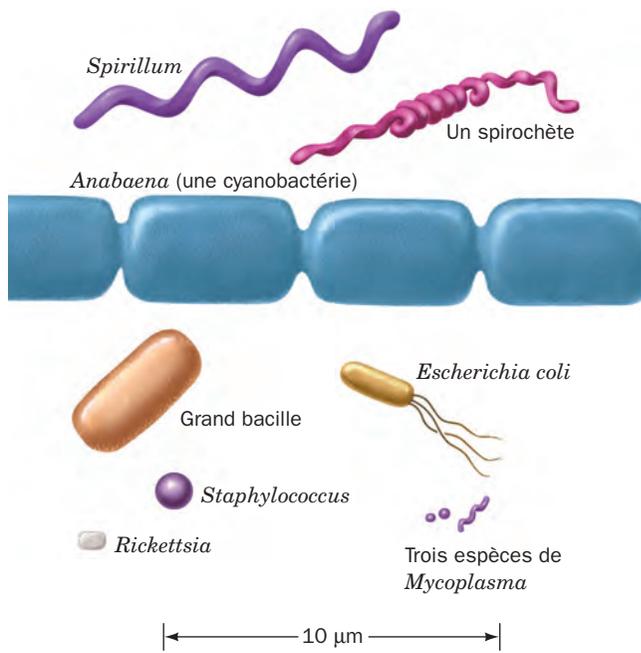


Figure 1-1 Dessins à l'échelle de quelques cellules procaryotes.

qui catalysent des réactions spécifiques) et plusieurs milliers de particules d'un diamètre de 250 Å appelées **ribosomes**, sièges de la synthèse protéique.

De nombreuses bactéries présentent un ou plusieurs appendices en forme de fouet appelés **flagelles**, qui servent à la locomotion (Section 35-31). Certaines bactéries portent aussi des prolongements filamenteux appelés **pili**. Certains pili servent de conduits pour l'ADN lors de la conjugaison sexuelle (un processus au cours duquel l'ADN est transféré d'une cellule à une autre ; les procaryotes se reproduisent généralement par fission binaire), d'autres aident la bactérie à se fixer aux cellules d'un organisme hôte.

La bactérie *Escherichia coli* (en abrégé *E. coli* et ainsi appelée d'après celui qui l'a découverte, Theodor Escherich)

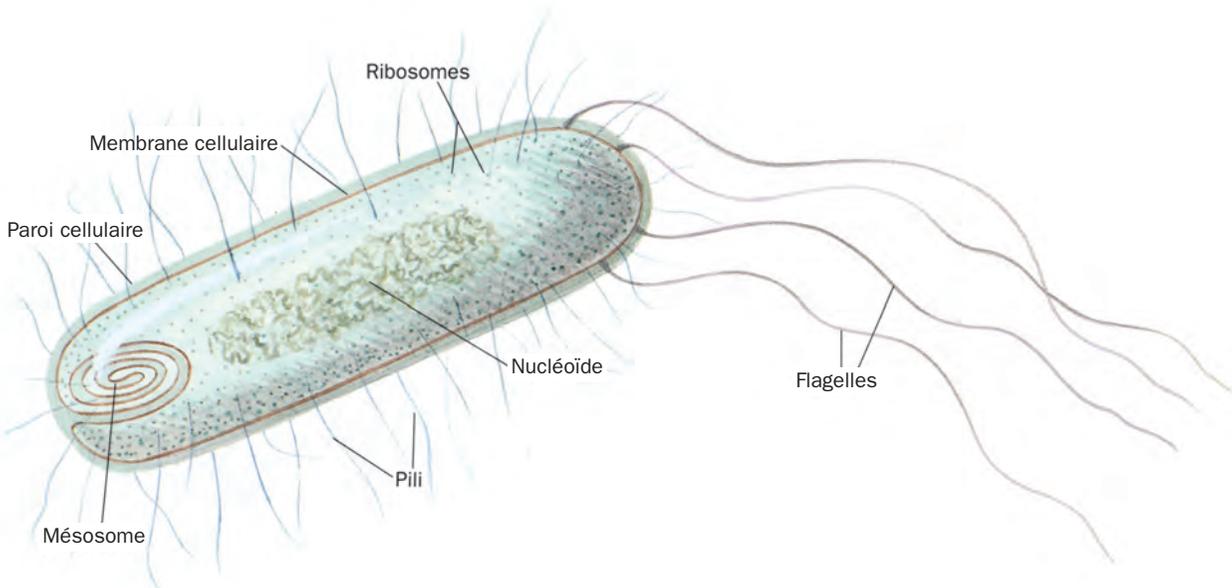
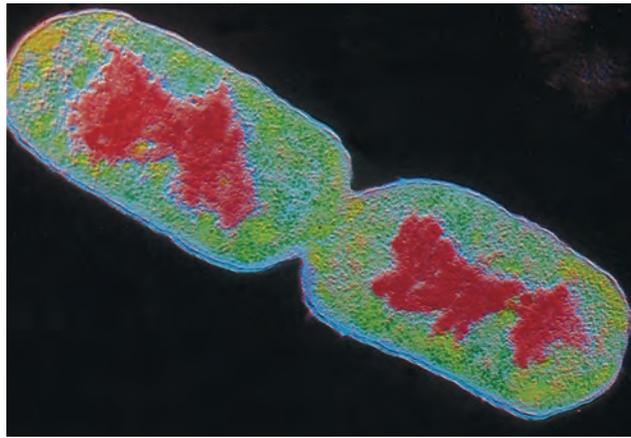
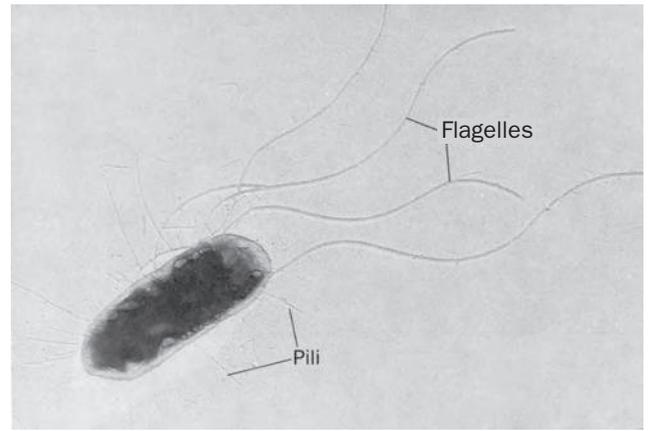


Figure 1-2 Représentation schématique d'une cellule procaryote.



(a)



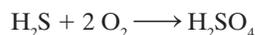
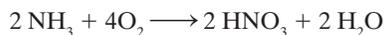
(b)

Figure 1-3 Micrographies électroniques de cellules d'*E. coli* (a) Colorées pour montrer la structure interne [CNRI/Photo Researchers] ; (b) Colorée pour révéler les flagelles et les pili. [Avec la permission de Howard Berg, Harvard University.]

est l'organisme le mieux caractérisé au point de vue biologique, en raison du nombre de travaux biochimiques et génétiques qui lui furent consacrés au cours des soixante dix dernières années. À vrai dire, une bonne partie de ce manuel a trait à la biochimie d'*E. coli*. Les cellules de cet hôte normal du colon des mammifères supérieurs (Fig. 1-3) sont typiquement des bâtonnets de 2 μm de long et d'1 μm de diamètre et elles pèsent $\sim 2 \times 10^{-12}$ g. L'ADN de cette bactérie a une masse moléculaire de $2,5 \times 10^9$ daltons (D)* et code $\sim 4\,300$ protéines (dont seulement ~ 60 à 70% ont été identifiées), bien qu'on n'en trouve en général que $\sim 2\,600$ par cellule à un moment donné. Globalement, *E. coli* contient de 3 000 à 6 000 types de molécules différentes, dont des protéines, des acides nucléiques, des polysaccharides, des lipides et diverses petites molécules et ions (Tableau 1-1).

b. Les procaryotes utilisent une grande variété de sources d'énergie métabolique

Les besoins nutritionnels des procaryotes sont extrêmement variés. Les **autotrophes** (du grec *autos*, soi-même et *trophikos*, nourrir) peuvent synthétiser tous leurs constituants cellulaires à partir de molécules simples telles que H_2O , CO_2 , NH_3 et H_2S . Bien sûr, ils ont besoin d'une source d'énergie pour assurer ces synthèses ainsi que leurs autres fonctions. Les **chimolithotrophes** (du grec *lithos*, pierre) tirent leur énergie de l'oxydation de composés inorganiques tels que NH_3 , H_2S ou même Fe^{2+} :



De fait, des études ont révélé l'existence de vastes colonies de chimolithotrophes à croissance extrêmement lente, qui

*La **masse moléculaire** peut être exprimée en daltons, un dalton étant égal au $1/12^{\text{e}}$ de la masse de l'atome de ^{12}C [unité de masse atomique (uma)]. Cette quantité peut également s'exprimer en termes de poids moléculaire, quantité sans dimension, égale au rapport de la masse de la particule sur le $1/12^{\text{e}}$ de la masse de l'atome de ^{12}C et symbolisée par M_r (pour masse moléculaire relative). Dans ce manuel, nous donnerons plutôt la masse moléculaire (en kD, pour milliers de daltons) que le poids moléculaire d'une particule.

Tableau 1-1 Composition moléculaire de *E. coli*

Constituant	Pourcentage en poids
H_2O	70
Protéine	15
Acides nucléiques :	
ADN	1
ARN	6
Polysaccharides et précurseurs	3
Lipides et précurseurs	2
Autres petites molécules organiques	1
Ions inorganiques	1

Source : Watson, J.D., *Molecular Biology of the Gene* (3^e éd.), p. 69, Benjamin (1976).

vivent jusqu'à 5 kilomètres de profondeur et dont la biomasse rivalise avec celle des organismes de surface.

Les **photoautotrophes** sont des autotrophes qui tirent leur énergie de la **photosynthèse** (Chapitre 24), un processus par lequel l'énergie lumineuse assure le transfert, sur le CO_2 , d'électrons de donneurs inorganiques pour former des **glucides** $[(\text{CH}_2\text{O})_n]$. Dans la forme la plus courante de photosynthèse, le donneur d'électrons de la réaction dépendant de la lumière est l'eau :



Ce processus est utilisé chez les **cyanobactéries** autrefois appelées **algues bleues** (par ex., les organismes visqueux de couleur verte qui se développent sur les parois des aquariums), ainsi que chez les plantes. On pense que cette forme de photosynthèse est à l'origine de l'oxygène qui se trouve dans l'atmosphère terrestre. Certaines espèces de cyanobactéries ont la possibilité de transformer l'azote atmosphérique en composés organiques azotés. Cette propriété de **fixation de l'azote** fait de ces organismes ceux qui assurent leurs besoins nutritionnels de la façon la plus élémentaire :

mis à part leur besoin de petites quantités de minéraux, ils peuvent littéralement vivre de lumière solaire et d'air.

Sous une forme plus primitive de la photosynthèse, des molécules telles que H_2 , H_2S , le thiosulfate ou des composés organiques sont des donneurs d'électrons dans des réactions exigeant la lumière telles que :



Les **bactéries photosynthétiques vertes** ou **pourpres** qui utilisent ce processus peuvent vivre dans des habitats sans oxygène tels que des mares boueuses peu profondes où H_2S se forme suite à la pourriture de matière organique.

Les **hétérotrophes** (du grec *hetero*, autre) tirent leur énergie de l'oxydation de composés organiques et sont donc au final dépendants des autotrophes fournissant ces composés. Les **aérobies obligatoires** (dont les animaux) doivent utiliser l'oxygène, tandis que les **anaérobies** utilisent des agents oxydants comme le sulfate (**bactéries sulfato-réductrices**) ou le nitrate (**bactéries dénitrifiantes**). Beaucoup d'organismes peuvent dégrader partiellement différents composés organiques grâce à des mécanismes d'oxydo-réduction intramoléculaires appelés **fermentations**. Les **anaérobies facultatifs** tels qu'*E. coli* peuvent vivre avec ou sans oxygène. Les **anaérobies obligatoires**, au contraire, sont empoisonnés par l'oxygène. On pense que leurs métabolismes sont proches de celui des premières formes de vie (il y a environ 3,8 milliards d'années, lorsque l'atmosphère terrestre ne contenait pas d'oxygène ; voir Section 1-5B). Quoi qu'il en soit, il y a peu de composés organiques qui ne puissent être métabolisés par l'un ou l'autre des procaryotes.

B. Classification des procaryotes

Les méthodes classiques de la **taxonomie** (science de la classification biologique), basées essentiellement sur les comparaisons anatomiques entre organismes tant contemporains que fossiles, sont pratiquement inutilisables pour les procaryotes. En effet, les structures cellulaires relativement simples des procaryotes, y compris celles des bactéries les plus anciennes comme le montrent leurs restes microfossiles, n'apportent que peu de renseignements sur leurs relations phylogéniques (**phylogénèse** : développement des espèces au cours de l'évolution). Ce problème se trouve accentué par le fait qu'il existe peu de corrélations chez les procaryotes entre morphologie et fonction métabolique. De plus la définition, propre aux eucaryotes, d'une espèce comme étant une population d'individus capable de se reproduire entre eux, n'a aucun sens chez les procaryotes dont la reproduction est asexuée. Par conséquent, les schémas conventionnels de classification des procaryotes sont plutôt arbitraires et ne peuvent faire état des relations phylogéniques que l'on trouve dans les schémas de classification des eucaryotes (Section 1-2B).

Selon le schéma de classification le plus utilisé, les **procaryotes** (appelés aussi **monères**) sont divisés en deux groupes : les cyanobactéries et les **bactéries**. Ces dernières sont divisées en 19 sous-groupes en fonction de leurs diverses caractéristiques propres, notamment la structure de la cellule, leur comportement métabolique et leurs propriétés de coloration.

Un schéma de classification plus simple, qui repose sur les propriétés de la paroi cellulaire, distingue trois types principaux de procaryotes : les **mycoplasmes**, les **bactéries**

Gram positif et les **bactéries Gram négatif**. Les mycoplasmes n'ont pas la paroi cellulaire rigide des autres procaryotes. Ce sont les plus petites de toutes les cellules vivantes (leur diamètre ne fait que $0,12 \mu m$, Fig. 1-1) et elles n'ont que 20 % environ de l'ADN d'*E. coli*. Cette quantité d'information génétique représente probablement le minimum nécessaire à l'élaboration de la machinerie métabolique indispensable à la vie cellulaire. Les bactéries Gram positif et Gram négatif se distinguent selon qu'elles retiennent ou non le **colorant de Gram** (procédé mis au point en 1884 par Christian Gram, qui consiste à fixer les cellules par la chaleur, à les traiter successivement par le violet cristal et par l'iode, puis à les décolorer par l'éthanol ou l'acétone). Les bactéries Gram négatif possèdent autour de leur paroi cellulaire une **membrane externe** complexe qui exclut le colorant de Gram, alors que cette membrane fait défaut chez les bactéries Gram positif (Section 11-3B).

La mise au point, ces dernières décennies, de techniques de détermination des séquences d'acides aminés des protéines (Section 7-1) et des séquences de bases des acides nucléiques (Section 7-2A) a apporté de nombreuses informations sur les relations phylogéniques entre organismes. Ces techniques permettent d'utiliser ces relations sur une base quantitative, et ainsi d'élaborer un système de classification des procaryotes fondé sur des données phylogéniques.

D'après l'analyse des séquences d'ARN ribosomique, Carl Woese a montré qu'un groupe de procaryotes, qu'il a appelées **Archaea** (également connues sous le nom d'**Archéobactéries**), était éloigné des autres procaryotes, les **Bacteria** (également appelées **Eubactéries**), que ces deux groupes le sont des **Eucarya** (les Eucaryotes). On a d'abord cru que les Archaea correspondaient à trois types différents d'organismes insolites : les **méthanogènes**, anaérobies obligatoires qui produisent du méthane (gaz des marais) grâce à la réduction du CO_2 par l' H_2 ; les **halobactéries** qui ne peuvent vivre que dans des eaux saumâtres ($> 2M NaCl$) ; et certains **thermoacidophiles**, organismes qui vivent dans des sources d'eau chaude acide ($\sim 90^\circ C$ et $pH < 2$). D'après des données récentes, cependant, $\sim 40\%$ des micro-organismes des océans sont des Archaea, ce qui en ferait la forme de vie la plus abondante sur Terre.

Compte tenu d'un certain nombre de propriétés biochimiques fondamentales différentes entre les Archaea, les Bacteria et les Eucarya, mais partagées au sein de chacun de ces groupes, Woese a proposé que ces groupes d'organismes constituent les trois **règnes fondamentaux** ou **domaines** de l'évolution du vivant (au lieu de la division classique entre procaryotes et eucaryotes). Cependant, des travaux ultérieurs sur les séquences d'ADN ont révélé que les Eucarya ont avec les Archaea des similitudes de séquence qu'ils ne partagent pas avec les Bacteria. De toute évidence, les Archaea et les Bacteria proviennent de la bifurcation d'une même forme de vie primitive, après quoi les Eucarya divergent des Archaea, comme le montre l'**arbre phylogénique** de la Fig. 1-4.

2 LES EUCARYOTES

Les cellules eucaryotes ont généralement un diamètre compris entre 10 et $100 \mu m$, soit un volume mille à un million de fois supérieur à celui des procaryotes typiques. Toutefois, ce qui caractérise le mieux la cellule eucaryote ce n'est pas

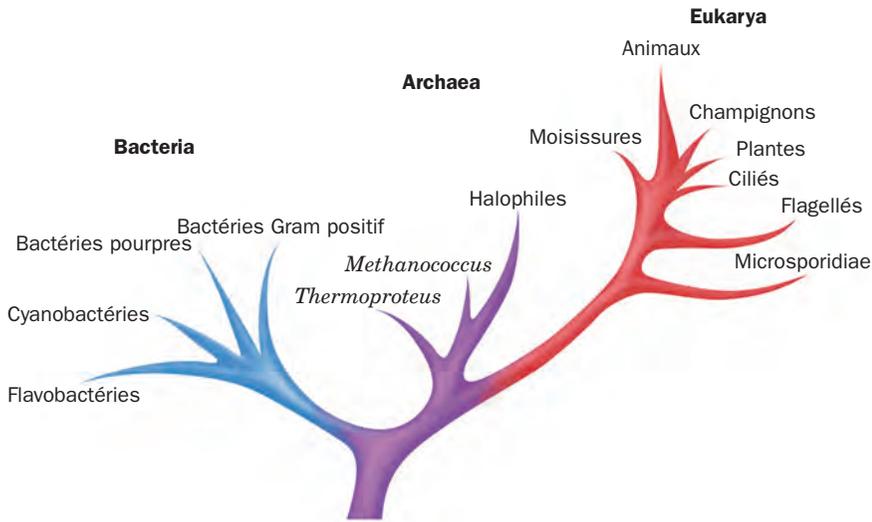


Figure 1-4 L'arbre phylogénique. Cet « arbre généalogique » montre les relations évolutives au sein des trois règnes fondamentaux qui regroupent tous les êtres vivants. La racine de l'arbre correspond à l'ancêtre commun de toutes les formes de vie sur Terre. [D'après Wheelis, M.L., Kandler, O., and Woese, C.R., *Proc. Natl. Acad. Sci.* **89**, 2931 (1992).]

la taille, mais le fait qu'elle contient une multitude d'organites fermés par une membrane, chacun ayant une fonction spécialisée (Fig. 1-5). En fait, *la structure et les fonctions des eucaryotes sont plus complexes que celles des procaryotes, à tous les niveaux d'organisation et ce, depuis le niveau moléculaire.*

Les eucaryotes et les procaryotes se sont développés selon des stratégies évolutives fondamentalement

différentes. Les procaryotes ont tiré parti de la simplicité et de la miniaturisation : leur vitesse de croissance rapide leur permet d'occuper des niches écologiques sujettes à des variations considérables quant aux nutriments disponibles. Au contraire, la complexité des eucaryotes, responsable de leur plus grande taille et de la lenteur de leur développement si on les compare aux procaryotes, leur donne la supériorité dans des environnements stables où les ressources sont

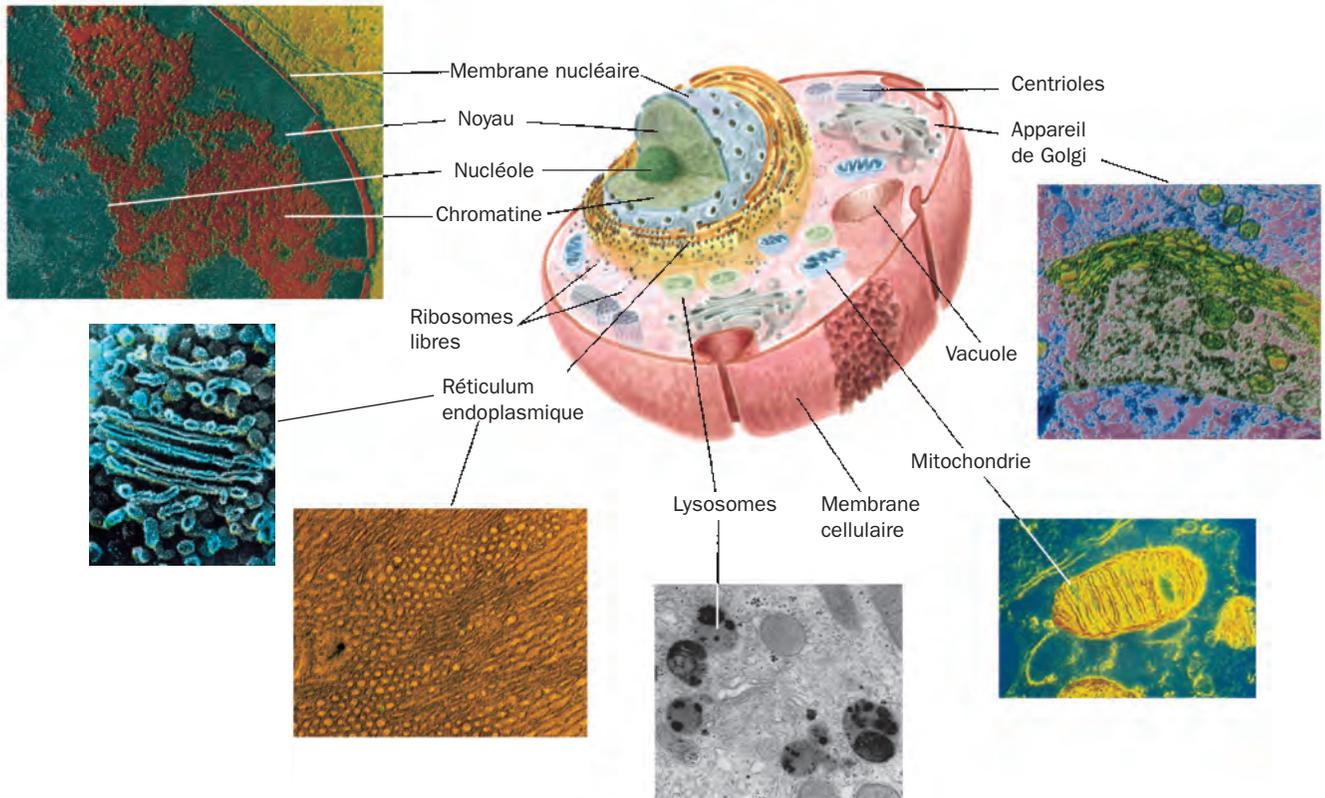


Figure 1-5 Représentation schématique d'une cellule animale avec les micrographies électroniques de ses organites. [Noyau : Tetkoff-RM, CNRI/Photo Researchers ; réticulum endoplasmique rugueux : Pietro M. Motta & Tomonori Naguro/ Photo Researchers,

Inc. et appareil de Golgi : Secchi-Lecaque/Roussel-UCLAF/ CNRI/Photo Researchers, Inc. ; réticulum endoplasmique lisse : David M. Phillips/Visuals Unlimited ; mitochondries : CNRI/Photo Researchers ; lysosome : Biophoto Associates/Photo Researchers.]

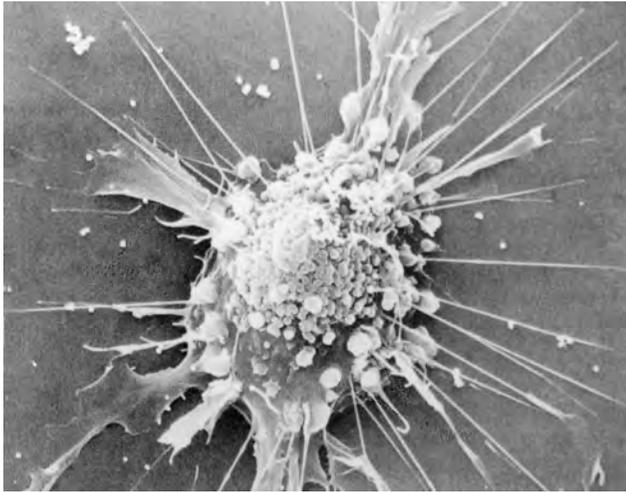


Figure 1-7 Micrographie électronique à balayage d'un fibroblaste. [Avec la permission de Guenther Albrecht-Buehler, Northwestern University.]

[par analogie avec les termes qui définissent la mémoire des ordinateurs, le génome (équipement génétique) de chaque cellule humaine équivaut à 800 mégabits d'information, soit environ 200 fois plus que n'en contient cet ouvrage]. Dans le noyau, l'information génétique codée par l'ADN est transcrite en molécules d'ARN (Chapitre 31) qui, après de profondes modifications, seront transportées dans le cytoplasme (contenu de la cellule eucaryote moins le noyau) où elles vont diriger la synthèse protéique au niveau des ribosomes (Chapitre 32). L'enveloppe nucléaire est constituée d'une double membrane perforée de nombreux pores d'environ 90 Å de diamètre, qui régulent les flux d'entrée et de sortie des protéines et de l'ARN entre le noyau et le cytoplasme.

Le noyau de la plupart des cellules eucaryotes contient au moins un corps dense en microscopie électronique, appelé **nucléole**, lieu d'assemblage des ribosomes. Celui-ci contient les segments de chromosomes porteurs de gènes en copies multiples codant les ARN ribosomiques. Ces gènes sont transcrits dans le nucléole et les ARN produits s'associent aux protéines ribosomiques importées depuis leur lieu de synthèse dans le **cytosol** (le cytoplasme moins les organites membranaires). Les ribosomes immatures résultants sont alors exportés dans le cytosol, où leur assemblage est achevé. La synthèse protéique est donc presque exclusivement cytosolique.

b. Le réticulum endoplasmique et l'appareil de Golgi assurent les modifications des protéines membranaires et des protéines sécrétées

La structure membranaire la plus importante de la cellule, découverte en 1945 par Keith Porter, forme un compartiment en labyrinthe appelé **réticulum endoplasmique**. Une grande partie de cet organite, appelé **réticulum endoplasmique rugueux**, est garnie de ribosomes qui sont impliqués dans la synthèse des protéines liées aux membranes ou destinées à être sécrétées. Le **réticulum endoplasmique lisse**, dépourvu de ribosomes, est le siège de la synthèse des lipides. Beaucoup des molécules synthétisées dans le réticulum endoplasmique sont ensuite transportées vers l'**appareil de Golgi** (Camillo Golgi fut le premier à décrire cette structure en 1898), un empilement de vésicules membraneuses

aplaties dans lesquelles ces molécules poursuivent leur maturation (Section 23-3B).

c. Les mitochondries sont le siège du métabolisme oxydatif

Les **mitochondries** (du grec *mitos*, fil et *chondros*, graine) sont le siège de la **respiration** cellulaire (métabolisme aérobie) chez presque tous les eucaryotes. Ces organites cytoplasmiques, qui sont suffisamment grands pour avoir été découverts par les cytologistes du dix-neuvième siècle, varient en taille et en forme mais sont souvent ellipsoïdes avec des dimensions de l'ordre de $1 \times 2 \mu\text{m}$, comparables à celles des bactéries. Une cellule eucaryote type contient en général environ 2 000 mitochondries, ce qui correspond en gros au cinquième du volume total de la cellule.

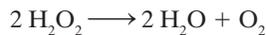
Par examen en microscopie électronique, George Palade et Fritjof Sjöstrand furent les premiers à montrer que la mitochondrie présente deux membranes : une membrane externe lisse et une membrane interne fortement plissée formant des invaginations appelées **crêtes**. Les mitochondries ont donc deux compartiments, l'**espace intermembranaire** et, à l'intérieur, la **matrice** dont la consistance est proche de celle d'un gel. Les enzymes qui catalysent les réactions de la respiration se trouvent soit dans la matrice, soit dans la membrane interne mitochondriale. *Ces enzymes assurent le couplage entre l'oxydation de nutriments productrice d'énergie et la synthèse de l'adénosine triphosphate (ATP ; Section 1-3B et Chapitre 22), nécessitant un apport d'énergie.* L'adénosine triphosphate, après avoir été exporté dans le reste de la cellule, constitue le carburant des différents mécanismes consommateurs d'énergie.

L'identité de taille et de forme n'est pas le seul critère de ressemblance entre mitochondrie et bactérie. La matrice des mitochondries contient un ADN qui leur est propre, de l'ARN, et des ribosomes qui permettent la synthèse de plusieurs des constituants mitochondriaux. De plus, elles se reproduisent par division binaire, et le mécanisme de respiration qu'elles assument ressemble étonnamment à celui des bactéries aérobies modernes. Ces observations ont conduit à l'hypothèse, formulée par Lynn Margulis et maintenant largement admise, selon laquelle les mitochondries seraient issues de bactéries aérobies Gram négatives, libres à l'origine, et qui auraient établi une symbiose avec un eucaryote anaérobie primitif. Les nutriments fournis par l'eucaryote et consommés par les bactéries se trouvaient vraisemblablement « remboursés » plusieurs fois grâce au métabolisme oxydatif très efficace que ces bactéries conféraient à l'eucaryote. Cette hypothèse est confortée par la découverte qu'une amibe, *Pelomyxa pelustris*, un des rares eucaryotes dépourvus de mitochondries, abrite en permanence des bactéries aérobies assurant une telle relation symbiotique.

d. Les lysosomes et les peroxysomes sont des réservoirs d'enzymes de dégradation

Les **lysosomes**, découverts en 1949 par Christian de Duve, sont des organites limités par une simple membrane. Leur taille et leur morphologie sont variables, bien que leur diamètre moyen soit de 0,1 à 0,8 μm . Les lysosomes sont essentiellement des sacs membraneux remplis de nombreux types d'enzymes hydrolytiques. Ils assurent la dégradation de produits ingérés par endocytose ainsi que le recyclage de composants cellulaires (Section 32-6). Des recherches cyto-logiques ont montré que les lysosomes se forment par bourgeonnement de l'appareil de Golgi.

Les **peroxyosomes** (appelés parfois **microcorpuscules**) sont des organites fermés par une membrane et dont le diamètre est de 0,5 μm . Ils contiennent des enzymes d'oxydation. Les peroxyosomes doivent leur nom au fait que certaines réactions peroxysoviales produisent du **peroxyde d'hydrogène** (H_2O_2), molécule réactive qui peut être utilisée dans l'oxydation enzymatique d'autres molécules, ou dégradée *via* une réaction de déprotonation catalysée par la **catalase** :



On pense que le rôle des peroxyosomes est de protéger les composants de la cellule de l'attaque oxydative par H_2O_2 . Certaines plantes contiennent un type particulier de peroxyosome, le **glyoxysome**, ainsi appelé car il est le siège d'une série de réactions que l'on appelle la **voie du glyoxylate** (Section 23-2).

e. Le cytosquelette organise le cytosol

Le cytosol, loin d'être une solution homogène, est un gel très organisé dont la composition peut varier d'une région à l'autre de la cellule. Une bonne part de sa variabilité interne est due à l'action du **cytosquelette**, un vaste réseau de filaments qui confère à la cellule sa forme et la faculté de se déplacer, il assure aussi l'agencement et les mouvements de ses organites (Fig. 1-8).

Les composants les plus remarquables du cytosquelette sont les **microtubules**, des tubes d'un diamètre de $\sim 250 \text{ \AA}$ constitués d'une protéine, la **tubuline** (section 35-3G). Ils forment l'ossature de soutien qui guide les mouvements des

organites dans la cellule. Par exemple, le **fuseau mitotique** est un assemblage de microtubules et de protéines associées, qui permet la séparation des chromosomes après réplication au cours de la division cellulaire. Les microtubules sont également les principaux constituants des **cils**, appendices semblables à des cheveux qui prolongent de nombreuses cellules et assurent, par fouettement, le mouvement du liquide environnant la cellule ou la propulsion d'organismes unicellulaires dans leur milieu. Les cils très longs, comme la queue des spermatozoïdes, sont appelés **flagelles** (les flagelles des procaryotes, constitués de la protéine **flagelline**, sont tout à fait différents et n'ont aucune relation avec ceux des eucaryotes).

Les **microfilaments** sont des fibres d'environ 90 \AA de diamètre constituées de la protéine appelée **actine**. Comme les microtubules, les microfilaments ont une fonction de soutien mécanique. De plus, en interagissant avec la protéine **myosine**, les microfilaments forment des assemblages contractiles à l'origine de beaucoup de mouvements intracellulaires tels que les flux cytoplasmiques et la formation de protubérances ou d'invaginations cellulaires. Notons, et ceci est important, que l'actine et la myosine sont les constituants protéiques principaux du muscle (Section 35-3A).

Les troisièmes composants principaux du cytosquelette sont les **filaments intermédiaires**, fibres protéiques de 100 à 150 \AA de diamètre. Leur abondance dans les régions de la cellule soumises à des contraintes mécaniques suggère qu'ils ont un rôle de soutien structural. Par exemple, la peau des animaux supérieurs contient un vaste réseau de filaments

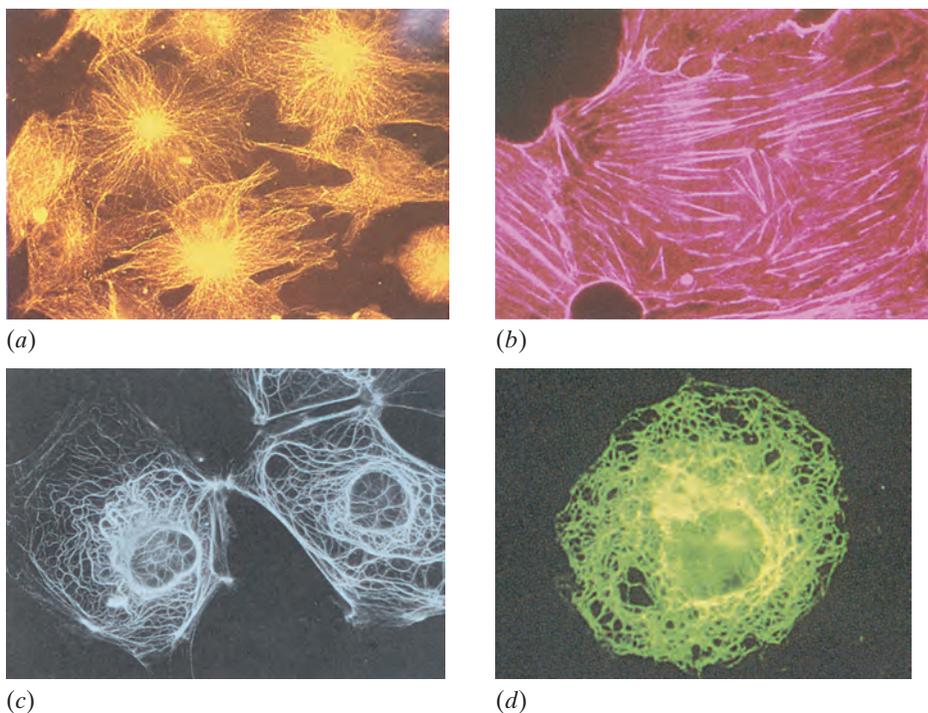


Figure 1-8 Micrographies par immunofluorescence pour révéler des composants du cytosquelette. Les cellules ont été marquées avec des anticorps dirigés contre (a) la tubuline, (b) l'actine, (c) la kératine, (d) la **vimentine** (une protéine constituante d'une catégorie de filaments intermédiaires) puis colorées avec des

anticorps fluorescents se fixant aux premiers anticorps [a et d : K.G. Murthi/Visuals Unlimited ; b : M. Schliwa/Visuals Unlimited ; c : avec la permission de Mary Osborn, Max-Planck Institut für biophysikalische Chemie, Göttingen, Allemagne.]

intermédiaires constitués de la protéine **kératine** (Section 8-2A), laquelle est en grande partie responsable de la résistance de ce revêtement extérieur protecteur. Contrairement aux microtubules et microfilaments, les filaments intermédiaires sont constitués de protéines très variables en taille et en composition, qu'il s'agisse des différents types cellulaires d'un même organisme ou de types cellulaires équivalents chez des organismes différents.

f. Les cellules végétales sont entourées de parois cellulaires rigides

Les cellules végétales (Fig. 1-9) possèdent tous les organites décrits ci-dessus. Elles ont, en plus, d'autres caractéristiques, la plus marquante étant une paroi cellulaire rigide qui recouvre la membrane plasmique. Cette paroi cellulaire, dont le principal composant est un polysaccharide fibreux, la **cellulose** (Section 11-2C), assure la solidité structurale des plantes.

Une **vacuole** est un espace limité par une membrane et rempli de liquide. Bien que l'on trouve des vacuoles dans les cellules animales, elles sont surtout abondantes dans les cellules végétales, où elles occupent classiquement 90 % du

volume d'une cellule mature. Les vacuoles servent de réserve pour les nutriments, les déchets et des substances particulières telles que les pigments. La concentration relativement élevée de solutés dans une vacuole végétale provoque un afflux d'eau par osmose, d'où une augmentation de sa pression interne. Cet effet, ainsi que la résistance de la paroi cellulaire à l'éclatement, sont en grande partie responsables de la rigidité par turgescence des plantes non ligneuses.

g. Les chloroplastes sont le siège de la photosynthèse chez les plantes

L'une des caractéristiques les plus importantes des plantes est leur faculté d'assurer la photosynthèse. Le siège de la photosynthèse est un organite appelé **chloroplaste**. Celui-ci, bien que plusieurs fois plus grand qu'une mitochondrie, lui ressemble par la présence d'une membrane interne et d'une membrane externe. De plus, l'espace limité par la membrane interne du chloroplaste, le **stroma**, ressemble à la matrice mitochondriale dans la mesure où il contient de nombreuses enzymes solubles. Cependant, la membrane interne du chloroplaste ne se plisse pas en crêtes. En fait, le stroma englobe un troisième système membranaire qui

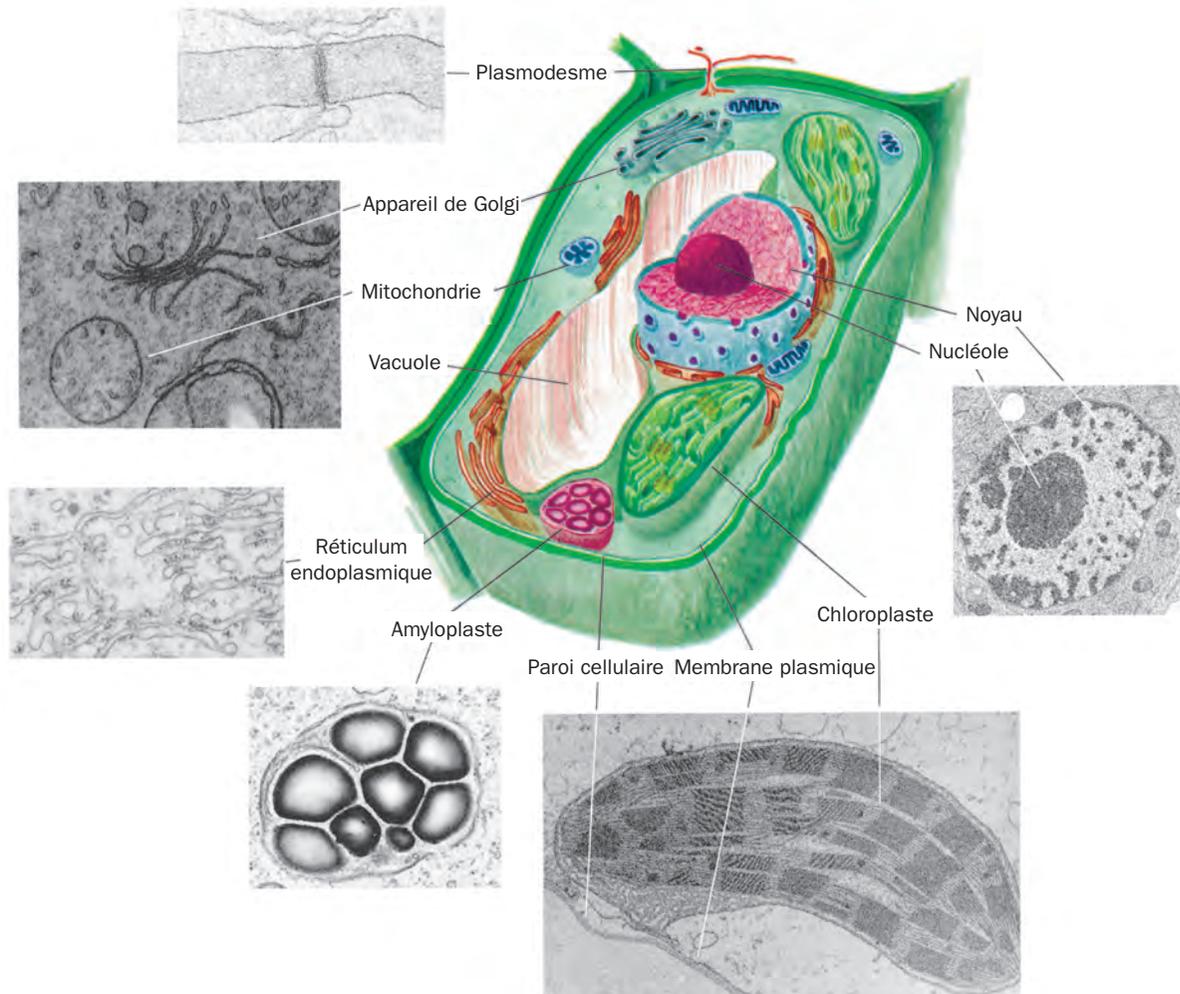


Figure 1-9 Micrographies par immunofluorescence pour révéler des composants du cytosquelette. Les cellules ont été marquées avec des anticorps dirigés contre (a) la tubuline, (b) l'actine, (c) la kératine, (d) la **vimentine** (une protéine constituante d'une catégorie de filaments intermédiaires) puis colorées avec des

anticorps fluorescents se fixant aux premiers anticorps [a et d : K.G. Murti/Visuals Unlimited ; b : M. Schliwa/Visuals Unlimited ; c : avec la permission de Mary Osborn, Max-Planck Institut für biophysikalische Chemie, Göttingen, Allemagne.]

forme des empilements interconnectés de sacs en forme de disques appelés **thylacoïdes**. Ceux-ci contiennent le pigment photosynthétique, la **chlorophylle**. Le thylacoïde tire parti de l'énergie lumineuse captée par la chlorophylle pour synthétiser de l'ATP qui sera utilisé dans le stroma pour assurer des réactions de biosynthèse de glucides et d'autres produits (Chapitre 24).

Les chloroplastes possèdent, comme les mitochondries, leurs propres ADN, ARN et ribosomes, et ils se reproduisent par simple division. Il semble que les chloroplastes, tout comme les mitochondries, sont issus d'une cyanobactérie primitive qui se serait établie de façon symbiotique dans un eucaryote non photosynthétique ancestral. En fait, plusieurs eucaryotes non photosynthétiques modernes ont précisément établi une telle symbiose avec d'authentiques cyanobactéries. Ainsi, *la plupart des eucaryotes modernes sont des « méfis » génétiques, puisque des ascendants différents sont à l'origine de leur composition nucléaire, mitochondriale et, dans le cas des plantes, chloroplastique.*

B. Phylogénie et différenciation

L'une des caractéristiques les plus remarquables des eucaryotes est leur diversité morphologique considérable, aussi bien sur le plan cellulaire que sur celui de l'organisme. Ainsi, comparez l'architecture des différentes cellules humaines représentées dans la Fig. 1-10. De même, considérez les énormes différences anatomiques entre, par exemple, une amibe, un chêne et un être humain.

Les schémas taxonomiques fondés à la fois sur la morphologie générale et sur les séquences des protéines et des acides nucléiques (Sections 7-1 et 7-2) indiquent que les eucaryotes peuvent être classés en trois règnes : **Fungi** (champignons), **Plantae** (plantes) et **Animalia** (animaux). Toutefois, la relative simplicité de la structure de nombreux eucaryotes unicellulaires rend leur classification selon ce schéma plutôt arbitraire. Aussi attribue-t-on généralement à ces organismes un quatrième règne, celui des **Protistes**. (Notez que les schémas de classification biologique sont établis pour la convenance des biologistes ; la nature se prête rarement à une classification aussi nette.) La Figure 1-11 représente un arbre phylogénique des eucaryotes.

La comparaison de l'anatomie des organismes vivants ou fossiles montre que les différents règnes d'organismes multicellulaires ont évolué indépendamment à partir des protistes (Fig. 1-11). Les programmes de croissance, différenciation et développement suivis par les animaux multicellulaires (les **métazoaires**) depuis la fécondation de l'ovule jusqu'à l'organisme adulte fournissent des indications remarquables sur l'histoire de l'évolution. Par exemple, tous les vertébrés présentent des fentes en forme de branchies aux premiers stades embryonnaires, ce qui témoigne de leur ascendance commune avec les poissons (Fig. 1-12). De fait, ces embryons précoces ont des tailles et des anatomies très voisines même si les formes des adultes correspondants ont des caractéristiques très différentes. De telles observations ont conduit Ernst Haeckel à formuler son affirmation célèbre (quoique exagérée) : *l'ontogénèse est une récapitulation*

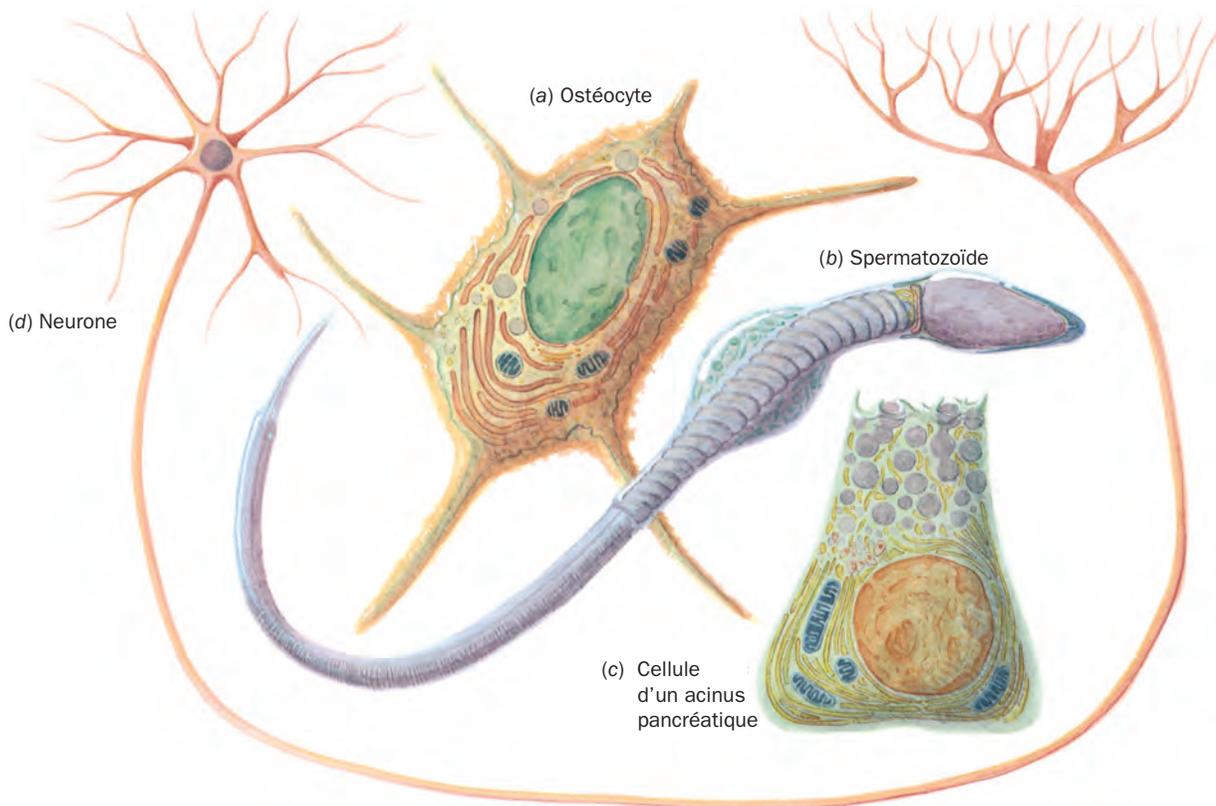


Figure 1-10 Dessins de quelques cellules humaines. (a) un ostéocyte (cellule osseuse), (b) un spermatozoïde, (c) une cellule d'acinus pancréatique (qui sécrète des enzymes de la digestion), et (d) un neurone (cellule nerveuse).

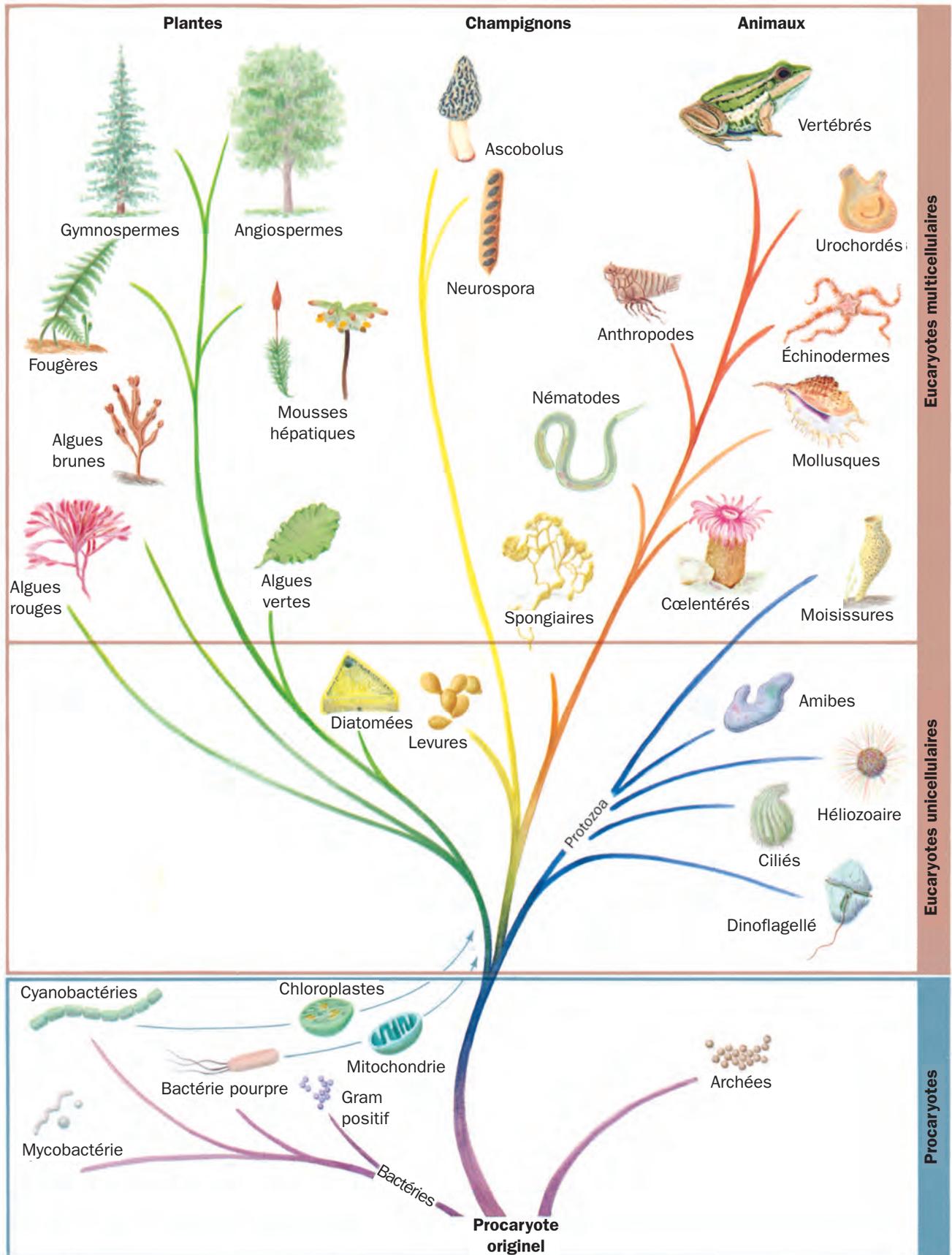


Figure 1-11 Arbre phylogénique de l'évolution de la vie cellulaire sur la Terre.

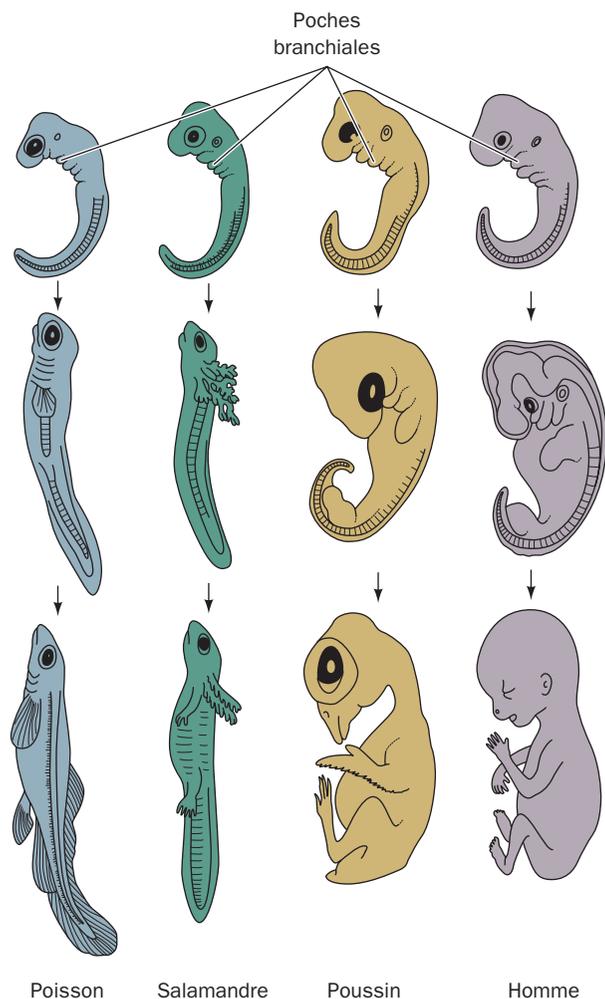


Figure 1-12 Le développement embryonnaire d'un poisson, d'un amphibien (salamandre), d'un oiseau (poule) et d'un mammifère (homme). Aux stades précoces, leur taille et leur anatomie sont très semblables (les dessins du haut sont sensiblement à la même échelle), bien qu'il soit actuellement établi que ces similitudes sont moins grandes que ne l'indiquent ces représentations classiques ; elles divergent ensuite de ces deux points de vue. [D'après Haeckel, E., *Anthropogenie oder Entwicklungsgeschichte des Menschen*, Engelmann (1874).]

de la phylogenèse (ontogenèse : développement biologique). L'élucidation du mécanisme de la différenciation cellulaire des eucaryotes est l'un des principaux objectifs à long terme de la biochimie moderne.

3 LA BIOCHIMIE : PROLOGUE

La biochimie, comme son nom l'indique, est la chimie de la vie. Elle établit donc un pont entre la chimie, qui étudie les structures et les interactions des atomes et molécules, et la biologie, qui étudie les structures et les interactions des cellules et des organismes. Puisque les êtres vivants sont constitués de molécules inanimées, la vie, à son niveau le plus élémentaire, est un phénomène biochimique.

Bien que les propriétés macroscopiques des êtres vivants soient extrêmement variées, comme nous venons de

le voir, leur biochimie remarquablement similaire fournit un thème unificateur pour leur étude. Par exemple, l'information héréditaire est codée et exprimée de manière pratiquement identique dans toute vie cellulaire. De plus, les séquences de réactions biochimiques appelées **voies métaboliques**, tout comme les structures des enzymes qui les catalysent sont, pour beaucoup de processus fondamentaux, quasi identiques quel que soit l'organisme. Il y a donc de fortes présomptions que toutes les formes de vie connues soient issues d'un même ancêtre commun où ces caractéristiques biochimiques étaient déjà assurées.

Bien que la biochimie soit un domaine extrêmement diversifié, elle s'intéresse essentiellement à un nombre restreint de questions interdépendantes :

1. Quelles sont les structures chimiques et tridimensionnelles des molécules biologiques et de leurs assemblages ? Comment ces structures se forment-elles et comment leurs propriétés changent-elles selon ces structures ?

2. Comment les protéines fonctionnent-elles ? Autrement dit, quels sont les mécanismes moléculaires de la catalyse enzymatique, comment les récepteurs reconnaissent-ils et fixent-ils des molécules spécifiques, et quels sont les mécanismes intra- et intermoléculaires qui permettent aux récepteurs de transmettre l'information qui résulte de cette liaison ?

3. Comment l'information génétique s'exprime-t-elle et comment est-elle transmise aux générations suivantes ?

4. Comment les molécules biologiques et les assemblages moléculaires sont-ils synthétisés ?

5. Quels sont les mécanismes de contrôle qui coordonnent les multitudes de réactions biochimiques qui se déroulent dans les cellules et les organismes ?

6. Comment les cellules et les organismes se développent-ils, se différencient-ils et se reproduisent-ils ?

Ces questions sont présentées sommairement dans cette section et seront approfondies ultérieurement dans d'autres chapitres. Dans tous les cas cependant, nos connaissances, si étendues soient-elles, sont limitées par notre ignorance ; ce constat deviendra évident à mesure que vous lirez cet ouvrage.

A. Structures biologiques

Les êtres vivants sont extrêmement complexes. Comme nous l'avons vu dans la Section 1-1 A, même la cellule d'*E. coli* relativement simple contient quelque 3 à 6 mille composés différents dont la plupart sont propres à *E. coli* (Fig. 1-13). Les organismes supérieurs ont une plus grande complexité. Chez *Homo sapiens* (l'être humain), par exemple, on compte 100 000 types de molécules différentes, dont on n'a caractérisé qu'une minorité. On pourrait donc penser que la compréhension biochimique cohérente de n'importe quel organisme exige un tel travail qu'il est irréalisable. Cependant, ce n'est pas le cas. *Les êtres vivants présentent une régularité sous-jacente qui résulte du caractère hiérarchique de leur organisation.* Des études anatomiques et cytologiques ont montré que les organismes pluricellulaires sont des ensembles d'organes, faits de tissus constitués de cellules, elles-mêmes composées d'organites subcellulaires (Figure 1-14).

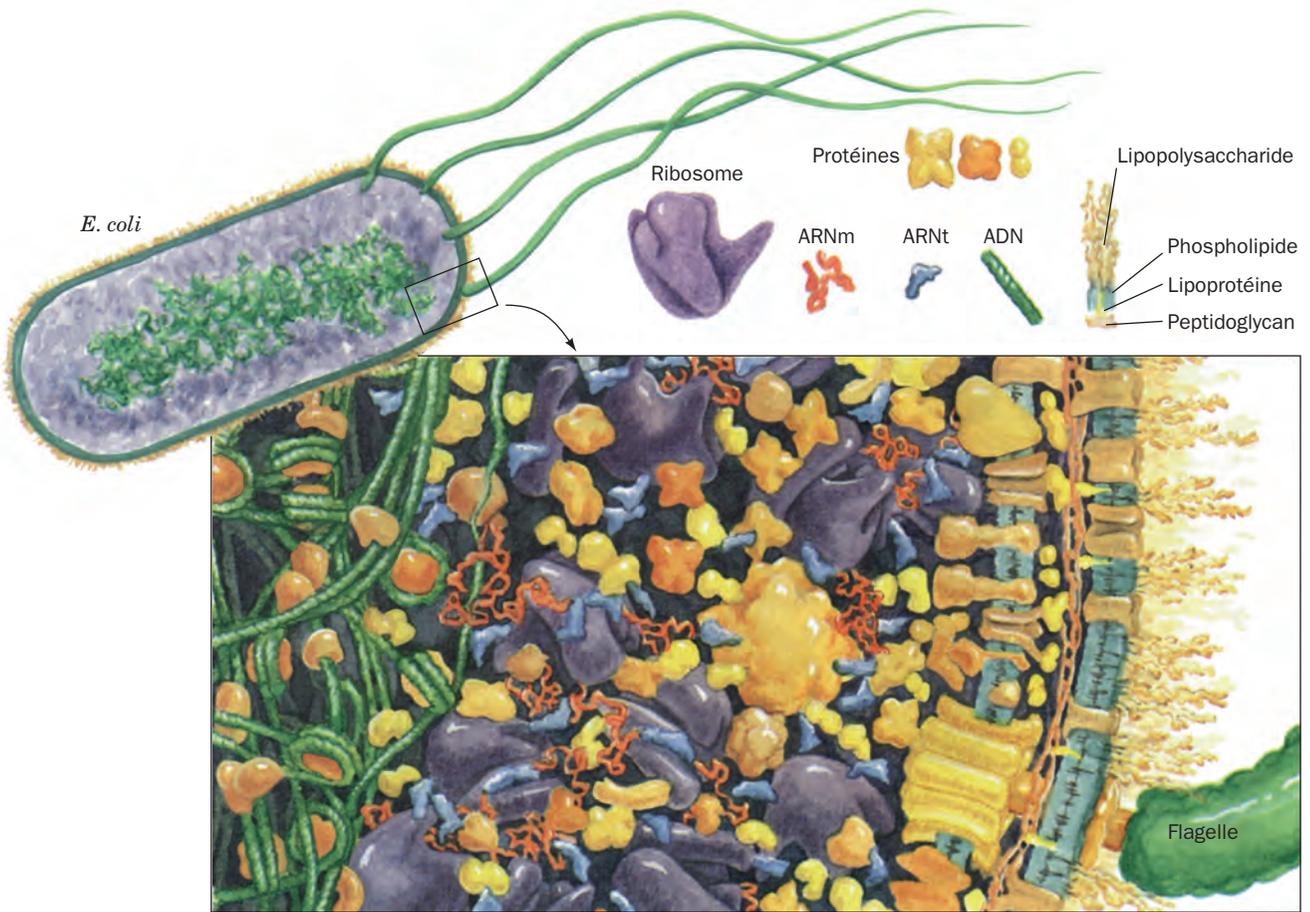


Figure 1-13 Coupe transversale simulée d'une cellule d'*E. coli* grossie environ un million de fois. À droite du dessin, on voit la paroi cellulaire multicouche et la membrane, ornée sur sa surface externe par des polysaccharides (Section 11-3Bc). Un flagelle (*en bas à droite*) est mû par un moteur ancré dans la membrane interne (Section 35-31). Le cytoplasme, qui occupe la région centrale du dessin, est occupé essentiellement par des ribosomes engagés dans la synthèse protéique (Section 32-3). À gauche du dessin, on

voit un enchevêtrement dense d'ADN complexé à des protéines spécifiques. Seules les macromolécules et les grands assemblages moléculaires sont représentés. Dans la cellule vivante, le reste du cytoplasme est en fait occupé par des petites molécules, y compris de l'eau (la taille d'une molécule d'eau aurait, à cette échelle, celle du point à la fin de cette phrase. [D'après un dessin de David Goodsell, UCLA.]

À ce stade de la hiérarchie, nous entrons dans le domaine de la biochimie car les organites sont constitués d'**assemblages supramoléculaires**, tels que les membranes ou les fibres, qui sont des agrégats organisés de **macromolécules** (polymères de masse moléculaire de plusieurs milliers de daltons et plus).

Comme le montre le Tableau 1-1, *E. coli* et les êtres vivants en général ne renferment qu'un petit nombre de types différents de macromolécules : des protéines (du grec *proteios*, d'importance primordiale ; un terme dû à Jacob Berzelius en 1838), des **acides nucléiques** et des **polysaccharides** (du grec *sakcharon*, sucre). *Toutes ces substances résultent d'une construction modulaire ; elles sont constituées d'unités monomériques reliées entre elles qui correspondent au niveau le plus bas de notre hiérarchie structurale.* Ainsi, comme le montre la Fig. 1-15, les protéines sont des polymères d'acides aminés (Section 4-1B), les acides nucléiques sont des polymères de nucléotides (Section 5-1) et les polysaccharides sont des polymères de sucres (Section 11-2). Les **lipides** (du grec *lipos*, graisse), la quatrième catégorie

principale de biomolécules, sont trop petits pour être classés comme macromolécules, mais ils résultent également d'une construction modulaire (Section 12-1).

Le travail du biochimiste s'est trouvé considérablement simplifié quand on s'aperçut qu'il y a *relativement peu d'espèces d'unités monomériques constituant chacun des types de macromolécules biologiques.* Les protéines sont toutes synthétisées à partir des 20 mêmes **acides aminés**, les acides nucléiques sont formés à partir de 8 **nucléotides** différents (4 pour l'ADN, 4 pour l'ARN), et l'on ne trouve couramment qu'environ 8 sortes de **sucres** dans les polysaccharides. La grande diversité des propriétés de chaque type de macromolécules est due essentiellement au nombre considérable de possibilités d'arrangements de leurs unités monomériques et, dans beaucoup de cas, à des modifications chimiques de ces unités.

L'une des questions centrales de la biochimie est de savoir comment sont réalisées les structures biologiques. Comme nous l'expliquerons dans d'autres chapitres, les unités monomériques des macromolécules sont soit obtenues

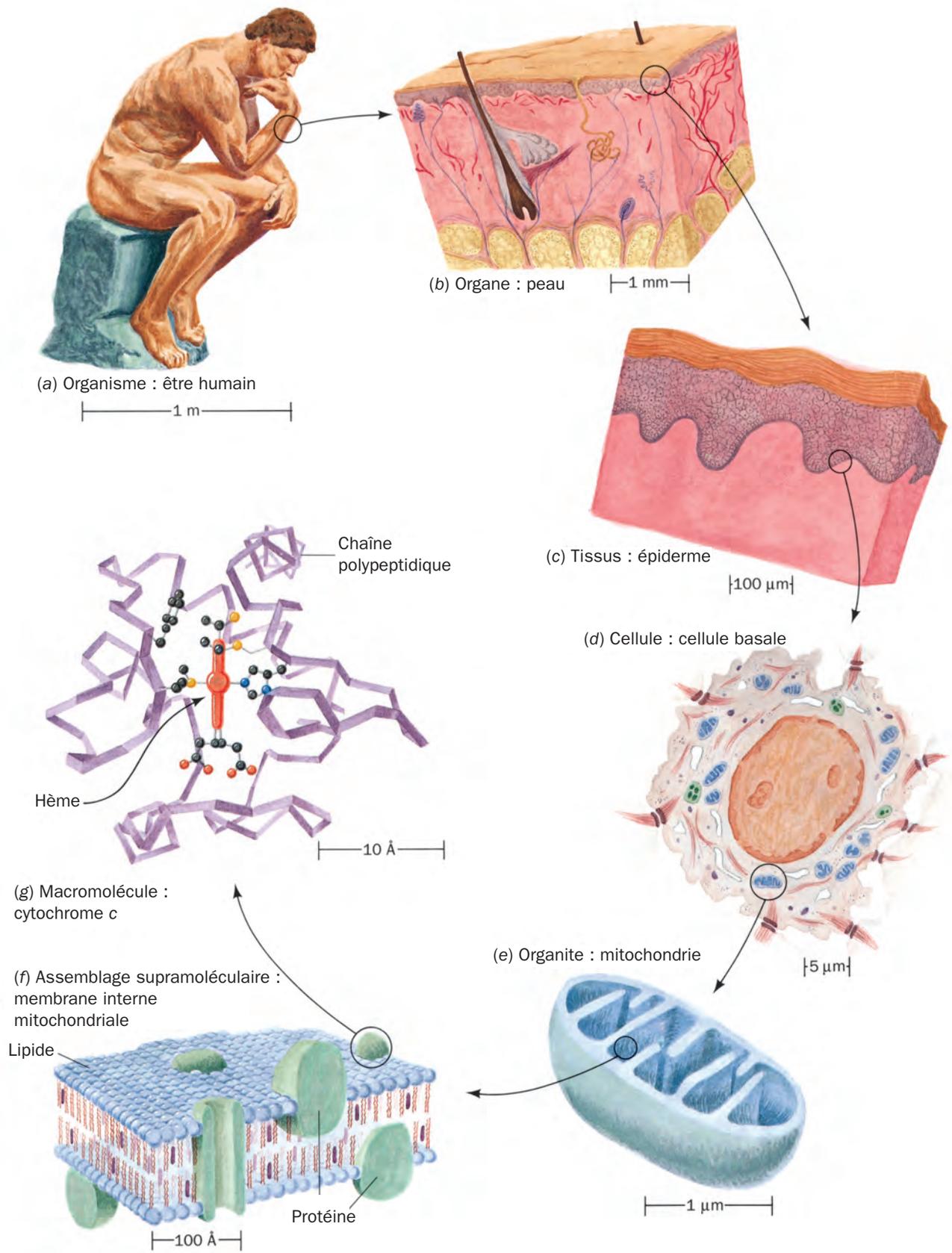


Figure 1-14 Exemple de l'organisation hiérarchique des structures biologiques.

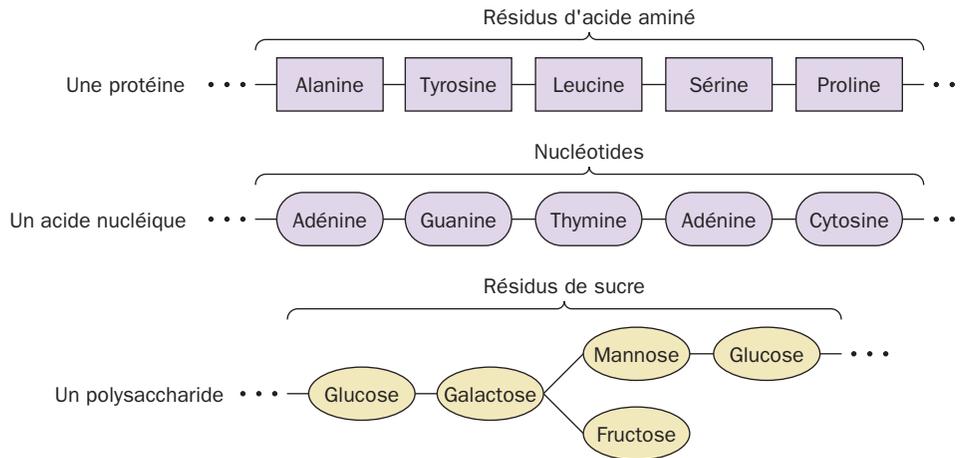


Figure 1-15 L'organisation polymérique des protéines, des acides nucléiques et des polysaccharides.

directement par la cellule sous forme de nutriments, soit synthétisées enzymatiquement à partir de substances plus simples. Les macromolécules sont synthétisées à partir de leurs précurseurs monomériques grâce à des processus enzymatiques complexes.

Les protéines néo-synthétisées se replient spontanément pour acquérir leur conformation native (Section 9-1A) ; autrement dit, elles subissent un **auto-assemblage**. C'est leur séquence en acides aminés qui semble imposer leur structure tridimensionnelle. De même, les structures des autres types de macromolécules sont spécifiées par les séquences de leurs unités monomériques. Le principe de l'auto-assemblage s'applique aussi à l'édification des complexes supramoléculaires. Toutefois, on ne sait pratiquement rien de la manière dont s'élaborent les structures biologiques supérieures. Un des objectifs majeurs de la recherche biologique est d'élucider les mécanismes de croissance et de différenciation des cellules et des organismes.

B. Processus métaboliques

Un nombre impressionnant de réactions chimiques ont lieu simultanément dans toute cellule vivante. Toutefois, ces réactions sont agencées de sorte qu'elles s'organisent en un processus cohérent que nous appellerons la vie. Par exemple, la plupart des réactions biologiques font partie d'une voie métabolique ; autrement dit, chaque réaction est un maillon d'une chaîne qui assure la formation d'un ou de plusieurs produits spécifiques. De plus, l'une des caractéristiques de la vie est que les vitesses de ses réactions sont si étroitement ajustées qu'il y a rarement, dans une voie métabolique, de besoins en substrats insatisfaits ou d'accumulation inutile de produits.

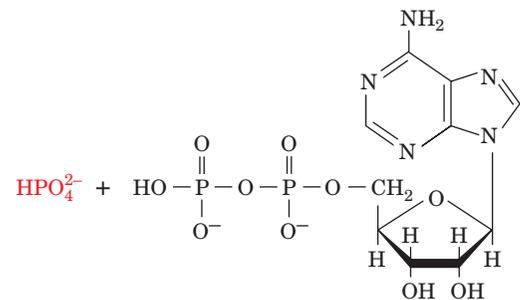
Classiquement, on distingue deux grands volets dans le métabolisme (distinction qui n'est pas forcément logique) :

1. Le catabolisme ou dégradation, au cours duquel les nutriments et les constituants cellulaires sont dégradés afin de sauvegarder les molécules qui les constituent et/ou de fournir de l'énergie.

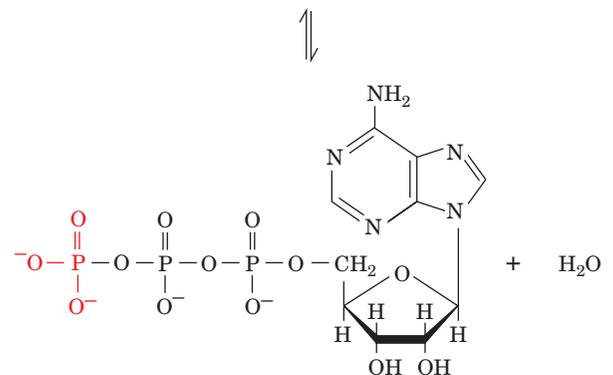
2. L'anabolisme ou biosynthèse, c'est-à-dire la synthèse de biomolécules à partir de molécules plus simples.

L'énergie nécessaire aux processus anaboliques est fournie grâce au catabolisme, essentiellement sous forme

d'**adénosine triphosphate (ATP)**. Exemples de processus générateurs d'énergie, la photosynthèse et l'oxydation biologique de nutriments forment de l'ATP à partir d'**adénosine diphosphate (ADP)** et d'un ion phosphate.



Adénosine diphosphate (ADP)



Adénosine triphosphate (ATP)

À l'inverse, des processus qui consomment de l'énergie, comme les biosynthèses, le transport de molécules contre un gradient de concentration, ou encore la contraction musculaire, sont assurés grâce à l'inverse cette réaction, l'hydrolyse de l'ATP :



Ainsi, les processus anaboliques et cataboliques sont couplés entre eux par l'intervention de la « monnaie » énergétique biologique universelle, l'ATP.

C. Expression et transmission de l'information génétique

L'acide désoxyribonucléique (ADN) est le dépositaire de l'information génétique de la cellule. Cette macromolécule, schématisée à la Fig. 1-16, comporte deux brins de **nucléotides** reliés les uns aux autres, chaque nucléotide étant composé d'un reste de sucre, le **désoxyribose**, d'un groupement phosphate, et de l'une de ces quatre bases : **adénine (A)**, **thymine (T)**, **guanine (G)** ou **cytosine (C)**. C'est la séquence des bases qui contient l'information génétique. Chaque base de l'ADN est associée par liaison hydrogène à une base du brin opposé, formant ce que l'on appelle une **paire de bases**.

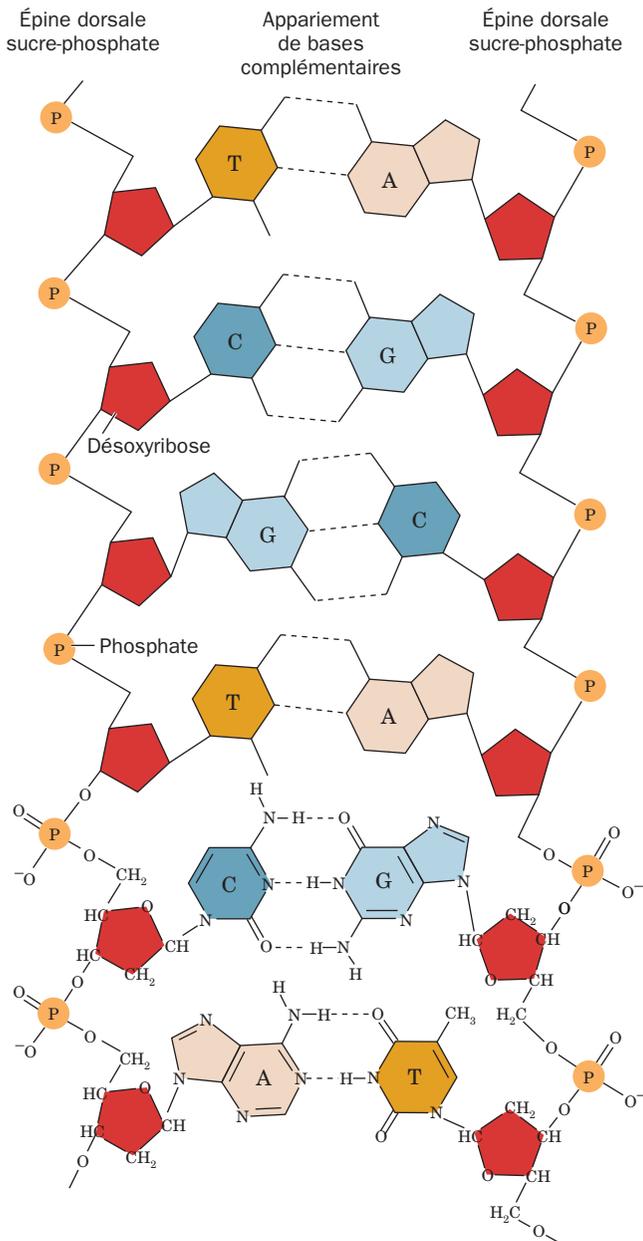


Figure 1-16 L'ADN double brin. Les deux chaînes polynucléotidiques s'associent par appariement de bases complémentaires. A s'apparie avec T, et G avec C, en formant des liaisons hydrogène spécifiques.

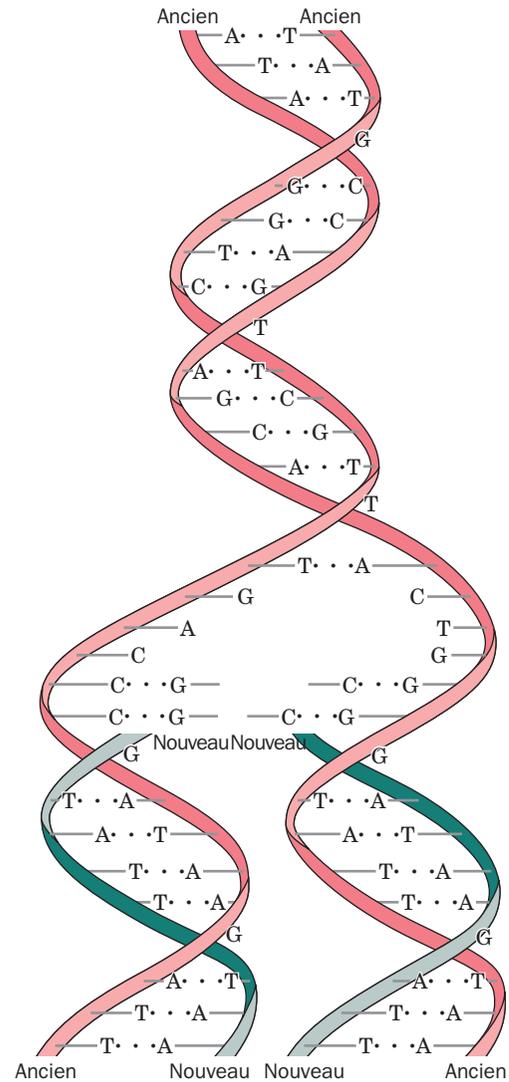


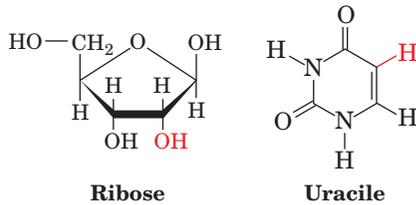
Figure 1-17 Représentation schématique de la réplication de l'ADN. Chaque brin d'ADN parental (*en rouge*) sert de matrice pour la synthèse d'un brin nouveau complémentaire (*en vert*). Ceci donne des molécules double brin identiques.

Toutefois, A ne peut se lier qu'à T, et G à C, si bien que les deux brins sont **complémentaires** : la séquence d'un brin détermine la séquence de l'autre.

La division d'une cellule doit s'accompagner de la réplication de son ADN. Dans ce processus enzymatique, chaque brin d'ADN sert de matrice pour la synthèse de son brin complémentaire (Fig. 1-17 ; Section 5-4C). Ainsi, chaque cellule fille possède une molécule d'ADN complète (ou un lot de molécules d'ADN), chacune constituée d'un brin parental et d'un brin nouveau. On parle de mutations lorsque de rares erreurs de copie ou des lésions du brin parental entraînent l'incorporation de bases erronées dans le brin nouveau. La plupart des mutations sont soit inoffensives, soit délétères. Toutefois, il arrive qu'une mutation entraîne des caractéristiques nouvelles qui confèrent un avantage sélectif à son bénéficiaire. Selon la théorie de l'évolution de Darwin, les individus qui ont subi de telles mutations ont une probabilité

accrue de se reproduire. C'est grâce à la succession de telles mutations que de nouvelles espèces apparaissent.

L'expression de l'information génétique se fait en deux étapes. Au cours de la première étape, appelée **transcription**, un brin d'ADN sert de matrice pour la synthèse d'un brin complémentaire d'acide ribonucléique (ARN ; Section 31-2). Cet acide nucléique, généralement simple brin, ne diffère chimiquement de l'ADN (Fig. 1-16) que par son sucre, le **ribose**, à la place du désoxyribose de l'ADN, et par l'**uracile** (U) qui remplace la thymine de l'ADN.



Au cours de la deuxième étape de l'expression de l'information génétique, processus enzymatique appelé **traduction**, les ribosomes lient entre eux les acides aminés pour former des protéines (Section 32-3). L'ordre selon lequel les acides aminés sont reliés les uns aux autres est imposé par la séquence des bases de l'ARN. Par conséquent, puisque les protéines sont douées d'auto-assemblage, l'information génétique codée par l'ADN permet, par l'intermédiaire de l'ARN, de déterminer la structure et la fonction des protéines. Des systèmes de régulation complexes encore imparfaitement élucidés déterminent les gènes particuliers exprimés dans une cellule donnée dans des conditions physiologiques particulières.

4 LA GÉNÉTIQUE : VUE D'ENSEMBLE

Il suffit de remarquer la ressemblance entre enfant et parent pour se dire que les caractères physiques sont héréditaires. Cependant, le mécanisme de l'hérédité est resté inconnu jusqu'au milieu du vingtième siècle. D'après la théorie de la **pangénèse**, que l'on doit aux anciens Grecs, le sperme, qui a évidemment rapport avec la procréation, est constitué de particules représentatives de toutes les parties du corps (les **pangènes**). Cette idée fut reprise à la fin du dix-huitième siècle par Jean-Baptiste de Lamarck. D'après sa théorie (le **Lamarckisme**), les caractères acquis par un individu, comme le développement musculaire suite à l'exercice, sont transmis à sa descendance. La pangénèse, ainsi que certains aspects du Lamarckisme, furent admis par la plupart des biologistes du dix-neuvième siècle, y compris Charles Darwin.

C'est la découverte, au milieu du dix-neuvième siècle, que tous les organismes sont issus d'une seule cellule, qui permit l'épanouissement de la biologie moderne. Dans sa **théorie du plasma germinatif**, Auguste Weismann fit remarquer que le sperme et l'ovule, c'est-à-dire les **cellules germinales** (dont les précurseurs sont très tôt mis à part des autres lors du développement embryonnaire), descendent directement des cellules germinales de la génération précédente. Quant aux autres cellules du corps, les **cellules somatiques**, elles proviennent bien des cellules germinales, mais ne leur donnent pas naissance. Weismann réfuta la pangénèse et le Lamarckisme en montrant que les descendants des souris dont la queue avait été amputée à chaque génération, conservaient une queue de longueur normale.



Figure 1-18 Les chromosomes. Microphotographie d'une cellule végétale (*Scadoxus katherinae* Bak.) en anaphase mitotique, montrant les chromosomes attirés par le fuseau mitotique vers les pôles opposés de la cellule. Les microtubules du fuseau sont colorés en rouge et les chromosomes en bleu. [Avec la permission d'Andrew S. Bajer, University of Oregon.]

A. Les chromosomes

Au cours des années 1860, on put observer dans le noyau des cellules eucaryotes des corpuscules allongés que l'on a appelés chromosomes (du grec *chromos*, couleur et *soma*, corps), parce qu'ils sont colorés intensément par des colorants basiques (Fig. 1-18). Normalement, il y a deux copies de chaque chromosome (on parle de **paires d'homologues**) dans chaque cellule somatique. Le nombre de chromosomes différents (N), s'appelle le **nombre haploïde** ; le nombre total ($2N$) est le **nombre diploïde**. Les espèces peuvent différer par leur nombre haploïde de chromosomes (Tableau 1-2).

Tableau 1-2 Nombre de chromosomes ($2N$) chez quelques eucaryotes

Organisme	Chromosomes
Homme	46
Chien	78
Rat	42
Dinde	82
Grenouille	26
Drosophile	8
Bernard-l'ermite	~254
Pois potager	14
Pomme de terre	48
Levure	34
Algue verte	~20

Source : Ayala, F.J. and Kiger, J.A., Jr., *Modern Genetics* (2^e éd.), p. 9, Benjamin/Cummings (1984).

a. Les cellules somatiques se divisent par mitose

La division des cellules somatiques est appelée **mitose** (Fig. 1-19) ; elle est précédée par la duplication de chaque chromosome en deux **chromatides** pour former une cellule avec $4N$ chromosomes. Pendant la division cellulaire, chaque chromosome est attaché au fuseau mitotique par son **centromère** et orienté de façon telle que les chromatides de tous les chromosomes soient alignés sur la plaque équatoriale. Un membre de chaque paire de chromatides est alors tiré par le fuseau à chacun des pôles opposés de la cellule en division, pour former deux cellules filles diploïdes possédant le même nombre $2N$ de chromosomes que la cellule mère.

b. Les cellules reproductrices dérivent de la méiose

La formation des cellules germinales se fait par **méiose** (Fig. 1-20), laquelle requiert deux divisions successives. Les chromosomes se répliquent avant la première division, mais les **chromatides** sœurs ainsi formés restent attachés à leur centromère. Les paires de chromosomes homologues dédoublés formés s'alignent alors comme les deux côtés d'une fermeture éclair sur la plaque équatoriale de la cellule. Ceci permet l'échange de fragments correspondants de chromosomes homologues par un processus appelé le **crossing-over**. Le fuseau déplace les membres de chaque paire homologue aux pôles opposés de la cellule, de sorte qu'après la première division méiotique chaque cellule fille contient N chromosomes dédoublés. Dans la deuxième division méiotique, les chromatides sœurs se séparent en chromosomes qui migrent aux pôles opposés de la cellule en cours de division, pour former au total quatre cellules haploïdes, les **gamètes**. La fécondation est la fusion d'un gamète mâle, le spermatozoïde, avec un gamète femelle, l'ovule, pour former une cellule diploïde, le **zygote**, qui a donc reçu N chromosomes de chacun de ses parents.

B. L'hérédité mendélienne

Les lois fondamentales de l'hérédité ont été publiées par Gregor Mendel en 1866. Il les avait découvertes par l'analyse d'une série de **croisements**, maintenant dits **génétiques**, entre des lignées de pois potager, *Pisum sativum*, appelées pures parce qu'elles génèrent par autofécondation une descendance identique à la lignée parentale. Ces lignées différaient par des caractères bien définis, comme la forme (ronde ou bien ridée), ou la couleur (jaune ou verte), de la graine ou encore la couleur (violette ou blanche) de la fleur. Mendel observa que s'il croisait des parents (P) qui diffèrent par un seul caractère, par exemple la forme de la graine, la descendance F_1 (la première génération résultant du croisement) présente le caractère de l'un des parents seulement, et dans ce cas particulier, des graines rondes (Fig. 1-21). Le caractère observé en F_1 est appelé **dominant**, tandis que l'autre est appelé **récessif**. En F_2 , la descendance autofécondée de la F_1 , les trois quarts des graines ont le caractère dominant et un quart ont le caractère récessif. Les individus possédant le caractère récessif sont purs, croisés entre eux, ils le transmettent d'une manière stable à leur descendance F_3 . Les individus F_2 possédant le caractère dominant se classent en deux groupes selon leur descendance F_3 : un groupe d'un tiers est pur et transmet le caractère dominant de manière stable et deux tiers d'entre eux produisent une F_3 ayant le même rapport de 3 individus de caractère dominant pour 1 individu de caractère récessif, que la génération F_2 .

Mendel interprète ses observations en faisant l'hypothèse que *les différentes paires de caractères alternatifs résultent*

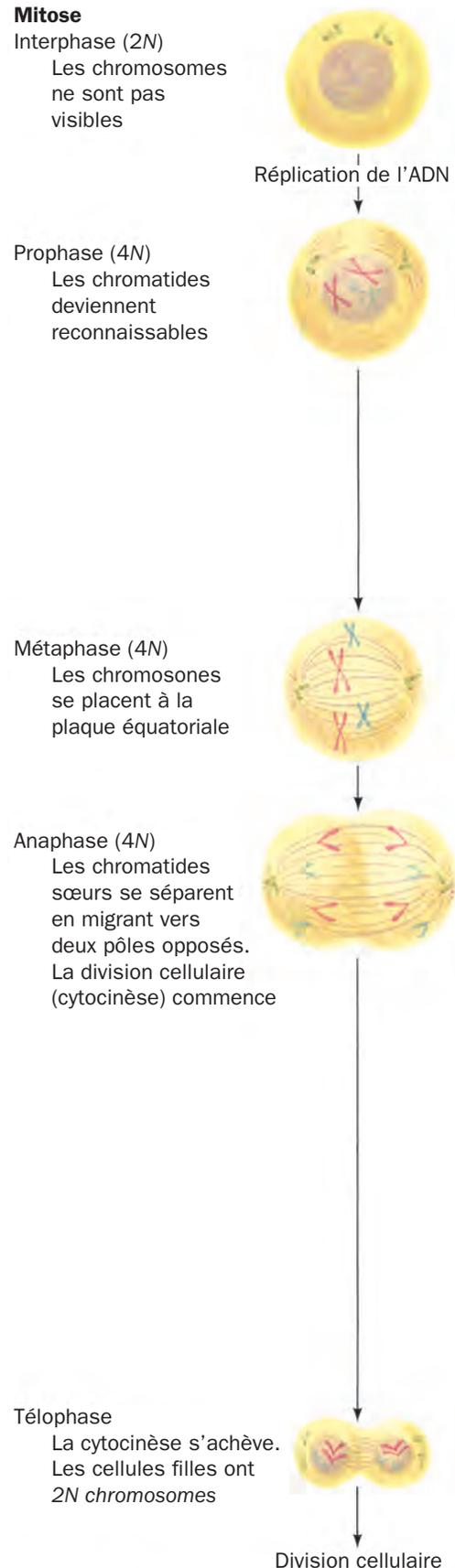


Figure 1-19 La mitose est le mode normal de division cellulaire chez les eucaryotes. La mitose produit deux cellules filles, chacune avec les mêmes compléments chromosomiques ($2N$) que la cellule parentale.

