la molécule du mois : les assemblages naturels composés uniquement d’arn

publié le 30.01.26 |par janet iwasa

des complexes naturels de grande taille composés exclusivement d’arn.

dans le dogme central de la biologie moléculaire, l’arn joue un rôle clé en tant que messager entre l’adn présent dans le noyau et la biosynthèse des protéines dans le cytoplasme. cependant, chez les êtres humains, seuls 1 à 2 % de tous les arn transcrits codent des protéines ; la majorité des arn ne sont donc pas traduits ou sont non codants. il a été découvert que les arn non codants jouent un rôle clé dans un large éventail de processus cellulaires fondamentaux, notamment le contrôle de la transcription, l’épissage et la traduction. ces arn possèdent souvent des structures secondaires et tertiaires complexes qui sont essentielles à leur fonction. par exemple, les arn ribosomiques, ou arnr, sont de longs arn non codants qui forment la partie catalytique des ribosomes. dans de nombreux cas, comme dans les ribosomes, les tâches biologiques sont réalisées par l’association d’arn à des protéines.

1. les structures complexes des arn

comment identifier de nouvelles classes d’arn non codants ayant des fonctions biologiques potentiellement intéressantes ? les bioinformaticiens ont utilisé des approches de génomique comparative pour découvrir des séquences susceptibles d’avoir une structure secondaire conservée entre les espèces. les chercheurs du laboratoire de ronald breaker, à l’université de yale, ont utilisé cette stratégie pour découvrir de nouvelles classes d’arn non codants dans les génomes de bactéries et de bactériophages [1]. parmi les arn découverts figurait une classe d’arn inhabituellement grands et avec une structure particulière provenant de bactéries extrémophiles à gram positif. ceux-ci ont été nommés arn ole (pour *ornate large extremophilic* en anglais) [2]. une approche similaire a été utilisée pour identifier les arn rool (pour *rumen-originating, ornate, large* en anglais) provenant de populations bactériennes vivant dans la panse des bovins et les arn golld (pour *giant, ornate, lake – and lactobacillales-derived* en anglais) provenant d’échantillons bactériens prélevés dans le lac gatún au panama.

récemment, plusieurs études structurales utilisant des techniques de cryomicroscopie électronique ont montré que ces arn forment des structures complexes et ordonnées. les arn ole provenant de *clostridium acetobutylicum* (entrée de la banque de données sur les protéines (pdb) 9mcw) et de *clostridium botulinum* (entrée pdb 9lcr) se replient en dimères symétriques compacts avec une symétrie d’ordre 2 (représentés sur la figure 1 en rose) [3]. la majeure partie de la structure est constituée d’une série d’hélices double brin qui apparaissent comme un faisceau serré de tiges.

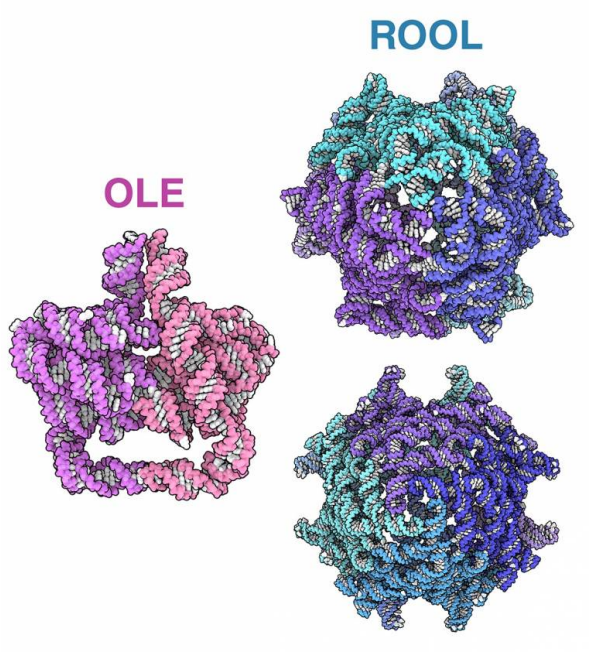


figure 1 - les arn ole et rool forment des structures multimériques
l'arn ole de *clostridium botulinum* (entrée pdb 9lcr) est représenté en rose à gauche.
les arn rool peuvent former des cages composées de 6 sous-unités (en haut à droite, entrée pdb 9j6y) ou 8 sous-unités (en bas à droite, entrée pdb 9mds).

