

LÉCTURE IA



Objectifs :

Savoir nommer les éléments qui constituent **l'ADN** et les **ARNs** et de connaître leurs différences.

Savoir définir le sens d'un brin d'acide nucléique, retenir les notions **d'antiparallélisme**, de **complémentarité** des bases, de **sillons majeurs** et **mineurs** et de **compaction** de l'ADN.

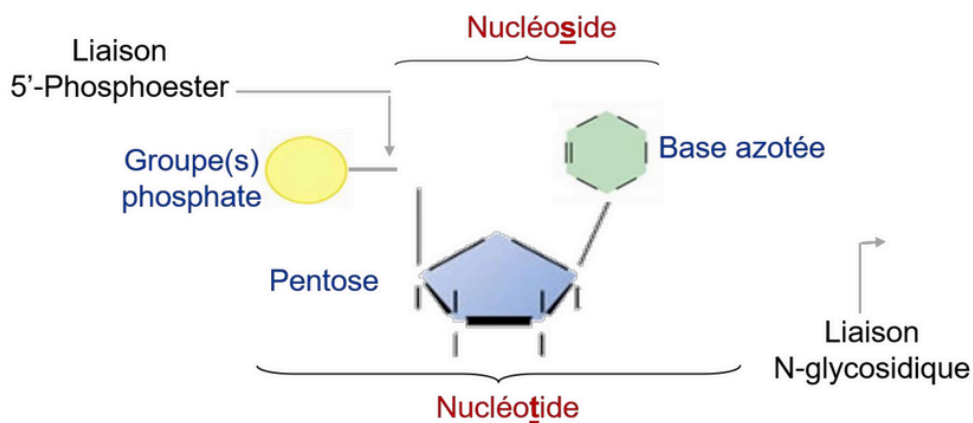
Les acides nucléiques sont constitués de **lettres** ou **nucléotides**. Un nucléotide va être constitué de **trois éléments +++** :

1. De un à trois **groupes phosphate**,
2. Un sucre à cinq côtés qu'on appelle aussi un **pentose**
3. Et une **base azotée** qui va être variable d'un nucléotide à un autre.

Il existe quatre types différents de base azotée.

Lorsqu'un **pentose** va être relié à une **base**, cela va former ce qu'on appelle un **nucléoside** et cette liaison sera appelée une liaison **N-glycosidique**. ++

Pour former un **nucléotide**, il y aura liaison de ce nucléoside à un ou plusieurs **groupes phosphate** par l'intermédiaire d'une liaison **5'-phosphoester**. ++



Attention + Recap

Ayez bien en tête la différence entre les deux.

NucleoSide

1. Pentose
2. Base azoté

mnémo : nocléoSide :

Ciseaux
Deux éléments



NucleoTide

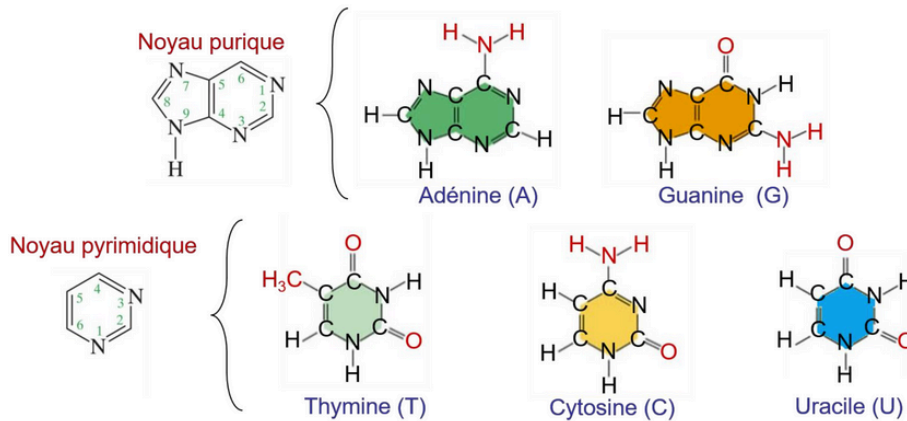
1. Pentose
2. Groupe phosphate
3. Base azoté

mnémo : nocléoTide :

Trois éléments

Les nucléotides vont différer entre eux par **la base azotée** qui les constituent ++. Il existe **cinq bases** azotées **majeures** et d'autres mineures qu'on pourra retrouver dans l'ARN.

Les bases sont classées en **deux groupes**. Tout d'abord, les bases **puriques**, qu'on appelle aussi les **purines**, parmi lesquelles **l'adénine** et la **guanine**, et les bases **pyrimidiques** qu'on appelle aussi **pyrimidines**, qui sont constituées par la **thymine**, la **cytosine** et **l'uracile**. Il est à noter que l'uracile sera retrouvée **uniquement** dans l'ARN ++.



Pti tips :

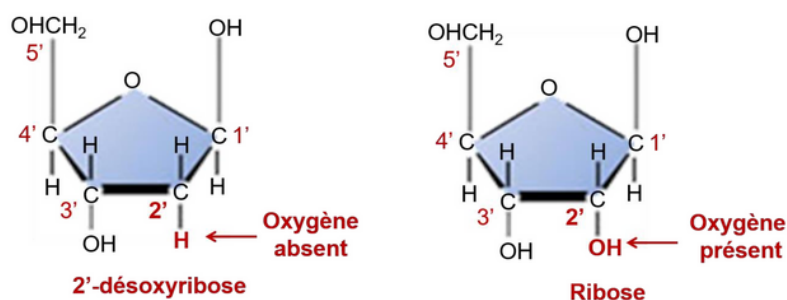
pour retenir qui on retrouve dans les Puriques on a un petit mnémo : **Les personne AG (agées) PUent (Purique)** (c'est pas très gentil mais ça aide)

Il existe donc **deux différences** entre les nucléotides qui vont constituer **l'ADN** et **l'ARN**. La première différence concerne le **pentose** qui pourra être soit le **2'-désoxyribose**, soit le **ribose** ++.

Cette différence va reposer sur la présence ou l'absence d'un atome **d'oxygène** lié à l'atome de carbone en position **2' du pentose**.

Le pentose de **l'ADN** sera ici **dénué** d'oxygène et c'est la raison pour laquelle on va l'appeler le **2'-désoxyribose**.