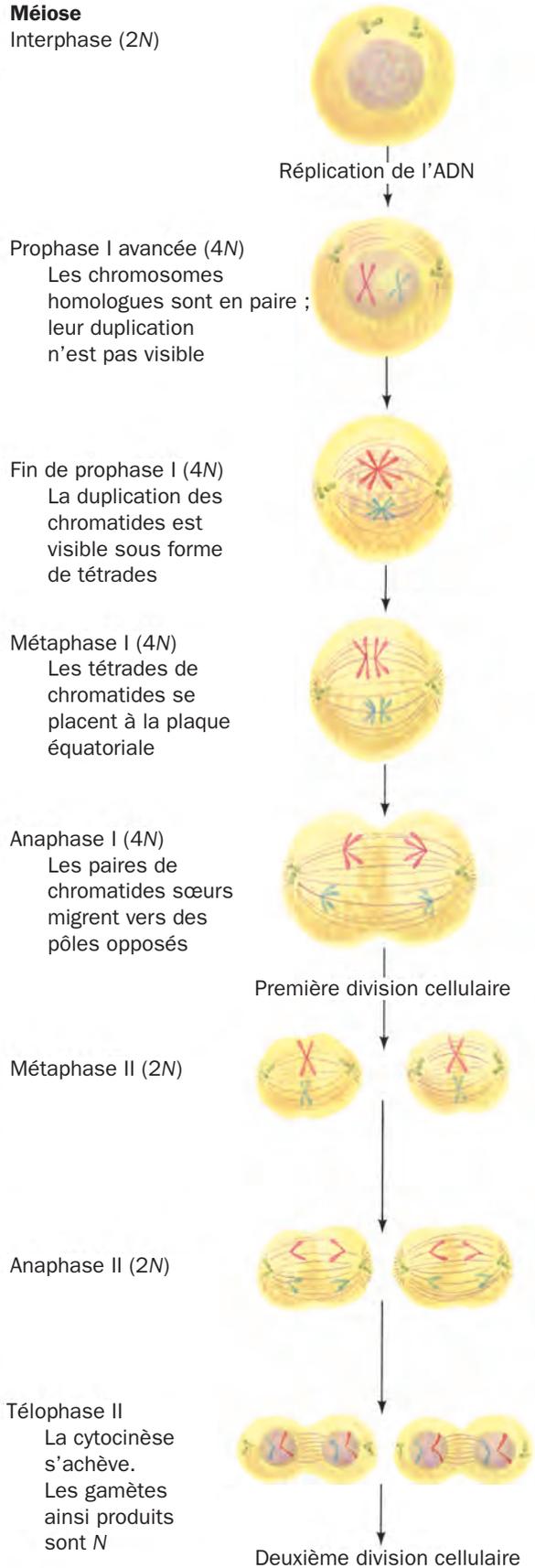


Figure 1-20 La méiose produit les gamètes (cellules reproductrices et sexuelles). La méiose comprend deux divisions cellulaires successives qui forment quatre cellules filles possédant chacune un seul assortiment (1N) de chromosomes de la cellule parentale.

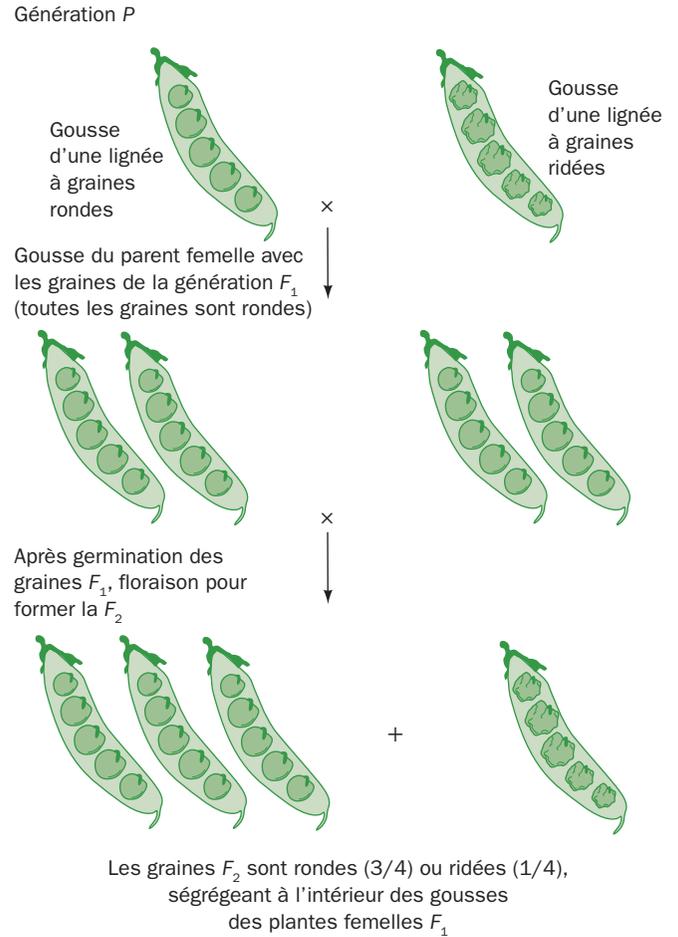


Figure 1-21 Croisements génétiques. Le croisement d'une lignée de pois à graines rondes avec une lignée à graines ridées produit une descendance F₁ dont toutes les graines sont rondes. L'autofécondation des individus F₁ issus de ces graines produit une génération de graines F₂ dans le rapport 3/4 de rondes : 1/4 de ridées.

chacune de l'action d'un facteur (appelé plus tard un gène) qui possède des formes alternatives (**allèles**). Chaque plante posséderait donc une paire de gènes déterminant un caractère particulier, dont un exemplaire est hérité de chacun de ses parents. Les allèles qui déterminent la forme des graines sont symbolisés par *R* pour les graines rondes et *r* pour les graines ridées (on écrit en général les symboles des gènes en italiques). Les plantes à descendance pure qui transmettent le caractère rond ou ridé ont des **génotypes** *RR* ou *rr*, et sont dites **homozygotes** pour la forme de la graine. Les plantes qui ont le génotype *Rr* sont **hétérozygotes** pour la forme de la graine et elles ont le **phénotype** rond (caractère apparent) parce que *R* est dominant sur *r*. Les deux allèles ne se mélangent ni ne se fondent en aucun cas dans ces plantes et sont transmis au hasard à la descendance par les gamètes (Fig. 1-22).

Mendel découvrit aussi que différents caractères sont hérités de manière indépendante l'un de l'autre. Par exemple, s'il croise des pois à graines rondes et jaunes (*RRYY*) avec des pois à graines ridées et vertes (*rryy*) la descendance F₁ qui est *RrYy* a des graines rondes et jaunes parce que le caractère jaune est dominant sur le caractère vert. Mais la F₂ fait apparaître quatre phénotypes de graines, dans les proportions 9 rondes et jaunes, 3 rondes et vertes, 3 ridées et jaunes, pour 1 ridée et verte. Ce résultat montre qu'il n'y

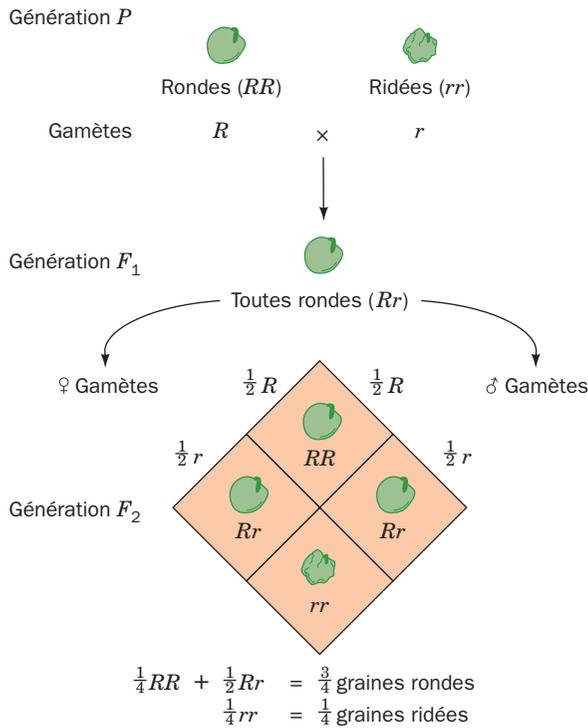


Figure 1-22 **Génotypes et phénotypes.** Dans un croisement entre une lignée de pois à graines rondes et une lignée à graines ridées, la génération F₁ a le phénotype à graines rondes à cause de la dominance du génotype rond sur le génotype ridé. Les trois quarts des graines constituant la F₂ sont rondes et un quart sont ridées parce qu'un seul allèle de ces gènes est transmis à un gamète et que l'union des gamètes est aléatoire.

a pas de tendance à l'association des gènes provenant du même parent (Fig. 1-23). Plus tard, il a été montré que *l'indépendance de ségrégation et de réassociation n'est vraie que pour les gènes portés par des chromosomes différents.*

Il n'y a pas toujours dominance d'un caractère sur un autre. Par exemple, si l'on croise une variété pure à fleurs rouges de gueule-de-loup, *Antirrhinum*, avec une variété pure à fleurs blanches, on obtient une F₁ à fleurs roses. La génération F₂ se compose d'individus à fleurs rouges, roses ou blanches dans les proportions 1:2:1 parce que les fleurs des homozygotes pour le gène de couleur rouge (AA) contiennent plus de pigment rouge que celles des hétérozygotes Aa (Fig. 1-24). Les caractères rouge et blanc sont donc appelés **codominants**. Dans de tels cas, le phénotype révèle le génotype.

Un gène donné peut avoir plusieurs allèles. Un bon exemple est celui du **déterminisme des groupes sanguins ABO** chez l'Homme (Section 12-3E). Un individu aura un sang de type A, de type B, de type AB ou de type O selon que ses globules rouges portent l'antigène A, l'antigène B, ces deux antigènes, ou aucun des deux. Les antigènes A et B sont spécifiés par les allèles codominants I^A et I^B et le phénotype O est homozygote pour l'allèle récessif i.

C. La théorie chromosomique de l'hérédité

La théorie de l'hérédité proposée par Mendel a été presque complètement ignorée par ses contemporains.

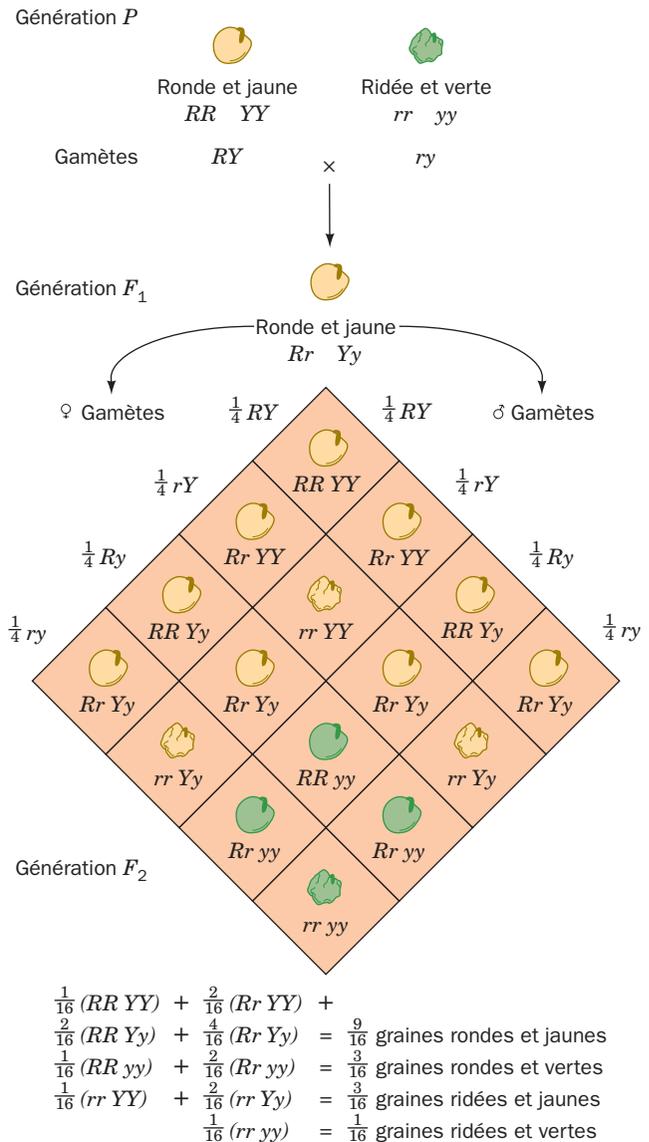


Figure 1-23 **L'indépendance de réassociation.** Les allèles R (pour ronde) ou r (pour ridée), et Y (pour jaune) ou y (pour vert) se séparent et se réassocient indépendamment. La descendance F₂ comprend ainsi neuf génotypes possibles qui expriment quatre phénotypes différents, à cause de la dominance.

Ceci s'explique en partie par le fait qu'il utilisa la théorie des probabilités, une discipline étrangère à la plupart des biologistes de l'époque. La raison principale est cependant qu'il était en avance sur son temps : les connaissances en anatomie et en physiologie étaient insuffisantes pour comprendre ses explications. Par exemple, la mitose et la méiose étaient encore inconnues. Cependant, après la redécouverte des travaux de Mendel en 1900, il est apparu que les principes qu'il avait proposés expliquaient l'hérédité aussi bien chez les animaux que chez les plantes. En 1903, quand Sutton s'aperçut que les chromosomes et les gènes avaient un devenir parallèle, il formula la **théorie chromosomique de l'hérédité**, dans laquelle il proposait que les gènes sont des parties de chromosomes.

Le premier caractère à avoir été attribué à un chromosome est le type sexuel. *Chez la plupart des animaux eucaryotes, les cellules des femelles contiennent chacune*

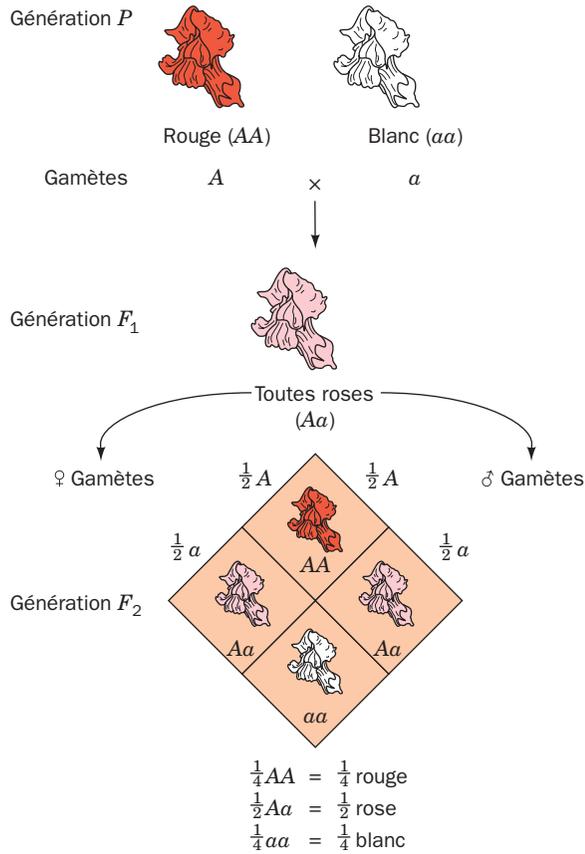


Figure 1-24 La codominance. Dans le croisement entre *Antirrhinum* (gueule-de-loup) à fleurs rouges (AA) et *Antirrhinum* à fleurs blanches (aa), la génération F₁ (Aa) est rose ; ceci démontre que les allèles A et a sont codominants. Les individus F₂ possèdent des fleurs, soit rouges, soit roses, soit blanches, en proportions 1:2:1, respectivement.

deux **chromosomes X (XX)**, tandis que les cellules des mâles contiennent un seul chromosome X et un **chromosome Y**, dont la forme est différente (XY ; Fig. 1-25). Les ovules contiennent donc un seul chromosome X et le spermatozoïde contient soit un X, soit un Y (Fig. 1-25). La fécondation par un spermatozoïde porteur d'un X entraîne donc la formation d'un zygote XX femelle, et par un spermatozoïde porteur d'un Y, d'un zygote XY mâle. C'est la probabilité 0,5 de chaque spermatozoïde qui explique le rapport 1:1 entre mâles et femelles chez beaucoup d'espèces. Les chromosomes X et Y sont donc appelés **chromosomes sexuels** ; les autres chromosomes sont les **autosomes**.

a. La mouche du vinaigre est le modèle favori des généticiens

Le développement de la recherche en génétique s'est fortement accéléré après le choix par Thomas Hunt Morgan d'utiliser la mouche du vinaigre *Drosophila melanogaster* comme matériel expérimental. Ce petit insecte prolifique (Fig. 1-26), que l'on voit voler autour des fruits mûrs vers la fin de l'été, est facilement élevé en laboratoire où il peut produire une nouvelle génération en 14 jours. Avec *Drosophila*, les résultats d'un croisement peuvent être connus 25 fois plus vite qu'avec le pois. Actuellement, *Drosophila* est l'organisme supérieur le mieux caractérisé génétiquement.

La première souche mutante à être identifiée chez *Drosophila* avait les yeux blancs, alors que le **type sauvage**

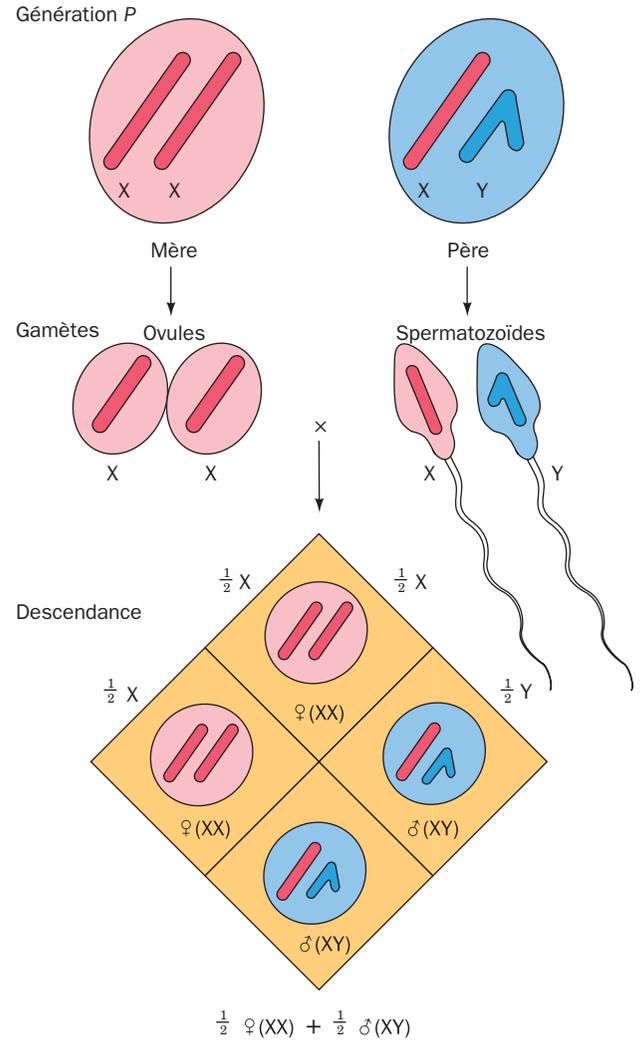


Figure 1-25 La ségrégation indépendante. La ségrégation indépendante des chromosomes sexuels X et Y entraîne la production de femelles et de mâles en proportions 1:1.

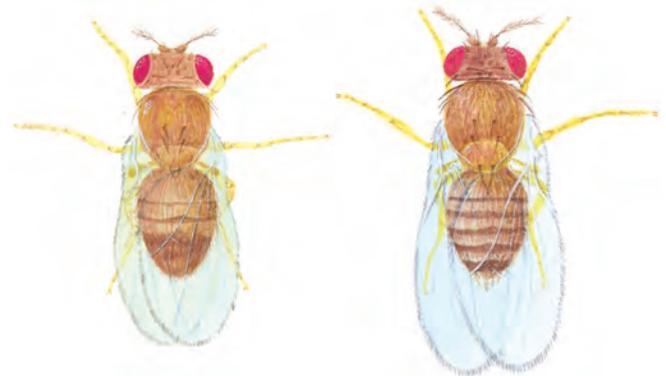


Figure 1-26 La mouche du vinaigre *Drosophila melanogaster*. Le mâle, à gauche, et la femelle, à droite, sont représentés à la même échelle ; leur taille est de l'ordre de 2 mm et leur poids de l'ordre de 1 mg.

naturel a les yeux rouges. En réalisant des croisements entre la souche aux yeux blancs et le type sauvage, Morgan a pu démontrer que la transmission du gène conférant les yeux blancs (*wh*) se fait avec celle du chromosome X. Ceci montre que le gène *wh* est localisé sur le chromosome X et que le chromosome Y ne contient pas ce gène. Le gène *wh* est donc dit « **lié au sexe** ».

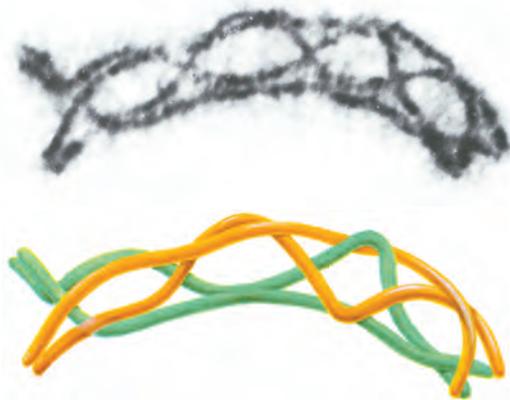
b. Les cartes génétiques sont établies à partir des fréquences de crossing-over

Au cours des années suivantes, la localisation chromosomique de nombreux gènes a été établie chez *Drosophila*. Les gènes qui sont localisés sur le même chromosome ne se transmettent pas de manière strictement indépendante. Une paire de gènes ainsi **liés** se **recombine**, chaque gène échangeant ses allèles entre les deux chromosomes parentaux, selon une certaine fréquence caractéristique pour chaque paire de gènes. Le phénomène cytologique à la base de ces résultats génétiques survient au début de la méiose, quand les chromosomes à deux chromatides homologues de chaque paire parentale sont alignés (en métaphase I (Fig. 1-20). Des chromatides homologues échangent alors par crossing-over des segments équivalents, sous forme de chiasmats (Fig. 1-27). La localisation sur un chromosome d'un point de crossing-over est quasi aléatoire d'un événement à l'autre. Il s'ensuit que *la fréquence de crossing-over entre les gènes d'une paire de gènes liés est fonction de la distance physique qui les sépare le long du chromosome*. Morgan et Alfred Sturtevant ont eu l'idée d'utiliser ces fréquences pour **cartographeur** (localiser) les positions relatives des gènes le long des 4 chromosomes de *Drosophila*. Ces études ont démontré que *les chromosomes sont des structures linéaires et non ramifiées*. On sait actuellement que les **cartes génétiques** ainsi établies (Fig. 1-28) sont parallèles aux séquences correspondantes de l'ADN le long des chromosomes.

c. Des gènes qui ne sont pas allèles se complètent l'un l'autre

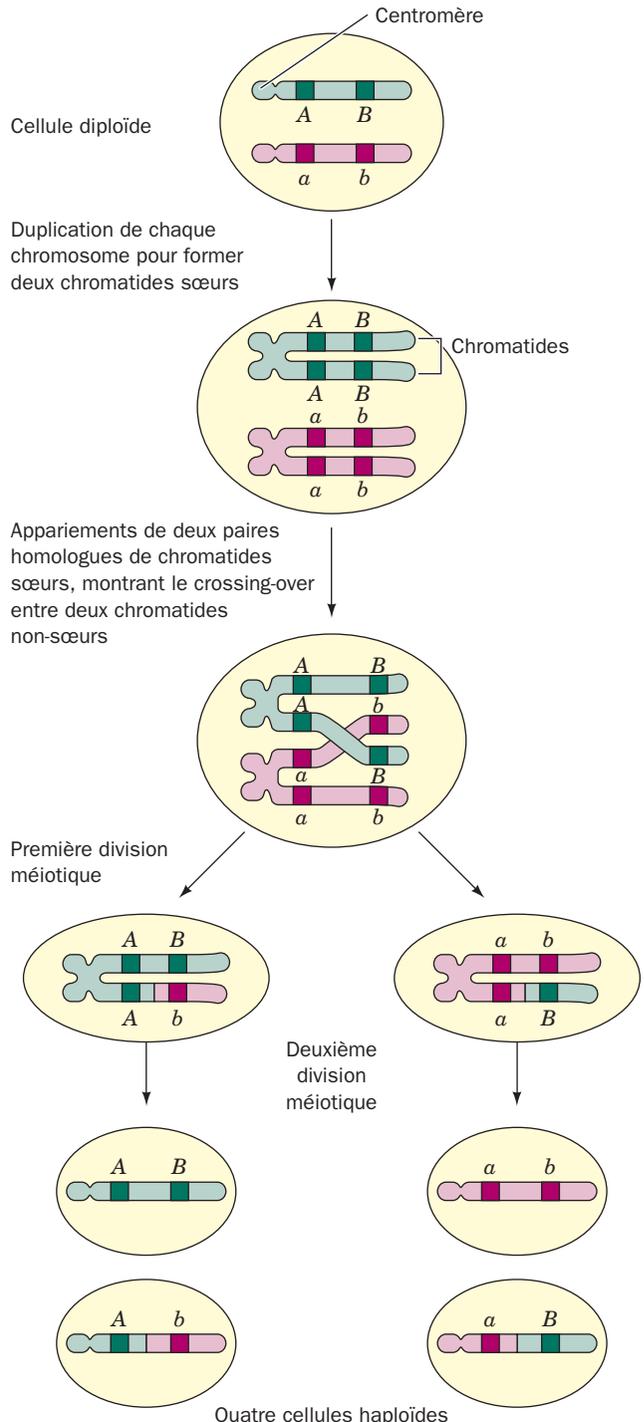
On peut savoir par un **test de complémentation** si deux gènes récessifs affectant des fonctions ou caractères semblables sont des formes différentes du même gène (allèles) ou sont des gènes différents. Pour réaliser ce test, une lignée

homozygote de l'une des formes récessives est croisée avec un homozygote pour l'autre forme récessive. Si les deux gènes ne sont pas alléliques, la descendance de ce croisement sera de phénotype sauvage parce que chacun des chromosomes homologues apportera la fonction de type sauvage qui manque à l'autre ; ils se complètent. Par exemple, si l'on croise une drosophile homozygote pour une mutation



(a)

Figure 1-27 Le crossing-over. (a) Micrographie électronique et interprétation d'une tétrade constituée par deux paires de chromatides sœurs (de même couleur) vue au cours de la méiose, chez la sauterelle (*Chorthippus parallelus*). Les chromatides non-sœurs (de couleurs différentes) peuvent subir une



(b)

recombinaison à tout point où elles se croisent. [Avec l'autorisation de Bernard John, The Australian National University.] (b) Diagramme schématisant une étape de la recombinaison par crossing-over, de deux gènes à deux allèles (*A-a* et *B-b*).

de la couleur des yeux appelée *pr* (*purple*, violet), avec une homozygote pour une autre mutation de la couleur des yeux, appelée *bw* (*brown*, brune), la descendance aura le type sauvage aux yeux rouges, ce qui montre que ces deux gènes ne sont pas alléliques (Fig. 1-29a). Au contraire, si l'on croise une drosophile femelle homozygote pour le gène *wh* (*white*, blanc) lié au sexe, donnant des yeux de couleur blanche, avec

un mâle porteur de l'allèle lié au sexe *cf* (*coffee*, café) donnant des yeux de couleur café, la descendance femelle n'aura pas les yeux de type sauvage (Fig. 1-29b). On en conclut que *wh* et *cf* sont des allèles d'un même gène.

d. Ce sont les gènes qui dirigent la production des protéines

Il fallut un certain temps pour comprendre comment les gènes contrôlent les caractéristiques des êtres vivants. Archibald Garrod fut le premier à proposer une relation spécifique entre les gènes et les enzymes. Si des individus sont atteints d'**alcaptonurie**, ils produisent une urine qui devient très foncée après exposition à l'air libre, à cause de l'oxydation de l'**acide homogentisique** qu'ils excrètent (Section 16-3A). En 1902, Garrod montra que cette anomalie métabolique plutôt

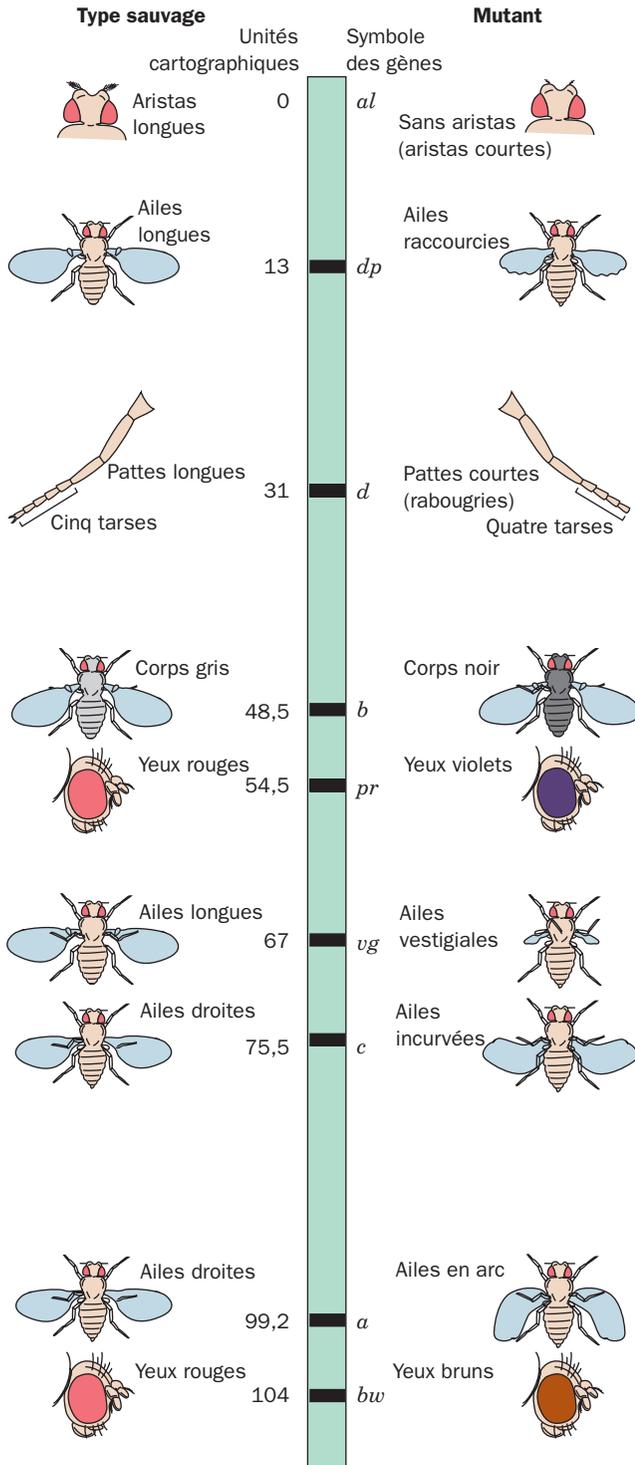
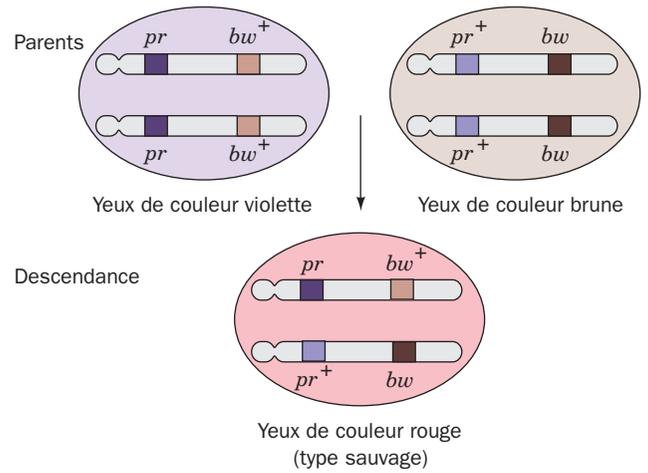


Figure 1-28 Carte génétique partielle du chromosome 2 de la drosophile. La position des gènes est donnée en unités cartographiques (centimorgans). Deux gènes proches qui se recombinent à une fréquence de *m* % sont distants l'un de l'autre de $\sim m$ centimorgans.

(a) Caractères récessifs non alléliques



(b) Caractères récessifs et alléliques

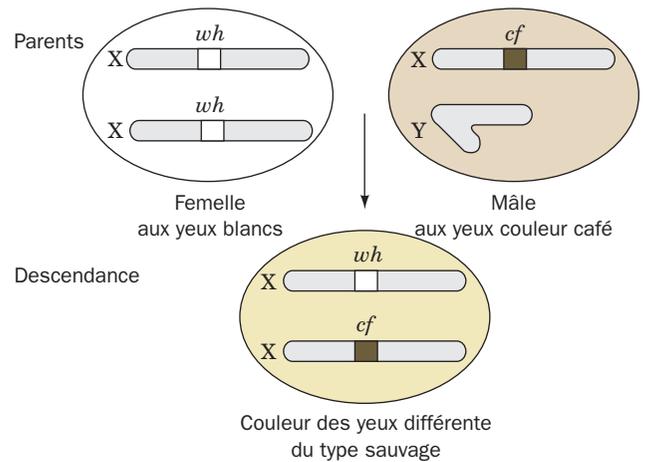


Figure 1-29 Le test de complémentation. Ce test permet de savoir si deux formes récessives, correspondant au même caractère, sont déterminées par deux allèles du même gène ou non. Deux exemples pris chez la drosophile sont illustrés ici : (a) Si un homozygote pour la couleur violette (*pr*) de l'œil est croisé avec un homozygote pour la couleur brune (*bw*) de l'œil, la descendance F1 est de phénotype sauvage (yeux rouges). Ceci indique que les caractères *pr* et *bw* dépendent de gènes différents (l'exposant + désigne les allèles sauvages). (b) Si une femelle homozygote pour le gène *w*, déterminant l'œil de couleur blanche, lié au sexe, est croisée avec un mâle ayant des yeux couleur « café » (*cf*), caractère lié au sexe, lui aussi, la descendance femelle a les yeux couleur café, et la descendance mâle a les yeux blancs. Les gènes *w* et *cf* sont donc allèles l'un de l'autre.

bénigne (son seul effet pathologique est l'arthrite à un âge avancé) est le résultat de l'action d'un gène récessif hérité de manière mendélienne. Il démontra ensuite que ces malades sont incapables de métaboliser l'acide homogentisique ingéré et en tira la conclusion qu'il leur manque une enzyme qui métabolise cette substance. Enfin, Garrod décrivit l'alcaptonurie et d'autres maladies humaines héréditaires comme des **erreurs innées du métabolisme**.

À partir d'expériences ayant débuté en 1940, et qui marquent le début de la génétique biochimique, George Beadle et Edward Tatum ont montré qu'il existe une correspondance univoque entre une mutation et la disparition d'une enzyme donnée. La moisissure *Neurospora* de type sauvage pousse normalement sur un « milieu minimum » dans lequel les seules sources de carbone et d'azote sont le glucose et NH_3 . Certains mutants de *Neurospora*, obtenus après irradiation avec les rayons X, ont un besoin nutritif supplémentaire. Beadle et Tatum ont démontré pour plusieurs mutants qu'il leur manquait une enzyme normalement présente pour effectuer la biosynthèse de la substance en question (Section 16-3Ac). Ce fait s'énonce par l'expression célèbre : **un gène-une enzyme**. Actuellement, on reconnaît que ce principe n'est qu'en partie vrai, puisque beaucoup de gènes codent des protéines qui ne sont pas des enzymes et que beaucoup de protéines sont formées de plusieurs sous-unités codées par des gènes différents (Section 8-5). Une manière plus juste de s'exprimer serait d'écrire : **un gène-un polypeptide**. Même ceci ne serait pas tout à fait exact, puisque des ARN non traduits, mais ayant un rôle structural ou fonctionnel, sont eux aussi spécifiés par des gènes.

D. La génétique bactérienne

Les bactéries présentent plusieurs avantages pour l'analyse génétique. Un des plus manifestes est le fait que *beaucoup d'espèces ont un temps de génération de moins de 20 minutes, si les conditions sont favorables. On a ainsi la possibilité d'obtenir les résultats d'une expérience de génétique en quelques heures, alors que cela prendrait des semaines, voire des années, avec des organismes supérieurs. Un nombre incroyablement grand de bactéries peut être obtenu rapidement ($\sim 10^{10}$ mL⁻¹), ce qui permet l'observation d'événements biologiques très rares.* Par exemple, un événement de fréquence de 1 par million peut être détecté sans difficulté chez les bactéries en quelques minutes. Tenter d'obtenir un résultat analogue avec *Drosophila* demanderait un travail énorme et sans doute voué à l'échec. De plus, les bactéries sont généralement haploïdes ; leur phénotype illustre donc leur génotype. Il n'en reste pas moins que les principes de base de la génétique ont été élucidés en étudiant des plantes et des animaux. Ceci est dû au fait que les bactéries ne se reproduisent pas *via* un cycle sexué comme les organismes supérieurs ; on ne peut donc normalement pas leur appliquer la technique de base de la génétique classique, le croisement génétique. En fait, avant que l'on sache que l'ADN est le vecteur de l'information génétique, il n'apparaissait pas clairement que les bactéries avaient des chromosomes.

L'étude génétique des bactéries a effectivement commencé dans les années 1940, après la mise au point de techniques d'isolement de bactéries mutantes. Étant donné que les bactéries n'ont que très peu de caractères morphologiques faciles à reconnaître, *les mutants sont détectés et sélectionnés par leur aptitude ou leur inaptitude à la croissance dans certaines conditions.* Par exemple, *E. coli* de type

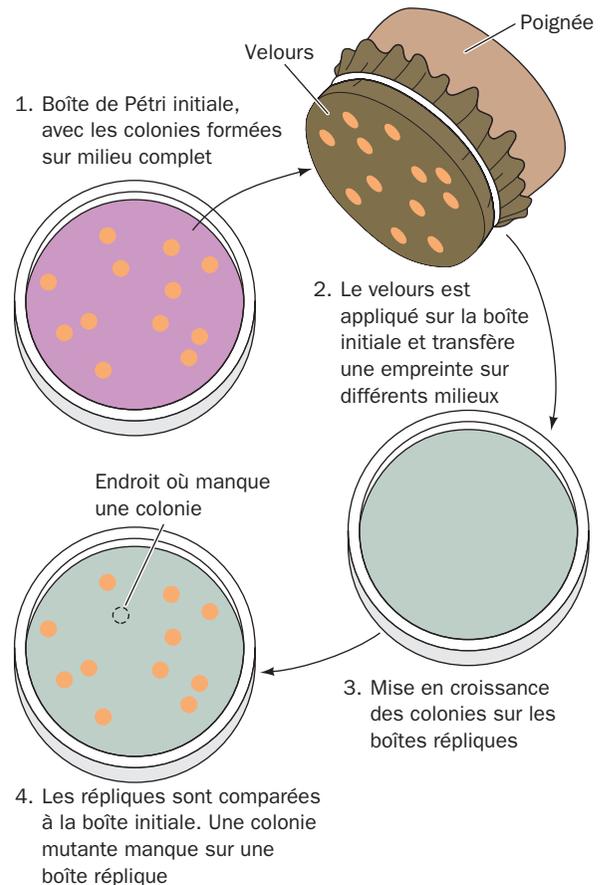


Figure 1-30 La technique des répliques. Cette technique permet de transférer rapidement et efficacement les colonies d'une boîte de Pétri sur d'autres boîtes contenant un milieu différent. Puisque les colonies bactériennes ont la même distribution sur la boîte initiale et sur les répliques, il est facile de repérer les mutants pour les identifier.

sauvage se multiplie sur un milieu contenant du glucose comme seule source de carbone. Des mutants incapables de synthétiser la **leucine** auront besoin de leucine dans le milieu de culture. Des mutants devenus résistants à un antibiotique comme l'**ampicilline** peuvent se multiplier en présence de cet antibiotique, alors que le type sauvage ne le peut pas. Des mutants chez lesquels une protéine essentielle est devenue thermolabile se multiplient à 30 °C, mais non à 42 °C, alors que le type sauvage peut se multiplier aux deux températures. Avec un protocole adapté de criblage, on peut donc sélectionner une colonie bactérienne porteuse d'une mutation donnée ou d'une combinaison de mutations. La méthode utilisée pour cela est la **réplique par tampon de velours** (Fig. 1-30).

E. La génétique des virus

Les virus sont des particules infectieuses formées d'une molécule d'acide nucléique entourée par une capsid (enveloppe) protectrice, constituée en majorité ou uniquement par des protéines. Une particule virale (virion) s'attache de manière spécifique à une cellule sensible dans laquelle elle introduit son acide nucléique. Au cours de l'infection (Fig. 1-31), le chromosome viral oriente le métabolisme cellulaire vers

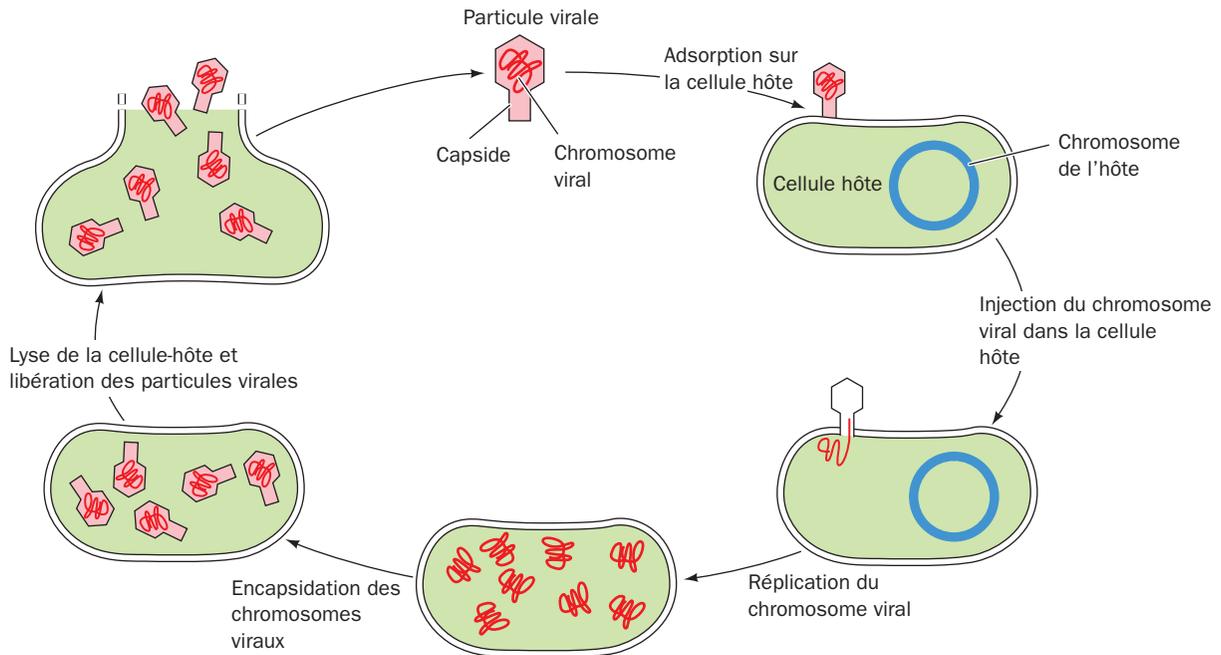


Figure 1-31 Le cycle biologique d'un virus.

la production de nouveaux virions. Une infection virale se termine généralement par la **lyse** (déchirement) de la cellule hôte, qui libère alors des dizaines, voire des milliers, de particules virales capables de recommencer le cycle infectieux. Les virus, qui n'ont pas de métabolisme propre, sont des parasites strictes. Ils ne sont donc pas des organismes vivants, puisqu'en l'absence de leur hôte ils sont biologiquement inertes comme n'importe quelle autre macromolécule.

a. Les virus sont aussi le siège du phénomène de complémentation et de recombinaison

La génétique des virus peut être analysée par les moyens classiques comme dans le cas des organismes cellulaires. Seulement, comme les virus n'ont aucun métabolisme propre, on les détecte d'habitude par leur aptitude à lyser les cellules hôtes. La présence de **bactériophages** (virus qui infectent des bactéries, **phages** en abrégé ; du grec *phagein*, manger) viables est révélée par les **plages de lyse** (taches claires) qu'ils provoquent sur un tapis bactérien obtenu en boîtes de culture (Fig. 1-32). Ces plages dérivent d'un point à partir duquel une seule particule s'est multipliée, en provoquant la lyse de toutes les bactéries de la plage. Un phage mutant qui ne peut produire de descendance que dans des **conditions** dites **permissives**, peut être détecté par son incapacité à se reproduire dans d'autres **conditions** dites **restrictives**, dans lesquelles le type sauvage est viable. Ces conditions sont déterminées très souvent par la nature de la souche bactérienne utilisée comme hôte, ou par une modification de la température.

Les virus sont capables de complémentation. L'infection simultanée d'une bactérie par un mélange de deux phages mutants différents peut produire une descendance dans des conditions telles qu'aucun des mutants ne peut se reproduire seul. Dans ces cas précis, on en conclut que chaque phage assure une fonction qui ne peut être assurée par l'autre. On dit alors que chacune des mutations fait partie d'un **groupe**

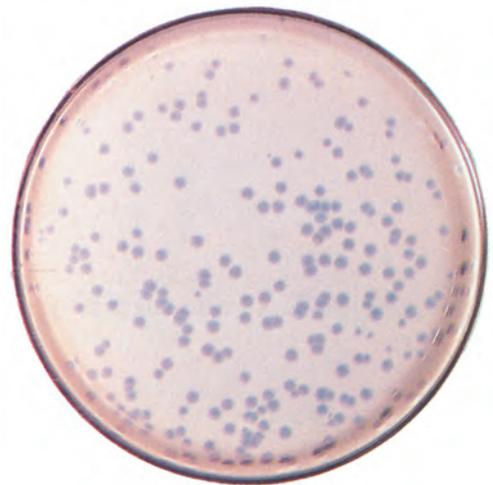


Figure 1-32 La détection de virus mutants. Ceci représente une culture en boîte de Pétri, avec un tapis bactérien de *E. coli*, sur lequel des bactériophages ont formé des plages de lyse. [Jack Bostrack/Visuals Unlimited.]

de complémentation différent, notion que l'on peut assimiler à celle de gène.

Les chromosomes viraux peuvent se recombiner lorsqu'une cellule bactérienne est infectée en même temps par des particules mutantes différentes du même virus (Fig. 1-33). La dynamique de la recombinaison virale est différente de celle des eucaryotes ou des bactéries. En effet, le chromosome viral peut entrer en recombinaison au cours de n'importe quel cycle de répllication de l'ADN

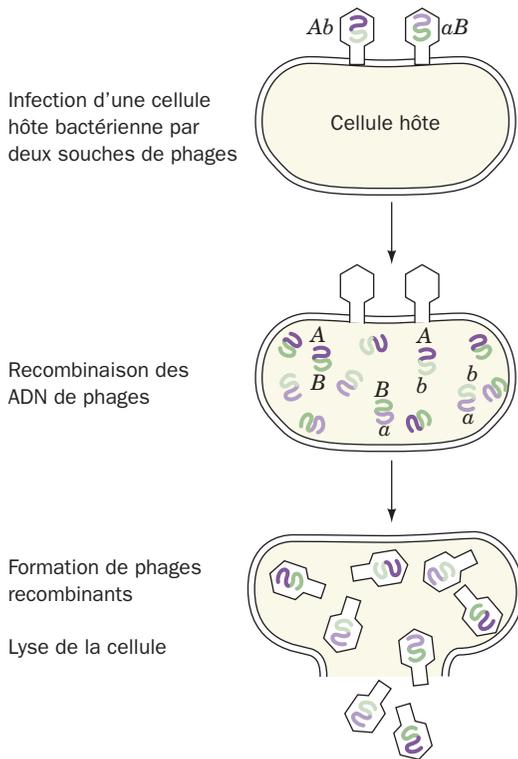


Figure 1-33 La recombinaison virale. La recombinaison entre des chromosomes de bactériophages a lieu lorsqu'une bactérie hôte est infectée simultanément par deux phages de génotypes différents, par exemple pour deux gènes, *Ab* et *aB*.

viral. La descendance résultant de recombinaisons peut donc contenir la plupart sinon tous les types de recombinants possibles.

b. L'unité de recombinaison est la paire de bases

La vitesse de multiplication des phages est telle qu'elle permet la détection d'événements de recombinaison de fréquence 10^{-8} . Au cours des années 1950, Seymour Benzer a réalisé l'étude génétique fine de la région *rII* du chromosome du **bactériophage T4**. Cette région, longue d'environ 4 000 paires de bases (**pb**), représente à peu près 2 % du chromosome du phage T4 et se compose de deux groupes de complémentation adjacents appelés *rIIA* et *rIIB*. Dans un hôte permissif comme *E. coli* B, une mutation de type *rII*, qui rend inactif le produit de l'un ou l'autre de ces deux gènes, permet cependant la production de plages beaucoup plus grandes (appelées *r*, pour « rapid lysis ») que celles du phage de type sauvage. La souche restrictive *E. coli* K12(λ) ne peut être lysée que par le type sauvage *rII*⁺. La présence de plages sur une boîte de culture d'*E. coli* K12(λ) après co-infection avec deux mutants *rII* différents mais du même groupe de complémentation, démontre que la recombinaison peut avoir lieu à l'intérieur même d'un gène. Cette démonstration rendait ainsi caduc le modèle selon lequel les gènes seraient des corpuscules discontinus, placés comme des perles sur un fil, le chromosome, et selon lequel la recombinaison a lieu seulement entre les perles, échangeant des gènes intacts. La cartographie génétique de mutants *rII* à plus de 300 sites différents dans les régions *rIIA* et *rIIB* montre à l'évidence que

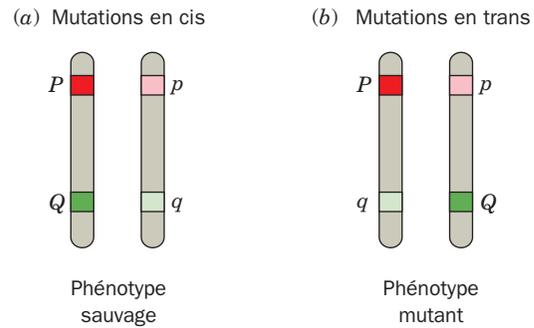


Figure 1-34 Le test cis-trans. Considérons un chromosome présent en deux exemplaires homologues, dans lesquels deux sites du même gène, *P* et *Q*, sont aussi sous une forme mutante récessive *p* et *q*. (a) Si les deux mutations sont en configuration **cis**, c'est-à-dire sur le même exemplaire chromosomique, un gène sera *P* et *Q*, c'est-à-dire fonctionnel, l'autre sera *p* et *q*, mais l'ensemble sera de phénotype fonctionnel sauvage. (b) Si les mutations sont en **trans**, c'est-à-dire sur des exemplaires chromosomiques différents, les deux gènes seront mutants, non fonctionnels, et l'ensemble conduira à un phénotype mutant.

les gènes, tout comme les chromosomes, sont des structures linéaires non ramifiées.

Benzer a également démontré que, dans un test de complémentation, deux mutants de complémentation donneront une descendance sur l'hôte restrictif à condition que les deux mutations soient en configuration **cis** (sur le même chromosome, Fig. 1-34a). Par contre, le test sera négatif si les deux mutations concernent le même gène et sont en configuration **trans** (ici les mutations sont sur des chromosomes différents ; Fig. 1-34b). En effet, ce n'est que lorsque les deux mutations intéressent le même gène que l'autre gène reste fonctionnel. Le terme de **cistron** a été inventé pour désigner l'unité de fonction génétique ainsi mise en évidence par ce **test cis-trans**. Ce terme est depuis lors utilisé comme synonyme de gène ou de groupe de complémentation.

La recombinaison de couples de mutants *rII* a été observée jusqu'à une fréquence aussi faible que 0,01 %, bien que la limite de détection puisse descendre à 0,0001 %. On peut calculer que, chez T4, une fréquence de recombinaison de 1 % correspond à une distance physique de 240 pb entre les sites mutés ; l'unité de recombinaison ne dépasse donc pas $0,01 \times 240 = 2,4$ pb. Ceci est une estimation maximale, compte tenu du mécanisme de recombinaison. Ces études de cartographie génétique à haute résolution ont ainsi permis de conclure que l'ordre de grandeur de l'unité de recombinaison est la paire de bases.

5 L'ORIGINE DE LA VIE

L'homme s'est toujours interrogé sur le mystère de son existence. Toutes les cultures connues à ce jour, primitives comme évoluées, ont élaboré un mythe pour expliquer l'apparition de la vie. Ce n'est qu'à l'époque moderne, cependant, que l'on a pu adopter une attitude scientifique pour tenter de comprendre l'origine de la vie et en soumettre les hypothèses à la vérification expérimentale.

Charles Darwin, père de la théorie de l'évolution, fut l'un des premiers à entreprendre une telle démarche. En 1871, il écrivait à un collègue :

On dit souvent que toutes les conditions pour la première apparition d'un organisme vivant, conditions qui auraient pu exister depuis toujours, sont maintenant réunies. Mais si (et quel énorme « si ») nous pouvions imaginer que, dans une petite mare d'eau tiède, contenant toutes sortes de sels ammoniacés et phosphorés, en présence de lumière, de chaleur et d'électricité, etc., une protéine se soit chimiquement formée prête à subir des modifications encore plus complexes, à l'heure actuelle, une telle substance serait immédiatement dévorée, ou absorbée, ce qui ne se serait pas produit avant l'arrivée d'êtres vivants.

Selon des études par datation radioactive, la Terre s'est formée il y a environ 4,6 milliards d'années. Cependant, les multiples impacts de météorites ont rendu sa surface trop brûlante pour que la vie puisse s'y développer avant plusieurs centaines de millions d'années. La première trace fossile de vie, issue d'organismes semblables aux cyanobactéries actuelles (Fig. 1-35), remonte à 3,5 milliards d'années. Cependant, les plus anciennes roches sédimentaires connues, qui ont environ 3,8 milliards d'années, ont été soumises à des perturbations métamorphiques suffisantes (500 °C et 5 000 atm) pour anéantir tout microfossile qu'elles auraient pu contenir. Il n'en reste pas moins (mais c'est controversé) que leur analyse géochimique y montre des inclusions carbonées qui pourraient être d'origine biologique. La vie aurait donc pu exister à l'époque de ces dépôts sédimentaires. Dans ce cas, la vie sur Terre a dû apparaître il y a environ 4 milliards d'années, dans un laps de temps ne dépassant pas la centaine de millions d'années.

L'ère prébiotique antérieure n'a pas laissé de trace. Par conséquent, nous ne pouvons espérer expliquer exactement comment la vie est apparue. Cependant, des expériences en laboratoire peuvent au moins montrer quels types de réactions chimiques abiotiques ont pu conduire à la formation de systèmes vivants. De plus nous ne sommes pas totalement dépourvus de fossiles de cette évolution prébiotique. Le caractère biochimique et génétique unitaire des organismes actuels suggère que la vie telle que nous la connaissons n'est apparue qu'une seule fois (si la vie est apparue plus d'une fois, les autres formes ont rapidement disparu, peut-être

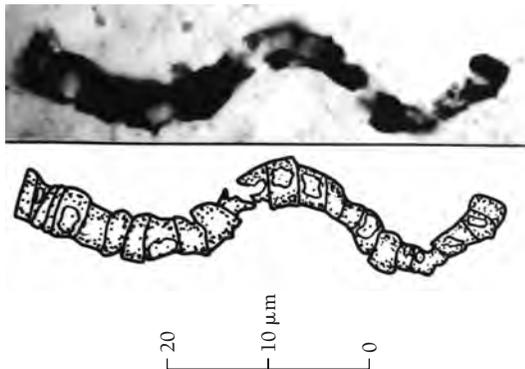


Figure 1-35 Microfossil de ce qui ressemble à une cyanobactérie. Ce fossile (on en donne en dessous une interprétation graphique) a été découvert dans une roche d'environ 3 500 millions d'années provenant de l'ouest de l'Australie. [Avec la permission de J. Williams Schopf, UCLA.]

parce qu'elles ont été « mangées » par la forme actuelle). Ainsi, la comparaison des messages génétiques correspondants d'une grande variété d'organismes actuels, devrait permettre de déduire des modèles plausibles concernant les messages primitifs dont ils sont issus.

On admet généralement que le développement de la vie s'est fait en trois étapes (Fig. 1-36) :

1. L'évolution chimique, au cours de laquelle de simples molécules géologiques ont réagi pour former des polymères organiques complexes.

2. L'organisation spontanée d'un grand nombre de ces polymères pour donner des entités capables de se répliquer. C'est au cours de ce processus qu'est intervenue la transition entre un rassemblement inerte de molécules réactives et les systèmes vivants.

3. L'évolution biologique aboutissant finalement à la complexité des formes modernes de vie.

Dans cette section, nous exposons dans leurs grandes lignes les hypothèses concernant ces mécanismes. Auparavant, nous allons expliquer pourquoi, de tous les éléments, le carbone est le seul qui convienne au fondement de la chimie complexe nécessaire à la vie.

A. Les propriétés uniques du carbone

La matière vivante est formée, comme le montre le Tableau 1-3, d'un petit nombre d'éléments. C, H, O, N, P et S, tous capables de former des liaisons covalentes, qui représentent environ 92 % du poids sec des êtres vivants (la plupart des organismes contiennent environ 70 % d'eau). Le reste est constitué d'éléments présents essentiellement sous forme d'ions et que l'on ne trouve généralement qu'à l'état de traces (ils interviennent le plus souvent aux sites actifs des enzymes). Remarquez, cependant, que 64 des 90 éléments que l'on trouve dans la nature n'ont pas de rôle biologique

Tableau 1-3 Composition élémentaire du corps humain

Élément	Poids sec (%) ^a	Éléments à l'état de traces
C	61,7	B
N	11,0	F
O	9,3	Si
H	5,7	V
Ca	5,0	Cr
P	3,3	Mn
K	1,3	Fe
S	1,0	Co
Cl	0,7	Ni
Na	0,7	Cu
Mg	0,3	Zn
		Se
		Mo
		Sn
		I

^a Calculé d'après Frieden, E., *Sci. Am.* **227** (1), 54–55 (1972).

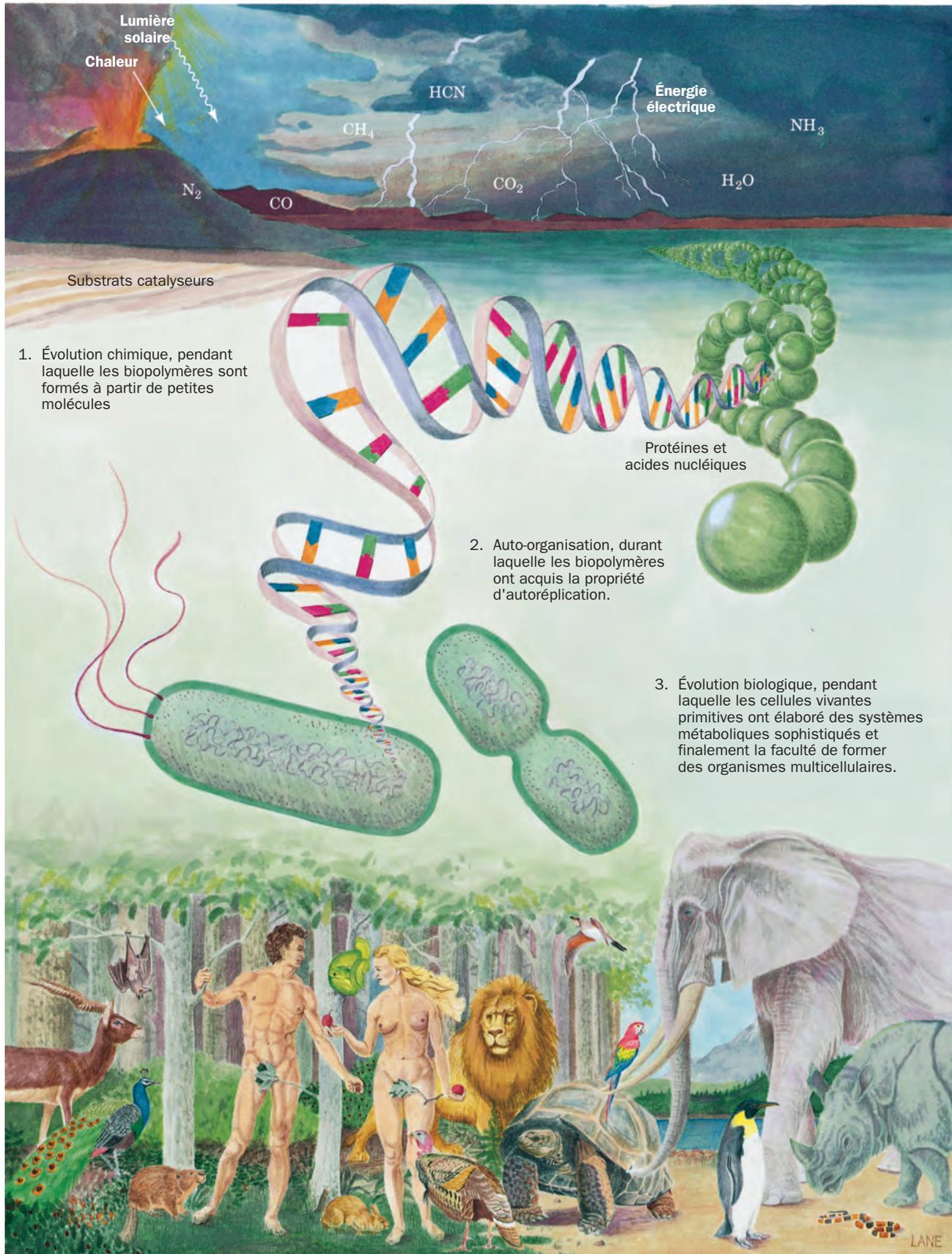


Figure 1-36 Les trois stades de l'évolution de la vie.

INDEX

Les numéros de pages en **caractères gras** font référence à une entrée majeure pour ce terme. Les indices numériques ou alphabétiques de position et de configuration dans les noms chimiques (par ex., 3-, α , *N*-, *p*-, *trans*, *D*-, *sn*-) ne sont pas pris en compte dans l'ordre alphabétique. Les nombres et les lettres grecques respectent l'ordre alphabétique quand ils sont écrits en toutes lettres.

A

- α -Actinine, 1647
 α_1 Adrénérge, récepteurs, 680
 α_2 Adrénérge, récepteurs, 680
 α_2 -Anti-plasmine, 1606
 α/α , Tonneaux, 982
 $\alpha\alpha$, Motifs, 249–250, 249F
 α/β , Domaines, 250, 300
 α/β , Tonneaux, 250, 252, 254, 300
 α , Configuration, des nucléotides, 83
 α , Domaines, 249F
 α , Hélice, 226, 226F, 227F
bases physiques, 304
comparaison aux autres hélices, 228F
diagramme de Ramachandran, 224F
et occupation de l'espace, 281
protéines globulaires, 246
 α , Oxydation, des acides gras, 958–959, 959F
 α , Particules, 572
 α , Solénoïde, 433
 α -Synucléine, 720
 α -Thrombine, 1599. *Voir aussi* Thrombine
 α -Tocophérol, 866
 α -Tubuline, 1664–1665, 1665F
A, ADN, 1146F, 1147F, **1148–1149**, 1148T, 1151
A, antigène, 415
A, ARN, 1151
A, ATPases de type, 758
A, bandes, muscle, 1640
a, gène (de drosophile), 25F
A, gène, 1451T
A, groupe sanguin, 22
A, site, (aminoacyle), 98F, 1373, 1385, 1387
A, transfert vers la face, 472
A⁺, gène, 1261–1262, 1264
A77, 1116
AAA+
domaine, 1184–1185
famille d'ATPases, 1197, 1206
protéines, 1197–1198
AADF/cofiline, 1659
AADP⁺, (3-aminopyridine adénine dinucléotide phosphate), 1125
aaRSs, *voir* Aminoacyl-ARNt synthétase
Ab initio, méthodes, 305
AB, groupe sanguin, 22
Abasique, site, 1218
Abbé, réfractomètre d', 156
ABC, transporteurs, **766–768**, 767F
ABCA1, (protéine A1 à cassette de liaison à l'ATP), 458
Abdominal-A, gène, (*Abd-A*; *Drosophila*), 1558
Abdominal-B, gène, (*Abd-B*; *Drosophila*), 1558
Abdominaux, segments embryonnaires, *Drosophila*, 1552
Abe, (abéquose), 379F
Abelson, J., 1312, 1351
Abéquose (Abe), 379F
A β (protéine amyloïde β), 311–312
A β , protéine précurseur d', (β PP), 311–312
Abl, 708
ABO, groupes sanguins, 22, **414–415**
Abortive, initiation, 1267–1268
Abrine, 1395T
Absolue, configuration, 74–75
Absolue, théorie de la vitesse, 484–487
Absorption, dans la loi de Beer–Lambert, 90
de l'ADN et des acides nucléiques, 90, 92, 92F
Absorption, spectre d', 92
Abx, mutant (*antierobithorax*; *Drosophila*), 1553F, 1554, 1558
Abzymes, 1685
AC, *voir* Adénylate cyclase
ac^cC (*N*⁴-acétylcytidine), 1347F
ACAT, *voir* Acyl-CoA:Cholestérol acyltransférase
ACC (acétyl-CoA carboxylase), **962–964**
Accepteur, ARNt, 1346
Accepteur, contrôle par l', 862
Accessoires, pigments, 908–909
Accommodation, 1388
Accostage, protéines d', 420, 710
Ac-DEVD-CHO (acétyl-Asp-Glu-Val-Asp-CHO) inhibiteur, 1576F, 1582
ACE, (enzyme de conversion de l'angiotensine), 547F
ACE, inhibiteurs d', 547F
Acétal, 520F
Acétaldéhyde, côtés *re* et *si*, 77F
Acétaminophène, 544–545, 544F, 1000
Acétate, ion, 45, 45T, 48F
Acétate, précurseur du cholestérol, 975F, 976–977
Acétimidoquinine, 544–545, 544F
Acétique, acide
création, dans les expériences de Miller-Urey, 32T
courbe de distribution, 48, 48F
courbe de titration, 47, 47F
Acétoacétate, 959, 960F
décarboxylation, 510–511
dégradation du tryptophane, 1041–1042
et dégradation de la leucine/lysine, 1040–1041
et dégradation de la phénylalanine/tyrosine, 1043–1047
Acétoacétyl-CoA, 960
 α -Acéto- α -hydroxybutyrate, 1075
Acétolactate, 1075
Acétone, 959
constante diélectrique et moment dipolaire, 43T
et lyse de la paroi cellulaire, 130
solubilité des protéines dans l', 134
Acétonyl-CoA, 806–807
Acétyl phosphate, 580, 607
Acétyl transférase (AT), 967, 968
Acétylation des histones, 1539–1542
Acétylcholine (ACh), 527, **778–780**, 1610
Acétylcholine, récepteur de l', (AChR), **780–781**, 780F
Acétylcholinestérase, **781–782**, 782F
constantes cinétiques de Michaelis–Menten, 489T
inactivation par DIPP, 527
limitée par la diffusion, 490, 491
Acétyl-CoA, 561, 561F
dans la cétogenèse, 960–961, 960F
dans le cycle de l'acide citrique, 789, 792–796, 792F, 795F, 816–819
et dégradation de la leucine/lysine, 1040–1041
régulation de la pyruvate carboxylase, 873–874
Acétyl-CoA acétyltransférase, 960–961
Acétyl-CoA carboxylase (ACC), **962–964**
Acétyl-coenzyme A, *voir* Acétyl-CoA
*N*⁴-Acétylcytidine (ac^cC), 1347F
N-Acétyl-D-galactosamine, 392F
Acétyl-dihydrolipamide-E2, 795
N-Acétylglucosamine, *voir* NAG
N-Acétylglutamate, 1025, 1029, 1070F, 1071
N-Acétylglutamate-5-semialdéhyde, 1070F, 1071
N-Acétylglutamate synthase, 1029, 1070F, 1071
N-Acétylimidazolium, 513
e-*N*-Acétyllysine, 79F
N-Acétylmuramique, acide, *voir* NAM
N-Acétylneuraminidate, 392F
N-Acétylneuraminique, acide, *voir* NANA
N-Acétylsérine, 79F
N-Acétylxylosamine (XylNAc), résidu, 523
Acétylsalicylique, acide, 998
ACh, *voir* Acétylcholine
AChR, *voir* Acétylcholine, récepteur de l',
Acide aminé, bras accepteur d', de l'ARNt, 1346
Acide gras amide hydrolase (FAAH), 404–406, 405F
Acide gras synthase (FAS), 568, 962, **964–968**

- Acide gras, anions, 44, 44F
 Acide gras, biosynthèse, 964F
 Acétyl-CoA carboxylase, **962–964**
 acide gras synthase, **964–968**
 élongases et désaturases, **969–971**
 et autre voies, 1089–1090
 formation d'une liaison carbone-carbone, 965F
 intermédiaires du cycle de l'acide citrique, 818
 régulation, 974F
 synthèse des triacylglycérols, **971–973**, 972F
 transport mitochondrial de l'acétyl-CoA, **968–969**
- Acide gras, oxydation, **945**
 acides gras à nombre impair d'atomes de carbone, **952–957**
 acides gras insaturés, **950–952**
 β oxydation, **947–950**, **958**
 et autres voies, 1089–1090
 et protéine kinase AMP-dépendante, 1096
 et transport, 946–947, 946F
 inhibition de la glycolyse, 864
 régulation, **973–975**, 974F
 régulation hormonale, 973–975, 974F
 voies mineures, **958–959**
- ω -3, Acides gras, 1003
 ω -6, Acides gras, 1003
- Acide, hypothèse de la chaîne, 446
- Acides, **45**
 constantes de dissociation, 45–47, 46T
 polyprotiques, **48–50**, 49F
- α , Acides aminés, 67, 67F, 70F
- Acides aminés, 15, 67–80. *Voir aussi* Protéine, séquençage
 activité optique, **73–78**
 classification et caractéristiques, **70–71**
 code génétique, 99, 100T, 1338–1345, 1343T
 comme carburant métabolique, 1095
 comme neurotransmetteurs, 782–783, 783F
 comme précurseurs biosynthétiques, 1047–1064
 création dans les expériences de Miller-Urey, 32T, 33
 dans la synthèse protéique, 98–100
 définition, 67
 des protéines, 67–73, 68T–69T
 distribution des angles de conformation, 224F
 échelle d'hydropathie des chaînes latérales, 264T
 essentiels et non essentiels, 1019, 1065T
 et arbre phylogénétique, 6
 les chaînes latérales comme catalyseurs covalents, 511
 liaisons peptidiques, **70**
 nomenclature, **72–73**
 non standard, **78–80**, 79F, 80F
 propriétés acido-basiques, **72**
 racémisation, 116
 récupération d'énergie par le cycle de l'acide citrique, 789
 synthèse chimique de polypeptides, 206–209
 transport sanguin, 973
- Acides aminés, biosynthèse
 acides aminés essentiels, **1072–1078**
 acides aminés non essentiels, **1064–1072**
 alanine, 1067–1073
 arginine, 1071
 asparagine, 1067–1073
 aspartate, 1067–1073
 cystéine, 1071–1072
 glutamate, 1065–1071
 glutamine, 1067–1073
 glycine, 1071–1072
 histidine, 1078
 intégration et interrelations, 1090
 intermédiaires du cycle de l'acide citrique, 818
 isoleucine, 1075
 leucine, 1075
 lysine, 1072–1073, 1075
 méthionine, 1072–1073, 1075
 ornithine, 1071
 phénylalanine, 1075–1078
 proline, 1071
 régulation par GCN2, 1400–1401
 sérine, 1071–1072
 thréonine, 1072–1073, 1075
 tryptophane, 1075–1078
 tyrosine, 1075–1078
 valine, 1075
- Acides aminés, désamination, **1019–1020**
 oxydative, **1023–1025**
 transamination, **1020–1023**
- Acides aminés, métabolisme, 561F. *Voir aussi*
 Urée, cycle de l',
 acides aminés glucogéniques et céto-géniques, 1029–1030
 alanine, cystéine, glycine, sérine, et thréonine : dégradation, 1030–1034
 arginine, glutamate, glutamine, histidine, et proline : dégradation, 1034
 asparagine et aspartate : dégradation, 1034
 biosynthèse d'amines psychologiquement actives, **1058–1062**
 biosynthèse de l'hème, **1047–1058**
 comme carburant métabolique, 1094–1095
 dégradation de l'hème, **1056**
 désamination d'acides aminés, 1019–1025
 et cycle de l'urée, 1025–1029
 intégration et interrelations avec les autres voies, 1090
 isoleucine, méthionine, et valine : dégradation, 1034–1039
 leucine et lysine : dégradation, 1040–1041
 phénylalanine et tyrosine : dégradation, 1043–1047
 tryptophane : dégradation, 1041–1042
 vue d'ensemble d'intermédiaires métaboliques courants, 1029F
- Acides aminés, résidus, 70, 188, 302T
- Acides aminés, séquençage, *voir* Protéine, séquençage
- Acides faibles, 46–48, 48F
- Acides forts, 46–47
- Acides gras, **386–388**
 activation, **945–946**, 946F
 dans le cycle de l'acide citrique, 789
 essentiels, 971
 et insulino-résistance, 1102, 1103F
 glycogène vs., 638
 noms, 387T
 transport sanguin, 973
- Acides gras à nombre impair d'atomes de carbone, 945F, **952–957**
- Acides gras à nombre pair d'atomes de carbone, 945F
- Acides gras insaturés, 386–388, 387T, **950–952**, 950F
- Acides gras régulation à court-terme du métabolisme des, 973
- Acides gras, régulation du métabolisme à long-terme, 973
- Acides minéraux, 46
- Acides nucléiques méthodes de fractionnement en solution, **156–157**
- Acides nucléiques, 15, 82–95. *Voir aussi* ADN ; ARN
 ADN surenroulé, **1158–1170**
 appariement de bases, 1154–1156
 coefficients de sédimentation, 154F
 comme composants tampon, 48
 conformation de la chaîne sucre-phosphate, 1152–1154
 dans l'alimentation, 1130
 empilement de bases, 1156–1157
 et fonction de l'ADN, 85–88
 et nucléotides, 82–84
 et séquence d'acides aminés, 70
 et structure de l'ADN, 88–95
 évolution, 33
 forces hydrophobes, 1157–1158
 groupes fonctionnels, 43
 organisation, 163–164
 organisation polymérique, 17F
 stabilité, 1151–1158
 structure chimique, 84–85, 84F
 structures en double-hélices, **1145–1148**
 synthèse d'oligonucléotides, 209–213
- Acides nucléiques, bases des, **82–83**. *Voir aussi* Nucléotides, bases des,
 formes tautomères, 88, 88F
 modifications, 85
 noms, structures, et abréviations, 83T
 règles de Chargaff, 84, 85
 spectre d'absorption des UV, 92F
- Acides nucléiques, extrémité 5', 84
- Acides nucléiques, fractionnement, **156–159**
- Acides nucléiques, séquençage, **176**, 180–182
 comparaison avec le séquençage des acides aminés, 184–185
 méthode de Sanger, 176–180
 séquençage du génome, 180–184
- Acides, solutions, 47
- Acido-basique, catalyse, **506–510**
- Acido-basique, indicateurs, 51
- Acido-basiques, réactions, **45–47**
 conventions pour l'état standard, 60
 et acides aminés, **72–73**
 pour les dosages de protéines, 131
- Acido-basiques, tampons, 48
- Acidose, 955
- Ackers, G., 353
- Acnée cystique, 1561
- Aconitase, 789, 790F, **808–809**, 808F
- ACP (protéine transporteuse d'acyle), 961
- ACP synthase, 961
- Acridine orange, 157
- Acromégalie, 685
- Acrosomiale, protéase, 525T
- Acrylamide, 147, 147F
- ACTH (hormone adrénocorticotrope), 1548, 1548F
- ACTH, *voir* Adrénocorticotrope, hormone
- Actif, transport, 420, **747**
 ATP-dépendant, **758–768**
 ion-dépendant, **768–771**
- Actine F, 1644F, **1644–1645**, 1660F
 dans la formation des microfilaments, 1656–1657
 dans l'assemblage des myofibrilles, 1647–1648
 structure, 1646, 1647F
- Actine G, 1644, 1646, 1656–1657
- actine X, 1660, 1660F

- Actine, 10, 10F, 301, 857
dans les membranes d'érythrocytes, 413F, 414
symétrie hélicoïdale, 269
- Actine, bout barbu, 1646
- Actines, 1577
complexe avec ATP et ions Ca²⁺, 1646F
dans les cellules non musculaires, **1656–1660**
dans les filaments fins, **1644–1645**
et activité ATPase de la myosine, **1649–1650**
et dynamique des microfilaments, **1658–1659**
interaction avec la myosine, 1650, 1650F
mouvement de la myosine le long des filaments, **1650–1652**
site de fixation dans le sous-fragment 1 de myosine, 1643
structure, **1646**
- Actinomycine D, 79, 1272, 1272F
- Action, potentiels d', **775–777**, 775F, 776F
- Activateurs, 96, 351
- Activation interfaciale, 941
- Activation, barrière d', 486
- Activation, domaines d', 1523–1524
- Activation, unité d', du système du complément, 1634, **1636**
- Activité, 59–61
- Activé, complexe, 485
- Activité optique, **73–78**
- Activité, coefficient d', 61
- Actomyosine, 1649, 1649F, 1652
- Actonel, 679F
- Acyl phosphates, 580
- Acyl-carnitine, 946
- Acyl-CoA, 947F
- Acyl-CoA déshydrogénase (AD), 947, 948, 948F
- Acyl-CoA désaturases, 970–971, 971F
- Acyl-CoA déshydrogénase des chaînes moyennes (MCAD), 948
- Acyl-CoA oxydase, 958
- Acyl-CoA synthases, 945–946
- Acyl-CoA : Choléstérol acyltransférase (ACAT), 455, 984
- Acyl-dihydroxyacétone phosphate, 971
- 1-Acyldihydroxyacétone phosphate, 1007
- Acyl-enzyme, intermédiaire, 533
- Acyle, protéine transporteuse d', (ACP), 961
- Acyle, transfert de groupe, 565
- 2-Acylglycérol, 941
- 1-Acylglycérol-3-phosphate acyltransférase, 971
- N-Acylsphingosine phosphocholine, 1008
- Acyltransférase (AT), 968
- AD, voir Acyl-CoA déshydrogénase ; maladie d'Alzheimer
- ADA (adaptateur transcriptionnel), 1540, 1541
- ada, gène, 1216
- Ada, protéine, 1216
- ADA, voir Adénosine désaminase
- Ada2, 1540
- Ada3, 1540
- Adair, constantes d', 349
- Adair, équation d', **348–349**
- Adair, G., 348
- Adaptateur, **705–711**, 709
- Adaptateur dans les manipulations génétiques, 109–110, 110F
- Adaptateur, hypothèse de l', 1345
- Adaptatives, enzymes, 1261
- Adaptif, système immunitaire, 1607
- Adaptive, réponse immunitaire, 1607–1610, 1608F
- ADAR1, 1150–1151, 1150F
et édition de l'ARN, 1322–1323, 1323F
- ADAR2 :
et édition de l'ARN, 1322, 1323F
- Addison, maladie d', 681, 1610
- Adducine, 412F–413F
- Ade, voir Adénine
- Adénine, 18, **83**, 83T. Voir aussi Watson-Crick, paires de bases
et code génétique, 100T, 1343T
et mutations ponctuelles, 1339–1340
nucléosides modifiés, 1347F
spectres IR des dérivés, 1155F
- Adénine phosphoribosyltransférase (APRT), 1114
- Adénohypophyse, 682
- Adénosine -3',5'- monophosphate cyclique, voir AMPc
- Adénosine -5'-(β-amino) diphosphate (AMPPN), 763, 763F
- Adénosine désaminase (ADA), 1130F, 1131
- Adénosine diphosphate, voir ADP
- Adénosine monophosphate, voir AMP
- Adénosine triphosphate, voir ATP
- Adénosine, 83T, 578, 1130F
- Adénosine-5'-(β,γ-imido) triphosphate, voir AMPPNP
- Adénosine-5'-(β,γ-méthylène) triphosphate (AMPPCP), 763, 763F, 764
- Adénosine-5'-phosphosulfate (APS) kinase, 1072
- Adénosine-5'-phosphosulfate, 183
- Adénovirus, 1430F, 1572–1573
- S-Adénosylhomocystéine, 1034
- S-Adénosylméthionine, voir SAM
- Adényl-3',5'-uridyl-3',5'-cytidyl-3',5'-guanylyl-3'-phosphate, 84F
- Adénylate cyclase (AC), 653, **697–698**, 1286
- Adénylate kinase (AK), 582
et contrôle de la glycolyse musculaire, 627–628, 628F
porcine, structure par rayons X, 254, 255F
- Adénylique, acide, voir AMP
- Adénylosuccinate, 1112
- Adénylosuccinate lyase (PurB), 1109F, 1111, 1112
- Adénylosuccinate synthétase, 1112F
- Adényltransférase, 1069, 1071
- ADH, voir Alcool déshydrogénase ; Antidiurétique, hormone,
- Adhésines, 382
- Adipeux, tissu, 389
brun, 860
et autres organes, 1091F, 1093
et régulation de la capture du glucose, 751F
- Adipocytes, 388–389, 388F, 1096, 1097F
- Adiponectine, 1096, 1097F
- Adiponectine, récepteurs de l', 1096
- ADN gyrase, dans la réplication de λ, 1448
- ADN ligase, dans la réplication de λ, 1448
- ADN non exprimé, 1497, 1502
- ADN viral, 1429, 1431. Voir aussi les différents virus
- ADN (acide désoxyribonucléique), 3, 18, 1145. Voir aussi sujets voisins, p. ex. :
ADN, réparation
ADN A, 1146F, 1147F, **1148–1149**, 1148T, 1151
- ADN B, 1145–1148, voir ADN B comme véhicule de l'information génétique, **85–88**
- ADN Z, 1146F, 1147F, 1148T, **1149–1151**
- appariement de bases complémentaires, 18
- clonage, voir Clonage moléculaire
- coefficient de sédimentation, 154F
- dégradation, 116–117
- dénaturation et renaturation, 90–93, 92F, 93F
- diffraction des rayons X, 88F
- et dogme central de la biologie moléculaire, 95, 1260
- fractionnement, 156–159
- mutations, voir Mutations nucléaire, 8–9
- poubelle, 1317
- rapport de friction, 155
- réplication, 18F, 90, 101–104, 102F
- réplication semi-conservative, 1173–1174
- réplication semi-discontinue, 1175–1176, 1175F
- structure, 18F
- structure chimique, **84–85**
- structure en double hélice, **1145–1148**
- surenroulé, **1158–1170**
- taille, 94–95
- transcription, 95–98
- ADN glycosylases, 1218
- ADN gyrase, 1166–1169, **1174–1175**, 1190, 1195
- ADN ligase IV, 1224
- ADN ligase, 103, 103F, 1176
dans la réplication de l'ADN, **1187–1188**, 1188F, 1189F
dans la réparation des mésappariements, 1220
- ADN méthyltransférase, 104, 105
- ADN non exprimé, 1304–1305, 1316–1317
- ADN parent, 1174F
- ADN photolyases, 1214–1215, 1215F
- ADN polymérase, 101–103, 102F, **1173–1174**, 1174F
- ARN-dépendante, 95F, 116
dans la PCR, 114–115
- de contournement, 1222
- et réplication semi-discontinue, 1175–1176 et TERT, 1210
- eucaryote, 1202–1205, 1203T
- fidélité de réplication, 1200–1201, 1201F
- inhibition par les agents intercalants, 1272
- mécanisme de la nucléotidyl transférase, 1180F
- productrices d'erreurs, 1222
- propriétés chez différents animaux, 1203T
- ADN polymérase A, famille, 1202, 1205
- ADN polymérase B, famille, 1202
- ADN polymérase C, famille, 1202
- ADN polymérase D, famille, 1202
- ADN polymérase I (Pol I), 103, 103F, **1176–1181**
correction d'erreur, 103–104
dans la manipulation de l'ADN, 109
dans la mutation site-dépendante, 119
dans la réplication du bactériophage M13, 1190F
dans la réplication du bactériophage φX174, 1191
- de *T. thermophilus*, 1179F
- rôle dans la recombinaison réparation, 1234
- taux d'erreurs, 1220

- une polymérase de la famille A, 1202
 utilisation pour le séquençage des acides nucléiques, 177–179
- ADN polymérase II (Pol II), **1181**, 1181T
 rôle dans la réparation SOS, 1222
 une polymérase de la famille B, 1202
- ADN polymérase III (Pol III), 103, **1182–1183**
 une polymérase de la famille C, 1202
 correction d'erreur, 103–104
 rôle dans la réparation des mésappariements, 1220
- ADN polymérase IV (Pol IV), 1182, 1222
- ADN polymérase V (Pol V), 1182, 1222
- ADN polymérase X, famille, 1202
- ADN polymérase Y, famille, 1202
- ADN polymérase α (pol α), 1202–1203
- ADN polymérase β (pol β), 1205
- ADN polymérase γ , voir Pol γ
- ADN polymérase δ , voir Pol δ
- ADN polymérase ϵ , voir Pol ϵ
- ADN polymérase ζ , voir Pol ζ
- ADN polymérase η , voir Pol η
- ADN polymérase ι , voir Pol ι
- ADN polymérase κ , voir Pol κ
- ADN polymérase ARN-dépendante, 95F, 116, 1207–1208. Voir aussi Transcriptase inverse
- ADN poubelle, 1317
- ADN réplicase, 1182
- ADN topoisomérases, 1176
- ADN Z, 1146F, 1147F, 1148T, **1149–1151**
- ADN, microalignements, 1514
- ADN, puces, 1514
- ADN, transposons à, 1501, 1501T
- ADN, Banque de Données du Japon (DDBJ), 195T
- ADN, domaine de liaison à, 705
- ADN, éléments de déroulement de l', (DUE), 1194
- ADN, formation de boucles, 1466
- ADN, ordre de grandeur des longueurs des, 94
- ADN, puces d', **211–213**, 211F, 212F, 213F
- ADN, recombinaison, voir Recombinaison
- ADN, réplication, 18–19, 1145, **1173–1213**. Voir aussi sujets voisins, p. ex. : ADN ligase chez le bactériophage λ , 1454, 1454F
 transfert de nucléosome, 1488
 virale, 1429, 1431
 chez les eucaryotes, **1201–1213**
 chez les procaryotes, 1173, **1190–1201**, 1200F
 dans la méiose, 21F
 dans la mitose, 20F
 déroulement, 1183–1187
 enzymes nécessaires, 1176–1189
 et virus, 27
 nature semi-conservative, 90, 91F, 1173–1174
 semi-discontinue, 1175–1176, 1175F
 télomères, 1209–1213
 vue d'ensemble, 1173–1176
- ADN, séquençage
 automatisé, 179–180
 banques de données de séquences, 194–195
 méthode de Sanger, 176–180
 séquençage du génome, 180–182
- ADN. Voir aussi sujets apparentés, p. ex. :
 ADN, réplication
 complexité, **1497–1498**
 dans la tête du bactériophage λ , 1456–1458
- dans les chromosomes eucaryotes, 1481
- dégradation par les caspases, 1577
- insertion par un bactériophage, 1448
- liaison aux facteurs de transcription, 1518–1519, 1519F
- liaison de l'homéodomaine, 1558–1560
- liaison de p53, 1570
- non exprimé, 1497, 1502
- organisation dans le chromosome métaphasique, 1492F
- séquences répétitives, 1498–1502
- ADN–ARN, hybrides, 96, 1151, 1151F
- ADNc
 dépôt sur les puces à ADN, 212–213 et PCR, 116
 transcriptase inverse, 1207–1208
- ADNdb (ADN double-brin), 18F
 détection par électrophorèse, 158, 158F
 issu de la réplication semi-conservative, 90
 Kletaql, 1180
 réplication, 102–103, 1174
- ADNdb
 affinité pour les histones et séquence, 1489
 empaquetage dans la tête des phages, 1456F, 1456–1458
 phages, 1459
- ADN-dépendante, protéine kinase (ADN PK), 1621
- ADN-dépendantes, ADN polymérase, voir ADN polymérase
- ADN-dépendantes, polymérase, 1173. Voir aussi ADN polymérase
- ADNmt, 116, 1207, 1207F
- ADN-PK (protéine kinase ADN-dépendante), 1621
- ADNr, 1504, 1506–1507
- ADNsb (ADN simple-brin), 1180, 1185, 1187
adnX, gène, 1182T
- AdoCbl, voir 5'-Désoxyadénylosylcobalamine
- AdoMet, voir SAM
- ADP (adénosine diphosphate), 17, 82
 dans la glycolyse, 594F, 595
 dans le catabolisme, 561, 561F
 dans le cycle de Calvin, 931
 dans le cycle de l'acide citrique, 816–817
 dans le système GroEL/ES, 295–302
 et thermodynamique des êtres vivants, 578–583
 liaison par RuvB, 1231
- ADP/ATP, transporteurs, 771
- ADP-glucose, 645
- ADP-glucose pyrophosphorylase, 931
- ADPNP, voir AMPNP
- ADP-ribosylation, 1398
- ADP-ribosylation des histones, 1539
- ADP-ribosylation, facteur 1 d', voir ARF1
- ADP-ribosylé, résidu diphthalamide, eEF2, 1398
- Adrénaline, 673T, **679–680**
 régulation du métabolisme des acides gras, 973
 régulation du métabolisme du glycogène, 660
 synthèse, 1058–1060
- β -Adrénérique, récepteurs, 664, 680
- Adrénocorticoïdes, 680
- Adrénocorticotrope, hormone (ACTH), 673T, 682–683
- Adrénoleucodystrophie (ALD), 767, 958
- β -Adrénorécepteurs, 660, 680
- Adriamycine, 1169
- Adsorption, chromatographie d', 132T, 135, 143–144
- Aequorea victoria*, 120
- Aérobic, fermentation, 594F
- Aérobic, métabolisme, 864–865
- Aérobic, oxydation, 594F
- Aérobies, 6. Voir aussi les différents organismes
- Aérobies obligatoires, 6
- Affinité, marquage d', 527
- Aflatoxine B1, 1225
- AFM (microscopie de force atomique), 376
- Agard, D., 456
- Agarose, électrophorégramme de gels d', 106F
- Agarose, gels d' :
 et chromatographie d'affinité, 142, 142F
 et chromatographie d'échange d'ions, 137
 et chromatographie de filtration sur gel, 139, 140T, 141
 et électrophorèse, 147–149
- AGC, famille de protéine kinases, 730
- Agglutinine, 366
- Aggrécane, 373–375, 373T, 374F
- Aglycone, 366
- AGO, voir Argonaute
- Agoniste, 539, 680
- Agouti, peptide apparenté à, (AgRP), 1099
- Agrine, 373T
- Agrobacterium radiobacter*, 106F
- AgRP (peptide apparenté à Ag), 1099
- AICAR transformylase (PurH), 1109F, 1111
- AICAR, voir 5-Aminoimidazole-4-carboxamide ribotide
- AID (désaminase induite par activation), 1622, 1624
- Aile, embryon de *Drosophila*, 1552, 1552F
- AIR carboxylase, 1109F, 1111
- AIR synthétase (PurM), 1109F, 1110
- AIR, voir 5-Aminoimidazole ribotide
- Ajustement induit, hypothèse de l', 352
- Ajustement induit, modèle de l', pour les interactions allostériques, 352
- AK, voir Adénylate kinase
- AKAP (protéines d'ancrage aux protéine kinases A), 714
- Akée, fruit de l', 948
- Akey, C., 424, 1580
- Akt, voir Protéine kinase B
- Akt1/PKB α , 734
- Akt2/PKB β , 734
- Akt3/PKB γ , 734
- al* gène (drosophile), 25F
- ALA (acide δ -aminoleuvulinique), 1048
- ALA synthase, 1056
- Ala, voir Alanine
- Ala-ARNt^{Cys}, 1359
- ALAD (acide δ -aminoleuvulinique déshydratase), 1048
- Alanine
 acide aminé non essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1067–1073
 chaîne latérale non polaire, 70
 codons, 100T, 1343T
 dans les expériences de Miller-Urey, 32T
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dégradation, 1030–1034
 demi-vie, 1413T
 diagramme de Ramachandran, 224F, 225
 échelle d'hydropathie, 264T
 et dégradation du tryptophane, 1041–1042