auteur(s)/autrice(s) : janet iwasa et rcsb pdb licence : cc-by source : rcsb pdb

il est intéressant de noter que les arn rool et golld peuvent former des architectures creuses en forme de cage. alors que certains arn rool (représentés en bleu/violet sur la figure 1) forment principalement des cages octamériques (entrée pdb 9mds), d'autres arn rool forment des complexes hexamériques (entrées pdb 9j6y, et 9m78) [1]. l'arn golld (représenté en vert sur la figure 2) a également été observé avec des structures différentes, notamment un assemblage empilé en forme d'étoile constituée de 10 sous-unités d'arn (entrée pdb 9lee) [2] ou bien des cages creuses constituées de 12 (entrée pdb 9l0r) ou 14 sous-unités d'arn (entrée pdb 9mee) [3].

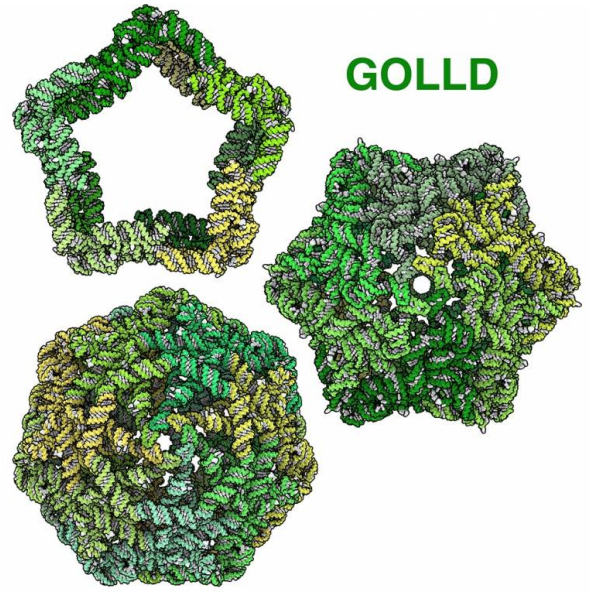


figure 2 - les arn golld peuvent présenter différentes structures
les complexes d'arn golld ont été identifiés sous la forme de structures à 10 sous-unités (en haut à gauche, entrée pdb 9lee), 12 sous-unités (à droite, entrée pdb 9l0r) et 14 sous-unités (en bas à gauche, entrée pdb 9mee).

auteur(s)/autrice(s) : janet iwasa et rcsb pdb licence : cc-by source : rcsb pdb

2. des fonctions hypothétiques

l'importance biologique de ces structures exclusivement composées d'arn est étayée par deux séries d'arguments. premièrement, bien que la séquence primaire des arn ole, rool et golld varie selon les espèces, les chercheurs ont remarqué une conservation des interfaces intermoléculaires et des motifs structurels. le maintien de ces structures à l'échelle de l'évolution suggère que ces arn jouent un rôle biologique important. deuxièmement, des multimères stables d'arn se forment à des concentrations physiologiques *in vitro*, ce qui suggère que des structures d'ordre supérieur composées uniquement d'arn se formeront facilement à l'intérieur des cellules.

cependant, les rôles précis des grandes structures exclusivement composées d'arn sont encore largement inconnus. compte tenu des structures creuses en forme de cage des complexes rool et golld, les chercheurs suggèrent qu'ils pourraient agir comme des échafaudages structurels au sein de la cellule, aidant à séquestrer ou à compartimenter les composants cellulaires. on sait que les arn ole se lient à plusieurs partenaires protéiques différents et participent à divers processus dans les bactéries extrémophiles, notamment la réponse au stress et la régulation métabolique. cependant, la manière dont les arn ole et leurs partenaires protéiques remplissent ces fonctions reste à découvrir.