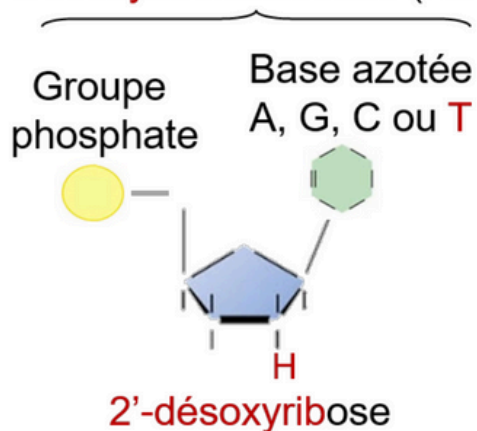
Quant au pentose de **l'ARN**, il **possède** sur ce carbone 2', un atome d'oxygène et on l'appellera tout simplement le **ribose**.



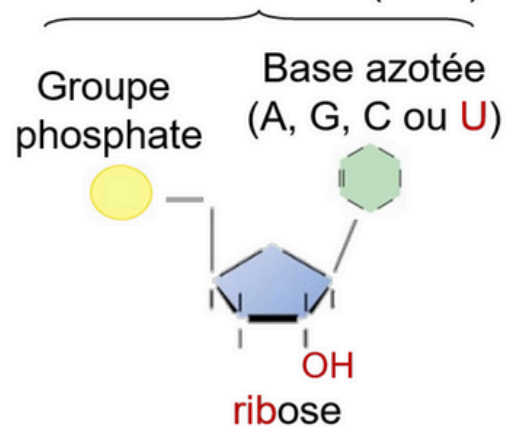
L'autre différence va concerner le choix des **bases** qui vont être utilisées pour constituer les nucléotides. Le choix d'une base pour former un **déoxyribonucléotide** de **l'ADN** va se faire entre **adénine, guanine, cytosine, thymine**.

Et le choix d'une base pour former un **ribonucléotide** de **l'ARN** va se faire entre **l'adénine, la guanine, la cytosine et l'uracile**.

Déoxyribonucléotide (ADN)



Ribonucléotide (ARN)



Recap :

On retient que l'on a **deux** différences majeures entre l'ADN et l'ARN :

1. La présence ou l'absence d'oxygène sur le carbone 2' du pentose
2. Les différentes bases azoté qui composent le nucléotide

La nomenclature des nucléosides et des nucléotides dérive du nom des bases qui les constituent. On ajoutera au nom de cette base différents suffixes pour nommer les nucléosides/nucléotides puriques/pyrimidiques.

On utilisera un **d minuscule** entre parenthèses (**d**) afin de différencier les **nucléosides** et les **nucléotides** qui sont communs à **l'ADN** et à la **ARN**. Cette distinction sera inutile pour les dérivés de l'uracile, car, comme nous l'avons dit, cette base **n'est retrouvée que dans l'ARN**.

Et enfin, on précisera s'il s'agit de nucléotides **mono-**, **di-** ou **triphosphate**.

Ainsi, pour nommer un **nucléoside** ou un **désoxynucléoside** formé à partir **d'adénine**, on parlera **d'adénosine** lorsqu'il s'agit d'un nucléoside de **l'ARN** ou de **désoxyadénosine** lorsqu'il s'agit d'un nucléoside de **l'ADN**.

Pour nommer un **nucléotide** qui dérive de l'utilisation de l'adénine, on parlera d'acide **5'-adénylique** s'il s'agit d'un nucléotide de **l'ARN** ou d'acide **5'-désoxyadénylique** s'il s'agit d'un nucléotide retrouvé dans **l'ADN**.

Bases azotée	Nucléoside (ARN) ou déoxynucléoside (ADN)	Nucléotide mono-, di-, triphosphate (d)NMP, (d)NDP ou (d)NTP
Purines		
Adénine	(d)Adénosine	Acide 5'-(désoxy)adénylique
Guanine	(d)Guanosine	Acide 5'-(désoxy)guanylique
Pyrimidines		
Cytosine	(d)Cytidine	Acide 5'-(désoxy)cytidylique
Thymine	(d)Thymidine	Acide 5'-(désoxy)thymidylique
Uracile	Uridine	Acide 5'-uridylique

Le tableau récapitule tout ! Essayez de comprendre avant d'apprendre. Je sais que ça paraît un peu compliqué au début mais prenez votre temps et ça ira :) Je n'ai personnellement pas appris ce tableau

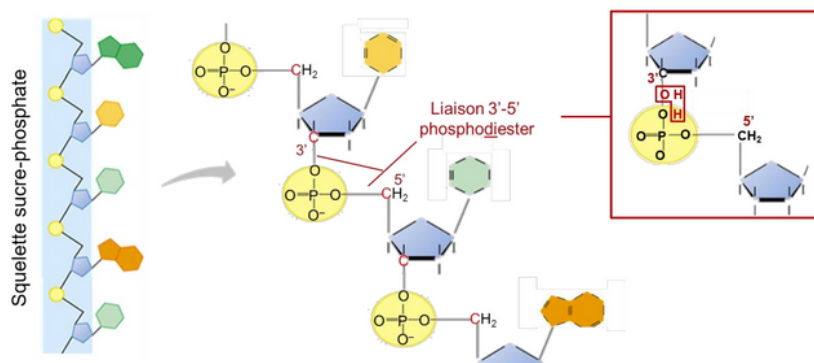


L'ADN et l'ARN vont former une suite de lettres. En effet, les nucléotides dont on vient de voir la structure vont être reliés entre eux pour former un enchaînement et donc soit un brin d'ADN, soit un brin d'ARN selon les nucléotides qui sont utilisés.

La liaison qui va permettre de relier entre eux ces différents nucléotides va être appelée liaison **3'-5' phosphodiester** +++.

Cette liaison va impliquer la fonction **hydroxyle** du **carbone** situé en position **3'** du **pentose** et la fonction **acide du groupe phosphate** qui est lié au **carbone 5'** d'un autre nucléotide.

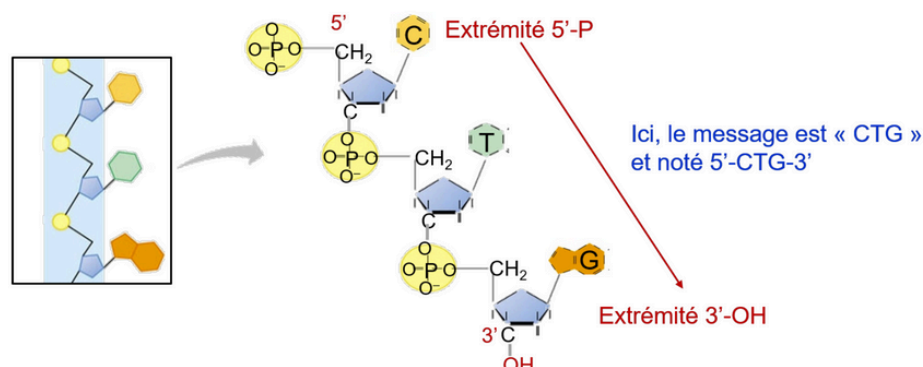
L'ensemble des pentoses reliés par les groupes phosphate va former ce qu'on appelle le **squelette sucre-phosphate**.