- structure et propriétés générales, 68T, 71F
tendance pour hélice α /feuillet β , 302T, 304
- L-Alanine, 76, 77F
(S)-Alanine, 76, 77F
 β -Alanine
création dans les expériences de Miller-Urey, 32T
dans le catabolisme des pyrimidines, 1136
- Alanine, ARNt de l', 176, 1345
AlaRS, 1351
ALAS-1, 1056
ALAS-2, 1056
Alber, T., 1529
Albumine, 154F, 542, 677. *Voir aussi* Sérum Albumine
Alcaptonurie, 25–26, **1045–1047**
Alcaptonurie, 569
Alcool déshydrogénase (ADH), 479
dans la fermentation, 618–619
et oxydation du méthanol, 505
masse moléculaire, 140F
stéréospécificité, 470–473
Alcool déshydrogénase hépatique (LADH), 472, 505, 618–619
Alcool, NAD^+ oxydoréductase, 479
Alcoolique, fermentation, 470, 593–594, **616–619**, 616F
Alcools
effet sur la dénaturation des protéines, 265
réactions de formation d'hémiacétals et d'hémicétoles, 361F
ALD, protéine, 958
ALD, *voir* Adrénoleucodystrophie
Aldéhyde déshydrogénase, 447F
Aldéhydes, formation d'hémiacétal d', 361F
Alditols, 364
Aldohexoses, 360F
Aldol histidine, 239F
Aldolase, 568
coefficient de sédimentation, 154F
dans la glycolyse, 596F, **600–603**, 600F, 602F
demi-vie, 1408T
liaison à la membrane érythrocytaire, 412
masse moléculaire déterminée par chromatographie de filtration sur gel, 140F
Aldolique, condensation, 568
Aldoniques, acides, 364
Aldopentoses, 360F
Aldose-cétose, interconversion, 567, 567F
Aldoses, 360F, 361
Aldostérone, 681
Aldotétraoses, 360F
Aldotrioses, 360F
Aléatoire, conformation enroulée, 90, 155, **230, 232**
Aléatoire, mécanisme, 498
Alendronate, 679F
Algues bleu-vertes, *voir* Cyanobactéries
Algues brunes, 13F
Algues vertes, 13F, 19T
Alignement de séquence multiples, 201–203
Alignement, score d', (AS), 196
Alignement, score normalisé d' (NAS), 196, 198F
Aliments, contenu énergétique, 941T
1-Alkyl-2-acyl-*sn*-glycérophosphoéthanolamine, 1007, 1007F
Alkylacylglycérophospholipides, 574, 1005, 1007–1008
 O^6 -Alkylguanine-ADN alkyltransférase, 1216
 O^6 -Alkylguanine, résidus, 1215, 1216
1-Alkyl-*sn*-glycérol-3-phosphate, 1007
Allantoïnase, 1135F
Allantoïne, 1134
Allantoïque, acide, 1134
Allèles, **21**
Allélique, exclusion, 1622
Allis, D., 1539
Allison, A., 187
Allo, formes (énantiomères), 75–76
Allogreffes, rejet, 1632–1633
Allolactose, 97, 117
1,6-Allolactose, 1261
Allopurinol, 1135
D-Allose, 360F
Allostérique, effet, négatif, 348
Allostérique, effet, positif, 348
Allostériques, modèle des interactions symétriques, 349–351
Allotransplantation, 121, 1632–1633
D-*allo*-Thréonine, 76, 76F
L-*allo*-Thréonine, 76, 76F
Alloxanthine, 1135
Allysine, 238
Allysine aldol, 239F
Altérations chimiques, sensibilité de l'ADN, 1214F
Alternatif, épissage, 1317–1318
Alternative, voie, du système du complément, 1633, 1633F, **1638–1639**
Altman, S., 1330
D-Altrose, 360F
Altschul, S., 201
Alu, famille, 1501, 1501T
AluI, 105T, 106, 109, 1501
Alumine, 144
Alzheimer, maladie d', (AD), 309, **311–312**, 458–459, 720, 1574
Amanita phalloides (cas mortels), 1280
Amanita phalloides, 1280, 1658
 α -Amanitine, 1280
ambre, codon, 1343
ambre, demi-vie des mutants, 1408
Ambre, mutants, 1455
ambre, suppresseur d', 1362
Ambros, V., 1326
Amérindiens, mortalité par maladie infectieuse des, 1632
Ames, B., 1224
Ames, test d', 1224–1225, 1225F
Améthoptérine, 492, 1129
Amibe, 13F, 398T
Amido black, 149F
Amidon, 359, **369–370**, 932F
Amidon synthase, 645, 931
Amidon, enzyme de ramification, 931
Amidophosphoribosyl transférase, 1108, 1109F, 1114
Amines, biosynthèse d', **1058–1062**
Aminés, groupes, 43F
Aminés, sucres, 365
L-Amino acide oxydase, 1025
Amino terminal, *voir* N-terminal
Aminoacrylate, 1031
Aminoacrylate-PLP, base de Schiff, 1078
Aminoacyl peptide, 170
Aminoacyl, site, *voir* A, site
Aminoacyl-ARNt synthétase (aaRS), 99, **1349–1359**
activité de correction sur épreuve, 1355–1358
caractéristiques, 1350F
Classe I, 1350–1354, 1350T, 1355F, 1358, 1358F
Classe II, 1350–1351, 1350T, 1354–1355, 1355F, 1358, 1358F
classes, 1350–1351
et CysRS dans les archéobactéries, 1359
et formation de Gln-ARNt^{Gln}, 1358–1359
reconnaissance par, 1351–1352, 1351F, 1352F
Aminoacyl-ARNt, 98, 1349, 1349F
Aminoacylation de l'ARNt, 1345–1362
 γ -Aminobutyrique, acide (GABA), 79–80, 80F, **783**, 1049
biosynthèse, 1058–1060
 α -Amino- β -chlorobutyrate, 1408
Aminoglycosides, 1395
5-Aminoimidazole-4-carboxamide ribotide (AICAR), 1078, 1104, 1109F, 1111
5-Aminoimidazole-4-(*N*-succinylcarboxamide) ribotide (SAICAR), 1109F, 1111
5-Aminoimidazole ribotide (AIR), 1109F, 1110
 β -Aminoisobutyrate, 1136
 α -Aminoisobutyrique, acide, 32T
 δ -Aminolevulinatase synthase, 1048, 1049
 δ -Aminolevulinique, acide, (ALA), 1048
 δ -Aminolevulinique acide déshydratase, (ALAD), 1048
 α -Amino-*n*-butyrique, acide, 32T
Aminométyltransférase (AMT), 1032
Aminopeptidase M, spécificité, 168T
Aminopeptidases, 166, 168, 168T
Aminoprocollagène peptidase, 1403–1404
 β -Aminopropionitrile, 239, 276
Aminoptérine, 1129
2-Aminopurine, *voir* 2AP
3-Aminopyridine adénine dinucléotide phosphate (AADP), 1125
Aminotransférases, 1020, 1136F
Ammoniaque, 32, 33, 43T, 1025
Ammonification, 1083
Ammonium, ion (NH_4^+), 45, 45T, 47, 47F
Ammonium, persulfate d', 146F
Ammonium, sulfate d', 133F, 134
Ammonotéliques, organismes, 1025
Amorce, brin, 1209
Amorces, 101–102, 103F, 116, 1176
Amorces nichées (emboîtées), 116
AMP (adénosine monophosphate), 83T
dans le catabolisme animal, 1130F
et ADN ligase, 1187
dans le métabolisme du glycogène, 648–650
à partir d'IMP, 1112F
synthèse, **1111–1113**
et thermodynamique du vivant, 578
AMP 3',5'-cyclique, *voir* AMPc
AMP cyclique, protéine de liaison à l'élément de réponse à l', *voir* CREB, protéine de liaison à, (CBP)
AMP désaminase, 1131
AMPc (adénosine-3',5'-cyclique monophosphate), 653
contrôle des acides gras, 861
et AraC, 1292
et contrôle de la glycémie, 661
et intégration des cycles métaboliques, 1089
et répression par les catabolites, 1286
médiateur des eicosanoïdes, 993
AMPc phosphodiésterases (AMPc PDE), 698
AMPc, élément de réponse à l', (CRE), 879
AMPc, protéine récepteur d', (CRP), 1286

- AMPC-dépendante, protéine kinase (CAPK), 653
- AMP-dépendante, protéine kinase (AMPK), 963
- dans le métabolisme des acides gras, 973, 975
- et biosynthèse du cholestérol, 989
- et cascade de la glycogène synthase, 660
- et diabète non insulino-dépendant, 1103–1104
- et homéostasie métabolique, 1095–1097, 1097F
- et hypoxie, 864
- Amphibien, ectoderme dorsal d'embryon d', 1550, 1550F
- Amphibien, embryogenèse, 1549F
- Amphibien, embryon, 1549F, 1550, 1550F
- Amphibiens, adultes sexuellement matures, 1549F
- Amphibiens, éclosion (naissance), 1549F
- Amphibiens, embryogenèse des, 1549F
- Amphibiens, gonade, 1549F
- Amphibiens, plasmе germinale, 1549F
- Amphibiens, stages larvaires immatures, 1549F
- Amphiboliques, voies, 789
- Amphipathiques, composés, 44
- Amphiphiles, composés, 43–44
- Ampholytes, 67, 151, 151F
- Amphotères, substances, 67
- Ampicilline, 26, 107F, 111, 377F, **378**, 621
- AMPK, voir AMP-dépendante, protéine kinase
- Amplificateurs (enhancers), 1282–1283, 1337
- AMPPCP, voir Adénosine-5'-(β,γ -méthylène) triphosphate
- AMPPN, voir Adénosine-5'-(β -amino) diphosphate
- AMPPNP (adénosine-5'-(β,γ -imido) triphosphate), 609, 633, 768, 1231
- amp^R*, gène, 107F, 111, 621
- Amprénariv, 550F
- AMT (aminométhyltransférase), 1032
- α -Amylase, 370, 469
- α -Amylase chez la souris, 1547, 1548F
- Amyline, 310
- Amylo-(1,4 \rightarrow 1,6)-transglycosylase, 646, 667
- Amylo-1,6-glucosidase, 667
- β -Amyloïde, 312
- Amyloïde, protéine, (A), 311–312
- Amyloïdes, 309–310
- fibrilles, 309, 309F
- maladies, 310–311
- plaques, 311–312, 458–459
- Amyloïdoses, 309–310
- Amylopectine, 369–370, 370F
- Amyloplaste, 11F
- α -Amylose, 369, 369F
- Amytal, 831
- Anabaena*, 4F
- Anabolisme, 17, 561–562
- Anaérobie facultatif, 6
- Anaérobie, 6. Voir aussi les différents organismes
- Anaérobie, autotrophes, 814
- Anaérobie, fermentation, 594F, **614–619**
- Anaérobie, métabolisme, 864–865
- Anaérobies obligatoires, 6
- Analbuminémie, 944
- Anaphase, 20F, 21F
- Anaphase, complexe promoteur d', (APC), 1414
- Anaphylactique, choc, 1636
- Anaphylatoxines, 1636
- Anaphylaxie, 1000
- Anaplérotiques, réactions, 818–819
- Anasarque foeto-placentaire (hydrops fœtal), 1510
- Anatomie, 1593
- Ancrage des protéines, 714
- Ancrage, facteurs d', 441
- Ancrage, séquence signal d', 426
- Andersen, maladie d', 667
- Anderson, W. F., 122
- Androgènes, 673T, 680, 991
- Androgènes, superfamille des récepteurs nucléaires et, 1525
- Anémie falciforme en Afrique, 188, 343
- Anémie pernicieuse, 474T, 956–957, 1064
- Anencéphalie, 1035
- Anesthésiques, membranes neuronales et, 398–399
- Anfinsen, C., 278
- Anfinsen, cage d', 298, 300
- Angelman, syndrome d', (AS), 1251
- Angine de poitrine, 686
- Angiospermes, 13F
- Angiotensine I, 547F
- Angiotensine II, 547F
- Angiotensine, enzyme de conversion de l', (ACE), 547F
- Angiotensinogène, 547F
- Anhidrotique, dysplasie ectodermique, 1512
- Anhydrides, formation d', 515T
- 8-Anilino-1-naphthalènesulfonate (ANS), 287
- Animales, cellules, 7F
- Animalia, 12
- Animaux, 7F, 12, 13F. Voir aussi les différents organismes
- ADN polymérase animale, 1202–1205, 1202T, 1203T
- dans les tests de carcinogénèse, 1224
- divergence, 192
- FAS-I, 965–967, 966F
- homéostasie métabolique, 1096–1101
- spécialisation des organes, 1090–1095
- Animaux, point de restriction chez les, 1563–1564. Voir aussi les différentes espèces
- Anionique, canal, 412, 413F
- Anions, échangeurs d', 135, 989–990
- Aniridia*, gène, 1560
- Ankyrine, 413F, 414
- Ankyrine, répétitions, 414, 414F
- Annélation, conditions d', 93
- Anomérique, formes, des sucres cycliques, **361–363**
- Anomérique, carbone, 361
- ANS (8-anilino-1-naphthalènesulfonate), 287
- Antagoniste, 539, 680
- ANT-C*, complexe, (*Drosophila*), 1558
- Antenna, embryon de *Drosophila*, 1552, 1552F
- Antennapedia, complexe, (*ANT-C*; *Drosophila*), **1558**
- Antennapedia*, mutant, (*antp*; *Drosophila*), 1553F, 1554, 1558, 1559F, 1560
- Antennes des chlorophylles, 905–906, 906F
- Antérieur, compartiment de l'embryon de *Drosophila*, 1551F
- Anterobithorax*, mutant, (*abx*; *Drosophila*), 1554
- Antérograde, transport, 428
- Anthrax, 714–715
- Anthrax, antigène protecteur (PA), 715
- Anthrax, facteur létal de l', (LF), 715
- Anthrax, facteur œdémateux, (EF), 715
- Anthrax, toxine de l', 714–715
- Anti, conformation, 1152F
- Anti-apoptotiques, protéines, 1575
- Antibiotiques, et inhibition de la synthèse protéique, 1395–1398
- Antibiotiques, résistance aux, et transposons, 1242
- Anticipation génétique, 1251
- Anticodon, bras, 1346
- Anticodon, tige-boucle (ASL), 1394, 1394F
- Anticodons, 98, 1330, 1346, 1389F
- Anticorps murins contre le lymphome canin, 1614F
- Anticorps, 131, 150, **1607**. Voir aussi Monoclonaux, anticorps
- diversité, **1617–1624**
- et immunoprécipitation de chromatine, 1538
- monoclonaux, **1613–1614**
- neutralisants, 1611
- réticulation avec les antigènes, 1612F
- structure, **1610–1617**
- Anticorps, diversité, **1617–1624**
- commutation d'isotype des immunoglobulines, 1623–1624
- commutation entre anticorps liés à la membrane et sécrétés, 1622–1623
- et exclusion allélique, 1622
- et flexibilité recombinaisonnelle, **1618–1619**
- et mutation somatique, **1621–1622**
- gènes des chaînes légères κ , **1617–1618**
- gènes des chaînes légères λ , **1619**
- gènes des chaînes lourdes, 1619–1620
- hypothèses de la recombinaison somatique et de l'hypermutation somatique, 1617
- RAG1 et RAG2 dans la *V(D)J* recombinaison, **1620–1621**
- Anticorps, structures, **1610–1617**
- anticorps monoclonaux, **1613–1614**
- isotypes, 1610F, **1610–1612**
- régions des chaînes légères et lourdes, **1612–1613**
- séparation protéolytique de segments fonctionnels, 1612
- sites de liaison aux antigènes, **1615–1617**
- unités d'homologie, **1614–1615**
- Anticorps, unités homologues, 1614–1615
- Antidiurétique, hormone, (ADH), 683
- Antidouleur, 1409
- Antifolates, 1129–1130
- Antigène protecteur (PA) de l'anthrax, 715
- Antigène, cellules présentatrices d', (APC), **1607**
- Antigènes, 376, **1607**
- réticulation, 1612F
- sites de fixation, 1615–1617
- Antigènes, sites de fixation, 1617–1619
- Antigénique, commutation, 1471
- Antigénique, dérive, 1471
- Antigénique, variation, du virus de la grippe, 1471–1475
- et changement des résidus de surface, 1473–1474
- et HA, 1471–1473
- et NA, 1474–1475
- Antigéniques, groupes, dans les parois de cellules bactériennes, 378–379

- Antihémophile, facteur (VIII_c), 1604
 Antimitotiques, drogues, 1667–1668
 Antimycine, 831, 849
 Anti-oncogène, protéine, 1563
 Antioxydants, 865–866
 Antiparallèles, feuillettes β plissés, 224F, 229–230, 232
 Antipériscope (antisnorkeling), 406
 Antiport, 758F
Antirrhinum, 22
 Antisense, ARN, 1323, 1402
 Antisense, brin, **1266**
 Antisense, oligodésoxynucléotide, 1402–1403
 Antisense, oligonucléotides, 1402–1403
 Antiterminaison, complexe d', du bactériophage λ , **1452–1454**, 1453F
 Antithrombine III (ATIII), 1605
Antp, mutant (*Antennapedia*; *Drosophila*), 1553F, 1554, 1558, 1559, 1560
 2AP (2-aminopurine), 1339, 1339F
 AP (protéine adaptrice), 435–436, 436F
 AP, endonucléase, 1218
 AP, sites, 1218
 AP1, 435–436
 AP2, 435–436, 436F
 AP3, 436
 AP4, 436
 Ap₃A, 628
 ApA, courbe de fusion, 1157F
 Apaf-1 (facteur-1 activateur de protéase apoptotique), 1575, 1579F, 1580
 APC (cellules présentatrices d'antigènes), **1607**
 APC (complexe promoteur d'anaphase), 1414
 APC (complexe promoteur d'anaphase), 1565
 APC (protéine C activée), 1605
 Aphidicoline, 1203
 Apical, domaine, 410
 Apo1, 1578
 ApoA-I, voir Apolipoprotéine A-I
 ApoA-II, voir Apolipoprotéine A-II
 Apocytochrome c, 448
 ApoE, voir Apolipoprotéine E
 apoE4, gène, 312
 Apoenzyme, 473–474, 1023
 Apoferritine, 140F
 Apolipoprotéine A-I (apoA-I), 450–451, 450F, 450T, 451F, 458
 Apolipoprotéine A-II (apoA-II), 450T, 458
 Apolipoprotéine B-48, 450T, 452, 1322
 Apolipoprotéine B-100, 449F, 450T, 452, 455, 1322
 Apolipoprotéine C-I, 450T
 Apolipoprotéine C-II, 450T, 451
 Apolipoprotéine C-III, 450T
 Apolipoprotéine D, 450T
 Apolipoprotéine E (apoE), 312, 450T, 453, 455–456, 456F
 Apolipoprotéine E2, 458–459
 Apolipoprotéine E3, 458, 459
 Apolipoprotéine E4, 458, 459
 Apolipoprotéines, **449–451**, 986
 Apomyoglobine, 173F, 284, 289
 Apoprotéines, **449–451**
 Apoptose, 717, 1564, **1573–1583**
 Apoptosome, 1579F, 1580, 1581F
 Apoptotiques, corpuscules, 1575
 Appareil à deux ballons communicants, 54, 55F, 56
 Appétit, contrôle de l', 1098, 1099, 1100F
 Applied Biosystems, 184
 APRT (adénine phosphoribosyltransférase), 1114
 APS (adénosine-5'-phosphosulfate) réductase, 1072
 APS/Cbl, complexe, 738
 Aptamères, 214, 1300
 Apuriques, sites, 1218
 Apyrase, 183
 Apyrimidiniques, sites, 1218
 AQP0, 756
 AQP1, 756–757, 757F, 787
 AQP12, 756
 Aquaglycéroporines, 756
 Aquaporines, 399F, **756–757**, 757F, 787
 Aqueuses, solutions, 40–50
 acides, bases, et tampons, 45–50
 acides polyprotiques, 48–50
 et empilement des bases nucléotidiques, 1156–1157
 et propriétés de l'eau, 40–45
 et transfert d'hydrocarbure, 262–264, 263T
 ar/R, constriction, 756
araBAD, opéron, 1287, **1291–1294**, 1292F, 1293F
Arabidopsis thaliana :
 liaison de facteurs de transcription, 1518–1519
 TBP, 1518
Arabidopsis thaliana, 177T, 182, 1410F
 L-Arabinose, 1291–1294
 Arabinose, glucose et, 1286
 AraC, 1292–1294
 Arachidique, acide, 387T
 Arachidonate, 994
 Arachidonique, acide, 387T, 994–997, 995F
*araI*₁, 1292
*araO*₂, 1292
 Arber, W., 104
 ARC/DRIP, 1533
 Archaeobacteria, 6, 1359
Archaeoglobus fulgidus, 177T
Archaeopteryx, 1550
 Archées, 6, 7F, 13F, 192
 Archées, introns des, 1307T
 Architecturales, protéines, 1524, 1534–1535
 ARE (éléments riches en AU), 1327
 ARF GAP, 437
 ARF1 (facteur d'ADP-ribosylation), 434–435, 435F, 695–696
 Arg, voir Arginine
 Arginine :
 acide aminé essentiel, 1065T
 biosynthèse, 571F, 1071
 chaîne latérale, 71, 264T
 clivage catalysé par la trypsine, 170
 codons, 100T, 1343T
 dégradation, 1034
 localisation dans les protéines globulaires, 246
 point isoélectrique, 72
 pouvoir ratatoire, 74
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
 Argininosuccinase, **1028**
 Argininosuccinate synthétase, **1028**
 Argonaute (AGO), 1324, 1325, 1325F
 ArgRS, 1352
 ARN
 dans BTV, 1447F
 dans les chromosomes eucaryotes, 1481
 de bactériophage λ , 1452
 de TBSV, 1440
 de VMT, 1432–1436, 1433F
 ARN, amorces, 101–102, 103F, **1176**
 dans la réplication d'*E. coli*, 1193F
 du bactériophage M13, 1190
 eucaryotes, 1207
 excision par Pol I, 1181, 1187
 ARN, édition, 1320, 1322–1323
 ARN, enzyme de coiffage ARNdb-dépendante [VP4(Cap)], 1444
 ARN, hélicase ARNdb-dépendante [VP6(Hel)], 1444
 ARN, monde basé sur l', 33–34, 1126
 ARN, motif de reconnaissance de l', voir RRM
 ARN, séquençage, 176, 179
 ARN (acide ribonucléique), 4, 1145. Voir aussi sujets voisins, p. ex. : Traduction et dogme central de la biologie moléculaire, 95, 1260
 amplification par PCR, 116
 dans la réplication de l'ADN, 101–102
 dans la transcription, 1260–1265
 de transfert, voir ARNt (ARN de transfert)
 édition des transcrits, 185
 et évolution primitive, 33–34
 fractionnement, 156–159
 hybridation, 93
 messenger, voir ARNm (ARN messenger)
 modes de croissance, 1270F
 ribosomique, voir ARNr (ribosomique ARN)
 sensibilité aux métabolites, 1299–1301
 structure chimique, **85**
 sur puces à ADN, 213
 synthèse, 95–98
 traduction, 98–101
 transferts de Northern, 113
 ultracentrifugation zonale, 159
 ARN 16S, 159
 ARN 23S, 1329F
 ARN 45S, 1328
 ARN 5S, regroupement des gènes, 1505, 1505F
 ARN ligase, 1322
 ARN nucléaire hétérogène (hnARN), 1304
 ARN passager, 1324
 ARN polymérase ARNdb-dépendante [VP1(Pol)], 1444
 ARN polymérase ARN-dépendante, 95F
 ARN polymérase I, voir ARNP I
 ARN polymérase II, voir ARNP II
 ARN polymérase III, voir ARNP III
 ARN polymérase, voir ARNP
 ARN polymérases ARN-dépendantes (RdRP), 1324
 ARN triphosphatase, 1302
 ARN viral, 1429, 1431, 1440. Voir aussi les différents virus
 ARN-11, 1151
 ARN-ADN, hélice hybride, 96, 1151, 1151F, 1207
 ARNc, 1470
 ARNdb (ARN double-brin), 85, 1323
 ARNg (ARN guide), 1321, 1321F, 1324
 ARNi, voir Interférence d'ARN
 ARNm (ARN messenger), 1145, 1260, **1264–1265**
 appariement de bases avec l'ARNr 16S, 1374–1375
 dégradation, 1327
 et induction enzymatique, 1260–1264

- isolement par chromatographie d'affinité, 158
 lecture, 1342–1343, 1342F, 1372
 masquage et polyadénylation cytoplasmique, 1401–1402
 méthylation, 1320
 modification posttranscriptionnelle, 1302–1327
 transport, 1326–1327
- ARNm :
 contrôle de la dégradation, 1548
 dans l'embryon de *Drosophila*, 1552
- ARNO (protéine ouvrant le site de liaison aux nucléotides d'ARF), 434
- Arnold, E., 1208
 Arnold, W., 906
- ARNP (ARN polymérase) :
 dans le complexe d'antiterminaison du bactériophage λ , 1453F
 du bactériophage λ , 1450, 1452, 1453, 1465, 1465F
 interaction avec le répresseur de λ , 1465F
 transcription à travers les nucléosomes, 1535–1537, 1536F
- ARNP (ARN polymérase, RNAP), 96F, **1265–1283**
 ARN-dépendante, 95F
 cycle de transcription et mécanisme de translocation, 1280F
 dans la réplication, 1176
 dans la répression par les catabolites, 1286
 dans la transcription, 95–96, 1265–1283
 de *Thermus aquaticus*, 1268, 1269F
 de *Thermus thermophilus*, 1268, 1268F–1269F
 du bactériophage M13, 1190
 élongation de chaîne, 1270–1272, 1270F
 et agents intercalants, 1272
 et AraC, 1292–1294
 et réponse stringente, 1301
 et répresseur *lac*, 1285
 eucaryote, 1276–1283, 1277T
 initiation de chaîne, 1267–1269
 liaison à la matrice, 1266–1267, 1266F
 structure, 1268, 1268F–1269F
 terminaison de chaîne, 1271F, 1273–1275
- ARNP A, voir ARNP I
 ARNP B, voir ARNP II
 ARNP C, voir ARNP III
 ARNP enzyme coeur, 1265, 1267, 1269
 ARNP holoenzyme, **1265–1266**
 élongation de chaîne, 1270–1272, 1270F, 1271F
 et liaison à la matrice, 1266–1267, 1266F
 et répresseur *lac*, 1285
 initiation de chaîne initiation, 1267–1269
 terminaison de chaîne, 1271F, 1273–1275
- ARNP I (ARN polymérase I ; Pol I), 1504, 1521
 ARNP I (ARN polymérase I) (Pol I), 1276, 1280–1282, 1408T
 ARNP II (ARN polymérase II ; Pol II) :
 et Médiateur, **1533**
 et PIC, **1523**
 liaison des facteurs de transcription, **1518–1519**, 1519F
 promoteurs sans boîte TATA, **1521**
 régulation de l'initiation transcriptionnelle, **1516, 1517**
 séquences du cœur du promoteur, 1517F
 transcription à travers les nucléosomes, 1536
- ARNP II (ARN polymérase II) (Pol II), **1276–1283**
 correction d'erreur, 1281, 1281F
 et amatoxines, 1280
 et coiffage de l'ARNm, 1302
 et facteurs d'épissage, 1314
 structure chez la levure, 1277–1280, 1278F
- ARNP II, complexe d'élongation, 1279F
 ARNP II, holoenzyme, 1533, 1533F
 ARNP III (ARN polymérase III ; Pol III), 1505, 1521, 1536
 ARNP III (ARN polymérase III) (Pol III), 1280, 1281, 1283
- ARNp, 1458
- 5S ARNr
 et ARNP III, 1523
 regroupement des gènes, 1505F
- ARNr, 1504F
 amplification de gène, **1506–1507**
 comme ARN non codant, 1502
 gènes organisés en séries répétées, **1504**
 site de synthèse nucléolaire, **1504–1505**
- ARNr (ARN ribosomique), 1260. *Voir aussi*
 Ribosomes
 dans la synthèse protéique, 98
 méthylation, 1328
 modification posttranscriptionnelle, 1328–1329, 1328F
 structure, 213
 ultracentrifugation zonale, 159
- ARNr 16S, 1328, 1364–1366, 1370F
 appariement de bases avec l'ARNm, 1374–1375
 et réponse stringente, 1301
- ARNr 18S, 1328, **1370**
 ARNr 23S, 1301, 1328, 1364, 1366
 ARNr 28S, 1328, **1370**
 ARNr 30S, **1370**
 ARNr 40S, 1370T
 ARNr 5.8S, 1328, **1370**
 ARNr 50S, **1370**
 ARNr 5S, 1301, 1328, 1364, **1370**
 ARNr 60S, 1370T
 ARNr 80S, 1370T, 1371, 1371F
 ARNsb, virus à, 1431
- ARNt (ARN de transfert), 1145, 1260, 1338
 aminoacylation, **1345–1362**
 bases, 85
 bases modifiées, 1346, 1347F
 coefficient de sédimentation, 154F
 forme en feuille de trèfle, 98F
 isoaccepteurs, 1351
 modification posttranscriptionnelle, **1329–1331**
 rôle dans la synthèse protéique, 98–101
 rôle dans l'expression génique, 95F
 séquençage, 176
 structure et fonction, 213
 structure primaire, **1345–1346**
 structure secondaire, **1345–1346**, 1346F
 structure tertiaire, 1348–1349
- ARNt, associations d'empilement dans l', 1348–1349
 ARNt, comme ARN non codants, 1502
 ARNt^{Ala}, 176, 1345, 1351F, 1352, 1352F
 ARNt^{Arg}, 1352
 ARNt^{Asp}, 1349, 1351F, 1354–1355, 1354F, 1355F
 ARNt^{Cys}, 1352
 ARNt^{Gln}, 1351F, 1352–1354, 1353F, 1355F
 ARNt^{Ile}, 1352, 1355–1358, 1356F, 1357F
 ARNt^{Met}, 1374, 1374F
- ARNt^{Met}, 1374
 ARNt^{Phe}, 1346, 1346F, 1348, 1352
 ARNt^{Pyl}, 1362
 ARNt^{Sec}, 1361
 ARNt^{Ser}, 1351F
 ARNt^{Tyr}, 1331
 ARNt^{Val}, 1356
- ARNv du virus de la grippe, 1469–1470
- aroH, opéron, 1297
- Arp2, 1659
 Arp2/3, complexe, 1659–1660, 1661F
 Arp3, 2659
- Arqué, noyau, 1099
- Arrêt-transfert, ancrage, séquence d', 426
- Arrhenius, A., 45
- Arrière, attaque par l', 514F
- ARS, séquences à réplication autonome, 109, 1205
- Arséniate, 636
 Arsénicaux, 799
 Arsénique, 799, 822
 Arséniques organiques, 799
 Arsénite, 799
- Artémis, 1621
- Artériosclérose, 456–458
- Arthropodes, 13F
- AS, voir Alignement score ; Angelman, syndrome d',
 Ascobolus, 13F
- Ascorbique, acide (vitamine C), 236, **364–365**, 364F
- Asf1 (chaperon moléculaire), 1488F, 1488–1489
- ASL, voir Anticodon, tige-boucle
- Asn, voir Asparagine
- Asp, voir Aspartique, acide
 L-Asparaginase, 1034
 Asparagine synthétase, 1068
- Asparagine
 acide aminé non essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1067–1073
 chaîne latérale, 71, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les protéines globulaires, 246–247
 dégradation, 1034
 demi-vie, 1413T
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuille β , 302T
- Asp-ARNt^{Asn}, 1358
- Aspartame, 1087
- Aspartate aminotransférase, 876, 877F
- Aspartate transcarbamylase, voir ATCase
- Aspartate, 71. *Voir aussi* Aspartique, acide
 acide aminé non essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1067–1073
 dégradation, 1034
 demi-vie, 1413T
- Aspartique, acide :
 chaîne latérale, 71, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les expériences de Miller-Urey, 32T
 dans les protéines globulaires, 246
 dégradation, 1034
 point isoélectrique, 72
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuille β , 302T
- Aspartique, protéases à acide, 546–549, 548F
- Aspartokinase, 1072, 1075T
- β -Aspartyl-AMP, 1068
- Aspartyl phosphate, 759
- Aspartyl- β -phosphate, 1075
- Aspergillus oryzae*, nucléase S1 d', 1499

- Aspirine, 994, 998, 999F
 Aspirine, *épi*-lipoxines déclenchées par l', (ATL), 1004
 AspRS, ARN^t^{asp} et, 1354–1355, 1354F, 1355F
 Assemblage, facteurs d', 1365
 Assortiment Indépendant, 21–22, 22F
 Astbury, W., 233
 Asthme, 680, 1656
 Asturias, F., 1533
 Asx, 68T, 73. *Voir aussi* Asparagine ; Aspartique, acide
 Asymétriques, centres, 74–76
 AT, crochets, 1534–1535, 1535F
 AT, *voir* Acétyl transférase
 AT-AC, introns, 1319
 AT-AC, spliceosome, 1319
 Ataxie télangiectasique, 1568
 Ataxine-1, 1252
 ATCase (aspartate transcarbamylase), 475F, 478F
 contrôle allostérique, 476–479
 dans la synthèse de l'UMP, 1115F, 1116
 rétro inhibition, 474–479
 structure par rayons X, 476F
 ATF-2 (facteur 2 activateur de la transcription), 1532
 ATF-2 (facteur 2 activateur de transcription), 1532
 Athérome, 456
 Athérosclérose, 456–458
 Athérosclérotique, plaque, 1603–1604
 Athérosclérotiques, plaques, 240, 457F
 ATIII (antithrombine III), 1605
 ATL (*épi*-lipoxines déclenchées par l'aspirine), 1004
 ATM (muté dans l'ataxie télangiectasique), 1568
 Atmosphère primordiale, 32
 Atmosphère réductrice, 32
 Atomiques, fluctuations, 307, 308
 Atorvastatine, 990, 991F
 ATP (adénosine triphosphate), 82, 559, 586.
Voir aussi Électrons, transport ; Oxydative, phosphorylation ; Photosynthèse
 consommation, 582–583
 contrôle de la production, 863–864, 863F
 dans la chaîne de transport des électrons, 823–824, 824F, 828, 829
 dans la fixation de l'azote, 1082
 dans la gluconéogenèse, 877–878
 dans la glycolyse, 593, 594F, 595, 600, 608–610, 613
 dans la mitochondrie, 9
 dans la phosphorylation oxydative, 845–863, 846F
 dans la photosynthèse, 902, 926
 dans la rétro inhibition de l'ATCase, 475
 dans la transcription, 95–96, 1265
 dans le catabolisme, 561, 561F
 dans le cycle de Calvin, 931
 dans le cycle de l'acide citrique, 789, 816–817, 819
 dans le métabolisme du glycogène, 648–649
 dans le repliement des protéines, 300
 dans le système GroEL/ES, 294, 298–300
 effet sur la liaison de l'oxygène à l'hémoglobine, 330
 et ADN ligase, 1188
 et métabolisme aérobie vs. anaérobie, 864–866
 et thermodynamique du vivant, 578–583
 et vésicule de fusion, 444–445
 formation, 582–583
 pertes par photorespiration, 935
 réactions couplées à lui, 579F
 source d'énergie libre pour les voies métaboliques, 561F
 sources durant l'exercice, 1092F
 structure, 578F
 vitesse de renouvellement, 583
 vue d'ensemble des rôles, 17
 ATP sulfurylase, 183, 1072
 ATP :
 dans le complexe actine et Ca²⁺, 1646F
 et empaquetage de l'ADN dans la tête du phage, 1457–1458
 et mouvement ciliaire, 1674–1675
 kinésine-1 et hydrolyse d', 1669–1670
 ATP, protéine A1 à cassette de liaison à l', (ABCA1), 458
 ATP, rapport d'action de masse, 862
 ATP/ADP, transporteur d', 448
 ATP-ADP, translocateur d', 448, 768, **771**
 ATPase H⁺, de type F, 852, 854F
 ATPase, exemple de la myosine, 1649–1650
 ATPases ARN-dépendantes, 1313F
 ATPases de type F, 758
 ATPases :
 (Ca²⁺)-ATPase, **762–764**
 et chaperons moléculaires, 293
 (H⁺-K⁺)-ATPase, **764–765**
 (Na⁺-K⁺)-ATPase, **758–762**
 types A, F, P, et V, 758
 ATP-citrate lyase, 818, 968
 ATP-dépendant, transport actif, **758–768**
 ATPαS, 698
 ATPγS, 294, 444–445, 1204F
 ATR (apparenté à ATM et RAD3), 1568
 Atractyloside, 771
 Attaque membranaire, complexe d', *voir* MAC
 attB, gène, 1451T, 1459
 Atténuateur, 1297–1299
 Atténuation, 1296–1299
 attL, gène, 1451T, 1459
 attP, gène, 1451T, 1459, 1460
 attR, gène, 1451T, 1459
 AU, éléments riches en, (ARE), 1327
 AU-AC, introns, 1307T, 1319
 AU-AC, spliceosome, 1319
 Auditives, cellules ciliées, 1663, 1663F
 AUG, (codon), 1343
 Aurora, 1402
 Auto organisation, 29, 30F
 Auto-Assemblage, 17, 278, 302
 Auto-compartimentées, protéases, 1419–1420
 Autocrines, hormones, 671
 Auto-épissage des transcrits, 1306–1308
 Autoimmune, maladie, 1610, 1639
 Autoimmunes, maladies, 688
 action de la cyclosporine A, 292
 et diabète de type 1, 1102
 mucoviscidose, 777
 Autolyse, 131
 Autophagiques, vacuoles, 1409
 Autophosphorylation, 670, 700
 Autoradiographie, **94–95**, 95F, 148, 572
 de gels de séquençage, 177–178, 178F
 Autosomes, 23
 Auto-tolérance, immunologique, 1610
 Autotrophes, 5
 Auxiliaires, cellules T, (TH), **1607**
 Auxiliaires, facteurs, coagulation sanguine, 1594
 Auxiliaires, protéines :
 peptidyl prolyl *cis-trans* isomérasés, **292**
 protéine disulfure isomérasés, **290–292**, 290F, 291F
 protéines G, 692
 système GroEL/ES, **294–302**
 Auxiliaires, protéines, bactériophage λ, 1451
 Auxiline, 436
 Auxotrophes mutants, 570
 Avecers, S., 524
 Avéry, O., 86
 Aviaire, grippe, 1472
 Aviaire, virus de la leucose, 1562–1563
 Avidine, 577, 873
 Avogadro, nombre d', 53T
 Axiaux, groupes, dans les sucres, 363
 Axone, 771
 5-Azacytosine (5-AzaC), résidu, 1249
 Axonémales, dynéines, 1670
 Axonème, 1673, 1673F, 1674F
 Axones, 1671
 Azasérine, 80, 80F, 1142
 3'-Azido-3'-désoxythymidine (AZT ; zidovudine), 546, 1207
 Azidometmyohémérythrine, 135F
 Azote, 31
 Azote, bactéries fixatrices d', 1080–1082
 Azote, cycle de l', 1083, 1083F
 Azote, excrétion, 1134–1135
 Azote, fixation, 5–6, **1078–1083**
AzotoBacter vinelandii, 1080F–1081, 1341
 AZT, *voir* 3'-Azido-3'-désoxythymidine
 Azurine, 135F
- B**
b région de λ, gènes transcrits, 1451
 B, ADN, 88F, **1145–1148**, 1146F, 1147F
 conversion en ADN Z, 1149F
 structure de Watson-Crick, **88–90**
 structure idéale, 1148T
 structure tridimensionnelle, 89F
 B, antigène, 415
 B, cellules, *voir* Lymphocytes B
b, gène (drosophile), 25F
 B, gène, 1451T
b, gène, 1451T
 B, groupe sanguin, 22
 B, protéine, 1314
 B, transfert sur la face, 472
 Babcock, G., 844
 Babouins, xénotransplantation avec des, 121
 BAC (chromosomes bactériens artificiels), 108–109, 113, 114, 181
 BAC, extrémités de, (connecteurs marqueurs de séquence, STC), 181
 Bacilles, 4
Bacillus subtilis, 376, 377F, 1284
Bacillus subtilis, infection par le bactériophage φ 1457, 1457
Bacillus thuringiensis (Bt), 122
Bacillus, 4F
 Bacitracine, 888–889, 889F
 Bactérie
 endotoxines, 1635
 flagelle, 1676–1679, 1677F
 identification de gènes, 1502
 Bactérie pourpre photosynthétique, 6, 7F, 13F, 403
 transport des électrons, 909–913, 913F
 complexes collecteur de photons, 906–909
 Bactérien, chromosomes artificiels, *voir* BAC

- Bactéries. *Voir aussi les différents organismes*
 arbre phylogénétique, 7F
 ARNP, 96, 1265–1266
 composition en acides gras, 387
 composition en bases de l'ADN, 84
 conjugaison, 1262–1264, 1262F
 dans la classification des procaryotes, 6
 divergence, 192
 et production de protéines eucaryotes, 118
 génétique, 26
 glycogène synthase, 645
 glycoprotéines, 375–379
 microfossiles, 29F
 protéases auto-compartmentées, 1419–1420
 recombinaison homologue, 1225
 régulation de la glutamine synthétase, 1069F
 régulation génétique du transport des
 sucres, 765T, 766, 767F
 spores, *voir* Spores
 taille du génome, 94T
 virulence, 375
- Bactéries sulfureuses vertes, 923
- Bactéries vertes photosynthétiques, 6
- Bactériochlorophylle *a* (BChl *a*), 135F, 903,
 904F
- Bactériochlorophylle *b* (BChl *b*), 903, 904F,
 916
- Bactériophage 434, 1480
 motif hélice–tour–hélice, 1288, 1289F
 protéine Cro, 1462
 répresseur, 1462
- Bactériophage filamenteux M13, 108, 108F
- Bactériophage λ , 1430F, 1431, **1448–1467**
 assemblage, 1455F, 1455–1459
 carte génétique, 1452F
 contrôle de l'expression génique, 1461F
 cycle biologique, 1448–1449, 1449F
 gènes et sites génétiques, 1451T
 liaison à la matrice, 1264
 localisation des composants protéiques,
 1448F
 mécanisme de commutation de λ , 1462–
 1467, 1467F
 micrographie électronique, 108F
 mode lysogénique, 1448–1449, 1449F,
 1459–1462
 mode lytique, 1448–1454, 1449F, 1452F
 motif hélice–tour–hélice, 1288
 plages troubles (cloudy) sur tapis bactérien,
 1480
 protéine Cro, 1559
 recombinaison site-spécifique, 1459F
 régions opérateur, 1462F
 sites de contrôle, 1452F
 taille de l'ADN, 94T
 vecteur de clonage, 108, 108F, 111F
- Bactériophage M13
 vecteur de clonage, 108, 108F
 réplication, **1190**, 1190F
- Bactériophage M13, brin viral, 1190
- Bactériophage MS2, 1430F, **1444**, 1444F,
 1498F
- Bactériophage MS2, séquençage, 176
- Bactériophage P1, recombinaison Cre,
 1243–1244
- Bactériophage P22, 1288, **1453**, 1453F, 1459
- Bactériophage SP01, 1284
- Bactériophage SP6, 1535
- Bactériophage T2, 1264, 1265F
 ADN, 94F, 94T
 attachement à *E. coli*, 87F
 dans l'expérience de Hershey–Chase, 87, 87F
- Bactériophage T4, 27F, 28, 1264, 1265F,
 1430F, 1459, 1498F
 liaison à la matrice, 1266
 mutation FC0, 1340
 taille de l'ADN, 94T
 vecteur de clonage, 109
- Bactériophage T5, attachement du, 86F
- Bactériophage T6, 94T, 1263F
- Bactériophage T7, 1456F, 1456–1457
- Bactériophage T7, dans la méthode par
 extension bloquée de chaîne, 179
- Bactériophage ϕ 29, 1457F, 1457–1458, 1458F
- Bactériophage ϕ X174, 1430F, 1444
- Bactériophage ϕ X174 :
 carte génétique, 1344, 1344F
 liaison à la matrice, 1266
 Pol I, 1177
 réplication, **1190–1193**, 1192F
- Bactériophages, **27**, 1190
 ADN, 86–88
 ARNP (RNAP), 1265
 Bactériophages tempérés, 1448
 Bactériophéophytine *b* (BPhéo *b*), 910–911
 Bactériorhodopsine (BR), **850–851**, 851F
 structure de la membrane, 402–403, 403F
- Baculoviraux, vecteurs, 108
- Bad, 1579F, 1580
- Bak, 1580, 1582, 1582F
- Baker, D., 305, 306, 310
- Baker, T., 1446, 1457
- Balch, W., 437
- Baldwin, R., 285, 287
- Baltimore, D., 1620
- Baltimore, D., 545, 1207 Bamacan, 373T
- BamHI, 105T
- Ban, N., 966–968
- Banner, D., 1578
- Banques de données de séquence géniques,
 195T
- Banting, F., 575, 1102
- Barber, J., 916
- Bardot, 1251
- Barford, D., 722, 723
- Barnett, J., 750
- Barr, corpuscules de, 1512F, 1512–1513
- Barré-Sinoussi, F., 545
- Basal, corps, du flagelle, 1676
- Basal, niveau, 1261
- Basale, lame, 373
- Basales, cellules, 16F
- Basales, membranes, 373
- Base, basculement de, 1215
- Base, réparation par excision de, (BER),
 1216, 1218
- Bases, **45–47**. *Voir aussi* Nucléotides, bases des
 des acides nucléiques, *voir* Acides
 nucléiques, bases
 et tampons, 48
- Bases, empilement dans l'ADN B, 89
- Bases, hydrolyse de l'ARN catalysée par les,
 85, 85F
- Bases, paires de, 18, **84**, 1154–1156. *Voir aussi*
 Watson–Crick, paires de bases
 complémentaires, 89
 constantes d'association pour la formation,
 1155T
 et recombinaison, 28
 non-Watson–Crick, 1154–1156, 1154F
- Bases azotées, 83. *Voir aussi* Acides
 nucléiques, bases des
- Bases fortes, 47–48, 48F
- Basic Local Alignment Search Tool, *voir*
 BLAST
- Basiques, solutions, 47
- Basolatéral, domaine, 410
- Bassham, J., 927
- Bateau, conformation en, 363, 363F
- Bateson, W., 1558
- Batônnetts, cellules en, 1663
- Batrachotoxine, 777
- Batterspar, A., 1053
- Baumeister, W., 1414
- Bax, 1579F, 1580
- Bax, A., 656
- BBP (protéine de liaison au point de bran-
 chement), 1312, 1314
- Bcd*, mutant, (*bicoid*; *Drosophila*), 1553F,
 1554, 1555F
- BChl *a*, *voir* Bactériochlorophylle *a*
- BChl *b*, *voir* Bactériochlorophylle *b*
- BCKDH kinase, 1039
- BCKDH phosphatase, 1039
- Bcl-2, famille, 1575, 1579F, 1579–1580, 1582
- Bcl-x_l, 1579, 1579F, 1580, 1581F, 1582, 1582F
- BCM7, 534–535
- Bcr, 718
- Beadle, G., 26, 570
- BEAF-32 (facteur de 32 kD associé aux
 éléments frontière), 1538
- Becker, dystrophie musculaire de (BMD),
 1648
- Becker, J., 1002
- Beckmann, R., 422, 424
- Beer–Lambert, loi de, 90
- Begg, G., 171
- Béhénique acide, 387T
- Beinert, H., 834
- Benacerraf B., 1628
- Bence Jones, H., 1612
- Bence Jones, protéines de, 1612
- Bénignes, tumeurs, 703
- Benner, S., 472
- Bennett, C., 1617
- Benson, A., 927
- Benzamidine, 556
- Benzène, 43, 43T
- Benzer, S., 28
- Benzoïque, acide, 945
- BER, *voir* Base, réparation par excision
- Berg, P., 109, 1350
- Berger, J., 1167–1168, 1188, 1195, 1275
- Bergström, S., 994
- Béribéri, 474T, **617–618**
- Berman, H., 236, 1287
- Bernal, J.D., 241, 331
- Bernard l'ermite, nombre de chromosomes,
 19T
- Berry, E., 838, 840
- Berzelius, J., 469
- Best, C., 575, 1102
- β -Adrénériques, kinase des récepteurs,
 (β ARK), 697
- β_1 -Adrénériques, récepteurs, 690
- β_2 -Adrénériques, récepteurs, 690
- $\beta\alpha\beta$, Motif, 249, 249F
- β ARK (kinase des récepteurs β -Adrénér-
 giques), 697
- β -Arrestines, 697
- β_c , 717–718
- β , Cellules pancréatiques, *voir* Pancréatiques,
 cellules β
- β , Configuration, des nucléotides, 83
- β , Coudes, 232, 233F

- β, Domaines, 249–254, 249F
 β, Feuilletés plissés, **229–232**, 229F–232F
 protéines globulaires, 246
 tendance de formation et classification des
 résidus d'acides aminés, 302T
 diagramme de Ramachandran, 224F
 et occupation de l'espace, 281
 β, feuilletés plissés, de TBSV, 1439
 β, Hélice, 314
 β-Lactamase, 378
 β₂-Microglobuline (β₂m), 1627
 β, Motif en épingle à cheveux, 249, 249F
 β-Oxydation des acides gras, 945, **947–950**,
 958
 β, Particules, 572
 β, Pince, Pol III, 1182–1183, 1183F
 β PP (protéine précurseur d'Αβ), 311–312
 β Propeller, 433
 β-Propeller, propulseur, 692
 β Propulseur, 433
 β, Rubans, 1290–1291
 β, Sabot de cheval, GyrA intéine, 1407
 β, Sandwich, 251
 β, Sous-unité, de Pol III, 1182–1183
 β-Thymosine, 1658
 β, Tonneau, 231F, 448–449
 β, Tonneau, des virus eicosaédriques,
 1438–1439, 1443, 1445, 1446
 β-Tubuline, 1664–1665
 Beta, protéines à structures, **229–232**,
 229F–232F
 Bétail, voir Bovin
 BglI, 105T
 BglII, 105T
 BH1, 1579
 BH2, 1579
 BH3, 1579
 BH3-seulement, protéines, 1580
 BH4 (5,6,7,8-tétrahydrobioptéine), 686,
 1043–1044, 1579
 BHA, 1472, 1475, 1476F
 bHLH (hélice–boucle–hélice basique), 1530
 bHLH/Z, protéines, 1530
 bHLH/Zip (motif basique hélice–boucle–
 hélice/glisière à leucines), 987
 Bi Bi aléatoire, réactions, 498–500
 Bi Bi, réactions aléatoire en équilibre rapide,
 499, 500
 Bi-Bi, réactions, 498–499
 Bibliographique, recherche, 34–35
 Bibliome, 576
bicaudal, mutation, *Drosophila* embryon,
 1552, 1553F
bicoid, mutant (*bcd*; *Drosophila*), 1553F,
 1554, 1555F
 Bicoid, protéine (*Drosophila*), 1554, 1554F
 Bicouches, voir Lipidiques, bicouches
 Bicyclique, cascade, 650, 651F
 Bid, 1580
 Bidirectionnelle, répliation, 1174, 1176
 Bienert, H., 808
 Bifurquée, liaison hydrogène, 261
 Bik, 1580
 Biliaires, acides, 941, 992, 993F
 Biliaires, pigments, 1056
 Biliaires, sels, 941, 943–944, 989–990,
 992–993
 Bilines, 909
 Bilirubine, 1056
 Bilirubine, diglucuronide de, 1056, 1057
 Bilirubine UDP-glucuronosyltransférase,
 1056
 Biliverdine, 1056
 Bim, 1580
 Bimoléculaires, réactions, 483
 Biochimie, **14–19**
 définition, 3
 expression et transmission de l'information
 génétique, 18–19
 processus métaboliques, 17
 revues génétiques, 19–28
 structures biologique, 14–17, 16F
 Biochimique, littérature, **34–36**
 Biochimiques, revues, publications, 35T
 Biodisponibilité, 542
 Bioéthique, 123
 Bio-Gel A, 139
 Bio-Gel P, 139
 Biogènes, amines, 782
 Bioinformatique, **194**
 alignement de séquences, 195–203
 bases de données de séquences, 194–195
 construction d'arbres phylogénétiques,
 203–205, 203F
 protéines globulaires, 256–259
 Biologiques, membranes, voir Membranes
 Biologiques, structures, 14–17, 16F
 Bioptéine, 1043
 BIOSIS Previews, 35
 Biosynthèse, 561
 Biotine carboxylase, 963
 Biotine, 473T, 577, 857, 873
 Biotine, protéine transporteur de carboxyl-
 biotine, 963
 Biotinyllysine, 873
 Bipolaire, maladie, 736
 BIR, domaines, 1582
 BIR1, 1582
 BIR2, 1582, 1583F
 BIR3, 1582
 Bishop, M., 705
 1,3-Bisphosphoglycérate, voir 1,3-BPG
 2,3-Bisphosphoglycérate, voir 2,3-BPG
 Bisphosphoglycérate mutase, 596F, 611, 611F
 2,3-Bisphosphoglycérate phosphatase, 596F,
 611
 Bisphosphonates, 679, 679F
 Bisubstrat, inhibiteur, GCN5 et, 1541, 1541F
 Bisubstrat, réactions enzymatiques, **497–501**,
 498F
 Bisulfite, ion, 1249
 Bisulfite, séquençage au, 1249
 Bithorax, complexe, (*BX-C*; *Drosophila*),
 1558, 1558F
Bithorax, mutant, (*bx*; *Drosophila*), 1553F,
 1554, 1558
 Black beetle virus, 1444
 Black, J., 764
 Blackburn, E. H., 1210
 Blaese, M., 122
 BLAST (Basique Local Alignment Search
 Tool), 201, 202F
 Blastocèle, amphibien, 1549F
 Blastocyste, 1250
 Blastoderme cellulaire, 1551F, 1552, 1557
 Blastopore, amphibien, 1549F
 Blastula, 1549, 1549F
 Blk, 1580
 Blobel, G., 420, 424, 1371
 Bloch, K., 961, 975, 976
 Block, S., 1273
 BLOSUM45 matrice de substitution, 201
 BLOSUM62 matrice de substitution, 201, 203
 Blow, D., 527
 Blundell, T., 549
 BMD (dystrophie musculaire de Becker),
 1648
 BOC (*tert*-butyloxycarbonyl), groupe,
 206–208
 BOC-amino acide, 206
 Bode, W., 1576, 1602, 1605
 Bohm, A., 1303
 Bohr, C., 328
 Bohr, effet, dans l'hémoglobine, 328–329,
 328F, **329**, 340
 Bohr, N., 329
Boîte A, 1452, 1454
Boîte B, 1452, 1453, 1453F
Boîte C/D, snoARN à, 1329
Boîte H/ACA, snoARN à, 1329
 Boltzmann, constante de, (k_B), 53T, 55, 486
 Boltzmann, Ludwig, 55
 Bombyx, 122
 Bonaparte, N., 799
 Bongkrékique acide, 771
 Boniva, 679F
 BoNT/A, 442
 BoNT/G, 442
 Bordure en brosse, cellules de, 38, 768
 Borhani, D., 451
 Boron, 31
Borrelia burgdorferi, échappement au sys-
 tème du complément par, 1639
 Borsook, H., 1408
 Botstein, D., 1514
 Botulinique, toxine, 780
 Botulisme, 442, 1340
 Bouche noire, 342
 Boucle, conformation en, **230**, **232**
 Boucle 60 de la thrombine, 1603
 Boucle mobile du système GroES, 294, 307F
 Boucle P, 710
 Boucles D, 1213
 Boucles radiales de la chromatine, **1491–1494**
 Boulangerie, levure de, 617F
 Bouts franc, ligation à, 1188
 Bovin. Voir aussi sujets voisins p. ex. Ribonu-
 cléase A pancréatique bovine
 comme source de protéines pour la purifi-
 cation, 130
 digestion de la cellulose, 369
 maladie de la vache folle, 312, 315
 protéasome 20S, 1417
 Bovins
 chromatine de thymus de veau, 1484F
 complexe Arp2/3, 1660F
 courbe de C_f de veau, 1498F
 fragment 1 de la prothrombine, 1601, 1601F
 histone H4, 1482
 histones de thymus de veau, 1483F, 1483T,
 1484F
 Boyer, H., 107
 Boyer, P., 612, 845, 856, 857
 1,3-BPG (1,3-bisphosphoglycérate), 580,
 596F, 607, 609
 2,3-BPG (2,3-bisphosphoglycérate) : dans la
 glycolyse, 610
 et liaison de l'oxygène à l'hémoglobine,
 329–331, 329F–331F, 340–341
 BPhéo *b* (Bactériophéophytine *b*), 910–911
 BPTI (inhibiteur de la trypsine pancréatique
 bovine), 308–309, **533**, 533F
 BR, voir Bactériorhodopsine
 Brachet, J., 1260
 Bradykinine, 208, 1604
 Bragg, L., 331

- Bragg, W., 331
 Branchement, migration du point de, 1226, 1230–1234
 Branchement, points des arbres phylogénétiques, 203–204, 203F
 Branchement, protéine de liaison au point de, voir BBP
 Brändén, C.-I., 256, 929
 Branton, D., 408
 Bras d'espace du ligand, 142
 Braunstein, A., 1021
 BRCA1, 1236, 1514
 BRCA2, 1236, 1514
 BRE (élément de reconnaissance de TFIIB), 1519
 Bre1, 1545
 Breaker, R. R., 1300, 1318
 Breathnach, R., 1305
 Brenner, S., 1264, 1340, 1341
 BRG1 (gène 1 apparenté à Brahma), 1573
 Briggs, G. E., 488
 Brij 30, 399F
 Brij 35, 399F
 Brin, mécanisme de passage de, 1163–1165, 1164F
 Brin direct, synthèse du, 102–103, 1175, 1175F, 1190–1193
 Brin retardé, synthèse du, 103, 103F, 1175, 1175F, 1190–1191
 Brinster, R., 86
 British anti-lewisite, 822
 BRM (homologue de la protéine Brahma), 1573
 Brodsky, B., 236
 Bromélaïne, 1472
 5-Bromo-4-chloro-3-hydroxyindole, 110
 5-Bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-galactoside (X-gal), 110
 Bromodomaines, 1541–1542
 Bromohydroxyacétone phosphate, 604
 5-Bromouracile, 1339, 1339F
 Bromure, ion, 45T
 Bronsted, acide de, 45
 Bronsted, base de, 45
 Bronsted, J., 45
 Brouillette, C., 451
 Brown, A., 323, 488
 Brown, M., 452, 453, 987
 Brown, P., 1514
 Brown, D., 1283
 Browner, M., 1001
 Brownien, cliquet, 428, 1280
 Bruice, T., 514, 515
 Brünger, A., 441, 444
 BSE, voir Encéphalopathie spongiforme bovine
 bST (somatotropine bovine), 119
 Bt (*Bacillus thuringiensis*), 122
 Bt, maïs transgénique, 122
 5-BU, voir 5-Bromouracile
 BTV (virus de la maladie de la langue bleue), 1445F–1447F, 1445–1446
 Bubonique, peste, 722
 Buchanan, J., 1107
 Buchner, E., 470, 593
 Bugg, C., 656
 α -Bungarotoxine, 781
 Bunick, G., 1485
 Buratowski, S., 1521
 Burkitt, lymphome de, 1514
 Burley, S., 1303, 1378, 1518–1520, 1530
 Burnet, M., 1607
 Burns, J., 620
 Burtinick, L., 1646
 Butryl-ACP, 965
 Butyrylcholinestérase, 782
 Bw, gène, (drosophile), 25, 25F
 Bx, mutation, (*Drosophila mélanogaster*), 1553F, 1554, 1558
 BX-C, complexe, (Bithorax; *Drosophila*), 1558, 1558F
 bZIP (protéines à glissière à leucines à région basique), 1529–1530
 bZIP (région Basique des protéines à glissière à leucines), 1529–1530
- C**
 c, Cytokine, récepteur, 123
 c, gène, (drosophile), 25F
 C, gène, 1451T
 C, paradoxe de la valeur, 1496F, 1496–1498, 1502
 C, protéine, 1648
 C, valeur, 1496
 C. reinhardtii, microtubules de, 1674F
 C/EBP (protéine de liaison à l'enhancer CCAAT), 1529
 C/EBP α (CCAAT/ protéine α de liaison à l'enhancer), 572
 C $_t$, courbes de, 1497–1498, 1499F
 C1, 1634–1636
 C1, Domaine, 730–731
 C1, inhibiteur de, (C1INH), 1639
 C1INH (inhibiteur de C1), 1639
 C1q, 1634–1636, 1635F
 C1r, 1634–1636
 C1s, 1634–1636
 C2, 1636
 C2, Domaine, 727, 730–731
 C2b, 1636
 C3 convertase, 1636, 1638, 1639
 C3, 1636, 1637F, 1638
 C3a, 1636
 C3a, récepteur de, 1639
 C3b, 1636, 1637F, 1638, 1639
 C3dg, 1638
 C3G, 737F
 C4, 1636
 C $_4$, cycle des composés en, 934–937, 936F
 C4a, 1636
 C4b, 1636, 1639
 C4b, protéine de liaison à, 1639
 C5 convertase, 1636, 1638
 C5, 1636
 C5a, 1636
 C5a, récepteur de, 1639
 C5b, 1636
 C6, 1636
 C7, 1636
 C8, 1636
 C9, 1636, 1637F
 CA1P (2-carboxyarabinitol-1-phosphate), 930
 Ca $^{2+}$, canaux à, 772
 Ca $^{2+}$, protéine de liaison à, 678
 Ca $^{2+}$, voir Calcium, ion (Ca $^{2+}$)-ATPase, 762–764
 CABP (2-carboxyarabinitol-1, 5-bisphosphate), 930, 930F
 CACCC, boîte, 1282
 cacophony, pré-ARNm, (*Drosophila melanogaster*), 1322
 CAD (DNase activée par une caspase), 1577
 Cadre, 1341
 Cadre, mutations de décalage du, 1222, 1341
 Cadre, suppresseurs de décalage du, 1362
 Cadres ouverts de lecture (ORF), 182, 304
Caenorhabditis elegans : séquençage du génome, 177T, 182
 distribution des gènes structuraux, 1503
 injection d'ARN sens, 1323
 miARN, 1326
 trans-épissage, 1320
 voies apoptotiques, 1573, 1575, 1575F
 CAF-1 (chaperon moléculaire), 1488
 Cahn, R., 76
 Cahn-Ingold-Prelog, système de, 76–77
 N 5 -CAIR, 1111
 Caillot, lyse, 1606–1607
 CAIR (carboxyaminoimidazole ribotide), 1109F, 1111
 Cairns, J., 1173, 1181
 CAK (kinase activatrice de Cdk), 1564
 Calcineurine (CaN), 724–725, 1580
 Calcitonine, 673T, 677, 678
 Calcium, ion, (Ca $^{2+}$) :
 complexe avec l'actine et l'ATP, 1646F
 dans la contraction du muscle lisse, 1655–1656
 dans la régulation de la contraction musculaire, 1652–1653
 et activation de la prothrombine, 1601F, 1601–1602
 et tropomyosine, 1653F
 libération par le réticulum sarcoplasmique, 1653–1654
 Calcium, ion, (Ca $^{2+}$), 45T, 805, 816–817
 Calcium, métabolisme du, 677–678
 Calculs rénaux, 1134
 Calmoduldine (CaM), chaîne légère de myosine et, 655–658, 688, 764, 1643–1644, 1655
 Calmoduline-dépendante, protéine kinase I, (CaMKI), 658
 Calmoduline-dépendante, protéine kinase II, (CaMKII), 699
 Calnexine (CNX), 427, 885–887, 886F, 887F
 Calorie (unité), 53, 53T
 Calorie, grande, (Cal), 53, 53T
 Calorique, restriction, 1101
 Calpaïne, 736
 Calréticuline (CRT), 427, 885–887, 886F
 Calséquestrine, 1654
 Calvin, cycle de,
 contrôle, 932–934
 dans la photosynthèse, 927–934, 929F
 et variations d'énergie libre, 933T
 réaction nette, 931
 stœchiométrie, 931
 Calvin, M., 927, 930
 CAM (métabolisme acide des crassulacées), 937
 CaM, voir Calmoduline
 Cambillau, C., 941
 CaMKI (calmoduline-dépendante, protéine kinase I), 658
 CaMKII (calmoduline-dépendante, protéine kinase II), 699
 Camptothécine, 1170
 CaN (calcineurine), 724–725, 1580
 Canal, protéine formant un, (ionophores), 748
 Canal, protéines membranaire formant un, 416–418

- Canal, toxines formant un, (CFT), 416–418
 Canalisation, 794, 1028, 1075
 Canaux ioniques, ouverture et fermeture (gating), 771–775
 Canaux mécanosensibles, 772
 Cancer, 1549. *Voir aussi les sujets voisins, P. ex.* : Carcinogénèse
 bases moléculaires, **1514–1563**
 et apoptose, 1574, 1575
 et cycle cellulaire, 1202
 et méthylation de l'ADN, 1251
 et p53, 1563
 et protéines chaperons, 720
 et signalisation tyrosine kinase-dépendante, **703–705**
 et télomères, 1211–1212
 et thérapie génique, 123
 et virus, 1514–1563
 inhibition de la synthèse du thymidylate, 1129–1130
 métabolisme cellulaire, 864–865
 rôle des glycoprotéines, 381
Cancer borealis, SSR, 1500
 Cancer colorectal héréditaire sans polyposé, (HNPCC), 1220
Canis familiaris (chien domestique), séquençage du génome, 177T
 Cantor, C., 158
 CAP (protéine activée par les catabolites), 1487–1488, 1524
Cap, gène, 1451T
 CAP, *voir* Catabolisme, protéine activatrice de gènes du ; Cbl, protéine associée à CAPK (protéine kinase AMPc-dépendante), 653
 Capsides, 1429
 BTV, 1445
 PBCV-1, 1447F, 1448
 picornavirus, 1442, 1442F
 poliovirus, 1442F
 rhinovirus humain, 1442F
 SV40, 1443–1444
 TBSV, 1439F
 virus de la grippe, 1469
 virus eicosaédrique, 1436–1438
 Capsides, 26
 Capsule bactérienne, 4
 CapZ, 1647
 Carbamates, 329, 1025
 Carbamyl aspartate, dans la synthèse de l'UMP, 1115F, 1116
 Carbamyl phosphate, 475, 1025–1028, 1115F
 Carbamyl phosphate synthétase (CPS), **1025–1028**
 Carbamyl phosphate synthétase I (CPS I), 1116
 Carbamyl phosphate synthétase II (CPS II), 1115F–1116
 Carbamylation de l'hémoglobine, 340
 Carba-NAD⁺, 1543, 1543F
 Carbanions, 563, 563F, 568–569, 569F
 Carbocation, 563, 563F
 Carbodiimides, 207
 Carbone, dioxyde de :
 dans la photosynthèse, 901, 903, 935–937
 dans le cycle de Calvin, 927, 931
 point de compensation dans les plantes, 935–936
 transport par l'hémoglobine, **328–329**
 Carbone monoxyde déshydrogénase, 954
 Carbone, groupe hème et monoxyde de, 324
 Carbone, propriétés du, 29, 31
 Carbone-carbone liaisons, cassure et formation, 562–563, **567–569**, 568F
 Carbonique, anhydrase :
 catalyse par un ion métallique, 511–513, 512F
 constantes cinétiques de Michaelis-Menten, 489T
 limitée par la diffusion, 490
 structure tertiaire, 246F
 Carbonylcyanure-*p*-trifluorométhoxyphénylhydrazone (FCCP), 860
 Carboxyaminoimidazole ribotide, *voir* CAIR
 2-Carboxyarabinitol-1,5-bisphosphate, *voir* CABP
 2-Carboxyarabinitol-1-phosphate (CA1P), 930
 Carboxyatractyloside (CATR), 771
 γ -Carboxyglutamate, 79F
 γ -Carboxyglutamate, *voir* Gla
 γ -Carboxyglutamique, acide, 79
 Carboxy-hémoglobine, solubilité et force ionique, 133F
 Carboxyle, groupes, 43F
 Carboxyltransférase, 963
 Carboxyméthyl-cellulose ; échangeurs d'ions, *voir* CM-cellulose, échangeurs d'ions
 Carboxyméthyl-CoA, 806
 Carboxyméthylcystéine, 607
 Carboxymyoglobine, 1057
 Carboxypeptidase A, 168T, 231F, 254F, 473
 Carboxypeptidase B, 168T
 Carboxypeptidase C, 168T
 Carboxypeptidase Y, 168T
 Carboxypeptidases, 165–166, 168T
 Carboxyphosphate, 873, 1025
 Carboxyprocollagène peptidase, 1403–1404
 Carboxypropyl-CoA, 955
 Carboxyterminal, *voir* C-terminal
 Carburants fossiles, 901
 Carcinogènes, 1202, 1224–1225
 Carcinogènes chimiques, 704–705
 Carcinogénèse, 1224
 Carcinome, 1514
 CARD (domaine de recrutement de caspase), 1576, 1578, 1578F, 1580, 1581F
 Cardiaque, muscle, 1654
 Cardiaques, glycosides, 761–762, 761F
 Cardiolipine, 389T, 398T, 1005, 1006F
 Cardiotoniques, stéroïdes, 761–762
 Carell, T., 1215
 Carnitine, 946
 Carnitine palmityltransférase I, 946, 975
 Carnitine palmityltransférase II, 946
 β -Carotène, 122, 908, 976
 Caroténoïdes, 905F, 907–909
 Carrager, B., 437
Carsonella ruddii, 177T
Carsonella ruddii, mimivirus et, 1429
 CART (transcrit régulé par la cocaïne et les amphétamines), 1099
 Cartes génétiques, 24, 25F
 Cartilage, 235, 240T, **375**
 Caruthers, M., 211
 Caséine, 150
 β -Caséine, 534
 κ -Caséine, 547
 Caséine kinase 1, 660
 Caséine kinase 2, 660
 CASP (Critical Assessment of Structure Prediction), 305
 Caspar, D., 1437, 1438, 1443
 Caspase-1, 1576
 Caspase-3, 1576, 1577F, 1579F
 Caspase-6, 1576
 Caspase-7, 1576, 1576F
 Caspase-8, 1576, 1577F, 1579F
 Caspase-9, 1576, 1579F, 1580
 Caspase-10, 1576
 Caspases, **1575–1577**, 1576F, 1582–1583, 1609
 Caspases effectrices, 1576–1577
 Caspersson, T., 1260
 Cassettes, exons, 1318
 Casette de mutagenèse, 119–120
 CAT (chloramphénicol acétyltransférase), 1521
 Catabolisme, 17, 561–562, 561F
 des ribonucléotides puriques, **1130–1134**
 des ribonucléotides pyrimidiques, **1136**
 Catabolisme, protéine activatrice de gènes du, (CAP), 654
 et AraC, 1292
 et répression par les catabolites, 1286–1288, 1287F
 Catabolites, répression par les, 766, **1285–1288**
 Catabolites, système de répression par les, *E. coli*, 1461
 Catalase, 10, 866, 935
 coefficient de sédimentation, 154F
 constantes cinétiques de Michaelis-Menten, 489T
 de foie de cheval, 153T
 groupe hème, 324
 masse moléculaire, 140F
 Catalyse covalente, **510–511**
 Catalyse enzymatique par effets d'orientation, **512–515**
 Catalyse enzymatique par effets de proximité, **512–515**
 Catalyse générale acide, 506–507
 Catalyse générale acido-basique concertée, réaction par, 507
 Catalyse générale basique, 507
 Catalyse nucléophile, 510–513
 Catalyse par un ion métallique, **511–512**
 Catalyse, énergie libre de réaction, 487, 487F
 Catalyseurs, 469
 Catalytique, constante, 490
 Catalytique, triade, 529
 Cataplérose, 1090
 Cataplérotique, réactions, 818
 Cataractes, et galactose, 633
 Cate, J., 1366
 Catéchol, 680, 1059
 Catécholamines, 680, 1058–1060
 Caténation, 1163, 1163F
 CATH (Classe, Architecture, Topology, and Homologous superfamily), 256T, 258
Catharanthus roseus, 1667
 Cathepsine D, 439, 547
 Cathepsine E, 547
 Cathepsine K, 540
 Cathepsines, 1408–1409
 Cations, échangeurs de, 135–136
 CATR (carboxyatractyloside), 771
 Cavéole, 411
 Cavéolines, 411
 Cbl- protéine associée à, (CAP), 737F
 CBP (protéine de liaison à l'élément de réponse à l'AMPc), 1540
 CBP (protéine de liaison à l'élément de réponse à l'AMPc), 1540

- CBP, voir CREB, protéine de liaison à,
 CCA, polymérase ajoutant, 1331
 CCAAT, boîte, 1282
 CCAAT/ protéine de liaison à l'enhancer, (C/EBP), 1529
 CCAAT/ protéine α de liaison à l'enhancer, (C/EBP α), 572
 c-Cbl, 1412–1413, 1412F
 CCdA-p-Puro, 1383, 1383F
 CCHL (cytochrome c hème lyase), 448
 CCK, voir Cholécystokinine
 CCM (chromatographie en couche mince), 145
 CCT, chaperonines, 301–302, 301F
 CCV, voir Clathrine, vésicules tapissées de,
 CD, spectroscopie, 284–285, 285F
 CD, voir Dichroïsme circulaire
 CD3, 1630, 1631F
 CD4, récepteurs de cellule T et, 1629–1630, 1630F, 1631F
 CD4⁺, cellules T, 1629
 CD8, récepteurs de cellule T et, 1629–1630, 1630F, 1631F
 CD8⁺, cellules T, 1629
 CD95, 1578
 Cdc18, 1206–1207
 Cdc2 (cycle de division cellulaire 2), 1564
 Cdc25C, 1564, 1569
 Cdc42, 1660
 Cdc45, 1205
 Cdc6, 1206–1207
 Cdc7, 1205
 CDK (protéine kinases dépendantes des cyclines), 1202, 1206–1207, 1414, **1564–1568**
 Cdk, inhibiteurs de, 1567–1568
 Cdk1 (protéine kinase 1 cycline-dépendante), 1564–1565, 1565F
 Cdk2 (protéine kinase 2 cycline-dépendante), 1565F, 1565–1568
 et cycline A/p27^{Kip1}, 1567F
 et pRb, 1572
 structure, 1565–1566, 1566F
 Cdk4 (protéine kinase 4 cycline-dépendante), 1565, 1568, 1572
 Cdk6 (protéine kinase 6 cycline-dépendante), 1565, 1568, 1568F, 1572
 Cdk7, 1564
 CDP-diacylglycérol, 1004–1005
 CDR (régions déterminantes de complémentarité), 1613
 Cdt1, 1206, 1207
 CE (électrophorèse capillaire), 152
 CE site web, voir Combinatoire extension of optimal voie
 Cech, T., 1306–1308
 ced, gène, 1575
 CED-3, protéine, 1575
 CED-4, protéine, 1575
 CED-9, protéine, 1575
 Célébrex, 543, 1000
 Célécoxib, 999–1000
 Celera Genomics, 181–182
 Cellobiose, 367, 367F
 Cellophane, 141
 Cellulaire, biologie, 1593
 Cellulaire, croissance, 1202, 1211
 Cellulaire, croissance, eucaryote, 1550–1583
 Cellulaire, cycle, **1202**, 1202F. Voir aussi Apoptose
 Cellulaire, différenciation, 1481
 et signaux développementaux, 1550–1551
 eucaryote, 1549–1583
 Cellulaire, division :
 et chromosomes, 1481
 régulation, 1563
 dans la mitose, 1202
 méiose, 21F
 mitose, 20F
 Cellulaire, immunité, 292
 Cellulaire, prolifération, 1202. Voir aussi Cancer
 Cellulaire, prolifération, lors de l'organogénèse, 1549
 Cellulaire, régulation du cycle, 1563–1573
 Cellulaires, membranes, 4, 4F, 7F. Voir aussi Plasmiques, membranes
 Cellulaires, parois, 4
 cellules végétales, 11, 11F
 procaryotes, 4F
 Cellulase, 369
 Cellule mère, 1284
 Cellules adipeuses, voir Adipocytes
 Cellules de base, 270
 Cellules en coupe sécrétrices de mucus, 1673F
 Cellules souches embryonnaires, 121
 Cellules T, récepteurs (TCR), **1607**, **1624–1625**
 corécepteurs CD4 et CD8, **1629–1630**, 1630F
 de souris, 1625F
 et CMH, 1629F, **1629–1632**
 et prolifération des cellules T, **1630–1632**
 Cellules, **3**, 16F. Voir aussi Procaryotes eucaryotes, 7F
 humaines, 12F
 procaryotes, 4F
 végétales, 11F
 Cellules, trieur de, 575
 Cellulose, 11, 359, **367–369**, 368F
 Cellulose, échangeurs d'ions à base de, 137–138, 137F
 CenH3, 1483
 CENP-A, 1483
 Centre P, 1081
 Centrifugation différentielle, 130
 Centrifugation :
 différentielle, 130
 ultra-, 132T, **152–156**, 159
 Centrioles, 7F, 1667
 Centromères, 20, 24F, 109, 1499–1500, 1512
 Céramides, 390, 1008–1009
 Cerceau, répliation en, voir Cercle roulant, répliation en
 Cercle roulant (cerceau), répliation en, 1191–1193, 1192F
 Cercles relâchés, 1160
 Cérébrosides, 391, 1008–1010, 1009F, 1010F
 Céruloplasmine, 140F
 Cerveau :
 développement lors de l'embryogenèse, 1550
 gènes spécifiques du foie non transcrits dans les cellules de cerveau ou de rein, 1514
 Cerveau, relations métaboliques, 1090–1091, 1091F
 Césium, chlorure de, 156, 156F
 2-Céto-3-désoxy-6-phosphogluconate, 637F
 2-Céto-3-désoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate, voir DAHP
 2-Céto-3-désoxyoctanoate (KDO), 379F
 2-Céto acide déshydrogénases, 799
 Céto, formes, des bases des nucléotides, 88
 Céto, liaison hydrogène dans les groupes, 43F
 Cétoacidose, 961, 1102
 β -Cétoacyl-ACP réductase (KR), 965
 β -Cétoacyl-ACP synthase (KS), 965
 β -Cétoacyl-CoA, 947F, 949F
 β -Cétoacyl-CoA thiolase, voir KT 3-Cétoacyl-CoA transférase, 961
 α -Cétoadipate, 1042
 α -Cétobutyrate, 1034, 1075
 Céto-énol, tautomérisation, 506–507, 507F
 Cétogènes, acides aminés, 1029–1030, 1090, 1094
 α -Cétoglutarate, 789, 809, 1034, 1067F
 α -Cétoglutarate déshydrogénase (E1 α), 789, 799, **810**, 815–816
 α -Cétoglutarate déshydrogénase, complexe de l', 799
 α -Cétoglutarate ferrédoxine réductase, 815
 α -Cétoisovalérate, 1075
 α -Cétoisovalérate déshydrogénase, 1039
 Cétones, 361F
 Cétoniques, corps, **959–961**, 973, 1095, 1101
 Cétonogénèse, 959–961
 Cétopentose, 360
 Cétose, 961
 Cétoses, 360F, 361, 361F
 3-Cétosphinganine, 1008
 3-Cétosphinganine réductase, 1009
 3-Cétosphinganine synthase, 1008
 CETP (protéine de transfert des esters de cholestérol), 458
 Cetuximab (Erbix), 720, 1613
 Cetyltriméthylammonium, bromure de, (CTAB), 399F
 C-extéine, 1407
 cf, gène, (drosophile), 25, 25F
 CF₁CF₀ complexe, 926
 CF_I (facteur I de clivage), 1302
 CF_{II} (facteur II de clivage), 1302
 c-FLIP (protéine cellulaire inhibitrice de FLICE), 1578
 c-fos proto-oncogène, 705
 c-fos, protooncogène, 1514
 CFT (toxines formant un canal), 416–418
 CFTR (régulateur transmembranaire de la mucoviscidose) protéine, 427–428
 CFTR [protéine régulatrice transmembranaire de la fibrose cystique (mucoviscidose)], 427–428
 CG, voir Chorionique, hormone gonadotrope
 cGMP, 687
 cGMP-dépendante, protéine kinase, 687
 cGMP-phosphodiesterase (cGMPPDE), 692
 CGN, voir Cis golgi, réseau du,
 C_H, (région constante des chaînes lourdes), 1612
 C_H1, 1612
 C_H2, 1612
 C_H3, 1612
 Chagas-Cruz, maladie de, 799
 Chaîne, élongation de :
 ARNP, 1270–1272, 1270F, 1271F
 synthèse protéique, 1372–1373, 1379–1388
 Chaîne, initiation :
 ARNP, 1267–1269
 codons d'initiation, 1343
 synthèse protéique, 1373–1379
 Chaîne, terminaison :
 ARNP, 1271F, 1273–1275
 synthèse protéique, 1391–1395
 α , Chaîne, de l'hémoglobine, 193, 194
 β , Chaîne, de l'hémoglobine, 193, 194
 δ , Chaîne, de l'hémoglobine, 194
 ϵ , Chaîne, de l'hémoglobine, 194
 γ , Chaîne, de l'hémoglobine, 194

- ζ, Chaîne, de l'hémoglobine, 194
 Chaîne branchée, déshydrogénase des α cétoacides à, 1039
 Chaîne latérale des acides aminés, 70–71, 208F, 264T, 511
 Chaîne légère de substitution, 1622
 Chaînes Lourdes de la clathrine, 430
 Chaise, conformation en, 363, 363F, 519F
 Chaleur, 53
 Chalfie, M., 120
 Chambon, P., 1305
 Chambrelin, M., 1273
 Chameaux, membranes érythrocytaires des, 414
 Champ pulsé, électrophorèse en gel, (PFGE), 158–159, 159F
 Chang, G., 767
 Changements conformationnels provoqués, 307
 Changeux, J.-P., 349
 Chaotropiques, ions, 266
 Chaperonines, 293
 Chaperonines de groupe I, 293
 Chaperonines de groupe II, 293, 301–302
 Chaperons moléculaires, 290, **293–302**. *Voir aussi*, Chaperon, protéines
 Chaperons moléculaires, nucléosomes et, 1488–1489
 Chaperons, protéines, 293–302, 720
 rôle dans la voie sécrétoire, 421F, 427–428
 CHAPS (détergent), 399F
 Chargaff, E., 84, 86, 88
 Chargaff, règles de, 84, 85, 88
 Charge ionique et purification protéique, 132
 Charge, complexe de transfert de, 803–804, 804F
 Charge, masquage de, 513
 Charge, système de relai de, 536
 Charges des chaînes latérales des acides aminés, 71
 Charifson, P., 1576
 Charnière, région, des immunoglobines, 1612
 Chase, M., 87
 CHCR, *voir* Clathrine, répétitions de chaînes lourdes de
 CHD (chromodomaine, hélicase, liaison à l'ADN), 1546
 Cheng, X., 1248
 Chénodésoxycholate, 992
 Chevalet, mécanisme du, 515
 Cheveux, **233–235**, 275
 Chi, séquences, 1230
 Chi, structures, 1228
 Chiens
 expériences sur les acides gras, 945
 nombre de chromosomes, 19T
 Chimérique, vecteur, 104
 Chimie combinatoire, 541
 Chimiokines, 717
 Chimiolithotropes, 5
 Chimioluminescence, 183
 Chimio-osmotique, hypothèse, 846
 Chimiotaxie, 717
 Chimiotrophes, 559
 Chimique, logique, **563–565**
 Chimpanzés, 116, 177T
 CHIP (immunoprécipitation de chromatine), **1537–1538**
 ChIP, test, 1538
 Chipman, D., 523
 ChIP-seq, 1538
 Chiral, synthèse organique, 78
 Chiralité, 74, 78, 225–226
 Chiraux, centres, 74–76
 Chitine, 369, 369F
 Chiu, W., 301
 Chk1, 1568
 Chk2, 1568
chk2, gène, 1569
 Chl *a*, *voir* Chlorophylle *a*
 Chl *b*, *voir* Chlorophylle *b*
 Chl, *voir* Chlorophylle
 Chloramphénicol acétyltransférase (CAT), 1521
 Chloramphénicol, 107, 1395T, 1396F, **1397**
 Chlorocruorines, 325
 Chloroforme, 43T, 144
 Chlorophylle (Chl), 12, 403, **903–912**. *Voir aussi* Photosynthèse
 spectre d'absorption, 905F
 états électroniques, 905F
 Chlorophylle *a* (Chl *a*), 903, 904F, 905F, 908, 916, 917
 Chlorophylle *b* (Chl *b*), 903, 904F, 905F, 908
 Chloroplastes, 11F, 13F
 photorespiration, 935
 site de la photosynthèse, 11–12, **901–903**
 Chloroquine, 1058, 1409
 Chlorovirus, 1446
 Chlorure, ion, 45T
 Cho, Y., 1573
 Choc thermique UV, locus, *voir* HslUV
 Choc thermique, protéine 10, (Hsp10), 294
 Choc thermique, protéine 40, (Hsp40), 293
 Choc thermique, protéine 60, (Hsp60), 294F
 Choc thermique, protéine 70, *voir* Hsp70
 Choc thermique, protéine 90, *voir* Hsp90
 Choc thermique, protéines de, 293, 294. *Voir aussi* Chaperons moléculaires
 Choe, S., 1659
 Cholate de sodium, 399F
 Cholate, 992
 Cholécalférol-25-hydroxylase, 678
 Cholécystokinine (CCK), 673T, 675
 Cholérique, toxine (CT), 694–697, 1398
 Cholestérol, **392–393**, 393F
 alimentaire EPA, 1002–1003
 capture par les LDL, 453–455
 dans les membranes, 398T, 400F
 et LDL, 449F
 excrétion, 993
 fluidité, 398
 métabolisme, 975, **984–987**
 synthèse, 1096
 transport, 452F, 456
 utilisation, **991–993**
 Cholestérol 7α-hydroxylase, 993
 Cholestérol, biosynthèse, 975–976
 contrôle, 989–991
 et activité du récepteur des LDL, 989–991
 et HMG-CoA, **976–977**
 et HMG-CoA réductase, 987–989
 et lanostérol, **982–984**, 985F
 et pyrophosphomévalonate décarboxylase, **977–978**
 formation du squalène, **978–982**, 979F
 intermédiaires du cycle de l'acide citrique, 818
 Cholestérol, protéine de transfert d'esters de, (CETP), 458
 Cholestéryl ester hydrolase, 466
 Cholestéryl esters, 393, 449F, 984, 986
 Choléstéryl stéarate, 393
 Choléstyramine, 990
 Choline, 389T, 390, 779
 Choline acétyltransférase, 779
 Chondroïtine-4-sulfate, 371F, 372
 Chondroïtine-6-sulfate, 371F, 372
 Chorion, protéines de, 1507
 Chorionique, hormone gonadotrope (CG), 132, 673T, 684
Chorthippus parallelus, 24F
 Chou, P., 302, 303
 Chou-Fasman, méthode de, 302–303
 Christmas, facteur, 1604
 Christmas, S., 1604
 Chromate, 1075, 1076F, 1077F
 Chromatides, 20, 24, 24F
 Chromatine, 7F, 8, 1487F, 1512
 dans les chromosomes eucaryotes, **1481–1482**
 de thymus de veau, 1484F
 digestion par la nucléase, 1533–1534
 et histones modifiées, 1539
 organisation dans les boucles radiales, **1491–1494**
 organisation dans les filaments de 30-nm, 1489F–1490F, 1489–1490
 organisation dans les nucléosomes, **1483–1489**
 rôle dans le cancer, 1563
 Chromatine, carte d'un gène actif, 1540F
 Chromatine, complexes de remodelage, **1546–1547**, 1547F
 Chromatine, domaine de dépliement, (CHUD), 1535
 Chromatine, filaments de 30 nm, **1489F–1490F**, 1489–1490
 Chromatine, immunoprécipitation de, (ChIP), **1537–1538**
 Chromatogramme, 144
 Chromatographie d'affinité par chélation d'un métal, 145
 Chromatographie d'affinité, 132T
 d'ARNm, 158
 d'échange d'ions, 136
 de protéines, 118, 141–143, 141F
 par chélation de métaux, 145
 Chromatographie d'échange d'ions, 132T, **135–138**, 136F, 157
 Chromatographie d'exclusion de taille, 138
 Chromatographie de filtration sur gel, **138–141**, 139F, 157, 169
 Chromatographie de phase inverse (RPC), 132T, 145, 171, 172
 Chromatographie en couche mince (CCM), 145
 Chromatographie gaz-liquide, (GLC), 366
 Chromatographie liquide à haute performance, *voir* HPLC
 Chromatographie par filtration sur gel, volume d'élué relatif, 138
 Chromatographie sur papier, 132T, 144–145, 144F
 Chromatographie sur papier bidimensionnelle, 144–145, 145F
 Chromatographique, séparation, 135
 chromatographie d'affinité, 118, 141–143
 chromatographie d'échange d'ions, 135–138
 chromatographie de filtration sur gel, 138–141
 d'acides nucléiques, **157**
 de protéines, **135–146**