3. une collection de structures composées uniquement d'arn

vous pouvez examiner de plus près les structures complexes composées uniquement d'arn formées par les arn ole (entrée pdb 9lcr), rool (entrée pdb 9mds) et golld (entrée pdb 9mee) en vous rendant sur la page de l'article d'origine (en anglais), et en cliquant sur l'onglet jsmol de la section *exploring the structure*.

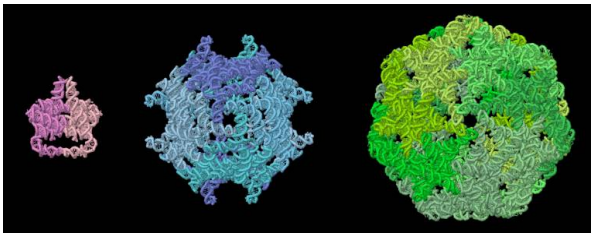


figure 3 - comparaison des structures des arn ole (en rose, entrée pdb 9lcr), rool (en bleu, entrée pdb 9mds) et golld (en vert, entrée pdb 9mee).

auteur(s)/autrice(s) : janet iwasa et rcsb pdb licence : cc-by source : rcsb pdb

4. pour aller plus loin

1. découvrez les arn auto-épissés dans un ancien article de la molécule du mois.
2. découvrez également d'anciens articles de la molécule du mois sur de grands complexes dont le cœur est constitué d'arn enzymatiques non codants : les ribosomes et les épissosomes (*spliceosomes*).

ce texte correspond à la traduction par cédric bordi de l'article molecule of the month : natural rna-only assemblies [4] écrit par janet iwasa en janvier 2026 sur le site pdb-101, le portail éducatif de la banque de données sur les protéines (pdb).

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

janet iwasa

janet iwasa est professeure assistante au département de biochimie de l'université de l'utah (états-unis). elle est spécialiste de la création d'images et d'animations permettant de rendre compte des processus biologiques.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

REPRODUIT AVEC AUTORISATION

PARTENAIRE(S)

RCSB PDB-101

cet article est publié en partenariat avec le site pdb-101, le portail éducatif de la banque de données sur les protéines (pdb).

pdb-101

notes

1. ling, x. ., golovenko, d. ., gan, j. ., ma, j. ., korostelev, a. a., & fang, w. . (2025). cryo-em structure of a natural rna nanocage. *nature*, *644*, 1107–1115. http://doi.org/10.1038/s41586-025-09262-x (original work published 2026)
2. zhang, s. ., yi, r. ., an, l. ., liu, j. ., yao, x. ., li, s. ., & zhang, k. . (2025). structural insights into higher-order natural rna-only multimers. *nature structural \& molecular biology*, *32*, 2012–2021. http://doi.org/10.1038/s41594-025-01650-1 (original work published 2026)
3. kretsch, r. c., wu, y. ., shabalina, s. a., lee, h. ., nye, g. ., koonin, e. v., … das, r. . (2025). naturally ornate rna-only complexes revealed by cryo-em. *nature*, *643*, 1135–1142. http://doi.org/10.1038/s41586-025-09073-0

bibliographie

1. weinberg, z. ., perreault, j. ., meyer, m. m., & breaker, r. r. (2009). exceptional structured noncoding rnas revealed by bacterial metagenome analysis. *nature*, *462*, 656–659. http://doi.org/10.1038/nature08586 (original work published 2026)
2. weinberg, z. ., lünse, c. e., corbino, k. a., ames, t. d., nelson, j. w., roth, a. ., … breaker, r. r. (2017). detection of 224 candidate structured rnas by comparative analysis of specific subsets of intergenic regions. *nucleic acids research*, *45*, 10811–10823. http://doi.org/10.1093/nar/gkx699 (original work published 2026)
3. wang, l. ., xie, j. ., gong, t. ., wu, h. ., tu, y. ., peng, x. ., … su, z. . (2025). cryo-em reveals mechanisms of natural rna multivalency. *science (new york, n.y.)*, *388*, 545–550. http://doi.org/10.1126/science.adv3451 (original work published 2026)

iwasa, j. . (2026). natural rna-only assemblies. *rcsb protein data bank*. http://doi.org/10.2210/rcsb_pdb/mom_2026_1 (original work published 2026)