Il faut également bien comprendre que les acides nucléiques ADN ou ARN ont un **sens** et sont **polarisés**. L'extrémité du brin à laquelle on va trouver un groupement phosphate qui est libre et non relié à un autre nucléotide va être appelée **extrémité 5'-phosphate** et l'extrémité à laquelle se trouve un groupement **OH qui est libre** sera appelé l'extrémité **3'-OH**.

Ainsi, l'enchaînement variable des bases le long d'un brin d'ADN ou d'ARN va former un message qui se lira **TOUJOURS dans le sens 5'-3'**, c'est à dire de l'extrémité 5'-phosphate libre vers l'extrémité 3'-OH libre.

Dans cet exemple, le message qu'on va lire sera **CTG** et on le notera **5'-CTG-3'**.



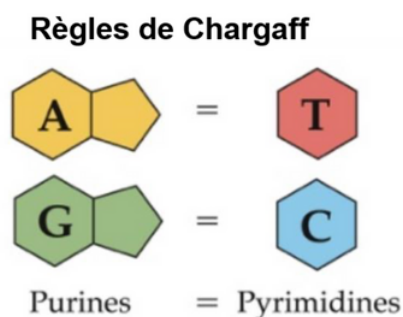
Maintenant que nous avons vu la structure primaire des acides nucléiques, nous allons nous intéresser à la **structure secondaire de l'ADN**. Cette structure a pu être élucidée grâce aux travaux préalables de deux chercheurs.

Le premier de ces travaux a concerné l'étude de la **composition en bases de l'ADN** par **Erwin Chargaff** en 1950. Son étude a révélé des constantes **universelles** dans les proportions respectives des bases.

Quelle que soit l'espèce étudiée, l'ADN contient **autant** de l'adénine que de thymine. Ce que l'on peut écrire comme **A = T et A/T = 1**.

Egalement, quelle que soit l'espèce étudiée, l'ADN contient **autant** de guanine que de cytosine et de la même façon, on peut l'écrire **G = C et G/C = 1**. Cependant, dans cette étude le rapport **A+T/G+C** s'est montré être **spécifique d'une espèce donnée ++**.

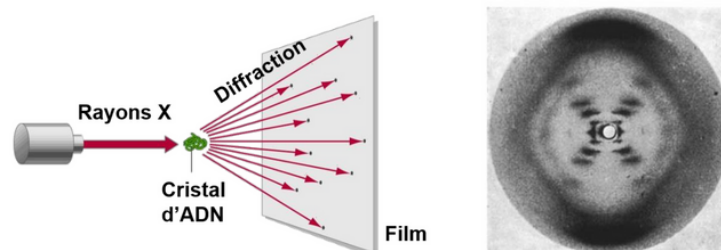
Et ces deux constantes A=T et G=C sont appelées les règles de Chargaff.



Le second travail qui a permis d'élucider la structure secondaire de l'ADN a été effectué par **Rosalind Franklin** en 1952. Il a consisté à étudier la **diffraction des rayons X par l'ADN**.

Cette étude a permis d'obtenir ce type de clichés et a révélé que l'ADN a la **structure d'une hélice**. Ce cliché a permis notamment d'en conclure que le **squelette sucre phosphate** de l'ADN est situé à **l'extérieur** de l'hélice et que les **bases** sont situées à **l'intérieur** de l'hélice.

Il a également permis de déterminer le **diamètre** de cette hélice qui est **constant** et de **2 nanomètres**. En revanche, l'étude n'a PAS permis de préciser quel est le **nombre de brins** d'ADN qui forment cette hélice ++.



Recap :

Donc :

- **Erwin Chargaff** : Il y a au tant d'adénine que de thymine et autant de guanine que de cytosine + le rapport A+T/G+C s'est montré être **spécifique** d'une espèce donnée.
- **Rosalind Franklin** : Diffraction de l'ADN + Structure en hélice + Squelette sucre phosphate à l'extérieur et bases à l'intérieur + Diamètre constant de 2nm.

Attention à ce niveau on ne sait pas combien de brin compose l'ADN.

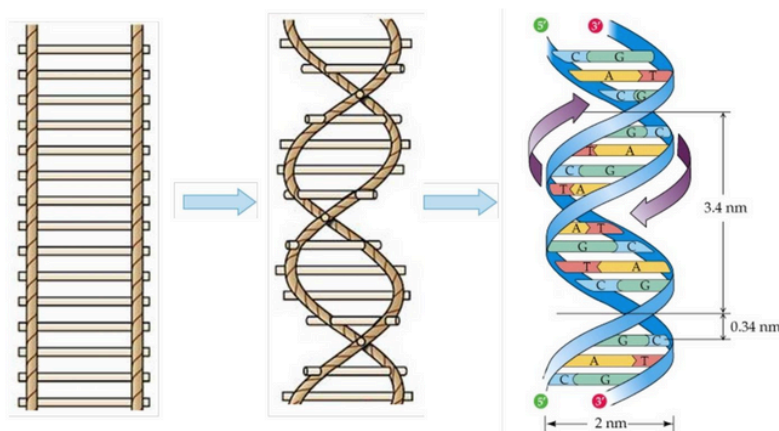
C'est à partir de ces deux travaux préliminaires que les chercheurs **Watson et Crick** ont proposé le modèle de la **double hélice** en 1953 pour décrire la **structure secondaire** de l'ADN.

Dans ce modèle, ils proposent que **deux brins d'ADN** vont s'associer entre eux en formant des paires de bases et s'enrouler hélice droite.

Ainsi, on peut comparer l'ADN dans sa structure secondaire à une **échelle** dans laquelle les montants représenteraient le squelette sucre-phosphate et les barreaux représenteraient les paires de bases qui permettent à ces deux brins de s'associer entre eux.

Et en faisant subir une **rotation** à cette échelle, on obtient la représentation de la structure secondaire de l'ADN qui est montrée ici.

Sur ce schéma, on peut notamment retrouver l'extrémité 5'-phosphate et l'extrémité 3'-OH de chacun des brins. On peut également retrouver le diamètre de l'hélice, qui est de **2 nanomètres**. Chaque tour d'hélice va être d'une longueur de **3,4 nanomètres** et les paires de bases vont être distantes entre elles de **0,34 nanomètre** +.