- Chromatophores, 902
 Chromatosomes, 1484
 Chromodomains, 1545
 Chromogènes, substrats, 110
 Chromomères, 1494
 Chromophore, 402, **908**
 Chromosome, promenade sur, 114, 114F, 180
 Chromosomes, 4, **19–20**, 19F
 à fourches multiples, 1195, 1195F
 artificiels de levure, *voir* YAC
 bactériens, chromosomes artificiels, *voir* BAC
 dans la méiose, 21F
 dans la mitose, 20F
 double minute, 1507
 et coiffage des télomères, 1210
 minichromosome, 1443, 1537, 1537F, 1592
 nombre chez les eucaryotes, 19T
 polytènes, *voir* Polytène, structure des chromosomes des eucaryotes, 1481–1496
 procaryotes, 4
 réplication, *voir* ADN, réplication sexuels, 22–23
 Chromosomes en écouvillon, 1514, 1514F
 Chromosomes, renflements (puffs), 1513, 1513F
 Chromosomique, réarrangements, cancer et, 1514
 Chromosomique, théorie, de l'hérédité, 22–26
 CHUD (domaine de dépliement de la chromatine), 1535
 Churchill, M., 1488
 Chyle, 451
 Chylomicrons, 449, **451–452**, 944
 et biosynthèse du cholestérol, 986
 propriétés, 449T
 transport sanguin, 973
 Chylomicrons, restes de, 451–452, 986
 Chymosine, 547
 Chymotrypsine, 470, 525, 525T, 529T, 565, 1496, 1594
 cinétiques et groupe catalytique, 525–527
 constantes cinétiques de Michaelis–Menten, 489T
 duplication de gène, 194
 mécanisme catalytique, **531–537**
 proenzymes, 538
 sites actif, 529F, 531F
 structure par rayons X, 527–529, 528F
 α -Chymotrypsine, 153T, 538, 538F
 π -Chymotrypsine, 538, 538F
 Chymotrypsinogène, 140F, 264F, 527, 538, 538F
cI, gène, 1451T, 1461
cI, répresseur, 1288
cl, répresseur, 1461
 CIC, canaux, 755–756, 755F
 Ciechanover, A., 1410
cII, gène, 1450, 1451T
cIII, gène, 1451, 1451T
 Ciliés, 7F, 13F
 Cils, 10, 1673F, **1673–1676**, 1675F
 Cils immobiles, syndrome des, 1676
 Cimétidine, 764
 Cinétique
 chimique, 54, **482–486**
 du transport membranaire, **745–757**
 enzymatique, **487–492**
 Cinétique barrière, 486
 Cinétique chimique :
 processus spontanés, 54
 réactions élémentaires, **483**
 théorie de l'état de transition, **484–487**
 vitesses de réaction, **483–484**
 Ciprofloxacine (Cipro), 1167, 1170, 1395
 Cires, 387
 Cis, citerne, 428, 429F
 Cis, configuration, 28, 388
 Cis, éléments agissant en, 1264
 Cis, réseau, du Golgi, (CGN), 428, 429F
cis-Aconitate, 789
Cis-épissage, 1320
cis-Peptide, groupe, 222F
Cis-SNARE complexe, 444–445
Cis-trans, test de complémentation, 28, 28F
 Cistrons, 28, 1264, 1340
 Citerne, 428
 Citerne, maturation, 428
 Citerne, progression, 428
 Citerne *trans*, 428, 429F
 Citrate
 dans le cycle de l'acide citrique, 789, 790F
 et cycles métaboliques, 1088–1089
 inhibition de la glycolyse, 863–864
 Citrate synthase, 568, 621
 dans le cycle de l'acide citrique, 789, 790F, **806–808**, 806F, 807F, 815–816
 Citrate, enzyme de condensation du, 806
 Citrique, cycle de l'acide, 561F, **789–820**
 α -cétoglutarate déshydrogénase, 789, **810**, 815–816
 aconitase, 789, 790F, **808–809**, 808F
 capacité de production d'énergie, 813
 chaîne de transport des électrons, 824F
 citrate synthase, 789, 790F, **806–808**, 806F, 807F, 815–816
 complexe pyruvate déshydrogénase, **792–800**, 804–805, 805F
 couplage avec la glycolyse, 594F
 enzymes, **806–815**
 et oxaloacétate, 873F
 évolution, 814–815
 fonctions amphiboliques, 789, 817–819, 818F
 fumarase, 790F, 791, **812–813**, 812F
 intégration, 813–814, 1090
 intermédiaires de réapprovisionnement, 818–819
 isocitrate déshydrogénase, 789, **809–810**, 809F, 815–816
 malate déshydrogénase, 790F, 791, **813**
 réaction nette, 791
 réactions contrôlant la vitesse, 815–816
 régulation, 815–817, 816F
 succinate déshydrogénase, 791, **811–812**, 812F
 succinyl-CoA synthétase, 791, **810–811**, 811F
 synthèse de l'acétyl-CoA, 792–805
 voies utilisant ses intermédiaires, 818, 872F
 vue d'ensemble, 789–792, 790F
 Citrulline, 80, 80F, 571F, 1028
 L-Citrulline, 686
 Citryl-CoA, 807
 CJD, *voir* Creutzfeldt-Jakob, maladie de,
 c-Jun, 1523F, 1532, 1514
 CKI (inhibiteurs de kinase dépendants des cyclines), 1567–1568
 C₁ (région constante de chaîne légère), 1612
 Cl⁻, canaux, **755–756**, 755F
 Claisen, clivage d'ester de, 949–950
 Claisen, condensation d'ester de, 568
 Clans de familles Pfam, 258
 Clardy, J., 1116
 Clark, B., 1380
 Class, Architecture, Topology, and Homologous superfamily, *voir* CATH
 Classe I, aaRS de, (aminoacyl-ARNt synthétases), 1350–1351, 1350T, 1355F, 1358, 1358F
 structure par rayons X, 1352–1354
 Classe I, cœur des promoteurs de, et TBP, 1521
 Classe I, facteurs de libération de, 1391–1392
 Classe I, promoteurs de, 1286
 Classe I, protéines de, du CMH, **1607**, 1609, **1626–1628**, 1627F
 Classe II, aaRS de, (aminoacyl-ARNt synthétases), 1350–1351, 1350T, 1355F, 1358, 1358F
 structure par rayons X, 1354–1355
 Classe II, cœur des promoteurs de, 1516, 1521–1523
 Classe II, promoteurs de, 1286–1287
 Classe II, protéines de, du CMH, **1607**, 1626, 1628F, 1628–1629
 Classe II, protéines de, du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), 1102
 Classe III, cœur des promoteurs de, et TBP, 1521
 Classe III, promoteurs de, 1287
 Classes d'immunoglobines, 1610. *Voir aussi* Isotypes, anticorps
 Classique, voie, du système du complément, 1633, 1633F, **1634–1638**
 Clathrates, 262F, 263
 Clathrine, 430–439
 Clathrine, chaînes légères de la, 430
 Clathrine, chaînes légères, 430, 432, 432F, 433F
 Clathrine, chaînes lourdes, 430, 432, 432F
 Clathrine, répétitions de chaîne lourde de, (CHCR), 432F, 433
 Clathrine, tonneau de, 437F
 Clathrine, vésicules tapissées de, (CCV), 431–439, 431F, 433F, 434F
 Claude, A., 1362
 Clausius, R., 56
 Clé grecque, motif en, 249F, 250
 Cleland, W.W., 498, 536
 Cliniques, essais, 542–543
 CLIP, 1548F, 1549
 Clivage, 1549
 Clivage et polyadénylation, facteur de spécificité de, (CPSF), 1302–1303
 Clivage, facteur de stimulation du, (CstF), 1302–1303
 Clivage, facteur I, 1302
 Clivage, facteur II, 1302
 Clivage, sillon de, 1661
 Clivage, sites de, des enzymes de restriction de type II, 105, 105T
 Clonage directionnel, 118, 118F
 Clonage en vrac, 113
 Clonage moléculaire, **104–124**, 1511
 banques génomiques, **113–114**
 considérations sociales, éthiques et légales, 123, 124F
 endonucléases de restriction, **104–106**
 et purification de protéines, 130
 et réaction de polymérisation en chaîne, **114–117**
 et séquençage d'acides nucléiques, 176
 manipulation génique, **109–111**
 organismes transgéniques, **121–123**
 production de protéines, **117–121**
 thérapie génique, **122–123**

- transfert de Southern, **111–113**
vecteur de clonage, **106–109**
- Clonage moléculaire directionnel, 117, 117F
Clonage moléculaire en vrac (shotgun), 113
Clonale, délétion, 1610
Clonale, sélection, 1607
Clones, 104, 113–114
Clore, M., 656, 1534
Clostridium botulinum, 442, 1340
Clp, protéase, 1419
ClpA, 1419
ClpP, 531, 531F, 1419, 1419F
ClpX, 1419
CLUSTAL, 201–202, 202F, 205, 304
Clypéo-labrum, embryon de *Drosophila*, 1552F
CM, échangeurs d'ions à base de cellulose, 137–138, 141
Cmc (concentration micellaire critique), 394
CMH (complexe majeur d'histocompatibilité), protéines, 1102
CMH, voir Complexe majeur d'histocompatibilité
CML (leucémie myéloïde chronique), 718
CMP (cytidine monophosphate), 83T, 1136F
CMV (cytomégalovirus), 1403
c-myc, proto-oncogène, 1514
Cn3D, 256T, 258
CNBr, voir Cyanogène, bromure de,
CNX, voir Calnexine
CO₂, point de compensation, 935–936
CoA, voir Coenzyme A
Coactivateurs, 1524, 1541–1542
Coagulation, 1594. Voir aussi Sang, coagulation
Coagulation sanguine, **1593–1607**, **1594**
activation de la thrombine et vitamine K, 1598–1603
caillots sanguins, 1595F
chez l'être humain, 1594F
contrôle, 1604–1606
conversion du fibrinogène et de la fibrine, 1595–1598
définition, 1593–1595
facteurs humains de coagulation, 1595T
lyse du caillot, 1606–1607
voie extrinsèque, 1603–1604
voie intrinsèque, 1604
Coatamère, 430
Cobalamine, coenzymes à, 473T, 474T
Cobalt, ion, 1158
Cobratoxine, 781
Cocaïne et amphétamine, transcrite régulé par, (CART), 1099
Cocci, 4
Cochaperon, protéines, 293
Cockayne, syndrome de, (CS), 1218
Cocoonase, 525T
Codant, brin, 1266
Code génétique, 87, 88, **1338–1345**
dans la traduction, 99, 100T
déchiffrement, 1341–1343
déviations du code mitochondrial vs idéal, 1344T
nature, 1343–1344
non universalité, 185, 1344–1345
standard, **1343T**
Codominants, caractères, 22, 23F
Codons, 95F, 98–101, **1338**, 1343T
fréquemment utilisés, 1360
interactions avec l'anticodon, 1389F
suppresseurs de non sens, 1362, 1362T
triplets, 1340–1341
Coelentérés, 13F
Coélique, maladie, 1632
Coenzyme A (CoA), 82, 473T, 795T. Voir aussi Acétyl-CoA
biosynthèse, **1138–1139**
découverte, 791–792
Coenzyme B₁₂, 954–955, 954F
Coenzyme Q (CoQ ; ubiquinone) : coenzyme de la chaîne de transport des électrons, 829–830, 836F
dans la phosphorylation oxydative, 848–849
Coenzyme Q réductase, 834–835, 837–840
Coenzyme Q: Cytochrome *c* oxydoréductase (Complexe III), 840–841, 840F
Coenzyme QH*, 836F
Coenzyme QH₂, 836F, 848–849
Coenzymes, **473–474**, 473T, 474T
biosynthèse de la flavine, **1138**
biosynthèse du nicotinamide, **1136–1138**
comme catalyseurs covalents, 511
Coenzymes nucléotidiques, biosynthèse, **1136–1139**
Cœur, 625T, 816, 817, 1093
Cœur, muscle cardiaque, 1092, 1654
Cœur de l'ARNP (RNAP), 1265, 1267, 1269
Cofacteurs, 473
Cohen, C., 1652
Cohen, P., 1025
Cohen, S., 107
Cohésine, 1491–1494, 1493F
Cohésives, extrémités, 105, 117–118
Coiffage des télomères, 1210
Coiffage, enzyme de, 1302, 1302F
Coiffage, protéines de, 1660
Coiffe, protéine de liaison à la, eIF4E, 1378
Coiffe-0, 1302
Coiffe-1, 1302
Coiffe-2, 1302
Coiffes 19S, 1411F, 1414, 1417
Coiffes, structure, 1302, 1302F
Cointégré, 1239–1240, 1239F–1241F
Colchicine, 1667
Colchicum autumnale, 1667
Colicine E3, 1375
Colicines, 418
Colipase, 941–942, 941F
Coliphage, 1190, 1448
Colite ulcéreuse, 1610, 1613
Collagène α1(I), 236F
Collagène, 78, 163, **235–240**
assemblage, 1405
coefficient de sédimentation, 154F
diagramme de Ramachandran, 224F
maladies associées au, 240
point isoélectrique, 134T
Collagène, fibrilles de, 237–240, 237F, 239F, 240T
Collins, F., 181
Collman, J., 328
Collodion, 141
Colman, P., 1474–1475
Colonies, facteurs stimulant les, (colony-stimulating factor) 119
Coloration, 149, 158
Coloration argentine, 149
Combattre ou fuir, réponse, 664
Combinatoire extensionn of optimal way, (CE), 256T, 258
Commutation de classe des immunoglobines, 1623F, 1623–1624
Commutation, régions de, 1624
Compactage, densité de, 247
Compactage, facteur de, 1482
Compare 3D (application Java), 258
Compensation interne des molécules, 76
Compétitive, études de liaison, 674–675
Compétitive, inhibition, **493–494**, 494F, 747
Complément C1, 525T
Complément C9, 1317
Complément, fixation du, 1633
Complément, réactions dépendantes du système du, 121
Complément, récepteur-1 du, (CR1), 1639
Complément, récepteur-2 du, (CR2), 1639
Complément, système du, **1633–1639**
C3b comme opsonine, 1639
composants protéiques, 1454T
échappement des pathogènes, 1639
et système d'immunité humorale, 1609
fonction, 1633–1634
MAC, 1636–1638
régulation, 1639
unité d'activation, 1636
unité de reconnaissance, 1634–1636
voie alterne, 1633, 1633F, 1638–1639
voie classique, 1633F, 1633–1638
voie des lectines MB, 1633, 1633F, 1638
Complémentaire, ADN, voir ADNc
Complémentaires, appariement de bases, 18, 89
Complémentarité, régions déterminantes de, (CDR), 1613
Complémentation, groupe de, 27
Complémentation, *in vitro*, 1455
Complémentation, tests de, 24–25, 25F, 27
Complexe I (NADH déshydrogénase, NADH:coenzyme Q oxydoréductase), 832T, **834–837**, 836F–837F, 845
Complexe II (Succinate déshydrogénase, succinate:coenzyme Q oxydoréductase) 493, 947
dans le cycle de l'acide citrique, 791, **811–812**, 812F
et transport des électrons, 832T, **837–840**, 839F, 845
Complexe III (Coenzyme Q: Cytochrome *c* oxydoréductase, cytochrome *bc*), 832T, **840–841**, 840F, **847–850**, 849F, 912
Complexe IV (Cytochrome *c* oxydase, COX), 153T, 188, 584, 832T, **841–845**, 842F, **851–852**, 851F, 852F
Complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), protéines, 1102
Complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), **1607**, **1625–1633**
carte génétique, 1625F
et létalité des maladies infectieuses, 1632
et récepteurs des cellules T, 1629F, **1629–1632**
et rejet de transplantations de tissu/organe, **1632–1633**
polymorphisme, **1625–1626**, 1632
protéines de classe I du CMH, **1626–1628**
protéines de classe II du CMH, **1628–1629**
Complexe ouvert, 1267–1268
Complexe V (ATP synthase translocatrice de protons), voir F1F0-ATPase
Complexes fermés, 1268
Complexes, systèmes, 736–738

- Complexité de l'ADN, 1497–1498
 Conalbumine d'œuf de poule, 1631F
 α -Conarachine, 140F
 Concanavaline A, 230, 231F, 246F, 249F, 366
 Concanavaline B, 153T
 Concentration micellaire critique (Cmc), 394
 Concentration, énergie libre et, 58, 61
 Concentration, gel de, 148
 Concentration, piles de, 586
 Conception négative des protéines, 305
 Condensante, enzyme, 965
 Condensation, réaction de, pour la liaison peptidique, 70F
 Condensine, 1492, 1493F
 Conformation, cartes de, 223–225
 Conformationnel, hypothèse du couplage, 845
 Conformations fermées :
 Klentaq1, 1179–1180, 1179F
 hélicase Rep, 1186
 Conjonctif, tissu, 1550
 Conjonctifs, tissus, 235
 Conjugaison, 1225
 Conjugué, acide, 45
 Conjuguée base, 45
 Conjuguée, paire redox, 584
 Connexine 26 (Cx26), 416, 417F
 Connexines, 415, 416
 Connexons, 415–416
 Conservative, positions substituées de façon, 188
 Conservative, réplication, 90
 Constante de dissociation, (K_a) :
 des acides polyprotiques, 49–50
 et force d'un acide, 45–47, 46T
 et pH, 47
 Constante, région, de la chaîne lourde (CH), 1612
 Constante, région, de la chaîne légère (CL), 1612
 Constantes d'ionization microscopiques, 49, 50
 Constantes d'ionization moléculaires, 49–50
 Constantes de dissociation apparentes, 348
 Constantes de dissociation intrinsèques, 348
 Constantes de dissociation macroscopiques, 348
 Constantes de dissociation microscopiques, 348
 Constitutive, chromatine, 1512
 Constitutives, enzymes, 1261
 Contact, inhibition de, 381, 703, 1202
 Contact, système de, 1604
 Contigs, 180
 Contournement, ADN polymérase de, 1222
 Contractile, anneau, 1661
 Contraction
 muscle lisse, 1655–1656
 muscle strié, 1648–1652
 Contraction musculaire, modèle du glissement des filaments, 1649
 Contrôle allostérique
 ATCase, activité, 476–479
 et flux métabolique, 620, 624
 gluconéogénèse, 878–879, 879F, 879T
 glycogène phosphorylase et glycogène synthase, **647–650**
 hémoglobine, **347–354**
 Contrôle relâché, 107, 1301
 Contrôle, points de, 1564
 Contrôle, point de, du cycle cellulaire, 1202
 Convergente, évolution, **317**
 Conversion interne, 904
 Cooley, anémie de, 219
 Coomassie, bleu brillant de, 149, 411
 Cooper, J., 1048
 Coopératif, processus, 92
 Coopérative, liaison, 326
 Coopérativité négative, liaison à, 327
 Coopérativité positive de liaison, 327
 Cooperman, B., 1122
 COPI, protéine, 429F, 430, 437
Copia, 1246
 Copié-collé, mécanisme de transposition, 1237–1239, 1238F
 COPII, protéine, 429F, 430, 437–439, 437F, 439F
 Coproporphyrinogène I, 1056
 Coproporphyrinogène oxydase, 448, 1053
 CoQ, voir Coenzyme Q
 Corces, V., 1538
 Cordycépine, 1270
 Corécepteurs, 1629–1630, 1630F, 1631F
 Corépresseur, 1297
 Corépresseurs, 1524, 1543
 CoREST, 1543
 Corey, R., 221, 229
 Cori, C., 595, 651, 880
 Cori, cycle des, **880**, 880F
 Cori, G., 595, 651, 880
 Cori, maladie de, 667
 CORN, truc mnémotechnique pour la chiralité des acides aminés, 75, 75F
 Cornée, fibrilles de collagène dans la, 240T
 Cornes (kératine), 233, 234
 Cornish-Bowden, A., 623
 Corpeus luteum, 683
 Corps d'inclusion, 117, 117F
 Corpuscules P, 1325
 Correction sur épreuve, 1201
 de la chaîne d'ADN, 1177
 de l'ARNt, 1355–1358
 des protéines synthétisées, 1390–1391
 Corrélatées, positions conservées, 1346
 Corrine, 954
 Cortex, 679
 Cortex, embryon de *Drosophila*, 1552
 Cortical, cytoplasme, 1552
 Corticolibérine, (CRF), 673T, 682
 Corticostérone, 680
 Cortisol, 680
 Corynéphage β , 1397
Cos, gène, 1451T, 1454, 1457, 1458
Cos, site, 108
 Cosmide, marche sur, 181
 Cosmides, vecteurs, 108
 COSY (spectroscopie corrélée), 243
 Cotes de parenté, matrice des, 198
 Coudes β de type I et II, 232, 233F
 Coulomb (unité), 53T
 Coulomb, loi de, 42, 259
 Coumadine, 543F. voir Warfarine
 Coumarine, 1167
 Couplage chimique, hypothèse du, 845
 Couplage traductionnel, 1398
 Couplées, réactions, **60–61**, 131
 Covalente, modification, 624
 gluconéogénèse, 878–879
 métabolisme du glycogène, **650–651**
 Cox, M. M., 1234
 COX, voir Complexe IV
 COX-1, 998, 999
 COX-2, 998, 999
 COX-2, inhibiteurs de, 999–1000, 999F
 COX-3, 1000
 Coxib, 999
 Cozymase, 594
 CP1, 1522
 CP-320473, 982
 CP43, Sous-unité (PsbC), de photosystème, 916
 CP47, Sous-unité (PsbB), de photosystème, 916
 CPD (dimères cyclobutane de pyrimidines), 1214–1215
 CPE (élément de polyadénylation cytoplasmique), 1402
 CPE, protéine de liaison à, (CPEB), 1402, 1402F
 CpG, îlots, 1249
 CpG, îlots, 1502
 cPLA₂ (phospholipase A2 cytosolique), 727
 Cpn10, 294
 Cpn60, 294
 CPS (carbamyl phosphate synthétase), **1025–1028**
 CPS I (carbamyl phosphate synthétase I), 1116
 CPS II (carbamyl phosphate synthétase II), 1115F–1116
 CPSF (facteur de spécificité de clivage et polyadénylation), 1302–1303
 CR1 (récepteur-1 du complément), 1639
 CR2 (récepteur-2 du complément), 1639
 Craik, C., 530
 Cramer, P., 1519
 Cramer, W., 920
 Crapaud à pinces africain, 1202
 Crapauds, 1409
c-Ras, proto-oncogène, 705, 708–709
 CRASP (protéine de surface inhibitrice de l'amplification du complément), 1639
 Crassulacées, métabolisme des acides des, (CAM), 937
 Cravatt, B., 404
 CRD (domaines cystéine-riches), 1578F
 CRE (élément de réponse à l'AMPe), 879
 CRE, protéine de liaison à, (CREB), 283–284, 283F, 879
 Cre, recombinase, 1243–1244, 1245F, 1259
 Créatine, 1092
 Créatine kinase, 505, 570, 571F, 583
 CREB, protéine de liaison à, (CBP), 283–284, 283F
 c-Rel, 1531
 Crêtes, 9, 824, 825F
 Crétinisme, 677
 Creutzfeldt-Jakob, maladie de, (CJD), 312, 314, 315
 Creutzfeldt-Jakob, maladie familiale de, 314
 Creutzfeldt-Jakob, Nouveau variant de la maladie de, (nvCJD), 315
 CRF, voir Corticolibérine
 Criblages pour médicaments, 539
 Crick, F., 88, 95, 236, 1146, 1173, 1260, 1340, 1341, 1345, 1360, 1429
 Cristallin, développement, 1550
 α Cristalline, 140F
 γ -B Cristalline, 252, 253F
 Cristallisation des protéines, 134–135, 241–243
 Critical Assessment of Structure Prediction (CASP), 305
 Critique, concentration, 1657
 CrkII, 737F

- Cro*, gène, 1450, 1451T, 1452, 1466
Cro, protéine, 1288, 1289F, 1451, 1461
 bactériophage λ , 1559
 liaison à o_R , 1466, 1466F
 structure, 1462, 1463F
Croce, C., 1514
 Crochets, protéine à (FlgE), 1676
 Crocodiles, utilisation de l'oxygène sanguin, 357
 Crofts, A., 840
 Crohn, maladie de, 1610, 1613
 Croissance
 dans l'assemblage du VMT, 1434
 de l'embryon, 1549
 des amphibiens, 1549F
 Crossing-over, 20, 24, 24F, 1226–1228
 Crossover inégal, 1506, 1506F
 Crotoxine, 153T
 CRP (protéine récepteur de l'AMPC), 1286
 CRSP, 1533
 CRT, voir Calréticuline
 Cryodécapage, technique de, 408–410, 409F
 Cryo-électronique, microscopie, (cryo-EM), 301, 1365–1366
 dans la recherche sur la voie sécrétoire, 422–426, 422F, 423F, 425F
 dans la recherche sur le cycle de l'acide citrique, 798
 Cryo-fracture, technique de, 408–410, 409F
 Cryptique, site de branchement, 1306
 Cryptiques, sites d'épissage, 1318, 1511
 CS (syndrome de Cockayne), 1218
 CsA, voir Cyclosporine A
c-Src, gène, 705, 706
 CstF (facteur stimulateur de clivage), 1302–1303
 CT, voir Cholérique, toxine
 CTAB (cetyltriméthylammonium bromure), 399F
 CTCF, 1539
 CTD (domaine C-terminal), 1277, 1286–1288
 CTD (domaine C-terminal) kinases, 1277
 CTD (domaine C-terminal) phosphatases, 1277
 C-terminale, extrémité, 73
 dans le séquençage des protéines, 165–168
 dans la synthèse protéique, 1371–1373
 CTP (cytidine triphosphate), 475F
 et transcription, 96, 1265
 rétro inhibition de l'ATCase, 475
 synthèse, **1118–1119**
 CTP synthétase, 1118
 Cull1, 1412, 1413F
 Culline, famille de la, 1412, 1421
 Curare, 781
 Curie (Ci), 591
 Curry, S., 944
 Cusack, S., 1381
 Cushing, syndrome de, 681, 743
 Cx26, voir Connexine 26
Cya, gène, 1451T
 Cyanate, Hb et, 340
 β -Cyanoalanine, 80, 80F
 Cyanobactéries, 5–6, 7F, 12, 13F
 Cyanogène, bromure de, (CNBr), 142, 170–171
 Cyanose, 342
 Cyanure, 831
 Cycle de Krebs, 789. Voir aussi Citrique, cycle de l'acide,
 Cycle Q, 848–849, 848F
 Cycline A, 1565F, **1565–1568**, 1567F, 1572
 Cycline B, 1564, 1565, 1565F
 Cycline D1, 1565
 Cycline D2, 1565
 Cycline D3, 1565
 Cycline E, 1565, 1565F, 1572
 Cycline H, 1564
 Cycline, boîte des, 1564
 Cycline-dépendantes, protéine kinases, voir CDK
 Cyclines D, groupe des, 1565, 1565F
 Cyclines, 214F, 1202, 1564
 Cyclique, cascade, 647–650
 Cyclique, processus, 53
 Cyclique, symétrie, des protéines, 268, 268F
 Cyclobutane pyrimidine, dimères de, (CPD), 1214–1215
 Cyclobutylthymine, dimère, 1214–1215, 1214F
 Cyclohexane, conformations du, 363, 363F
 Cycloheximide, 1395T, 1396F
 Cyclooxygénase (COX), 406, 997
 Cyclopentanoperhydrophénanthrène, 392
 Cyclophiline, 724F, 725
 Cyclopropane, 398
 Cyclosome, 1414
 Cyclosporine A (CsA), 292–293, 724
 Cyglar, M., 886
 Cys, voir Cystéine
 Cys-ARNt^{Cys}, 1359
 CysRS, chez les archéobactéries, 1359
 Cystathione, 1034
 Cystéine, 71. Voir aussi Cystéine biosynthèse, 1071–1072
 chaîne latérale, 71, 208F, 264T
 clivage de la liaison disulfure dans le séquençage des protéines, 168–169
 codons, 100T, 1343T
 comme acide aminé non essentiel, 1065T
 dégradation, 1030–1034
 et transfert d'énergie de fluorescence par résonance, 286
 groupes amine, 208F
 liaisons disulfure, 71, 71F, 168–169
 stéréoisomères, 76, 76F
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuille β , 302T
 Cystéine, domaines riches en, (CRD), 1578F
 Cystéine, protéases à, 1417, 1575
 Cystéinyl-adénylate, 1359
 L-Cystine, 76, 76F
 Cyt, voir Cytosine
 Cytidine, 83T, 1136F
 Cytidine désaminase, 1136F, 1322
 Cytidine monophosphate, voir CMP
 Cytidine triphosphate, voir CTP
 Cytidylique, acide, voir CMP
 Cytochalasine B, 1658
 Cytochalasine B, 769
 Cytochrome *a*, **838**, 838F
 Cytochrome *b*, **838**, 838F, 1408T
 Cytochrome *b*₅, 401–402, 402F, 971
 Cytochrome *b*₅₅₉, 916
 Cytochrome *b*₅₆₂, 250F, 251
 Cytochrome *b*₆, 920
 Cytochrome *b*₆f, complexe, 915, 920–921, 921F
 Cytochrome *bc*₁, voir Complexe III
 Cytochrome *b*_H, 838
 Cytochrome *b*_L, 838
 Cytochrome *c* hème lyase (CCHL), 448
 Cytochrome *c* oxydase (COX), voir Complexe IV
 Cytochrome *c* réductase, 188
 Cytochrome *c*, 16F, **188–189**, **838**, 838F, 841–843
 arbre phylogénétique, 189, 190F
 coefficient de sédimentation, 154F
 constantes physiques, 153T
 demi-vie, 1408T
 évolution, 189, 191F, 316, 317F
 masse moléculaire, 140F
 point isoélectrique, 134T
 repliement, 284, 289, 289F
 séquence d'acides aminés, 186T–187T, 189F, 196F
 spectre d'absorption dans le visible, 838F
 structure par rayons X, 247F
 Cytochrome *c*, apoptose et, 1580, 1582
 Cytochrome *c*₁, 838F, 840, 848
 Cytochrome *c*₂, 912
 Cytochrome *f*, 914–915, 915F, 920
 Cytochrome P450 réductase, 686
 Cytochrome P450
 dans la biosynthèse de l'hème, 1055
 dans l'oxydation des acides gras, 959
 et métabolisme des médicaments, 543–545
 polymorphisme, 545
 réactions de détoxification, 1225
 structure par rayons X, 543F
 Cytochromes de type C, 316, 316F, 317F
 Cytocinèse, 20F, 21F, 1658
 Cytoglobine, 325
 Cytokines, 688, 1531, **1607**
 Cytokines, récepteurs, 717
 Cytomégalovirus (CMV), 1403
 Cytoplasme, 4, 1326–1327, 1481
 Cytoplasmique, polyadénylation, 1401–1402
 Cytosine, 18, **83**, 83T. Voir aussi Watson–Crick, paire de bases
 et code génétique, 100T, 1343T
 et génération de mutations ponctuelles, 1339–1340, 1340F
 nucléosides modifiés présents dans les ARNt, 1347F
 spectre IR des dérivés, 1155F
 Cytosol, **9–11**. Voir aussi sujets voisins, p. ex. :
 Acides gras, biosynthèse
 fonctions métaboliques, 562T
 site de biosynthèse de l'hème, 1054
 site de gluconéogenèse, 876–877, 877F
 site de glycolyse, 595
 site du cycle de l'acide citrique, 815
 transport de l'ARNm vers le, 101
 Cytosquelette, 10–11, 10F
 Cytotoxiques, cellules T (T_C), **1607**, 1609
 Ca, squelette, 244–245
 Cκ, segment, 1617
D
 D formes (acides aminés), 74–76
 D, Acides aminés, 73–75, 79
 D, bras, 1346
 D, cyclines de type, 1568, 1572
d, gène, (drosophile), 25F
D, gène, 1451T
D, voir Dihydrouridine
 D1, protéine (PsbA), de photosystème, 916
 D1, protéine, 1314
 D2, protéine (PsbD), de photosystème, 916
 DAF (facteur accélérateur de dégradation), 1639

- DAG, voir Diacylglycérol
 DAHP (2-Céto-3-désoxy-D-arabinoheptulose-7-phosphate), 1075, 1076F
 DAI (inhibiteur activé par l'ARN double-brin), 1400
 Dailey, H., 1055
 Dalgarno, L., 1374
 Dalton (unité), 5
 Daltonisme rouge-vert, 1592
 Dam méthyltransférase (Dam MTase), 1196, 1220, 1247
 Dam, gène, 1247
 D-Amino acide oxydase, 1025
Danio rerio, 177T
 Dansylaminoéthylthiogalactoside, 770
 Dansylé, amino acide, 165, 166F
 Dansyle, chlorure de, 165, 166F
 Dansylé, polypeptide, 166F
 D-Arabinose, 360F
 Darnell, J., 718, 1514
 Darst, S., 1268
 Darwin, C., 19, 28–29, 799
 Davies, D., 1076, 1614
 Davis, R., 109
 Dayhoff, M., 198
 Dbf4, 1206
 Dbf4-dépendante, kinase, (DDK), 1206
 Dbp5, 1327
 DCCD (dicyclohexylcarbodiimide), 207–208
 Dcm méthyltransférase (Dcm MTase), 1247
dcm, gène, 1247
 DCMU (3-(3,4-dichlorophényl)-1, 1-diméthylurée), 915
 D-Cystine, 76, 76F
 DD (domaine de mort), 1578, 1578F
 dd CTP (2',3'-didésoxyCTP), 1178–1180
 DDBJ (DNA Data Bank of Japan), 195T
 ddC (2',3'-didésoxycytidine), 1208
 DDE, motif, 1238–1239
 ddl, (2',3'-didésoxyinosine), 1208
 DDK, (kinase Dbf4-dépendante), 1206
 ddNTP (2',3'-didésoxynucléoside triphosphate), 117
 de Duve, C., 9
 de Lange, T., 1213
de novo, méthodes, 305
 de Saussure, T., 901
 de Vos, A., 684
 DEAD, famille à boîte, 1379
 DEAE-cellulose, échangeurs d'ions, 137, 141
 5-Déazaflavine, 1215
 6dEB (6-désoxyérythronolide B), 968
 Débranchement, enzyme de, 370, 639, 642–643, 667
 DEBS (désoxyérythronolide B synthase), 968
 Décallee, conformation, 222, 223F
 Décaméthonium, ion, 788
 Décarboxylase des acides aminés aromatiques, 1060
 Décodage, 1379
 Décoiffage, enzyme de, 1327
 Décorine, 373T
 Découplage, protéine de, (UCP), 861–862, 1100–1101
 DED (domaines effecteurs de mort), 1576, 1578, 1578F
 Deep View (interface Swiss-Pdb), 257
 Déformation du cycle du sucre dans la chaîne sucre-phosphate, 1152–1153, 1153F
 Déformylase, 1374
 Dégénérescence, du code génétique, 99, 1338, 1341, 1343–1344, 1360–1361
 Dégradation, de l'ADN, 116–117
 Dégradation, facteur accélérateur de, (DAF), 1639
 Dégradation, signaux de, des protéines, 1514
Deinococcus radiodurans, 1259
 Deisenhofer, J., 294, 403, 453, 840, 910
 Délétion, mutations de, 1340
 δ -Tubuline, 1667
 DeLucia, P., 1181
 Déméthylation des histones, 1545
 Demi-chaise, conformation en, 519F, 1153
 Demi-pile, 584
 Demi-réactions, 585–586
 Demi-vie, 484
 Dénaturation
 de l'ADN, 90–93, 92F
 des protéines, voir Protéines, dénaturation
 Dénaturation, température de, 57
 Dénaturées, protéines, 57
 Dendritiques, cellules, 1607
 Dénitrifiantes, bactéries, 6
 Dénitrification, 1083
 Densité, gradients de, 155
 Dents, 235
 Déphospho-CoA kinase, 1138, 1139F
 Déphospho-CoA pyrophosphorylase, 1138, 1139F
 Depsipeptide cyclique, 748
 Depsipeptides, 1272
 Dérive neutre, 188–192
 Dermatane, sulfate de, 371F, 372
 Dermatosparaxis, 1404
 Déroulement de l'ADN, (mécanisme de rotation active), 1185–1186, 1186F
 D-Érythrose, 360F
 D-Érythrose, 361F
 Désadénylases, 1327
 Désamido NAD⁺ (nicotinate adénine dinucléotide), 1138
 Désaminase induite par activation (AID), 1622, 1624
 Désamination
 des acides aminés, voir Amino acide, désamination
 des bases, 1322–1323, 1339–1340, 1339F
 Désaturases, 969–971
 Désensibilisation, 697
 Déshydroascorbique, acide, 364
 L-Déshydroascorbique, acide, 364F
 7-Déshydrocholestérol, 678
 Déshydrogénases, 318, 498
 Desmine, 1647
 Désordre et entropie, 54–57
 Désoxy-D-ribose, 18
 β -D-2-Désoxyribose, 365
 2'-Désoxy-D-ribose, 83
 2-Désoxy-PIP2, 728
 Désoxy sucres, 365
 3'-Désoxyadénosine, 1270
 5'-Désoxyadénylsylcobalamine (AdoCbl), 954–955, 954F
 Désoxycytidine désaminase, 1124
 2'-Désoxyribose, 1119–1126
 6-Désoxyérythronolide B (6dEB), 968
 Désoxyérythronolide B synthase (DEBS), 968
 DésoxyHb, voir Hémoglobine désoxygénée,
 DésoxyHbS, voir Hémoglobine S désoxygénée,
 Désoxynucléoside triphosphates, voir dNTP
 Désoxynucléotides, 82–83
 Désoxyribonucléique, acide, voir ADN
 Désoxyribonucléotides, 82–83, 82F, 1119–1130. Voir aussi les différents nucléotides
 Désoxyribosomes, 1308
 Désoxythymidine monophosphate (dTMP), 83T, 1127–1128
 Désoxythymidine, 83T, 1136F
 Destruction, boîte de, 1414
 Désubiquitination, enzymes de, (DUB), 1546
 Détergent, membranes résistantes aux, (DRM), 411
 Détergents, 262, 265, 399F
 Deutérium, voir Hydrogène, échange d'
 Développement, 1481
 bases moléculaire chez *Drosophila*, 1551F, 1551–1514
 embryonnaire, 1549–1551
 gènes et patrons chez *Drosophila*, 1552–1554
 Développementaux, signaux :
 en combinaison, 1551
 rôle dans la différenciation cellulaire, 1550
 Dextrane, gels de, 137, 139, 140T, 141
 Dextrines, 370
 Dextrines limites, 385
 α -Dextrinase, 370
 Dextrogyres, molécules, 74
 DGLA (acide dihomog- γ -linoléique), 994
 DH (β -hydroxyacyl-ACP déshydrase), 965
 DH, segment, (diversité) 1619
 DHA (acide 4,7,10,13,16, 19-Docosahexénoïque), 387T, 971
 DHAP, voir Dihydroxyacétone phosphate
 DHF, voir Dihydrofolate
 DHFR, gène, de souris, 1522F
 DHFR, voir Dihydrofolate réductase
 DHODH, voir Dihydroorotate déshydrogénase
 DHS (site hypersensible à la DNase I), 1537, 1537F, 1538, 1540F
 Diabète de l'adulte, 310, 1102–1103
 Diabète de type 1, 310, 1102, 1400, 1574
 Diabète de type 2, 310, 1102–1103
 Diabète insipide, 743
 Diabète insulino-dépendant, 1102, 1400
 Diabète juvénile, 310, 1102
 Diabète non insulino-dépendant (NIDDM), 310, 1102–1104, 1103F
 Diabète sucré, 310, 1102–1104, 1409. Voir aussi Insuline
 DIABLO, 1583
 1,2-Diacylglycérol, 941
 Diacylglycérol (DAG), 661, 994
 Diacylglycérol acyltransférase, 971
 Diacylglycérol lipase, 994
 Diacylglycérophospholipides, 1004–1005, 1005F
 Diagonale, graphique en, 196
 Dialyse, 117, 132T, 141, 141F
 Diaminopimélique, acide, 123, 377F
 Diarrhée, 1444
 Diastase, 469
 Diastéréoisomères, 75–76
 Diatomées, 13F
 Diatomées, terre de, 144
 6-Diazo-5-oxo-L-norleucine (DON), 1142
 Diazotrophes, 1080
Dicephalic, mutation, embryon de *Drosophila*, 1552

- Dicer (RNase), 1324
 Dicéto gulonique, acide, 364
 L-Dicéto gulonique, acide, 364F
 Dicéto piperazine, 243F
 3-(3,4-Dichlorophényl)-1,1-diméthylurée (DCMU), 915
 Dichroïsme circulaire (CD), 284–285, 285F
 Dickens, F., 892
 Dickerson, R., 89, 529, 1148
 Dicoumarol, 1599, 1599F, 1601
 DICS (maladie d'immunodéficience combinée sévère), 122, 123, 1132
Dictyostelium discoideum, chaîne lourde de dynéine, 1675F
Dictyostelium, 1661F
 Dicyclohexylcarbodiimide (DCCD), 207–208
N,N'-Dicyclohexylurée, 207
 Didanosine, 1208
 2',3'-Didéshydro-3'-désoxythymidine, 1208
 2',3'-DidésoxyCTP (ddCTP), 1178–1180
 2',3'-Didésoxycytidine (ddC), 1208
 2',3'-Didésoxyinosine (ddI), 1208
 2',3'-Didésoxynucléoside triphosphate (ddNTP), 177
 Didésoxynucléotides, méthode des, 176. *Voir aussi* Sanger, méthode de
 Dièdre, symétrie, des protéines, 268, 268F
 Dièdres, angles, 222–225
 Diélectriques, constantes, 42–43, 43T
 2,4-Diénoyl-CoA réductase, 952
 3,5-2,4-Diénoyl-CoA réductase, 952
 Diéthyl éther, 43T, 144, 398
 Diéthylaminoéthyl cellulose, échangeurs d'ions basés sur, *voir* DEAE-cellulose, échangeurs d'ions
 Diéthylpyrocarbonate, 312–313, 313F
 Dif, 1531
 Diffusion facilitée, 420, **750–752**
 Diffusion latérale, 396
 Diffusion saltatoire, 411, 411F
 Diffusion, coefficient de, 745
 Diffusion, limite contrôlée par la, 490
 2,4-Difluorotoluène, base, 1177
 Digalactosyl diacylglycérol, 902
 Digitale, 539, 761–762, 761F
 Digitoxine, 761–762
 Dihomo- γ -linoléinique, acide (DGLA), 994
 7,8-Dihydrobioptérine, 1043–1044
 Dihydrocéramide, 1009
 Dihydrocéramide réductase, 1009
 Dihydrofolate (DHF), 445, 492, **1062**, 1127
 Dihydrofolate réductase (DHFR), 300, 445, 492, 1044, 1062, 1129–1130
 Dihydroliipoamide déshydrogénase, 796
 Dihydroliipoamide, dans le cycle de l'acide citrique, 794–795, 795F
 Dihydroliipoyl déshydrogénase, 792, 801–804, **801–814**, 802F, 804F
 Dihydroliipoyl transacétylase (E2), 792, 793F, **795–797**, 796F, 797F
 Dihydroliipoyl transsuccinylase (E2o), 810
 Dihydroorotase, 1115F, 1116, 1118
 Dihydroorotate, 1115F, 1116
 Dihydroorotate déshydrogénase (DHODH), 1115F, 1116
 Dihydroptéridine réductase, 1044
 Dihydrosphingosine, 390, 391F, 1009
 Dihydrouracile, 1136F
 Dihydrouracile déshydrogénase, 1136F
 Dihydrouridine (D), 1346, 1347F
 Dihydroxyacétone phosphate (DHAP), 596F, 600–603, 929, 944F
 Dihydroxyacétone phosphate acyltransférase, 971
 Dihydroxyacétone, 361, 361F
 1,25(OH)2D (1 α , 25-Dihydroxycholecalciférol), 678
 1 α ,25-Dihydroxycholecalciférol (1,25(OH)2D), 678, 679
 3,4-Dihydroxyphénylalanine, *voir* L-DOPA
 Dihydroxythymine, 1136F
 Diimine, 1082
 Diisopropylphosphofluoridate (DIPF), 526–527
 Dill, K., 262, 281, 287
 Dimères, 267
 Diméthoxytrityle (DMTr), groupe protecteur, 210F, 211
N⁶-*N⁶*-Diméthyladénosine, 1156–1157
 Diméthyl sulfate (DMS), 1267
 Diméthyl sulfoxyde, *voir* DMSO
 Diméthylallyl pyrophosphate, 977
 1-Diméthylamino-naphthalène-5-sulfonyl chlorure, *voir* Dansyle, chlorure de, 5,6-Diméthylbenzimidazole (DMB), 954
N,N-Diméthylformamide, *voir* DMF
N²,*N²*-Diméthylguanosine (m₂G), 1347F
 Diméthylxaloacétate, 511
 Diméthylsubérimidate, 270, 270F
dinB, gène, 1222
 Dinde, 19T
 2,4-Dinitrophénol (DNP), 860
 2,4-Dinitrophényl (DNP), groupe, 1613
 Dinoflagellés, 13F
 Dintzis, H., 1371
 Dinucléotides, pli de liaison aux, 256
 Diol déshydrase, 1018
 Dipeptides, 70, 70F
 DIPF (diisopropylphosphofluoridate), 526–527
 Diphosphatidylglycérol, 389T
 1,3-Diphosphoglycérate, 607
 2,3-Diphosphoglycérate (DPG), 329
 Diphthalamide, résidu, eEF2, 1398
 Diphthérie, 1397–1398
 Diphthérique, toxine (DT), 123, 153T, 1395T, **1397–1398**
Diplococcus pneumoniae, 85
 Diploïde, génome, 182
 Diploïde, nombre, 19
 Diploïdes, cellules, 24F
 Dipneuste, 94T
 Dipolaire, moment, 39, 43T
 Dipolaires, ions, 70
 Dipôle-dipôle, interactions, 260–261, 260F
 Diphthérique, toxine, 1581F
 Dipyrométhane, 1053
 Disaccharides, **367**
 DISC (complexe du signal inducteur de mort), 1577F, 1578
 Disc, électrophorèse, 148, 148F, 149F
 Discriminative, base, 1351F
 Distance, construction d'arbre basés sur la, 205
 Distance, matrice de, 204–205
 Distributives, enzymes, 1177
 Disulfure, liaisons :
 cystéine, 71, 71F
 dans le séquençage des protéines, 168–169, 172, 184
 dans les protéines natives, 292
 et stabilité des protéines, 264–265
 insuline, 165F
 kératine, 235
 réaction d'échange, 280F
 Diversité (D_H), segment de, 1619
 Dixon, J., 736
 DL3, 714
 D-Lactique, acide, 365
 D-Lyxose, 360F
 D-Mannose, 360F, 361
 D-Mannuronique, acide, 364
 DMB (5,6-diméthylbenzimidazole), 954
 DMD (dystrophie musculaire de Duchenne), 1648
 DMF (*N,N*-diméthylformamide), 134, 262
 DMS (sulfate de diméthyle), empreinte au, 1267, 1522
 DMSO (diméthyl sulfoxyde), 43T, 134, 262
 DnaA, boîtes, 1194, 1195
dnaA, gène, 1196
dnaA, gène, 1451T
 DnaA, protéine, 1194–1195, 1206
 DnaA, protéine, dans la réplication de λ , 1454
dnaB, gène, 1182T
dnaB, gène, 1451T
 DnaB, hélicase, 1191, 1193–1194
 DnaB, protéine, 1206
 dans la réplication procaryote, 1190, 1190T, 1191, 1195, 1199
 dans le déroulement de l'ADN, 1183, **1184**, 1184T
 DnaB, protéine, dans la réplication de λ , 1454
 DnaC, protéine, 1190, 1190T, 1195, 1206
 DnaC, protéine, dans la réplication de λ , 1454
dnaG, gène, 1176
 DnaG, protéine, 1190T
 DnaJ, 293
 DnaK, 293
dnaN, gène, 1182T
dnaQ gène, 1182T
 DNase I, 1181
 DNase I, clivage de chromatine par, 1534
 DNase I, empreinte à la, 1522
 DNase I, sites hypersensibles à. (DHS), 1537, 1537F, 1538, 1540F
 DnaT, protéine, 1190, 1190T
 DNMT1, 1250
 DNMT3a, 1250
 DNMT3b, 1250
 DNP (2,4-dinitrophénol), 860
 DNP (2,4-dinitrophényle) groupe, 1613
 dNTP (désoxynucléoside triphosphates):
 dans la méthode par extension bloquée de chaîne, 177–179
 dans la réplication de l'ADN, 101, 1170, 1174F
 et fidélité de réplication, 1200–1201
 4,7,10,13,16,19-Docosahénoïque, acide, *voir* DHA
 Dodécyltriéthylammonium, bromure de, (DTAB), 399F
 Dodson, E., 1216
 Dogme central de la biologie moléculaire, 95, 95F, 1260
 Dolichol, 883, 883F
 Dolichol-P-mannose, 884
 Dolichol-PP-oligosaccharide, synthèse, 884F, 885
 Domaine C-terminal, *voir* CTD
 Domaines
 du vivant, 6
 des protéines, **247**, 281
 Domaines, permutation de, 718

- Dominants, caractères, 20–22
 DON (6-Diazo-5-oxo-L-norleucine), 1142
 Donnan, équilibre de, 787
 Donneurs universels, (sang), 466
 Donohue, J., 88
 Doolittle, R., 1595
 Dopamine β -hydroxylase, 1060F
 Dopamine, 80, 80F, 783, 1058–1060
 Dopamine, récepteurs de la, 689
 Dorsal, 1531
 Dorsale, position, d'embryon de *Drosophila*, 1551F
 Dosage génique, compensation de, 1512
 Double aveugle, tests en, 542–543
 Double contrôle, mécanisme de, 1356
 Double hélice, structure de l'ADN en, **88–90**
 Double minute, minichromosomes, 1507
 Double-brin, ADN, voir ADNdb
 Double-brin, ARN, voir ARNdb
 Double-brin, cassures, voir DSB
 Double-brin, inhibiteur activé par l'ARN, (DAI), 1400
 Double-brin, protéine kinase activée par l'ARN, (PKR), 1400
 Double-déplacement, réactions de, 499
 Double-hybride, système, 705
 Double-inverse, représentation en, 490, 490F, 494F–496F, 499F, 500F
doublesex (*dsx*), pré-ARNm, (*Drosophila melanogaster*), 1318
 Doublé, S., 1303
 Douce, R., 1032
 Doudna, J., 1324
 Douleur, prostaglandines et, 993–994
 Down, mutations, 1266
 Down, syndrome de, 312
 Downing, K., 1664
 Doxorubicine, 1169, 1170
 DP, famille (partenaire de dimérisation d'E2F), 1572
dp, gène, (drosophile), 25F
 DP-1, 1572
 DP-2, 1572
 DPE (élément promoteur en aval), 1521
 DPG (2,3-diphosphoglycérate), **329**
 Dpo4, 1222, 1222F
 D-Psicose, 361F
 Drew, H., 89, 1148
 Dreyer, W., 1617
 D-Ribose, 19, 82, 360F, 361
 D-Ribulose, 359, 361F
 drk, protéine, 709
 DRM (membranes résistant aux détergents), 411
 Drogue, résistance aux, 1507
 Drosha, 1325
Drosophila melanogaster :
 ADN de liaison, 1485
 amplification de gène, 1507, 1507F
 bases moléculaires du développement, 1551F, **1551–1514**
 chromosomes polytènes, 1494F, **1494–1495**, 1495F, 1538, 1539F
 distribution des gènes structuraux, 1503
 doigts à zinc, 1525
 gènes d'histones, 1505, 1505F
 HMG-D, 1534
 homéodomaines de cinq gènes, 1559F
 insulateurs, 1538–1539
 micrographie électronique de chromatine, 1483F
 protéines morphogènes, 1531
 renflements de chromosome, 1513F
 taille du génome haploïde, 1497
 TBP, 1517
 TFIID, 1520
 ubiquitination des histones, 1546
Drosophila melanogaster, 23F
 ADN, 94, 94T, 95F
 carte génétique, 25F
 épissage alternatif, 1318, 1319F
 expériences de génétique, 23–26
 gène *per*, 120F
 interférence d'ARN, 1324
 mitochondrie, 1344T
 nombre de chromosomes, 19T
 pré-ARNm *cacophonie*, 1322
 protéasome 26S, 1411F
 protéine Dscam, 1318
 réplication, 1176F, 1202, 1205F
 séquençage du génome, 113, 177T, 182
 spliceosomes, 1312F
 test de complémentation, 25F
 transposons, 1244, 1246
 ubiquitine, 1409
Drosophila virilis, bandes satellites, 1500, 1500F
 Druker, B., 719
 DSB (cassures double-brin), 1223–1224, 1235F
 Dscam, protéine, 1318
 D-Sorbose, 361F
dsx (*doublesex*), pré-ARNm, (*Drosophila melanogaster*), 1318
 DSX-F, protéine, 1318
 DSX-M, protéine, 1318
 DT, voir Diphthérique, toxine
 DTAB (bromure de dodécyltriéthylammonium), 399F
 dTAF6, 1520, 1520F
 dTAF9, 1520, 1520F
 dTAF_{II}135, 1520
 dTAF_{II}20, 1520
 dTAF_{II}42, 1520
 dTAF_{II}60, 1520
 D-Tagatose, 361F
 D-Talose, 360F
 D-Thréonine, 75, 76, 76F
 D-Thréose, 360F
 dTMP, voir Désoxythymidine monophosphate
d-Tubocurarine, 781
 du Vigneaud, V., 205
 DUB (enzymes de désubiquitination), 1417–1418, 1420–1421
 DUB (enzymes de désubiquitination), 1546
 Duchenne, dystrophie musculaire de, (DMD), 1648
 Ducruix, A., 709
 DUE (éléments de déroulement de l'ADN), 1194
 Dunathan, H., 1033
 Dunn, M., 1078
 Duplex, ADN, 90, 1159F. Voir aussi ADNdb (ADN double-brin)
 Duplications de segments, 1498
 Dureté de l'eau, 465
 dUTP diphosphohydrolase (dUTPase, dUTP pyrophosphate), 1126, 1218
 Dutton, L., 841
 Dutzler, R., 755
 Duysens, L., 909
 Dyades, axes, 89F
 Dynamine, 436
 Dynamique moléculaire, simulation, 307–308, 308F, 397
 Dynamite, 743
 Dynéine, 440
 Dynéine, bras externe, 1674
 Dynéine, bras interne, 1674
 Dynéines, **1670–1676**
 changements conformationnels, 1676F
 dans le mouvement cilaire, 1674–1675
 dans les vésicules de transport, 1671–1673
 mécanisme, 1675–1676
 structure, 1672F
 tête de chaîne lourde, 1675F
 Dynéines cytoplasmiques, 1670
 Dyskinésie ciliaire primaire (PCD), 1676
 Dystrophie musculaire, 1252
 Dystrophie myotonique (DM), 1252
 Dystrophine, 1305, 1648

E
E, gène, 1451T
E, site, (exit), site de sortie, 1373, 1385, 1387
E. coli :
 adsorption du bactériophage λ , 1448
 complexité de l'ADN, 1497
 contrôle de l'expression génique, 1511
 courbe de C_0t , 1498F
 et bactériophage P22, 1453–1454
 régulation de l'initiation transcriptionnelle, 1514, 1516
 répresseur *trp*, 1558
 rotation flagellaire, 1679
 souche K12, 1448
 système de répression par les catabolites, 1461
 taille du génome haploïde, 1497
E. coli, 4–5, 4F. Voir aussi Bactériophages ; et les différents gènes
 ADN de l'être humain vs. coli, 8–9
 ADN ligase, 1188, 1188F, 1189F
 ARN amorces, 1176
 carbamil phosphate synthétase, 1027–1028
 chromosomes à fourches multiples, 1195, 1195F
 clonage, 104
 comme source de protéines pour la purification, 130
 complexe de la pyruvate déshydrogénase, 792, 793F
 composition moléculaire, 5T
 constituants du ribosome, 1363T
 corps d'inclusion, 117, 117F
 cycle d'élongation, 1380F
 effet des dimères de thymine, 1214–1215
 enzymes de restriction de type II, 105T
 épissage du pré-ARNm, 1312
 et bactériophages, 27F, 28, 86F, 87, 87F, 1340
 et réplication des BAC, 109
 expériences de conservation de l'ADN, 90, 91F
 facteur Rho, 1276F
 facteurs σ , 1284
 fMet, 1374
 gel d'électrophorèse bidimensionnelle, 152F
 gènes d'ARNt, 1330
 induction d'enzymes, 1260–1264
 isocitrate déshydrogénase, 817
 isoenzymes de l'aspartokinase, 1075T
 membrane, 398T

- méthylation de l'ADN, 1247
mutant Y328F de la topoisomérase III, 1163–1165, 1164F
opéron lac, 97, 97F
Pol I, 1176–1181, 1181T
Pol I, fragment de Klenow, 1178F
Pol II, 1181, 1181T
Pol III, 1181T, 1182–1184, 1182T, 1183F
Pol IV, 1182
Pol V, 1182
polymérase ajoutant CCA, 1331
primase, 1188–1189, 1189F
promoteurs, 1266, 1267F
protéine Ada, 1216
protéines de choc thermique, 293, 294
RecBCD, 1231, 1231F
recombinaison homologue, 1228–1230
régulation de la synthèse des pyrimidines, 1118F
réparation de l'ADN, 1214
réparation des mésappariements, 1220, 1220F
réparation par excision de nucléotide, 1217
réplication, 1174F, **1192–1200**, 1193F
réplication dans, 1183–1187, 1184T
réplication de l'ADN, 102F–104F, 103, 104
réplication du chromosome, 1195
réplication semi-discontinue, 1175
réplisome, 1196F
répression par les catabolites, 1285–1288
résistantes à l'ampicilline, 26
ribosomes, 367F, 1363–1365, 1363F–1366F, 1370–1371
riboswitch sensible à TPP, 1300, 1300F
RNAP, 1265–1266
RuvABC, 1231
séquençage du génome, 113, 177T
sites *Ter* et locus *oriC*, 1199F
souche χ^{1776} , 123
sous-unités de la RNAP, 1277T
spectre d'absorption UV des acides nucléiques et de l'ADN, 92F
structure interne, 5F
structures biologiques, 14, 15F
suppresseurs de codon non sens, 1362, 1362T
système GroEL/ES, 294–302
taille de l'ADN, 94T
traduction dans, 1375F, 1376F
transcription, 1271–1273, 1273F, 1284–1301
transcription et traduction simultanées, 1283F
vecteur de clonage pUC18, 107, 107F, 111
vecteurs navette, 118
vitesse de réplication, 1174–1175
voies de la terminaison ribosomique, 1391F
- E1, protéine
du papillomavirus bovin, 1184–1185, 1185F
et facteur Rho, 1275–1276
- E1, *voir* Pyruvate déshydrogénase ; Ubiquitine, enzyme activatrice de l',
E1A, 1563
E1b, 799
E1B, protéine, 1569
E1o, *voir* α -Cétoglutarate déshydrogénase
E1p, 799
E2, gène, 1563, 1572, 1573
E2, promoteur, 1563, 1573
E2, *voir* Dihydrolipoyl transacétylase ; Ubiquitine, enzyme de conjugaison de l',
E2F, 1563, 1572, 1573, 1573F
E2F, famille de partenaires de dimérisation d', (DP), 1572
E2F, famille, 1572, 1573
E2F-1, 1572
E2F-2, 1572
E2F-3, 1572
E2F-4, 1572
E2o (dihydrolipoyl transsuccinylase), 810
E3, protéine de liaison à, (E3BP), 798
E3, *voir* Ubiquitine-protéine ligase
E3b, 799
E3o, 799
E3p, 799
E3 α , 1413, 1414
E4, 1573
E4, gène, 1563, 1572
E4, protéine, 1563
E4P, *voir* Érythrose-4-phosphate
E54K, mutation, 1239
E6, protéine, 1414, 1569
E6, protéine associée à, (E6AP), 1414
E7, 1573
Ealick, S., 1116
Eaton, W., 346, 353
4E-BP1, 1401
4E-BP2, 1401
4E-BP3, 1401
Eau, **40–45**
activité, 60
constante diélectrique et moment dipolaire, 43T
constante d'ionisation, 47
dans les glycérophospholipides, 389T
et excrétion d'azote, 1134
et solvants non polaires, 262–264, 263T
mobilité des protons, 44–45
propriétés de solvant, **42–44**
réactif dans les expériences de Miller–Urey, 32, 33
structure et interactions, **40–42**, 40F–42F
- Ebashi, S., 1652
Ebright, R., 1286, 1287
Écaille de tortue, chats, 1512–1513, 1513F
Ecdysone, 1524
Échinodermes, 13F
Eck, M., 716, 721
Éclipsée, conformation, 222, 223F
EcoRI, 105, 105F, 105T, 106
EcoRII, 105T
EcoRV, 105–106, 105F, 105T, 109
ECS (séquence complémentaire du site d'édition), 1323F
Ectoderme d'amphibien, 1549F, 1550, 1550F
Ectoderme ventral d'embryon d'amphibien, 1550, 1550F
Ectodomaines, 453, 684
ED₅₀, 539
Edelman, G., 1610
Edgar, R., 1455
Edidin, M., 408
Édition
de la chaîne d'ADN, 1170, 1201
de l'ARNt, 1355–1358
Édition, séquence complémentaire du site d', (ECS), 1323F
Éditosome, 1321–1322
Edman, dégradation d', 165, 167F, 171, 172, 174
Edman, P., 165, 171
Edman, réactif d', 165, 167F
Edmondson, A., 1614
- EDTA (acide éthylènediaminetétraacétique), 157
EEA 1, (antigène 1 d'endosome précoce), 734, 735F
eEF1A, 1388, 1389F
eEF1B, 1388
eEF1B α , 1388, 1389F
eEF1B β , 1388
eEF2, 1388, 1398, 1405
EF, mains, 656
EF, *voir* Anthrax, facteur œdémateux, ; Élongation, facteur
EF1A, 1379
EF1B, 1379
EF2, 1385–1386
Effecteurs, 348, 442, 625T, 688
EF-G, 1375T, **1385–1388**, 1386F
Efstradiadis, A., 1306
EF-Ts, 1375T, 1379, 1381–1382, 1382F
EF-Tu, 1375T
et ARNt initiateur, 1380–1381, 1381F
et fidélité de la traduction, 1390–1391
et Gln-ARNt^{Gln}, 1358
et initiation de la chaîne, 1382F, 1386, 1386F, 1388
Egelman, E., 1228
EGF, récepteur d', 699
EGF, *voir* Épidermique, facteur de croissance
EGFR (récepteur du facteur de croissance épidermique), traitement du cancer et, 1613
EGL-1, 1575, 1580
Égoïste, ADN, 1502
EH, *voir* Énoyl-CoA hydratase
EHK (hyperkératose épidermolytique), 235
Ehlers-Danlos, syndromes d', 240, 1404
EI (Enzyme I), du système PTS, 765
Eicosadeltaèdre, 1437F, 1437–1438
Eicosaoèdre, 1437, 1437F
Eicosaoédrique, virus, 1429, 1431, **1436–1448**
architecture, 1436–1438
bactériophage MS2, 1444
PBCV-1, 1446–1448
picornavirus, 1440–1442
SV40, 1443–1444
TBSV, 1438–1440
virus de la maladie de la langue bleue, 1444–1446
Eicosanoïdes, métabolisme des, 993–997
pour les prostaglandines, prostacyclines, et thromboxanes, 996F, **997–1000**
pour leucotriènes et lipoxines, 996F, **1000–1004**
Eicosanoïdes, récepteurs des, 689
5,8,11,14,17-Eicosapentaénoïque, acide, *voir* EPA
8,11,14-Eicosatriénoïque, acide, 994
eIF1A, 1376
eIF2 phosphatase, 1399
eIF2, 1376, 1399–1401
eIF2B, 1379, 1399
eIF2 α kinases, 1399
eIF2 α , 1399–1401
eIF3, 1376
eIF4A, 1378
eIF4B, 1365, 1379
eIF4e murin, 1378F
eIF4E, 1378, 1399, 1401
eIF4F, 1378
eIF4G, 1327, 1378
eIF4H, 1379

- eIF5, 1379
eIF5B, 1379
eIFn, 1376, 1378
EII, du système PTS, 765
EIIA, du système PTS, 765, 767F
EIIB, du système PTS, 765
EIIC, du système PTS, 765
Einstein (unité), 903
Eisenberg, D., 310, 929, 1068, 1315
EJC (complexe de jonction exonique), 1326–1327
Eklund, H., 934, 1119, 1122
Élastase, 525, 525T, 529T
duplication de gène, 194
proenzymes, 538
spécificité, 169T
structure par rayons X, 528F, 530, 534–535, 535F
Élastase, protéases de la coagulation sanguine et, 1594
Élasticité, coefficient d', 622
Élastine, 240, 529
ELC (chaînes légères essentielles), 1641–1644
Électrique, poisson, 779–780
Électrochimie, potentiel, 745
Électrochimiques, piles, 584, 584F
Électromotrice, force, (emf), 584
Électron, accepteur d', 584
Électron, donneur d', 584
Électron, réactions de transfert d', 586
Électron, transport d', 188, 386, 823, **828–845**.
Voir aussi Oxydative, phosphorylation
Coenzyme Q: Cytochrome *c* oxydoréductase, 832T, 840–841, 841F
composants, **833–845**
couplage rigide entre phosphorylation et oxydation, 831–833
cytochrome *c* oxydase, 832T, 841–845, 842F
dans la mitochondrie, **823–828**
dans les bactéries pourpres photosynthétiques, 909–913, 913F
deux centres photosynthétiques, 913–925
et réoxydation d'acyl-CoA, 948
études avec des inhibiteurs, 831, 831F
NADH:Coenzyme Q réductase, 832T, 834–835
potentiels de réduction des composants dans des mitochondries au repos, 832T
rapport P/O, 831–833, 833F
réaction nette, 824F, 829–830, 829F
séquence des réactions, **829–833**
thermodynamique, **828–829**
Électronique, cartes de densité, 241–242, 242F
Électronique, complémentarité, des paires de bases Watson–Crick, 1155–1156
Électronique, densité, 241
Électrons, canalisation des, (effet tunnel), 841
Électrons, flavoprotéine de transfert d', (ETF), 948
Électrons, paires d', acido-basiques, 45
Électrophile, catalyse, 510
Électrophiles, 563–564, 563F
Électrophorèse, 132T
capillaire, 152
des acides nucléiques, **158–159**
des protéines, **146–152**
en gel, 147–150
focalisation isolélectrique, 150–152
SDS–PAGE, 150
sur papier, 146–147
Électrophorèse à front mobile, 146
Électrophorèse à pH discontinu., 148, 148F
Électrophorèse capillaire, (CE), 152
Électrophorèse discontinue, gel de séparation, 148
Électrophorèse en gel
bidimensionnelle, 152, 152F
des acides nucléiques, **158–159**, 158F, 179
des protéines, 132T, 147–150, 148F
en champ pulsé, 158–159, 159F
pour les cartes de restriction, 106, 106F
pour mesurer le surenroulement, 1162
Électrophorèse en gel bidimensionnelle (2D), **152**, 152F, 175
Électrophorèse en gel en plaque, 148F
Électrophorèse sur papier, 146–147, 147F
Électrophorétique, mobilité, 146
Électroplaques, 779, 779F
Électrospray, ionisation par, (ESI), 172
Électrostatiques, forces, assemblage du VMT et, 1436
Électrostatiques, forces et stabilité des protéines, 259–261
Électrotransfert, 111
Élémentaire, composition, des êtres humains, 29T
Élémentaires, réactions, **483**
Éléments, tableau périodique, 31F
Elephant Man, 1563
Élimination, réactions d', **566–567**, 567F
Elion, G., 1130
ELISA (dosage d'immunoabsorption par enzyme lié), **131–132**, 132F
Elliptocytose héréditaire, 414
Ellis, J., 293
Élongases, **969–971**
Élongation, facteur d', (EF), 422–423, 1375T, **1379**
Élution fractionnée, 136–137, 136F
Élution, dans la chromatographie d'échange d'ions, 136
Emden, G., 595
Emden–Meyerhoff–Parnas, voie de, 595.
Voir aussi Glycolyse
EMBL, Nucléotide Séquence Database, 195T
Embranchements des arbres phylogénétiques, 203–204, 203F
Embryogenèse, 1250–1251, 1401, 1481, 1549F
Embryologique, développement, 14F, 1549F, 1549–1551
Émergentes, propriétés, 738
Emf (force électromotrice), 584
Emphysème pulmonaire, 533
Empreinte à la DNase (Fingerprinting), 147, 174
En, mutant (*engrailed*; *Drosophila*), 1554, 1557, 1557F, 1559F, 1559–1560
Énantiomères, 74–76, 74F
Encéphalopathie spongiforme bovine (BSE), 312, 315
Encéphalopathie spongiforme transmissible (TSE), 309, 312
 β -END (β -endorphine), 1548F, 1549
Endergoniques, processus, 57
Endo, conformation, 1153, 1153F
Endo, T., 446
Endocrine, système, 672F
Endocrines, glandes, 671, 672F
Endocrines, hormones, 671
Endocytose récepteur-dépendante, 454
Endocytose, 8, 433, 454F, 986, 986F
Endoderme d'amphibien, 1549F
Endoglycosidases, 366
Endonucléase d'écotaxie (de homing), 1407–1408
Endonucléases, 1160, 1407–1408. *Voir aussi* Restriction, endonucléases de,
Endonucléases de restriction de type I, 104–105
Endonucléases de restriction de type II, 105, 105T
Endonucléases de restriction de type III, 104–105
Endonucléases de restriction de type IV, 105
Endopeptidase Arg-C, 169T
Endopeptidase Asp-N, 169T
Endopeptidase Glu-C, 169T
Endopeptidase Lys-C, 169T
Endopeptidases, 169–170, 169T, 194
 β -Endorphine, 673T, 685
Endosomes, 455F
Endothélium, 686
Endothermiques, processus, 53
Endotoxines, 688, 1635
 δ -Endotoxines, 122
Énediolate, anion, 567
Énergétique, couplage, 845
Énergie, **53**
conservation, 52–54
et évolution, 34
pour les procaryotes, 5–6
processus métaboliques, 17
Énergie libre, **57–58**
changement unitaire d'énergie libre de Gibbs, 263T
état standard, **58–60**
et catalyse enzymatique, 537
et concentration, 58, 61
et constantes d'équilibre, 58T
et repliement protéique, 284, 287
transport membranaire, 744
Énergie libre partielle molaire, 58
Énergie libre, variations standard d', **59–60**
Énergie, barrière d', pour la libre rotation du squelette polypeptidique, 222–223
Énergie, composés riche en, *voir* Haute-énergie, composés de,
Énergie, liaisons riche en, 580
Énergie, maxima locaux d', 289
Énergie, stratégies métaboliques, 1088–1090
Énergie, transformation d', 587, 845
Engelman, D., 1365
Englander, W., 285
Englemann, T., 901
Engrailed, mutant (*en*; *Drosophila*), 1554, 1557, 1557F, 1559F, 1559–1560
Engrenage dans la fusion membranaire, 443F
Enhanceosome, 1524, 1532, 1532F
Enhancer exonique d'épissage (ESE), 1306, 1314
Enhancers (amplificateurs), 1282–1283, 1337
Énol phosphates, 580
Énol, formes, des bases des nucléotides, 88
Énolase, 567, 596F, **612–613**, 613F
Énolate, 568, 569F
5-Énolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (ESPS-synthase), 1075
eNOS (NOS endothéliales), 686–688
Énoyl-ACP réductase (ER), 965
Énoyl-CoA hydratase (EH), 947, 947F, 948, 958
Énoyl-CoA isomérase, 950

- 3,2-Énoyl-CoA isomérase, 952
 Enracinés, arbres, 203F, 204
 Entéropeptidase, 537
 Entérottoxine thermolabile, (LT), 696
 Enthalpie, **53–54**
 Entner–Doudoroff, voie d', 636–637
 Entropie, **55–57**
 changements unitaires d'entropie, 263T
 de la réaction de la peptidyl transférase, 1384–1385
 et repliement des protéines, 284, 287
 et température, 56F
 env, 1246
 Enveloppe du virus, 1429
 Enveloppe, protéines d', 1429
 bactériophage MS2, 1444
 rhinovirus humain, 1441F
 SBMV, 1441F, 1442
 TBSV, 1438F, 1438–1439, 1439F, 1442
 TMV, 1431F, 1431–1434, 1432F
 Enveloppe, glycoprotéine 120 (gp 120), 1631F
 Enveloppé, virus, 1468
 Enzymatique, interconversion, *voir* Covale-
 lente, modification
 Enzymatiques, cinétiques, 482, 487–492
 analyse des données, **490–491**
 cinétiques de Michaelis–Menten, **488–491**,
 496–497, 501–503
 effets du pH, **496–497**
 et coefficient de contrôle de flux, 620–622
 inhibition compétitive, **493–494**
 inhibition incompétitive, **495**
 inhibition mixte, **495–496**
 réaction réversible, **491–492**
 réactions bisubstrat, **497–501**
 relation de Haldane, **491–492**
 Enzyme I (EI), du système PTS, 765
 Enzyme, catalyse. *Voir aussi* Médicament,
 conception
 catalyse acido-basique, **506–510**
 catalyse covalente, **510–511**
 catalyse électrostatique, **512**
 catalyse par un ion métallique, **511–512**
 et effets de proximité/orientation, **512–515**
 et liaison préférentielle à l'état de transi-
 tion, **515–516**, 516F
 lysozyme, **517–525**
 protéases à sérine, **525–537**
 zymogènes, **537–538**
 Enzymes inductibles, 1261
 Enzymes saturées, 489
 Enzymes, 4, 163, **469–479**. *Voir aussi les diffé-*
rentes enzymes
 activité catalytique, 243
 catalyse sélective, 588–589
 coenzymes, **473–474**
 comme protéines globulaires, 241
 contrôle allostérique, 476–479
 contrôle de l'activité, 474–479
 contrôle par rétro inhibition, 475
 dans les tests, 131
 nomenclature, **479**
 perspective historique, 469–470
 pour délivrer des liposomes, 396
 pour la réplication de l'ADN, 1176–1189
 processives et distributives, 1177
 règle un gène une enzyme, 26
 réparation des erreurs de réplication de
 l'ADN, 103–104
 spécificité de substrat, **470–473**, 470F
 spécificité géométrique, **472–473**
 stéréo spécificité, **470–472**
 vs catalyseurs chimiques., 469
 Enzymes, commission, 479
 Enzymes, induction, 1260–1264
 Enzymes, inhibition, **493–496**
 Enzymes, nom courant des, 479
 Enzymes, noms recommandés, 479
 Enzymes, numérotation systématique, 470
 Enzyme-substrat, complexe, 470F, **488**
 Enzymologie, 469
 EPA (5,8,11,14,17-eicosapentaénoïque acide),
 387T, 971, 994, 1002–1003
 EPCR (récepteur de protéine C des cellules
 endothéliales), 1605
 Épiderme, 16F
 Épiderme, développement au cours de
 l'embryogenèse, 1550
 Épidermique, facteur de croissance, (EGF),
 453–454, 997, 1317
 Épidermique, récepteur du facteur de crois-
 sance, (EGF), 699
 Épidermolyse bulleuse simplex (EBS), 235
 Épidermolytique, hyperkératose (EHK), 235
 Épigénétique, reprogrammation, 1250–1251
 Épigénétiques, variations, du génome,
 1249–1250
 Épimères, 361
 Épimérisation, 567
 Épissage, 97–98, 1305. *Voir aussi* Spliceo-
 somes
 auto-épissage, 1306–1308
 épissage alternatif, 1317–1318
 épissage en *cis* et en *trans*, 1319–1320
 exons, 1305–1308
 pré-ARNm, 1312
 rôle des facteurs associés à l'épissage, 1312,
 1314
 signification, 1316–1317
 Épissage alternatif, 1547
 Épissage, facteur 1 (SF1), 1312
 Épithéliales, cellules, 373, 410
 Épitopes, 205, 1616
 ÉPO, *voir* Érythropoïétine
 Éponges, 13F
 Époxy-activé, agarose, 142, 143F
 2',3'-Époxy-ATP, 1180
 EPR (résonance paramagnétique électro-
 nique), 911
 Équatoriaux, groupes, dans les sucres, 363
 Équilibre, 55, **58–61**, 587
 Équilibre chimique, *voir* Équilibre
 Équilibre thermodynamique, 587–588
 Équilibre, constantes d', 45–47, 58–59, 58T
 Équilibre, ultracentrifugation en gradient de
 densité, 90, 91F, 155, 156, 159
 Équivalence, point d', 48
 ER (récepteur des œstrogènes), 1527
 ER, *voir* Énoyl-ACP réductase
 Érabutoxine, 781
 ERAD, processus, 427
 Erbitux (cetuximab), 1613
 Erbitux, 720
 ERE (élément de réponse aux œstrogènes),
 1527
 eRF1, 1392
 eRF3, 1392
 Ergocalciférol, 678
 Ergostérol, 393, 678
 ERK (kinases régulées par un signal extracel-
 lulaire), 713
 Ernst, O., 694
 EROS, *voir* Oxygène, espèces réactives
 ERp57, 886
 Erreur, ADN polymérase productrices d',
 1222
 Erreur, catastrophe due à l', 587
 Erreur, correction d',
 dans la réplication de l'ADN, 103–104
 dans la réplication de l'ARN, 1281, 1281F
 ERV (rétrovirus endogènes), 1501, 1501T
 ERV de classe I, 1501T
 ERV(K) de classe II, 1501T
 ERV(L) de classe III, 1501T
 Érythrocytes, 325
 Érythrocytes, 324–325
 et anémie falciforme, 185–188, 185F,
343–347
 régulation de la synthèse de l'hème,
 1055–1056
 Érythrocytes, fantômes, 411
 Érythrocytes, membranes des, **411–414**, 411F
 composition, 398T
 et groupes sanguins, **414–415**
 glycophorine A, 401F
 micrographie de cryodécapsulation, 410F
 Érythrocytes, transporteur du glucose des,
 746–748, 746F, 747F
 Érythromycine, 1395T, 1396F
 Érythromycine A, 968, 969F
 Érythropoïèse, 1508F
 Érythropoïétine (ÉPO), 119, 123, 717
 Érythrose-4-phosphate (E4P), 636, 896, 929
 Escheriche, T., 4
Escherichia coli, *voir* *E. coli*
 ESE, *voir* Enhancer exonique d'épissage
 ESI (ionization par électrovaporisation), 172
 ESI-MS, 173
 ESPS-synthase (5-énolpyruvylshikimate-
 3-phosphate synthase), 1075
 ESR (résonance de spin électronique), spec-
 troscopie, 911
 ESS (extincteur exonique d'épissage), 1306
 Essen, L.-O., 1215
 Essentielles, chaînes légères (ELC),
 1641–1644
 Essentiels, acides aminés, 1019, 1065T,
1072–1078
 Essentiels, acides gras, 971
 EST (étiquettes ou marqueurs de séquence
 exprimée), 1502
 EST (Marqueurs de séquence exprimée), 181
 β-Estradiol, 681, 1524
 Esters, vitesses de réaction et liberté de mou-
 vement, 515T
 État d'un système, 53, 56
 État, fonctions d', 53, 54
 ETF (flavoprotéine de transfert d'électrons),
 948
 Etf (protéine de liaison au fibrinogène extra-
 cellulaire), 1639
 ETF, ubiquinone oxydoréductase, 837, 948
 Éthanol, 783. *Voir aussi* Levure, alcool déshy-
 drogénase
 atomes prochiraux, 77F
 constante diélectrique et moment dipolaire,
 43T
 par fermentation, 616
 par la voie d'Entner–Doudoroff, 636, 637F
 solubilité des protéines dans l', 134
 Éthanolamine, 389T, 390, 1004
 Éthidium, ion, 157, 1161–1162, 1162F
 Éthyl-CoA, 874

- Éthylène glycol, 265
 Éthylènediaminététracétique, acide, (EDTA), 157
 Éthynitrosurée, 1340
 Étiquettes d'affinité marquées par un isotope, (ICAT), 577–578, 577F
 Étoposide, 1169, 1170
 Eubactéries, 6, 192
 Eucaryote, expression génique :
 ARN Polymérase, RNAP, ARNP, 96, 1276–1283
 comparaison bactéries vs. cellules eucaryotes, 118–119
 contrôle, 1511–1549
 différenciation cellulaire et croissance, 1549–1583
 durée de vie des ARNm, 101
 hybridation de colonies, 114
 initiation transcriptionnelle, 96
 modification posttranscriptionnelle, 97–98
 organisation génomique, 1496–1511
 structure des chromosomes, 1481–1496
 Eucaryotes, 3, **6–14**, 1481
 ADN, 86, 88, 94T
 analyses de génétique moléculaire sur unicellulaires, 1512
 architecture cellulaire, 8–12
 ARNm modification posttranscriptionnelle, 1302–1327
 cycle de l'acide citrique, 789
 domaines d'activation des facteurs de transcription, 1523–1524
 évolution, 13F, 34
 facteurs de transcription inductibles, 1524–1525
 flagelle et cil, 1673–1676
 initiation de la traduction, 1376–1379, 1377F
 introns, 1316
 localisation des voies métaboliques, 562
 maturation des ARNr, 1328–1329
 méthylation de l'ADN, 1248–1251
 motifs d'ADN de liaison aux facteurs de transcription, 1525
 nombre de chromosomes, 19T
 phylogénie et différenciation, 12–14
 pores nucléaires, 1327
 protéines sécrétaires, 421F
 protéines semblables à RecA, 1230
 réparation des mésappariements, 1220
 réparation par excision de nucléotide, 1217
 réplication de l'ADN, **1201–1213**
 ribosomes, 1369–1371
 séquençage du génome, 176
 synthèse polypeptidique, 1376–1379, 1388, 1392
 traduction, 1398–1402
 transporteurs de glucose, 751
 transposons, 1244–1246
 Eucaryotes, biologie moléculaire, 1481
 Euchromatine, 182, 1481, 1512, 1533
 Eukarya, 6, 7F
 Evans, M., 262
 Evans, R., 1104
Eve, gène (*even-skipped*; *Drosophila*), 1555F, 1555–1556, 1556F
Eve, protéine, 1557, 1557F
even-skipped gène (*eve*; *Drosophila*), 1555F, 1555–1556, 1556F
 Évolutive, arbre, 13F
 Évolution, **29**, 30F. *Voir aussi* Évolution chimique ; Mutations
 convergente et divergente, 252, 254, **317**, 531
 des structures protéiques, 316–318
 distance évolutive, 189
 du cycle de l'acide citrique, 814–815
 et divergence des règnes, 192
 et transposition, 1242
 Évolution biologique, 29, 30F
 Évolution chimique, 29, 30F, **31–33**, 185–194
 et anémie falciforme, 185–188
 et dérive neutre, 188–192
 et duplication de gènes, 192–194
 vitesses pour les protéines, 191F, 192
 Évolution divergente, 254, **317**
 Excinuéclase, 1217
 Excisionase, 1460
 Exciton, transfert d', 905
 Exclusion, limite d', dans la chromatographie de filtration sur gel, 138
 Exercice, besoin d'ATP pour l', 1092F
 Exergoniques, processus, 57
 Exo, conformation, 1153, 1153F
 Exocrine, glande, 675
 Exocytose, 8, 440F, 751–752
 Exoglycosidases, 366
 Exon, saut d', 1314
 Exons, 98, **1304–1305**, 1502, 1508
 cassette, 1318
 épissage, 1305–1308
 et modules protéiques, 1317
 Exons, complexe de jonction des, (EJC), 1326–1327
 3' → 5' Exonucléase, 103–104, 104F
 Pol I, 1177, 1180–1181
 et synthèse inverse d'ADN, 1200–1201, 1201F
 5' → 3' Exonucléase, 103, 103F dans la méthode par extension bloquée de chaîne, 177
 Exonucléase I, 1220
 Exonucléase VII, 1220
 Exopeptidases, 165–166, 168T
 Exosomes, 1327, 1327F
 Exothermiques, processus, 53
 Explosive, phase, dans le repliement des protéines, 286
 Expression coordonnée d'enzymes, 1264
 Expression génique, 25–26, 95–104, 95F et ARNi, 1325–1326
 eucaryote, *voir* Eucaryote, expression génique
 procaryote, *voir* Procaryote, expression génique
 réplication de l'ADN, 101–104
 traduction, 95, 98–101
 transcription, 95–98
 vue d'ensemble, 18–19, **95–101**
 Expression, plate-forme d', 1300–1301
 Expression, profil d', 213
 Expression, vecteur d', 117
 Expression, *voir* Expression génique
 Extéines, **1405**, 1406F, **1407**
 Extensives, grandeurs, 61
 Extinction molaire, coefficient d', 90
 Extrémité (–) de l'actine, 1646
 Extrémité (+) de l'actine, 1646
 Extrémité 3', des acides nucléiques, 84
 Extrémité pointue de l'actine, 1646
 Extrémités Cohésives, 105
 Extrémités franches, 106
 Extrinsèque, voie :
 apoptose, 1577F, **1577–1578**
 coagulation sanguine, **1603–1604**
 Extrinsèques, protéines membranaires, 400
Eyeless, gène (*ey*; *Drosophila*), 1560–1561, 1561F
 Eyring, H., 484
F
 F, boîte, 1412, 1413F
 F, boîte, famille de protéines à, 1412
 F⁻, cellule, 1262–1263
 F, facteur, 1262–1263
 F, pili, 1262
 F', facteur, 1263
 F⁺, cellule, 1262–1263
 F1,6P, *voir* Fructose-1,6-bisphosphate
 F1F0-ATPase (Complexe V, ATP synthase translocatrice de protons), 758, **852–859**, 865
 F1P, *voir* Fructose-1-phosphate
 F2,6P, *voir* Fructose-2,6-bisphosphate
 f³C (5-Fluorocytosine), résidu, 1248
 F6P, *voir* Fructose-6-phosphate
 FAAH, *voir* Acide gras amide hydrolase
 Fab, fragments, 1612, 1616F, 1616–1617, 1617F
 Fab New, fragment d'hémoglobine, 251F
 Fabry, maladie de, 1013T
 Facilitateurs majeurs, superfamille, (MFS), 751
 FACT, 1536–1537
 Facteur B, 1638
 Facteur D, 1638
 Facteur déclenchant, 293
 Facteur H, 1638
 Facteur I, 1638
 Facteur I, *voir* Fibrinogène
 Facteur II, *voir* Prothrombine
 Facteur III (TF ; facteur tissulaire), 1603–1604
 Facteur IX, 1317
 Facteur nécrasant de tumeur, 1613
 Facteur nucléaire κB (NF-κB), 1414
 Facteur P (properdine), 1638
 Facteur VII (proconvertine), 1603, 1604
 Facteur VIII_a (facteur antihémophilique), 1604
 Facteur X, 1317
 Facteur X_a (facteur Stuart), 1599, 1601, 1604
 Facteur XII_a (facteur Hageman), 1603, 1604, 1606
 Facteur XIII_a (facteur stabilisateur de fibrine), 1597–1598, 1598F
 Facteurs de croissance protéiques, 671
 Facteurs de libération (relargage), 682, 1375T. *Voir aussi* RF-1; RF-2; RF-3
 FAD (flavine adénine dinucléotide), 82, 790F
 biosynthèse, 1138
 dans le catabolisme, 561F
 dans le cycle de l'acide citrique, 791, 794, 795T
 réactions du, 565, 566F
 FAD pyrophosphorylase, 1138
 FADD (protéine à domaine de mort s'associant à Fas), 1577F, 1578
 FADH • (flavine adénine dinucléotide, forme radicalaire), 565F
 FADH₂ (flavine adénine dinucléotide, forme totalement réduite), 565F
 dans la chaîne de transport des électrons, 823, 824F, 828, 829

- dans le catabolisme, 561F
 dans le cycle de l'acide citrique, 789, 790F, 791, 819
 Faible-barrière énergétique, liaisons hydrogène à, (LBHB), 536
 FAICAR (5-formaminoimidazole-4-carboxamide ribotide), 1109F, 1111
 Faim, 1098, 1099
 Falciforme, anémie, 185–188, **343–347**, 1510
 thérapie génique, 123
 transfert de Southern blot pour diagnostic prénatal, 112–113
 Falciforme, caractère, 187–188
 Falciforme, hémoglobine, 81. *Voir aussi*
 Hémoglobine S
 14-3-3 σ , 1569
 14-3-3, famille, 1569
 Famine, 871, 973, 1101
 Faraday (unité), 53T, 584
 Farber, lipogranulomatose de, 1013T
 Farnésyl pyrophosphate (FPP), 978, 979F
 Farnésyl pyrophosphate synthase, 978
 Farnésyle, groupe, 406, 838
 Fas, ligand de, (FasL), 1577F, 1577–1578, 1609
 Fas, protéine à domaine de mort s'associant à, (FADD), 1577F, 1578
 FAS, *voir* Acide gras synthase
 Fasman, G., 302, 303
 Faux sens, supprimeurs de, 1362
 Favisme, 897
 FBLD (découverte de ligands à partir de fragments), 541–542
 FBP, *voir* Fructose-1,6-bisphosphate
 FBPase, *voir* Fructose-1,6-bisphosphatase
 FBPase-2 (fructose bisphosphatase-2), 663
 Fc, fragment, des anticorps, 1612
 Fc, récepteurs de, 1612
 FC0, mutation, (phage T4), 1340
 FC1, mutation, (phage T4), 1340
 FC2, mutation, (phage T4), 1340
 FC3, mutation, (phage T4), 1340
 FC4, mutation, (phage T4), 1340
 FC5, mutation, (phage T4), 1340
 FCCP (carbonylcyanure-*p*-trifluorométhoxyphénylhydrazone), 860
 Fd, *voir* Ferrédoxine
 FDP (fructose-1,6-diphosphate), 600
 FdUMP (5-fluorodésoxyuridylylate), 1127–1129
 Fécondé, œuf, 1496, 1549
 Feher, G., 910
 Feigon, J., 1212, 1534
 Felsenfeld, G., 1535
 Femelle de mammifère, cellules de, 1512, 1512F
 Féminisation testiculaire, 681
 FeMo-cofacteur, 1081–1082
 Fen (fenfluramine), 543
 FEN-1 (flap endonucléase-1), 1207
 Fenfluramine (fen), 543
 Fenn, J., 172
 Fen-phen, 543
 Fe-porphyrine, complexe clôturé, 328, 328F
 Fer, dans la biosynthèse de l'hème, 1056
 Fermentation, 6, 469–470, 593–594
 alcoolique, 593–594, **616–619**
 énergétique, 619
 homolactique, 593, **614–616**
 Fermés, systèmes, 52
 Ferns, 13F
 Fer-protoporphyrine IX, 316, 316F, 324, 838, 904F. *Voir aussi* Hème b
 Ferrédoxine (Fd), 835, 835F, 934F
 Ferrédoxine-NADP⁺ réductase (FNR), 924, 924F
 Ferrédoxine-thiorédoxine réductase (FTR), 933–934, 934F
 Ferritine, 140F, **381**
 Ferrochélatase, 1055
 Fer-soufre, centres, 808F, 809, 834–835
 Fer-soufre, protéine à, (ISP), 840
 Fe-S, centre, *voir* Fer-soufre, centres
 Fesik, S., 707, 1582
 Fétuline, 140F
 Feuille de trèfle, structure en, 1329–1330, 1329F, 1346F
 Feuilles des arbres phylogénétiques, 203, 203F
 Feuillet doublement enroulés, 254, 255F
 Feuillet plissé β parallèles, 224F, 229–230
 Feuillet β ouverts, 251, 254–256
 Feuillet- β , épine de, (IAP), 310–311
 Ffh, polypeptide, 422
 FFI (insomnie fatale familiale), 314
 FGAM synthétase (PurL), 1109F, 1110
 FGAM, *voir* Formylglycinamide ribotide
 FGAR, *voir* Formylglycinamide ribotide
 FGF, *voir* Fibroblastique, facteur de croissance,
 FH, *voir* Hypercholestérolémie familiale
 FI, gène, 1451T
 Fibres musculaires à contraction lente, 619
 Fibres musculaires à vitesse de contraction rapide, 619
 Fibreuses, protéines, 226, **232–240**. *Voir aussi*
 Collagène ; Kératine
 collagène, **235–240**
 kératine, **233–235**, 234F
 Fibrillarine, 1329
 Fibrilles, 238–240
 Fibrine, 191, 310
 agrégation, 1596–1597
 et lyse du caillot, 1606
 protofibrille, 1596F
 réticulation, 1597–1598
 Fibrine, facteur stabilisant la, (FSF), 1597–1598
 Fibrinogène (facteur I), **1595–1598**
 concentration, 1604
 distribution de charge, 1597F
 humain, 1595F
 réticulation, 1598F
 structure, 1595–1597, 1596F
 Fibrinogène extracellulaire, protéine de liaison au, (Etf), 1639
 Fibrinogène, 191
 constantes physiques (humaines), 153T
 dans les maladies amyloïdes, 310
 masse moléculaire, 140F
 point isoélectrique (humain), 134T
 rapport de friction, 155
 solubilité, 133F, 134
 Fibrinogène, amyloïdose du, 310
 [Glu¹]Fibrinopeptide B, 175F
 Fibrinolyse, 1606
 Fibrinopeptides, 190, 191F, 1595
 Fibroblastes, 9F, 454F, 1211–1212
 Fibroblastique, facteur de croissance, (FGF), 375, 700
 Fibroblastique, interféron, 1399
 Fibromoduline, 373T
 Fibronectine, 684, 1648
 Fick, première loi de diffusion de, 745
 Fields, S., 705
 Fiers, W., 176
 FII, gène, 1451T
 Filaments épais, 1640, 1641F, 1643F
 dans la contraction musculaire, **1648–1649**
 et myosines, **1641–1643**
 Filaments fins, 1640, 1641F
 actine, tropomyosine et troponine, **1644–1646**
 dans la contraction musculaire, **1648–1649**
 et myosine S1, 1645F
 Filaments intermédiaires, 10–11
 Fillingame, R., 853
 Filmer, D., 352
 Fingerprinting (empreinte à la DNase), 147, 174
 Finition manuelle du séquençage, 181
 Fink, G., 1245
 Finzel, B., 1151
 Fire, A., 1323
 FirstGlance, 256T, 257
 Fis, protéine, 1460
 Fischer, A., 123
 Fischer, convention de, **75–76**
 Fischer, E., 70, 75, 352, 360, 470, 651, 722
 Fischer, projections de, 75, 75F
 FISH (hybridation *in situ* en fluorescence), 1495F, 1495–1496
 FISH tridimensionnelle, 1495, 1495F
 Fitzgerald, P., 549
 FK506, 292–293
 FK506, protéine de liaison à, (FKBP12), 292, 293, 724–725
 FKBP12, protéine, associée à la rapamycine, (FRAP), 737F
 Flagellaire, crochet, 1676
 Flagellaire, filament, 1676–1678
 Flagelle eucaryote, 1673–1676
 Flagelle, 4, 4F, 10
 bactérien, 1676–1679
 eucaryote, et cil, 1673–1676
 Flagellés, 7F
 Flagelline, 10, 1243, 1388, 1676, 1677
 Flap endonucléase-1 (FEN-1), 1207
 FLAP, *voir* 5-lipoxygénase, protéine activatrice de,
 Flavine adénine dinucléotide, forme radicalaire (FADH), 565F
 Flavine adénine dinucléotide, forme totalement réduite, *voir* FADH2
 Flavine adénine dinucléotide, *voir* FAD
 Flavine mononucléotide, forme radicalaire, *voir* FMNH
 Flavine mononucléotide, forme réduite, *voir* FMNH2
 Flavine mononucléotide, *voir* FMN
 Flavine, 566
 Flaviniques, coenzymes, 473T, **1138**
 Flavobactéries, 7F
 Flavodoxine, 135F
 Flavokinase, 1139F
 Flavoprotéine déshydrogénase, 828, 828F
 Flavoprotéine, 801
 Flavr Savr, tomate, 1403
 Flèche courbe, convention, 564
 Fleming, A, 376
 Fletterick, R., 433, 530, 640, 1646, 1660
 FlgE (protéine d'attache), 1676
 FliC, 1676
 FLICE (FADD-like ICE), 1578
 FliD, 1676

- FliF, 1679
 FliG, 1679
 Flip-flop, 396, 419–420
 Flippases, 420
fljA, gène, 1243
fljB, gène, 1243
fljC, gène, 1243, modèle des membranes en mosaïque fluide, **408–411**
 9-Fluorénylméthoxycarbonyl (Fmoc) groupe, 207
 Fluorescamine, 149
 Fluorescence, 286, 904–905
 Fluorescence, hybridation *in situ* en, (FISH), 1495F, 1495–1496
 Fluoroacétyl-CoA, 809
 Fluorochlorobromométhane, énantiomères du, 74F
 (2*R*,3*R*)-2-Fluorocitrate, 809
 Fluorocitrate, 809
 5-Fluorocytosine (F⁵C), résidu, 1248
 5-Fluorodésoxyuridine, 1129
 5-Fluorodésoxyuridylylate (FdUMP), 1127–1129
 Fluorophore, 396
 Fluorophores, 1495
 5-Fluorouracile, 1129
 Flurbiprofène, 998
 Flux, 589, 593, 619, 745
 Flux, coefficient de contrôle de, 620–622
 Flux interrompu (stopped flow), appareil de, 284, 284F
 Flux métabolique et contrôle génétique, 624
 FMDV (virus de la maladie du pied et de la bouche), **1442**
fMet, voir *N*-Formylméthionine
fMet-ARN_t^{fMet}, **1373–1374**, 1376
 FMN (flavine mononucléotide), 686, 834, 836F, 1138
 FMNH • (flavine mononucléotide, forme radicalaire), 836F
 FMNH₂ (flavine mononucléotide, forme réduite), 836F
 Fmoc (9-fluorénylméthoxycarbonyl), groupe, 207
 FMR, protéine (FMRP), 1251
FMRI, gène, 1251, 1252
 FNR, voir Ferrédoxine-NADP⁺ réductase
 Fodor, S., 212
 Foie
 cycle de l'acide citrique, 816, 817
 demi-vie des enzymes hépatiques, 1408T
 et autres organes, 1091F, 1093–1094
 et biosynthèse du cholestérol, 987
 gluconogénèse, 597
 gluconéogénèse, 871
 protéine kinase AMP-dépendante, 1096, 1097F
 régulation de la synthèse de l'hème, 1055–1056
 réponse au stress, 665F
 ribosomes cytoplasmiques de foie de rat, 1370T
 stockage du glycogène, 638–639, 667–668
 utilisation du fructose, 630–631
 Foie, gènes non transcrits par les cellules de cerveau ou de rein, 1514
 Folate, **1062**
 Foldons, 289, 289F
 Folique, acide, 474T, 1062
 Folliculo-stimulante, hormone, (FSH), 673T, 683
 Fomivirsén (Vitravène), 1403
 Fonctionnels, domaines, 1534
 Fonctionnels, groupes
 dans le système Cahn–Ingold–Prelog, 76
 liaison hydrogène, 43F
 valeurs de p*K*, 72
 Fontecilla-Camps, J., 941
 Footprinting, empreinte à la DNase 1267
 Formaldéhyde dans l'immunoprécipitation de chromatine, 1538
 Formaldéhyde, 505
 Formamide, 43T
 5-Formaminoimidazole-4-carboxamide ribotide, voir FAICAR
 Formate déshydrogénases, 1361
 Formique, acide, 32T
*N*⁵-Formimino-tétrahydrofolate, 1034, 1062
 Formylglycinamide ribotide (FGAR), 1109F, 1110
 Formylglycinamide ribotide (FGAM), 1109F, 1110
 Formylméthionyl-ARN_t, 1063
*N*¹⁰-Formyl-tétrahydrofolate, 1062
 Forskoline, 698
 Förster, distance de, 286
 Förster, T., 286
 Fos, 1514
 Fos, 713, 737F
 Fosamax, 679F
 Fossiles, traces, 29, 192
 Foster, S., 376
 Fourche, fragment d'ADN à la jonction du promoteur, 1268
 Fourches multiples, chromosomes à, 1195, 1195F
 Fowler, solution de, 799
 FPP, voir Farnésyl pyrophosphate
 Fractionnement, 132, **156–159**
 Franceschii, F., 1376
 Frank, H., 262
 Frank, J., 422, 1365, 1371, 1388
 Franklin, B., 393–394
 Franklin, R., 88
 FRAP (protéine FKBP12 associée à la rapamycine), 737F
 FRAP (restauration de fluorescence après photoblanchiment), 396–397, 396F
 FRET (fluorescence par transfert d'énergie de résonance), 284, 286, 286F, 299, 300
 FRET, voir Transfert d'énergie de fluorescence par résonance
 Frey, P., 536
 Friction, coefficient de, 146, 155
 Friction, rapport de, 155
 Fridovich, I., 865
 Froid, protéines dénaturées par le, 284
 Froid, protéines instables au, 130
 Fructofuranose, 361
 β-D-Fructofuranose, 362F
 β-Fructofuranosidase, 488
 Fructokinase, 630
 Fructose bisphosphatase-2 (FBPase-2), 663
 Fructose, 361, 361F, 362F, 630–631, 631F
 Fructose, intolérance au, 630
 Fructose-1,6-bisphosphatase (FBPase), 582, 630, 877, 933F
 et cycles métaboliques, 1088–1089
 et glycolyse, 593, 594F, 629
 Fructose-1,6-bisphosphate (FBP; F1,6P), 479, 596F, 600
 Fructose-1,6-diphosphate (FDP), 600
 Fructose-1-phosphate aldolase, 630
 Fructose-1-phosphate, 630
- Fructose-2,6-bisphosphate (F2,6P), 627, 663–664
 Fructose-6-phosphate (F6P), 582, 582F
 dans la glycolyse, 596F, 598–600
 et érythrose-4-phosphate, 636
 Frydman, J., 301
 FSF (facteur stabilisateur de la fibrine), 1597–1598
 FSH, voir Folliculo-stimulante, hormone
 FTR, voir Ferrédoxine thiorédoxine réductase
 FtsY, 423
Ftz, mutant (*fushi tarazu*; *Drosophila*), 1553F, 1554, 1555F, 1556, 1558, 1559F
Ftz, protéine, 1557, 1557F
 L-Fucose, 365
 Fuller, B., 1438
 Fumarase, 481, 567, 947
 constantes cinétiques de Michaelis–Menten, 489T
 dans le cycle de l'acide citrique, 790F, 791, **812–813**, 812F
 limité par la diffusion, 490
 masse moléculaire, 140F
 Fumarate, 493, 947
 dans le cycle de l'acide citrique, 790F, 791, **811**
 dégradation de la phénylalanine et de la tyrosine en, 1043–1047
 hydratation, 481
 Fumarate hydratase, 812–813
 Fungi, 7F, 12, 13F
 divergence des, 192
 FAS-I, 967–968, 967F
 Furane, 361
 Furanoses, 361
 Furey, W., 616
 Furfuryluramide, 1225
fushi tarazu, mutant (*ftz*; *Drosophila*), 1553F, 1554, 1555F, 1556, 1558, 1559F
 Fusidique, acide, 1395T, 1396F
 Fusion, courbe de
 de l'ADN, 93, 93F
 des protéines, 265F
 Fusion, peptide de, 1475
 Fusion, pore de, 442, 443F
 Fusion, protéines de, 118, 431
 Fusion, température de, (T_m):
 de l'ADN, 93, 93F
 des protéines, 265
 Futai, M., 857
 Futiles, cycles, 629
 Fv, fragments, 1612
 Fyn, 708, 715, 1622
 FYVE, domaines, 734, 735F
- G**
G, gène, 1451T, 1459
G, quartettes de, 1212–1213, 1212F
G, segment, de l'ADN, 1169
G, voir Énergie libre
*G*₀, phase, **1163**, 1206
*G*₁, phase
 et pRB, 1572–1573
 régulation, 1563, 1564
*G*₁, phase, **1202**, 1205, 1206F
*G*₁, 6P (glucose-1,6-bisphosphate), 642
*G*₁P, voir Glucose-1-phosphate
*G*₂, phase
 et p53, 1569–1570
 points de contrôle, 1568F, 1568–1569
 régulation, 1563, 1564

- G₂ phase, **1202**, 1206
 G6P translocase, 661
 G6P, voir Glucose-6-phosphate
 G6Pase, voir Glucose-6-phosphatase
 G6PD, voir Glucose-6-phosphate déshydrogénase
 G_{A2}, ganglioside, 1011
 Gab-1 (liant-1 associé à Grb2), 738
 GABA, voir γ -Aminobutyrique, acide gag, 1245
 Gag, polyprotéine, 546
 Gag-pol, polyprotéine, 546
 Gal, voir Galactose
 GAL4, 1527–1529, 1528F
 Galactitol, 633
 Galactanes, 366
 Galactocérebroside-3-sulfate, 1010
 Galactocérebroside, 391, 1009–1010
 Galactokinase, 631
 D-Galactosamine, 365
 D-Galactose, 110, 360F, 361, 392F
 Galactose (Gal) :
 dans la glycolyse, 630–633, 632F
 et glucose dans *E. coli*, 1286
 Galactose-1-phosphate uridylyltransférase, 631
 Galactosémie, 632–633
 β -Galactosidase, 107F, 110, 366, 367, 1464
 dans l'induction enzymatique, 1261–1262
 masse moléculaire, 140F
 séquençage, 165
 Galactoside perméase, 769. Voir aussi Lactose perméase
 1- β -Galactosylcéramide, 1010
 Galactosyl diacylglycérol, 902
 Galactosyltransférase, 882
 D-Galacturonique, acide, 364
 Gall, J., 1494
 Gallo, R., 545
Gallus gallus (poulet), séquençage du génome, 177T
 GalNAc transférase, 890
 Gamblin, M., 1573
 Gamblin, S., 1544
 Gamètes, 20
 Gamétogenèse des amphibiens, 1549F
 γ , Complexe, Pol III, 1182
 γ , gène, 1451T
 γ -LPH, 1548F, 1549
 γ Protéine, 1454
 γ -tubuline, 1666–1667
 Gamma globuline, 1685
 Gamma, rayon, 572
 $\gamma\delta$ Résolvase, 1239–1241, 1241F
 $\gamma\delta$ Transposon, 1239–1241, 1241F
 Gangliosides, 392, 392F, 1008
 biosynthèse, 1010–1011, 1011F
 Gap (lacune), pénalités de, 201
GAP, 705–711
 Gap, gènes, 1554–1555
 GAP, voir Glycéraldéhyde-3-phosphate; GTPase-activatrice, protéine
 GAPDH, voir Glycéraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase
 GAR (glycinamide ribotide), 1109F
 GAR synthétase (PurD), 1109F, 1110
 GAR transformylase (PurN), 1109F, 1110
 Garavito, M., 997
 Garrod, A., 25–26
 Gassman, P., 536
 Gastrine, 673T, 675
 Gastrique, muqueuse, 764–765
 Gastrique, peptide inhibiteur, (GIP), 673T, 675
 Gastroentérite, 1444
 Gastrointestinales, hormones, **675–676**
 Gastroœsophagien, maladie de reflux, (GERD), 764
 Gastrula, 1250, 1549, 1549F
 Gastrulation, 1549, 1552
 GatA, sous-unité de Glu-Adt, 1358
 GATA-1, 1511, 1522–1523
 GatB, sous-unité de Glu-Adt, 1358
 GatC, sous-unité de Glu-Adt, 1358
 Gaucher, maladie de, 1013T
 Gay-Lussac, J., 469
 Gaz parfaits, constante des, 53T
 GC (guanylate cyclase), 687
 GC, boîte, 1282
 GC, boîtes, promoteurs et, 1522F
 GCN2, 1400–1401
 GCN4, 1400–1401, 1529F, 1529–1530, 1530F
 Gcn5, 1540–1542, 1541F
 Gcn5L, 1540
 GCPR kinases (GRK), 697
 G-CSF (facteur stimulant des colonies de granulocytes), 717
 G_{D3}, ganglioside, 1011
 GDH, voir Glutamate déshydrogénase
 GDI, voir GDP, inhibiteur de la dissociation du ; Guanine, inhibiteur de la dissociation des nucléotides de la,
 GDP (guanosine diphosphate) :
 dans la formation de vésicules, 434–435, 437
 dans la voie sécrétoire, 420, 423–424
 dans le cycle de l'acide citrique, 790F, 791
 et EF-Tu, 1380–1381, 1381F
 inhibiteur de la dissociation du GDP (GDI), 441
 GEF, voir Guanine, facteurs d'échange des nucléotides de la,
 Gehring, W., 1556, 1558, 1560
 Geiger, compteur, 572
 Gel espaceur ou de concentration, 148
 Gélatine, 236
 Gelsoline, 1660
 Geminine, 1206–1207
 GenBank, 195T
 Gène A, protéine du, 1191, 1193
 Gène, amplification, **1506–1507**, 1514
 Gène, conversion de, 1506, 1506F
 Gène, groupes en tandem, **1504–1506**
 Gènes, **21–22**. Voir aussi Chromosomes ; ADN
 altérations sources de malignité, 1514–1563
 auto-épissage, 1306–1308
 distribution chez les eucaryotes, **1502–1504**
 duplication, **193–194**, 317–318
 et développement de *Drosophila*, **1552–1558**
 et conjugaison bactérienne, 1262–1264
 et hypothèse tétranucléotidique, 85
 expériences sur la drosophile, 22–25
 liés au sexe, 24
 manipulation, **109–111**
 rapporteur, 120–121, 120F
 règle : un gène une enzyme, 26
 séquences des gènes du développement, 1558
 synthèse chimique, 118
 transmis par des liposomes, 396
 Gènes d'entretien, 1282
 Gènes liés, 24
 Gènes, familles groupées de, **1507–1510**
 Gènes, superfamilles de, 1624F, 1627
 Génétique inverse, 185
 Génétique, **19–28**. Voir aussi les sujets spécifiques
 bactérienne, 26
 chromosomes, **19–20**
 hérédité mendélienne, **20–22**
 théorie chromosomique de l'hérédité, 22–26
 virale, 26–28
 Génétique, génie, 104. Voir aussi Clonage Moléculaire ; ADN recombinant, technologie de l',
 Génétique, information, 18–19. Voir aussi Gènes
 Génétique, recombinaison, 1225
 Génétiques, croisements, 20, 21F
 Génétiques, maladies, 26, 112–113, 122–123.
 Voir aussi les différentes maladies
 Génétiques, mutations, voir Mutations
 Genitalia, embryon de *Drosophila*, 1552F
 Génome, 8–9, 94, 1173. Voir aussi Humain, génome
 Génome, organisation chez les eucaryotes, **1491–1511**
 Génome, reséquençage, 184
 Génome, taille et paradoxe de la valeur C, 1496F, 1497T
 Génome humain, **1502–1504**
 distribution des gènes structuraux, 1503, 1503F
 sites de liaison de CTCF, 1539
 STR, 1500
 variants de facteurs transcriptionnels, 1521
 GenomeNet, 195T
 Genomes OnLine Database (GOLD), 195T
 Génomique structurale, projets de, 258–259
 Génomique, 1504
 Génomique, empreinte, 1251
 Génomique, organisation :
 eucaryote, **1491–1511**
 paradoxe de la valeur C, **1496–1498**
 séquences répétitives, **1498–1502**
 Génomiques, banques, **113–114**
 Génotypes, 21–22, 22F
 Gentisique, acide, 173
 Géodésiques dômes, 1437–1438, 1438F
 Géométrique, complémentarité des paires de bases Watson-Crick, 1154–1155
 Géométrique, spécificité, des enzymes, **472–473**
 George III, roi d'Angleterre, 1056
 Géranyl pyrophosphate, 978–979
 Géranylgéranol, 903
 Géranylgéranyle, groupes, 406
 GERD (maladie de reflux gastroœsophagien), 764
 Gerhart, J., 475
 Gerlt, J., 536
 Germinale, hypothèse de la lignée, 1617
 Germinales, cellules, 19, 20, 21F, 1549F, 1552
 Germinatif, théorie du plasma, 19
 Gerstmann-Sträussler-Schneiker (GSS), syndrome de, 314
 GFP (protéine verte fluorescente), 120–121, 120F, 121F
 GGA, 436
 GH, voir Hormone de croissance,
 GH5, 1487F, 1487–1488
 Ghosh, G., 1531, 1532
 Ghreline, 1099

- Giant*, gène, *Drosophila*, 1554, 1555F, 1556
Giardia intestinalis, 1324, 1324F
 Gibbs, énergie libre de, **57–60**, 58T. *Voir aussi*
 Énergie libre
 Gibbs, J.W., 57
 Gierasch, L., 294
 Gigantisme, 685
 Gilbert, W., 1284
 Gilman, A., 690
 GIP (inositol phosphatase contenant du GAP), 735
 GIP (pore d'importation générale), 446
 GIP, *voir* Gastrique, peptide inhibiteur
 Girvin, M., 853
 GK, *voir* Glucokinase
 GKRP (protéine régulatrice de la glucokinase), 662
 Gla (γ -carboxyglutamate), **1599–1601**, 1600F
 Gla, domaine, 1599, 1600F
 GLA, *voir* γ -Linoléique, acide
 GLC (chromatographie gaz-liquide), 366
 GlcNAc, *voir* NAG
 Gleevec, 719–720
 Gln, *voir* Glutamine
 Gln-ARNt^{Gln}, 1358–1359, 1359F
 GlnRS, 1352–1354, 1353F, 1355F
 Globines, 193–194, 193F, 324
 Globines, famille des, :
 groupe des gènes, 1508, 1508F
 régions de contrôle du locus, 1537, 1537F
 α -Globines, groupe des gènes, 1508, 1522, 1537, 1537F, 1538
 Globines, pli des, 251
 Globosides, 1008, 1010–1011, 1011F
 Globule fondu, 287
 γ -Globulines, 134T, 140F
 Glu, *voir* Glutamique, acide
 Glu-AdT, *voir* Glu-ARNt^{Gln} amidotransférase
 Glu-ARNt^{Gln} amidotransférase (Glu-AdT), 1358, 1359F
 Glu-ARNt^{Gln}, 1358
 Glu-ARNt^{Glu}, 1358
 Glucagon, 140F, 660, 673T, 973
 Glucanes, 366
 Glucides, **359**. *Voir aussi* Glycoprotéines ; Monosaccharides ; Oligosaccharides ; Photosynthèse ; Polysaccharides analyse, **366–367**
 convention de Fischer, 360–361
 dans le collagène, 238
 glycoprotéine, 380–381
 groupes fonctionnels, 43
 issus de la photosynthèse, 5
 récupération d'énergie à partir de, 789
 régimes pauvres en glucides, 1106
 Glucides, analyse par méthylation, 366
 Glucides, puces de, 383
 Glucidique, métabolisme, 561F
 Glucidiques, marqueurs de reconnaissance, 439
 Glucocérebrosides, 391, 1010
 Glucocorticoïdes, 673T, 680, 991, 1090, 1524, 1525
 Glucocorticoïdes, élément de réponse aux hormones, (GRE), 879
 Glucocorticoïdes, éléments de réponse (GRE), 1524
 Glucocorticoïdes, récepteur des, 879
 Glucogénèse, 359
 Glucogéniques, acides aminés, 1029–1030, 1090, 1095
 Glucokinase (GK), 597, 662–664
 Glucokinase, protéine régulatrice de la, (GKRP), 662
 Gluconéogenèse, 562, 571, **871–880**
 et autres voies, 1088–1089
 et cycle de l'acide citrique, 818
 et cycle des Cori, **880**
 et famine, 1101
 et glycolyse, 595, 878F
 et protéine kinase AMP-dépendante, 1096
 régulation, **878–879**
 stimulation par la FBPase-1, 664
 voie de la gluconéogenèse, **872–878**
 Gluconique, acide, 364
 1,5-Gluconolactone, 642
 D-Glucono-lactone, 364F
 D-Glucuronique acide, 364
 D-Glucurono- δ -lactone, 364F
 Glucopyranose, 361
 α -D-Glucopyranose, 362F
 β -D-Glucopyranose, 362F, 363F
 D-Glucosamine, 365
 D-Glucose, 359–362, 362F, 392F
 Glucose, 565F. *Voir aussi* Glycémie ; Électrons, chaîne de transport, coefficients de perméabilité membranaire, 747T
 dans la voie d'Entner–Doudoroff, 636, 637F
 et diabète non insulino-dépendant, 1103F
 et *E. coli*, 1285–1286, 1286F
 mutarotation, 507–508
 oxydation complète, 823
 transport sanguin, 973
 Glucose, métabolisme du, 567
 Glucose, transport, :
 actif ATP-dépendant, **758–768**
 actif ion-dépendant, **768–771**
 dans le muscle et le tissu adipeux, 751F
 dans les érythrocytes, 746–748, 746F, 747F
 et diffusion facilitée, **750–752**, 750F, 751F
 et maltoporine, **749–750**
 Glucose-1,6-bisphosphate (G1,6P), 642
 Glucose-1-phosphate (G1P), 370, 631, 639, 932
 Glucose-6-phosphatase (G6Pase), 661, 666, 1088–1089
 Glucose-6-phosphatase, 877
 Glucose-6-phosphate (G6P), 565F, 638–639
 comme composé riche en énergie, 580
 dans la voie d'Entner–Doudoroff, 637F
 dans la glycolyse, 596F, 597–598
 et métabolisme, 1089, 1094
 Glucose-6-phosphate déshydrogénase (G6PD), 894, 894F, 897–898
 Glucose-6-phosphate isomérase, 598
 α -D-Glucose, 363F, 507
 β -D-Glucose, 507
 Glucose-acide gras, cycle, 864
 Glucose-alanine, cycle, 878, 1022–1023
 Glucose-dépendant, polypeptide insulino-trope, 675
 α -Glucosidase, 370
 α -1,4-Glucosidase, déficience en, 666
 Glucosidase II, 886
 β -glucosidases conservatrices, 524
 1- β -Glucosylcéramide, 1009–1010
 GluProRS, 1351
 GLUT1, 751
 GLUT12, 751
 GLUT2, 662, 751
 GLUT3, 751
 GLUT4, 661, 737F, 751
 GLUT4, vésicules de stockage de, 751
 GLUT5, 751
 Glutamate, 71. *Voir aussi* Glutamique, acide biosynthèse, 1065–1071
 comme acide aminé non essentiel, 1065T
 dégradation, 1034
 et fixation d'azote, 1080
 Glutamate déshydrogénase (GDH), 153T, 818, 1020, **1023–1033**, 1024F
 Glutamate déshydrogénase, 266
 Glutamate synthase, 934, 1065–1067
 Glutamate, pré-ARNm du récepteur du, 1322
 Glutamate-5-phosphate, 1070F, 1071
 Glutamate-5-semialdéhyde, 1034, 1070F, 1071
 Glutamate–aspartate aminotransférase, 1022
 Glutamate–aspartate, transporteur de, 827–828
 Glutaminase, 1023, **1025–1027**, 1034
 Glutamine
 biosynthèse, 1067–1073
 chaîne latérale, 71, 208F, 264T
 codons, 100T, 1343T
 comme acide aminé non essentiel, 1065T
 dans les protéines globulaires, 246–247
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dégradation, 1034
 demi-vie, 1413T
 et suppresseur de codon non sens d'*E. coli*, 1362T
 groupe amino, 208F
 structure et propriétés générales, 69T, 71F
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
 Glutamine amidotransférase, 1025–1027, 1066–1067, 1078
 Glutamine PRPP aminotransférase (PurF), 1108, 1111
 Glutamine synthétase, 269F, 591, 1023, 1029, 1068–1071
 Glutamique, acide, *voir aussi* Glutamate chaîne latérale, 71, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les expériences de Miller–Urey, 32T
 dans les protéines globulaires, 246
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dans les protéines PEST, 1413
 dégradation, 1034
 demi-vie, 1413T
 point isoélectrique, 72
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
 γ -Glutamyl cyclotransférase, 1061
 γ -Glutamyl kinase, 1070F, 1071
 γ -Glutamyl transférase, 1001
 γ -Glutamyl transpeptidase, 1061
 γ -Glutamylcystéine synthétase, 1061
 γ -Glutamylphosphate, 1068
 γ -Glutamyle, cycle du, 1061, 1061F
 Glutamyle, groupe, 73T
 Glutaraldéhyde, 270, 270F
 Glutarédoxine, 1124
 Glutathion, 142
 Glutathion (GSH), 544–545, 544F, 803, **1060–1062**
 Glutathion peroxydase, 866, 897, 1003, 1060F
 Glutathion réductase (GR), 801, 803, 1060F
 Glutathion, disulfure de, (GSSG), 803
 Glutathion-S-transférase, *voir* GST
 Glx, 68T, 73. *Voir aussi* Glutamique, acide ; Glutamine
 Gly, *voir* Glycine
 Glycanes, 365–366
 Glycémie, 1103F, 638, **661–664**, 1094

- D-Glyceraldéhyde, 75, 75F, 360F, 361
 Glyceraldéhyde kinase, 630
 Glyceraldéhyde, 75, 75F
 (S)-Glyceraldéhyde, 76, 77F
 Glyceraldéhyde-3-phosphate, 636
 dans la glycolyse, 595, 596F, 600–603
 dans la voie d'Entner–Doudoroff, 637F
 diagramme topologique, 254F
 issu du cycle de Calvin, 927–929, 931
 Glyceraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase (GAPDH) :
 dans la glycolyse, 596F, **607–608**, 607F, 608F
 demi-vie, 1408T
 domaines, 248, 249F
 et membrane érythrocytaire, 412
 masse moléculaire, 140F
 Glycérate, 935
 Glycéroglycolipides, 1004
 Glycérol, **364**, 388, 389T
 Glycérol kinase, 630, 766, 944
 Glycérol-3-phosphate acyltransférase, 971
 Glycérol-3-phosphate déshydrogénase, 828, 828F, 944
 Glycérol-3-phosphate, 580, 828, 828F
 Glycérolipides, 1004F
 Glycéronéogenèse, 971, 973, 1093
 Glycérophosphate, navette du, 828, 828F
 Glycérophospholipides, **389–390**, 389F, 394–395, **1004–1008**
 N⁶-β-Glycéryl lysine, 601
 Glycidol phosphate, 604
 Glycinamide ribotide (GAR), 1109F
 Glycine
 activité optique, 74
 biosynthèse, 1071–1072
 codons, 100T, 1343T
 comme acide aminé non essentiel, 1065T
 comme messenger chimique, 79–80
 conjugués, 993, 993F
 courbe de titration, 72, 72F
 dans la biosynthèse de l'hème, 1048
 dans les expériences de Miller–Urey, 32T
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dégradation, 1030–1034
 demi-vie, 1413T
 effets électrostatiques, 72
 encombrement stérique, 224–225, 224F, 225F
 point isoélectrique, 72
 structure et propriétés générales, 68T
 tendance pour hélice α/feuillet β, 302T, 304
 Glycine, système de clivage, 1031–1033
 Glycine, système de clivage, 1031–1033
 Glycine décarboxylase, système multienzymatique, 1031–1033
 Glycine synthase, 1031–1033
 Glycocalyx, 381, 414, 414F
 Glycoconjugués, 359
 Glycoformes, 380
 Glycogène phosphorylase, 370, **639–641**
 cascade bicyclique, **651–660**
 contrôle allostérique, 479, **647–650**
 déficience, 667
 modification covalente, 1405
 Glycogène synthase, **644**, 645, **647–650**
 Glycogène synthase kinase-3 (GSK3), 660
 Glycogène, 359, **370**, 370F, 638
 acides gras vs., 638
 fabrication des particules, 646–647
 Glycogène, dégradation du, **638–644**
 enzyme de débranchement, 370, 639, **642–643**, 667
 et autre voies, 1089
 glycogène phosphorylase, **639–641**
 phosphoglucomutase, 639, **642**
 Glycogène, enzyme de débranchement, 370, 639, **642–643**, 667
 Glycogène, maladie de stockage de, 666–668
 type 0, **668**
 type I, 661, 666
 type II, 666
 type III, 667
 type IV, 667
 type V, 667
 type VI, 667
 type VII, 667
 type VIII, 667
 type IX, 667
 Glycogène, métabolisme du, **638–668**
 cascade de la glycogène phosphorylase bicyclique, **651–660**
 cascade de la glycogène synthase bicyclique, **660**
 contrôle, **647–666**
 dégradation, **638–644**
 maintien de la glycémie, **661–664**
 maladies de stockage, **666–668**
 modifications covalentes, **650–651**
 réponse au stress, **664–665F**
 synthèse, **644–647**
 thermodynamique, 643–644
 Glycogène, ramification du, **646–647**
 Glycogène, synthèse du
 et autre voies, 1089
 glycogène synthase, **644**
 ramification du glycogène, **646–647**
 UDP-glucose pyrophosphorylase, **644**
 Glycogénine, 380, 645–646, 646F
 Glycolate, 935
 Glycolate oxydase, 935
 Glycolate phosphatase, 935
 Glycolipides, 359, 381, 398T, 400F
 Glycolipides, métabolisme des, 1004
 glycérophospholipides, **1004–1008**
 sphingoglycolipides, **1008–1013**
 sphingophospholipides, **1008–1009**
 Glycolique, acide, 32T
 Glycolyse, 569, **593–634**. *Voir aussi* Électrons,
 chaîne de transport des, ; Fermentation
 aérobie, 864
 aldolase, 596F, **600–603**
 anaérobie, 614–619, 864
 chaîne de transport des électrons, 824F
 effecteurs des enzymes en non équilibre, 625T
 émolase, 596F, **612–613**
 et autres voies, 1088
 et citrate, 863–864
 et gluconéogenèse, 878F
 et oxydation des acides gras, 864
 et protéine kinase AMP-dépendante, 1096
 et régulation métabolique et contrôle, **619–630**
 et variations d'énergie libre, 625T
 fermentation, **614–619**
 glyceraldéhyde-3-phosphate déshydrogénase, 596F, **607–608**
 hexokinase, 596F, **597–598**
 phosphofructokinase, 596F, **600**, 625–627, 626F, 630
 phosphoglucose isomérase, 596F, **598–600**
 phosphoglycérate kinase, 596F, **608–610**
 phosphoglycérate mutase, 596F, **610–612**
 pour la production rapide d'ATP, 619
 pyruvate kinase, 596F, **613–614**
 réaction nette, 594F, 595
 régulation dans le muscle, **624–630**
 triose phosphate isomérase, 596F, **603–606**
 utilisation du fructose, 630–631
 utilisation du galactose, 630–633, 632F
 utilisation du mannose, 630, 633, **633**, 633F
 vue d'ensemble, **595–596**, 596F
 Glycomes, 382–383
 Glycomique, **382–383**, 578
 Glycone, 366
 Glycophorine A, 400–401, 401F, 413F
 Glycoprotéine Ib (GPIb), 1593
 Glycoprotéines, 359, **373**
 biosynthèse, **880–892**
 dans la paroi des cellules bactériennes, 375–379
 formation, 101
 glycomique, **382–383**
 HA, 1472–1473
 NA, 1474–1475
 protéoglycane, **373–375**
 structure et fonction, **379–382**
 Glycoprotéines, glucides des, **380–381**
 Glycoprotéines N-liées, 882–889
 Glycoprotéines O-Liées, 890–892
 Glycosaminoglycane, **370–372**
 Glycosidases, 364
 Glycosides, 363
 Glycosidiques, liaisons, 83, **363–365**, 880–881, 883F
 Glycosphingolipides (GSL), 391, 1004
 Glycosylation, 101
 Glycosylcéramides, 1009–1010
 Glycosyle, transfert de groupe, 565
 Glycosyl-enzyme, intermédiaires, 522
 Glycosylphosphatidylinositol (GPI), 407–408, 408F, 890–892, 891F
 Glycosylphosphatidylinositol (GPI), ancre membranaire, 882, 891F
 Glycosyltransférases, 881, 1010
 Glyoxylate, 935
 Glyoxylate, cycle du, **880**, 881F
 Glyoxylate, voie du, 10
 Glyoxylique, acide, 1135F
 Glyoxysome, 10, 880
 Glyphosate, 1075
 G_{M1}, gangliosidose, 1013T
 G_{M2}, protéine activatrice, 1011, 1012F
 GM-CSF, récepteur des, 717–718, 718F
 GM-CSF, *voir* Granulocyte-macrophage, facteur stimulant les colonies de,
 GMP (guanosine monophosphate), 83T, **1111–1113**, 1112F, 1130F
 GMP 3',5'-cyclique, *voir* GMPC
 GMP synthase, 1112F
 GMPPNP (guanosine-5'-(β,γ-imido) triphosphate), 710–711
 GMRα, 717–718
 GNAT, famille, 1540
 GnRF, *voir* Gonadolibérine
 Goitre, 677
 GOLD (Genomes OnLine Database), 195T
 Gold, L., 213
 Goldberg, J., 434, 438, 1223
 Goldman, équation de, 775
 Goldman, Y., 1662
 Goldsmith, E., 713
 Goldstein, J., 452, 453, 987
 Golgi, appareil de, 7F, 9, 11F. *Voir aussi* Posttraductionnelles, modifications
 fonctions métaboliques, 562T

- formation de vésicules, **428–440**
 fusion de vésicules, **440–445**
- Golgi, C., 9
 Golgi, citernes médianes, 428, 429F
 Golgi, réseau du, 428, 429F
 Golgiens, empilements de saccules, 428, 429F
 Gonades, 680, 681
 Gonadolibérine (GnRF), 673T, 683
 Gonadotrophines, 683
 Goodman, M., 1222
 Goodwin, H.M., 1534
 Google Scholar, 35
 Gorter, E., 395
 Gouaux, E., 417
 Gourse, R., 1266
 Goutte, **1134–1135**, 1142
 gp 120 (glycoprotéine 120 d'enveloppe), 1631F
 gpA, protéine, 1454
 gpB*, protéine, 1456
 gpB, protéine, 1455, 1456
 gpC, protéine, 1455
 gpCII, protéine, 1461–1462
 gpCIII, protéine, 1461
 GPCR, voir Protéines G, récepteurs couplés aux,
 gp α , protéine, 1451
 gpD, protéine, 1455, 1456
 gpE, protéine, 1455, 1456
 gpFI, protéine, 1458
 gpFII, protéine, 1455, 1456
 gpG, protéine, 1455
 gpH, protéine, 1455, 1459
 gpHfIA, protéine, 1461
 gpHfIB, protéine, 1461
 GPI, ancras membranaires, voir Glycosylphosphatidylinositol, ancras membranaires
 gpI, protéine, 1459
 GPI, protéines liées au, 407–408, 408F
 GPI, voir Glycosylphosphatidylinositol
 GPIb (Glycoprotéine Ib), 1593
 gpJ, protéine, 1455, 1459
 gpK, protéine, 1459
 gpL, protéine, 1455
 gpM, protéine, 1455
 gpN, protéine, 1451–1453, 1453F
 gpNuI, protéine, 1454
 gpNu3, protéine, 1455, 1456
 gpO, protéine, 1451, 1454
 gpP, protéine, 1451, 1454
 gpQ, protéine, 1451, 1452, 1454
 gpR, protéine, 1451
 gpRz, protéine, 1451
 gpS, protéine, 1451–1452
 gpU, protéine, 1455, 1459
 gpV, protéine, 1455, 1459
 gpW, protéine, 1455, 1456
 gpZ, protéine, 1455, 1459
 GR (récepteur des glucocorticoïdes), **1526–1527**, 1527F
 GR, voir Glutathion réductase
 Gradient d'élution, 137
 Gradients de pH immobilisés, 151
 Gradients linéaires d'élution, 137
 Gradients linéaires de concentration, 137F
 Graine, séquence, du miARN, 1325
 Graisse, voir Adipeux, tissu,
 Graisse brune, 860
 Graisses neutres, 388
 Graisses, 940. Voir aussi, Triacylglycérols
- Gram, C., 6
 Gram, coloration de, 6
 Gramicidine A, 79, 748, 787
 Gram-négatif, flagelle des bactéries à, 1677F
 Gram-négatives, bactéries, 6, 376, 376F, 403
 Gram-positives, bactéries, 6, 7F, 13F, 376, 376F, 398T
 Grana, 902
 Grand T, antigène, 1569
 Grand-T, antigène, de SV40, 1211
 Granulocytes, 381
 Granulocytes, facteur stimulant les colonies de, (G-CSF), 717
 Granulocytes-macrophages, facteur stimulant les colonies de, (GM-CSF), 381, 717. Voir aussi GM-CSF, récepteur,
 Granzyme A, 1609
 Granzyme B, 1575–1576, 1609
 Graphique de points, 196
 GRASP (Graphical Representation and Analysis of Surface Properties), 259
 Gray, H., 841
 Grb2, 708, 709
 Grb2, liant-1 associé à, (Gab-1), 738
 GRE (élément de réponse aux hormones glucocorticoïdes), 879
 GRE (éléments de réponse aux glucocorticoïdes), 1524, **1526–1527**
 GreA, 1281
 GreB, 1281, 1282
 Greffe d'organes, rejet, **1632–1633**
 Greffe, rejet, 1626
 Greider, C., 1210
 Grendel, F., 395
 Grenouilles, nombre de chromosomes, 19T
 GRF, voir Hormone de Croissance, facteur de libération, ; Guanine, facteur de libération des nucléotides de la,
 GRIF (facteur inhibiteur de la libération de l'hormone de croissance), 683
 Griffith, F., 86
 Griffith, J., 1213
 Grindley, N., 1240
 Grippe, 1468
 Grippe A, virus, 1471–1472
 Grippe asiatique de 1957, 1468
 Grippe B, virus, 1471
 Grippe C, virus, 1471
 Grippe espagnole de 1918, 1468
 Grippe porcine, virus, 1472
 Grippe porcine de 2009, 1468
 Grippe russe de 1977, 1468
 Grippe, hémagglutinine, 1617F
 Grippe, virus, 1430F, 1431, **1468–1476**
 bourgeonnement, 1468F, 1470F
 cycle biologique, 1469–1471
 génome, 1469T
 mécanisme de fusion de membrane, 1475–1476
 mécanisme de variation antigénique, **1471–1475**
 nucléocapsides, 1471F
 structure, 1468F, 1468–1469
 synthèse d'ARN, 1469F
 Griscelli, syndrome de, 1662
 GRK (GCPR kinases), 697
 GroEL, dans la répllication de λ , 1455–1456
 groEL, gène, 1451T
 GroES, dans la répllication de λ , 1455–1456
 groES, gène, 1451T
 Gronenborn, A., 656, 1534
 Gros, P., 1636
- Groupe sanguin, 22, **415**
 Groupe sanguin A, 22, **415**
 Groupe sanguin B, 22, **415**
 Groupe sanguin O, 22, **415**
 Groupements terminaux, amino acide de polypeptides, 165–168
 Grunberg-Manago, M., 1341
 GSH synthétase, 1061
 GSH, voir Glutathion
 GSK3 (glycogène synthase kinase-3), 660
 GSL, voir Glycosphingolipides
 GSS (Gerstmann-Sträussler-Schneiker), syndrome de, 314
 GSSG (disulfure de glutathion), 803
 GST (glutathion-S-transférase), 142, 1001, 1060F
 GT (UDP-glucose:glycoprotéine glucosyltransférase), 886
 GTF (facteurs généraux de transcription), **1516**, 1516T
 GTP (guanosine triphosphate): dans le cycle de l'acide citrique, 789, 790F, 791
 dans la formation de vésicules, 436, 437
 dans la fusion de vésicules, 441
 dans la transcription, 96, 1265
 dans la voie sécrétoire, 420, 423–424 et EF-Tu, 1380–1381
 gluconéogenèse, 877–878
 hydrolyse, 1394–1395
 liaison à la tubuline, 1664–1665
 microtubules et hydrolyse de GTP, 1666
 GTP, facteur de liaison du, 1395
 GTPase :
 dans la formation de vésicules, 434–437
 dans la fusion de vésicules, 441
 dans la voie sécrétoire, 423
 GTPase, protéine activatrice de la, (GAP), 423, 437, 692, 1376
 GTP γ S, 436F, 692
 G $_{12}$, voir Transducine
 Gua, voir Guanine
 Guanidinium, ion, 117, 169, 284
 Guanidino, groupe, 580
 Guanine, 18, 83, **83**, 83T. Voir aussi Paire de bases Watson-Crick
 Guanine désaminase, dans le catabolisme des purines, 1130F
 dans le catabolisme des purines, 1130F
 et code génétique, 100T, 1343T
 et mutations ponctuelles, 1339–1340
 formes tautomères, 88F
 nucléosides dérivés, 1347F
 spectre IR, 1155F
 Guanine, facteur de libération des nucléotides de la, (GRF), 692
 Guanine, facteurs d'échange des nucléotides de la, (GEF), 423, 434, 692, **705–711**, 1379
 Guanine, inhibiteur de la dissociation des nucléotides de la, (GDI), 692
 Guanine-7-méthyltransférase, 1302
 Guanosine, 83T, 1130F
 Guanosine, site de liaison, 1310F
 Guanosine diphosphate, voir GDP
 Guanosine monophosphate, voir GMP
 Guanosine triphosphate, voir GTP
 Guanylate cyclase (GC), 687
 Guanylique, acide, voir GMP
 Guide, ARN, voir ARNg
 Guillemin, R., 683
 D-Gulose, 360F
 GW1516, 1104
 Gymnospermes, 13F

- GyrA, 1166–1169
gyrA, gène, 1451T
 GyrA, intéine, 1407, 1407F
 Gyrase inverse, 1163
 Gyrase, 1166. *Voir aussi* ADN gyrase
 GyrB, 1166–1168, 1168F
gyrB, gène, 1451T
- H**
- H, antigène, 415
H, gène, 1451T, 1459
 H, protéine, 1031
H, voir Enthalpie
 H, voir Immunoglobines, chaînes lourdes
 H, zone, du muscle, 1640
 H/D pulsé, échange, 284–286, 309
 H1, 1243
HI, gène, 1243
 H1N1, virus de la grippe, **1471–1472**, 1626F
 H2, 1243
H2, gène, 1243
H-2, loci, 1626
 H-2K^b, protéine murine de classe I du CMH, 1627, 1627F
 H2N2, virus de la grippe, 1471–1472
 H₂PO₄⁻, voir Hydrogénophosphate, ion
 H3N2, virus de la grippe, 1471
 H₃PO₄ (acide phosphorique), 49F
 H5N1, virus de la grippe, 1472
 HA (hémagglutinine), 1468
 et variation antigénique, **1470–1471**
 structure, 1472F, **1472–1473**, 1473F
 HA1, 1472
 HA2, 1472
 Haber, F., 1083
 Haber, processus de, 1083
 HAD (3-L-hydroxyacyl-CoA déshydrogénase), 947, 947F, 948, 958
 Hadju, J., 534
 Haeckel, E., 12
 HaeII, 105T
 HaeIII, 105T, 109
Haemophilus influenzae, 176, 177T
 Hageman, facteur, (XIIa), 1603, 1604, 1606
Hairy, gène (*Drosophila*), 1555
 Haldane, J. B. S., 32, 488
 Haldane, relation de, **491–492**
 Hales, S., 901
Haloarcula marismortui, 1365, 1368
 Halobactéries, 6, 398T, 402
 Halophiles, 7F
 Haltère, et embryon de *Drosophila*, 1552F
 Hamm, H., 692
 Hanson, J., 1649
 Hanson, R., 571, 879
 Haploïde, nombre, 19
 Haploïde, taille du génome, 1496, 1496F
 Haploïdes, cellules, 24F
 Haploïdes, génomes, 182
 Haplotype, 106
 Haptènes, 1613
 Harden, A., 594
 Harrison, S., 424, 431, 433, 716, 725, 1288, 1438, 1443, 1528, 1529, 1532
 Hartl, U., 300
 Hartley, B., 525
 Hartwell, L., 1564
 Hasemann, C., 663
 HAT (histone acétyltransférases), 1540–1541, 1545
 HAT groupe, 1501T
 HAT, complexes, 1540, 1541
 HAT, milieu, 1614F
 Hat1, 1540
 Hatch, M., 936
 Haut-débit, screening à, 541
 Haute densité, lipoprotéines de, voir HDL
 Haute fréquence de recombinaison (Hfr), cellules à, 1263
 Haute mobilité, group de, (HMG), **1534–1535**
 Haute-altitude, adaptation à la, 330–331, 330F, 357
 Haute-énergie, composés de, 580–581. *Voir aussi* composés spécifiques
 Hautement répétitif, ADN, **1498–1500**
 Hautement répétitives, séquences, 1498
 Haworth, formules en projection de, **361**, 362F
 Haworth, N., 366
 Hb anti-Lepore, 1511
 Hb Bart, 1510
 Hb Bibba, 342
 Hb Boston, 342, 343F
 Hb Bristol, 342
 Hb Constante Spring, 1510
 Hb Cowtown, 358
 Hb Gower 1, 1507, 1508
 Hb Gower 2, 1508
 Hb Hammersmith, 342
 Hb Harlem, 344
 Hb Hyde Park, 358
 Hb Kansas, 343
 Hb Kenya, 1592
 Hb KorleBu, 344–345
 Hb Lepore, 1511
 Hb Memphis, 345, 358
 Hb Milwaukee, 342, 343F
 Hb Philly, 342
 Hb Portland, 1508
 Hb Quong Sze, 1510
 Hb Rainer, 357
 Hb Riverdale-Bronx, 358
 Hb Savannah, 342
 Hb Yakima, 343
Hb, mutant (*hunchback* ; *Drosophila*), 1554, 1555F
 Hb, voir Hémoglobine
 HbA, 1507–1508
 HbA, voir Hémoglobine A
 HbA₂, 1508
 HbE, 342
 HbH, 1510
 HbM Iwate, 342
 HbM, 342
 HbS, voir Hémoglobine S
 HCC (carcinome hépatocellulaire), 1514, 1515F
 HCR (répresseur contrôlé par l'hème), 1399
 HD (maladie de Huntington), 1252
HD, gène, 1252
 HDAC (histone désacétylases), **1543**, 1573
 HDAC1, 1543, 1573
 HDAC2, 1543, 1573
 HDAC3, 1543
 HDAC4, 1543
 HDAC5, 1543
 HDAC6, 1543
 HDAC7, 1543
 HDAC8, 1543
 HDAC9, 1543
 HDAC10, 1543
 HDAC11, 1543
 HDL (lipoprotéine de haute densité), 449, 449T, 451, 456, 458
 HDPR (6-hydroxy-1,6-dihydropurine ribonucléoside), 1132
 Heartburn, 764
 HEAT, répétitions, 722–723
 HECT, domaine, 1410
 Heinrich, R., 620
 Heinz, corpuscules de, 342
 Hélicase II, 1217
 Hélicases ARN-dépendantes, 1313F
 Hélicases, 1163, 1176, **1183–1187**
 Hélice 3.6₁₃, voir Hélice α
 Hélice 3₁₀, 224F, 226, 228
 Hélice 4.4₁₆, 228
 Hélice à deux filets, 1489
 Hélice à un filet, 1490
 Hélice ailée, motif en, 1291
 Hélice C, 242F
 Hélice dextre, 224F, 225F, 227F
 Hélice E, 242F
 Hélice gauche, 225F, 1149–1151
 Hélice H, 248F
 Hélice torsadée, 1160, 1160F
 Hélice α gauche, 224F
 Hélice π, 224F, 228
 Hélice, pas de l', 89, 225
 Hélice, position de la coiffe, 262
 Hélice–boucle–hélice/glissière à leucines (bHLH/Zip) associée à un domaine basique, 987
 Hélice–tour–hélice (HTH), motif, 1240, 1288–1290, 1289F, 1290F
 facteurs de transcription, 1525
 homéodomaine, 1558–1560
 Hélices
 3.6₁₃ (α), 226, 227F
 3₁₀, 224F, 226, 228
 α, **226–227**
 C, 242F
 de l'ADN, **88–90**, 88F
 dextres, 224F–226F
 E, 242F
 et pas de la protéine, 225
 faisceau de 4-hélices, 241, 250F
 H, 248F
 hélice–boucle–hélice basique/glissière à leucines, 987
 π, 224F, 228
 sénestres, 224F, 225F, 1149–1151
 superhélice, 433, 1158–1160, 1162
 toroïdes, 1160, 1160F
 torsadées, 1160, 1160F
 4-Hélices, faisceaux de, 241, 250F
 Hélicoïdal, virus, 1429
 Hélicoïdale, protéines à symétrie, 269, 269F
 Hélicoïdales, structures, **225–229**, 225F
 structure en triple hélice du collagène, 236–238, 237F
 Heliozoansus, 13F
 Hémagglutinine, 380
 Hémagglutinine, voir HA
 β-Hématine, 1058
 Hématocrite, 324
 Hème a, 839F
 Hème b, 839F. *Voir aussi* Fer-protoporphyrine IX
 Hème b₅₆₂ (hème b_H), 838
 Hème b₅₆₆ (hème b_L), 838
 Hème c, 839F
 Hème c_i (hème x), 920

- Hème oxygénase, 1056
Hème x (hème c_1), 920
Hème, groupe, **324–325**, 574, 574F
 biosynthèse, **1047–1058**
 dégradation, **1056**
Hème, inhibiteur régulé par l', (HRI), 1399, 1399F
Hème, répresseur contrôlé par l', (HCR), 1399
Hémérythrine, 325
Hémiacétals, **361**, 520F
Hémicétals, **361**
Hémifusion, 442, 443F
Hémime, 1055
Hemmings, E., 116
Hémocyanine, 153T, 325
Hémoencéphalique, barrière, 542, 783
Hémoglobine
 affinité pour CO, 1056–1057
 alignement optimal de séquences, 197F
 anormale, **341–347**
 BPG et liaison de l'oxygène, **329–331**, 329F–331F, 340–341
 chaînes α et β , 332T–333T
 comme « enzyme honoraire » 323
 coopérativité, 352–354
 courbe de Hill, 327F
 de lamproie, 135F
 duplication de gène, 193–194
 effet Bohr, 328–329, 328F, **329**, 340
 et anémie falciforme, 81, 185–188, **343–347**
 et membrane érythrocytaire, 412
 et résidu d'histidine distal, 340
 et transfert de Southern, 112
 fluctuations conformationnelles, 306, 306F
 fonction, **323–331**
 groupe hème, **324–325**
 isolement, 129
 liaison de l'oxygène, **325–328**, 334–339
 maladies de synthèse d'hémoglobines, **1510–1511**
 mécanisme de Perutz, **334–340**
 mesures d'échange d'hydrogène, 309F
 organisation génique, **1507–1510**, 1509F
 pathologie moléculaire, **342–343**
 point isoélectrique (humain), 134T
 régulation allostérique, **347–354**
 solubilité, 133F
 structure et mécanisme, 267F, **332–341**
 transport du dioxyde de carbone, **329**
 vitesse d'évolution, 191, 191F
Hémoglobine A (HbA), 175F, **186**
Hémoglobine désoxygénée, (désoxyHb), 329, 331
 et BPG, 341, 341F
 structure, 331–333, 334F–335F
Hémoglobine E, 342
Hémoglobine F, voir Hémoglobine fœtale,
Hémoglobine fœtale., 193–194, 331
Hémoglobine H, maladie de l', 1510
Hémoglobine oxygénée (oxyHb), 325, 329, 332, 333F–335F
Hémoglobine S (HbS), 175F, **186–188**, 277, **343–347**
Hémoglobine S désoxygénée (désoxyHbS), 343–344, 343F–347F
Hémoglobine, histidine proximale, 332
Hémoglobines, persistance héréditaire de formes fœtales (HPFH), 1510, 1523
Hémoglobinopathies, **342–343**
 α -Hémolysine, 416–418, 418F
Hémolytique, anémie, 185, 342, 343
Hémophilie A, 1604
Hémophilie B, 1604
Hémophilie, 119
Hémostase, 1593
Hémozoïne, 1058
Henderson, R., 402
Henderson–Hasselbalch, équation de, **47–48**, 72
Hendrickson, W., 702
Henri, V., 488
Henry, loi de, 61
Henseleit, K., 791, 1025
Héparane sulfate, 373
Héparine, 371F, 372–373, 372F, 375, 700, 1605
Hépatique, déficience en glycogène synthase, **668**
Hépatiques, 13F
Hépatite A, 1440
Hépatite B, vaccin, 119
Hépatocellulaire, carcinome, (HCC), 1514, 1515F
Hépoixilines, 1000
Heptahélicoïdaux, récepteurs, 689
Heptoses, 360F
HER2, récepteur, 119–120
Herbivores, digestion de la cellulose par les, 369
Herceptin, 119–120
Héréditaires, maladies, voir Génétiques, maladies
Hérédité, 20–26
Herriott, R., 86
Hers, H.-G., 663
Hers, maladie de, 667
Hershey, A., 87
Hershey–Chase, expérience de, 87F
Hershko, A., 1410
(15R)-HETE (acide [15R]-hydroxyeicosatétraénoïque), 1004
(15S)-HETE (acide [15S]-hydroxyeicosatétraénoïque), 1003
Hétérocaryon, 408
Hétérochromatine, 1481–1482, 1512, 1534, 1538
Hétérochromatine constitutive, 182
Hétérochromatine facultative, 1512
Hétérochromatine, protéine 1 (HP1), 1545, 1545F
Hétérocystes, 1083
Hétérolytique, clivage, de liaison, 563, 956
Hétéropolysaccharides, 365–366
Hétérotrope, effet allostérique, 348, 351, 351F, 354
Hétérotrophes, 6
Hétérozygotes, génotypes, 21–22
Heuristiques, algorithmes, 201
Heuser, J., 444
HEW (lysozyme de blanc d'œuf de poule), anticorps monoclonal contre lui, 1616, 1616F
HEW, voir Lysozyme de blanc d'œuf de poule
1-*O*-Hexadécyl-2-acétyl-*sn*-glycéro-3-phosphocholine, 1008
Hexane, 43, 43T, 144
Hexokinase (HK), 565
 dans la gluconéogenèse, 872
 dans la glycolyse, 596F, **597–598**
 utilisation du mannose, 633
Hexokinase D, 662
Hexokinase IV, 662
Hexosaminidase A, 123, 1011, 1012F
Hexosaminidase B, 1013
Hexose monophosphate (HMP) shunt de l', 892. Voir aussi Pentoses phosphates, voie des
Hexoses, 360F
hflA, gène, 1451T
hflB, gène, 1451T
Hfr, cellules (haute fréquence de recombinaison), 1263
hGH, voir Hormone de croissance humaine
hGHbp (protéine de liaison à hormone de croissance humaine), 684
HGPR (hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransférase), 1114
HI/HA, voir Hyperinsulinisme/ hyperammonémie
HIC, voir Chromatographie d'interaction hydrophobe
Hill, A., 326
Hill, C., 1419
Hill, constante de, 327
Hill, courbe de, 327–328, 327F
Hill, équation de, **326–328**, 348
Hill, R., 903
Hill, réaction de, 903
himA, gène, 1451T
himD, gène, 1451T
Hin, ADN invertase, 1243
Hin, gène, 1243
HindIII, 105T
HIPI (protéines fer-soufre à haut potentiel), 202F, 281F
Hippocrate, 1468
Hippurique, acide, 945
HIRA (chaperon moléculaire), 1488
Hirudine, 1605–1606, 1606F
Hirudo medicinalis, pour la prévention de caillot, 1605
His, étiquette (marqueur), 145, 857
His, opéron, 1299, 1299T
His, voir Histidine
Hispanique, délétion, dans le groupe des β -globines, 1537
Histamine, 80, 80F, 783, 1058, 1059
Histamine, récepteurs de l', 689
Histidine
 acide aminé essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1078
 chaîne latérale, 71, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les protéines globulaires, 246
 dégradation, 1034
 et hémoglobine, 332, 341
 point isoélectrique, 72
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
Histidine distale dans l'hémoglobine, 332, 340
Histidinodéshydroxymérosdesmosine, 239F
Histone acétyltransférases (HAT), **1540–1541**, 1545
Histone arginine déméthylases, 1545
Histone désacétylases (HDAC), **1543**, 1573
Histone H1, 1482–1484, 1486F, 1486–1487
Histone H1^o, 1487
Histone H2A, 1482, 1483, 1486
Histone H2A.X, 1483
Histone H2A.Z, 1483
Histone H2B, 1482, 1483, 1486, 1545–1546
Histone H3, 1482, 1483, 1486
 association avec H4, 1484F
 association avec H4 et Asf1, 1488F, 1488–1489
 et inactivation du chromosome X, 1513

- méthylation, 1544, 1545
modification, 1541
- Histone H4, 190–191, 1482, 1483, 1486
association avec H3, 1484F
association avec H3 et Asf1, 1488F, 1488–1489
méthylation, 1544
modification, 1541
- Histone H5, 1483, 1487–1488
- Histone lysine déméthylases, 1545
- Histone méthyltransférase (HMT), 1544–1545
- Histones, 78, 134T, **1482–1483**
acétylation, 1539–1542
de thymus de veau, 1483F, 1483T, 1484F
gènes répétés, **1505–1506**
méthylation et déméthylation, **1544–1545**
modifications, 1482–1483, 1539F, **1539–1540**
ubiquitination, **1545–1546**
- Histones, code, **1541**
- Histones, déplétion dans les chromosomes métaphasiques, 1491
- Histones, octamère, 1484–1486, 1485F, 1489
- Histones, pli des, 1485
- Histones, stabilité évolutive, 1482
- Histones, variants, 1483
- Histrionicatoxine, 781
- Hitchings, G., 1130
- HIV, voir VIH
- HK, voir Hexokinase
- (H⁺-K⁺)-ATPase, 764–765
- HLA-A, 1625
- HLA-B, 1625
- HLA-C, 1625
- HLA-DR1, protéine, 1628F, 1628–1629
- HMG (groupe de haute mobilité), 1534–1535
- HMG, boîtes, 1534
- HMG, protéines, 1534–1535
- HMG1, 1534
- HMG-14, 1535
- HMG-17, 1535
- HMG2, 1534
- HMGA, 1534–1535
- HMGA1a, 1534, 1535F
- HMGA1b, 1534
- HMGA1c, 1534
- HMGA2, 1534
- HMGB, 1534
- HMGB1, 1534
- HMGB2, 1534
- HMG-C, 1534
- HMG-CoA lyase, 960
- HMG-CoA, 960, **976–977**, 1040–1041
- HMG-CoA réductase, **977**, 987–989
- HMG-CoA réductase kinase (RK), 989
- HMG-CoA synthase, 960, 976
- HMG-D, 1534
- HMG-I, 1534
- HMGN, 1534, 1535
- HMGN1, 1535
- HMGN2, 1535
- HMIT, 751
- HMK (kininogène de haut poids moléculaire), 1604
- HMM (méromyosine lourde), 1642–1643
- HMM (modèles cachés de Markov), 202
- HMP (hexoses monophosphates) shunt des, 892. Voir aussi Pentoses phosphates, voie des,
- HMT (histone méthyltransférases), **1544–1545**
- hnARN (ARN nucléaire hétérogène), 1304
- HNPCC (cancer colorectal héréditaire sans polyposis), 1220
- hnRNP (ribonucléoprotéine hétérogène nucléaire), 1314
- hnRNP-K (ribonucléoprotéine K hétérogène nucléaire), 1570
- HO₂• 865
- Hoaglande, M., 1345
- Hodgkin, A., 776
- Hodgkin, D. C., 241, 331
- Hofmeister, F., 70
- Hofmeister, série de, 266
- Hofmeyr, J.-H., 623
- Hofricheter, J., 346
- Hogle, J., 1440
- Hol.W., 696, 792, 1165
- holA, gène, 1182T
- holB, gène, 1182T
- holC, gène, 1182T
- holD, gène, 1182T
- Holden, H., 1643, 1650
- holE, gène, 1182T
- Holley, R., 176, 1345
- Holliday, jonction de, 1226, 1226F, 1233F
dans la recombinaison réparation, 1234–1236
et RuvABC, 1230–1234
- Holliday, R., 1226
- Holmes, K., 1432
- Holoenzymes, 473, 722, 1265. Voir aussi Pol III, holoenzyme ; ARN Polymérase, holoenzyme
- Homéoboîte, 1558
- Homéodomaine, **1558–1560**
- Homéostasie, **619–620**, 1096–1101
- Homéostasie métabolique, **619–620**, 1096–1101
- Homéotiques, gènes sélecteurs, 1554, **1557–1558**
- Hominy grits, 481
- Homo neandertalensis*, 116
- Homo sapiens*, 14, 116. Voir aussi Humains
- Homocitrate, 1081–1082
- Homocystéine, 80, 80F, 1034
- Homocystéine méthyltransférase, 1037
- Homogénéisateur, 130
- Homogentisate, 1045, 1047F
- Homogentisate dioxygénase, 1045
- Homogentisique, acide, 25, 569
- Homolactique fermentation, 593, **614–616**
- Homologie, modélisation par, 304–305
- Homologues, protéines, **188–192**, **194–196**
- Homolytique, rupture, 563, 956
- Homopolypeptides, 205
- Homopolysaccharides, 365–366
- Homosérine, 759
- Homotrope, interaction allostérique, 348, 350–351, 354
- Homozygotes génotypes, 21–22
- Hong Kong, grippe de 1968, 1468, 1472, 1472F, 1473
- Honig, B., 259
- Hood, L., 181, 1617
- Hoogsteen, géométrie de, 1154
- Hooke, R., 3
- Hopène, 983
- Horecker, B., 892
- Horloge moléculaire, 192
- Hormone de croissance humaine (hGH), 119, 250F, 251, 259F, **684–685**
- Hormone de croissance humaine, protéine de liaison à l', (hGHbp), 684
- Hormone de croissance humaine, récepteur, **684–685**
- Hormone de croissance, (GH), 86, 571, 683. Voir aussi Humaine, hormone de croissance
- Hormone de croissance, facteur de libération, (GRF), 673T, 683
- Hormone de croissance, facteur inhibiteur de la libération, (GRIF), 683
- Hormone lutéinisante (LH), 154F, 673T, 683
- Hormones, **671–674**, 673T. Voir aussi Glucagon ; Insuline
adrénaline et noradrénaline, **679–680**
classification, 671, 672F
contrôle du cycle menstruel, **683–684**
dans le tissu adipeux brun, 860–862, 861F
de croissance, **684–685**
dosages quantitatifs, **674–675**
gastrointestinales, **675–676**
hypothalamiques et hypophysaires, **682–683**, 1099, 1100F
îlots pancréatiques, **675**
oxyde nitrique, **685–688**
peptides opiacés, **685**
pour le métabolisme des acides gras, 973–975, 974F
pour le métabolisme du calcium, **677–678**
stéroïdes, **680–682**
tests de dosage, 131
thyroïdiennes, **676–677**
- Hormones des îlots pancréatiques, **675**
- Hormones polypeptidiques, 673T
- Hormones sexuelles femelles, 681
- Hormones sexuelles mâles, 681
- Hormones, éléments de réponse aux, (HRE), 1524, 1527
- Hormones, muscle lisse et, 1656
- Horowitz, N., 3, 34
- Hors groupe (gène), 204
- Horvitz, R., 1575
- Horwich, A., 294, 297, 298
- Hôte, organisme, 104
- Houdusse, A., 1652
- Hough, E., 1044
- Hox, gènes, 1560–1561
- Hox-1.1, gène, 1560
- Hox-3.1, gène, 1560, 1561F
- HP1 (protéine 1 d'hétérochromatine), 1545, 1545F
- HpaII, 105T, 1249
- (15S)-HPETE (acide [15S]-hydroperoxyeicosatétraénoïque), 1003
- 5-HPETE, voir 5-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide
- 12-HPETE, voir 12-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide
- 15-HPETE, voir 15-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide
- HPETE (acides hydroperoxyeicosatétraénoïques), 1000
- HPFH (persistance héréditaire d'hémoglobine fœtale), 1510, 1523
- HPK1, 714
- HPLC (chromatographie liquide à haute performance), 145–146, 157, 171, 366
- HPr, du système PTS, 765
- HPV (papillomavirus humain), 1414
- H-Ras, 709
- HRE (éléments de réponse aux hormones), 1524, 1527
- HRI, voir Hème, inhibiteur régulé par l',
- HS4 (site hypersensible 4), 1538, 1545

- Hsc70, 436
HslU, coiffes, 1419
HslUV (locus de choc thermique, UV), 1419, 1420F
HslUV, protéase, 1419
HslV, sous-unité, 1419–1420, 1420F
Hsp10, protéines, 294
Hsp40, protéines, 293
Hsp60, protéines, 294F
hsp70, gène, 1538
Hsp70, protéines, 293, 421F, 445
Hsp90, protéines, 293, 720
Hst2, 1543, 1543F
hTAF12, 1520, 1520F
hTAF4, 1520, 1520F
HTH, motif, voir Hélice-tour-hélice, motif
HTH, voir Hélice-tour-hélice, motif
HU, 1195
Hubbard, S., 700
Huber, R., 403, 653, 806, 910, 1414, 1415, 1419, 1420, 1602, 1605, 1614
Huiles, 387, 393–394, 394F
Humain, génome, 176, 177T, 1402
Humain, protéase du cytomégalovirus, 531
Humaines, cellules, 12F
Humains, 16F. Voir aussi *Homo sapiens*
ADN vs. *E. coli*, 8–9
apoB, 1322
apoptosome, 1581F
banques génomiques, 113
BBP, 1314F
bromodomaine de TAF1, 1542F
C3 et C3b, 1637F
carte génétique du CMH, 1625F
cascade de coagulation sanguine, 1594F
Cdk2, 1566F
chromosome métaphasique, 1492F
cils du tube bronchique, 1673F
clonage, 1251
complexe c-Cbl-UbcH7-ZAP-70, 1412F
complexe Cull1–Rbx1–Skp1–F-box^{Skp2}, 1412F
complexe Skp1–Skp2, 1412
composition élémentaire, 29T
cytochrome *c*, 196F
déplétion d'histones dans les chromosomes métaphasiques, 1491F
développement embryonnaire, 14F
divergences évolutives, 116
domaine Gla, 1600F
épissage alternatif, 1547
facteurs de coagulation sanguine, 1595T
fibrinogène, 1595F
généalogie établie à partir de polymorphismes de l'ADN, 1509F, 1509–1510
gène *Aniridia*, 1560
gènes des chaînes légères, 1619
gènes des chaînes légères κ , 1618F
gènes des chaînes lourdes, 1620
gènes des chaînes lourdes, 1620F
groupes de gènes des globines, 1508, 1508F
hormones, 673T
identification de gène, 1502–1504
liaison des facteurs de transcription, 1518–1519
longueur des télomères, 1211
Médiateur, versus celui de levure, 1533, 1533F
nombre de chromosomes, 19T
organisation chromosomique, 1495F
organisation du muscle squelettique, 1640F
Pot1, 1213
propriétés des GTF, comparaison avec la levure, 1516T
protéine de classe II du CMH, 1628F
protéine HLA-B, 1626F
protéines du système du complément, 1454T
prothrombine, 1599, 1599F
réparation de l'ADN, 1214
réserves de carburant, 1101T
RFLP, 106
séquences modérément répétitives, 1501, 1501T
SET7/9, 1544, 1544F
SIRT2, 1543
structures biologiques, 14
taille de l'ADN, 94T
taille du génome haploïde, 1497
TBP, 1517
TFIID, 1520–1521
thrombine, 1602F, 1606F
transposons, 1244, 1246
ubiquitine, 1409
UDG, 1219F
virus de la grippe, 1468, 1471–1472
Human Genome Project, 181–182
Human Genome Sequencing Consortium, 181, 182
Hunchback, mutant (*hb*; *Drosophila*), 1554, 1555F
Hunchback, protéine (*Drosophila*), 1554–1555, 1555F
Hünefeld, F., 323
Hunt, T., 1564
Huntingtine, 1252
Huntington, maladie d', et apoptose, 1575
Huntington, maladie de, (chorée de Huntington), 1252
Hurley, T., 646
Hurwitz, J., 1265
hus1, gène, 1568
Huxley, A., 776, 1649
Huxley, H., 1649
Hwang, P., 431
Hyaluronane, 371–372
Hyaluronate, 371F, 372, 372F
Hyaluronidase, 372
Hyaluronique, acide, 371–372, 375
Hybridation, 93
Hybridation de colonie, 113–114, 114F
Hybridome, 131, 1613
Hyde, C., 1076
Hydratation, colonne d', 1489
Hydrazine, 166, 168
Hydrazinolyse, 166, 168
Hydrochlorique, acide, 46
Hydrocortisone, 680
Hydrodynamique, volume, 155
Hydrogène, dans les expériences de Miller-Urey, 32
Hydrogène, échange d', 285–286, 309F
Hydrogène, ions, 60
Hydrogène, liaison
à faible barrière vs. courte, forte, 535–536
dans la protéase-1 du VIH, 549F
dans la structure en triple hélice du collagène, 237F
dans l'eau, 41–42, 41F
dans les feuillettes plissées β , 229–230, 229F
dans les groupes fonctionnels, 43F
dans les hélices α , 227F
dans les paires de bases, 84, 89, 1156
dans les protéines, 261–262
et spécificité enzyme substrat, 470F
et structure tertiaire des ARNt, 1348–1349
Hydrogène, peroxyde d', 10
Hydrogène, sulfure d', 324
Hydrogénophosphate, ion (H₂PO₄), 47, 47F
Hydrolases, 479T
Hydrolyse, catalysée par une base, 85, 85F
Hydronium, ion, 45, 45F, 46
Hydrophaties, 264, 264T, 304
5-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide, (5-HPETE), 996F, 997, 1000
12-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide, (12-HPETE), 996F, 997, 1000
15-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide, (15-HPETE), 996F, 997, 1000
Hydroperoxyeicosatétraénoïques, acides, (HPETE), 1000
Hydrophiles, composés, 42
Hydrophobe, chromatographie d'interaction, (HIC), 132T, 145
Hydrophobe, effet, 262–264
Hydrophobe, effondrement, 286–287
Hydrophobe, liaison, 264
Hydrophobes, composés, 42
Hydrophobes, forces, 44
dans les bases des acides nucléiques, 1156–1157
dans les protéines membranaires intrinsèques, 406
et coudes en sens inverse, 304
et spécificité enzyme substrat, 470F
et stabilité protéique, 262–264
Hydrophobes, interactions, 44
Hydrophobicité de surface, 145
Hydrips fœtales (anasarque foeto-placentaire), 1510
Hydropyrimidine hydratase, 1136F
6-Hydroxy-1,6-dihydropurine ribonucléoside (H DPR), 1132
8-Hydroxy-7,8-diméthyl-5-deazariboflavine, 1215
 β -Hydroxyacyl-ACP déshydrase (DH), 965
3-L-Hydroxyacyl-CoA, 947, 947F
3-L-Hydroxyacyl-CoA déshydrogénase, voir HAD
3-Hydroxyanthranilate, 1042
Hydroxyapatite, 540, 677
Hydroxyapatite, chromatographie sur, 144, 157
Hydroxyapatite, chromatographie sur, pour l'analyse de courbes de C₀t, 1498
 β -Hydroxybutyrate, 831
D- β -Hydroxybutyrate, 959
D- β -Hydroxybutyrate déshydrogénase, 960
 α -Hydroxybutyrique, acide, 32T
25-Hydroxycholecalciférol, 678
Hydroxyde, ions, 45, 45T, 46, 688
(15R)-Hydroxyeicosatétraénoïque, acide, ([15R]-HETE), 1004
(15S)-Hydroperoxyeicosatétraénoïque, acide, ([15S]-HPETE), 1003
(15S)-Hydroxyeicosatétraénoïque, acide, ([15S]-HETE), 1003
Hydroxyéthylthiamine pyrophosphate, 616–617
3-Hydroxykynurénine, 1041–1042
Hydroxylamine, 312–313
mutations ponctuelles causées par, 1340, 1340F
réactivation de prion, 312–313, 313F
Hydroxyle, groupes, 43F

Hydroxyle, radical, 325, 865
 5-Hydroxylysine (Hyl), 78, 79F, 236
 Hydroxyméthylbilane synthase, 1053
 Hydroxyméthylbilane, 1053
 5-Hydroxyméthylcytosine, résidu, 1247
 Hydroxyméthylglutaryl-CoA, *voir* HMG-CoA
 3-Hydroxyproline, 236
 4-Hydroxyproline (Hyp), 78, 79F, 236
 Hydroxypyruvate, 935
 8-Hydroxyquinone, 1119
 5-Hydroxytryptophane, 1046, 1060
 Hydroxyurée, 347, 1119
 Hyl (5-hydroxylysine), 236
 Hyp (4-hydroxyproline), 236
 Hyperammonémie, 1023, 1025
 Hypercholestérolémie familiale (FH), 456–457, 466, 989
 Hypercholestérolémie, 456–457, 466, 989–991
 Hyperchrome, effet, 92
 Hyperglycémie, 1102, 1103
 Hyperhomocystéinémie, 1034–1035
 Hyperinsulinisme/hyperammonémie (HI/HA), 1023, 1025
 Hyperlipoprotéïnémie familiale de type III, 459
 Hyperlysinémie, 1041
 Hyperlysinurie, 1041
 Hypernatrémie, 1605
 Hyperphénylalaninémie, 1045
 Hypersensible, site 4, (HS4), 1538
 Hypertension, 547F
 Hyperthermophiles, 266
 Hyperthyroïdisme, 677
 Hypervariable, position, 188
 Hypervariables, séquences, 1613, 1613F
 Hyperventilation, 357
 Hypoglycémie, 666
 Hypoglycine A, 948, 948F
 Hyponatrémie, 1605
 Hypothalamus, 672F, 682
 expression de la leptine, 1098
 intégration de signaux, 1099, 1100F
 transmission du signal de faim, 1099
 Hypothyroïdisme, 677
 Hypotoniques, solutions, 130
 Hypoxanthine, 127, 1108, 1130F, 1135, 1339–1340
 Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransférase (HGPRT), 1114
 Hypoxie, 331, 864
 Hypoxique, 324

I

I, bandes, du muscle, 1640
I, gène, 1262, 1451T, 1459
*i*⁶A, *voir* N⁶-Isopentényladénosine
 IAP (inhibiteurs d'apoptose), 1582–1583
 IAPP (polypeptide amyloïde des îlots), 310–311, 311F
 Ibandronate, 679F
 Ibuprofène, 78, 78F
 iC3b, 1638
 IC₅₀, 539
 ICAD (inhibiteur de CAD), 1577
 ICAT, *voir* Étiquettes d'affinité marquées par un isotope
 ICE (enzyme de conversion de l'interleukine 1 β), 1576
 Ice, 41–42, 41F
 Icosaédrique, symétrie, 268, 268F

IDL (lipoprotéines de densité intermédiaire), 449, 449T, 986, 1322
 D-Idose, 360F
 IEF (focalisation isoélectrique), 150–152
 IF, *voir* Initiation, facteur d'
 IF-1, 1375–1376, 1375T
 IF₁, protéine, 865
 IF-2, 1375–1376, 1375T
 IF-3, 1375–1376, 1375T
 I-FABP (protéine intestinale de liaison aux acides gras), 943–944, 944F
 IgA, 1610, 1611, 1611F, 1612
 IgD, 1610–1612
 IgE, 1610–1612
 IgG, 1610, 1611, 1611F. *voir* Immunoglobuline G
 régions constantes et variables, 1612–1613
 segments fonctionnels, 1612
 structure, 1614–1615
 IgM, 1610–1612, 1611F, 1622
 Ig α , 1622
 Ig β , 1622
 IHF (facteur d'intégration de l'hôte), 1195
 IHF (facteur d'intégration de l'hôte), dans la réplication, 1457, 1460, 1460F
 IHP (inositol hexaphosphate), 330
 IKK (I κ B kinase), 1531
 IL-1, *voir* Interleukine-1
 IL-3, récepteurs d', 717
 IL-5, récepteurs d', 717
 Ile, *voir* Isoleucine
 IleRS, 1352, 1356–1357, 1357F
 Illégitime, recombinaison, 1236
 Illumina, système, 184
 Îlot amyloïde de polypeptide, *voir* IAPP
 Ilots de Langerhans, 675
Ilv, opéron, 1299, 1299T
 Image, reconstruction d', 1363F
 Imaginaux disques d'embryon de *Drosophila*, 1552, 1552F
 Imago, d'embryon de *Drosophila*, 1552
 Imatinib, 719
 Imidazole, 513
 β , γ -Imido nucléoside triphosphate, 1275
 Iminoacétiquepropionique, acide, 32T
 Iminodiacétique, acide, 32T
 Immunitaire, gènes de réponse, (*Ir*), 1628
 Immunitaire, système, 1132, **1607**
 auto-tolérance, 1610
 immunité cellulaire, 1607–1609
 immunité humorale, 1609–1610
 immunité innée et adaptative, 1607
 voies apoptotiques, 1574
Immunité, 1607–1639
 CMH, **1625–1633**
 diversité des anticorps, **1617–1624**
 récepteurs des cellules T, **1624–1625**
 réponse immunitaire adaptative, **1607–1610**
 structures des anticorps, **1610–1617**
 système du complément, **1633–1639**
 Immunité cellulaire, **1607–1609**
 Immunité des lysogènes, 1448
 Immunité humorale, 1607, **1609–1610**
 Immunoabsorption, dosage d', par enzyme liée, *voir* ELISA
 Immunochimiques, procédures, 131–132
 Immunochromatographie d'affinité, 143
 Immunodéficiência humaine, virus, *voir* VIH
 Immuno-électronique, microscopie, 1365
 Immunofluorescence, 408
 Immunoglobine, chaînes légères (L) :
 et isotypes d'immunoglobines, 1610
 gènes des chaînes légères κ , **1617–1618**

gènes des chaînes légères λ , **1619**
 protéine de myélome, 1615F
 structure, **1612–1613**
 Immunoglobine, chaînes lourdes (H) :
 et isotypes d'immunoglobines, 1610
 gènes, **1619–1620**, 1620F
 site de polyadénylation, 1622–1623, 1623F
 structure, **1612–1613**
 Immunoglobines, **1607**. *Voir aussi* Anticorps
 commutation d'isotype, 1623F, **1623–1624**
 superfamille des gènes, 1624F
 Immunoglobines, pli des, 1614–1615
 Immunoglobuline G (IgG), 154F, 282, **380**
 Immunoglobulines, 163
 Immunoglobulines, pli des, 251, 251F
 Immunoglobulines, réaction de précipitation, 1612
 Immunophilines, 292, 724
 Immunoprécipitation de chromatine, 1537–1538
 Immunoprotéasomes, 1607
 Immunorécepteur, motif d'activation à tyrosine (ITAM), 1622
 Immunosuppresseurs, 1609
 Immunotransfert, 149–150, 150F
 IMP (inosine monophosphate), 1108
 conversion en AMP ou GMP, 1112F
 synthèse, **1108–1111**, 1109F
 voie animale du catabolisme, 1130F
 IMP cyclohydrolase (PurJ), 1109F, 1111
 IMP déshydrogénase, 1112F
 IMS, *voir* Intermembranaire, espace
In silico, identification, de gènes d'eucaryotes, 1511
In situ, hybridation, 113–114, 114F, **1494**, 1495F
In situ, thérapie génique, 122–123
In vitro, complémentation, 1455
 Inactivateurs, 494
 Inactivation des canaux ioniques, 774–775
 Inclusions cellulaires, maladie des, 439
 Incompétitive, inhibition, **495**, 495F, 502
 Indels, *voir* Insertion/délétion, mutations d',
 Indinavir, 550F, 551
 Indole-3-glycérol phosphate, 1075
 Indolepropanol phosphate (IPP), 1078
 Inducteurs, 97, 97F, 1261
 Inductibles, facteurs de transcription, 1516, **1524–1525**
 Induction, 1448
 Infarctus, 456
 et coagulation sanguine, 1603–1604
 et streptokinase, 1606
 Infarctus, attaque, 865
 Infarctus, coagulation sanguine et, 1603–1604
 Infarctus cardiaque, 456, 865
 Infectieuses mortalité des maladies, 1632
 Inflammatoire, réponse, 993, 1003–1004
 Infiximab (Remicade), 1613
 Influenza, neuraminidase du virus de l', 466
 Influx nerveux, libération d'ions calcium et, 1653–1654
 Ingen-Housz, J., 901
 Ingold, C., 76
 Ingram, V., 186
 Inhibiteur de κ B (I κ B), 1531–1532
 Inhibiteur de κ B α (I κ B α), 1531
 Inhibiteurs, 351, 492
 Inhibiteurs dépendant du mécanisme de réaction, 1128
 Inhibition des enzymes, *voir* Enzymes, inhibition
 Inhibition mixte, **495–496**, 496F, 502

- Inhibition non compétitive (mixte) **495–496**, 496F, 502
- Inhibition par le produit, études d', 500
- Initiateur (Inr), élément, 1521
- Initiateur, codon, 100–101, 100T
- Initiation, complexe 48S d', 1379
- Initiation, complexe 48S, 1379
- Initiation, complexe d', de l'ARN du VMT, 1435, 1435F, 1436
- Initiation, facteurs d', (IF), 1375–1376, 1375T
- Initiation, sites alternatifs d', 1547, 1548F
- Initiation, vitesse d'initiation de la traduction, 1548
- Initiatrices, caspases, 1576
- INK4, famille, 1567–1568
- Inné, système d'immunité, 1607
- INO80 (protéine 80 dépendante de l'inositol), 1546
- iNOS (NOS inductibles), 686–688
- Inosine, 1130F, 1347F
- Inosine monophosphate, voir IMP
- Inosine triphosphate, voir ITP
- Inositol hexaphosphate (IHP), 330
- Inositol polyphosphate 1-phosphatase, 736
- Inositol polyphosphate 3-phosphatases, 736
- Inositol polyphosphate phosphatases, 734–736
- Inositol-1,4,5-triphosphate, voir IP3
- Inr (initiateur), élément, 1521
- Insectes, vitesse de mutation, 192
- Insertion, séquences d', (IS), 1236
- Insertion/délétion, mutations d', (indels), 196, 1340
- Insomnie fatale familiale (FFI), 314
- InsR, voir Insuline, récepteur de l'
- Instabilité dynamique, 1666–1667
- Insulateurs, 1538–1539
- Insuline, 164–165, 165F, 673T, **1099**, 1496
- activation de la pyruvate déshydrogénase phosphatase, 805
- dans la régulation du métabolisme du glycogène, 660
- dans le métabolisme des acides gras régulation, 974
- humaine recombinante, 119
- inhibition de la glycogène synthase kinase-3, 660
- isolement par chromatographique d'affinité, 142
- point isoélectrique, 134T
- renaturation, 280–281
- séquençage de l'insuline bovine, 165F
- transport du glucose par des médiateurs passifs, 751–752
- Insuline, protéine kinase stimulée par l', 659–660
- Insuline, récepteur de l', (InsR), 142, 699–703, 737F
- Insuline, récepteur du facteur de croissance II apparenté à l', 890
- Insuline, système de signalisation de l', 736–738
- Insulinique, substrat du récepteur, (IRS), 710, 1103
- Insulinodépendant, diabète sucré, 1574, 1610, 1632
- Insulinorésistance, 1103, 1103F
- Int, gène, 1451, 1451T, 1460
- Intégrase, 545, 1245
- Intégration, facteur d', de l'hôte (IHF), dans la réplication de λ , 1457, 1460, 1460F, 1195
- Intégrine $\alpha_{\text{IIb}}\beta_3$, 1593
- Intein Database, 1407
- Intéines, **1405–1407**, 1406F
- Intensives, grandeurs, 61
- Intercalants, agents, 1160–1162, 1272
- Intercalation, 157
- Intercellulaires, interactions, 1550
- Interféran, petit ARN, (siARN), **1323–1324**
- Interférence d'ARN (ARNi), 1145, **1323–1326**, 1323F
- Interféron type α , 1399
- Interféron type β , 1399
- Interféron type γ , 1399
- Interféron β , amplificateur de l', 1532, 1532F, 1535
- Interféron, facteurs de réponse à l', 1532
- Interférons, **1399–1400**, 1400F
- Interleukine-1 (IL-1), 671, 1414, 1607, 1609
- Interleukine-1 β , 1576
- Interleukine-1 β , enzyme de conversion de l', voir ICE
- Interleukine-2, récepteur d', 671, 1609
- Interleukines, 657, 671, 717
- Intermédiaires de réaction, 483
- Intermédiaires, filaments, 1664
- Intermédiaires, gènes, 1284
- Intermembranaire, espace (IMS), 9, 446, 448
- Interphase, 20F, 21F
- Interphase, chromosomes en, 1481, 1494–1496
- Intragéniques, séquences, 1502
- Intrastériques, mécanismes, 658
- Intrinsèque, facteur, 956
- Intrinsèque, voie :
de la coagulation sanguine, 1603, **1604**
de l'apoptose, **1577–1580**, 1579F
- Intrinsèques, protéines membranaires, voir Protéines membranaires intrinsèques
- Introniques, enhanceurs, d'épissage, (ISE), 1306
- Introniques, silenceurs, d'épissage, (ISS), 1306
- Introns, 98, **1304–1305**, 1502, 1508
- AU-AC, 1319
- chez les procaryotes vs. eucaryotes, 1316
- de groupe I, 1306–1309, 1307T
- de groupe II, 1307T, 1308
- types, 1307T
- Introns de groupe I, 1306–1309, 1307T, 1309F, 1310F
- Introns de groupe II, 1307T, 1308
- Introns de groupe III, 1307T
- Introns GU-AG, 1307T
- Inversées, répétitions, 1498, 1499
- Invertase, 367, 488
- Inverti, sucre, 367
- Iodoacétique, acide, 168–169
- Ion-dépendant, transport actif, **768–771**
- Ionique, force, 133–134, 133F
- Ionique, mobilité, 44–45, 45T
- Ioniques, interactions, 259–260, 1158
- Ionisation, constantes d', 47, 49–50, 497, 502–503
- Ionophores, **748–749**, 748F
- Ions hydratés, 43
- Ions solvatés, 43
- Ions, échange d', 135
- Ions, échangeurs d', 137–138, 138T
- Ions, paire d', 259–260, 260F
- Ions, solvatation, 43F
- IP₃ (inositol-1,4,5-triphosphate), 661, 665, 725–726
- IP₃, récepteur d', 726
- IPP (indolepropanol phosphate), 1078
- IPTG (isopropylthiogalactoside), 117, 621, 1261, 1295
- IPTG (isopropylthiogalactoside), bactériophage λ et, 1464
- IQ, motif, de la myosine, 1644
- Ir (réponse immunitaire) gènes, 1628
- IRES (site d'entrée interne des ribosomes), 1379
- IRF-3, 1532
- IRF-7, 1532
- IRS, voir Insuline, substrat du récepteur de l'
- IS (séquences d'insertion), 1236
- IS, éléments, 1236
- IS1, 1236, 1236T
- IS2, 1236, 1236T
- IS4, 1236T
- IS5, 1236T
- Ischémie, 325, 864
- ISE (enhancer intronique d'épissage), 1306
- Isoaccepteurs, ARNts, 1351
- Isoalloxazine, 566
- Isocaudamères, 128
- Isocitrate, 789, 790F, **809**
- Isocitrate déshydrogénase, 568, 789, **809–810**, 810F, 815–816
- Isocitrate lyase, 880
- Isoélectrique, focalisation, (IEF), 132T, 150–152
- Isoélectrique, point (pI), 72, 134, 134T, 150
- Isoélectrique, précipitation, 134
- Isoflurane, 398–399
- Isoformes, 543
- Isoionique, point, 81
- Isolement de protéines, **129–133**
- Isoleucine
acide aminé essentiel, 1065T
biosynthèse, 1075
centres chiraux, 76, 77F
chaîne latérale, 70, 264T
codons, 100T, 1343T
dans les protéines globulaires, 246
dans les protéines natives dépliées, 283
dégradation, 1034–1039
demi-vie, 1413T
stéréoisomères, 77F
structure et propriétés générales, 68T
tendance pour hélice α /feuille β , 302T
(2S,3S)-Isoleucine, 76, 77F
- Isomaltose, 367, 367F
- Isomérase, 479T
- Isomérisation, **567**
- N⁶-Isopentényladénosine (i⁶A), 976, 1347F
- Isopentényl pyrophosphate isomérase, 978, 978F
- Isopentényl pyrophosphate, 977, 977F, 978F
- Isopeptidique, liaison, 1409
- Isoprène, 406, 975
- Isoprénoïdes, 976–977, 976F
- Isoprénoïdes, groupes, 406
- Isoprénylation, site d', 406
- α -Isopropylmalate, 1075
- Isopropylthiogalactoside (IPTG), bactériophage λ et, 1464
- Isopropylthiogalactoside, voir IPTG
- Isoprotérénol, 680
- Isopycnique, ultracentrifugation, 156, 157F
- Isoschizomères, 127–128
- Isotonique, solution saline, 161
- Isotopes, 573T
- Isotopiques, effets, 572
- Isotopiques, études, 500–501, **572–575**