Bravo d'être arrivé jusqu'ici. Le cours est un peu long et peu paraître compliqué mais à force de le lire vous allez y arriver !
Faites une petite pause et on continue, C'est bientôt fini 🍷

Watson et Crick vont s'appuyer sur les travaux précédents pour proposer un **principe fondamental** qui est le principe de **complémentarité des bases**. C'est ce principe qui va permettre aux deux brins d'ADN de s'associer entre eux

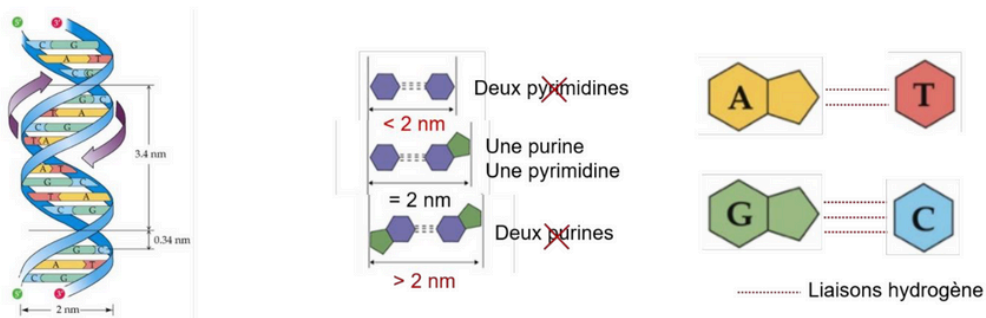
Ce principe postule que les bases ne vont pas s'associer de façon aléatoire entre elles pour former des paires de bases. En effet, pour obtenir un diamètre de l'hélice de 2 nanomètres, **une purine va toujours s'associer à une pyrimidine ++**.

En effet, d'après la structure des **pyrimidines**, en associant entre elles **deux pyrimidines**, on obtiendrait un diamètre de l'hélice **INFÉRIEUR à 2 nanomètres**. En associant entre elles **deux purines**, on obtiendrait cette fois ci un diamètre de l'hélice qui serait **SUPÉRIEUR à 2 nanomètres**.

Ce n'est qu'en associant une purine avec une pyrimidine qu'on obtiendra le diamètre correct de l'hélice, à savoir 2 nanomètres.

De plus, d'après les **règles de Chargaff**, A=T et G=C, **l'adénine** devra s'apparier obligatoirement avec la **thymine** et la **guanine** avec la **cytosine**.

On voit sur cette représentation des paires de bases qui vont se former que **l'adénine** va s'apparier avec la **thymine** par l'intermédiaire de **deux liaisons appelées liaisons hydrogène** et la **guanine** va s'apparier avec la **cytosine** par l'intermédiaire de **trois liaisons hydrogène ++**.



L'intérêt majeur du modèle de Watson et Crick a été de **confirmer que l'ADN et la molécule de l'hérédité ++**.

A cette époque, on ne savait toujours pas si le substrat biochimique de l'hérédité était notamment constitué par **l'ADN** ou par les **protéines**.

Watson et Crick ont publié leur modèle de la structure des acides nucléiques dans la revue Nature en 1953 et dans cet article, ils notaient la phrase suivante "*Il n'a pas échappé à notre attention que le mécanisme spécifique d'appariement que nous avons postulé suggère immédiatement un mécanisme possible de copie du matériel génétique*".

NO. 4104 April 25, 1953 NATURE 737

MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS
A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

It was to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (DNA). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

A structure for nucleic acid has already been proposed by Fleming and Corey. They study their structure primarily in its ability to polymerize. There would concern of three inter-related chains, with the phosphate near the inner side, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for the reasons:

(1) We believe that the material which gives the X-ray diagrams is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially in the regularly charged phosphate near the inner side of each side. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

Another three-chain structure has also been suggested by Flower (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we should not recommend it.

We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate ester groups joined in D-2-deoxyribose residues with 7-2' linkages. The two chains that run parallel to each other are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Each chain shows regular hydrogen bonds, and owing to the dyad the sequence of residues in the two chains are in opposite directions.

Each chain is nearly unaltered. The helical axis is nearly vertical. In this model, the bases are on the outside of the helix and the phosphates on the inside. The configuration of the sugar and the base is such that the bases are almost perpendicular to the helical axis. There is a helical axis on each chain every 3.4 Å. In the collection, we have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, or after 34 Å. The distance of a phosphate group from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, certain have very access to them.

The structure is open, and so water content is rather high. At lower water content we would expect the bases to lie on the inside of the structure, but this would be a different model.

The novel feature of the structure is the double helix for the two chains, which is held together by the phosphate and phosphate bases. The planes of the bases are perpendicular to the fibre axis. They are joined together in pairs, a single base from one chain being hydrogen-bonded to a single base from the other chain, so that the two lie side by side with identical orientations. One of the pair must be a purine and the other a pyrimidine for bonding to occur. The hydrogen bonds are made between purine position 1 and pyrimidine position 1; purine position 6 and pyrimidine position 6.

If it is assumed that the bases only occur in the structure in the most planar conformation, then (that is, with the same carbon atom configurations) it is found that only specific pairs of bases can bond together. These pairs are: adenine (purine) with thymine (pyrimidine), and guanine (purine) with cytosine (pyrimidine).

In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on the other member the other member must be thymine. Similarly, for guanine and cytosine. The sequence of bases on a single chain, then, must appear to be restricted in any way. However, if only specific pairs of bases can be formed, it follows that if the sequence of bases on one chain, is given, then the sequence on the other chain is automatically determined.

It has been found experimentally that the base of the amino acid of chlorine is thymine, and the ratio of guanine to cytosine, are always very close to unity for deoxyribose nucleic acid.

It is probably impossible to build this structure with a ribbon model in place of the deoxyribose, as the ester oxygen atom would not be close to a van der Waals contact.

The foregoing published X-ray data* on deoxyribose nucleic acid are insufficient for a rigorous test of our structure. So far as we are aware, it is the only structure compatible with the experimental data, but it must be regarded as tentative until it has been checked against more exact results. Some of these are given in the following communications. We were not aware of the details of the results presented here until the printed-out structure, which was made through our courtesy on published experimental data and stereo-chemical arguments.

It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material.

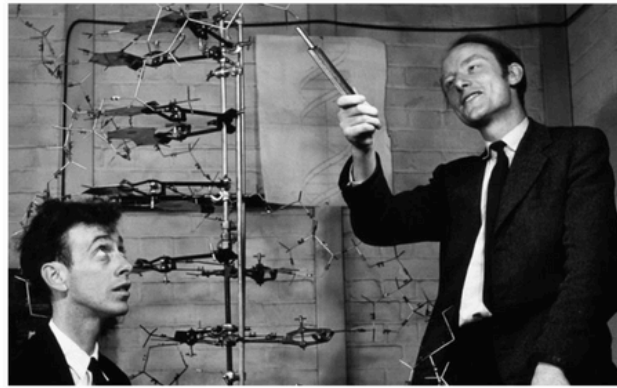
Part details of the structure, including the conditions assumed in building it, together with a set of co-ordinates for the atoms, will be published shortly.

We are much indebted to Dr. Jerry Donohue for assistance advice and criticism, especially on stereoisomeric questions. We have also been stimulated by a knowledge of the general nature of the unpublished experimental results and ideas of Dr. J. D. B. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (M. H. N.) has been aided by a fellowship from the National Foundation for Institute Research.

J. D. WATSON
 F. H. C. CRICK

Medical Research Council Unit for the Study of the Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge, April 2.

* Young, J., and Crick, F. H. C. Nature, 1952, 170, 104-106, 107-110.
 * Watson, J. D., and Crick, F. H. C. Nature, 1953, 171, 380-383.
 * Crick, F. H. C., Watson, J. D., and Wilkins, J. D. Nature, 1953, 171, 416-419.
 * Watson, J. D., and Crick, F. H. C. Nature, 1953, 171, 404-405.
 * Watson, J. D., Crick, F. H. C., and Wilkins, J. D. Nature, 1953, 171, 380-383.
 * Watson, J. D., and Crick, F. H. C. Nature, 1953, 171, 380-383.



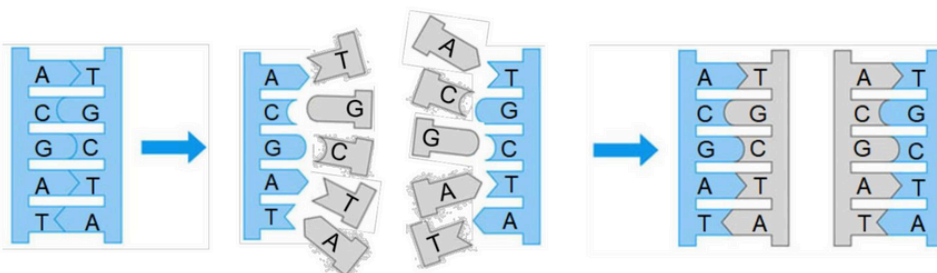
« Il n'a pas échappé à notre attention que le mécanisme spécifique d'appariement que nous avons postulé suggère immédiatement un mécanisme possible de copie du matériel génétique »

Et en effet, c'est ce principe de **complémentarité des bases** qui va permettre de **recopier** le matériel génétique. Ainsi donc, en proposant ce mécanisme pour décrire la structure de l'ADN, de **façon indirecte**, ils montraient que cette molécule qui peut être recopiée est bien le **substrat biochimique de l'hérédité**.

La complémentarité des bases va fournir le mécanisme grâce auquel le matériel génétique pourra être **recopié** et **transmis** de génération en génération.

En effet, en connaissant la séquence d'un brin de la double hélice d'ADN, on va pouvoir directement en déduire celle des brins complémentaires. Car, comme on l'a vu, **l'adénine** s'apparie **toujours** avec la **thymine** et la **guanine** avec la **cytosine**.

A partir d'une seule molécule d'ADN, en utilisant ce principe de complémentarité des bases pour recopier chacun des deux brins de la double hélice, on va finalement obtenir **deux nouvelles molécules absolument identiques entre elles et à la molécule d'ADN de départ**.



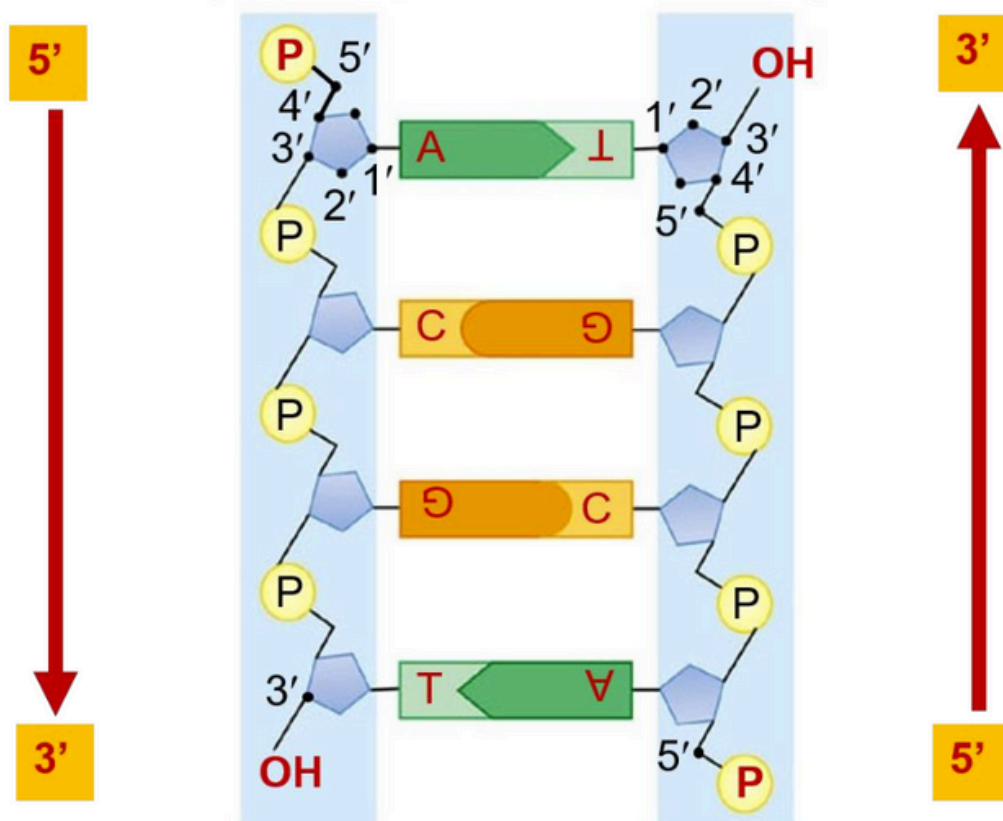
Une caractéristique de la double hélice va être que les brins qui la constituent sont **orientés en sens inverse**. On dira qu'ils sont **antiparallèles** +++.

En effet, nous avons dit précédemment qu'un brin d'ADN possédait un sens avec une extrémité 5'-phosphate libre et une extrémité 3'-OH libre.

Dans la molécule d'ADN, lorsque l'on a sur un brin l'extrémité 5', on aura toujours en regard l'extrémité 3'. Et lorsque l'on a une extrémité 3', on aura toujours un regard une extrémité 5'.