- Isotopiques, tests, 813–814
 Isotypes d'anticorps, 1610F, 1610–1612
 Isotypes, commutation d', des immunoglobulines, 1623F, **1623–1624**
 Isozymes, 202F, 277, 543
 ISP (protéine), 840
 ISS (silenceur intronique d'épissage), 1306
 ISWI (imitation switch), complexes, 1546
 ITAM (Immunorécepteur, motif d'activation à tyrosine), 1622
 Itératif, modèle du repliement, (Système GroEL/ES), 299–300
 ITP (inosine triphosphate), 1273
 Iwanowsky, D., 1431
 Iwata, S., 838, 916
 IXCXE, motif de séquence, 1573
 IκB (inhibiteur de κB), 1531–1532
 IκB kinase (IKK), 1420, 1531
 IκBα, 1414
- J**
 J (chaîne de jonction), 1611
 J, gène, 1451T
 Jacob, F., 1262, 1264–1265
 Jaenisch, R., 1251
 Jaffe, E., 1050
 Jahn, R., 441, 444
 JAK, (kinase Janus), 718
 JAK1, 718
 JAK2, 718
 JAK3, 718
 JAK4, 718
 JAK–STAT, voie, 717–718
 Jamaïque, maladie des vomissements de la, 948
 James, M., 523
 Jansonius, J., 403
 Janus, 283
 Janus, kinase (JAK), 718
 Jap, B., 840
 Jaunisse, 1056
 Jefferson, T., 116
 Jelly roll (tonneau), 252, 253F
 Jencks, W., 515
 Jerne, N. K., 1607
 JH, segment, 1619
 JHDM (jumonji histone déméthylase), famille, 1545
 JIP-1, voir JNK, protéine-1 d'interaction avec,
 Jmol, 256T, 257
 JNK, 714
 JNK, protéine-1 d'interaction avec, (JIP-1), 714, 743
 Johnson, A., 424
 Johnson, L., 640, 658
 Joliet, P., 917
 Jonction (J_{κ}), segment de, 1617
 Jonction d'extrémités homologues, 1235–1236, 1235F
 Jonction des séquences voisines (N-J), méthode, pour la construction d'arbres phylogénétiques, 204
 Jonction, chaîne de, (J), 1611
 Jonctions membranaires communicantes, **415–416**, 416F
 Jones, M. E., 1117
 Jorgensen, R., 1323
 Joshua-Tor, L., 1184
 Joule (unité), 53, 53T
 Jpred3 algorithme, 304
- Jumonji histone déméthylase (JHDM), famille de la, 1545
 Jun, 705, 713, 737F
 Junk ADN, ADN poubelle, 1502
 J_{κ} (jonction), segment, 1617–1619, 1618F, 1619F
- K**
 K, cycline, 1567, 1568, 1568F
 K, gène, 1451T, 1459
 K⁺, canaux de, **752–755**, 753F, 754F
 K12, souche d'*E. coli*, 1448
 K_a, voir Constante de dissociation,
 Kaback, R., 770
 Kabat, E., 1613
 Kacser, H., 620
 Kahn, R., 1104
 Kaiser, D., 109
 Kaiser, T., 450
 Kalckar, H., 578
 Kallitréine, 1604
 Kallitréine, 525T
 Kamen, M., 813, 903
 Kaplan, N., 791
 Kaposi, virus d'herpes associé au sarcome de, 1567
 Kaptein, R., 1295
 Karplus, M., 307, 857
 Kauzmann, W., 264
 κ, gènes des chaînes légères, **1617–1618**, 1618F
 Kawaoka, Y., 1470
 kb (kilopaires de bases), 95
 k_B, voir Boltzman, constante de,
 KDEL, récepteurs, 440
 KDO (2-Céto-3-désoxyoctanoate), 379F
 Ke, H., 725
 Keilin, D., 838
 Kelvin, échelle de température de, 53T
 Kendrew, J., 246, 331
 Kennedy, E., 419, 823, 946
 Kent, S., 209
 K_{eq}, voir Équilibre, constante d'
 Kératine, sulfate de, 371F, 372, 373
 Kératine, 10–11, 10F, **233–235**
 α Kératines, 233–235, 234F
 β Kératines, 233–235
 Kerr, J., 1573
 KF (fragment de Klenow), 177, **1177–1178**, 1178F, 1180–1181
 KFERQ, protéines, 1409
 Khorana, H.G., 209, 211, 1342
 Kieselguhr, 144
 Kilopaire de bases (kb), 95
 Kim, J.-J., 948
 Kim, K. K., 1151
 Kim, P., 282, 1475, 1529
 Kim, S., 1346
 Kim, S.-H., 840, 1566
 Kinases, 513, 581, **597**
 Kinemages, 257
 Kinésine, 440
 Kinésine conventionnelle, 1668
 Kinésine, commutateur I, 1669F, 1669–1670, 1670F
 Kinésine, commutateur II, 1669F, 1669–1670, 1670F
 Kinésine-1, 1668F, 1668–1670, 1669F
 Kinésine-14, 1670
 Kinésines, **1668–1673**, 1671F
 KiNG, 256T, 257
- King, J., 289
 Kininogène de haut poids moléculaire (HMK), 1604
 Kinoshita, K., Jr., 857, 1271
 Kip/Cip, famille, 1567
 Kirchhausen, T., 431
 Kjeldgaard, M., 1381, 1388
 Kleinschmidt, technique de, 94F
 Kleisine, 1492, 1493F
 Klenow, fragment de, voir KF
 Klentaq1, 1178–1180, 1223
 Klinefelter, syndrome de, 682
 Klug, A., 1346, 1363, 1433, 1437, 1438, 1486, 1525
 K_M (constante de Michaelis), 489
 KNF, modèle, des interactions allostériques, 352
 Knirps, mutant (*Drosophila*), 1554, 1555, 1555F
 Knirps, protéine (*Drosophila*), 1555
 Knockout, souris, 121, 572
 Knoop, F., 572, 791, 945
 Knowles, J., 565
 Knudsen, A., 1563
 Kohda, D., 446
 Köhler, G., 1613
 Kok, B., 917
 Kool, E., 1177
 Kornberg, A., 1116, 1176, 1194, 1195, 1281
 Kornberg, R., 1277–1278, 1483, 1484, 1518, 1519, 1533
 Kornberg, T., 1557, 1559
 Kornfeld, S., 884, 888
 Koshland, D., 352, 513, 514, 621, 817
 Kossel, A., 1482
 Kossiakoff, A., 684
 KR (β-cétoacyl-ACP réductase), 965
 Krabbe, maladie de, 1013T
 K-Ras 4A, 709
 K-Ras 4B, 709
 Krauss, N., 922
 Kraut, J., 534
 Krebs, E., 722
 Krebs, H., 651, 791, 1025
 Kreevoy, M., 536
 Kringle, domaines, de prothrombine, 1599
 Krüppel, mutant (*Drosophila*), 1554, 1555, 1555F
 Krüppel, protéine (*Drosophila*), 1555
 KS (β-cétoacyl-ACP synthase), 965
 KT (β-cétoacyl-CoA thiolase), 947, 947F, 948, 949F
 Ku, 1223–1224, 1223F
 Ku, protéine, 1621
 Ku70, 1223
 Ku80, 1223
 Kuhn, H., 1001
 Kühne, F.W., 470
 Kunitz, M., 470
 Kunkel, T., 1205
 Kurisu, G., 924
 Kuriyan, J., 706, 710, 720, 1125, 1182, 1196, 1197, 1204
 Kuru, 312
 Kushmerick, M., 863
 Kv, canaux, **772–774**
 Kv1.2, canaux, 773, 773F, 774F
 K_w (constante d'ionization de l'eau), 47
 Kwashiorkor, 1087
 Kynuréninase, 1042

- L**
 L, Acides aminés, 73–75, 75F, 78
 L, formes, (acides aminés), 74–76
 L, gène, 1451T, 1459
 L, protéine, 1032
 L, voir Immunoglobines, chaînes légères
 L. pictus, gènes d'histones, 1505F
 Labial (Lb.) segment, embryon de *Drosophila*, 1552
 Lac, opérateurs de, 1284–1285, 1285F, 1294
 lac, opérateurs, 1516
 lac, promoteur de, 117, 621, 1266, 1294
 lac, répresseur de, 97, 107F, 117, 621, 1263–1264
 dans le contrôle de la transcription procaroyote, **1284–1285**
 isolement, 129
 résidus allostériquement importants, 1296
 structure, 1294–1296, 1296F
 lac, répresseur, 1464, 1467F
 lacI, gène, 107F, 621, 1264, 1464
 α-Lactalbumine, 882
 β-Lactamase, 1237
 Lactase, 367
 Lactate déshydrogénase H, 153T
 Lactate déshydrogénase, voir LDH
 Lactate
 conversion en oxaloacétate, 872F
 dans le cycle des Cori, 880
 issu de la fermentation, 594, 594F, **614–619**
 transport sanguin, 973
 Lactique, acide, 32T
 β-Lactoglobuline, 133F, 134
 Lactoperoxydase, 140F
 Lactose, **367**, 367F, 631
 et glucose, 1286
 métabolisme dans *E. coli*, 97
 synthèse, 882
 Lactose perméase, 766, **768–771**, 769F, 770F, 1261
 Lactose synthase, 883F
 Lactose, intolérance au, 367
 Lactosyl céramide, 1010
 lacZ, gène, 107F, 120, 1294, 1464, 1556, 1556F
 lacZ', gène, 107F, 110, 111
 LADH, voir Alcool déshydrogénase hépatique
 Laine, 233, 235
 Lake, J., 1365
 Lamarck, Jean Baptiste de, 19
 Lamarckisme, 19
 lamB, gène, 1448, 1451T
 λ, commutation du bactériophage λ, **1462–1467**, 1467F
 gène o_R , 1462
 interactions coopérative, 1466
 liaison de la protéine Cro, 1466
 réponse SOS, 1466
 structures du répresseur de λ et de la protéine Cro, 1462–1463
 synthèse du répresseur de λ, 1464–1465
 λ5, protéine, 1622
 λ, gènes des chaînes légères, **1619**, 1619F
 λ int, gène, 1460
 λ Intégrase, 1243–1244
 λ, intégrase de, 1460
 λ, répresseur :
 et ARN polymérase, 1465F
 et cycle biologique du phage, **1461–1462**
 et facteurs amont de transcription, 1523
 et p_{RM} , 1464F, 1465F
 et réponse SOS, 1466
 liaison à o_R , 1464F
 structure, 1462, 1463F
 synthèse, 1464–1465
 λ xis, gène, 1460
 Lamellipodes, 1661F
 Lamines, 1577, 1609
 Lamproie, fibrogène de, 1598F
 Lamproie, hémoglobine de, 194
 Lander, E., 181
 Landick, R., 1273
 Lands, W., 1005
 Landsteiner, K., 414–415
 Lanostérol synthase, 982
 Lanostérol, **982–984**, 985F
 Lanzilotta, W., 1055
 Lapin
 complexe de l'actine, 1646F
 tropomyosine de muscle cardiaque, 1645F
 Larves
 embryon de *Drosophila*, 1552
 stades larvaires immatures des amphibiens, 1549F
 Laskey, R., 1488
 Lasso, structure en, 1306, 1306F
 Late, gènes (tardifs), 1284
 Lathyrisme, 238–239
 α-Latrotoxine, 780
 Lattman, E., 282
 Laue, E., 1545
 Laurique, acide, 387T
 Laver, G., 1475
 Lavoisier, A., 823, 901
 Lb, segment, embryon de *Drosophila* (labial), 1552
 LBHB (liaisons hydrogène de faible-barrière), **536**
 LCa (chaîne légère de la clathrine), 430, 432, 432F
 LCA2 (amaurose congénitale 2 de Leber), 123
 LCAT, voir Lécithine-Cholestérol acyltransférase
 LcB (chaîne légère de la clathrine), 430, 432, 432F
 Lck, 715, 1630–1632, 1631F
 LCR (région de contrôle du locus), 1537, 1538
 LD₅₀, 539
 LDH (lactate déshydrogénase) :
 dans la fermentation homolactique, 614–615, 615F
 demi-vie, 1408T
 isozymes, 277
 masse moléculaire, 140F
 structure par rayons X de l'enzyme de rousette, 254, 255F, 256
 LDL (lipoprotéines de faible densité), 449, 449F
 et apoB-100, 1322
 et athérosclérose, 458
 comme transporteur de cholestérol, 449F
 capture du cholestérol par, 453–455
 propriétés, 449T
 LDL, récepteurs des, (LDLR), 453–457, 453F, 454, 1317
 et apoB-100, 1322
 et athérosclérose, 456–457
 et homéostasie du cholestérol, 989–991, 990F
 médiateurs de l'endocytose, 986, 986F
 LDL, séquence de tri des récepteurs des, 457
 L-DOPA, 1046, 1059–1060F
 Le Châtelier, principe de, 59
 Leader (Lκ), segment, 1617
 Leader, séquence (de tête), 1297–1298
 Leber, amaurose 2 congénitale de, (LCA2), 123
 Leberman, R., 1381–1382
 Lécithine-cholestérol acyltransférase (LCAT), 450T, 452, 453F
 Lécithines, 389T, 390
 Lectine de liaison au mannose, voir MB-lectine, voie, du système du complément
 Lectines, 366, 885
 Lecture, cadres de, 101, 101F, 1342F
 Lectures de séquences, 181
 Leder, P., 1342, 1617
 Lederberg, E., 1448
 Lederberg, J., 1262, 1607
 Léflunomide, 1116
 Légères, chaînes
 de myosine, 1641, 1652
 d'immunoglobine, voir Immunoglobine, chaînes légères (L)
 Leghémoglobine, 219, 1083, 1508
 Lehninger, A., 823, 946
 Leloir, L., 631, 883
 Leloir, voie de, 631
 Lennarz, W., 291
 Leptine-E100, 1098F
 Leptines, 1096–1099, 1101
 Lesch-Nyhan, syndrome de, 1114, 1135
 Leslie, A., 853, 857, 865
 let-7, gène, 1326
 Letsinger, R., 211
 Leu, opéron, 1299T
 Leucémie lymphoblastique aiguë, 1034
 Leucémie myéloïde chronique (CML), 718
 Leucine aminopeptidase, 168T
 Leucine, 26
 acide aminé essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1075
 chaîne latérale, 70, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les protéines globulaires, 246
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dégradation, 1040–1041
 demi-vie, 1413T
 hélice-boucle-hélice basique/glissière à leucines, 987
 insertion par le suppresseur de codon non sens d'*E. coli*, 1362T
 pouvoir rotatoire, 74
 structure et propriétés générales, 68T
 tendance pour hélice α/feuille β, 302T
 Leucine, répétitions riches en, (LRR), 1412
 Leucines, glissière à, **1528–1529**, 1529F
 Leucocytes, 85
 Leucocytes, élastase des, 533
 Leucocytes, interféron des, 1399
 Leucodystrophie métachromatique, 1013T
Leuconostoc mesenteroides, 139
 Leucotriène A₄ (LTA₄), 1000
 Leucotriène B₂ (LTB₂), 1001
 Leucotriène C₄ (LTC₄), 1001
 Leucotriène D₁ (LTD₁), 1001
 Leucotriène E₄ (LTE₄), 1001
 Leucotriènes, 993
 acide arachidonique, précurseur, 995–997
 biosynthèse, **1000–1002**, 1002F, 1060F
 de la série 5, 1003
 Leucotriènes, récepteurs des, 689
 Leu-encéphaline, 673T, 685

- Leucocytes, 1607
 Leupeptine, 556
 Levine, P., 83
 Levinthal, C., 284, 287
 Levinthal, paradoxe de, 284
 Levitt, M., 523
 Levogyres, molécules, 74
 Lèvre, embryon de *Drosophila*, 1552F
 Levure, 13F. *Voir aussi Saccharomyces cerevisiae* (levure de boulangerie)
 analyses génétiques moléculaires, 1512
 ARNr 80S, 1371F
 ARNr^{Ala}, 1345F, 1346
 ARNr^{Asp}, 1349
 ARNr^{Phe}, 1346, 1346F, 1348
 complexe Hst2 avec carba-NAD⁺, 1543F
 eEF1A-eEF1Bb, 1389F
 épissage d'exon, 1305–1306
 fermentation, 593–594, 616–619
 fusion de vésicules, 440
 GCN2, 1400–1401
 identification de gène, 1502
 intron, 1316
 médiateur, 1533, 1533F
 NHP6A, 1534F
 nombre de chromosomes, 19T
 organisme hôte de clonage, 104. *Voir aussi* YAC (chromosomes artificiels de levure)
 prions, 315–316
 propriétés des GTF comparées à l'humain, 1516T
 protéasome 20S, 1416F–1417F
 protéine disulfure isomérase, 291–292, 291F
 RAD51, 1230
 Rpn11, 1418
 RSC, 1546
 séquençage du génome, 176, 177T, 182
 sites de méthylation des ARNr, 1328–1329
 snoARN, 1329
 START, 1563
 taille de l'ADN, 94T
 transposons, 1244
 TBP, 1517, 1518
 TFIID, 1521
 ubiquitination des histones, 1545–1546
 vecteurs navette, 118
 Levure bourgeonnante, *voir Saccharomyces cerevisiae*
 Levure cloisonnée, *voir Schizosaccharomyces pombe*
 Levure de boulangerie, *voir Saccharomyces cerevisiae*
 Levure, alanine ARNr de, 176
 Levure, alcool déshydrogénase, (YADH), 618, 619
 spécificité géométrique, 472–473
 masse moléculaire, 140F
 stéréo spécificité, 470–472
 Levure, chromosomes artificiels, *voir* YAC
 Lewis, acides de, 45, 511
 Lewis, bases de, 45
 Lewis, E. B., 1558
 Lewis, M., 1294, 1462
 Lewis, G., 45
 Lewisite, 822
 LexA, 1221–1222, 1228
lexA, gène, 1221
 LF (facteur létal), anthrax, 715
 L-Glucose, 360
 L-Glyceraldéhyde, 75, 75F, 76, 77F
 L-Glycéro-D-mannoheptose, 379F
 LH, *voir* Hormone lutéinisante
 LHC, *voir* Lumière, complexes collecteurs de
 LHC-II, 908–909, 909F
 Liaison, ADN de, 1485
 Liaison, histones de, 1487
 Liaison, modules de, **705–711**
 Liaison, nombre de, 1158, 1162
 Liaison, protéines de, 375
 Liaison, spécificité de, et purification de protéines, 132
 Liaisons hydrogène courtes, fortes, 536
 Libération, facteurs inhibiteur de la, 682
 Libre, énergie, d'activation, 486, 487
 Libre, énergie, de formation, 59–60, 59T
 Libreman, H., 921
 Liddington, R., 1582
 Lienhard, G., 515
 Life Science Directory, 194–195
 Li-Fraumeni, syndrome de, 1569
 Lig, gène, 1451T
 LigA, 1187
 Ligament, 235
 Ligand, canaux contrôlés par, 771–772
 Ligand, liaison sensible au, 606
 Ligands
 équation d'Adair, **348–349**
 dans la chromatographie d'affinité, 142, 142F
 équation de Hill pour leur liaison, **326–328**
 Ligases, 479T
 Ligation chimique native, 209, 209F
 Lignine, 369
 Lignocérique, acide, 387T, 958
 Lilijas, A., 1385
 Liljas, L., 1444
 LIM kinase, 1659
 Lima, C., 1327
 LIN-14, protéine, 1326
lin-4, gène, 1326
 lincARN, (grand ARN intergénique non codant), 1569–1570
 lincARN-p21, 1569–1570
 LINE (longs éléments nucléaires dispersés), 1501, 1501T
 LINE (longs éléments nucléaires intercalés), 1246, 1249
 LINE-1 (L1), 1501, 1501T
 LINE-2 (L2), 1501, 1501T
 LINE-3 (L3), 1501, 1501T
 Lineweaver-Burk, représentation de, **490**, 490F, 494F–496F, 499F, 500F
 Linoléique, acide, 386, 387F, 387T, 950F, 971
 α-Linolénique, acide, 387F, 387T, 971, 994
 γ-Linolénique, acide (GLA), 387T, 994
 Lipase, 153T, 941–942, 941F
 Lipides monocaténares, 394, 394F
 Lipides, 15, 16F. *Voir aussi* sujets voisins . p.
 ex. : Acides gras
 agrégats, **393–399**
 biosynthèse, 818, 973
 classification, **386–393**
 dans la membrane des thylacoïdes, 902
 et groupes acido-basiques, 48
 fluidité, 388, 397–399
 métabolisme, 561F
 Lipides, maladies de stockage des, 1011, 1013
 Lipides, métabolisme des, 561F, **940–944**
 biosynthèse des acide gras, **961–973**
 cholestérol, **975–993**
 corps cétoniques, **959–961**
 eicosanoïdes, **993–1004**
 oxydation des acides gras, **945–959**
 phospholipides et glycolipides, **1004–1013**
 régulation du métabolisme des acides gras, **973–975**
 Lipides-eau, interfaces, 940–941
 Lipidiques, bicouches, 44F, 395F, 397F. *Voir aussi* Membranes
 diffusion des phospholipides, 396F
 dynamique, 396–399, 397F
 fluidité, 397–399
 liposomes, **395–396**
 micelles, **394–395**, 394F
 Lipidomique, 578
 Lipinski, C., 542
 Lipinski, règle des cinq, 542
 Lipitor, 990–991, 991F
 Lipmann, F., 578, 791, 892
 Lipoamide, dans le cycle de l'acide citrique, 794, 795F
 Lipogénèse, 1096
 Lipoïque, acide, 473T, 794, 795T
 Lipolyse, 1096
 Lipopolysaccharides, 378
 Lipoprotéine lipase (LPL), 450T, 451, 943
 Lipoprotéines
 caractéristiques des principales classes, 449T
 dysfonctions, 456–459
 fonction, **451–456**
 structure, **449–451**
 Lipoprotéines de densité intermédiaire, *voir* IDL
 Lipoprotéines de faible densité, *voir* LDL
 Lipoprotéines de très faible densité, *voir* VLDL
 Liposolubles, vitamines, 474, 993
 Liposomes, 122, **395–396**
 Lipoxine A₂ (LXA₂), 1003F, 1004
 Lipoxine, récepteurs de la, 689
 Lipoxines (LX), 993, **1003–1004**
 15-*épi*-Lipoxine A₄ (15-*épi*-LXA₄), 1004
 5-Lipoxygénase (5LO), 1000
 12-Lipoxygénase (12LO), 1000
 15-Lipoxygénase (15LO), 1000, 1001
 Lipoxygénase-1, 1001
 5-Lipoxygénase, protéine activatrice de la, (FLAP), 1001, 1002, 1002F
 Lipoyllysyle, bras, de la dihydrolipoyl déshydrogénase, 797
 Lipscomb, W., 476
 Liquide de scintillation, comptage avec, 572
 Lisse, muscle, **1654–1656**, 1655F
 Lithgow, T., 445
 Lithium, ion, 45T, 1158
 LKB1, 1096
 L-Malate, 481, 947
 L-Méthylmalonyl-CoA, 567
 LMM (méromyosine légère), 1642
 5LO (5-lipoxygénase), 1000
 12LO (12-lipoxygénase), 1000
 15LO, *voir* 15-Lipoxygénase
 Locus, région de contrôle de, (LCR), 1537, 1538
 Lod score (log des odds), 198
 Loewenstein, W., 416
 Log des odds (Lod), 198
 Log des odds, matrice de substitution, 198
 Logan, D., 1385
 Lohman, T., 1186
 Lon, 1419

- London, forces de dispersion de, 260–261, 261F
- Longévité, et restriction calorique, 1101
- Longs éléments nucléaires dispersés, *voir* LINE
- Longues répétitions terminales (LTR), 1245–1246
- Lopez, A., 717
- Lord, R., 1155
- Lorimer, G., 300
- Lourdes, chaînes
de dynéine, 1675F, 1675–1676
de myosine, 1641
d'immunoglobine, *voir* Immunoglobine, chaînes lourdes (H)
- Lovastatine, 990, 991F
- Lowe, syndrome de, 735
- Lowenstein, J., 1132
- Lowry, T., 45
- loxP*, gène, 1244
- β -LPH, 1548, 1548F
- LPL, *voir* Lipoprotéine lipase
- L-Rhamnose, 365
- LRR (répétitions riches en leucine), 1412
- LSD1 (déméthylase 1 lysine-spécifique), 1545
- LT (entérotoxine thermolabile), 696
- LTA₄ (leucotriène A₄), 1000
- LTB₄ (leucotriène B₄), 1001
- LTC₄ (leucotriène C₄), 1001
- LTC₄ synthase, 1001
- LTD₄ (leucotriène D₄), 1001
- LTE₄ (leucotriène E₄), 1001
- L-Thréonine, 75, 76, 76F
- LTR (longues répétitions terminales), 1245–1246
- LTR de rétrotransposons, 1501, 1501T
- Lu, P., 1294
- Luciférase, 183
- Luciférine, 183
- Ludwig, M., 1036, 1037, 1125
- Luger, K., 1485
- Lührmann, R., 1314, 1315
- Luisi, B., 800
- Lumière, absorption de la, 903–909
- Lumière, complexes collecteurs de, (LHC), 906–909, 908F
- Lupus érythémateux systémique, 1204, 1312, 1610
- LX, *voir* Lipoxines
- LXA₄, *voir* Lipoxine A₄
- 15-*épi*-LXA₄ (15-*épi*-lipoxine A₄), 1004
- LXCXE, motif de séquence, 1572–1573
- Lyases, 479T
- Lycopènes, 905F, 907
- Lydon, N., 719
- Lymphocytes, 1607
- Lymphocytes auxiliaires, 545–546
- Lymphocytes B (cellules B), 1482F, **1607**, 1609, 1622–1624
- Lymphocytes T, 123, 292–293, 671
- Lymphocytes T, récepteur, 724
- Lymphoïdes, tissus, 1607
- Lymphome canin, anticorps murins contre le, 1614F
- Lyn, tyrosine kinase, 1622
- Lynen, F., 791
- Lyophilisation, 141
- Lys, *voir* Lysine
- Lysate, 130
- Lyse du caillot sanguin, 1606–1607
- Lyse, 27, 130
- Lysidine, 1347F, 1352
- Lysine
acide aminé essentiel, 1065T
biosynthèse, 1072–1073, 1075
chaîne latérale, 71, 208F, 264T
clivage catalysé par la trypsine, 170
codons, 100T, 1343T
dans les protéines natives dépliées, 283
dégradation, 1040–1041
demi-vie, 1413T
et suppresseur de codon non sens d'*E. coli*, 1362T
groupe amino, 208F
point isoélectrique, 72
structure et propriétés générales, 69T
tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
- Lysine-spécifique, déméthylase 1 (LSD1), 1545
- Lysogènes, 1448
- Lysogénie, **1448–1449**, 1459
- Lysogénique, mode, 1243
- Lysogénique, mode, du bactériophage λ , 1449F
dans le cycle biologique du phage, 1448–1449
intégration et excision de l'ADN, 1460, 1460F
protéine Cro et répresseur cI, 1461
rôle de *gpcII*, 1461–1462
- Lysolécithine, 452
- Lysophosphatidique, acide, 971
- Lysophospholipase A2, 942
- Lysophospholipides, 942
- Lysosomale, protéase, 525T
- Lysosome secondaire, 455F
- Lysosomes, 7F, 9–10, **1408–1409**
dans la voie sécrétoire, 420, 421F
et formation de vésicules, 428–440
et fusion de vésicules, 440–445
fonctions métaboliques, 562T
- Lysozyme, 470, 479, **517**
dans les maladies amyloïdes, 310–311
du blanc d'œuf de poule, 275–276, 276T, 470, 517–525, 517F, 518F
état de transition, 523F
et paroi des cellules bactériennes, 376
interactions avec le substrat, 510F
intermédiaire covalent du, 524F
mécanisme catalytique, **520–525**, 521F
point isoélectrique, 134T
pour la solubilisation des protéines, 130
structure, **517–520**
- Lysozyme, amyloïdose du, 310
- Lysozyme, mécanisme catalytique de différentes souches, 522–523
- Lysozyme de blanc d'œuf de poule (HEW), 275–276, 276T, 470, **517–525**, 517F, 518F, 524F
anticorps monoclonal contre lui, 1616, 1616F
- LysRS, 1351
- Lysyl hydroxylase, 240, 1405
- Lysyl oxydase, 238, 240
- Lysyle, groupe, 73T
- Lytique, mode, 1243
- Lytique, mode, du bactériophage λ , **1448–1454**, 1449F
antiterminaison, 1452–1454
dans le cycle biologique du phage, 1448–1449
expression des gènes, 1452F
phases, 1450–1452
réplication de l'ADN, 1454, 1454F
- α -Lytique, protéase, 525T
- L- α , Acides aminés, 75, 75F, 226
- L κ (leader), segment, 1617
- M**
- M, disques (lignes M), du muscle, **1640**, 1648
- M, gène, 1451T, 1459
- M, phase, **1202**, 1206, 1481, 1563, 1564
- M, protéine, 1648
- M1 (protéine 1 de matrice), 1468–1469
- m¹A (1-Méthyladénosine), 1347F
- M2 (protéine 2 de matrice), 1468, 1469
- m₂²G (N²,N²-Diméthylguanosine), 1347F
- m³C (Méthylcytidine), 1347F
- m⁴C(N⁴-Méthylcytosine), résidu, 1246
- m⁵C (5-Méthylcytosine), résidu, 1246
- m⁵C-MTase, *voir* 5-Méthylcytosine méthyltransférase
- m⁶A (N⁶-Méthyladénine), 1246
- M6P/IGF-II, récepteur de, 890
- m⁷G, *voir* N⁷-Méthylguanosine
- m⁷GDP, 1378
- MAC (complexe d'attaque membranaire), 1634, **1636–1638**
- MacKinnon, R., 751, 752, 755, 774
- MacLeod, C., 86
- Macrocytes, 1064
- Macrofibrilles, 234, 234F
- α_2 -Macroglobuline, 154F
- MacroH2A1, 1513
- Macromolécules, 15, 16F, 17, 257
- Macrophages, 381, 457, 671, 1575, **1607**
- Macrophages, facteur de stimulation des colonies de, (M-CSF), 717
- Magnésium, ion, 45T, 1158, 1308–1309
- Maintenance structurelle des chromosomes (SMC), protéines de, 1491–1492, 1493F
- Mais :
chloroplaste, 902F
et pellagre, 474
maïs Bt, 122
transposons, 1236, 1244
- Mais, pyrale du, 122
- Makowski, L., 1597
- Maladie du pied et de la bouche, 1440
- Maladie du sommeil africaine, 799
- Maladies moléculaires, **185–187**
- Malaria, 187–188, 343, 898, 1058
et polymorphisme du CMH, 1632
thalassémie et résistance à, 1510
- Malate, 790F, 791, **813**, 936
- Malate déshydrogénase, 876, 947
dans le cycle de l'acide citrique, 790F, 791, **813**
masse moléculaire, 140F
- Malate déshydrogénase, décarboxylation de la, 956
- Malate synthase, 880
- Malate-aspartate, transporteur du, 827, 827F
- Malate- α -cétoglutarate, transporteur, 827
- Malathion, 527
- MALDI (désorption/ionisation au laser assistée par une matrice), 172–173
- Mâle, cellules, de mammifères, 1512, 1512F
- Maligne, transformation, 1211–1212
- Malignité, 1514–1563
- Malique, enzyme, 956
- Malonate, 493, 791, **811**
- Malonique, semialdéhyde, 1136F
- Malonyl/Acétyle-CoA-ACP transacylase (MAT), 964
- Malonyl/palmityl transférase (MPT), 967
- Malonyl-CoA, 961, 1136F

- MaLR, 1501T
 Maltodextrines, 749
 Maltoheptose, 640F
 Maltoporine, **749–750**, 749F, 1448
 Maltose, 367, 367F
 Maltose phosphorylase, 501
 Maltose, protéine de liaison au, 300
 Maltotriose, 370
 Mammifères. *Voir aussi les différentes espèces.*
Voir aussi les différents types
 adénylation cytoplasmique des ARNm, 1402
 ARNm, 1302
 cellules femelles et mâles, 1512, 1512F.
 clonage, 1251
 code génétique, variations mitochondriales
 par rapport au code standard, 1344T
 composition en bases de l'ADN, 84
 empreinte génomique, 1251
 endocytose dépendante des récepteurs des
 LDL, 986, 986F
 évolution, 1550
 fermentation homolactique, **614–615**
 gènes d'histones, 1505
 glycogène synthase, 645
 groupe des gènes de globines, 1508
 kératine, 232–233
 métabolisme des isoprénoides, 976F
 méthylation des CpG, 1249
 myoglobine, 324
 particules de reconnaissance du signal, 422
 POH1, 1418
 protéines HMG, 1535
 réplication de l'ADN mitochondrial, 1207,
 1207F
 snoARN, 1329
 stratégies de métabolisme énergétique,
1088–1090
 virus de la grippe, 1471
 vitesse de mutation, 192
 voies apoptotiques, 1573–1574
 Man, *voir* Mannose
 Mandelkow, E., 1668
 Mandelkow, E.-M., 1668
 Mandibule (Md), segment d'embryon de
Drosophila, 1552
 Manganèse, ion, 1158
 Maniatis, T., 1306, 1532
 Manley, J., 1312
 Mannose, 630, 633, 633F, 747T
 Mannose, lectine de liaison au, (MBL), 1638
 Mannose, oligosaccharides riches en, 888
 Mannosidase, 366
 MAP (protéine activée par les mitogènes)
 kinase, 712–714, 1572, 1580
 MAP (protéines associées aux microtubules),
 1666
 MAP kinase kinase (MKK), 713
 MAP kinase kinase kinase (MKKK), 713
 MAP kinases, cascades de signalisation des,
712–714
 MAR (régions associées à la matrice), 1491,
 1538–1539
 Marée rouge, 777, 939
 Margarique, acide, 1018
 Margoliash, E., 189
 Margulis, L., 9
 Markov, modèles cachés de, (HMM), 202
 Marmorstein, R., 1528, 1541, 1543, 1570, 1573
 Marmur, J., 93
 Marquage (bref) par un pulse, 1175F
 Mars, 39
 Martin, A., 144
 Martius, C., 791
 Mas37, 449
 MASP-1 (protéase à sérine 1 associée à
 MBL), 1638
 MASP-2, 1638
 Masquage de l'ARNm, 1401–1402
 Masse moléculaire, 5*n*
 dans le séquençage des protéines, 169
 par chromatographie de filtration sur gel,
 138, 139, 140F
 par SDS-PAGE, 150, 151F
 Masey, V., 801
 Mastocytes, 372
 MAT (malonyl/acétyl-CoA-ACP transacy-
 lase), 964
 Maternel, gènes à effet, 1552, 1553F
 Matrice des cotes de parenté, 198
 Matrice, 9, 445, 448, 824, 825F
 Matrice, brin, 96, 102F
 Matrice, désorption/ionisation au laser assis-
 tée par une, (MALDI), 172–173
 Matrice, liaison de l'ARNP à la, 1266–1267,
 1266F
 Matrice, peptidase de maturation de la,
 (MPP), 447
 Matrice, protéine 1 de la, *voir* M1
 Matrice, protéine 1 de, (M1), 1468–1469
 Matrice, protéine 2 de, (M2), 1468, 1469
 Matrice, régions associées à, (MAR), 1491,
 1538–1539
 Matrice, régions associées à la, *voir* MAR
 Matrices de points, alignement de séquences
 utilisant des, 196–197, 197F
 Matrices de score position-spécifiques, 202
 Matriciel, espace, 9
 Mattevi, A., 1066
 Matthaei, H., 1341, 1343
 Matthews, B., 282, 1462
 Matthews, D., 1128
 Matthews, R., 1036, 1037
 Mattick, J., 1504
 Maturation, 1549, 1549F
 Max, domaine de liaison à l'ADN de, 1530,
 1531F
 Maxillaire (Mx), segment de l'embryon de
Drosophila, 1552
 Maximum de parcimonie (MP), critère de
 construction d'arbres, 205
 Maximum de vraisemblance (ML), critère de
 construction d'arbres, 205
 Mayer, R., 901
 Mb, *voir* Myoglobine
 MBD (domaine de liaison aux méthyl-CpG),
 1249
 MBL (lectine de liaison au mannose), 1638
 MBL, serine protéase 1 associée à, (MASP-
 1), 1638
 MB-lectine (lectine de liaison au mannose),
 voie, du système du complément, 1633,
 1633F, **1638**
 MCAD (déshydrogénase des acyl-CoA à
 chaîne moyenne), 948
 McArdle, maladie de, 644, 667
 McCarty, M., 86
 McClintock, B., 1236
 McDermott, A., 604, 606
 McKnight, S., 1529
 MCM, complexe, 1205, 1206
 Mdm10, *voir* DDK
 Mdm2, 1205
 Mdm3, 1205
 Mdm4, 1205
 Mdm5, 1205
 Mdm6, 1205
 Mdm7, 1205
 MCP (cofacteur membranaire de protéolyse),
 1639
 MCPA-CoA (méthylène-cyclopropylacétyl-
 CoA), 948, 948F
 McPherson, A., 1440
 M-CSF (facteur stimulant les colonies de
 macrophages), 717
 Md, segment d'embryon de *Drosophila*,
 (mandibule), 1552
 Mdm10, 449
mdm2, gène, 1569
 Mdm2, protéine, 1569, 1570
 MDPK (protéine kinase de la dystrophie
 myotonique), 1252
 MDR (résistance multidrogue), transporteur,
 766–767
 Mécanisme des réactions organiques, **562–569**
 Médiateur, **1533**, 1533F
 Médiateurs locaux, 671
 Médicament, découverte, **539–541**
 Médicaments, 78, 396, 968
 Médicaments, conception structure-dépen-
 dante, 541
 Médicaments, conception, **539**
 basée sur la structure, 541
 cytochromes P450, 543–545
 pharmacologie, **542–545**
 protéase de VIH et ses inhibiteurs, **545–551**
 techniques de découverte, **539–541**
 Médicaments, interactions entre, 544
 MedLine, 35, 195
 Medulla, 679
 Mégacaryocytes, 1593
 Méga-dimère, 1050
 Mégalo-blastique, anémie, 474T
 Méiose, **20**, 21F, 24F, 1224
 Meister, A., 1061
 MEK, 713
 MEKK1, 714
 Mélanine, 1046
 Mélanocytes, 1662
 α -Mélanocytes, hormone stimulante de, (α -
 MSH), 1548F, 1549
 Mélanosomes, 1662
 α -Mélanotrope, hormone (α -MSH), 1099
 Mélézitose, 385
 Mello, C., 1323
 Memapsine 2, 547
 Membranaire, cofacteur, de protéolyse
 (MCP), 1639
 Membrane externe, 6
 Membrane, anticorps lié à la, 1622–1623
 Membrane, potentiel de, 447, **745**
 Membranes
 assemblage et adressage des protéines,
418–449
 composition, 398T
 des érythrocytes, **411–414**, 411F
 distribution des lipides, **419–420**
 équilibre de Donnan, 787
 et groupes sanguins, **414–415**
 fonction, 386
 formation de vésicules, **428–440**
 fusion de vésicules, **440–445**
 jonctions communicantes, **415–416**
 modèle de la mosaïque fluide, **408–411**
 voie sécrétoire, **420–428**
 Mémoire, cellules B, 1609

- Mémoire, cellules T, 1609
 Ménadione (vitamine K₃), 1599F
 Ménaquinone (vitamine K₂), 910, 1599F, 1601
 Mendel, G., 20–22
 Mendélienne, hérédité, **20–22**, 107F
 Menstruation, 1574
 Menstruel, contrôle du cycle, **683–684**
 Menten, M., 488
 2-Mercaptoéthanol, 168
 6-Mercaptopurine, 1142
 Méromyosine légère, (LMM), 1642
 Mérozygote, 1263
 Merrifield, B., 206, 208
 Mertz, J., 109
 Meselson, M., 90, 1173, 1264
 Mésoenchyme, 1550
 Méso, forme, 76
 Méso-Cystine, 76, 76F
 Mésoderme des amphibiens, 1549F
 Mésophiles, 266
 Mésophylle, cellules du, 904
 Mésosomes, 4, 4F
 Messenger, ARN, voir ARNm
 met, répresseur de, 1290–1291, 1291F
 Met, voir Méthionine
 Métabolique, adaptation, 1102–1104
 Métabolique, analyse du contrôle, **620–624**
 Métabolique, contrôle, **619–621**
 Métabolique, flux, 620, 624
 Métabolique, régulation, 619
 Métabolique, syndrome, 1104
 Métaboliques, inhibiteurs, 569
 Métaboliques, voies, 14, 17, **559–562**
 dans cellules, 560F
 éliminations, isomérisations, et réarrangements, **566–567**
 et liaisons carbone-carbone, **567–569**, 568F
 évolution, 34
 logique chimique, **563–565**
 mécanisme des réactions organiques, **562–569**
 métabolisme énergétique, **1088–1090**
 organites impliqués, 562T
 oxydations et réductions, **565–566**
 réactions de transfert de groupe, **564–565**
 spécialisation inter-organe, **1090–1095**
 Métabolisme, 559. Voir aussi les différents types de métabolisme
 biologie des systèmes, **576–578**
 cellules cancéreuses, 864–865
 erreurs innées, 26
 et thermodynamique du vivant, **586–589**
 étude expérimentale, **569–575**
 études isotopiques, **572–575**
 inhibiteurs métaboliques, études de croissance et génétique biochimique, **569–572**
 organes, cellules et organites subcellulaires impliqués, **575**
 réactions d'oxydation-réduction, **584–586**
 thermodynamique des composés phosphorylés, **578–583**
 Métabolisme, erreurs innées du, 26
 Métabolites, 559
 Métabolites, protéines transporteur de, 448
 Métabolome, 576
 Métabolomique, **578**
 Métabolons, 595, 817
 Métalloenzymes, 511
 Métallothionéine IA, 1522
 Métallothionéine IIA, 1522, 1522F
 Métamorphose
 de l'embryon de *Drosophila*, 1552
 des amphibiens, 1549F
 Métaphase
 chromosomes métaphasiques, 1482, 1482F
 chromosomes métaphasiques humains, 1492F
 cohésine et condensine dans les chromosomes métaphasiques, 1491–1494
 déplétion d'histones dans les chromosomes métaphasiques, 1491F
 Métaphase, 20F, 21F
 Met-ARN_t^{Met}, 1373–1374
 Met-ARN_t^{Met}, 1376, 1401
 Métastase, 703
 Métaux, enzymes activés par les, 511
 Métazoaires, 12, 1202, 1206–1207
 Métazoaires, expression de gènes étrangers chez, 1511–1512
 Met-encéphaline, 673T, 685
 Méthane, 32, 42
Methanococcus jannaschii, 424, 425F
Methanococcus, 7F
 Méthanogènes, 6
 Méthanol, 43T, 505
Methanothermobacter, histones, 1486
 Méthémoglobine (méthb), 324, 342
 Méthémoglobine réductase, 324–325
 Méthémoglobinémie, 342
 N⁵,N¹⁰-Méthényltétrahydrofolate, voir MTHF
 Méthionine
 acide aminé essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1072–1073, 1075
 chaîne latérale, 70, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les protéines globulaires, 246
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dégradation, 1034–1039
 demi-vie, 1413T
 structure et propriétés générales, 68T
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
 Méthionine sulfone, 1066
 Méthionine synthase, 955, 1037
 Méthionyl-ARN_t synthétase (MetRS), 100, 1352
 Méthotrèxate, 445, 492–493, 1129
 Méthotrexate, amplification de gène et, 1507
 Méthyl arachidonyle fluorophosphonate, 405F
 Méthyl silicose, 31
 N⁵-Méthyl-tétrahydrofolate, 1034, 1062
 Méthyl thiocyanate, 170
 5-Méthyl-dC, 85
 9-Méthyladénine, 1156F
 N⁶-Méthyladénine (m⁶A), résidu, 1246
 1-Méthyladénosine (m¹A), 1347F
 Méthylamine méthyltransférase, 1361
 ω -N-Méthylarginine, 79F
 α -Méthylaspartate, 1033F
 5-Méthylecytosine (m⁵C), résidu, 1246, 1502
 5-Méthylecytosine méthyltransférase (m⁵C-MTase), 1247–1248, 1247F
 N⁶-Méthyl-dA, 85
 Méthylation de l'ADN, **1246–1252**
 Méthylation des histones, 1539, 1540, **1544–1545**
 Méthylation, analyse de, 366
 Méthylation, entretien de la, 1249–1251, 1249F
 Méthylcobalamine, 1037
 Méthyl-CpG, domaine de liaison aux, (MBD), 1249
 β -Méthylcrotonyl-CoA carboxylase, 962
 Méthylcytidine (m³C), 1347F
 N⁴-Méthylcytosine (m⁴C), résidu, 1246
 Méthyl-D-glucosides, 363F
 α - β -Méthylène-ADP, 1108F
 N,N'-Méthylènebisacrylamide, 147, 147F
 Méthylène-cyclopropylacétyl-CoA, voir MCPA-CoA
 N⁵-N¹⁰-Méthylène-tétrahydrofolate, 1031, **1062**
 N⁵-N¹⁰-Méthylène-tétrahydrofolate réductase (MTHFR), 1035–1037
 Méthylglyoxal, 606
 N⁷-Méthylguanosine (m⁷G), 1302, 1347F
 3-Méthylhistidine, 79F
 Méthylmalonique, acidurie, 955
 Méthylmalonique, semialdéhyde, 737F
 Méthylmalonyl-CoA mutase, 567, 953–956, 954F, 955F, 957F
 Méthylmalonyl-CoA racémase, 953
 Méthylmalonyl-CoA, 1136F
 (S)-Méthylmalonyl-CoA, 952, 952F, 953
 Méthylphosphonate, 1402
 Méthyl-p-nitrobenzène sulfonate, 536–537
 4-Méthylumbelliféryl-D-N-acétylglucosamine, 1011
 5-Méthyluracile, voir Thymine
 MetJ, 1290
 Metmyoglobine (metMb), 324
 Metmyoglobine réductase, 325
 MetRS, voir Méthionyl-ARN_t synthétase
 Metzler, D., 1021
 Mevacor, 990, 991F
 Mévalonate, 977
 Mévalonate-5-phosphotransférase, 977
 Mévalonolactone, 987
 Mevinoline, 990
 Meyerhof, O., 595
 Mfd, protéine, 1218
 MFS (superfamille des facilitateurs majeurs), 751
 Mge1, 447
 M.HhaI, 1248, 1250
 M.HhaI, ADN méthyltransférase, 1248F
 mHsp70, 447
 miARN (microARN), 1325–1326
 Micellaire, concentration critique, (cmc), 394
 Micelles, 44, 44F, 51, **394–395**, 394F
 Micelles inversées, 51
 Michaelis, complexe de, 488
 Michaelis, constante de, (K_M), 489
 Michaelis, L., 488
 Michaelis-Menten, cinétique de. :
 dépendance du pH, 496–497
 dérivées, 501–503
 enzymatique, 489T
 inhibition, 493–496
 Michaelis-Menten, équation de, **488–491**, 488F
 Michel, H., 403, 840, 907, 910
 MicroARN (miARN), 1325–1326, 1569
 Microcalorimètre à balayage, 59
 Microcinématographie à contraste différentielle, 1671
 Micrococcale, nucléase, 1484, 1484F
 Microcorpuscules (peroxysomes), 10
 Microdomaines, 410
 Microfibrilles, 234, 234F
 Microfilaments, 10, 1656F, **1656–1660**, 1657F

- Microhétérogénéité, 373
 Micropyle, 1551F
 Microsatellites, 1500
 Microscopie à force atomique, (AFM), 376
 Microsomes, 154F, 883, **1362**
 Microsporidiae, 7F
 Microtubules, 10, 1664F, **1664–1668**
 dans les cil et flagelle des eucaryotes, **1673–1676**
 déplacement d'organites sur les microtubules, 1672F
 et drogues antimitotiques, 1667–1668
 et dynéines, **1670–1676**
 et kinésines, **1668–1673**
 instabilité, **1666–1667**
 moteurs associés aux microtubules, **1668–1676**
 structure et assemblage, 1665F, 1665–1666, 1666F
 tubuline, **1664–1665**
 Microtubules, protéines associées aux, (MAP), 1666
 Microvilli, 38
 Microvillosités, 1658
 Miescher, F., 85
 Migration, vitesse de, (chromatographie sur papier), 144
 Miles, E., 1076
 Milieu extérieur, 52
 Miller, C., 774
 Miller, S., 32–33
 Miller–Urey, expériences de, 32T
 Milligan, R., 1650
 Milstein, C., 420, 1613
 Mimétisme macromoléculaire, 1386
 Mimivirus, 1429
 Minéralocorticoïdes, 673T, 680, 991, 1525
 Minichromosome de SV40, 1443, 1537, 1537F, 1592
 Minichromosomes (double minute), 1507
 Minisatellites, 1500
 Minot, G., 956
 MIR, 1501T
 MIR3, 1501T
 miR-34a, 1569
 miRBase Database, 1326
 Mitchell, P., 846
 Mitochondrial, ADN, voir ADNmt
 Mitochondriale, facteur stimulant l'importation, (MSF), 445
 Mitochondriale, membrane externe, 398T
 Mitochondriale, protéine trifonctionnelle, 948–949
 Mitochondriaux, famille de transporteurs, 771
 Mitochondrie, 7F, 9, 11F, 16F, **823–828**, 825F
 adressage des protéines vers, **445–449**
 anatomie, 824, 825F
 appariements flottants (wobble) de l'ARNt, 1361
 coefficient de sédimentation, 154F
 composition lipidique des membranes dans le cœur de bœuf, 398T
 cycle de l'acide citrique, 809, 815
 du foie de souris, 833F
 fonctions métaboliques, 562T
 gluconéogenèse, 876–877, 877F
 importation des protéines, 445, 446F
 membranes, 853F
 photorespiration, 935
 site de biosynthèse de l'hème, 1054
 systèmes de navette cytoplasmique, 827–828
 systèmes de transport, 824–828, 826F
 transport d'acétyl-CoA, **968–969**
 transport des acides gras, 946–947, 946F
 Mitogènes, 1202, 1401, 1564, 1572
 Mitogènes, protéine kinase activée par les, (MAP), 712–714
 Mitose, **20**, 20F, 1202, 1563–1565
 Mitotique, fuseau, 10, 20, 1202, 1500
 MJ33, 943
 MK0886, 1001
 MK-591, 1001–1002, 1002F
 MKK (MAP kinase kinase), 713
 MKK4, 714
 MKK7, 714
 MKKK (MAP kinase kinase kinase), 713
 MKKK kinase (MKKKK), 714
 ML (maximum de vraisemblance, critères de construction d'arbres), 205
 MLCK (kinase de chaîne légère de myosine), 1655
 MLCK (kinase de la chaîne légère de la myosine), 656
 MLK3, 714
 MM3, gène, 1558, 1559F
 MMDB, voir Molecular Modeling Database
 mMED, 1533
 MNNG (*N*-méthyl-*N'*-nitro-*N*-nitrosoguanidine), 1215–1216
 MO-10, gène, 1558
 Mobile, phase, 135
 Mobiles, éléments génétiques, 1225–1236
 Mobilité, 45–46, 45F, 45T, 745
 Mod(mdg4), 1538, 1539F
 Modélisation comparative, (par homologie), 304–305
 Modifications hôte-spécifiques, 104
 Modriche, P., 1220
 Modulateur, 348
 MoFe, protéine à, 1080–1081
 Mohammadi, M., 701
 Moisissures, 7F, 13F
 Moléculaire, archéologie, 116
 Moléculaire, biologie, 95, 95F, 1260
 Molecular Modeling Database (MMDB), 256T, 258
 Molécularité des réactions, 483
 Mollusques, 13F
 Molybdoptérine, complexe, (Mo-pt), 1132
 Mondragón, A., 1164–1165, 1331
 Monères, 6
 Monoclonaux, anticorps, 119–120, 131–132, 143, 1613–1614
 contre le lysozyme de blanc d'œuf de poule, 1616, 1616F
 production, 1614F
 Monocyclique, cascade, 650
 Monod, J., 349, 1262, 1264–1265
 Monogalactosyl diacylglycérol, 902
 Monoglutamate de sodium, (MSG), 1064
 Monoxygénases, 543
 Monoprotiques, acides, 49
 Monosaccharides, **359–363**. Voir aussi les différents Monosaccharides
 Monotopiques, protéines, 404, 426
 Montagnier, L., 545
 Moody, P., 1216
 Moore, P., 1365, 1366, 1383
 Mo-pt (complexe molybdoptérine), 1132
 Moras, D., 1357, 1521
 Morgane, T. H., 23, 24
 Morikawa, K., 1199, 1231
 Morphéines, 1050
 Morphogènes, protéines, 1531
 Morphogènes, 1550, 1561–1514
 Mort subite du nouveau-né, syndrome de, (SIDS), 948
 Mort, récepteurs de, 1578
 Mort, complexe de signalisation inducteur de, voir DISC
 Mort, ligands de, 1578
 MORT1 (médiateur 1 de toxicité induite par un récepteur), 1578
 Morula d'amphibien, 1549F
 Mosaïque jaune, protéine du virus de la, 153T
 Most Representative NMR Structure in an Ensemble, 256T
 MotA, 1679
 MotB, 1679
 Motifs, 249–251
 Motilité, **1639–1679**
 actines dans les cellules non musculaires, **1656–1660**
 contraction du muscle strié, **1648–1654**
 flagelle bactérien, **1676–1679**
 microtubules, **1664–1668**
 moteurs associés aux microtubules, **1668–1676**
 muscle lisse, **1654–1656**
 myosines dans les cellules non musculaires, **1661–1664**
 structure du muscle strié, **1639–1648**
 Motilité cellulaire, 1658, 1658F
 Motrice, force, 587
 Mouche du vinaigre, voir *Drosophila melanogaster*
 Mousses, 13F
 Moutarde azotée, 1340
 Mouvements collectifs, 307, 308
 MOZ, 1540
 Mozzarella, A., 353
 MP (maximum de parcimonie), critères de construction d'arbres, 205
 MPA (acide mycophénolique), 1112
 MPF (facteur promoteur de maturation), 1564
 MPP (peptidase de maturation de la matrice), 447
 MPT (Malonyl/palmityl transférase), 967
 Mre11, complexe, 1224
 MS (spectrométrie de masse), 169, 172–174, 172F, 366
 MS/MS, voir Spectrométrie de masse en tandem
 MsbA, 767–768, 767F
 MSF (facteur de stimulation de l'importation mitochondriale), 445
 MSG (monoglutamate de sodium), 1064
 α -MSH (hormone α -mélanotrope), 1099
 α -MSH (hormone α stimulatrice des mélanocytes), 1548F, 1549
 α -MSH (mélanocortine α), 1099
 γ -MSH, 1548F, 1549
 mSos, 709
 MspI, 105T
 MspI, 1249
 MSUD (maladie des urines à odeur de sirop d'érable), 1039
 MTase, 1247–1248
 MTE (motif ten élément), 1521
 MTHF (N^5,N^{10} -méthyltétrahydrofolate), 1129, 1215
 MTHFR (N^5,N^{10} -méthylène-tétrahydrofolate réductase), 1035–1037

- mtHsp70, 447
mTOR (cible de la rapamycine chez les mam-mifères), 734, 738
Mtr3, 1327
Mucine, 381, 890, 890F
Mucopolysaccharides II, 439
Mucopolysaccharides, 371
Mucoviscidose, 122–123, 427–428, 777
Mucus, 381
Mue, de l'embryon de *Drosophila*, 1552
Mule, 1251
Müller-Hill, B., 1284, 1294
Mullis, K., 114
Multicellulaires, organismes : difficulté d'étude de l'expression de leurs gènes, 1511
modifications d'histones, 1540
Multicellulaires, organismes, 12, 34, 1202.
Voir aussi les différents organismes
Multidroque, résistance, (MDR) transporteur, 766–767
Multienzymatiques, complexes, 792, 794
Multiplécité d'infection, 1461
Munc18, 441
Mupirocine, 1356, 1356F
Muréine, 376
Murphy, W., 956
Murzina, N., 1545
Musacchio, A., 708
Muscle, 10, 1639. Voir aussi Lisse, muscle ; Strié, muscle
et autres organes, 1091–1093, 1091F
et cycle de l'acide citrique, 792, 817
et glycolyse anaérobie, 615
et protéine kinase AMP-dépendante, 1096, 1097F
et régulation de la capture du glucose, 751F
et régulation de la glycolyse, 624–630
et variations d'énergie libre de la glycolyse, 625T
fibres lentes et rapides, 619
protéines fibreuses, 232
stockage du glycogène, 638–639, 667
utilisation du fructose, 630
Muscle, maladie de déficience de la glycogène synthase, 668
Muscle, modèle du bateau à rames pour le cycle contractile, **1650–1652**
Muscle squelettique, 1091–1092
Musculaire, fatigue, 615, 1092–1093
Musculaires, fibres, 1640, 1640F, 1641F
Mutagènes, 104, 570
Mutagènes chimiques, 1181, 1339–1340
Mutagenèse, 119–120, 1224–1225, 1225F
Mutagenèse chimique, 1339–1340
Mutagenèse site-dépendante, 119–120
Mutarotation, 362–363, 507–508
Mutase, 610
Mutation constitutive, 1262
Mutations
dans la réplication de l'ADN, 102
dynamique, 1251–1252
et évolution, 18–19, 185
et virus, 27, 27F
nature aléatoire, 195
non sens, 1362
ponctuelle, **192**, 1339–1340
up et down, d'augmentation et réduction, 1266
vitesses de, 192
Mutations dynamiques, 1251–1252
Mutations ponctuelles, **192**, 1339–1340
Mutations ponctuelles et β -thalassémies, 1511
Mutations réductrices (down), 1266
MutH, 1220
MutL, 1220
MutS, 1220
MWC, modèle des interactions allostériques, 349–351
Mx, segment, d'embryon de *Drosophila* (maxillaire), 1552
Myasthénie sévère, 781, 1610
MyBP-C (protéine C de liaison à la myosine), 1648
Myc, 1540, 1514
et bHLH, 1530
et p53, 1570
Myc, 713, 737F
Mycobacterium leprae, 1234
Mycobacterium tuberculosis, 177T
Mycobacterium xenopi, 1407, 1407F
Mycophénolique, acide (MPA), 1112
Mycoplasma genitalium, 177T
Mycoplasma hominis, 94T
Mycoplasma, 4F
Mycoplasmes, 6
Myéline, 398T, 777
Myéline, gaine de, 398T
Myélinisation, 777–778, 778F
Myélome, 131
Myélome multiple, 1612
Myélome, protéine de, 1612
fixation de l'antigène, 1615
repliement de la chaîne légère, 1615F
Myoadénylate désaminase, déficience en, 1132
Myocarde, infarctus du, 456, 865
Myofibrilles, 1641F, 1654F
anatomie, 1641F
assemblage et intégrité, 1647–1648
contraction, 1649F
définition, 1640
filaments épais et fins, 1641F
Myoglobine (Mb), 323, **331–332**, 332F
alignement de séquences, 197F
carte de densité électronique, 242F
chaînes α et β , 332T–333T
conformation, 306F
constantes physiques, 153T
dans les simulations de dynamique moléculaire, 308F
duplication de gène, 193–194
et détoxification de l'oxyde nitrique, 325
hélice α , 227F
hélice H, 248F
liaison de l'oxygène, 325–326, 326F
masse moléculaire, 140F
mobilité, 308F
point isoélectrique, 134T
représentation de Hill, 327F
solubilité dans les solutions de sulfate d'ammonium, 133F
spectre ESI-MS, 173, 173F
structure par rayons X, 241F, 245F
structure tertiaire, 245–246
Myoglobine oxygénée (oxyMb), 325
Myohémérythrine, 1616
myo-Inositol, 364, 389T
Myokinase, 627. Voir aussi Adénylate kinase (AK)
Myoméline, 1648
Myopathie, 1252
Myosine, 10, 301
Myosine I, 1651
Myosine II, 1661
Myosine V, 1651, 1661–1662, 1662F
Myosine Va, 1662
Myosine VI, 1651
Myosine VIIa, 1663
Myosine VIII, 1651
Myosine X, 1651
Myosine XI, 1651
Myosine XIII, 1651
Myosine, phosphatase de la chaîne légère, 1656
Myosine, kinase de la chaîne légère, (MLCK), 1655
Myosine, kinase de la chaîne légère de, (MLCK), 656
Myosine, protéine C de liaison à, (MyBP-C), 1648
Myosines
activité ATPase, **1649–1650**
dans le muscle lisse, 1655
dans les cellules non musculaires, 1661–1664
dans les filaments épais, 1641–1643
et vitesse de contraction musculaire, 1652
interaction avec l'actine, **1650**, 1650F
molécule de myosine, 1642F
mouvement le long des filaments d'actine, **1650–1652**
patron du clivage enzymatique, 1643F
sous-fragment-1 de la myosine, 1643–1644
Myosines non conventionnelles, 1651
Myosines conventionnelles, 1651
Myosines de type II, 1651
Myotonique, dystrophie (DM), 1252
Myotonique, protéine kinase de la dystrophie, 1252
Myristique, acide, 387T, 407
MYST, famille, 1540
Myt1, 1564
Myxobactéries, 13F
Myxothiazol, 849
N
N, gène, 1450, 1451T, 1452
N, régions, des anticorps, 1621–1622
NA (neuraminidase), 1468, 1470, 1471, 1474F, 1474–1475
Na⁺, canaux du, 772, 776–777
Na⁺, thrombine et, 1605
Na⁺, voir Sodium, ion
Na⁺-glucose, sympt. **768–769**, 768F, 769F
NAD⁺ (nicotinamide adénine dinucléotide), 82, 471F, 791, 790F, 766F
biosynthèse, 1137F, 1138
dans la glycolyse, 585, 594F
dans le catabolisme, 561F
dans le cycle de l'acide citrique, 794, 795T
dans le cycle du glyoxylate, 880
dans les réactions d'oxydation-réduction, 565
domaines, 248
et ADN ligase, 1187
et alcool déshydrogénase de levure, 471–472
NAD⁺ kinase, 1137F, 1138
NAD⁺ pyrophosphorylase, 1137F, 1138
NADD, 471
NADH (nicotinamide adénine dinucléotide, forme réduite) :
766F, 766F
comme coenzyme du transfert des électrons, 586
dans la chaîne de transport des électrons, 823, 824F, 828, 829
dans la glycolyse, 585, 594Fa

- dans le catabolisme, 561F
 dans le cycle de l'acide citrique, 789, 791, 819
 dans les réactions d'oxydation-réduction, 565
 dans l'oxydation des acides gras, 950
 et alcool déshydrogénase de levure, 471–472
 NADH déshydrogénase, *voir* Complexe I
 NADH, coenzyme Q réductase, *voir* Complexe II
 NADH-cytochrome *b5* réductase, 971
 NADH-dépendantes, déshydrogénases, 472
 NADP⁺ (nicotinamide adénine dinucléotide phosphate), 471F, 473, 931, 1137F
 NADPH (nicotinamide adénine dinucléotide phosphate, forme réduite) :
 dans la photosynthèse, 902, 926
 dans le cycle de Calvin, 931
 dans les voies métaboliques, 561, 561F
 et activité de l'alcool déshydrogénase de levure, 471F
 et photorespiration, 935
 NADPH-P450 réductase, 543–545
 NAG (*N*-acétylglucosamine), 365, 371, 376, 377F
 dans le peptidoglycane, 377F
 mécanisme catalytique du lysozyme, 517–520, 517F, 522–525
 structure par rayons X, 518F
 vitesses d'hydrolyse, 518T
 Nagai, K., 1314, 1315
 NAG-β(1 → 4)-2-désoxy-2-fluoro-D-glucopyranosyl fluorure (NAG2FGlCF), 524
 Nakamura, Y., 1394
 (Na⁺-K⁺) ATPase (pompe (Na⁺-K⁺)), **758–762**, 761F
 NAM (*N*-acétylmuramique acide), 365, 365F, 376, 377F
 mécanisme catalytique du lysozyme, 517, 517F, 519–520, 522–525
 vitesses d'hydrolyse, 518T
 Namba, K., 1646, 1677
 NANA (acide *N*-acétylneuraminique) et Relenza, 1475
 NANA (acide *N*-acétylneuraminique), 365, 365F, 1010
 Nanisme, 685
nanos, gène (*Drosophila*), 1554, 1555F
 Nanos, protéine (*Drosophila*), 1554
 NAP1 (chaperon moléculaire), 1488
 NAS, *voir* Alignement, score normalisé d', Nash, H., 1460
 NAT, 1533
 Nathans, D., 105
 Native, forme, (ADN), 88
 Natives, protéines, 221, 264
 cristallines, 243
 énergie libre, 57
 formes dépliées, **283–284**, 284F
 repliement dans cette forme, 278
 Navia, M., 549, 724
 NBD (domaine de liaison aux nucléosomes), 1535
 N-CAM (molécule neuronale d'adhérence cellulaire), 1624F
N-Carbamylaspartate, 475
 ncARN (ARN non codants), 1502, 1504
 NCBI (National Center for Biotechnology Information), 35, 201
 N-CoR, 1543
 NDB, *voir* Nucleic Acid Database
 NDP, *voir* Nucléoside diphosphate
 Néandertaliens, 116
 Nébuline, 1648
 Nécrose, 1575
 NEDD8, 1421
 Needleman, S., 199
 Needleman-Wunsch, algorithme d'alignement de séquences de, 199–201, 200F
 Nei, M., 1509
 Nelfinavir, 550F
 Nelson, N., 923
 NEM (*N*-éthylmaléimide), 440–441
 NEM, protéine de fusion sensible à, *voir* NSF
 Nématodes, 13F, 1320. *Voir aussi Caenorhabditis elegans*
 Némethy, G., 352
 NEMO, sous-unité, 1420
 NEP (protéine d'exportation nucléaire), 1469, 1470
 NER, *voir* Réparation par excision de nucléotide
 Nerfs, facteur de croissance des, (NGF), 717
 Nernst, équation de, 584
 Nernst, W., 584
 Nernst-Planck, équation de, 745
 Nerveuse, transmission, 440F
 Nerveux, système, et apoptose, 1573–1574
 Nervonique, acide, 387T
N-Éthylmaléimide (NEM), 440–441
 Neuberger, C., 595
 Neupert, W., 445
 Neural, défauts du tube, 1035
 Neuraminidase, *voir* NA
 Neurocane, 373T
 Neurofibillaires, faisceaux, 311, 312
 Neurofibromatose de type 1 (NF1), protéine de, maladie d'Elephant Man et, 1563
 Neuroglobine, 325
 Neurohypophyse, 683
 Neuromusculaire, jonction, 1653
 Neuronal, NOS (nNOS), 686–687, 687F
 Neuronale, molécule, d'adhérence cellulaire, (N-CAM), 1624F
 Neuronales, membranes, anesthésiques et, 398–399
 Neurones, 12F
 Neuropeptide Y (NPY), 1099
 Neuropeptides, 783–784
Neurospora, 13F, 26
Neurospora crassa, 1319, 1320F, 1344T
 Neurotoxines, 442, 442F, 776–777
 Neurotransmetteurs, 527, **778–784**
 dans des vésicules, 440
 de type acides aminés, 80
 synthèse, 1058–1060
 Neurotransmetteurs, récepteurs des, **778–784**
 Neurotransmission
 canaux ioniques voltage-dépendants, **771–775**
 potentiels d'action, **775–777**
 Neutralisants, anticorps, 1611
 Neutres, solutions, 47
 Neutrophiles, 688
 Newsholme, E., 629, 973
 Nexine, 1674
N-extéine, 1406F, 1407
 NF1 (neurofibromatose de type 1) protéine, maladie d'Elephant Man et, 1563
 NFAT_p, 724
 NF-E2 (facteur nucléaire érythroïde 2), 1523
 NF-E3 (facteur nucléaire érythroïde 3), 1523
 NF-E4 (facteur nucléaire érythroïde 4), 1523
N-Formiminoglutamate, 1034
N-Formylméthionine (fMet), 79, 79F, 1373–1374
N-Formylméthionine-ARNt_{fMet} (Met-ARNt_{fMet}), **1373–1374**
 NFR (régions libres de nucléosomes), 1540F
 NF-κB (facteur nucléaire B), 1414
 NF-κB (facteur nucléaire κB), **1530–1533**, 1532F
 NGF (facteur de croissance des nerfs), 717
 NH₄⁺, *voir* Ammonium, ion
 NHEJ (jonction d'extrémités non homologues), 1223–1224, 1224F
 NHP6A, 1534, 1534F
 Niacinamide, 474
 Niacine, 474
 Nicholls, A., 259
 Nicholson, G., 408
 Nick translation (déplacement de fenêtre), 1181, 1187
 Nicotinamide, 474T, 1137F
 Nicotinamide, coenzymes, 471F, 473T, **1136–1138**
 Nicotinamide adénine dinucléotide phosphate, forme réduite, *voir* NADPH
 Nicotinamide adénine dinucléotide phosphate, *voir* NADP
 Nicotinamide adénine dinucléotide, forme réduite, *voir* NADH
 Nicotinamide adénine dinucléotide, *voir* NAD⁺
 Nicotinamide mononucléotide, *voir* NMN
 Nicotinamide phosphoribosyltransférase, 1137F, 1138
 Nicotinate adénine dinucléotide (désamido NAD⁺), 1138
 Nicotinate mononucléotide, 1137F, 1138
 Nicotinate phosphoribosyltransférase, 1136, 1137F, 1138
 Nicotinate, 1137F
 Nicotine, 778
 Nicotinique, acide, 474
 NIDDM, *voir* Diabète non insulino-dépendant
 Niedergierke, R., 1649
 Niemann-Pick, maladie de, 1013T
 Nierhaus, K., 1373, 1388
 Nigéricine, 869
 NIH, déplacement, 1045
 Nirenberg, M., 1341–1343
 Nitrate réductase, 1083
 Nitrate, ion, 324
 Nitreux, acide, 1339, 1340F
 Nitrification, 1083
 Nitrioloacétique, acide, 857
 Nitrique oxyde synthase, 685–687
 Nitrique, acide, 46
 Nitrique, oxyde, (NO), 324
 détoxification par la myoglobine, 324
 liaison au groupe hème, 324
 rôles hormonaux, **685–688**
 Nitrique, oxyde, et muscle lisse, 1656
 Nitrite, 1340
 Nitrite réductase, 934, 1083
 Nitrite, ion, 324
 3-Nitro-2-(*S*)-hydroxypropionate, 812
 Nitrocellulose, 111, 113
 Nitrogénase, 1080–1082
 Nitroglycérine, 686
 Nitrosamines, 1340
 Nitrosohème, 687

- N-J (Jonction des séquences voisines), méthode pour la construction d'arbres phylogénétiques, 204
 NLS (signal de localisation nucléaire), 1414
N-Méthylalanine, 32T
N-Méthyl-*N'*-nitro-*N*-nitrosoguanidine (MNNG), 1215–1216
N-Méthylurée, 32T
 NMN (nicotinamide mononucléotide), 1137F, 1138, 1187
 nNOS, voir Neuronal, NOS
 NO synthase (NOS), 685–687
 NO, voir Nitrique, oxyde
 NOD (domaine d'oligomérisation des nucléotides), 1580
 NOESY (Nuclear Overhauser effect spectroscopy), 243, 244F
 Nœuds de Ranvier, 777
 Nœuds externes d'arbres phylogénétiques, 203, 203F
 Nœuds internes des arbres phylogénétiques, 203–204, 203F
 Nogales, E., 1519, 1522, 1546, 1664
 NOHA, voir *N*-hydroxyl-L-arginine
 Noller, H., 1364, 1366, 1387, 1388, 1392, 1394
 Nombre de supertorsion d'une hélice, 1159–1160, 1159F
 Nomenclature
 des acides aminés, 72–73
 des enzymes, 479
 Nomura, M., 1365
 Non cétonique, hyperglycémie, 1032–1033
 Non codants, ARN (ncARN), 1502, 1504
 Non conjugué, flux, 587
 Non coopérative, liaison, 327
 Non enracinés arbres, 203F, 204
 Non équilibre, thermodynamique de, 587
 Non essentiels, acides aminés, 1019, **1064–1072**, 1065T
 Non homologues, jonction d'extrémités, voir NHEJ
 Non polaires, acides aminés, 70–71
 Non récepteur, tyrosine kinases (NRTK), 715
 Non sens, codons, 1343
 Non sens, mutations, 1362
 Non sens, suppression de codon, 1362
 Non standards, acides aminés, **78–80**, 79F, 80F
 Non stéroïdiens, médicaments anti-inflammatoires, (NSAIDs), 994, 995, 998–999, 999F
 Non structurale, protéine 1 (NS1), 1469
 Non structurale, protéine 2 (NS2), 1469
 Noonan, syndrome de, 721
 Noradrénaline, 673T, **679–680**, 1046
 contrôle des acides gras dans le tissu adipeux brun, 861
 rôle dans la régulation du métabolisme des acides gras, 973
 rôle dans la régulation du métabolisme du glycogène, 660
 synthèse à partir de la tyrosine, 1058–1060
 Northern, transfert de, (Northern blot), 113
 Northrop, J., 470
 Norwalk, virus, 1444
 NOS endothéliale (eNOS), 686–688
 NOS inductibles (iNOS), 686–688
Notophthalmus viridescens:
 chromosome en écouvillon, 1514F
 gènes d'histones, 1505F
 groupes de gènes en tandem, 1505F
 Nourricières, cellules, embryon de *Drosophila*, 1552
 Novobiocine, 1167, 1169, 1170, 1175
 Noxa, 1580
 Noyau, 3, **8–9**. Voir aussi Réplication de l'ADN
 de la cellule animale, 7F
 de la cellule végétale, 11F
 embryon de *Drosophila*, 1551F
 exportation des ARNm, **1326–1327**
 fonctions métaboliques, 562T
 territoires des chromosomes interphasiques, **1495–1496**
 Noyau critique, 347F
 NP (protéine de nucléocapside), 1469, 1470
 NPC (complexes des pores nucléaires), 1327
 NPY (neuropeptide Y), 1099
 NPY/AgRP, neurones, 1099
 N-Ras, 709
 NRTK (tyrosine kinases non récepteurs), 715
 NS1 (protéine 1 non structurale), 1469
 NS2 (protéine 2 non structurale), 1469
 NSAID, voir Non stéroïdiens, médicaments antiinflammatoires,
 nSec1, 433F, 442–444
 NSF (fusion sensible à la NEM), protéine, 441, 444–445, 444F, 445F, 1159
 nt (nucléotide), 1175
 N-terminal, règle du, 1413
 N-terminale, nucléophile (Ntn), famille, 1066, 1417
N-terminaux (acides aminés), 73, 165, 1371–1373
 Ntn, famille, voir *N*-terminale, nucléophile, famille
 NTP, voir Nucléoside triphosphates
 NTPase, 1275–1276
Nu1, gène, 1451T
Nu3, gène, 1451T
 NuA3, 1540
 NuA4, 1540
 Nucléaire, enveloppe, 9
 Nucléaire, facteur érythroïde 2 (NF-E2), 1523
 Nucléaire, facteur érythroïde 3 (NF-E3), 1523
 Nucléaire, facteur érythroïde 4 (NF-E4), 1523
 Nucléaire, facteur, κ B (NF- κ B), 1530–1533, 1532F
 Nucléaire, matrice, 1538
 Nucléaire, membrane, 7F, 9, 1481
 Nucléaire, protéine d'exportation, (NEP), 1469, 1470
 Nucléaire, signal de localisation (NLS), 1414
 Nucléaires, complexes des pores, (NPC), 1327
 Nucléaires, superfamille des récepteurs, 1525–1527
 Nucléaires, territoires, 1495–1496
 Nuclear Overhauser effect spectroscopy, voir NOESY
 Nucléases, 101
 Nucléation, 346, 347F
 Nucléation hétérogène, 346, 347F
 Nucléation homogène, 346, 347F
 Nucléation, centre de, 287
 Nucléation, centre de, dans la théorie du paysage, du repliement protéique, 287–289, 288F
 Nucléation, dans l'assemblage du VMT, 1434
 Nucleic Acid Database (NDB), 256T, **257**
 Nucléiques, acides, de virus, 1429
 Nucléocapside, protéine de, (NP), 1469, 1470
 Nucléocapsides, 1469–1471
 Nucléoïde, 4, 4F
 Nucléole et synthèse d'ARNr, 1504–1505
 Nucléole, 7F, 9, 11F, 1328
 Nucléophiles, 563, 563F, 564
 Nucléoplasmine, 293, 1488
 Nucléoporines, 1327
 Nucléosidases, 1130
 Nucléoside diphosphate (NDP), 582, 1125
 Nucléoside diphosphate kinases, 582, 644, 1113
 Nucléoside monophosphate kinases, 1113
 Nucléoside phosphorylases, 1130
 Nucléoside triphosphates, 82
 Nucléoside triphosphates (NTP), 95–96, 582
 Nucléoside-5'-phosphate, 83
 Nucléosides, **82–83**, 83T
 Nucléosome
 et réplication de l'ADN, 1488
 et zones hypersensibles à la DNase I, 1537
 Nucléosome, domaine de liaison au (NBD), 1535
 Nucléosome, particule cœur
 formation, **1484–1486**
 modifications des histones, 1539, 1540
 Nucléosomes, 291–293, **1443**, 1484
 et histone H1, 1486–1487
 et organisation de la chromatine, **1483–1489**
 passage de l'ARNP lors de la transcription, **1535–1537**, 1536F
 remodelage, **1546–1547**, 1547F
 Nucléosomes, régions libres de (NFR), 1540F
 Nucléotidase, 1130F, 1136F
 3'-Nucléotide, 83
 5'-Nucléotide, 83
 Nucléotides 2',3'-cycliques, 508
 Nucléotides, 15, 18, **82–83**
 comme unités, 1175
 définition, 82
 dégradation, **1130–1136**
 noms, structures, et abréviations, 83T
 Nucléotides, bases des. Voir aussi Acides Nucléiques, bases des
 dans les conditions prébiotiques, 33
 en solutions aqueuses, 1156–1157
 interactions ioniques, 1158
 Nucléotides, domaine d'oligomérisation des, (NOD), 1580
 Nucléotides, métabolisme des, **1107–1140**
 biosynthèse des coenzymes nucléotidiques, 1136–1139
 dégradation des nucléotides, 1130–1136
 formation des désoxyribonucléotides, 1119–1130
 synthèse des ribonucléotides puriques, 1107–1114
 synthèse des ribonucléotides pyrimidiques, 1114–1119
 Nucléotidiques, sucres, 882F
 Nudaurelia Capensis ω virus, 1444
 NuRD, 1543
 Nurse, P., 1564
 Nus, protéines, 1453F, 1453–1454
nusA, gène, 1451T
NusA, protéine, 1453, 1454
nusB, gène, 1451T
NusB, protéine, 1453
nusE, gène, 1451T
NusE, protéine, 1453
NusG, protéine, 1453
 Nüsslein-Volhard, C., 1554
nutL, gène, 1451T, 1452

- nutR*, gène, 1451T, 1452
 nvCJD (nouveau variant de la maladie de Creutzfeldt-Jakob), 315
 Nyborg, J., 1380, 1381, 1388
 Nylon, 111
N ω -hydroxyl-L-arginine (NOHA), 686, 686F
- O**
O, gène, 1450, 1451T
O, type sanguin, 22
 O'Donnell, M., 1182, 1196, 1197, 1222
O⁺, gène, 1264
O^{2'}-Méthylribose, 1328
*O*⁶-Éthylguanine, résidu, 1216
*O*⁶-Méthylguanine, résidu, 1216
O-Acétyl-ADP-ribose, 1543
O-Acétylsérine, 1071
O-Antigènes, 85, **378–379**
 OB, plis, 1213
 Obésité, 629, 862, 1093, 1096–1099, 1104
 OB-R, protéine, 1098
O^C, mutation, 1264
 Ochoa, S., 791, 1341, 1342
ocre, codon, 1343
ocre, mutants, 1408
ocre, suppresseur de, 1362
 OCRL, 735
 Octaédrique, protéines à symétrie, 268, 268F
 Octanyl-CoA, 948
 Oculocérébrorénales, dystrophie, 735
 Ocytocine, 205, 673T, 683
 Oda, T., 1646
 ODCase, voir OMP décarboxylase
O-diazocétyl-L-sérine, 1142
 OE (outside end, externes) séquences, 1237, 1238F
 OEC (complexe de production de l'oxygène), 916
 Œil
 de l'embryon de *Drosophila*, 1552, 1552F
 formation ectopique chez *Drosophila*, 1560–1561
 Œstrogènes, 458, 673T, 680, 991, 1524
 et superfamille des récepteurs nucléaires, 1525
 et vitellogénine, 1548
 Œstrogènes, élément de réponse aux, (ERE), 1527
 Œstrogènes, récepteur des, (ER), 1527
 Œuf, information dans l'oeuf fécondé, 1549
 Œuf, polarité chez *Drosophila*, 1554
 OGDH (2-oxoglutarate déshydrogénase), 799
 Ogston, A., 814
 Oiseaux
 activation de gènes par des inducteurs de souris, 1550
 gènes d'histones, 1505
 virus de la grippe, 1471, 1472
 Okazaki, fragments d', **1174–1176**, 1187, 1219
 dans la réplication d'*E. coli*, 1193F, 1194, 1198
 eucaryotes, 1207
 Okazaki, R., 1175
o_L, gène, 1451T, 1461, 1462
o_{L1}, gène, 1462, 1466
o_{L1'}, gène, 1462, 1466
o_{L2}, gène, 1462, 1466
o_{L3}, gène, 1462
 Oléate, 44F
 Oléique, acide, 386, 387F, 387T, 950F
 (2', 5')-Oligoadénylate synthétase (2,5A synthétase), 1400
 Oligomères, 267, 270–271, 271F
 Oligomycine B, 870
 Oligomycine, protéine conférant la sensibilité à, voir OSCP
 Oligonucléotides, 209–214, 1402–1403
 Oligonucléotidiques, adaptateurs, 110F
 Oligonucléotidiques, sondes, 112–113, 113F
 Oligopeptides, 70
 Oligosaccharides, **359**
 biosynthèse, **880–892**
 dans les membranes plasmiques, 400F
 N- et *O*-liés, 374F, 379–380, 379F
 synthèse, 382–383
 Oligosaccharides complexes, 888
 Oligosaccharides hybrides, 888
 Oligosaccharides *N*-liés, 374F, 379–380, 379F, 881, 888F
 pour la synthèse de glycoprotéines, 882–889
 Oligosaccharides *O*-Lié, 374F, **379–381**, 380F, 881
 synthèse de glycoprotéines à partir d', 890–892
 Oligosaccharyl transférase, voir OST
 ω oxydation des acides gras, 959
 ω , protéine, 1163. Voir aussi Topoisomérase I
 Oméprazole, 765
 2'-*O*'-méthyltransférase, 1302
 OMIM (Online Mendelian Inheritance in Man), 1504
 OMP, voir Orotidine-5'-monophosphate
 OMP décarboxylase (ODCase), 1115F, 1116–1117
 Omp85, 449
 OmpF, porine, 403–404, 405F
 Oncogènes, 705–711, 1514
 Ongles, 233, 234, 275
 Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM), 1504
 Ontogénie et phylogénie, 12
opale, codon, 1343
opale, suppresseur d', 1362
 Oparin, A., 32
 Opérateur, mutation constitutive, 1264
 Opérateurs, 97
opéron lac, 97, 97F, 1261–1262, 1294
 Opéron, 1262
O-Phosphosérine, 79F
 Opiacés, récepteurs des, 685
 Opsine, 689, 694
 Oponines, 1636, 1639
 Oponisation, 1633
 Optique, densité, dans la loi de Beer–Lambert, 90
 Optiques, isomères, 75
 Optiques, pièges, 1273–1274
 Optiques, pinces, 1274, 1274F
o_R, gène, 1451T, 1461, 1464
 et PIC, 1523
 liaison de la protéine Cro, 1466, 1466F
 sous-sites, 1462
o_{R1}, gène, 1462, 1464–1466
o_{R2}, gène, 1462, 1464, 1465, 1465F, 1466
o_{R3}, gène, 1462, 1464–1466
 Orbivirus, 1444
 ORC (complexe de reconnaissance de l'origène), 1205–1207
 Orc1, 1205
 Orc2, 1205
 Orc3, 1205
 Orc4, 1205
 Orc5, 1205
 Orc6, 1205
 Ordonnées Bi Bi, réactions, 498–500
 Ordonnés, mécanismes, 498
 Ordre de réactions, 483
 Ordre, probabilité d', 55F
 Ordre–désordre, transition, 397, 397F
 ORF, voir Ouverts, cadres de lecture,
 Organes, 16F, **1090–1095**. Voir aussi les différents organes
 Organes, perfusion d', 575
 Organiques, solvants, 134
 Organiques, synthèse de composés, 32F
 Organismes, 16F, 192. Voir aussi les différents organismes
 Organites, 16F, 562T
 Organogénèse, 1549, 1549F, 1552
ori, gène, 1451T, 1454
oriC, locus, 1194–1195, 1194F, 1199F
 Origine, complexe de reconnaissance, voir ORC
 Ornithine décarboxylase, 1408T
 Ornithine transcarbamylyase, **1028**
 Ornithine, 80, 80F, 571F, 1028, 1071
 Ornithine- δ -aminotranférase, 1070F, 1071
Ornithorhynchus anatinus, 177T
 Orotate, 1115F, 1116
 Orotate phosphoribosyl transférase, 1115F, 1116
 Orotidine-5'-monophosphate (OMP), 1115F, 1116–1117
 Orotique, acide, 1114
 Orotique, acidurie, 1118–1119
 Orphelins, gènes, 1503
 Orphelins, récepteurs, 1525–1527
 Orthologues, protéines, 194
 Orthophosphate (P_i), 578
 Orthophosphate, clivage, 582
 Os, 235, 540
 Os de verre, maladie des, 240
 OSCP (protéine conférant la sensibilité à l'oligomycine), 855, 870
 Osmotique, coefficient, 1156, 1157F
 Osmotique, lyse, 130
 OST (oligosaccharyl transférase), 885–886, 885F
 Ostéoarthrite, 240
 Ostéoblastes, 540, 677–678
 Ostéoclastes, 540, 677–678
 Ostéoclastome, 540
 Ostéocytes, 12F
 Ostéogénèse imparfaite (maladie des os de verre), 240
 Ostéoglycine, 373T
 Ostéomalacie, 677–678
 Ostéoporose, 540, 678–679, **1400**
 Ouabaïne, 761–762, 761F
 Oursin, gènes d'histones, 1505
 Outside end, externe, séquences, voir OE, séquences
 Ouverte, conformation
 de Klentaq1, 1179–1180, 1179F
 de l'hélicase Rep, 1186
 Ovaires, 672F
 Ovalbumine, 134T, 140F, 1304, 1304F, 1305F, 1534
 Ovalcytose héréditaire, 414
 Ovariens, cancer, 1236, 1563
 Ovocytes d'amphibiens, 1549F
 Ovocytes, masquage des ARNm et, 1401
 Ovogénèse, amplification d'ARNr et, **1506–1507**
 Ovomucoïde, 140F