Dans la mesure où, pour lire le message ou la séquence, on utilise toujours le sens 5'-3', cela revient à dire que la séquence de chacun des brins de la double hélice sera lue en sens inverse.

(C'est plus simple avec le schéma en dessous)



Cette structure secondaire de l'ADN étant assez complexe, comment va t on pouvoir représenter l'ADN de façon simplifiée ? Le plus important va être de respecter certaines conventions.

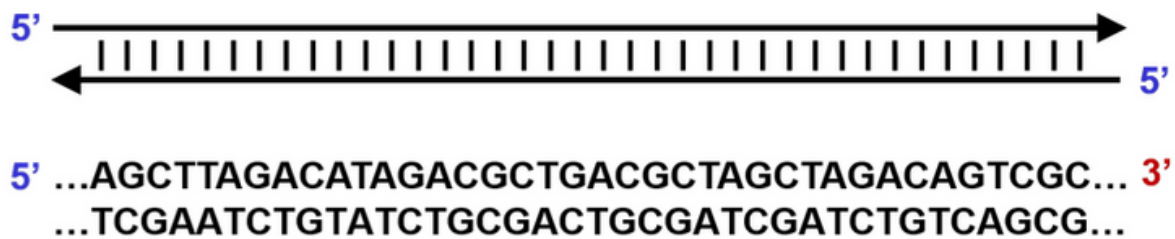
On pourra par exemple représenter **un brin d'ADN** par **un simple trait** ou par une flèche qui indique quelle est l'extrémité 3' si on s'intéresse à l'orientation.

Et par convention, on représentera **toujours l'extrémité 5' à gauche et l'extrémité 3' à droite.**

Si cette fois ci, on s'intéresse à la **double hélice**, on pourra utiliser **deux traits** avec ou sans flèche en se rappelant que les brins sont **antiparallèles**. Et on pourra représenter, si l'on veut, les bases appariées par des lignes verticales qui relient les deux brins.

On peut aussi **utiliser des lettres uniquement** et on peut ne représenter que la séquence d'un des brins puisque celle de l'autre brin pourra être directement déduite. Par convention, on représente toujours cette séquence de **5' vers 3'**.

Pour finir, si on s'intéresse aux **mutations** qui peuvent survenir dans la séquence de l'ADN, cette fois ci, on **représentera la séquence des deux brins.**



Une caractéristique de la double hélice d'ADN est que sa structure **n'est PAS homogène**. En effet, elle va présenter ce qu'on appelle des **sillons** au niveau desquels les **bases sont exposées**, ces bases pouvant alors établir avec d'autres molécules des **interactions diverses**.

On va ainsi distinguer un **sillon majeur** dont la largeur est de **2,2 nanomètres** et un **sillon mineur** dont la largeur est de **1,2 nanomètres ++**.

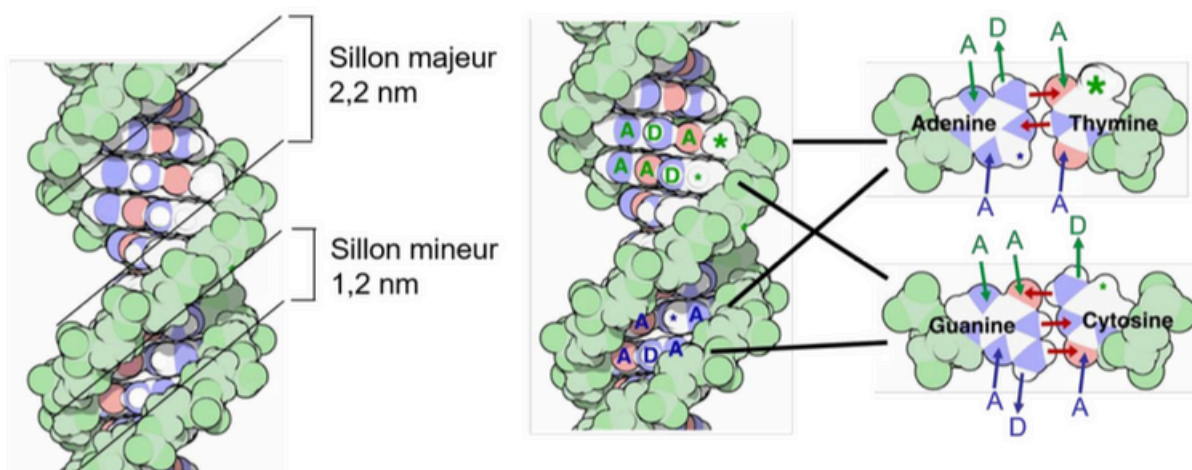
Nous avons vu que les bases vont utiliser certains de leurs atomes pour établir des **liaisons hydrogène**. Ainsi, il va se former **deux liaisons hydrogène entre l'adénine et la thymine** et **trois liaisons hydrogène entre la guanine et la cytosine**. *(On s'en souvient les bg)*

Et nous venons de voir que les **sillons** de l'hélice dans lesquels les bases sont exposées vont également leur permettre d'exposer des **donneurs ou des accepteurs d'hydrogène**.

Et ces atomes, donneurs ou accepteurs d'hydrogène vont pouvoir à leur tour former des liaisons hydrogène avec d'autres protéines, comme par exemple des protéines impliquées dans la **compaction** de l'ADN, sa **réplication** ou sa **transcription**.

Concernant la paire de base **adénine et thymine**, par exemple, au niveau du **sillon majeur**, elles vont exposer des atomes selon une séquence **accepteur-donneur-accepteur** et au niveau du **sillon mineur**, exposer des atomes selon la séquence **accepteur-accepteur ++**.

Concernant la **guanine et la cytosine**, au niveau du **sillon majeur**, elles vont exposer des d'atomes selon la séquence **accepteur-accepteur-donneur** d'hydrogène et au niveau du **sillon mineur**, des atomes selon la séquence **accepteur- donneur-accepteur ++**.



L'intérêt de cette notion, c'est que l'**empilement aléatoire** des bases le long de la molécule d'ADN va générer, par l'intermédiaire de ces atomes donneurs ou accepteurs d'hydrogène, des **interactions spécifiques** entre une séquence donnée de l'ADN et une molécule donnée. (Nous reverrons cela au moment de l'étude de l'expression des gènes).

Concernant maintenant la **structure tertiaire** de l'ADN. L'ADN va pouvoir adopter **trois formes différentes de structure tertiaire**. On va ainsi distinguer ce que l'on appelle une **conformation A**, une **conformation B** et une **conformation Z ++**.

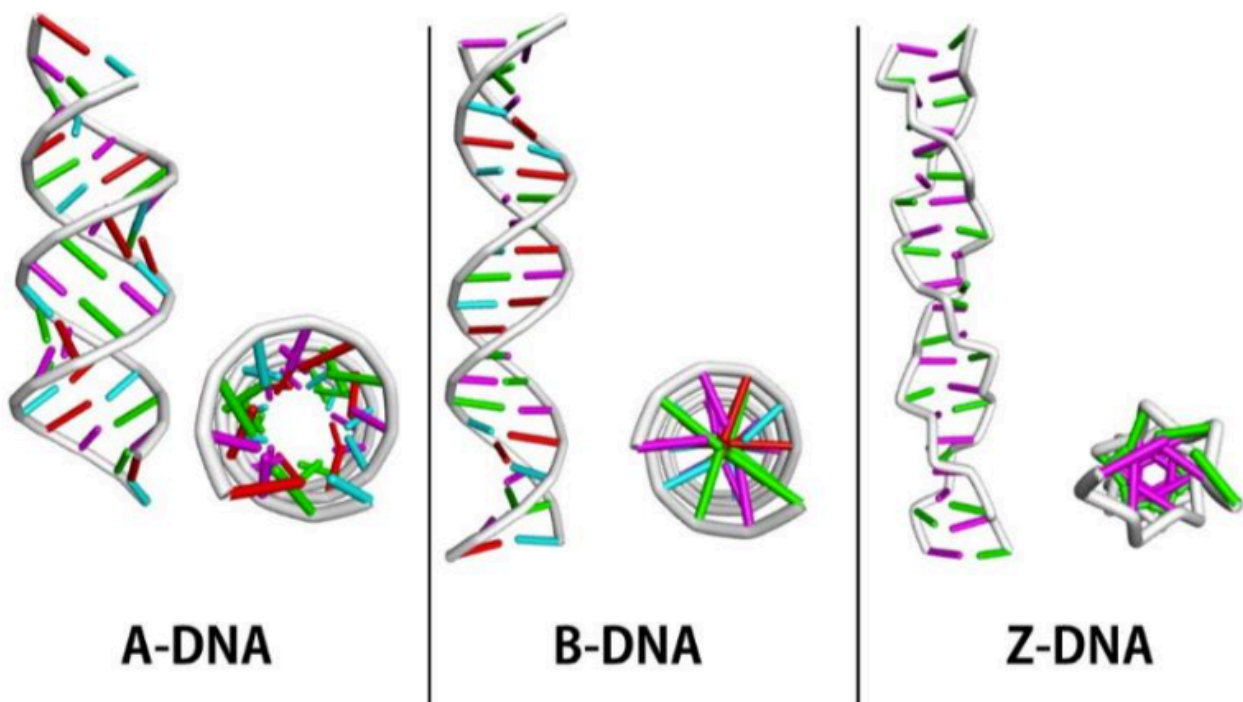
Ces trois conformations vont différer entre elles, selon **quatre aspects +++**:

1. Le **sens d'enroulement** de l'hélice, - hélice droite ou gauche -,
2. La **longueur** d'un tour d'hélice,
3. Le **nombre de paires de bases** par tour d'hélice
4. Les différences de **taille des sillons majeur et mineur**.

Et l'adoption de l'une ou l'autre de ces conformations va dépendre notamment de :

1. L'état **d'hydratation** et
2. De la présence de **sel**.

En pratique, c'est la **conformation B** qui représente la structure décrite par **Watson et Crick** et qui est la **plus abondante** dans la cellule.

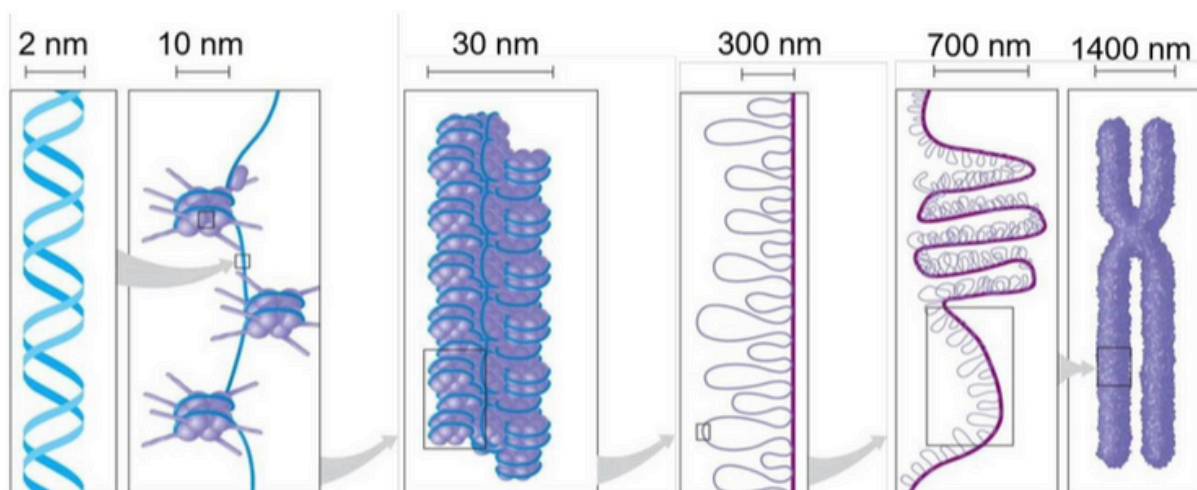


Des protéines peuvent s'associer à l'ADN au niveau des sillons et en particulier les **histones** sont des protéines qui vont pouvoir interagir avec l'ADN au niveau du **sillon mineur**. Ces interactions très importantes vont permettre de **moduler la compaction** de l'ADN selon différents niveaux.

Ces niveaux vont aller d'une forme la **moins compactée** qui est représentée par **l'ADN nu**, à savoir la double hélice, à une forme de **compaction maximale** qui est représentée par les **chromosomes** tels qu'on peut les observer au cours du cycle cellulaire en **métaphase**.