- Oxa1, 448
Oxalique, acide, 49
Oxaloacétate, 947
dans le cycle de l'acide citrique, 791, 814
synthèse, 872F, 1034, 1067F
Oxalosuccinate, 789, 809
2-Oxoacide déshydrogénases, famille des, 799
2-Oxoglutarate déshydrogénase (OGDH), 799
Oxonium, ion, 520
5-Oxoprolinase, 1061
5-Oxoproline, 1062
Oxyanion, trou de l', 534
Oxydant, agent, 584
Oxydante, atmosphère, 32
Oxydants, 584
Oxydatif, stress, I κ B et, 1531
 β Oxydation peroxisomique des acides gras, **958**
Oxydation, 583
Oxydative, désamination, **1023–1025**, 1340F
Oxydoréductases, 479T
Oxydo-réduction, mécanisme de boucle d', 847–849, 847F
Oxydo-réduction, réactions d', 364–365, **565–566**, 583, **584–586**
2,3-Oxydosqualène, 982, 983F
Oxydosqualène cyclase, 983F, 984F
2,3-Oxydosqualène cyclase, 982, 983
Oxygène
adaptation de la vie à sa présence, 34
production, 914–920, 934–937
réduction partielle, 865
transport, 56, 323–234, 329
Oxygène, complexe de production de l', (OEC), 916
Oxygène, dette d', 880
Oxygène, électrode à, 830, 830F
Oxygène, espèces réactives de l', (EROS), 325, 840, 865
Oxygène, liaison par l'hémoglobine, **325–328**
et BPG, **329–331**, 329F–331F
coopérativité, 334–340, 351–354
énergie libre et courbes de saturation, 339F
Oxygène, tension en, 326
oxyHb, voir Hémoglobine oxygénée
Oxyluciférine, 183
oxyMb (myoglobine oxygénée), 325
Oxytrichea nova, 1212, 1212F
- P**
P, gène, 1450, 1451T
P, glycoprotéine, 766–767
P, site, (site peptidyle), 98F, 1373, 1385, 1387
P. miliaris, gènes d'histones, 1505F
P/O, rapport, **831–833**, 833F
*p'*_R, gène, 1451T, 1454
P1, plasmides, 1259
p101, sous-unité de PI3K, 733
p105, 1531
p14^{ARF}, 1570
p150, sous-unité de PI3K, 733
p16^{INK4a}, 1567, 1570
p18^{INK4c}, 1568, 1568F
p19^{ARF}, 1570
p21, 1572
p21^{Cip1}, 1567
p27^{Cip2}, 1567
p27^{Kip1}, 1567, 1567F, 1572
p300, 1540
p300/CBP, facteur associé à, (PCAF), 1540
p300/CBP, famille, 1540
p35, 1582
p44, Sous-unité, 1218
p50, 1530–1532, 1532F
p51, 1208–1209, 1209F
p52, 1531
p53, 1211, 1414
p53, 1523F, **1569–1572**
et cancer, **1563**
et phase G₂, 1569–1570
intégration d'informations, 1570, 1572
mutations oncogéniques, 1570
structure, 1570, 1571F
p65, 1530–1532, 1532F
p66, 1208–1209, 1209F
P680, 916–917
P700, 922–923
p85, sous-unité de PI3K, 732
P870, 909
P960, 912
PA (antigène protecteur), de l'anthrax, 715
PA (protéine polymérase), 1469, 1470
PA26, 1418–1419, 1418F
PA28, 1418
PA700, 1414
Pääbo, S., 116
PAB II (protéine II de liaison au poly(A)), 1303
Pabo, C., 1462, 1525, 1559
PABP (protéine de liaison au poly(A)), 1303, 1304F
Pace, N., 1331
Pacific Biosciences, 184
PAF (facteur activateur des plaquettes), 1008
PAF65 α , 1541
PAGE (électrophorèse en gel de polyacrylamide), 147–148. Voir aussi SDS-PAGE
PAH (phénylalanine hydroxylase), 1043
Pai, E., 1133
Paire spéciale dans la photosynthèse, 910–912, 913F
Paires d'homologues, 19
Paires, alignement par, 196, 201
Pair-rule, gènes primaires, 1555–1556
Pair-rule, gènes, 1554–1556
PaJaMo, expérience, 1236F, 1262–1263
PALA (*N*-(phosphonacétyl)-L-aspartate), 476–477
Palade, G., 9, 1362
Palindromes, 105, 106
Palmitate, 44F
Palmitique, acide, 386, 387T, 407
Palmitoléique, acide, 387T
1-Palmitoléyl-2,3-dioléyl-glycérol, 940
1-Palmitoléyl-2-linoléyl-3-stéarylglycérol, 388
Palmityl thioestérase (TE), 965
Palmityl-ACP, 965
PAM (moteur associé à la translocase de la préséquence), 447
PAM, unités (pourcentage de mutations ponctuelles acceptées), 189, 197–199
PAM-1, matrice, 198
Pam16, 447
Pam17, 447
Pam18, 447
PAM-250, matrice de substitution des log odds, **198–199**, 199F, 201, 203
Pan troglodytes, 177T
Pancréas, 672F
Pancréatique, cancer, 1236
Pancréatique, DNase I, 1160
Pancréatique, DNase, 157
Pancréatique, phospholipase A2, 942–943, 942F, 943F
Pancréatique, protéase à sérine, structure de la thrombine et, 1602
Pancréatiques, cellules acineuses, 12F, 525, 1496
Pancréatiques, cellules α , **675**, 973
Pancréatiques, cellules β , 661, **675**, 973, 1102–1103, 1496
Pancréatiques, cellules δ , **675**
Pancréatite aiguë, 537
Pandit, Jayvardhan, 982
Pangènes, 19
Pangenèse, 19
Pangénomiques, puces, 1538
Pantothénate kinase, 1138, 1139F
Pantothénate, 474T, 1138, 1139F
Pantothénique, acide, 792
PAP (poly(A) polymérase), 1302, 1303F
Papaïne, 1462
PapG, protéine, 382
Papillomavirus bovin, protéine E1 de, 1184–1185, 1185F
Papillomavirus humain (HPV), 1414
Papovavirus, 1502
PAPS (3'-phosphoadénosine-5'-phosphosulfate), 1010, 1072
PAR (récepteurs activés par une protéase), 1603
PAR1 (récepteur 1 activé par une protéase), 1603, 1603F
PAR4, 1603
Parabiose, 1096–1099
Paracrines, glandes, 671
Paralogues, protéines, 194
Paramyosine, 1648
Parasegments, 1557
Parathion, 527
Parathyroïde, 672F
Parathyroïde, hormone, (PTH), 673T, 677
Pardee, A., 475, 1262
Pardue, M. L., 1494
Parker, M., 718
Parkinson, maladie de, 309, 720, 1059, 1060
Parkinson, maladie de, apoptose et, 1575
Parme, P., 922
Parna, J., 595
Parodi, A., 883
Paromomycine, 1395T, 1396F, **1397**, 1397F
Partition, coefficient de, 144, 540, 745–746
PAS (acide périodique-réactif de Schiff), 411–412
pas (site d'assemblage du primosome), 1190
Pastan, I., 1286
Pasteur, effet, 619, 864, 1088
Pasteur, L., 469, 593, 619, 864
Patel, D., 1300, 1324, 1453
Pathogènes, échappement au système du complément, 1639
Patte, embryon de *Drosophila*, 1552, 1552F
Pauling, L., 185–186, 221, 226, 229, 515, 1355
Pavletich, N., 736, 1412, 1413, 1566, 1567, 1570, 1573
Pax-6, gène (souris), 1560
Paysage, théorie du, pour le repliement protéique, **287–289**, 288F
PB1 (protéine basique 1 de la polymérase), 1469, 1470
PB2 (protéine basique 2 de la polymérase), 1469, 1470

- PBCV-1 (virus de type 1 de *Paramecium bursaria Chlorella*), **1446–1448**, 1447F
- PBG (porphobilinogène), 1048
- PBGS, voir Porphobilinogène synthase
- PbRC (RC de bactérie pourpre photosynthétique), 910
- Pbx*, mutation (*Drosophila melanogaster*), 1553F, 1554, 1558
- PC, voir Plastocyanine
- PC2, 1533
- PCAF (facteur associé à p300/CBP), 1540
- PCAF, complexe, 1540, 1541
- PCC, voir Protéines, canal de conduction
- PCD (dyskinésie ciliaire primaire), 1676
- PCNA (Antigène nucléaire de cellule en prolifération), 1204, 1204F, 1206
- PCR asymétrique, 116
- PCR et immunoprécipitation de chromatine, 1538
- PCR, voir Polymérisation en chaîne, réaction de PCR
- PDB, voir Protein Data Bank
- PDBid, 256–257
- PDC, voir Pyruvate décarboxylase ; Pyruvate déshydrogénase, complexe multienzymatique de la,
- PDGFR (récepteur du facteur de croissance dérivé des plaquettes), 699
- PDI (protéine disulfure isomérase), 280, **290–292**, 290F, 291F
- PDK-1 (protéine kinase-1 dépendante des phosphoinositides), 731
- PDZ, domaine, 708
- PE, voir Phosphatidyléthanolamine
- Pearl, L., 1234
- Peau, 16F, 235, 238F, 240T
- PEG (polyéthylène glycol), 1132
- PEG-ADA, 1132
- Pellagre, 474, 1138
- Pénétrance, des maladies, 1251
- Pénicilline, 378
- Pénicilline, **377–378**, 377F, 378F, 1395
- Pénicillinoïque, acide, 378F
- Pentasyétrons, 1448
- Pentoses phosphates, cycle réducteur, 927.
Voir aussi Calvin, cycle de
- Pentoses phosphates, voie des, **892–898**, 893F, 1090
- Pentoses, 82–83, 360F
- PEP carboxykinase (PEPCK), 818, 1089
dans la gluconéogenèse, 872–873, 876, 876F, 879
- PEP carboxylase, 1408T
- PEP, voir Phosphoénolpyruvate
- PEPCK, voir PEP carboxykinase
- Pepsine, 134T, 169T, 470, 547, 547F
- Pepsinogène, 675
- Peptidases, 79
- Peptide, groupe, **221–225**
- Peptide, particule de reconnaissance du, (prp73), 1409
- Peptide-*N*⁴-(*N*-acétyl-D-glucosaminy) asparagine 253F, 252F
- Peptide-*N*⁴-(*N*-acétyl-D-glucosaminy) asparagine amidase F, 252
- Peptides, 70 Voir aussi Polypeptides
dans le séquençage des protéines, 169–171
libération de, 1392–1394
spectrométrie de masse, 172–175, 172F
- Peptidique, carte, 174–175, 175F
- Peptidique, unités, 70
- Peptidiques, liaisons, **70**, 99F, 222, 1384–1385
- Peptidoglycane *N*-acétylmuramylhydrolase, 479
- Peptidoglycane, 376
- Peptidoleucotriènes, 1000, 1001
- Peptidomimétiques, 550–551
- Peptidyl homosérine lactone, 170
- Peptidyl prolyl *cis-trans* isomérases (PPI), 290, **292**
- Peptidyl transférase, 1382, 1383, 1383F, 1385F
- Peptidyl-ARNt, 98F, 1373, 1391
- Peptidyle, site, voir P, site
- Peptidyl-L-amino acide hydrolase, 470
- Per*, gène, 120F
- Perchlorique, acide, 46
- Perforine, 1609, 1636, 1638F
- Perham, R., 796, 800
- Périodique, acide, réactif de Schiff (PAS), 411–412
- Périodique, tableau, des éléments, 31F
- Périphérique, domaine, de liaison des sous-unités, (PSBD), 796, 800, 800F
- Périphériques, protéines, 400
- Périplasmique, espace, 117, 378
- Périscope, effet, (snorkeling), 406
- Périvasculaire, cellules de la gaine, 936
- PERK (kinase du réticulum endoplasmique de type PKR), 1400
- PERK (protéine kinase du réticulum endoplasmique apparentée à PKR), 1400
- Perlécane, 373T
- Perméabilité, coefficient de, 745, 747T, 775
- Perméases, 745
- Permissives, conditions, 27
- Peroxisomes, 10, 562T, 935, 958F. Voir aussi Amino acide, métabolisme, des ; Glyoxylate, acide du
- Peroxisomes, récepteur γ activé par les proliférateurs de, (PPAR γ), 1104
- Peroxyinitrite, 688
- Pertussique, toxine, (PT), 697, 1398
- Perutz, M., 331, 341, 1252
- Perutz, mécanisme de, **334–340**
- Petit ARN nucléaire, voir snARN
- Petit ARN nucléolaire, voir snoARN
- Petit pois, histones, 1482
- Petites ribonucléoprotéines nucléaires, voir snRNP
- Pétoncle, sous-fragment 1 de myosine de, 1652F
- Petsko, G., 308
- 6PF-2-K (phosphofructokinase-2), 663–664
- Pfam, familles de protéines, 256T, 258
- Pfanner, N., 445
- PFGE, voir Champ pulsé, gel d'électrophorèse en,
- PFK, voir Phosphofructokinase
- PFK-2 (phosphofructokinase-2), **663–664**
- PFK-2/FBPase-2, 663
- Pfu* ADN polymérase, 114
- 2PG, voir 2-Phosphoglycérate
- 3PG, voir 3-Phosphoglycérate
- PG (polygalacturonase), 1403
- PG, voir Prostaglandines
- PGA, 994
- PGE, 994
- PGE₂, 997
- PGF_{2 α} , 997
- PGFs, 994
- PGF _{α} , 994
- PGF _{β} , 994
- PGG₂, 997
- PGH synthase (PGHS), 997–999, 997F, 999F
- PGH₂, 997
- PGI, voir Phosphoglucose isomérase
- PGI₂, voir Prostacycline I2
- PGK, voir Phosphoglycérate kinase
- PGM, voir Phosphoglycérate mutase
- pH, **47–48**
dans la chromatographie d'échange d'ions, 136
dans l'électrophorèse discontinue, 148
et cinétique de Michaelis–Menten, **496–497**
et dénaturation protéique, 265
et état standard biochimique, 60
et focalisation isoélectrique, 150, 151
et solubilité des protéines, 133F, 134
et stabilisation des protéines, 130–131
et tampons, 48
gradients immobilisés de pH, 150
- PH (pleckstrine homologie), domaine, 435, 708, 729
- pH mètre, 47
- Phage, tête, **1455–1458**
ADN, **1456–1457**
assemblage, **1455–1456**
processus d'emballage de l'ADN, 1456F, 1457–1458
- Phage 434, protéine Cro, 1462
- Phages, voir Bactériophages
- Phagocytes, 1575, 1609
- Phagocytose, 1607
- Phalloïdine, 1658
- Pharmacocinétique, 542
- Pharmacodynamique, 539
- Pharmacogénomique, 545
- Pharmacologie, 539, **542–545**
- Phase, variation de, 1243, 1243F
- PHAS-I, 1401
- PHAS-II, 1401
- Phe, voir Phénylalanine
- pheA* opéron, 1299T
- Phen (phentermine), 543
- Phénolpthaléine, 51
- Phénotypes, 21–22, 22F
- Phénoxazone, système du cycle, 1272
- Phentermine (phen), 543
- Phentolamine, 680
- Phénylacétique, acide, 945
- Phénylacétyl, acide, 945
- Phénylalanine
acide aminé essentiel, 1065T
basculement des cycles aromatiques et mobilité du cœur protéique, 308–309
biosynthèse, 1075–1078
chaîne latérale, 70–71, 264T
codons, 100T, 1341–1342, 1343T
dans les protéines globulaires, 246
dans les protéines natives dépliées, 283
dégradation, 570, 570F, 1043–1047
demi-vie, 1413T
diagramme de Ramachandran, 225
structure et propriétés générales, 68T, 71F
tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
- Phénylalanine hydroxylase (PAH), 1043
- Phénylcétonurie (PKU), 569–570, 948, **1045–1047**
- β -Phénylthéonionate, 527
- Phénylthéanolamine *N*-méthyltransférase, 1060F
- 2-Phényléthyl boronique, acide, 556
- Phénylthiocyanate, voir PITC

- Phénylpyruvate, 570, 1045
 Phénylthiocarbamyle (PTC), 165
 Phénylthiohydantoïne (PTH), 165
 Phéophytine *a* (Phéo *a*), 916
 Phéromones, 671–672, 976
 PheRS, 1351
 Philadelphie, chromosome de, 718
 Phillips, D., 252, 517, 519, 521–524
 Phillips, S., 1290, 1291
 PhK, *voir* Phosphorylase kinase
 Phlorizine, 768
 PHLPP protéine phosphatase, 732
 PhoE, porine, 403–404
 Phorbol, esters de, IκB et, 1531
 Phosphagènes, 583
 Phosphatase, 140F
 5-Phosphatase II, 735
 Phosphate, 578
 Phosphate, thermodynamique des composés phosphorylés, **578–583**
 Phosphate, transporteur de, 448, 826
 Phosphatidique, phosphatase de l'acide, 971
 Phosphatidiques, acides, 389, 389T, 398T
 Phosphatidylcholine, 389T, 398T
 Phosphatidyléthanolamide, sérine transférase, 1004
 Phosphatidyléthanolamine (PE), 389T, 398T, 419
 Phosphatidylglycérol, 389T, 398T, 1004, 1006F
 Phosphatidylglycérol phosphate, 1005
 Phosphatidylinositol (PI), 891F
 Phosphatidylinositol (PtdIns), 389T, 398T, 732, 1004–1006, 1006F
 Phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate (PtdIns-4,5-P2), 435, 665, 725
 Phosphatidylsérine, 389T, 398T, 1004, 1005F
 Phosphinothricine, 1068
 3'-Phosphoadénosine-5'-phosphosulfate, *voir* PAPS
 3'-Phosphoadénosine-5'-phosphosulfate (APS) réductase, 1072
 Phosphoanhydride, liaison, 578
 Phosphoarginine, 580
 Phosphocholine, 1004
 (2',5')-Phosphodiesterase, 1400
 Phosphocréatine, 570–571, 580, 583, 1092
 Phosphodiester, groupes, 84
 Phosphodiesterase de rate, 176
 Phosphodiesterases, 176, 653, **688–689**
 Phosphodiesters, méthode de synthèse d'oligonucléotide par les, 209, 211
 Phosphoénolpyruvate (PEP), 581F, 596F, 612, 872
 Phosphoénolpyruvate carboxykinase (PEPCK), 571
 Phosphoénolpyruvate carboxykinase, *voir* PEP carboxykinase
 Phosphoénolpyruvate-dépendant, système phosphotransférase, (PTS), 765, 765F
 Phosphoester, liaison, 578
 Phosphoéthanolamine, 1004
 Phosphofructokinase (PFK), 667
 contrôle allostérique, 479
 dans la gluconéogenèse, 872
 dans la glycolyse, 596F, **600**, 625–627, 626F, 627F, 630
 intégration des voies, 1088
 liaison à ta membrane érythrocytaire, 412
 Phosphofructokinase-2 (PFK-2), 663–664
 Phosphoglucokinase, 642
 Phosphoglucomutase, 632, 639, **642**
 6-Phosphogluconate, 637F, 894, 894F
 6-Phosphogluconolactonase, 894
 6-Phosphoglucono-δ-lactone, 894
 Phosphogluucose isomérase (PGI), 596F, **598–600**, 599F
 Phosphoglycérate kinase (PGK), 596F, **608–610**, 609F
 Phosphoglycérate mutase (PGM), 596F, **610–612**, 610F
 2-Phosphoglycérate (2PG), 594–595, 610
 3-Phosphoglycérate (3PG), 594–595, 608
 Phosphoglycérines, **389–390**
 Phosphoglycohydroxamate, 603
 2-Phosphoglycolate, 603, 934–935
 Phosphoguanidines, 580, 581F
 3-Phosphohydroxypyruvate, 1070F, 1071
 Phosphoimager, 111
 Phosphoinositide, cascade du, **725–738**
 inositol polyphosphates phosphatases, 734–736
 phosphoinositide 3-kinases, 732–734
 phospholipases C, 727–730
 protéine kinases C, 730–732
 second messagers, 725–727
 Phosphoinositide 3-kinases (PI3K), 732–734
 Phosphoinositide 4-kinases (PIP4K), 732
 Phosphoinositide 5-kinases (PIP5K), 732
 Phosphoinositide-dépendante, protéine kinase-1 (PDK-1), 731
 Phosphoinositol, 994
 Phospholipase A2 cytosolique, (cPLA2), 727
 Phospholipase A2, 942–943, 942F, 943F, 994, 1017
 Phospholipase C, 664, 706, 725, **727–730**, 728F, 994
 Phospholipase C-β (PLC-β), 690, 692
 Phospholipase C-γ, 706
 Phospholipases, 408, 410
 Phospholipides translocases, 420
 Phospholipides, 400F, 410F, 419–420
 Phospholipides, métabolisme, 1004
 glycérophospholipides, **1004–1008**
 sphingoglycolipides, **1008–1013**
 sphingophospholipides, **1008–1009**
 Phospholipides, protéines échangeuses de, 420
 Phosphomannose isomérase, 633
 Phosphomévalonate kinase, 977
N-(Phosphonacétyl)-L-aspartate (PALA), 476–477
 Phosphopantéthéine transférase (PPT), 967
 Phosphopantéthéine transférase, 961
 Phosphopantoéthénylcystéine décarboxylase, 1138, 1139F
 Phosphopantoéthénylcystéine synthétase, 1138, 1139F
 Phosphopentose épimérase, 929
 Phosphoprotéine phosphatase-1 (PP1), 651, 658–660, 1580
 Phosphoprotéine phosphatase-2A, 963
 Phosphoramidites, méthode de synthèse d'oligonucléotide avec des, 210F, **211**
 Phosphore, 31
 β-5-Phosphoribosylamine (PRA), 1108, 1109F, 1111
 5-Phosphoribosyl-α-pyrophosphate (PRPP), 1078, 1108, 1109F, 1114
 5-Phosphoribosylpyrophosphate synthétase, 1108
 Phosphoribulokinase, 927
 Phosphorique, acide (H₃PO₄), 49F
 Phosphorothioates, synthèse d'oligonucléotides, 1402
 Phosphorylase kinase (PhK), 651, 655, 658, 667, 670
 Phosphorylase kinase, déficience liée à l'X, 667
 Phosphorylase, *voir* Glycogène phosphorylase
 Phosphorylation au niveau du substrat, 582
 Phosphorylation des histones, 1539
 Phosphorylation oxydative, 386, 561F, 845–862
 contrôle, **862–863**
 découplage, **859–862**, 860F
 et autres voies, 1090
 et chaîne de transport des électrons, 823, 829, 831–833
 et glycolyse, 594F
 et synthèse d'ATP, **852–859**
 génération d'un gradient de protons, **846–852**
 hypothèse de son couplage énergétique, **845–846**
 Phosphoryle, groupes, 578
 Phosphoryle, potentiel de transfert de groupe, 578–579
 Phosphoryle, réactions de transfert de groupe, 565, 565F, 578–579
 Phosphotyrosine, domaine de liaison à la, (PTB), 707
 Photoautotrophes, 5–6
 Photooxydation, 905
 Photophosphorylation, 582, 912–913, **925–926**
 Photoprotecteurs, agents, 976
 Photoréactives, enzymes, 1214–1215
 Photorespiration, **934–937**, 935F
 Photosynthèse, 5–6, 559, **901**. *Voir aussi* Calvin, cycle de, absorption de la lumière, **903–909** évolution, 34 localisation chloroplastique, 11–12, **901–902** photophosphorylation, **925–926** photorespiration et cycle des C₄, **934–937** processus membranaires, 386 produits glucidiques, 359 réactions lumineuses, **902–926** réactions obscures, 902, **926–937** transfert d'électrons à deux centres, **913–925** transport d'électrons dans les bactéries pourpres, **909–913**
 Photosynthèse, réactions lumineuses, **902–926** absorption de la lumière, 903–909 photophosphorylation, 925–926 transfert d'électrons à deux centres, 913–925 transport des électrons dans les bactéries pourpres, 909–913
 Photosynthèse, réactions obscures, 902, **926–937** cycle de Calvin, 927–934 cycle des composés en C₄, 934–937 photorespiration et cycle des composés en C₄, 934–937
 Photosynthétiques, bactéries, 6
 Photosynthétiques, centres réactionnels, (PRC), 905 chez les bactéries pourpres, 909–911, 909F, 911F les protéines membranaires intrinsèques, 403, 404F
 Photosystème I (PS I), **913–925**, 922F, 923F, 925F
 Photosystème II (PS II), **913–925**, 918F, 925F

- Phototrophes, 559
 Phycobiliprotéines, 909
 Phycocyanine, 905F, 909
 Phycocyanobiline, 909
 Phycoérythrine, 905F, 909
 Phycoérythrine R, 140F
 Phycoérythrobriline, 909
p-Hydroxyphénylpyruvate dioxygénase, 1045
p-Hydroxyphénylpyruvate, 1045, 1047F
 Phylloquinone, 922
 Phylloquinone (vitamine K₁), 1599F, 1601
 Phylogénèse, 6
 Phylogénétiques, arbres, 6, 7F, 13F
 et bioinformatique, 203–205, 203F
 et séquençage des protéines, 189, 190F
 Phylogénie, eucaryotes, 12–14
 Physiologie, 1593
 Physiologie moléculaire
 coagulation sanguine, **1593–1607**
 immunité, **1607–1639**
 motilité, **1639–1679**
 Phytanique, acide, 958
 Phytanique, syndrome de stockage de l'acide,
 959
 Phytanyl-CoA hydroxylase, 958
 Phytol, 903
 P_i (orthophosphate), 578
p_i, gène, 1451T, 1461
pI, voir Isoélectrique, point,
 PI, voir Phosphatidylinositol
 PI3K (phosphoinositide 3-kinases), 732–734
 PIC (complexe de préinitiation), 1376–1377,
 1516, 1517
 assemblage, 1517F
 et facteurs de transcription en amont,
 1523–1524
 et Médiateur, 1533
 Pickart, C., 1417
 Picornavirus, 1440–1442
 Picot, D., 920
 Pièges optiques, 1273–1274
 Pigmentaires, cellules épithéliales, 1663
 Pili, 4, 4F
 Pili P, 382
 Pilkis, S., 663
 Pince coulissante, Pol III, 1182–1183, 1183F,
 1196–1198
 Pince, chargeur de, 1196–1198, 1197F
 Pincettes optiques, 1274, 1274F
 Ping Pong, réactions, **498–499**, 499F, 501
 PIP₂, voir Phosphatidylinositol-4,5-bisphos-
 phate
 PIP4K (phosphoinositide 4-kinases), 732
 PIP5K (phosphoinositide 5-kinases), 732
 PIR (Protein Information Resource), 195T
 PISA (Protein Interfaces, Surfaces and
 Assemblies), 256T
Pisum sativum, 20
 PITC (phénylisothiocyanate), 165, 167F
 Pituitaire, 672F, 682
 pK, 47
 des acides faibles, 46T
 des acides polyprotiques, 49–50
 des groupes amino-acide ionisables,
 68T–69T, 70
 et pH, 48
 PK, voir Pyruvate kinase
 PKA, voir Protéine kinase A
 PKB, voir Protéine kinase B
 PKC, voir Protéine kinase C
 PKR (protéine kinase activée par l'ARN
 bouble-brin, DAI), 1400
 PKU, voir Phénylcétonurie
pL, gène, 1451T, 1452, 1461
 Placébo, 542
 Plages de lyse, 27
 Planck, constante de, 903
 Planck, loi de, 903
 Plantes, 12
 Plantes cultivées transgéniques, 122. Voir
aussi Maïs ; Riz
 Plantes et médicaments, 539
 Plaquettes, 1593, 1603
 Plaquettes, facteur activateur des, (PAF),
 1008
 Plaquettes, récepteur du facteur de croissance
 dérivé des plaquettes, (PDGFR), 699
 Plasmalogènes, 390, 574, 1005, 1007–1008,
 1007F
 Plasmides, 106–108, 1228F, 1262, 1262F
 Plasmidique, vecteur de clonage, 106–108
 Plasmine, 525T, 1606
 Plasminogène, 458, 1606–1607
 Plasminogène, activateur tissulaire du, (t-
 PA), 1606–1607
 Plasmiques, membranes, 4. Voir *aussi* Mem-
 brane cellulaire
 coefficient de sédimentation, 154F
 composition, 398T
 des eucaryotes, 8, 11F
 des procaryotes, 4F
 diagramme schématique, 400F
 formation de vésicules, **428–440**
 fusion de vésicules, **440–445**
 voie sécrétoire, **420–428**
 Plasmocytes, 1609
 Plasmodisme, 11F
Plasmodia, espèces de, protéines de classe I
 du CMH et, 1627
Plasmodium falciparum, 177T, 188, 898, 1058
 Plastides, 901
 Plastocyanine (PC), 916, 921–922, 921F
 Plastoquinol (QH₂), 915
 Plastoquinone (Q), 915
 Plateau théorique dans la chromatographie,
 135
 PLC-β, voir Phospholipase C
 Pleckstrine, 735
 Plekstrine, domaine d'homologie aux, voir
 PH, domaine
Pleurodeles waltl, 1271F
 Plis, 249F, 250–251
 plk1, 1564
 Plomb, composés (découverte de médica-
 ments), 539
 Plomb, empoisonnement par, voir Saturnisme
 PLP, voir Pyridoxal-5'-phosphate
 Plumes (kératines), 233
 Plus proches voisins, analyse des, 127
 Pmf (force proto-motrice), 846
 PMP (pyridoxamine-5'-phosphate), 1020
 Pneumocoques, formes S et R, 86, 86F
p-Nitrophénolate, ion, 513, 525–526
p-Nitrophénylacétate, 513, 525–526, 526F
p-Nitrophényldiazonium, 1613
 PNP, voir Purine nucléoside phosphorylase
 Poche, domaine de la, 1573, 1573F
 POH1, 1418
 Poids moléculaire d'exclusion (cutoff), 141
 Pois, 19T, 20–22
 Poissons, développement embryonnaire, 14F
 pol, 1246
 Pol I (ARNP I ; ARN polymérase I), 1504,
 1521
 Pol I, 1177, 1181
 Pol I, voir ADN polymérase I ; ARNP I ;
 RNAP I
 Pol II, voir ADN polymérase II ; ARNP II ;
 RNAP II
 Pol II, voir ARNP II (ARN polymérase II)
 Pol III (ARNP III ; ARN polymérase III),
 1505, 1521, 1536
 Pol III, cœur, 1182, 1198, 1222
 Pol III, holoenzyme, 1182, 1183F, 1190, 1191
 dans la réplication d'*E. coli*, 195, 1193F,
 1194
 dans la réparation SOS, 1222
 Pol III, voir ADN polymérase III ; ARNP
 III ; RNAP III
 Pol IV, voir ADN polymérase IV
 Pol V, mutasome, 1222
 Pol V, voir ADN polymérase V
 Pol α (ADN polymérase α), 1202–1203
 Pol α/primase, 1203, 1206, 1207
 Pol β (ADN polymérase β), 1205
 Pol γ (ADN polymérase γ), 1202, 1205
 Pol δ (ADN polymérase δ), 1202–1207, 1203F
 Pol ε (ADN polymérase ε), 1202, 1205, 1206
 Pol ζ (ADN polymérase ζ), 1205, 1223
 Pol η (ADN polymérase η), 1205, 1223
 Pol ι (ADN polymérase ι), 1205, 1223
 Pol κ (ADN polymérase κ), 1205, 1223
 POLA, voir Pol α
 Polaire, acides aminés à chaîne latérale, 71
 Polaires, cellules, 1551F, 1552
 Polarimètre, 74, 74F
 Polarité, 132, 1398
 POLB, voir Pol
polC, gène, 1182T
polC, mutants, 1182
 POLD1, voir Pol δ
 POLE, voir Pol ε
 POLG, voir Pol γ
 POLH, voir Pol η
 POLI, voir Pol ι
 Poliomyélite, 1404, 1440
 Poliovirus, **1440**, 1442, 1442F
 Poljak, R., 1614
 POLK, voir Pol κ
 Pollard, T., 1659
 Polo, kinase, 1564
 Poly(A) polymérase, voir PAP
 Poly(A) :
 courbe de C₀t, 1498F
 et dégradation de l'ARNm, 1548
 Poly(A), (polyadénylique acide), queue, 97
 Poly(A), 1157F, 1302–1303
 Poly(A), protéine de liaison à, (PAB II), 1303
 Poly(A), protéine de liaison au, voir PABP
 Poly(AUAG), 1343
 Poly(dA:dT), régions, 1489
 Poly(GUAA), 1343
 Poly(U), courbe de C₀t, 1498F
 Poly(UAUC), 1343
 Polyacides gras insaturés, 387
 Polyacrylamide électrophorèse en gel de, voir
 PAGE
 Polyacrylamide, gel de, 139, 140T, 147, 147F
 Polyadénylation, 1401–1402
 Polyadénylation, élément cytoplasmique de,
 (CPE), 1402
 Polyadénylique, queue d'acide, [poly(A)], 97

- Polybrène, 171
 Polycétides, biosynthèse, 968, 969F
 Polycistronique, ARNm, 1264
 Polycythémie, 343
 Polydispersion des masses des agrécans, 375
 Polyélectrolytes, 136
 Polyéthylène glycol (PEG), 1132
 Polygalacturonase (PG), 1403
 Polyglycine, 205, 224F, 228–229, 229F
 Polylinkers, cassettes de clonage 107
 Polylysine, 205
 Polymérase, commutation de, 1204
 Polymérase, protéine acide (PA), 1469, 1470
 Polymérase, protéine basique 1 (PB1), 1469, 1470
 Polymérase, protéine basique 2 (PB2), 1469, 1470
 Polymères linéaires, 70
 Polymérisation en chaîne, réaction de, (PCR), **114–117**, 115F, 212–213
 Polymorphes, enzymes, 545
 Polymorphismes
 du CMH, **1625–1626**, 1632
 utilisation en généalogie, **1508–1510**
 Polymorphismes de longueur de fragments de restriction, voir RFLP
 Polymorphismes de nucléotide unique (SNP), 1504
 Polyneuropathie familiale amyloïde, 310
 Polynucléotides, 84, 209–213. Voir aussi Acides nucléiques
 Polymavirus, 94T, 1172, 1443
 Polyoxyéthylène lauryl éther, 399F
 Polyoxyéthylène-*p*-isooctylphényl éther, 399F
 Polypeptides, 70. Voir aussi les différents types, *p. ex.* : Protéines
 conformations du squelette, **222–225**
 courbe de titration, 72, 73F
 dans le séquençage des protéines, 169
 règle un gène-un polypeptide, 26
 synthèse chimique, **205–209**
 Polypeptides, maturation, 1548
 Polypeptides, modification covalente, 1548
 Polypeptidique, synthèse. Voir aussi Protéique, synthèse chimique, **205–209**
 élongation de chaîne, 1372–1373, 1373F, 1379–1388
 fidélité traductionnelle, 1388–1391
 initiation de chaîne, 1373–1379
 polarité, 1371–1373, 1372F
 reprise, 1365
 terminaison chaîne, 1391–1395
 Polyproline, 224F
 Polyproline II, hélice, 228–229, 229F
 Polyprotéines, 1548
 Polyprotéines, de VIH-1, 546., 546F
 Polyprotiques, acides, **48–50**, 49F
 Polyribonucléotides, 1342
 Polyribosomes (polysomes), 154F, 1372, 1373F
 Polysaccharides, 15, 359, **365–366**. Voir aussi les différents exemples
 analyse des glucides, **366–367**
 disaccharides, **367**
 glycosaminoglycans, **370–373**
 liaisons glycosidiques présentes, **363–365**
 organisation polymérique, 17F
 stockage, **369–370**
 structuraux, **367–369**
 Polysaccharides, stockage, **369–370**
 Polysérine, 205
 Polysomes, 154F, 1372, 1373F
 Polystyrène, gels de, 137
 Polyènes, chromosomes :
 de *Drosophila melanogaster*, 1494F, 1495F, 1538, 1539F
 et brins d'ADN parallèles, 1494–1495
 et renflements des chromosomes, 1513
 Polytopiques, protéines, 402–403
 Polyubiquitine (PolyUb), 1411
 Polyvinylidène, difluorure de, voir PVDF
 POLZ, voir Pol ζ
 POMC (proopiomélanocortine), 1548F, 1548–1549
 POMC/CART, neurones, 1099
 Pommes de terre, 19T
 Pompe à protons, 843
 Pompe, maladie de, 666
 Pontage, agents de, 270–271, 270F
 Pontages dans le muscle strié, 1640
 Popot, J.-L., 920
 Porc, 121, 130
 Pore à soupape, 750–751
 Porine mitochondriale, 1582
 Porines, 403–404, 405F, 749–750, 824
 Porphobilinogène (PBG), 1048
 Porphobilinogène désaminase, 1048, 1053
 Porphobilinogène synthase (PBGs), 1048–1051, 1051F
 Porphyrie aiguë intermittente, 1056
 Porphyrie érythropoïétique congénitale, 1056
 Porphyries, 1056
 Porphyrine, 324, 818
 Porter, D., 812
 Porter, K., 9
 Porter, R., 1610, 1612
 Positif à l'intérieur, règle du, 427
 Position- spécifique, BLAST, voir PSI-BLAST
 Position, effet de, 1537
Postbithorax, mutant (*pbx*; *Drosophila*), 1553F, 1554
 Postérieur, compartiment, d'embryon de *Drosophila*, 1551F
 Postraductionnel, transport, des protéines, 428, 428F
 Post-traductionnelle, maturation, **1548–1549**
 Post-traductionnelle, modification, 101, **1403–1408**
 et renaturation, 280–281
 rôle dans la voie sécrétoire, 422
 Posttranscriptionnelle, modification, 97–98, 97F, **1301–1331**
 clivage protéolytique, 1403–1404
 épissage protéique, 1405–1408
 maturation des ARNm, 1302–1327
 maturation des ARNr, 1328–1329
 maturation des ARNt, 1329–1331
 modification covalente, 1405
 Posttranslocationnel, état, 1387–1388, 1387F
 POT1 (protection des télomères 1), 1213
 Potassiques, canaux, **752–755**, 753F, 754F
 Potassium, canaux des ions, **752–755**, 753F, 754F
 Potassium, ion, 45T, 1158
 Potentiel chimique, 58, 744
 Poules, dents de, 1550, 1550F
 Poulet
 comme source de protéines pour la purification, 130
 développement embryonnaire, 14F
 lactate déshydrogénase H, 153T
 ovalbumine, 1304, 1304F, 1305F
 triose phosphate isomérase, 231F, 252, 254F
 virus du cancer aviaire, 704–705
 Poulet, patte de (jonction de Holliday), 1234
 Poulets
 bourgeon de tissu présomptif de cuisse, 1551, 1551F
 clivage de la chromatine par la DNase I chez les, 1534
 embryon, 1550
 histone H1, 1483
 hormones sexuelles, 1524
 insulateur HS4, 1545
 particule cœur du nucléosome, 1485
 production de vitellogénine, 1548
 sous-fragment-1 de la myosine, 1644F
 troponine de muscle squelettique, 1646F
 Poulos, T., 686
 Poulter, D., 979
 Pourcentage de mutations ponctuelles acceptées, voir PAM, unités
 Pourpre, membrane, 402
 PPI (phosphoprotéine phosphatase-1), 1580
 PPI, voir Phosphoprotéine phosphatase-1
 PPAR γ (récepteur γ activé par les proliférateurs de peroxisomes), 1104
 ppGpp, 1301
 PPI, voir Peptidyl prolyl *cis-trans* isomérase
 PP_i, voir Pyrophosphate
 PPM, famille, 722
 PPP, famille, 722–725
 pppA(2'p5'A)n, 1400
 pppGpp, 1301
 (p)ppGpp, 1301
 PPRP, voir 5-Phosphoribosyl- α-pyrophosphate
 PPT (phosphopantéthéine transférase), 967
pr, gène, (drosophile), 25, 25F
p_R, gène, 1451T, 1461, 1464, 1465, 1465F, 1466, 1467F
 PRA, voir β-5-Phosphoribosylamine
 Prader-Willi, syndrome de, (PWS), 1251
 Pravachol, 990, 991F
 Pravastatine, 990, 991F
 pRB (protéine associée au rétinoblastome), **1572–1573**, 1573F
pRb, 1563
 PRC, voir Photosynthétique, centre de réaction
p_{RE}, gène, 1451T, 1461
 Préalbumine, 268, 268F, 269F, 677
 Pré-ARNm, 1304–1305, 1312
 Pré-ARNt, 1331
 Pré-ARNt, introns de, 1307T
 Pré-B, cellule, 1622
 Pré-B, récepteur de cellule, 1622
 Prébiotique, ère, 29
 Précipitation saline (salting out), 132T, 134
 Précoce, phase de transcription, (mode lytique), 1450–1451
Précoces, gènes, 1284
 Précurseur-produit, relations, 574
 Préinitiation, complexe 43S de, **1376–1377**
 Préinitiation, complexe de, (PIC), 1376–1377
 Préinitiation, complexe de, voir PIC
 Prékallcréine, 1604
 Prelog, V., 76
 Pré-miARN, 1325, 1326F
 Premier-ordre, équation de vitesse de, 483–484

- Premier-ordre, réactions de, 483, 484F
Prénylation, site de, 406
Prényltransférase, 679, 978
Préphénate, 1075
Préprimosome, 1190
Préprocollagène, 1404
Préproinsuline, 1404
Préprotéines, 422, 1404
Pré-répliatif, complexe, (Pré-RC), 1205–1207, 1206F
Préséquences, 422
Pré-spore, 1284
Présqualène pyrophosphate, 979F, 980–981, 981F
Presse de French, 130
Présynaptique, membrane, 440, 440F
Pré-tête, 1456–1458, 1458F
Prétranslocationnel, état, 1387F, 1388
PRF (Protein Research Foundation), 195T
PriA, hélicase, 1191
PriA, protéine, 1184T, **1185–1186**, 1190, 1190T, 1191
PriB, protéine, 1190, 1190T
Pribnow, boîte de, 1266
Pribnow, D., 1266
PriC, protéine, 1190, 1190T
Priestley, J., 901
Primaire, réponse immunitaire, 1609F
Primaire, structure, 163, 289–290, 1345–1346.
Voir aussi Acide nucléique, séquençage ; Protéines, séquençage,
Primaires, transcrits, 1301
Primaquine, 897–898
Primase, 101, 113F, 1176, **1188–1189**, 1190T
Pri-miARN, 1325, 1325F
Primosome, 1190–1193, 1190T
Primosome, site d'assemblage, (*pas*), 1190
Prion, hypothèse du, 314–315
Prion, maladies à, **312–316**
Prion, protéine, (PrP), 313–315
Prions, 313
*p*_{RM}, gène, 1451T, 1461, 1464, 1465, 1465F, 1466, 1466F
Prn-p, 313, 314
Pro, *voir* Proline
Proaccéléline (*V*₃), 1599, 1601, 1602
Pro-apoptotiques, protéines, 1575
Pro-ARNN^{pro}, 1359
Pro-C3, 1636
Procarboxypeptidase A, 538
Procarboxypeptidase B, 538
Procaryote, expression génique :
durée de vie des ARNm, 101
ARNP, 1265
transcription, 96–97, 101, 1269
traduction, 101
Procaryotes, **3–6**, 4F. *Voir aussi les différents organismes*
contrôle de la transcription, **1283–1301**
cycle de l'acide citrique, 789, 814–815
élongation de chaîne, 1379–1388
et production de protéines eucaryotes, 118
évolution, 13F, 34
fMet, 1373–1374
initiation de chaîne, 1373–1376
initiation traductionnelle, 1375–1376
introns, 1316
modification posttranscriptionnelle de l'ARNm, 1302
réparation des mésappariements, 1220
réparation par excision de nucléotide, 1217
réplication de l'ADN, 1173, **1190–1201**
ribosomes, 1369–1371
séquençage du génome, 176
taille de l'ADN, 94T
terminaison de chaîne, 1391–1392, 1392F
transformation par l'ADN, 85–86
transposons, 1236–1244
Procaspase-3, 1577F, 1579F
Procaspase-7, 1576–1577
Procaspase-8, 1577F, 1578
Procaspase-9, 1579F, 1580, 1581F
Procaspase-10, 1578
Procaspases, 1575–1577
Processives, enzymes, 1177
Processivité de la transcription, 1271–1272
Prochirale, différenciation, 471F
Prochiraux, atomes, 77
Prochymosine, 117F
Procollagène, 1403–1404, 1403F–1405F
Proconvertine (VII), 1603, 1604
ProCysRS, 1359
Proélastase, 538
Proenzymes (zymogènes), **537–538**
Profiline, 1658–1659
Profils, alignements de séquences, 202
Proflavine, 1340
Progéria, 1211
Progesterone, 681, 1525
Progestines, 673T, 681, 991
Programmée, mort cellulaire, 1573
Proinsuline, 280–281, 280F
Proinsuline, chaîne C, 280–281, 280F
Prokaryotes, 6
Proline racémase, 516
Proline
biosynthèse, 1071
chaîne latérale, 70, 264T
codons, 100T, 1343T
comme acide aminé non essentiel, 1065T
dans les protéines natives dépliées, 283
dans les protéines PEST, 1413
dégradation, 1034
diagramme de Ramachandran, 225
faible tendance à former une hélice α , 304
groupe amino, 67
pouvoir rotatoire, 74
structure et propriétés générales, 68T
tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
Prolyl hydroxylase, 236
Prolyl 3-hydroxylase, 1405
Prolyl 4-hydroxylase, 1405
Promoteur, élément cœur, 1282
Promoteur, élément en aval, (DPE), 1521
Promoteur, éléments en amont, (UP), 1266, 1282
Promoteurs, 97, 571, 1266–1267, 1284
Promoteurs, boîtes GC et, 1522F
Promoteurs, cœur des, 1516, 1517F, 1521
Promyélocytaire, leucémie, 1563
Pronase, 1474
Pronucleus, 121, 121F
Proopiomélanocortine (POMC), 1548F, 1548–1549
1, 2-Propanediol, 1018
Propeptides, 1403–1404
Properdine (facteur P), 1638
Prophage, 1448, 1449
Prophase, 20F, 21F
Prophospholipase A2, 538
Propionaldéhyde, 1018
Propionique, acide, 32T
Propionyl-CoA carboxylase, 952–953
Propionyl-CoA carboxylase, réaction, 953F
Proportionel, comptage, 572
Propranolol, 680
Protéines, 1403–1404
pro-R, 77, 77F
pro-S, 77, 77F
Prostacycline I₂ (PGI₂), 997, 998
Prostacycline synthase, 998
Prostacycline, récepteurs, 689
Prostacyclines, 993, **995–1000**
Prostaglandine endoperoxyde synthase, 997
Prostaglandine H₂ synthase, 406, 997
Prostaglandine, récepteurs, 689
Prostaglandines (PG), 971, 993–995, 994F, 995F, **997–1000**
Prostanoïque, acide, 993–994
Prostate, cancer, 1236
Prosthétique, groupe, 473
Protéase A, 525T
Protéase B, 525T
Protéases, 101, 131, 1419–1420
Protéases, récepteur 1 activé par les, 1603, 1603F
Protéases, récepteurs activés par les, (PAR), 1603
Protéasome 20S bovin, 1417
Protéasome 20S, 1411F, 1415, 1415F
Protéasome 26S, 1411–1412, 1414
Protéasomes et ubiquitination, 1411–1412
Protein Data Bank (PDB), **256–257**, 256T, 259
Protéinase K, 1383
Protéinase α_1 , inhibiteur de, 533
Protéine à Fe, 1080–1082
Protéine A, 1538
Protéine C, 1317, 1599, 1602, 1605
Protéine C, voie de la, contrôle de la formation du caillot et, 1605
Protéine centrale dans les protéoglycans, 373
Protéine de liaison aux acides gras intestinaux, *voir* I-FABP
Protéine des piques de la queue (bactériophage P22), 289–290
Protéine disulfure isomérase, *voir* PDI
Protéine E, 1314
Protéine F, 1314
Protéine fluorescente verte, *voir* GFP
Protéine G, 282
Protéine GB1, 282, 282F
Protéine kinase A (PKA), 651–654
Protéine kinase A :
et protéines BH3-seulement, 1580
structure de Cdk2 et, 1566
Protéine kinase B (PKB), 734, 737F
Protéine kinase C (PKC), 660, 698, 713, 727, 730–732
Protéine P, 1031
Protéine phosphatase-2A, 699, 723F
Protéine phosphatases, **721–725**
Protéine S, 1599, 1605
Protéine Ser/Thr phosphatases, 722
Protéine T, 1032
Protéine tyrosine kinases (PTK), 690, **699–703**
Protéine tyrosine phosphatases (PTP), 721
Protéine, dénaturation, 57, 221, 262, **265–266**
Protéine, stabilisation, **130–131**

- Protéines, 15. *Voir aussi sujets voisins, p. ex. :*
 Acides aminés
 acides aminés, 67–73, 68T–69T
 acides aminés essentiels, 1064
 altérations responsables d'un cancer, 1514
 attachement d'ubiquitine, 1410F
 clivage par les caspases, 1577
 conception de, 305–306
 constantes physiques, 153T
 courbe de titration, 72, 72F
 cristaux, 122
 dans la chromatine, 8
 dans la traduction, **98–101**
 dans les processus biologiques, 67
 dans les virus, 1429
 de corps d'inclusion, 117
 de fusion, 118
 dénaturées, 57
 dérivés d'acides aminés, **78–79**, 80F
 et clonage moléculaire, **117–121**
 et tampons, 48
 évolution, **192–196**, 196F, **316–318**
 évolution chimique, 189–192, 191F
 fibreuses, *voir* Fibreuses, protéines
 globulaires, *voir* Globulaires, protéines
 groupes fonctionnels, 43
 homologues, 189–192
 interactions entre sous-unités, 267
 maladies conformationnelles, **309–316**
 modification posttraductionnelle et dégradation, 101
 motifs, 249–251
 nombre, 70
 organisation, 17F, 163–164, 281–282, 281F
 polyprotéines, 1404
 pour purification, 130
 pseudosymétriques, 268
 règle un gène–un polypeptide, 26
 rôles, 163
 solubilité, **133–135**
 structure primaire, *voir* Protéines, séquençage
 structure quaternaire, **266–271**, 267F
 structure tertiaire, **245–256**, 304–305
 structures, **230–233**
 structures beta, **229–232**
 structure secondaire, **221–233**, 302–304
 structures hélicoïdales, **225–229**
 structures supersecondaires, **249–251**
 symétrie, 267–270
 symétrie cyclique, 268, 268F
 symétrie dièdre, 268, 268F
 symétrie hélicoïdale, 269, 269F
 symétrie icosaédrique, 268, 268F
 symétrie octaédrique (cubique), 268, 268F
 symétrie tétraédrique, 268, 268F
 synthèse chimique de polypeptides, **206–209**
 Protéines acylées par des acides gras, 407
 Protéines adaptatrices, *voir* AP
 Protéines cristallines, 122
 Protéines d'assemblage, 713–714
 Protéines fer-soufre à haut potentiel, *voir* HIPIP
 Protéines G, 407, 423, 688, 692, 695F, 1314, **1376**, 1395
 Protéines G, récepteurs couplés aux, (GPCR), 689, 993
 Protéines G hétérotrimériques, 688–689
 adénylate cyclases, **697–698**
 récepteurs couplés aux protéines G (GCPR), **689–690**
 phosphodiesterases, **688–689**
 structure et fonction, **690–697**
 Protéines globulaires, **241**
 bioinformatique structurale, **256–259**
 et feuillettes plissé β , 230
 et hélices α , 226
 et structures non répétitives, **230–233**
 organisation hiérarchique, **281–282**, 281F
 structure par rayons X et RMN, **241–245**
 structure tertiaire, **245–256**
 Protéines hybrides, 118
 Protéines kinases, 670, 973, 975
 Protéines kinases A, protéine d'ancrage aux, (AKAP), 714
 Protéines membranaires, **399–406**
 formant un canal, **416–418**
 intrinsèques, **399–406**
 liées aux lipides, **406–408**
 Protéines membranaires intrinsèques, 399–406
 Protéines membranaires liées aux lipides, **406–408**
 Protéines monotypiques, à un seul domaine transmembranaire, 426
 Protéines prénylées, 406–407, 407F
 Protéines sécrétées, 421F
 Protéines TM de type I, 426
 Protéines TM de type II, 426, 427F
 Protéines TM de type III, 426, 427F
 Protéines TM de type IV, 426–427
 Protéines, banques de données de séquence, 195T
 Protéines, canal de conduction (PCC), 424, 426
 Protéines, cristaux, 134F
 Protéines, dégradation, **1408–1411**. *Voir aussi* Polyubiquitine ; Ubiquitine
 Protéines, dosages, **131–132**
 Protéines, dynamiques des, **306–309**
 Protéines, épissage, **1405–1408**
 Protéines, familles de, 1507
 Protéines, familles de, *voir* Pfam
 Protéines, isolement, **129–133**
 Protéines, métabolisme des, 561F
 Protéines, purification, **129–156**
 électrophorèse, **146–152**
 et isolement de protéine, **129–133**
 et solubilité protéique, **133–135**
 séparation chromatographique, **135–146**
 stratégie générale, 132–133
 ultracentrifugation, **152–156**
 Protéines, renaturation, **278–281**
 Protéines, repliement, 537
 déterminants, **281–284**
 et échange H/D pulsé, 285–286
 et renaturation, 278–281
 nature hiérarchique, 289
 peptidyl prolyl *cis-trans* isomérases, **292**
 protéine disulfure isomérases, 280, **290–292**, 290F, 291F
 protéines auxiliaires, **290–302**
 réticulum endoplasmique, 427–428
 système GroEL/ES, **294–302**
 théorie du paysage, **287–289**, 288F
 voies, **284–290**
 Protéines, séquençage, **164–165**
 alignement de séquences, **194–203**
 analyse du groupe terminal, 165–168
 bases de données de séquence, **194–195**
 caractérisation de peptides et séquençage par spectrométrie de masse, **172–174**, 172F
 carte peptidique, 174–175, 175F
 clivage, des liaisons disulfure, 168–169
 comparaison avec le séquençage des acides nucléiques, 184–185
 dégradation d'Edman, 165, 167F, 171, 172, 174
 détermination de la séquence, 171, 171F
 identification de l'aa C-terminal, 165–168
 N-terminal, identification de l'aa, 165
 ordre des fragments peptidiques, 171
 positionnement des liaisons disulfure, 172
 réactions de clivage peptidique, **169–171**
 séparation, purification, et caractérisation des chaînes polypeptidiques, 169
 séparation et purification de fragments peptidiques, 171
 Protéines, solubilisation, **130**
 Protéines, stabilité, **130–131**
 et dénaturation, 265–266
 et liaisons disulfure, 264–265
 forces électrostatiques, 259–261
 forces hydrophobes, **262–264**
 liaisons hydrogène, **261–262**
 protéines thermostables, 266
 Protéines, stabilité thermique, 266
 Protéique, synthèse, 1260, 1362–1398. *Voir aussi sujets voisins p. ex.* Traduction
 élongation de chaîne, 1372–1373, **1379–1388**
 et antibiotiques, 1395–1398
 fidélité traductionnelle, 1388–1391
 formation de vésicules, **428–440**
 fusion de vésicules, **440–445**
 initiation de chaîne, **1373–1379**
 polarité, 1371–1373
 terminaison de chaîne, **1391–1395**
 voie sécrétoire, **420–428**
 Protéiques, entonnoirs de repliement, 287–289, 288F
 Protéoglycane, sous-unité, 373, 375
 Protéoglycanes, **373–375**, 373T
 Protéolyse limitée, 170
 Protéolytique, clivage, des polypeptides, 1548
 Protéome, 152, 185, 258
 Protéomique, 152, **576–578**, 577F
 Proteopedia, 256T, 257
 Prothrombinase, 1599
 Prothrombine (facteur II), 1595
 activation, 1601–1602
 concentration, 1604
 humaine, 1599, 1599F
 Prothrombine, fragment 1, 1601, 1601F
 Protistes, 12, 13F
 Protofilaments, 1665–1666
 Protofilaments de kératine, 234F
 Protohélices, VMT, 1431–1432, 1432F, 1434–1436
 Protomères, 267
 Protomotrice, force, (pmf), 846
 Protons, 45–46, 45F, 45T
 Protons, ATP synthase translocatrice de, (Complexe V), *voir* F₁F₀-ATPase
 Protons, ATP synthase translocatrice de, **852–859**
 Protons, conducteur de, 800
 Protons, pompe à, mécanisme, 846–847, 850, 850F
 Protons chimiques (scalaires), 843
 Proto-oncogènes, 705

- Proto-oncogènes, doigts à zinc, 1525
 Protoplastes, 378
 Protoporphyrine érythroïdétique, 1055
 Protoporphyrine IX, 316, 316F, **324**
 biosynthèse, 1053–1055
 et chaîne de transport des électrons, 838
 Protoporphyrinogène IX, 1054
 Protoporphyrinogène oxydase, 1053–1055
 Protostérol, 982
 Protozoaires, 13F, 185, 192, 1344T. *Voir aussi les différents organismes*
 PrP 27-30, 315
 PrP, (Protéine prion), 313–315
 Prp73 (particule de reconnaissance de peptide), 1409
 PrP^C, 314–315
 PRPP, *voir* 5-Phosphoribosyl- α -pyrophosphate
 PrP^{Sc}, 314–315
 Prusiner, S., 312
 PS I, *voir* Photosystème I
 PS II, *voir* Photosystème II
 PsbB, du photosystème, 916
 PsbC, du photosystème, 916
 PSBD, *voir* Périphériques, domaine de liaison aux sous-unités,
 Pseudogène, 1505, 1508
 Pseudoglobuline, 133F
 Pseudorotation, 591
 Pseudosymétriques, protéines, 268
 Pseudouridine, 1219, 1346, 1347F
 [PSI], 315
 PSI-BLAST (Position-Specific Iterated BLAST), **202–203**, 304
 Psoriasis, 993, 1610
 pST (somatotropine porcine), 119
 PSTAIRE, séquence, 1567, 1568
 PstI, 105T
 PT, *voir* Pertussique, toxine
 PTA (antécédent de la thromboplastine plasmatique ; XI), 1604
 Ptashne, M., 1462, 1528
 PTB (domaine de liaison aux phosphotyrosines) 707
 PTB, domaine, 1541
 PTC (phénylthiocarbamyle), 165
 PtdIns, *voir* Phosphatidylinositol
 PtdIns-4,5-P2, *voir* Phosphatidylinositol-4,5-bisphosphate
 PTEN, 736, 1563
 Ptéridine, 1043
 Ptérine-4a-carbinolamine, 1044
 Ptérine-4a-carbinolamine déshydratase, 1044
 Ptérines, 1043–1045
 PTH, *voir* Hormone parathyroïdienne ; Phénylthiohydantoïne
 PTK, *voir* Protéine tyrosine kinases
 PTP (protéine tyrosine phosphatases), 721
 PTS, *voir* Phosphoénolpyruvate-dépendant, système phosphotransférase
 pUC18, vecteur de clonage, 107, 107F
 Puces d'ADN *voir* ADN, puces,
 Pulse-chase, impulsion avec chasse, expérience de, 1175
 PUMA (modulateur de l'apoptose stimulé par p53), 1580
 Pupe d'embryon de *Drosophila*, 1552
 PurB, *voir* Adénylosuccinate lyase
 PurC, *voir* SAICAR synthétase
 PurE, 1111
 Pureté, 132
 PurF, *voir* Glutamine PRPP aminotransférase
 PurH, *voir* AICAR transformylase
 Purification, tableaux de, 161
 Purine, **83**
 Purine nucléoside phosphorylase (PNP), 1130F, 1131
 Purine, répresseur, (PurR), 1296
 Puriques, cycle des nucléotides, 1132, 1133F
 Puriques, ribonucléotides, 1107–1108. *Voir aussi* Adénine ; Guanine
 catabolisme, **1130–1134**
 et atomes de l'anneau de purine, 1107F
 orientations, 1152F
 récupération, **1114**
 régulation de la synthèse, **1113–1114**
 synthèse de l'AMP, **1111–1113**, 1113F
 synthèse de l'IMP, **1108–1111**, 1113F
 synthèse du GMP, **1111–1113**, 1113F
 PurJ, *voir* IMP cyclohydrolase
 PurK, 1111
 PurL, *voir* FGAM synthétase
 PurM, *voir* AIR synthétase
 PurN, *voir* GAR transformylase
 Puromycine, 424, 1376, 1382, 1382F, 1395, 1395T
 PVDF (polyvinylidène difluorure), 111, 171
 PvuII, 105T
 PWS (syndrome de Prader-Willi), 1251
 pXI, protéine, 1456
 pX2, protéine, 1456
 Pycnodysostose, 540
 Pyl (pyrrolysine), 1361–1362
 PylRS, 1362
 Pyrane, 361
 Pyranoses, 361
 α -Pyridone, 508
 Pyridoxal phosphate, 473T
 Pyridoxal-5'-phosphate (PLP), 511, 640, 1020
 Pyridoxamine-5'-phosphate (PMP), 1020
 Pyridoxine, 474T, 1020
 Pyrimidine, **83**, 475–479
 Pyrimidines, dimères de, 1214–1215, 1214F
 Pyrimidiques, nucléotides, 471F
 Pyrimidiques, ribonucléotides, **736–738**, **1136**.
 Voir aussi Cytosine ; Thymine ; Uracile
 orientations stériquement possibles, 1152F
 régulation de la synthèse, **1118**
 synthèse de l'UMP, **1114–1118**
 synthèse de l'UTP, **1118–1119**
 synthèse du CTP, **1118–1119**
Pyrobaculum aerophilum, 1315
Pyrococcus furiosus, 114
Pyrolobus fumarii, 266
 Pyrolysine, 1361–1362
 Pyrophosphatase inorganique, 582, 946
 Pyrophosphate (PP_i), 102F, 578, 1265
 Pyrophosphate, clivage, 582, 582F
 Pyrophosphate, ion, 96, 96F
 5-Pyrophosphomévalonate, 977
 Pyrophosphomévalonate décarboxylase, **977–978**, 978
 Pyroséquençage, 183, 184F
 Pyrrole, noyaux, 324
 Pyrrole-2-carboxylate, 516
 Δ -1-Pyrroline-2-carboxylate, 516
 Δ^1 -Pyrroline-5-carboxylate, 1070F, 1071
 Pyrroline-5-carboxylate réductase, 1070F, 1071
 Pyrrolysine (Pyl), 1361–1362
 Pyruvamide, 617
 Pyruvate
 biosynthèse, 561F
 dans la glycolyse, 593, 594F, 595, 596F
 dans la voie d'Entner-Doudoroff, 637F
 dans le cycle de l'acide citrique, 766F, 790–792, 790F, 794–795, 816
 et intégration de voies, 1090
 et oxaloacétate, 872–876, 872F
 fermentation, 594F, **614–619**
 pour la biosynthèse de l'alanine, 1067F
 produit de dégradation des acides aminés, 1030–1034
 Pyruvate carboxylase, 818–819, 872–876, 874F, 875F
 Pyruvate décarboxylase (PDC), 616, 617F
 Pyruvate déshydrogénase (E1), 794–795, 798F, 799–800, 800F
 Pyruvate déshydrogénase kinase, 799, 804–805, 805F
 Pyruvate déshydrogénase phosphatase, 799, 805
 Pyruvate déshydrogénase, complexe multienzymatique, (PDC), **792–800**, 1111
 coenzymes et groupes prosthétiques, 795T
 réactions, 794F
 régulation, 804–805, 805F
 Pyruvate kinase (PK), 581–582, 1089
 dans la gluconéogenèse, 872
 dans la glycolyse, 596F, **613–614**, 614F
 Pyruvate:ferrédoxine oxydoréductase, 814–815
 Pyruvate-phosphate dikinase, 936
 Pythagore, 897
 PYY₃₋₃₆, 1099
Q
 Q (plastoquinone), 915
 Q, gène, 1451T
 QFR (quinol-fumarate réductase), 840
 QH₂ (plastoquinol), 915
 QSAR (quantitative structure-activity relations), 540, 540F
 Q-SNARE (récepteurs des SNAP), 441, 442, 779, 780
 Quantique, rendement, 912
 Quantitative structure-activity relations *voir* QSAR
 Quasi-équivalentes, sous-unités, 269
 Quaternaire, structure, des protéines, 164, **266–271**, 267F
 Questran, 990
 Queue de bactériophage, 1455, 1459
 Quiescence, 1202
 Quinine, 539, 1058
 Quinololate, 1137F, 1138
 Quinololate phosphoribosyltransférase, 1137F, 1138
 Quinol-fumarate réductase (QFR), 840
 Quinolone, antibiotiques, 1167, 1169–1170
 Quiocho, F., 1131
Qut, gène, 1451T, 1454
R
 R, état (conformation quaternaire de l'oxyHb), 333–334, 336–339, 336F, 337F
 et coopérativité de l'hémoglobine, 352–353
 et modèle séquentiel d'allostérie, 351
 et modèle symétrique d'allostérie, 349–351
 R, état, de l'ATCase, 476–479, 477F
 R, forme, (système RS), 76–77

- R, gène, 1451T
R, Groupes, des acides aminés, 70
R, pneumocoques de type, 86, 86F
R5P, voir Ribose-5-phosphate
RA (acide rétinolique), comme morphogène, **1561–1514**
Rab, protéines, 406, 441–444
Rab5, 734
Rab-GAP, 441
Rab-GEF, 441
Rac, 1660
Rac1, 727–728, 728F
Racémiques, mélanges, 78
Rachitisme, 677
RACK, famille, 730
Racker, E., 852, 860, 892
radI, gène, 1568
rad17, gène, 1568
rad26, gène, 1568
Rad3, 1568
rad3, gène, 1568
Rad50, 1224
Rad51, 1230, 1236
Rad6, 1545
rad9, gène, 1568
Radeaux, 411
Radiaire, bras, 1674
Radiaire, tête, 1674
Radioactif, comptage, 149
Radioactive, décroissance, 572
Radioimmunotests, 130, 674
Raf, 712–713
Raff, M., 1574
Raffinose, 385
RAG, **1620–1621**
RAG1, 1620
RAG1, protéine, 1620, 1621
RAG2, 1620
RAG2, protéine, 1620
Rage, 1429
RAIDD, 1578F
Ramachandran, diagramme de, **223–226**, 224F, 229
Ramachandran, G. N., 223
Ramakrishnan, V., 1365, 1389, 1392, 1394, 1487
Ramification, enzyme de, 646, 667
Ran, 709
Randle, cycle de, 864
Randle, P., 864
Rao, Z., 838
RAP1, 1213
Rap1A, 713
Rapamycine, 734, 737F
Rapoport, T., 424, 620
Rapporteurs, gènes, 120–121, 120F, 571
RAR (récepteur de l'acide rétinolique), 1563
RARE (éléments de réponse à l'acide rétinolique), 1563
Ras, 1570
Ras, protéines, 407, 434, 688, 708–709
RasGAP, 711
Rat1, exonucléase, 1304
Ratner, S., 1025
Rats :
 composition des membranes hépatiques, 398T
 enzymes hépatiques, 1408T
 kinésine-1, 1668–1669, 1669F
 nombre de chromosomes, 19T
 POMC, 1548–1549
 ribosomes hépatiques cytoplasmiques, 1370T
 séquençage du génome, 177T
 source de protéines pour la purification, 130
 tests de carcinogénèse, 1224
Rayment, I., 613, 874, 1238, 1643, 1650
Rayons ionisants, 1214
Rayons X, cristallographie par
 de complexes enzyme–substrat, 470
 et double hélice d'ADN, 88, 88F
 et RMN, 244
 études dynamiques de protéines, 306
 interprétation, 241–245
Rayures de zèbre, patron d'expression en, (*Drosophila*), 1555–1556
Rb, 1211
Rb, gène, 1563
RB69 pol, 1223 RBD, voir ARN, domaine de liaison à,
RBD (domaine de liaison à l'ARN), 1303.
 Voir aussi RRM (motif de reconnaissance de l'ARN)
RBPI, 1318
Rbx1, 1412–1413, 1413F
RdRP (ARN polymérase ARN-dépendante), 1324
re, côté, 77, 77F
RE, voir Réticulum endoplasmique lisse
Réaction, cinétiques de, voir Enzyme, cinétiques ; Cinétiques
Réaction, diagramme des coordonnées de, **485–486**, 485F
Réaction, vitesses, des réactions non-enzymatiques, **483–484**
Réactions couplées, **60–61**
Réactions d'ordre zéro, 488
Réactions de simple déplacement, 498, 501
Réactions enzymatiques réversibles, modèle à un intermédiaire, 491
Réactions trimoléculaires, 483
Réarrangement, réactions de, **567**
RecA, 1221, 1222, 1239
 et recombinaison dans *E. coli*, **1228–1230**, 1229F, 1230F
 et recombinaison réparation, 1234
RecA, 1466
recA, gène, 1221, 1451T
recB, gène, 1230
RecBCD, 1230–1231, 1230F, 1231F, 1235
recC, gène, 1230
recD, gène, 1230
Récepteur des restes de chylomicrons, 454
Récepteurs, 660
 cible pour la conception de médicaments, 539
 liaison des hormones, 674–675
Récepteurs éboueurs voir Scavenger, récepteurs
Récepteurs tyrosine kinases (RTK), 293, **699–703**
Récifsifs, caractères, 20–22
Receveurs universels, (sang), 466
RecG, 1234
Recherche lecture d'articles de, 35–36
RecJ, 1220
Recombinaison, 24, **1225–1246**
 homologue, **1225–1236**, 1227F
 réarrangement chromosomique par, 1242F
 site-spécifique, 1239–1240, **1242–1246**
 transposition, **1236–1246**
 virale, 27–28, 28F
Recombinaison générale, 1225
Recombinaison homologue, 1222, **1225–1236**, 1227F
Recombinaison réparation, 1222, **1234–1236**, 1234F, 1235F
Recombinaison site-spécifique, 1237, 1239–1240, 1242–1246
Recombinaison, gènes activateurs, 1620
Recombinaison, séquences signal (RSS), 1618
Recombinant, ADN, 104, 109F, 110F, 621.
 Voir aussi Clonage moléculaire
Recombinantes, protéines, 119
Recombinases, 1239
Reconnaissance indirecte (ADN-protéine), 1290
Reconnaissance, hélice de, 1288
Reconnaissance, unité de, du système du complément, 1634–1636
Récupération, voies de, **1114**
Redémarrage, primosome de, 1235
Rédox, réactions, 583. *Voir aussi* Oxydo-réduction, réactions,
Réducteur, 584
Réducteur, agent, 584
Réducteurs, sucres, 364
Réduction, 583. *Voir aussi* Oxydo-réduction, réactions,
Réduction, potentiels de, 585, 585T
Reed, G., 613
Reed, L., 792, 798
Rees, D., 910, 1080
Refsum, maladie de, 958
REG, 1418–1419
12/23, règle, 1620F
Règle un gène un polypeptide, 26
Règle un gène une enzyme, 26
Règnes fondamentaux, 6
Régulateur 11S, 1418–1419
Régulateur négatif, 1286
Régulateur positif, 1286
Régulateur19S, 1414
Régulatrices, cellules T, 1609
Régulatrices, chaînes légères (RLC), 1641–1643
Régulatrices, protéines, 1503
Régulatrices, séquences, de protéines, 1514
REG α , 1418–1419
REG β , 1418
Réhydratation orale, thérapie de, 768
Reichard, P., 1119, 1122
Reichert, E., 323
Rein, gènes spécifiques du foie non transcrits dans le, 1514
Reinberg, D., 1536
Reins, 871, 1091F, 1095
Rétérées séquences, 1505–1506
Rejet suraigu, 121
Rel, oncogène, 1530
Rel, protéines, 1531
Rel, région d'homologie à, (RHR), 1530–1531
RelA (facteur stringent), 1301
RelA, 1530
relA, gène, 1301
Renza, 1475
Rémicade (infiximab), 1613
Remington, J., 766, 806, 807
Renaturation
 de l'ADN, 93, 93F
 des protéines, voir Protéines, renaturation,
Rénine, 547, 547F
Reoviridae, 1444

- Rep hélicase, **1183–1186**, 1191–1193
 Rep, protéine, 1184T
 Réparation de l'ADN, **1213–1225**
 et fidélité de réplication, 1200–1201
 et identification de carcinogènes, 1224–1225
 et Pol I, 1181
 et réponse SOS, 1221–1223
 réparation des cassures double-brin,
1223–1224
 réparation des mésappariements, **1220**
 réparation par excision, **1216–1219**
 réversion directe des altérations, 1214–1216
 Réparation des mésappariements, **1220**,
 1220F
 Réparation par excision, **1216–1219**
 Réparation par excision de nucléotide
 (NER), 1216–1218, 1217F
 Reperfusion, accident de, 325
 Répétitions courtes en tandem (STR),
 1499–1500
 Répétitions de séquence simple (SSR),
 1499–1500
 Répétitives, séquences modérément, 1498,
1500–1502, 1501T
 Répétitives, séquences, 181
 Répétitives, séquences, dans le génome,
 1498–1502
 Répétitives, séquences, et ultracentrifugation
 des acides nucléiques, 159
 Réplicatifs, transposons, 1242
 Réplication de l'ADN, 1174F
 Réplication semi-conservative, 90
 Réplication semi-conservative de l'ADN, 90,
1173–1174
 Réplication semi-discontinue de l'ADN,
1175–1176, 1175F
 Réplication, bulles, 1173–1174, 1173F
 Réplication, collapse de la fourche, 1222
 Réplication, facteur C, *voir* RFC
 Réplication, fourches de, 102–103, **1173–1174**
 dans la réplication d'*E. coli*, 1199
 eucaryotes, 1206
 dans la recombinaison réparation, 1234–
 1235, 1234F, 1235F
 Réplication, origine, 106, **1174**, 1205–1206
 Réplication, protéine A (RPA), 1206
 Réplication, redémarrage indépendant d'une
 origine, 1235
 Réplication, *voir* Réplication de l'ADN
 Réplication, yeux, 1173–1174, 1173F, 1176F
 Répllicative, transposition, 1237, 1239, 1239F
 Répliquatives, formes, *voir* RF ; RFI ; RFII
 Réplicons, 1205, 1226
 Repliement protéique, problème du, 278
 Repliement, mécanisme du piégeage dû au,
 448
 Repliement, reconnaissance du, (Threading),
 305
 Repliement, reconnaissance du, 305
 Réplique d'une boîte de culture, 26, 26F
 Réplisome, 1193F, 1194, 1196, 1196F
 Répresseurs, 96
 RER, *voir* Réticulum endoplasmique
 rugueux
 Reséquençage, 184
 Résidus invariants, 188
 Résines, 137–138, 207–208
 Résistine, 1104
 Résolution, site interne de, 1237
 Résolvase, 1239–1241, 1241F
 Résonance de spin électronique (ESR), spec-
 troscopie, 911
 Résonance paramagnétique électronique
 (EPR), spectroscopie, 911
 Résonance transfert d'énergie de, 905
 Respiration, 9, 34, 323
 Respiratoire, chaîne, 823
 Respiratoire, syndrome de détresse, 1005
 Respiratoires, mouvements, 306
 REST, 1543
 Restriction, cartes de, 107F
 Restriction, endonucléases de, **104–106**, 105F
 pour le séquençage d'acides nucléiques, 176
 pour les manipulations géniques, 109
 produits de digestion, 106F
 Restriction, enzymes de, **104**, 105T
 Restriction, point de, 1563–1564
 Restriction-modification, systèmes de, 104
 Restrictives, conditions, 27
 Retardée, phase de transcription précoce,
 (mode lytique), 1451
 Réticulocytes, 111–112, 1056
 Réticulum endoplasmique, (RE, ER), 7F, 9,
 11F
 fonctions métaboliques, 562T
 lisse, *voir* Réticulum endoplasmique lisse
 rugueux, *voir* Réticulum endoplasmique
 rugueux
 voie sécrétoire in, 420–424
 Réticulum endoplasmique lisse (RE), 7F, 9,
 562T
 Réticulum endoplasmique rugueux (RER),
 7F, 9
 fonctions métaboliques, 562T
 formation de vésicules, 428–440
 fusion de vésicules, 440–445
 voie sécrétoire, 420–424
 Rétinal, 123, 402, 402F, 689, 850–851, 976
 Rétinite pigmentaire, 1663
 Rétinoblaste, 1563
 Rétinoblastome, 1563
 13-*cis*-Rétinoïque, acide, 1561
 Rétinoïdes, 1525
 Rétinol, 252, 1561
 Rétinol, protéine de liaison du, 252, 252F, 310
 Rétro inhibition, 474–479, 620, 623–624
 Rétrograde, transport, 428
 Rétrotranslocation, 428
 Rétrotransposons, 1244–1246
 Rétrotransposons non viraux, 1246, 1246F
 Rétrovirus, 116, 545, 1207, 1245–1246, 1245F
 Rétrovirus endogène (ERV), 1501, 1501T
 Réversibles, processus, 56–57
 Réversibles, réactions, **491–492**, 501–502
 Révolution Verte., 122
 Reznikoff, W. S., 1237, 1238
 RF (forme répliquative), 1190, 1266
 RF I (forme répliquative), 1190, 1191, 1191F
 RF II (forme répliquative), 1190
 RF-1 (facteur de libération), 1375T, 1391–
 1394, 1393F
 RF-2 (facteur de libération), 1375T,
 1391–1394
 RF-3 (facteur de libération), 1375T, 1392
 RFC (facteur de réplication C), 1204–1205,
 1204F
 RFLP, (polymorphismes de longueur de frag-
 ments de restriction), 106, 106F, 107F
 RGS, protéines, 692
 Rh (Rhésus) système de groupes sanguins,
 414–415
rh1, gène, 1243
 Rhinite infectieuse, 1440
 Rhinites, rhume, 1429, 1440
 Rhinovirus, **1440**, 1441F, 1442, 1442F
 Rhinovirus humain, 1441F, 1442, 1442F
Rhizobium, 1080F
 Rho, facteur, 1275–1276, 1276F
Rho, gène, 1451T
 Rho, protéines, 688, 709, 1365
 Rho13N, 1276F
 Rhodes, D., 1490, 1527
 Rhodopsine, 163, 689
 RHR (région d'homologie à Rel), 1530–1531
 Rhumatoïde, arthrite, 1409, 1574, 1610, 1613
 Ribitol, 364
 Riboflavine, 474T, 565F, 1138
 Ribonucléase A pancréatique bovine, 470.
Voir aussi RNase A
 constantes physiques, 153T
 mécanisme catalytique acido-basique,
 508–510, 509F
 Ribonucléase A, *voir* RNase A
 Ribonucléase B, *voir* RNase B
 Ribonucléase T1, 176
 Ribonucléique, acide, *voir* ARN
 Ribonucléoprotéine nucléaire hétérogène
 (hnRNP), 1314
 Ribonucléoprotéines, 1145
 Ribonucléotide réductase (RNR), 844,
 1119–1126
 Ribonucléotides, **82**, 82F
 Ribose phosphate isomérase, 929
 Ribose phosphate pyrophosphokinase, 1108,
 1109F, 1111
 Ribose-5-phosphate (R5P):
 dans la synthèse d'AMP/GMP, 1112F
 dans la synthèse d'IMP, 1108
 dans le cycle de Calvin, 929
 dans le cycle des pentose phosphates
 892–894
 Ribosome 70S, 1363T, 1369F, 1375
 Ribosome, site d'entrée interne des, (IRES),
 1379
 Ribosomes, 1145, 1338. *Voir aussi* Protéique,
 synthèse
 architecture, 1366–1368
 auto-assemblage, 1365
 coefficient de sédimentation, 154F
 d'*E. coli*, 367F, 1363F–1366F
 de procaryotes, 4, 4F
 d'eucaryotes, 7F, 9, 1369–1371
 en tant que ribozyme, 1383–1384
 formation de vésicules, 428–440
 fusion de vésicules, 440–445
 polarité de lecture, 1342–1343, 1372
 régulation de la synthèse d'ARN, 1301
 sites de liaison, 1368
 structure, 1363–1371
 synthèse dans la voie sécrétoire, 421F
 traduction par les, 98–101, 1363–1398
 Ribosomes, assemblage, 1504–1505
 Ribosomique, ARN, *voir* ARNr
 Ribosomique, ARN5S, 176
 Ribosomique, facteur de recyclage, *voir* RRF
 Riboswitches, 1299–1301, 1300F, 1318–1319,
 1320F
 Ribothymidine (T), 1347F
 Ribozymes, 82, 1078
 en tête de marteau, **1310–1311**, 1311F
 et introns de Groupe I, 1308–1309
 les ribosomes en tant que, 1383–1384

- Ribulose bisphosphate carboxylase (RuBP carboxylase), **929–931**, 930F
- Ribulose bisphosphate carboxylase activase, 931, 933
- Ribulose-1,5-bisphosphate (RuBP), 927
- Ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase oxygénase, *voir* RuBisCO
- Ribulose-5-phosphate (Ru5P), 892–895, 895F, 927
- Ribulose-5-phosphate épimérase, 894, 895F
- Ribulose-5-phosphate isomérase, 894, 895F
- Rice, P., 1460
- Riche, A., 236, 1149–1151, 1155, 1323, 1346, 1372
- Richeter, J., 1402
- Richmond, T., 1485, 1489, 1518
- Ricine, 1395T
- Rickettsia prowazeki*, 177T
- Rickettsia*, 4F
- Rieske, J., 835
- Rieske, protéines fer–soufre de, 835
- Rifampicine, 1176, 1269
- Rifamycine B, 1269, 1395
- Rigidité, complexe de, 1650
- Rigidité, état de, 1685
- Rigidité cadavérique, 1650
- rIIA*, groupe de complémentation, 28
- rIIB*, cistron, 1340
- rIIB*, groupe de complémentation, 28
- Rilling, H., 979
- RING, doigts, 1410
- Ringe, D., 308, 434
- Ringer, S., 1652
- Rinn, J., 1570
- RISC (complexe d'extinction (silencing) induit par l'ARN), 1324
- RISC (complexe d'extinction induit par l'ARN), 1324
- Riséronate, 679F
- Ritonavir, 550F, 551
- Rittenberg, D., 574, 961, 1048
- Riz, 122, 122F, 177T
- Riz doré, 122, 122F
- RK (HMG-CoA réductase kinase), 989
- RLC (chaînes légères régulatrices), 1641–1643
- RMM (motif de reconnaissance de l'ARN), 1365
- RMN, spectroscopie
interprétation des structures, 243–244
avec échange H/D pulsé, 285–286
pour les études métaboliques, 569, 572
- RNAP, *voir* ARNP
- RNase dans l'assemblage du VMT, 1435
- RNase A (ribonucléase A), 63, 176, 470
constantes physiques, 153T
courbe de titration, 73F
dénaturation, 265F, 266
état, 308
mécanisme catalytique acido–basique, 508–510, 509F
point isoélectrique, 134T
renaturation, 278–281, 279F
vitesse de repliement, 284, 381
- RNase B (ribonucléase B), **380–381**, 380F
- RNase D, 1328
- RNase E, 1328
- RNase F, 1328
- RNase H, 1151, 1207–1209
- RNase H1, 1207
- RNase III, 1324, 1328
- RNase L, 1400
- RNase M16, 1328
- RNase M23, 1328
- RNase M5, 1328
- RNase P, 1328
- RNase P, ARN non codants et, 1502
- RNase S, 467
- RNase, pour le fractionnement des acides nucléiques, 157
- RNR, *voir* Ribonucléotide réductase
- Roach, P., 646
- Roberts, R., 1248, 1304
- Robison, R., 595
- Rodbell, M., 690
- Rodnina, M., 1384
- Roeder, R., 1518, 1520
- Rofecoxib, 999–1000
- Rop, protéine, 282–283, 283F
- Rosbash, M., 1306
- Rose, I., 1119
- Rose, G., 262, 281, 282, 304
- Roseman, S., 765, 766
- Rosetta, algorithme de, 305, 306
- Rossmann, M., 256, 615, 1440, 1446, 1457
- Rossmann, pli de, 256
- Rotamases, 292
- Rotamères, 306
- Rotation contrôlée, mécanisme de, 1166, 1166F
- Rotation, angles de, 222–225
- Rotation, symétrie de, des protéines, 268
- Rotatoire, pouvoir, 74
- Rotavirus, 1444
- Rotenone, 831
- Rothman, J., 419, 442, 888
- Rouges, algues, 13F
- Rouge-vert, daltonisme, 1592
- Round-up, 1075
- Rous, P., 704
- Rous, virus du sarcome de (RSV), 704
- RPA (protéine A de réplication), 1206
- RPC, *voir* Chromatographie en phase inverse
- RPE65, gène, 123
- Rpn11, 1418
- rpoA*, gène, 1451T
- rpoB*, gène, 1451T, 1452
- rpoC*, gène, 1451T
- Rpr4, 1327
- Rpr40, 1327
- Rpr41, 1327
- Rpr42, 1327
- Rpr43, 1327
- Rpr44, 1327
- Rpr45, 1327
- Rpr46, 1327
- Rpr6, 1327
- Rpt5, 1417
- RRF (facteur de recyclage ribosomique), 1375T, 1392, 1394, 1394F
- RRM (motif de reconnaissance de l'ARN), 1303–1304, 1304F, 1365
- RS, système, 76–77
- RS75091, 1001
- RSC, 1546, 1546F
- R-SNARE (récepteurs de SNAP), 441, 442, 779, 780
- RSS (séquences signal de recombinaison), 1618
- RSV (virus du sarcome de Rous), 704
- RTK, *voir* Récepteurs tyrosine kinases
- Rtt103 protéine, 1304
- Ru5P, *voir* Ribulose-5-phosphate
- RUB1 (apparentée à l'ubiquitine 1), 1421
- Ruban 2., 224F, 226, 228
- Ruben, S., 813, 903
- Rubinstein-Tabi, syndrome de, 1563
- RuBisCo (ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase oxygénase), 299–300, **934–935**, 934F
- RuBP (ribulose-1,5-bisphosphate), 927
- RuBP carboxylase, *voir* Ribulose bisphosphate carboxylase
- Rubrédoxine, 135F
- Ruminants (digestion de la cellulose), 369
- Runt*, gène (*Drosophila*), 1555
- Rupley, J., 520
- Rutter, W., 530, 1521
- RuvA, 1231–1233, 1232F, 1234
- RuvAB, 1231, 1234, 1235
- RuvABC résolvoosome, 1234
- RuvABC, 1230–1234
- RuvB, 1231–1234
- RuvC, 1233, 1234
- Ryania speciosa*, 1654
- Ryanodine, 1654
- Ryanodine, récepteurs de la, 1654
- Rye, H., 299
- Rz, gène, 1451T
- S**
- S, forme, (RS système), 76–77
- S, gène, 1451T
- S, phase : et pRB, 1572–1573
régulation, 1563, 1564
- S, phase, **1202**, 1205, 1207
- S, pneumocoques de type, 86, 86F
- S, protéine (vitronectine), 1639
- S, régions, 1624
- S, *voir* Entropie
- S. purpuratus*, gènes d'histones, 1505F
- S1, nucléase, 1499
- S1, *voir* Myosine, sous-fragment-1,
- S1P, *voir* Site 1, protéase du
- S2, (sous-fragment-2), de la myosine, 1643
- S20/L26, 1364
- S2P (protéase du site 2), 988
- s⁴U (4-thiouridine), 1347F
- S6', 1417
- S7P, *voir* Sédoheptulose-7-phosphate
- Sabatini, D., 420
- Sabot de cheval β, GyrA intéine en, 1407
- Sac1, 736
- Saccharase, 370
- Saccharides, **359**. *Voir aussi* Glycoprotéines ; Monosaccharides ; Polysaccharides
- Saccharomyces cerevisiae* (levure de boulangerie) :
Cdc6, 1206–1207
comme source de protéines pour purification, 130
déviations mitochondriales versus code standard, 1344T
études de réplication, 1202
origines de réplication, 1205
séquençage du génome, 177T, 182
sous-unités de l'ARNP, 1277T
structure de l'ARNP II, 1277–1280, 1278F
topoisomérase II, 1167–1168, 1168F
- Saccharomyces cerevisiae* (levure de boulangerie), 1485, 1512
- Saccharopine, 1040
- Saccharose (sucre de table), 144, 265, **367**, 367F, 488, 932F
- Saccharose phosphorylase, 501
- Saccharose-6-phosphate, 932
- Saccharose-phosphate phosphatase, 932
- Saccharose-phosphate synthase, 932

- Sacchetini, J., 944, 1407
 Saenger, W., 916, 922
 SAGA (Spt/Ada/Gcn5L acétyltransférase), 1540, 1541
 Saibil, H., 297
 SAICAR synthétase (PurC), 1109F, 1111
 SAICAR, voir 5-Aminoimidazole-4-(*N*-sucinylcarboxamide) ribotide
 Salamandres, 14F
 SalI, 105T
 Sali, A., 1371
 Salins, ponts, 259–260, 262, 339
 Salmine, 134T
Salmonella typhimurium :
 bactériophage P22 sur, 1453
 flagelle, 1677, 1677F, 1678F
Salmonella typhimurium, 1224, 1243
 Saltatoire, conduction, 777
 Salting in, solubilisation saline 132T, 133–134
 Salting out, précipitation saline 132T, 133–134
 Salvesen, G., 1582
 SAM (*S*-adénosylméthionine), 80, 80F, 1004, 1034
 comme agent de méthylation, 1062, 1214F, 1218
 complexée avec le répresseur *met*, 1290–1291, 1291F, 1297
 et coiffage de l'ARNm, 1302
 et Dam/Dcm MTases, 1247, 1247F
 méthylation de l'ARNr, 1328
 SAM (*S*-adénosylméthionine), histone méthyltransférase et, 1544–1545
 SAM, complexe, 448–449
 Sam35, 449
 Sam37, 449
 Sam50, 449
 Samuelson, B., 994
 Sancar, A., 1217
 Sandhoff, maladie de, 1013T
 Sang, 973
 donneurs/receveurs universels, 466
 pH tamponné, 48
 système des groupes sanguins ABO, 22, **414–415**
 Sang, facteurs de coagulation recombinants, 119
 Sang, plasma, 323–324
 Sanger, F., 164, 165, 176, 1344
 Sanger, méthode de séquençage des acides nucléiques de, 176–180, 184
 Sanguins, déterminants des groupes, 414–415
 Sanguins, groupes, 22, **414–415**
 Sanguins, vaisseaux, 235
 Santi, D., 1127, 1247
 SAP (protéines activatrices de sphingolipides), 1011
 SAP-A, 1011
 SAP-B, 1011
 SAP-C, 1011
 SAP-D, 1011
 Saposines, 1011
 Saquinavir, 550F, 551
 SAR (régions d'attachement au squelette du chromosome), 1491
 SAR (relations structure-activité), 540
 Sar1, 430
 Sar1p, 437
 α-Sarcine, 1395T
 Sarcomères, 1640
 Sarcomes, 704, 1569
 Sarcoplasmique, réticulum (SR), libération d'ions calcium par, **1653–1654**
 Sarcosine, 32T
 Sareste, M., 708
 Sarin, 782
 SAS, 1540
 Sas2, 1540
 SASP (petites protéines sporales acido-solubles), 1149
 Satellite, ADN, 1500
 Satellites, bandes, 159
 Sattler, M., 1314
 Saturation partielle, 326
 Saturation, cinétiques de, 747
 Saturation, fonction de, 747
 Saturés, acides gras, 387–388, 387T
 Saturnisme, 1134
 Sauer, R., 1462
 Sauvage, type, 23–24
 Sauve qui peut, réponse, bactériophage λ, 1449
 Sax, M., 616
 Saxitoxine, 777
 Sazanov, L., 835
 SBMV (virus de la mosaïque du haricot méridional), **1440**, 1441F
 SBPase, voir Sédoheptulose bisphosphatase
 SCA (ataxie spinocérébelleuse), 1252
 Scalaires, protons, 843
 SCAP (protéine activatrice du clivage de SREBP), 987–989
 Scatchard, G., 674
 Scatchard, représentation de, 674
 Scavenger, récepteurs, (récepteurs éboueurs), 457
 SCF, complexes, 1412
 SCF^{Skp2}, 1412, 1413F
 Schachman, H., 475
 Schafingen, E., 663
 Schally, A., 683
 Schatz, G., 445
 Schiff, base de, 510, 568, 569F, 1020–1021
 Schiffer, M., 910
 Schimmel, P. R., 1329
 Schimmel, P., 1351, 1356
 Schindelin, H., 291
 Schirmer, H., 803
 Schirmer, T., 749
Schistosoma mansoni, 1310–1311, 1311F
Schizosaccharomyces pombe, 1202, 1206–1207
 Schleiden, M., 3
 Schleif, R., 1292, 1293
 Schlessinger, J., 729
 Schoenheimer, R., 1408
 Schofield, C., 534
 Schulman, L., 1351
 Schultz, S., 1212
 Schulz, G., 403, 628, 803, 983
 Schwann, cellule de, 778F
 Schwann, T., 3
 SCID, voir DICS, Immunodéficience combinée sévère
 SCID-X1, 123
 SciFinder Scholar, 35
 Scintillations, compteur à, 149
 SCIP, 735
 Scissile, liaison peptidique, 169
 Sclérose en plaques, 1610
 SCOP (Classification Structurale des Protéines), 256T, 258
 Scorbut, 236, 364
 Scorpion, venin de, 777
 Scott, M., 1558
 Scott, W., 1310
 Scrunching, froissement et initiation de la transcription, 1268
 scs, séquence, 1538
 scs', séquence, 1538
 SDS (dodécyl sulfate de sodium), 150, 169, 171, 399F
 SDS-PAGE (électrophorèse en gel de polyacrylamide SDS), **150**, 151F, 169, 411F.
 Voir aussi PAGE (électrophorèse en gel de polyacrylamide)
 Sec (sélénocystéine), 1361
 Sec1, 441
 Sec12p, 437
 Sec13/31, 430, 438–439, 438F
 Sec23/24, 430
 Sec61, 424
 Sec62/Sec63, complexe, 428
 Sec7, 435
 SecA, 428
 SecB, 428
 Secondaire, réponse immunitaire, 1609, 1609F
 Secondaire, structure, 163, **221–233**
 des ARNt, 1345–1346, 1346F
 des protéines, **221–233**
 groupes peptidiques et, 221–225
 hélicoïdale, 225–229, 225F
 non répétitive, 230, 232
 prédiction pour les protéines, **302–304**
 Secondaires, gènes pair-rule, 1556
 Second-ordre, réactions de, 483, 484F
 Seconds Messagers, 661, **725–727** de, 484
 β-Sécrétase, 312, 547
 γ-Sécrétase, 312
 Secrétés, anticorps, 1622–1623
 Secrétine, 673T, 675
 Sécrétoire, voie, **420–428**
 Sécrétoires, vésicules, 429F, 1405
 SecY, 424–425, 425F
 SeCys (sélénocystéine), 1361
 Sédimentation, **152–153**
 Sédimentation, coefficient de, 153, 154F
 Sédoheptulose bisphosphatase (SBPase), 929, 933F
 Sédoheptulose-7-phosphate (S7P), 636, 894
 Seeberger, P., 383
 Segmentaire, gènes de polarité, 1554, 1557
 Segmentation, gènes de, 1552, 1554
 Ségrégation indépendante, 23F
 Séguin, A., 823
 Sein, cancer du, 119–120, 1236, 1514, 1569
 SELB, 1361
 Sélection naturelle, voir Évolution
 Sélection, marqueurs de, 111
 Sélénocystéine (Sec) (SeCys), 1361
 SELEX (Évolution Systématique de Ligands par Enrichissement eXponentiel), **213–214**
 SELEX, **213–214**
 Sels :
 dissolution dans l'eau, 42–43
 effet de la concentration sur la solubilité protéique, 133–134, 133F
 et dénaturation protéique, 265–266
 Selvin, P., 1662
 Sem-5, 709
 Semi-invariant, position, 1346
 Senda, T., 1488
 Sendai, virus de, 408, 409F, 1627F

- Senebier, J., 901
 Sénescence, 703, 1210
 Sens, ARN, 1323
 Sens, brin, 203, **1266**, 1267F
 Senseur, protéines, 1568
 Séparase, 1494
 Séphadex, gels de, 139
 Sépharose, gels de, 139
 Septique, choc, 688
 seqA, gène, 1196
 SeqA, protéine, 1196
 Séquençage du génome, 176, 177T, **180–185**, 180F
 Séquençage en vrac, 181
 Séquençage génomique basé sur une carte, 180–181, 181F
 Séquençage par extension bloquée de chaîne, 176. *Voir aussi*, Sanger, méthode de
 Séquençage, gel de, 177–178, 178F, 179F
 Séquençage, système 454., 182–184, 183F
 Séquençage, *voir* Acides Nucléiques, séquençage ; Protéines, séquençage
 Séquences, bases de données de, 194–195
 Séquences exprimées, 97, **1304**
 Séquences exprimées, marqueurs ou étiquettes de, (EST), 181
 Séquences intervenantes (introns), 97, **1304**
 Séquentiel, modèle d'interactions allostériques, 351–352
 Séquentielles, réactions, 498–501, 500F
 Séquestration, 1195
 Ser, *voir* Sérine
 SERCA, complexe, 762–764, 762F, 763F
 Série-5, leucotriènes de, 1003
 Sérine
 biosynthèse, 1071–1072
 chaîne latérale, 71, 208F, 264T
 codons, 100T, 1343T
 comme acide aminé non essentiel, 1065T
 dans les glycérophospholipides, 389T
 dans les protéines globulaires, 246–247
 dans les protéines natives dépliées, 283
 dans les protéines PEST, 1413
 dégradation, 1030–1034
 demi-vie, 1413T
 groupe amino, 208F
 insérée par le *suppresseur de codon non sens* d'*E. coli*, 1362T
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
 Sérine carboxypeptidase II, 531, 531F
 Sérine déshydratase, 1031, 1408T
 Sérine hydroxyméthyltransférase, 1031, 1033–1034, 1129
 Sérine palmityltransférase, 1008
 Sérine recombinase, 1239
 Sérine, protéases à, 525T
 cinétiques et groupes catalytiques, **525–527**
 mécanisme catalytique, **531–537**, 532F
 poches de spécificité, 529F
 relations évolutives entre elles, 530–531
 stabilisation de l'état de transition, 534F
 structure par rayons X, **527–531**
 zymogènes, **537–538**
 Sérotonine, **783**, 1046, 1059
 Sérotonine, activation plaquettaire et, 1593
 Sérotonine, récepteurs, 689
 Serpent, phosphodiesterase de venin de, 176
 Serpent, venin de, 781, 1017
 Serpentins, récepteurs, 689
 Serpines, 1605, 1606
 SerRS, 1351
 Serrure-clé, hypothèse, 470
 Sérum albumine C, 133F
 Sérum albumine dimère, 140F
 Sérum albumine, 134T, 140F, 944–945, 945F
 Sérum, électrophorèse discontinue de, 149F
 Séryl-adénylate, 1358
 SET, domaine, 1544
 SET7/9, 1544F, 1544–1545
 Sexe, gènes liés au, 24
 sex-lethal (sx1), gène (*Drosophila melanogaster*), 1318
 Sexuelles, hormones, 1524
 Sexuels, chromosomes, 22–23
 Sey, gène (souris), 1560
 SF1 (facteur 1 d'épissage), 1312
 SH, domaines, 706
 SH2, domaine, 1541
 SH2, domaines, 706–707, 1317
 SH3, domaines, 708, 1317
 Sharon, N., 523
 Sharp, K., 259
 Sharp, P., 1304, 1306
 Shc, 707, 709–710
 Shelterine, 1213
 Shémin, D., 574, 1048
 Shi, W., 1576
 Shi, Y., 722
 Shimomura, O., 120
 Shine, J., 1374
 Shine–Dalgarno, séquences de, 1300, 1301, 1374–1375, 1398
 SHIP (inositol-5-phosphatases contenant un motif SH2), 735
 SHIP2, 735
 Shipley, G., 696
 Shirakawa, M., 1250
 Shoelson, S., 721
 Shoolingin-Jordan, P., 1053
 Shotton, D., 529
 SHP-2, 721–722
 Shulman, G., 1103
 Shumain, S., 1188
 si, côté, 77, 77F
 Sialidase, 381
 Sialique, acide, 1010
 Sialique, acide, NA et, 1475
 Sialiques, acides, 365, 392F. *Voir aussi* NANA
 siARN (petit ARN interférant), 1323–1324
 SIDA (syndrome d'immunodéficience acquise), 123, **545–546**. *Voir aussi* VIH
 SIDA (Syndrome d'ImmunoDéficience Acquise), 1609
 SIDS (syndrome de mort subite du nouveau-né), 948
 Sigler, P., 294, 692, 729, 942, 1288, 1518, 1526
 σ^{32} , 1284
 σ^{54} , 1284
 σ^{70} , 1265, 1284
 σ^{gp28} , 1284
 $\sigma^{gp33/34}$, 1284
 σ , facteurs, 1265, 1266, 1284
 σ , répllication, 1191–1193, 1192F
 Sigmoïde, forme, de la courbe de liaison de l'oxygène, 326, 326F, 339
 Signal peptidase, 422, 1404
 Signal, particule de reconnaissance du, *voir* SRP
 Signal, peptides, 420, 1404
 Signal, séquence, 117
 Signal, transduction du, 671, 1099. *Voir aussi* sujets voisins, p. ex. : Hormones
 Signal-dépendants, canaux, 772
 Sildenafil, 699, 743
 Silenceur exonique d'épissage (ESS), 1306
 Silenceurs, 1523
 Silice, 138, 144, 145
 Silice, gel de, 144
 Silicone, 31
 Sillon majeur dans l'ADN 90, 1145
 Sillon mineur, dans l'ADN, 90, 1145
 Simien, virus du sarcome (SSV), 705
 Simien, virus, 40, *voir* SV40
 Simmons, D., 1000
 Simon, M., 1243
 Simple aveugle, tests en, 542
 Simple-brin ADN, *voir* ADNSb
 Simple-brin, cassure, 1230, 1235F
 Simvastatine, 990, 991F
 Sin3, 1543
 SINE (petits éléments nucléaires dispersés), 1501, 1501T
 Singer, J., 408
 Sinning, I., 424
 Sirop d'érable, maladie de l'urine à l'odeur de, (MSUD), 1039
 SIRT1, 1543
 SIRT2, 1543
 SIRT3, 1543
 SIRT4, 1543
 SIRT5, 1543
 SIRT6, 1543
 SIRT7, 1543
 Sirtuines, 1543
 Site-1, protéase du, (S1P), 988, 989
 Site-2, protéase du, (S2P), 988
 Sites de reconnaissance, des enzymes de restriction de Type II, 105, 105T
 β -Sitostérol, 393
 Situs inversus, 1676
 Situs solitus (normaux vs situs inversus), 1676
 Sjöbrin, F., 9
 Skehel, J., 1472, 1475
 Skp1, 1412–1413, 1412F, 1413F
 Skp2, 1412–1413, 1412F
 SL (spliced leader), ARN, 1320
 Slack, R., 936
 S-lac-NAD⁺, 614, 615F
 Slater, E., 845
 SLI, 1521
 Slicer, 1324
 Sm, cœur, domaine, 1315–1316
 Sm, motif, de l'ARN, 1314
 Sm, protéines, 1314, 1315F
 SM, protéines, 441
 Smac, 1583
 Small eye, gène (souris), 1560
 SMC (maintenance structurelle des chromosomes), protéines, 1491–1492, 1493F
 Smc1, 1492
 Smc2, 1492
 Smc3, 1492
 Smc4, 1492
 Smith, C., 158
 Smith, E., 189
 Smith, H., 105, 181
 Smith, J., 920
 Smith, M., 119
 Smith, T., 200, 1023
 Smith–Waterman, algorithme d'alignement de, 201
 SMRT, 1543

- $S_{\alpha}2$, réaction, 514, 514F
Snake, mutation, *Drosophila* embryon, 1552
 SNAP (protéines solubles d'attachement à NSF), 441, 444
 SNAP, récepteurs des, (SNARE), 441–445, 443F
 SNAP-25, 441, 441F, 443, 444
 SNARE, faisceau de quatre hélices des, 441–442
 SNARE, voir SNAP, récepteurs
 snARN, **1311–1312**
 snARN, comme ARN non codants, 1502
 Snell, E., 1021
sn-Glycérol-3-phosphate, 389, 389F
 snoARN, 1329
 snoARN, comme ARN non codants, 1502
 snoRNP, 1329
 SNP (polymorphismes de nucléotide unique), 184, 213, 1504
 snRNP (petites ribonucléoprotéines nucléaires), **1312**, 1314
 Snu114, 1313F
 SOD, voir Superoxyde dismutase
 Sodium désoxycholate, 399F
 Sodium, azoture de, 131
 Sodium, canaux, 772, 776–777
 Sodium, dodécyl sulfate de, voir SDS
 Sodium, ion, 45T, 1158
 Sodium, ion (Na^+), thrombine et, 1605
 Soie, 233F
 Solénoïde, conformation en, **230**, **232**
 SOLiD, système, 184
 Söll, D., 1358
 Solubilisation des protéines, **130**
 Solubilisation saline (salting in), 132T, 133–134
 Solubilité des protéines, **132–135**
 Solvants
 constantes diélectriques et moments dipolaires, 43T
 aqueux et non polaire, 262–264, 263T
 aqueux, 42–44
 Somatique, hypothèse d'hypermutation, 1617
 Somatique, hypothèse de la recombinaison, 1617
 Somatique, processus d'hypermutation, 1622
 Somatiques, cellules, 19, 20
 Somatiques, mutations, diversité des anticorps et, **1621–1622**
 Somatomédines, 673T, 683
 Somatostatine, 673T, 675, 683
 Somatotropine, 119, 673T, 683
 Somatotropine bovine (bST), 119
 Somatotropine porcine (pST), 119
 Sondek, J., 728
 Sonenberg, N., 1378
 Sonication, 95, 130, 395
 Sonication de l'ADN, 95
 Sorensen, S., 47
 Soret, bandes de, 838
 Sortie, site de, voir E, site
 SOS ; réparation, 1222–1223
 Sos, 709–711
 SOS, boîte, 1221
 SOS, réponse, 1181, 1221–1223, 1221F, 1234, 1466
 Souches, cellules, 121, 1607
 Souris
 ADN STR, 1500, 1500F
 apoptose dans les pattes embryonnaires, 1574F
 cellules cancéreuses, 382F
 chromodomaine de HP1, 1545, 1545F
 CMH, 1626
 composition des membranes hépatiques, 398T
 courbe de C_0t , 1498F
 ectoderme, 1550
 gène DHFR, 1522, 1522F
 gène *Hox-3.1*, 1560, 1561F
 gènes des chaînes légères, 1619
 gène *small eye*, 1560
 homéodomaines de cinq gènes, 1559F
 injection de pneumocoques transformés, 86
 kinésine, 1669F
 knockout, 121
 longueur des télomères, 1211–1212
 obèse et diabétique, 1098–1099
 perforine, 1638F
 production d'amylase α , 1547, 1548F
 production d'anticorps monoclonaux, 119
 protéine Zif268, 1525
 récepteur des cellules T, 1625F
 régulation de l'initiation transcriptionnelle, 1514
 séquençage du génome, 176, 177T
 tests de carcinogénèse, 1224
 transgéniques, 86, 86F, 121F
 Sous-fibre A, 1673, 1674
 Sous-fibre B, 1673–1675
 Sous-fragment-1 de myosine (S1), 1642–1644, 1644F, 1645F
 changements conformationnels, 1652
 dans la contraction musculaire, 1650–1652
 Sous-fragment-2 de myosine (S2), 1643
 Sous-unité 30S (ribosome), 363, 1363T, 1368, 1368F, 1369F, **1370**
 positionnement de l'ARNm, 1375, 1376F
 Sous-unité 40S (ribosome), 1370T
 Sous-unité 50S (ribosome), 1363T, 1366–1368, 1368F, 1371, 1384F
 Sous-unité 60S (ribosome), 1370T, 1371
 Sous-unité 80S (ribosome), 1370T, 1371, 1371F
 Sous-unité IV du cytochrome *b*, 920
 Sous-unités virales quasi-équivalentes, 1436
 Sous-unités, protéiques :
 composition, 270–271
 et acides nucléiques des sous-unités, 164
 interactions, 266, 267
 Southern blotting (technique de transfert de Southern), **111–113**, 112F, 149, 1207–1208, 1511
 Southern, E., 111
 Sowadski, J., 653
 Sp1, 1521–1522, 1522F
 Spectre d'hôte des virus, 1429
 Spectrine, 412, 413F
 Spectrométrie de masse, voir MS
 Spectrométrie de masse en tandem (MS/MS), 173–175, 174F, 175F
 Spectroscopie corrélée (COSY), 243
 Spectroscopie paramagnétique électronique, 911
 Spectroscopie RMN bidimensionnelle, **243–244**, 285–286
 Spermatozoïde, 12F, 1211
 Spermatozoïde d'amphibien, 1549F
 SPGA (*Streptomyces griseus* protéase A), 530–531
 Sphérique, virus, 1429. Voir aussi Eicosatéridique, virus
 Sphérocytose héréditaire, 414
 Sphéroplastes, 378
 Sphinganine, 1009
 Sphingoglycolipides, 391, 1004, **1008–1013**, 1009F
 Sphingolipides, **390–392**, 395, 1004F
 Sphingolipides, maladies de stockage, 392, 1011, 1013
 Sphingomyélines, 390–391, 391F, 398T, 1008, 1008F
 Sphingophospholipides, 390–391, 1004, **1008–1009**
 Sphingosine, 390, 391F, 392F
 Spiegelman, S., 1264–1265
 Spina bifida, 1035
 Spinocérébelleuse, ataxie(SCA), 1252
 Spirille, 4
 Spirillum, 4F
 Spirochètes, 4F
 Spliced leader (SL) ARN, 1320
 Spliceosomes, 1308, **1312–1313**, 1312F, 1313F
 AU-AC, 1319
 structures, 1314–1316, 1316F
 Spontané, processus, 52, 57–58, 57T
 Spontanéité, 52, 57–58, 57T
 Spores, **4**, 117, 1149, 1284
 Sporulation, 1149
 SPPS (synthèse peptidique en phase solide), 206, 206F
 Spt/Ada/Gcn5L acétyltransférase (SAGA), 1540, 1541
 Spt16, 1536
 Spt3/TAF/Gcn5L acétyltransférase (STA-GA), 1540
 Spudich, J., 1660
 Spumeuses, cellules, 457
 SQS, voir Squalène synthase
 Squalène, 975, 975F, 983F
 cyclisation, 982–983
 formation, **978–982**, 979F
 Squalène époxydase, 982
 Squalène synthase (SQS), 978, 982F
 Squalène-hopène cyclase, 406, 983
 Squelching (inhibition réciproque), 1524
 Squelette, 1550
 Squelette, régions d'attachement au, voir SAR
 Squelettique, muscle
 myofibrilles, 1641F
 organisation, 1640F
 SR (réticulum sarcoplasmique), libération d'ions calcium par, **1653–1654**
 SR, protéines, 1314
 SR, voir Sarcoplasmique, réticulum ; SRP, récepteur de
 SR1, mutant, 299–300
 SRA, domaine, 1250
 SR-BI (récepteur éboueur de Class B type I), 456
 SR-BI (récepteur éboueur de classe B type I), 456
 SRC (coactivateur du récepteur des stéroïdes), famille, 1540
 Src, 244F, 706–707, 715
 Src, domaines d'homologie à, voir SH 1, domaines ; SH2, domaines ; SH3, domaines
 Src, famille, 715
 SRE (élément régulateur sensible au stérol), 987
 SRP (particule de reconnaissance du signal), 420–424, 421F, 423F, **1404**
 SRP, récepteur de la, (SR), 420–421, 421F, 423

- SRP14, 422
 SRP19, 422
 SRP54, 422
 SRP68, 422
 SRP72, 422
 SRP9, 422
 SRS-A (substance à réaction lente de l'anaphylaxie), 1000
 SR α , 423
 SR β , 423
 SSB (protéine de liaison à l'ADN simple-brin), 1183–1184, 1184F, 1184T, **1187**, 1187F, 1195
 (SSB)₃₅, 1187
 (SSB)₆₅, 1187
 SSB, voir Simple-brin, protéine de liaison à l'ADN,
 SSR (répétitions de séquences simples), 1499–1500
 SSRP1, 1536
 Stadtman, E., 1068
 Stadtman, T., 1361
 STAGA (Spt3/TAF/Gcn5L acétyltransférase), 1540
 Stahl, F., 90, 1173
 Standard, état, 58–60
 Standard, potentiel redox, 584, 585T
 Stanley, C., 1023
 Stanley, W., 1431
 Staphylococcale nucléase, 143F
Staphylococcus aureus :
 échappement au système du complément, 1639
 protéine A, 1538
Staphylococcus, 4F
 Stark, H., 1315–1316
 START, 1563
 STAT (transducteurs du signal et activateurs de la transcription), 718
 Statines, 990–991
 Stationnaire, état, 488–490, 588
 Stationnaire, phase, 135
 Statistiques, facteurs, 348
 Stavudine, 1208
 STC (connecteurs marqueurs de séquence), 181
 Ste5p, 713–714
 Stéarique, acide, 386, 387F, 387T, 392F
 1-Stéaryl-2-oléyl-3-phosphatidylcholine, 390F
 Stéatorrhée, 943
 Steitz, J., 1311, 1329, 1356
 Steitz, T., 597, 968, 1177, 1178, 1208, 1229, 1240, 1286, 1353, 1366, 1375, 1383
 Stercobiline, 1056, 1057
 Stéréo spécificité des enzymes, **470–472**
 Stéréo, images en, 271, 271F
 Stéréo, paire, 271
 Stéréocil, 1663, 1663F
 Stéréoélectronique, assistance, 514–515
 Stéréoélectronique, contrôle, 514
 Stéréoisomères, 75
 Stéréospécifique, numérotation, 389F
 Stérique, interférence, dans les polypeptides, 222–225, 223F
 Stéroïdes, **1524–1525**
 Stéroïdes, hormones, 392, 393, 673T, **680–682**, 976
 biosynthèse, **991–993**, 992F
 Stéroïdes, récepteurs des hormones, 291–293
 Stéroïdes, récepteurs des, 1526
 Stérol, 392
 Stérol, protéine de liaison à l'élément régulateur sensible au, voir SREBP
 Stérols, domaine sensible au, 987
 Stérols, élément régulateur sensible aux, (SRE), 987
 Stérols, protéine de liaison aux éléments régulateurs sensibles aux, (SREBP), 988, 988F, 989
 Steven, A., 436
 Stevens, R., 404
 Sth1, 1546F
 Stigmastérol, 393
 Stigmatelline, 849
 STMV (virus satellite de la mosaïque du tabac), 1429, **1440**, 1441F
 Stöffler, G., 1365
 Stokes, équation de, 155
 Stokes, rayon de, 155
 Stomate, 904
 Stoops, J., 798
 Stop, codons, 99, 100T, 1343
 Stout, D., 808
 STR (répétitions courtes en tandem), 115–116, 1499–1500
 Streptavidine, 298, 857–858, 873
 Streptokinase, 1606
Streptomyces alboniger, 1382
Streptomyces Antibiotiqueus, 1272
Streptomyces griseus, pronase de, 1474
Streptomyces griseus, protéase A (SPGA), 530–531
Streptomyces mediterranei, 1269
 Streptomycine, 1263F, 1388, **1395**, 1395T, 1396F, **1397**
 Streptomycine-résistants, mutants, **1395**, **1397**
 Stress, I κ B et, 1531
 Stress physiques et I κ B, 1531
 Strié, muscle :
 assemblage et intégrité des myofibrilles, **1647–1648**
 contraction, **1648–1652**
 contrôle, **1652–1654**
 filaments épais, **1641–1643**
 filaments fins, **1644–1646**
 mécanisme générateur de déplacement, **1651F**
 organisation, 1639–1640
 protéines, 1642T
 sous-fragment-1 de myosine, 1643–1644
 structure, **1639–1648**
 structure de l'actine, 1646
 Stries lipidiques, 458
 Stringent, contrôle, 107, 1301
 Stringent, facteur, voir RelA
 Stringente, réponse, 1301, 1397
 Stroma, 11–12, 902
 Stromales, lamelles, 902
 Strominger, J., 1628
Strongylocentrotus purpuratus, courbe de C₀t, 1499F
 Stroud, R., 529, 817
 Structuraux, gènes, 1497
 distribution, 1503, 1503F
 facteurs de transcription, 1516
 Structure, gènes de, 117, 203, 1262
 Structure, polysaccharides de, **367–369**
 Structure-activité, relations (SAR), 540
 Structures repliées, 1499, 1499F
 Struhl, K., 1529
 STS (sites marqueurs de séquence), 181
 Stuart, D., 1442, 1445
 Stuart, facteur, voir Facteur Xa
 Stubbe, J., 1119
 Stubbs, G., 1432
 Stueher, D., 686
 Sturtevant, A., 24
 Su(Hw), 1538, 1539F
 su1, suppresseur de codon non sens, 1362T
 su2, suppresseur de codon non sens, 1362T
 su3, suppresseur de codon non sens, 1362T
 su4, suppresseur de codon non sens, 1362T
 su5, suppresseur de codon non sens, 1362T
 su6, suppresseur de codon non sens, 1362T
 su7, suppresseur de codon non sens, 1362T
 Sublactame, 378
 Submitochondriales, particules, 852
 Substance fondamentale, 371
 Substance noire, 1060
 Substituants de centres prochiraux, 77
 Substrat, cycles de, 624, 628–629
 Substrat, deuxième, 498
 Substrat, premier, 498
 Substrat, spécificité de, **470–473**, 470F
 Substrats, 58, 348, 469, 1128
 Subtilisine, 119, 525T, 531, 531F, 534
 Succinate, 493, 791, **811**, 947
 Succinate déshydrogénase, voir Complexe II
 Succinate thiokinase, 810
 Succinique, acide, 32T, 49
 Succinylcholine, 782
 Succinyl-CoA, 567, 956
 à partir d'acides aminés, 1034–1039
 dans le cycle de l'acide citrique, 766F, 789, **810–811**, 811F
 dans la biosynthèse de l'hème, 1048
 Succinyl-CoA synthétase, 791, **810–811**, 811F
 Succinyl-phosphate, 810
 Suck, D., 1233
 Sucre-phosphate, conformation de la chaîne, 1152–1154, 1152F, 1153F
 Sucres, 15, **359**. Voir aussi Monosaccharides; Polysaccharides
 synthèse dans les conditions prébiotiques, 33
 Sucres simples, 359
 Suffixe *-ine*, 73
 Suicide, substrats, 1128
 Suisse, tonneau en rouleau, 252, 252F
 Sulfamides, 1064, 1111
 Sulfanilamide, 1064
 Sulfate, ion, 45T
 Sulfatides, 391, 1008, 1010, 1010F
 Sulfato-réductrices, bactéries, 6
 Sulfite réductase, 934, 1072
Sulfolobus solfatariqueus, 1222, 1222F
 Sulfoquinovosyl diacylglycérol, 902
 Sulfurique, acide, 46
 Sulston, J., 181
 Sumner, J., 132, 470
 SUMO (petit modificateur apparenté à l'ubiquitine), 1421
 Sundaralingam, M., 1153
 Sup35, protéine, 315–316
 Superacides, 511
 Superhélice, 433, 1158–1160
 Superhélice, densité, 1162
 Superoxyde dismutase (SOD), 489T, 491, 491F, 866
 Superoxyde, ion, 325, 341
 Superoxyde, radical, 491
 Superproducteurs, 117
 Superréprimés, mutants, 1336

- Supersecondaires, structures, **249–251**
 Supertorsion, 1158
 Suppresseurs, 1340
 Suppresseurs intergéniques, 1362
 Suppresseurs intragéniques, 1340
 Suppresseurs, ARNt, 1362
 Suppresseurs, lymphocytes T, 1609
 Supramoléculaire, assemblage, 15, 16F
 Surenroulé, ADN, **1158–1170**, 1160F, 1270–1271
 mesures du surenroulement, 1160–1162
 topologie de la superhélice, **1158–1160**
 topoisomérases, **1162–1170**
 Surface, marquage de, 400
 Surface énergétique dans la théorie du paysage, 287
 Surfactants, 51
 Surrénales, glandes, 672F
 Sutherland, E., 661, 722
 Sutton, W., 22
 Suv39h, 1545
 SV40 (Simian virus 40), 1430F, **1443–1444**
 amplificateurs (enhancers), 1282–1283
 antigène grand-T, 1211, 1569
 boîtes GC, 1282
 études de réplication, 1202
 minichromosome, 1537, 1537F, 1592
 sites de liaison de Sp1, 1522F, 1523
 structure, 1443F
 surenroulement, 1162, 1162F
 symétrie, 1480
 Svedberg (unité), 153
 Svedberg, T., 152
 SWI/SNF, complexe, 1546
 Swi2/Snf2, 1546
 Swiss-Pdb, interface Viewer, 256T, 257
 SWISS-PROT, 195, 203
 SWISS-PROT, banque de données protéiques, 195T
sxl (*sex-lethal*), gène, (*Drosophila melanogaster*), 1318
 SXL, protéine, 1318
 SYBR, sécurité, 158
 Symétrie cristallographique, 270
 Symétrie dans les protéines, 267–270
 Symétrie locale des eicosadeltaèdres, 1437–1438
 Symétrie ponctuelle, 267
 Symport, 758, 758F
 Syn, conformation, 1152F
 Synapses, 440, 440F, 527, **778**
 Synapses chimiques, 778
 Synapses cholinergiques, 778–780
 Synapses électriques, 778
 Synapses excitatrices, 778
 Synapses inhibitrices, 778
 Synapses muscariniques, 778
 Synapses nicotiniques, 778
 Synaptique, complexe, 1237
 Synaptique, fente, 440, 440F, 778
 Synaptiques, vésicules, 440, 441F, 779, 780
 Synaptobrevine, 441, 441F, 444
 Synaptojanine1, 736
 Synaptosomes, 440, 779, 1241F
 Synaptotagmine I, 779
 Synchrotrons, 241
 Syncytial, blastoderme, 1551F, 1552
 Syncytium, 1551F, 1552
 Syndrome d'immunodéficience acquise, *voir* SIDA
Synechocystis sp., 177T
 Syngé, R., 144
 Synonymes dans le code génétique, 99, 1343
 Syntaxine, 433F, 441, 441F, 443, 444
 Synthèse chimique :
 de gènes, 118
 d'oligonucléotides, 209–214
 de polypeptides, 205–209
 Synthèse de peptide en phase solide, *voir* SPPS
 2,5A synthétase ([2',5']-oligoadénylate synthétase), 1400
 Syphilis, traitement par arsénicaux, 799
 SYPRO, colorants, 149
 Systématique des noms des enzymes, 479
 Système 454, de Life Sciences, 182
 Système GroEL/ES, **293–302**, 295F–297F, 307, 307F, 352
 Systèmes, 52–53
 Systèmes isolés, 52
 Systèmes ouverts, 52, 587, 588F
 Systèmes vivants, émergence, 33–34
 Systèmes, biologie des, **576–578**, 576F
 Szent-Györgyi, A., 791, 1642, 1649, 1652
 Szostak, J., 1210

T
 T (ribothymidine), 1347F
 T (transverses), tubules, 1653
 T, boucles, télomérique, 1213, 1213F
 T, bras, 1346
 T, état, (conformation quaternaire de la désoxyHb), 333–334, 336–339, 336F, 337F et coopérativité de l'hémoglobine, 352–353 et modèle séquentiel de l'allostérie, 351 et modèle symétrique de l'allostérie, 349–351
 T, état, de l'ATCase, 476–479, 477F
 T, lymphocytes, (cellules T), 1607
 apoptose, 1574
 prolifération, **1630–1632**
 régulateurs et suppresseurs, 1609
 T, segment, de l'ADN, 1169
*t'*_R, gène, 1451T, 1454
 T1 G6P translocase, 665F
 T2, transporteur, 665F
 T3, transporteur, 665F
 T4, endonucléase VII, 1233–1234, 1233F
 T4, lysozyme, 282, 304
 T7, ADN polymérase, 179
 T7, gène 4, hélicase/primase, 1184, 1184F, 1188
 T7, gp4, 1184, 1184F
 Tabagisme, 458
 Tabun, 782
 Tacrolimus, 724
 TAF (facteurs associés à TBP), 1516T, **1517**
 TAF1, 1540, 1542, 1542F, 1546
 TAF1, famille, 1540
 TAF5, 1541
 TAF6, 1541
 TAF9, 1541
 TAF10, 1541
 TAF11, 1521
 TAF12, 1541
 TAF13, 1521
 TAF_{II}250, 1540
 Tagamet, 764
 Taille moléculaire, purification protéique et, 132
 Tainer, J., 686, 1126, 1219
 Talmage, D., 1607
 Tamisage moléculaire, chromatographie par, 138
 Tampon, capacité, 51
 Tampons, **47–48**
 Tang, S., 1521
 Tangier, maladie de, 458
 Tapis roulant des microfilaments, 1657, 1657F
 Tapissées, vésicules, 428–439, 429F
 Tapissés, puits, 454, 454F
Taq, ADN polymérase, 114, 179
Taq, ARNP, 1268, 1269, 1269F
TaqI, 105T
 Tardive, phase de transcription (mode lytique), 1451–1452
 Tarui, maladie de, 667
 TATA, boîte, 1282F
 TATA, boîte, **1516–1518**
 cœurs de promoteurs de classe II dépourvus de, 1521
 dans l'assemblage du PIC, 1517F
 liaison des facteurs de transcription, 1519F
 TATA, protéine de liaison à la boîte, *voir* TBP
 Tatum, E., 26, 570, 1262
 Tau, protéine, 312
 Taurine, conjugués de la, 993, 993F
 Taxol, 1667–1668
 Taxonomie, 6, 12, 189
 Taylor, E., 1649
 Taylor, S., 653, 654
 Tay-Sachs, maladie de, 123, 392, **1011**, **1013**, 1013F
 TBHA2, 1475–1476, 1476F
 tBid, 1579F, 1580
 TBP (protéine de liaison à la boîte TATA), 1516T, **1517–1518**
 et cœur de promoteurs, 1521
 liaison des facteurs de transcription, 1518–1519, 1519F
 structure par rayons X, 1518F
 TBP, facteurs associés à, (TAF), 1516T, 1517
 TBSV (virus du rabougrissement buissonneux de la tomate), 1430F, **1438–1440**
 ARN, 1440
 capside, 1439, 1439F
 organisation radiale, 1440F
 sous-unité de la protéine de capsid, 1438F, 1438–1439, 1439F, 1442
 TBSV (virus du rabougrissement buissonneux de la tomate), 277
 Tc-1, groupe, 1501T
 TC10, 738
 TCA (acides tricarboxyliques) cycle des, 789. *Voir aussi* Acide citrique, cycle de l'
 TCR (réparation couplée à la transcription), 1217
 TD50, 539
 TDF (facteur de différenciation testiculaire), 682
 TdT (terminal désoxynucléotidyl transférase), 1621–1622
 TE (palmityl thioestérase), 965
 TEBP (protéine de liaison à l'extrémité des télomères), 1212–1213, 1212F
 Teichoïques, acides, 378, 378F
 Télomérase, **1209–1213**
 Télomérase, ARN non codants et, 1502
 Télomère, protéine de liaison à l'extrémité des, *voir* TEBP
 Télomères, 109, **1209–1213**
 hétérochromatine constitutive, 1512
 regroupement d'ADN hautement répétitif, 1499–1500
 Télomériques, boucles T, 1213, 1213F

- Télomériques, facteur 1 de liaison aux répétitions, (TRF1), 1213
 Télomériques, facteur 2 de liaison aux répétitions, (TRF2), 1213
 Téphase, 20F, 21F
 Temin, H., 545, 1207
 Température
 dénaturation, 57
 et entropie, 56F
 et fluidité des bicouches lipidiques, **397–399**
 Température, saut de, pour le repliement protéique 284
 Tempérés, phages, 1448
 Tenases, 1603
 Tendons, 232, 233, 235, 240T
 Tensine, 736
 Tensio-actives, molécules, 51
 TER, 1210
 Ter, sites, 1199, 1206
 TerA, 1199
 TerB, 1199
 TerC, 1199
 TerD, 1199
 TerE, 1199
 TerF, 1199
 TerG, 1199
 TerH, 1199
 TerI, 1199
 TerJ, 1199
 Terminale désaturases, 970–971
 Terminale désoxynucléotidyl transférase (TdT), 1621–1622
 Terminale désoxynucléotidyl transférase, 109, 109F
 Terminale transférase, 109, 109F
 Terminale uridylyltransférase (TUTase), 1322
 Terminase, 1454, 1457
 Termineurs intrinsèques, 1273–1275, 1273F
 Termites, 369
 Terpénoïdes, 976–977
 TERT (sous-unité de la télomérase), 1210, 1211, 1211F
 tert-Butyloxycarbonyl (BOC), groupe, 206–208
 Tertiaire, structure, 163
 α/α Tonneaux, 252, 254
 ARNt, 1348–1349
 domaines, 247–249, 251–253, 253F
 et repliement protéique, 287
 feuillet β ouverts, 254–256
 hélices α et feuillet β , 246
 polarité des chaînes latérales, 246–247
 prédiction dans les protéines, 304–305
 protéines globulaires, 245–256
 structures supersecondaire, 249–251
 Testiculaire, facteur de différenciation, (TDF), 682
 Testicule, 672F
 Testostérone, 681
 Tétanos, 442
 Tête de marteau, ribozymes en, **1310–1311**, 1311F
 Tête-queue, connecteur, 1455–1457, 1457F
 Tétraboucle, 1308
 Tétracycline, 128, 1395T, 1396F, **1397**
 Tétracycline-résistantes, souches bactériennes, 1397
 Tétradrrique, intermédiaire, 531–533
 Tétradrrique, protéines à symétrie, 268, 268F
 5,6,7,8-Tétrahydrobioptérine, voir BH4
 Tétrahydrofolate (THF), 473T, 492, **1062–1064**
 Tétrahydrofurane-2-carboxylate, 516
Tetrahymena thermophila :
 introns de Groupe I, 1307–1310, 1307F, 1309F, 1310F
 télomérase, 1209–1210
Tetrahymena thermophila, domaine HAT, 1541, 1541F
 2,3,4,6-*O*-Tétraméthyl- α -D-glucose, 508
 Tétraméthyl-*p*-phénylènediamine (TMPD), 831
 Tétranucléotides, hypothèse d'un code à, 85
 Tétrapeptides, 73F
 Tétra-ubiquitine, 1411F
 Tétrazole, 211
 Tétrodotoxine, 777
 TeTx, 442
 TF (facteur tissulaire ; facteur III), 1603–1604
 TFIIA, 1516, 1516T, 1517
 liaison à l'ADN, 1518–1519, 1519F
 et TFIID/TFIIB, 1519–1521, 1520F
 TFIIA-TFIIB-TBP-ADN, complexe quaternaire, 1518–1519, 1519F
 TFIIB, 1516, 1516T, 1517
 liaison à l'ADN, 1518–1519, 1519F
 et Médiateur, 1533
 et TFIID/TFIIA, 1519–1521, 1520F
 TFIIB, élément de reconnaissance, (BRE), 1519
 TFIIB_C, 1518–1519
 TFIIB_N, 1518
 TFIID, 1516, 1516T, 1517, 1519–1521
 et activateurs, 1523F
 et bromodomaines, 1542, 1542F
 et HAT, 1540
 et Médiateur, 1533
 TFIID-TFIIA-TFIIB, complexe, 1519–1521, 1520F
 TFIIE, 1516, 1516T, 1517
 TFIIF, 1516, 1516T, 1517
 TFIIH, 1218
 TFIIH, 1516, 1516T, 1517, 1533
 TFIIIA, 1525
 TFIIB, 1521, 1525
 TFIIBC, 1525
 TFIIS, protéine, 1281–1282
 TFTC, 1540
 TF-VIIa, complexe, 1603
 TG, voir Thapsigargine
 TGF β (facteur transformant de croissance), 1567
 TGN, voir Trans Golgien, réseau
 Thalassémie α , porteurs asymptomatiques, 1510
 ($\gamma\delta\beta$)⁰-Thalassémie, 1537
 α -Thalassémie, caractérisée, 1510
 $\delta\beta$ -Thalassémie, 1510
 α -Thalassémies, **1510**
 $\alpha\beta$ -Thalassémies, **1510–1511**
 Thalassémie majeure, 1510
 Thalassémie mineure, 1510
 Thalassémies, 219, 342, **1510–1511**, 1537
 Thalidomide, 78, 78F
 Thapsigargine (TG), 763, 763F
 ThDP (thiamine diphosphate), 616
 Thérapeutique, index, 539
 Thérapie génique *ex vivo*, 122
 Thérapie génique *in vivo*, 123
 Thérapie génique, **122–124**, 991
 Thérapie génique, règles éthiques, 123–124
Thermatoga maritima, 1394F
 Thermoacidophiles, 6
 Thermocycleur, 114
 Thermodynamique, **52–61**. Voir aussi Équilibre
 chaîne de transport des électrons, **828–829**
 définition, 52
 des composés phosphorylés, **578–583**
 du transport membranaire, **744–745**
 du vivant, **586–589**
 énergie libre, **57–58**, 61
 équilibre chimique, 58–61
 état de transition, 486
 métabolisme du glycogène, 643–644
 première loi, **52–54**
 seconde loi, **54–57**
 unités et constantes, 53T
 Thermodynamique classique, 587
 Thermodynamique, première loi, **52–54**
 Thermodynamique, seconde loi, **54–57**
 Thermodynamiquement irréversible, 587
 Thermogenèse, 629, 860–861, **1099–1001**
 Thermogenèse induite par les aliments, 1099–1100
 Thermogenèse sans frisson, 629, 860–861
 Thermogénine, 861, 1101
 Thermolysine, 169T
Thermoplasma acidophilum, 1415, 1415F
Thermoproteus, 7F
 Thermosomes, 301
 Thermostables, protéines, 266
Thermus aquaticus, 179, 466
 ADN polymérase I (Klentaq1), 1178–1180
 ARNP, 1268, 1269, 1269F
 dans la PCR, 114
 EF-Tu, 1381F
Thermus thermophilus :
 argonaute, 1324, 1325F
 ARNP, 1268, 1268F–1269F
 complexe EF-G avec GDP, 1385–1386, 1386F
 complexe ribosomique, 1384, 1392–1394, 1393F, 1394F
 protéinase K, 1383
 RuvB, 1231–1233, 1232F
 sous-unité 30S, 1389–1390
 sous-unités ribosomiques, 1366–1368, 1371, 1386F
 θ , réplication, 1174, 1175F
 θ , structures, 1174
 THF, voir Tétrahydrofolate
 Thi, boîte, 1300
 Thiamine, 474T, 618
 Thiamine diphosphate (ThDP), 616
 Thiamine pyrophosphate, voir TPP
 Thiazolidinediones (TZD), 1103–1104
 Thiazolinone, 165
 Thiazolium, noyau, 616
 Thiogalactoside transacétylase, 1261
 Thiohémicétal, 608
 Thiokinases, 945
 Thiolase, 947, 958, 976
 Thiolase, réaction de la, 949–950
 Thiorédoxine (Trx), 291, 933–934, 934F, 1124
 Thiorédoxine réductase (TrxR), 1125
 4-Thiouridine (s⁴U), 1347F
 Thirumalai, D., 300
 Thoracique, segment T1 d'embryon de *Drosophila*, 1552
 Thoracique, segment T2 d'embryon de *Drosophila*, 1552

- Thoracique, segment T3 d'embryon de *Drosophila*, 1552
 Thoraciques, segments, d'embryon de *Drosophila*, 1552
Thr, opéron, 1299T
 Thr, voir Thréonine
 Thr-AMS, 1358
 Thr-ARN^t_{Thr}, 1358
 Threading (reconnaissance du repliement), 305
 (2*S*,3*R*)-Thréonine, 76, 77F
 Thréonine déshydrogénase, 1034
 Thréonine
 acide aminé essentiel, 1065T
 biosynthèse, 1072–1073, 1075
 chaîne latérale, 71, 264T
 codons, 100T, 1343T
 dans les protéines globulaires, 246–247
 dégradation, 1030–1034
 demi-vie, 1413T
 richesse dans les protéines PEST, 1413
 stéréoisomères, 75–76, 76F, 77F
 structure et propriétés générales, 69T
 tendance pour hélice α /feuillet β , 302T
 Thréonyl Adénylate, 1357
 Thrombine, 525T, 735, 1595
 activation, **1598–1603**
 dans la voie de la protéine C, 1605
 et activation de la prothrombine, 1601–1602
 et activation plaquettaire, 1593, 1603
 et hirudine, 1605–1606, 1606F
 et ion Na⁺, 1605
 humaine, 1602F
 structure, 1602–1603
 synthèse, 1598–1599
 Thrombomoduline, 1605
 Thromboplastine, antécédent de la, plasmaitique, (PTA; XI), 1604
 Thromboxane A2 (TxA2), 998
 Thromboxane A2, activation plaquettaire et, 1593
 Thromboxane synthase, 998
 Thromboxane, récepteurs du, 689
 Thromboxanes, 993, **995–1000**
 Thrombus, 1594, 1604
 ThrRS, 1358
 Thucydides, 1610
 Thy, voir Thymine
 Thylacoïdes, 12, 902, 916F, 926, 926F
 Thymidylate synthase (TS), 1062, 1126–1128
 Thymidylate, synthèse, 1126–1130
 Thymine, 18, **83**, 83T, 1177. Voir aussi Watson–Crick, paire de bases
 dans le catabolisme des pyrimidines, 1136F
 et génération de mutations ponctuelles, 1339–1340
 formes tautomères, 88F
 origine, **1126–1130**
 Thymines, dimère de, 1214–1215, 1214F
 Thyroïde, 672F
 Thyroïdiennes, déiodinases des hormones,, 1361
 Thyroïdiennes, élément de réponse aux hormones, (TRE), 879
 Thyroïdiennes, hormones, **676–677**
 Thyroïdiennes, hormones, superfamille des récepteurs nucléaires et, 1525
 Thyroïdiennes, récepteur des hormones, 677
 Thyroïdo-stimulante, hormone, (TSH), 683
 Thyroperoxydase (TPO), 676
 Thyrotropine, 673T, 683
 Thyrotropine, facteur de libération de la, (TRF), 673T, 683
 Thyroxine, 80, 80F, 310, 673T, 676–677
 Tijan, R., 1519, 1521, 1522, 1542
 TIM (triose phosphate isomérase) (TPI) :
 dans la glycolyse, 596F, **603–606**, 605F
 dans le cycle de Calvin, 929
 du muscle de poulet, 231F, 252, 254F
 TIM, protéines, 445–449
 TIM, tonneau, 252, 254F, 300
 Tim9, 448
 Tim10, 448
 Tim12, 448
 Tim14, 447
 Tim16, 447
 Tim17, 447
 Tim18, 448
 Tim21, 447
 Tim22, 448
 Tim23, 446–448
 Tim44, 447
 Tim50, 447
 Tim54, 448
 Timpair, A., 84
 TIN2, 1213
 Tip60, 1540
 Tiselius, A., 146
 Tissu adipeux brun,, 860
 Tissu, coupes de, 575
 Tissulaire, facteur. (facteur III ; TF), 1603–1604
 Tissus, 16F
 Tissus, culture de, 575
 Tissus, régénération de, 1163
 Titine, 1305, 1648
 Titration, courbe de, **47–48**, 47F, 48F
 de protéines et de polypeptides, 72, 72F, 73F
 Titration, fin de, 51
t_{L1}, gène, 1451T, 1452
 TLS (synthèse translésion), 1222
 TM, protéines, voir Transmembranaires, protéines
T_m, voir Fusion, température de
 TMPD (tétraméthyl-*p*-phénylènediamine), 831
 Tn3, 1237, 1239
 Tn5, 1237–1239
 Tn5, transposase de, 1237–1239, 1238F
 TNBS (acide trinitrobenzènesulfonique), 419, 419F
 TnC, 1645, 1646, 1652
 TNF (facteur nécrosant de tumeur), famille, 715, 717, 1578
 TNFR (récepteur du TNF), famille, 1578
 TNFR1 (récepteur 1 du TNF), 1578, 1578F
 TNF- α (facteur α nécrosant de tumeur), 715, 1096, 1414
 TNF α , 1578
 TNF β , 1578, 1578F
 TnI, 1645, 1646, **1652–1653**
 TnpA, 1237
mpA, gène, 1237
 TnpR, 1237, 1239
mpR, gène, 1237
 TnT, 1645
 TOB, complexe, 448, 449
 Tob35, 449
 Tob55, 449
 Tollen, réactif de, 364
 Toluène, 130
 TOM, coeur du complexe, 446, 447, 447F
 TOM, complexe, 446, 447
 TOM, protéines, 445–447
 Tom5, 446
 Tom6, 446
 Tom7, 446
 Tom20, 446, 447F
 Tom22, 446
 Tom37, 449
 Tom38, 449
 Tom40, 446
 Tom55, 449
 Tom70, 446
 Tomate, virus du rabougrissement buissonneux de la, (TBSV), 277
 Tonegawa, S., 1617
 Tong, L., 604
 Tonks, N., 721
 Tonneaux
 α/α , 982
 α/β , 250, 252, 254, 300
 α , 231F, 448–449
 en brioche suisse, 252, 253F
 TIM, 252, 254F, 300
 tonneau β haut/bas, 251–252
 Tonneaux β haut/bas, 251–252
 Top 7, protéine, 306, 306F
 Topogenèse, 427
 Topoisomérase I, 1165–1166, 1165F
 Topoisomérase II, 1163, 1166–1169, 1169F
 Topoisomérase III, 1163, 1164F
 Topoisomérase IV, 1166
 Topoisomérase V, 1166
 Topoisomérase VI, 1166
 Topoisomérase, inhibiteurs de, 1169–1170
 Topoisomérases, **1162–1170**
 Topoisomérases de type I, **1163–1166**
 Topoisomérases de type IA, **1162–1165**, 1163F, 1164F
 Topoisomérases de type IB, 1162, **1165–1166**, 1165F
 Topoisomérases de type IC, 1162
 Topoisomérases de type II, inhibiteurs de, 1163, **1166–1170**, 1175
 Topoisomérases de type IIA, 1163
 Topoisomérases de type IIB, 1163
 Topologie
 des brins polypeptidiques, 230
 des protéines intrinsèques, 406
 Topologique, point de changement, 255
 Topologiquement liés, brins de polynucléotides, 1159F
 Toprim, feuillet, 1189
 TORC2, 1096
 Toroïdale, Hélice, 1160, 1160F
 Torpille, modèle de la, 1304
 Torsade d'hélices (coiled coil ; structure de kératine), 234, 235F
 Torsion, angles de, 222–225
 Torsion de la superhélice, 1158–1159, 1159F
 Tosyl-L-phénylalanine chlorométhyl cétone, voir TPCK
 Totipotente, 1496
 Tourillons du flagelle bactérien, 1679
 Tours inverses, **232**, 233F, 246, 304
Toxoplasma gondii, 1116
 Toxoplasmose, 1116
 Toyoshima, C., 760, 763
 t-PA (activateur du plasminogène de type tissulaire), 1606–1607
 t-PA recombinant, 119

- t-PA, activateur tissulaire du plasminogène de type recombinant, 119
- TPCK (tosyl-L-phénylalanine chlorométhyl cétone), 527, 527F
- TPI (triose phosphate isomérase), voir TIM
- TPO (thypéroxydase), 676
- TPP (thiamine pyrophosphate), 473T, 511, 795, 795T
dans la fermentation alcoolique, 616, 616F
synthèse, 1300, 1319, 1320F
- TPP1, 1213
- TR (sous-unité de la télomérase), 1211
- t_{R1} , gène, 1451T, 1452
- t_{R2} , gène, 1451T, 1452
- t_{R3} , gène, 1451T
- tra* (*transformer*), pré-ARNm, (*Drosophila melanogaster*), 1318
- TRA, protéine, 1318
- Tra1, 1540
- tra-2* (*transformer-2*), gène, (*Drosophila melanogaster*), 1318
- TRA2, protéine, 1318
- Traduction, 19, 95, **98–101**, 98F, 1145. Voir aussi Code génétique ; Ribosomes aminoacylation des ARNt, **1345–1362**
code génétique, **1338–1345**
contrôle chez les eucaryotes, 1398–1402
définition, **1338**
dégradation des protéines, 1408–1421
et antibiotiques, 1395
fidélité, 1388–1391
initiation chez *E. coli*, 1376F
maturation post-traductionnelle, 1548–1549
modifications posttraductionnelles, **1403–1408**
ribosomes et synthèse polypeptidique, 1362–1398
séquences d'initiation d'*E. coli*, 1375F
vitesse d'initiation, 1548
- Traduction inverse, 313
- Traductionnel, couplage, 1398
- TRAM (protéine membranaire associée à la translocation de chaîne), 426
- Trans Golgi, réseau du, (TGN), 428, 429F
- Trans*, configuration de mutations de gènes, 28
- Trans*, facteurs agissant en, 1264
- Transactivation, domaines de, 1523–1524
- Transaldolase, 894, 896–897, 896F
- Transaminases, 498, 1020–1023
- Transamination, 935, **1020–1023**
- Transcétolase, 894–896, 895F, 929
- Transcobalamines, 957
- Transcortine, 681
- Transcriptase inverse, 95F, 116, 545, **1207–1209**, 1208F
- Transcriptase inverse, inhibiteurs, 546
- Transcription, 9, 19, **95–98**, 1145, **1260–1333**. Voir aussi Posttranscriptionnelle, modification ; ARNP
comparaison avec réplication de l'ADN, 1173
contrôle chez les procaryotes, 1283–1301
l'ARN dans la, 1260–1265
l'ARNP dans la, 1265–1283
modification posttranscriptionnelle, 1301–1331
portion transcrite du génome humain, 1504
proportion du génome transcrit, 182
régulation de l'initiation, 1514, 1515F
renflements chromosomiques (puffs) et chromosomes en écouvillon, 1513–1514
suivi, 120–121
vitesse et fidélité, 1271–1272
- Transcription couplée à la réparation (TCR), 1217
- Transcription réparation, facteur de couplage (TRCF), 1218
- Transcription, bulle de, 96, 96F, 1267, 1270–1271
- Transcription, facteurs de, 96, 572, **1516**. Voir aussi les différents facteurs, p. ex.: TFIIIA motifs de liaison à l'ADN, 1525
propriétés des GTF, 1516T
types, 1516
- Transcription, facteurs en amont, **1516**, 1523–1524
- Transcriptionnel, adaptateur (ADA), 1540, 1541
- Transcriptionnel, antiterminateur, 1451
- Transcriptionnels, corépresseurs, 1543
- Transcriptome, 213
- Transcriptomique, **576**
- Transducine (G_{α}), 691, 693F
- Transduction, 1225
- Trans-épissage, 1319–1320, 1321F
- Trans-épissage chez les nématodes, 1320
- Transfection, 87
- Transférases, 479T
- Transférases, réactions à deux substrats, 497–498
- Transferrine, 140F, 1056
- Transfert de groupe, réactions de, **564–565**, 564F
- Transfert, ARN de, voir ARNt
- Transformant, l'ADN comme principe, 85–86
- Transformation, 86, 110–111, 704
- Transformation, cellules compétentes pour la, 108
- Transformer* (*tra*), pré-ARNm, (*Drosophila melanogaster*), 1318
- Transformer-2* (*tra-2*), gène, (*Drosophila melanogaster*), 1318
- Transgènes, 121
- Transgéniques individus, *Xenopus laevis*, 1512
- Transgéniques, organismes, 86, 86F, **121–122**, 570–572
- Transglutaminase, 1597
- Transimination, 1022
- Transition, analogues de l'état de, 516
- Transition, diagramme de l'état de, 485–486, 485F, 487F
- Transition, état de, **485–486**, **515–516**
- Transition, température de, 397
- Transition, théorie de l'état de, **484–487**
- Transitions, 1339
- Transitoire, phase, 488
- Translésion, synthèse, (TLS), 1222
- Translocases, complexes de remodelage de la chromatine en tant que, 1546–1547
- Translocateurs, 745
- Translocation, 1379, **1387–1388**, 1387F
- Translocation : contrôle, 1548
et territoires nucléaires, 1495
- Translocation de Groupe, **765–766**
- Translocon, 420, 426–427, **1404**
- Translocon, protéine membranaire associée au, (TRAP), 425F, 426
- Transmembranaires, hélices, 426–427, 426F
- Transmembranaires (TM), protéines, 251, **400–404**, **426–427**, 427F
- Transmembranaires, protéines à plusieurs segments, 426
- Transmission, coefficient de, 486
- Transpeptidation, 1379, **1382–1384**
- trans*-Peptide, groupe, 222F
- Transplantation transgénique, organismes pour la, 121–122
- Transplantation, antigènes de, 1626
- Transplantations d'organes et de tissus, **1632–1633**
- Transplantations de tissus, rejet, 1632–1633
- Transport actif, nature vectorielle du 760
- Transport membranaire actif, ion-dépendant, **768–771**
actif ATP-dépendant, **758–768**
aquaporines, **756–757**
Ca²⁺-ATPase, **762–764**
canaux Cl⁻, **755–756**
canaux ioniques voltage-dépendants, **771–775**
canaux K⁺, **752–755**
cinétiques du transport facilité, **746–748**
dans des ionophores, **748–749**
et (H⁺-K⁺) ATPase, **764–765**
et neurotransmission, **771–784**
facilité, **745–748**
lactose perméase, **769–770**
maltoporine, **749–750**
(Na⁺-K⁺) ATPase, **758–762**
passif, **745–746**
potentiels d'action, **775–777**
schéma général, 747F
symport Na⁺-glucose, **768–769**
thermodynamique, **744–745**
translocateur d'ATP-ADP, **771**
translocation de groupe, **765–766**
transport du glucose par diffusion facilitée, **750–752**
transporteurs ABC, **766–768**
- Transport membranaire facilité, **745–748**
- Transport membranaire passif, **745–746**
- Transport passif facilité, 745, **750–752**
- Transport, protéines de, 744, 745. Voir aussi Transport membranaire
- Transporteurs, 745, 748
- Transposables, éléments, 1236
- Transposase, 1236
- Transposition, **1236–1246**
- Transposition directe, 1237–1239
- Transposition simple, 1237
- Transposons, **1236–1246**
- Transposons composites, 1237, 1237F
- Trans-schiffisation, 1022
- Trans-SNARE, complexe, 442
- Transthyréine, 268, 268F, 269F, 310
- Transverse, diffusion, 396
- Transverses, tubules (T), 1653
- Transversion, 1339
- TRAP, voir Translocon, protéine membranaire associée au,
- TRAP/SMCC, 1533
- Trastuzumab, 119–120
- Travail, 53–54, 57–58
- TRCF (facteur de couplage réparation transcription), 1218
- β -TrCP, 1414
- TRE, voir Thyroïdiennes, élément de réponse aux hormones
- Tremblante, 312–315, 313F
- Tremblante du mouton, 312–315

- TRF, voir Thyrotropine, facteur de libération de la,
- TRF1 (facteur 1 de liaison aux répétitions télomériques), 1213
- TRF2 (facteur de liaison aux répétitions télomériques), 1213
- Triacylglycérol lipase, 941, 1089–1090
- Triacylglycérol lipase hormonosensible., 861, 944, 973
- Triacylglycérols, **388–389**, 940. *Voir aussi* Acides gras ; Lipides et biosynthèse du cholestérol, 986 et dans l'alimentation EPA, 1003 et foie, 1094 synthèse, **971–973**, 972F transport sanguin, 452F, 973
- Triacylglycérols mixtes, 388
- Triacylglycérols simples, 388
- Triade, famille de la, 1066
- Triangulation, nombre de, 1438
- TRiC, chaperonines, 301–302, 301F
- Tricarboxylates, système de transport des, 968
- Tricarboxyliques, cycle des acides, (TCA), *Voir* Acide citrique, cycle,
- Trichloracétique, acide, 211
- Tricorne, protéase, 1420, 1420F
- Triglycérides, **388–389**, 940
- Triglycérols, 940
- Triiodothyronine, 673T, 676
- Triméthoprim, 1129
- N,N,N*-Triméthylalanine, 79F
- ε-N,N,N*-Triméthyllysine, 79F
- Trinitrobenzènesulfonique, acide, *voir* TNBS
- Trinucléotides expansions de répétitions de, 1251–1252
- Trioléine, 388
- Trioléylglycérol, 388
- Triose phosphate isomérase, 231F, *voir* TIM
- Trioses, 360F
- Tripeptides, 70
- Triple liaison, tests de, 1342
- Triplets, codons, 1340–1341
- Tris(2,3-dibromopropyl) phosphate, 1225
- Triskèles, 430F, 431
- Tristéarine, 388
- Tristéarylglycérol, 388
- Trisymétrons, 1448
- Triton X-20, 399F
- Triton X-100, 399F, 411
- Trophiques, hormones, 682
- Tropocollagène, 240
- Tropomoduline, 412F–413F, 1648
- α -Tropomyosine, 1317, 1317F
- Tropomyosine, 134T, 412F–413F, 1645, 1645F dans la régulation de la contraction musculaire, 1652–1654, 1653F et ion Ca²⁺, 1653F
- Trponine dans les filaments fins, **1645–1646** et régulation de la contraction musculaire, **1652–1653**, 1653F muscle squelettique de poulet, 1646F *trp*, opéron, 1296–1299, 1297F–1299F, 1299T *trp*, répresseur de, 1288, 1290, 1290F *trp*, répresseur, *E. coli*, 1558 *Trp*, *voir* Tryptophane *trpL*, séquence, 1297–1299, 1297F–1299F Truite, 1409
- Trx, *voir* Thiorédoxine
- TrxR (thiorédoxine réductase), 1125
- Trypanosoma brucei*, 1418
- Trypanosomes, 1320
- Trypanosomiase, arséniques contre les, 799
- Trypsine, 470, 525, 525T, 529T, 1496, 1594, 1602–1603 clivage du cytochrome *b5*, 401 duplication de gène, 194 mécanisme catalytique, 533, 533F proenzymes, 537, 537F spécificité, 169–170, 169T structure par rayons X, 528F, 529
- Trypsine pancréatique bovine, inhibiteur de, *voir* BPTI
- Trypsinogène, 537, 537F
- Tryptophane acide aminé essentiel, 1065T biosynthèse, 1075–1078, 1297 chaîne latérale, 70–71, 264T codons, 100T, 1343T dans les protéines globulaires, 246–247 dans les protéines natives dépliées, 283 dégradation, 1041–1042 et transfert d'énergie de fluorescence par résonance, 286 insertion par suppresseur de codon non sens d'*E. coli*, 1362T source du coenzyme nicotinamide, 1137F, 1138 structure et propriétés générales, 68T tendance pour hélice α /feuille β , 302T
- Tryptophane hydroxylase, 1045, 1059
- Tryptophane synthase, 1075–1078
- Tryptophanyl-ARNt^{Trp}, 1298, 1299F
- TS, *voir* Thymidylate synthase
- TSE, *voir* Encéphalopathie spongiforme transmissible
- TSH (hormone thyro-stimulante), 683
- Tsien, R., 121
- Tsix*, gène, 1513, 1569
- t-SNARE (récepteurs de SNAP), 441
- Tsukihara, T., 416, 1417
- Tswett, M., 135
- Tubuline, 10, 10F, 269, 301, **1664–1665**
- Tubuline α , 301
- Tulinsky, A., 1601, 1602, 1605
- Tumeur, facteurs nécrosants de, (TNFs), 715, 717
- Tumeur, facteur- α nécrosant de, (TNF- α), 715, 1096, 1414
- Tumeur, gènes suppresseurs de, perte ou inactivation, 1563
- Tumeur, promoteurs de, 730–731
- Tumeur, suppresseurs de, 736, 1414, 1563
- Tumeurs, 381, 703. *Voir aussi* Cancer
- Tumoraux, virus, 704–705, 1163
- Tunicamycine, 888, 889F
- Tuniciés, 368
- Turner, syndrome de, 682
- Turnover, nombre de, 490
- Tus*, gène, 1199
- Tus*, protéine, 1199, 1199F, 1206
- TUTase (terminale uridylyltransférase), 1322
- Twintrons, 1307T
- Twitchin kinase, 658
- TxA₂ (thromboxane A₂), 998
- Ty1, 1245
- TYA, 1246
- TYB, 1246
- Tyk2, 718
- Tyler, J., 1488
- Type I β , extrémités de, 232, 233F
- Tyr, *voir* Tyrosine
- Tyrosine bascule des noyaux aromatiques et mobilité du cœur protéique, 308–309 biosynthèse, 1075–1078 chaîne latérale, 71, 264T codons, 100T, 1343T comme acide aminé non essentiel, 1065T dans la synthèse de neurotransmetteurs, 1059–1060 dans les protéines globulaires, 246–247 dans les protéines natives dépliées, 283 dégradation, 1043–1047 demi-vie, 1413T et suppresseur de codon non sens d'*E. coli*, 1362T et transfert d'énergie de fluorescence par résonance, 286 structure et propriétés générales, 69T tendance pour hélice α /feuille β , 302T
- Tyrosine aminotransférase, 1408T
- Tyrosine hydroxylase, 1045, 1059
- Tyrosine kinase, signalisation dépendante des, 699 et cancer, **703–705** modules de liaison, adaptateurs, GEF, et GAP, **705–711** protéine phosphatases, **721–725** récepteurs associés aux tyrosine kinases, **699–703, 715–720** signalisation par les cascades de MAP-kinases, **712–714**
- Tyrosine recombinase, 1239
- Tyvelose, 379F
- TZD (thiazolidinediones), 1103–1104
- T ψ C, bras, 1346
- U**
- U*, gène, 1451T
- U11, 1319
- U12, 1319
- U1-70K, 1315
- U1-A, 1315, 1316
- U1-C, 1315
- U1-snARN, 1312, 1315–1316
- U1-snRNP, 1312, 1315–1316, 1316F
- U2-snARN, 1312
- U2-snRNP, 1312
- U4atac-U6atac, 1319
- U4-snARN, 1312
- U4-U6-snRNP, 1312
- U5, 1319
- U5-snRNP, 1312
- U6-snARN, 1312
- U6-snRNP, 1312
- UAA (codon), 1343, 1362, 1362T
- UAG (codon), 1343, 1362, 1362T
- UAS (séquences activatrices en amont), 1516
- UbcH7, 1412–1413, 1412F
- UBD (domaines de liaison à l'ubiquitine), 1420
- Ubiquinol, 836F
- Ubiquinone, *voir* Coenzyme Q
- Ubiquitination, 1414–1421
- Ubiquitination des histones, **1545–1546**
- Ubiquitination, signaux d', 1410
- Ubiquitine, 989, 1404, **1410–1421**, 1410F. *Voir aussi* Polyubiquitine
- Ubiquitine, domaines de liaison à, (UBD), 1420
- Ubiquitine, enzyme activatrice d', (E1), 1410

- Ubiquitine, enzyme de conjugaison de l', (E2), 1410–1421
- Ubiquitine, modificateurs de type, (Ubl), 1421
- Ubiquitine-protéine ligase (E3), 1410–1421, 1410F
- Ubisemiquinone, 836F
- Ubl (modificateurs de type ubiquitine), 1421
- Ubr1, 1413
- Ubx*, gène, (*Ultrabithorax*; *Drosophila*), 1558, 1559F
- UCP, voir Découplage, protéine de
- UCP1, 1100
- UCP2, 862, 1101
- UCP3, 862, 1101
- UDG (uracile-ADN glycosylase), 1218–1219, 1219F
- UDPG, voir UDP-glucose
- UDP-galactose, 631
- UDP-galactose-4-épimérase, 632
- UDP-glucose (UDPG), 631, 644
- UDP-glucose pyrophosphorylase, **644**
- UDP-glucose:glycoprotéine glucosyltransférase (GT), 886
- 3'-U-exo (3'-U-exonucléase), 1322
- UGA (codon), 1343, 1362, 1362T
- UGA-1, suppresseur de codon non sens, 1362T
- UGA-2, suppresseur de codon non sens, 1362T
- Uhlenbeck, O., 1351
- UHRF1, protéine, 1250, 1250F
- Ultrabithorax*, gène, (*Ubx*; *Drosophila*), 1558, 1559F
- Ultracentrifugation, 132T, **152–156**, 159
- Ultracentrifugation analytique, 154
- Ultracentrifugation préparative, **155–156**, 155F
- Ultrafiltration, 117, 132T, 141
- Umami, 1064
- UMP (uridine monophosphate), 83T, **1114–1118**, 1136F
- umuC*, gène, 1222
- UmuD, 1222
- umuD*, gène, 1222
- UmuD'2C, 1222
- UNG (uracile *N*-glycosylase), 1218
- Ung*, mutants d'*E. coli*, 1218–1219
- Unidirectionnelle, réplication, 1174, 1175F
- Unimoléculaires, réactions, 483
- Uniport, 758, 758F
- Uniques, séquences, 1499
- Unité de période évolutive, 190
- Unwin, N., 402, 781
- uORF (cadre de lecture ouvert en amont), 1400–1401
- UP (éléments en amont du promoteur), 1266, 1282
- Up, mutations, 1266
- Ura, voir Uracile
- Uracile, 19, **83**, 83T. Voir aussi Watson-Crick, paire de bases
- dans le catabolisme des pyrimidines, 1136F
- dans les ARNt, 1347F
- et code génétique, 100T, 1343T
- et mutations, 1218–1219, 1339–1340
- Uracile *N*-glycosylase (UNG), 1218
- Uracile-ADN glycosylase, voir UDG
- Urate oxydase, 1134
- URE2*, gène, (levure), 315
- Ure2p, 315
- Uréase, 132, 140F, 323, 470, 489T
- Urée, 1025
- dans l'appareil de flux interrompu, 284
- dans le séquençage des protéines, 169, 171
- dans les expériences de Miller-Urey, 32T
- issue de la dégradation de l'acide urique, 1135F
- pour la renaturation des protéines, 117
- Urée, cycle de l', 791
- arginase, **1025–1029**
- argininosuccinase, **1028**
- argininosuccinate synthétase, **1028**
- carbamyl phosphate synthétase, **1025–1028**
- ornithine transcarbamylase, **1028**
- régulation, 1028–1029
- β-Uréidoisobutyrate, 1136F
- β-Uréidopropionase, 1136F
- β-Uréidopropionate, 1136F
- Urétotéliques, organismes, 1025
- Urey, H., 32–33
- Uricotéliques organismes, 1025
- Uridine, 83T, 1136F
- Uridine diphosphate glucose (UDPglucose), 644
- Uridine monophosphate, voir UMP
- Uridine phosphorylase, 1136F
- Uridine triphosphate, voir UTP
- Uridylique, acide, voir UMP
- Uridyltransférase, 1071
- Urine, 1095
- Urique, acide, 1025, 1107, **1134–1135**
- URL (Uniform Resource Locator), 194
- Urobiline, 1056, 1057
- Urobilinogène, 1056, 1057
- Urochordés, 13F
- Urokinase, 1606
- Uroniques, acides, 364
- Uroporphyrinogène décarboxylase, 1053, 1054
- Uroporphyrinogène III, 1053, 1054
- Uroporphyrinogène III synthase, 1052–1054
- Uroporphyrinogène synthase, 1053
- Usher 1B, syndrome de, 1663
- UTP (uridine triphosphate), 96, **1118–1119**, 1265
- UV, absorption, et électrophorèse en gel, 149
- UV, rayons, 32, 104, 1214
- UV, spectre d'absorption, 90, 92, 92F, 285F
- uvrA*, gène, 1217
- UvrA, protéine, 1217, 1525
- UvrABC, endonucléase, 1217
- uvrB*, gène, 1217
- UvrB, protéine, 1217
- uvrC*, gène, 1217
- UvrC, protéine, 1217
- UvrD, protéine, 1217, 1220
- Uyeda, K., 663
- V**
- V(D)J*, jonction, **1619**, 1621F
- V(D)J*, recombinaison, 1223
- V(D)J*, recombinaison:
- et RAG1/RAG2, **1620–1621**
- et récepteurs de cellule T, 1625
- V*, gène, 1451T
- Vaccin, protéine virale de contrôle du complément (VCP), 1639
- Vaccins, 205, 1610
- Vache folle, maladie de la, 312, 315
- Vacuoles, 7F, 11, 11F
- Vagelos, R., 961
- Val, voir Valine
- Val-AMS (5'-O'-[N-(L-valyl) sulfamyl]adénosine), 1356–1357
- Valegård, K., 1444
- Validation, voir Pré-répliatif, complexe (Pré-RC)
- Valine
- acide aminé essentiel, 1065T
- biosynthèse, 1075
- chaîne latérale, 70, 264T
- codons, 100T, 1343T
- dans les protéines globulaires, 246
- dans les protéines natives dépliées, 283
- dégradation, 1034–1039
- demi-vie, 1413T
- et α-amino-β-chlorobutyrate, 1408
- structure et propriétés générales, 68T
- tendance pour hélice α/feuille β, 302T
- Valinomycine, 79, 748, 749F
- ValRS, 1356–1357
- Valyl-Adénylate, 1356–1357
- 5'-O'-[N-(L-valyl)sulfamyl]adénosine (Val-AMS), 1356–1357
- VAMP (Protéine Membranaire Associé à une Vésicule), 441
- van der Waals, distance de, 41, 224F
- van der Waals, forces de, 260
- Van Duyne, G., 1244
- van Helmont, J.-B., 901
- van Holde, K., 1490
- van Leeuwenhoek, A., 4
- van Niel, C., 903
- Van Roey, P., 252
- van't Hoff, représentation de, 59
- Vanadate, 758
- Vane, J., 994
- Variable, bras, 1346
- Variable, région, de chaîne légère (V_L), 1612
- Variable, région, de chaîne lourde (V_H), 1612
- Variolo, 1429
- Varmus, H., 705
- Varshavsky, A., 1413
- Vasopressine, 673T, 683, 784
- Vassilyev, D., 1268
- VAST (Vecteur Alignement Search Tool), 256T, 258
- vCJD (nouveau variant de la maladie de Creutzfeldt-Jakob), 315
- VCP (protéine de contrôle du complément du virus de la vaccine), 1639
- VDAC (canal anionique voltage-dépendant), 1582
- Vecteur Alignement Search Tool, voir VAST
- Vecteur de clonage de type viral, 108
- Vecteurs
- de clonage, 104, **106–109**
- navette, 118
- Vecteurs de clonage (véhicules), 104, **106–109**
- Vecteurs navette, 118
- Vectoriels, protons, 843
- Végétales, cellules, 11, 11F
- Végétative, cellule, 1284
- Végétative, croissance, 1448
- Végétaux, 7F, 12, 13F. Voir aussi Photosynthèse C₃ et C₄, 936
- divergence par rapport aux autres règnes, 192
- cycle du glyoxylate, **880–881**
- glycogène synthase, 645
- structure des cellules, 11, 11F
- transgéniques, 122
- variations mitochondriales par rapport au code standard, 1344T

- vitesse de mutation, 192
 Venin, voir Serpent, venin
 Vennesland, B., 470, 471
 Venter, C., 176, 181, 182
 Ventrale, position, d'embryon de *Drosophila*, 1551F
v-erbB, oncogène, 705
 Verdine, G., 1216
 Vers plats, trans-épissage chez les, 1320
 Versicane, 373T
 Verteberg, G. R., 1108
 Vertébrés, 13F. Voir aussi les différents types
 cadres ouvert de lecture, 182
 collagène, 235
 introns, 1316
 sites de méthylation des ARNr, 1328–1329
 Vertébrés. Voir aussi les différentes espèces
 acide rétinol comme morphogène, 1561–1514
 auto-tolérance du système immunitaire, 1610
 coagulation sanguine, 1594
 homéodomaines, 1560
 muscle lisse, **1654–1656**
 muscle strié, **1639–1654**
 types de muscles, 1654
 voies apoptotique, 1573–1574
 Vésicule de transport, **1671–1673**
 Vésicules, formation, **428–440**
 Vésicules, fusion, 430, **440–445**
 Vésicules, protéine membranaire associée aux, (VAMP), 441
v-FLIP, 1578
v-fos, proto-oncogène, 705, 1514
vg, gène (drosophile), 25F
 V_H (région variable de chaîne lourde), 1612–1613
 V_H , segment, 1619
 Viagra, 699, 743
Vibrio Cholerae, 576
 Vie, 3–37
 arbre évolutif, 13F
 définition, 3
 divergence des règnes majeurs, 192
 et biochimie, 14–19
 et génétique, 19–28
 et littérature biochimique, 34–36
 et propriétés de l'eau, 40, 41
 et thermodynamique, 52, **586–589**
 eucaryotes, 6–14
 molécules chirales et, 78
 origine, **28–34**
 procaryotes, 3–6
 Vieillesse, longueur des télomères et, 1210–1211
 VIH (virus de l'immunodéficience humaine), 208–209, 1207, 1609, 1639
 VIH, protéase
 de VIH-1, 208–209, 546, 548–551, 548F
 et polyprotéines, 1404
 inhibiteurs, **545–551**
 VIH-1, 545–546, 545F
 polyprotéines, 546, 546F
 protéase, 208–209, 546, 548–551, 548F
 transcriptase inverse, 1207–1209, 1209F
 VIH-2, 545
 Villafranca, E., 724
 Villafranca, J., 1128
 Vimentine, 10F, 1647
 Vinblastine, 1667
 Vinca-alcaloïdes, 1667
 Vincristine, 1667
 Vinograd, J., 1160
 Vioxx, 543, 999–1000
 VIPERdb (Virus Particule ExploreR database), 1444
 Virales, maladies, 1429
 Virions, 545, 1429
 bactériophage λ , 1448
 bactériophage MS2, 1444
 SV40, 1443F
 virus de la grippe, 1468F
 Virulents, phages, 1448, 1480
 Virus, 3, 1430F. Voir aussi les différents virus.
 Voir aussi virus spécifiques
 ARN et ADN, 85
 bactériophage λ , **1448–1467**
 bourgeonnement de, 466
 coefficient de sédimentation, 154F
 cycle biologique, 27F
 définition, **1429–1431**
 de la grippe, **1468–1476**
 eicosaédrique, 1429, **1436–1448**
 en thérapie génique, 122
 enveloppé, 1468
 et cancer, 704–705, **1514–1563**
 et ARNi, 1324–1325
 et ARN polymérase, 96
 génétique, 26–28, 27F, 28F
 hélicoïdal, 1429
 taille de l'ADN, 94T
 vaccins contre eux, 205
 VMT, **1431–1436**
 Virus de l'immunodéficience humaine (VIH), 1609, 1639
 Virus de la grippe, fusion membranaire, **1475–1476**
 Virus de la maladie de la langue bleue, **1444–1446**, 1445F–1447F
 Virus de la mosaïque du haricot méridional (SBMV), **1440**, 1441F
 Virus de la mosaïque du tabac, voir VMT
 Virus de la stomatite vésiculaire (VSV), 885
 Virus de la variole de la poule, 94T
 Virus du rabougrissement buissonneux de la tomate, voir TBSV
 Virus Particule ExploreR database (VIPERdb), 1444
 Virus satellite de la mosaïque du tabac, voir STMV
 Virus simien 40, voir SV40
 Viscosité, 155
 Vitalisme, 587
 Vitamine A, 122, 252, 474, 943. Voir aussi Rétinol
 Vitamine A, 1561
 Vitamine B₁, 474T, 618
 Vitamine B₁₂, 474T, 956–957
 Vitamine B₂, 474T, 565F
 Vitamine B₆, 474T, 640, 1020
 Vitamine C (acide ascorbique), 236, **364–365**, 364F
 Vitamine D, 474, 673T, **677–679**, 679F, 943
 Vitamine D, intoxication, 678
 Vitamine D, protéine de liaison à, 678
 Vitamine D, superfamille des récepteurs nucléaires et, 1525
 Vitamine D₂, 678
 Vitamine D₃, 677–678
 Vitamine E, 866, 943
 Vitamine K réductase, 1600
 Vitamine K :
 dans la synthèse du γ -carboxyglutamate, **1599–1601**, 1600F
 formule moléculaire, 1599F
 Vitamine K, 943
 Vitamine K₁ (phylloquinone), 1599F, 1601
 Vitamine K₂, 922
 Vitamine K₂ (ménaquinone), 1599F, 1601
 Vitamine K₂, 910
 Vitamine K-2,3-époxyde, 1600
 Vitamine K₃ (ménadione), 1599F
 Vitamine K-dépendante, carboxylase, 1600
 Vitamine K-époxyde réductase, 1600
 Vitamines hydrosolubles, 474
 Vitamines, 474, 474T, 993
 Vitellogénine, 1548
 Vitellus dans l'embryon de *Drosophila*, 1552
 Vitesse constante, 483
 Vitesse des réactions, 483, 488, 489F
 Vitesse initiale, 489
 Vitesse maximale, (V_{max}), 489
 Vitesse, équations de, 483
 Vitesse, étape déterminant la, 487
 Vitravene (Fomivirsén), 1403
 Vitronectine (protéine S), 1639
v-Jun, 1514
v-Jun, proto-oncogène, 705
 V_L (région variable de chaîne légère), 1612–1613
 VLDL (lipoprotéines de très faible densité), 449, 456, 944
 dégradation, 452
 et apoB-100, 1322
 et athérosclérose, 458
 formation, 986
 propriétés, 449T
 transport sanguin, 973
 V_{max} (vitesse maximale), 489
 VMT (virus de la mosaïque du tabac), 1430F, **1431–1436**
 assemblage, 1434–1436, 1435F
 queues d'ARN, 1436F, 1459
 structure, 1431F, **1431–1434**
 VMT, assemblage et interactions stériques, 1436
 VMT, disque protéique, 1434, 1434F
 VMT, protéine de capsid, 1431–1434
 coupe transversale, 1434F
 croissance des bâtonnets, 1432
 et ARN, 1432–1434, 1433F
 état d'agrégation, 1431F, 1431–1432
 structure par rayons X des sous-unités, 1433F
 Voie, dépendance des fonctions d'état, 53
 Voltage-dépendants, canaux ioniques, **771–775**, 772F, 779
 Volume mort dans la chromatographie de filtration sur gel, 138
 Volume spécifique partiel, 153
 von Euler, U., 993
 von Gierke, maladie de, 666, 1135
 von Liebig, J., 470
 von Willebrandt, facteur, 1593, 1603
 VP1
 picornavirus, 1440, 1442
 rhinovirus humain, 1441F, 1442F
 SBMV, 1441F
 SV40, 1443–1444
 VP1(Pol) (ARN polymérase dépendante d'ARNdb), 1444
 VP2
 BTV, 1444
 picornavirus, 1440, 1442
 rhinovirus humain, 1441F, 1442F
 SBMV, 1441F

- VP3
picornavirus, 1440, 1442
rhinovirus humain, 1441F, 1442F
SBMV, 1441F
VP3(T2), BTV, 1444–1446, 1446F
VP4
picornavirus, 1440, 1442
rhinovirus humain, 1441F
SBMV, 1441F
VP4(coiffe) (enzyme de coiffage de l'ARN dépendante d'ARNdb), 1444
VP5, BTV, 1444
Vp54, 1446, 1447F, 1448
VP6(Hel) (ARN hélicase dépendante d'ARNdb), 1444
VP7(T13), BTV, 1444–1446, 1445F
VpreB, 1622
v-Ras, proto-oncogène, 705
VSG (glycoprotéine variante de surface), 892
v-sis, oncogène, 705
v-SNARE (récepteurs de SNAP), 441
v-Src, protéine, 704–705
VSV (virus de la stomatite vésiculaire), 885
VSV, protéine G, 885, 887F
V-type, ATPases de, 758
Vκ, segment, 1617–1619, 1618F, 1619F
- W**
W, gène, 1451T
Wagner, G., 1216, 1378
Wakil, S., 961
Waksman, G., 1178, 1186
Waksman, S., 1395
Walker, J., 853, 857, 865
Walker, motif A, 855
Walker, motif B, 855
Walsh, C., 562
Walz, T., 431
Wang, A., 1149
Wang, J., 1162
Wang, X., 1580
Warburg, O., 575, 595, 823, 864, 892
Warfarine, 543F
Warfarine (Coumadine), 1599, 1599F, 1601
Warshel, A., 523
WASP/WAVE, protéine, 1659–1660
Waterman, M., 200
Watson, H., 529
Watson, J., 88, 182, 1146, 1173, 1363, 1429
Watson–Crick, paires de bases, 89–90, 89F, 104, 1145–1146, **1154–1156**
complémentarité électronique, **1155–1156**
complémentarité géométrique, **1154–1155**
et ADN polymérase I, 1178–1180
et Pol I, 1178–1180
Watson–Crick, structure :
comparaison à l'ADN réel, 1146–1148
de l'ADN B, **88–90**
WD, répétition, 987
WD40, motif de séquence, 433
WD40, répétitions, dans les apoptosomes, 1580
Web of Science, 35
Weber, P., 686
Wee1, 1564, 1569
Weinberg, R., 1211, 1514
Weintraub, H., 1534
Weis, W., 443, 444
Weisel, J., 1597
Weismann, A., 19
Weiss, S., 1265
Westbrook, E., 696
Westerhoff, H., 863
Western, blot, (immunotransfert), 149
Westheimer, F., 470, 471
Wg, gène, (*wingless*; *Drosophila*), 1557, 1557F
WGSA (séquençage en vrac d'un génome complet), 180F, 181
Wh, gène, (*drosophile*), 24, 25, 25F
Whelan, W., 645
Whiskers, 1550
White, gène, *Drosophila*, 1538
Whole génome shotgun séquençage, voir WGSA
Wieschus, E., 1554
Wigley, D., 1231
Wikipedia, 35
Wikström, M., 844
Wiley, D., 1472, 1475, 1628
Williams, C., 803, 1125
Williams, J., 606
Williams, L., 1148
Williams, R., 728, 733
Wilson, I., 1616, 1625
Wilson, K., 1112, 1576
Wingless, gène (*wg*; *Drosophila*), 1557, 1557F
Wiskott–Aldriche, syndrome de, 1660
Wittinghofer, A., 711
Wittmann, H.-G., 1365
Wittmann-Liebold, B., 1365
Wlodawer, A., 549
Wobble, appariement (flottant) 1360–1361, 1360F, 1360T
WOC (centre d'oxydation de l'eau), 916
Woese, C., 6, 8
Wolberger, C., 1293
Wolcott–Rallison, syndrome de, 1400
Wolfenden, R., 515, 1384
Wolman, maladie de, 466
Wolynes, P., 287
Wood, W., 1455
Woodward, R. B., 975
World Wide Web, 195T, 256T
Wunsch, C., 199
Wüthriche, K., 243, 314, 1560
WW, Domaine, 708
Wyman, J., 349
- X**
X, centre d'inactivation du chromosome, (XIC), 1513
X, chromosome, 22–23
X, inactivation du chromosome, 1512–1513
X empilés, conformation en, 1227F
X fragile, syndrome du, **1251–1252**
X ouvert, conformation en, 1227F
Xanthine, 1112, 1130F
Xanthine déshydrogénase, 1133
Xanthine oxydase (XO), 1130F, 1132–1133
Xanthome, 457
Xanthosine, 1130F
Xanthosine monophosphate, voir XMP
Xénobiotiques, 542
Xenopus borealis, 1283
Xenopus laevis, 1163
amplification de gènes dans l'ovocyte, 1506, 1507F
gène *MM3*, 1558
gènes d'ARNr 5S, 1505, 1505F
homéodomaines de cinq gènes, 1559F
nombre de ribosomes synthésés, 1592
nucléoplasmine, 1488
particule cœur du nucléosome, 1485
TFIIIA, 1525
transgénique, 1512
Xenopus, microfilaments, 1659F
Xénotransplantation, 121–122
XerC, 1243
XerD, 1243
Xeroderma pigmentosum (XP), 1217–1218, 1223, 1224
X-gal (5-bromo-4-chloro-3-indolyl-D-galactoside), 110
XhoI, 105T
XI (antécédent de la thromboplastine plasmatique ; PTA), 1604
XIAP (IAP lié à l'X), 1582, 1583F
XIC (centre d'inactivation de l'X), 1513
XII_a, voir Hageman, facteur,
xis, gène, 1451, 1451T, 1460
Xist, gène, 1513, 1569
XMP (xanthosine monophosphate), 1112, 1130F
XO, voir Xanthine oxydase
XP, voir Xeroderma pigmentosum
XPA, 1217
XPB, 1217, 1218
XPC, 1217
XPD, 1217, 1218
XPE, 1217
XPF, 1217
XPG, 1217, 1218
XPV, 1217
Xrcc4, 1223–1224
Xrn1, exonucléase, 1327
Xrn2, exonucléase, 1304
Xu, W., 722
Xu5P, voir Xylulose-5-phosphate
Xylitol, 365
XylNAc résidu (*N*-acétylxylamine), 523
D-Xylose, 360F, 361
Xylose, 597–598
D-Xylulose, 361
Xylulose-5-phosphate (Xu5P), 892–894, 929
- Y**
Y, chromosome, 23
Y, chromosome, activation du chromosome X et, 1512
Y⁺, gène, 1261–1262, 1264
YAC (chromosomes artificiels de levure), 108–109, 113, 114, 180–181
YADH, voir Alcool déshydrogénase de levure
Yalow, R., 674
Yamamoto, K., 1526
Yang, W., 1222
Yanoffsky, C., 1296, 1298, 1337
Yarus, M., 1383
Ybf2/Sas3, 1540
Yellow, gène, *Drosophila*, 1538
Yersinia pestis, 1420–1421
-yl, suffixe, 73
Ylure, 616
Yokoyama, S., 1355–1357
Yonath, A., 1365, 1366, 1376
Yonetani, T., 354
YopJ, 1420
Yoshida, M., 857
Yoshikawa, S., 841

Young, W., 594
yTAF12, 1521
yTAF4, 1521
yTAF6, 1521
yTAF9, 1521

Z

Z, disques (lignes Z), muscle, **1640**, 1647,
1647F
Z, gène, 1451T
Z⁺, gène, 1261–1262, 1264
Z, schéma en, 914, 915F, 917F

Z α , 1150–1151, 1150F
Zalcitabine, 1208
Zamecnik, P., 1345, 1362
Zamore, Phillip, 1323
Zanamivir, 1475
ZAP70, 1412, 1412F, 1631F, 1631–1632
Zidovudine, voir 3'-Azido-3'-désoxythymi-
dine
Zif268, protéine, 1525, 1526F
Ziff, E., 1530
 α Zigzag, 433
Zimm, B., 94

Zinc, 473, 511–513
Zinc, doigts à, 1402, 1525F, **1525–1529**
Zinc, doigts à, motifs de liaison à l'ADN,
1525
Zocor, 990, 991F
Zonale, ultracentrifugation, 155, 156F, 159
Zone, électrophorèse de, 146
Zone d'ombre, 196
Zwitterions, 67F, 70
Zygote, 20, 1550
Zymase, 594
Zymogènes, **537–538**

Voet | Voet

Biochimie

La biochimie du XXI^e siècle

En près de 1800 pages abondamment illustrées et en couleurs, la 3^e édition française de cet ouvrage livre tous les secrets découverts à ce jour des biomolécules, des mécanismes d'action des enzymes, du métabolisme, de l'expression et de la transmission de l'information génétique.

Les nouveautés de la 3^e édition

Dans cette nouvelle édition, les auteurs ont ajouté un grand nombre de notions nouvelles acquises au cours des huit dernières années, ce qui enrichit presque toutes les sections.

Parallèlement à ce renouvellement de contenu, ils ont également revu entièrement l'approche pédagogique, présentant la matière de manière aussi complète et précise que possible. Les auteurs ne se contentent pas d'exposer les connaissances, mais ils attirent l'attention du lecteur sur la manière dont ces connaissances ont été acquises. Ils mettent par ailleurs en évidence les conséquences concrètes des recherches, notamment leurs applications médicales.

Un référentiel parfaitement à jour

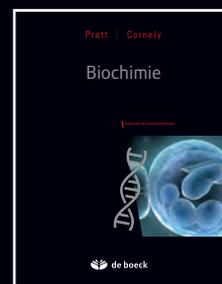
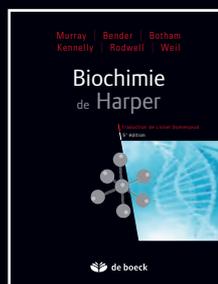
Les professeurs et les chercheurs en biochimie ont entre leurs mains une référence parfaitement à jour. Quant aux étudiants en SVT et en sciences médicales, ils peuvent non seulement revoir les notions de base, mais aussi s'initier à la démarche scientifique et approfondir des sujets à la pointe de la recherche. Ainsi, à la fin de chaque chapitre des exercices et problèmes invitent les étudiants à la réflexion.

Traduction de la 4^e édition américaine

Lionel Domenjoud est Maître de conférences à l'Université de Lorraine. Biologiste et embryologiste moléculaire de formation initiale. Il travaille actuellement sur les gènes cibles de facteurs de transcription impliqués dans la cancérogenèse, au sein de l'équipe de cancérologie STICMo du laboratoire du CRAN de l'Université de Lorraine.

- Ouvrage mondialement reconnu
- Illustrations interactives
- Guide d'exploration
- Exercices interactifs
- Résumé des concepts à la fin du chapitre
- Nombreux problèmes

Chez le même éditeur



deboeck **B**
SUPÉRIEUR

ISBN : 978-2-8041-7101-8



9 782804 171018

VOET



<http://noto.deboeck.com> : la version numérique de votre ouvrage

- 24h/24, 7 jours/7
- Offline ou online, enregistrement synchronisé
- Sur PC et tablette
- Personnalisation et partage

www.deboecksuperieur.com