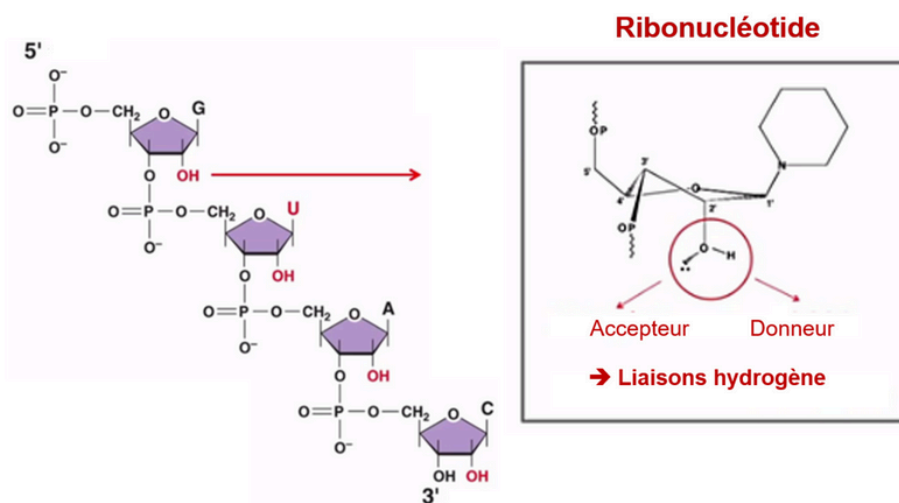
On va ainsi, à partir de **l'ADN nu**, la double hélice dont on a vu que son diamètre était de **2 nanomètres**, passer progressivement à une structure qu'on appelle la **fibre de chromatine**, dont le diamètre est de **10 nanomètres**, puis à une structure plus compacte qu'on appelle le **solénoïde**, d'un diamètre de **30 nanomètres**, à une structure de **300 nanomètres** qui est formée par l'attachement de boucles sur une charpente protéique et enfin à une structure de **700 nanomètres** qui est formée par l'empilement de cette charpente protéique pour former une **chromatide** d'un chromosome, un **chromosome** à deux chromatides étant d'un diamètre de **1400 nanomètres**.

(Ok ça fait pavé mais regardez le schéma et de toute façon on revoit ça dans le cours d'après. Donc pas d'inquiétudes)



Concernant maintenant les différentes structures de l'**ARN**. Tout d'abord, sa **structure primaire**. Celle-ci ressemble de très près à celle de l'ADN. Mais comme nous l'avons vu, au niveau du pentose, il existe au niveau de carbone 2' un **groupement OH** et ce groupement OH du **ribose** va lui conférer des **propriétés propres**.

Il pourra également être **donneur ou accepteur d'hydrogène** et former des **liaisons hydrogène** qui sont impliquées dans la formation de la **structure secondaire, tertiaire et quaternaire** des différents sous-types d'ARN.



En effet, la structure des ARNs est **très variée**. Il faut bien retenir qu'une molécule d'ARN n'est formée que **d'un seul brin** de ribonucléotides ++, contrairement à la molécule d'ADN qui, elle, est formée de deux brins reliés entre eux.

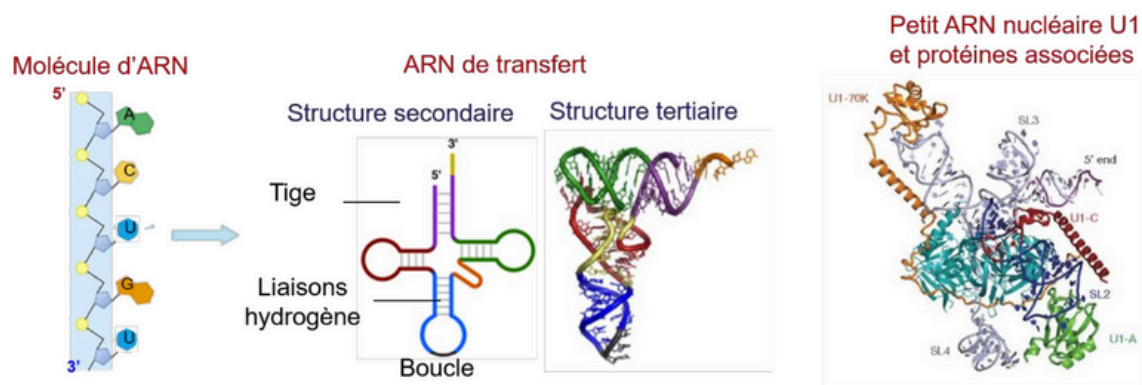
Cependant, le brin qui constitue une molécule d'ARN va pouvoir **se replier sur lui-même** par appariement intramoléculaire de bases complémentaires pour former par exemple de façon localisée une **hélice** qu'on va appeler un **duplex d'ARN** de **caractéristiques différentes** de celle de la double hélice d'ADN.

Finalement, les ARNs vont pouvoir contenir des régions qui sont **appariées** qu'on va appeler des **tiges** et d'autres régions qui ne seront **pas appariées** et qui vont former des **boucles**.

L'ensemble de combinaisons de tiges et de boucles va pouvoir former des **structures tertiaires** et **quaternaires** très complexes associées à des protéines.

Sur ce schéma, nous avons par exemple, concernant **l'ARN de transfert**, une représentation de sa structure secondaire avec **une tige** et **trois boucles**, la tige étant formée par ces appariements **intramoléculaires** de bases grâce à des liaisons hydrogène.

Et nous avons par ailleurs la structure très complexe d'un petit ARN qu'on appelle ARN nucléaire U1, celui-ci étant également associé à des protéines.



Conclusion :

Pour résumer les notions abordées dans ce cours, **l'ADN est le support biochimique de l'hérédité**. Un brin d'ADN est un **polymère de désoxyribonucléotides**. Il contient un **message** et possède un **sens**.

Un **désoxyribonucléotide** est formé de **désoxyribose**, **d'un ou plusieurs groupes phosphate** et d'une **base azotée qui peut être variable**, le choix pouvant se faire entre **adénine, guanine, thymine** ou **cytosine**.

L'ADN va former une **double hélice** constituée de deux brins qui sont **antiparallèles** et dont les nucléotides forment des paires de bases complémentaires.

Grâce à cette **complémentarité**, l'ADN va pouvoir être **recopié**. Et enfin, l'hélice possède **deux sillons** et peut s'associer à des protéines pour être compactée.

Les **ARNs**, quant à eux, vont former diverses structures de fonctions différentes. Ce sont des molécules qui sont formées **d'un seul et unique brin de ribonucléotides**.

Un brin **d'ARN** est un **polymère de ribonucléotides** et un ribonucléotide est formé de **ribose**, **d'un ou plusieurs groupes phosphate** et d'une **base azotée** qui est variable, le choix pouvant ici se faire entre **adénine, guanine uracile** ou **cytosine**.

Les gars c'est fini ne vous en faites pas. mais je vous mets les petites question que le prof met dans sa videos interactives. Il y a aussi des petits jeux sympa sur moodle n'hésitez pas à aller voir.

Question 1 : Un nucléoside comprend :

- A. Un nucléotide
- B. Un groupe phosphate
- C. Un pentose

Question 2 : Les nucléotides constituant l'ARN ne diffèrent de ceux constituant l'ADN que par le remplacement de la thymine par l'uracile

Vrai

Faux

Question 3 : La désoxycytidine correspond à un nucléoside retrouvé dans l'ARN

Vrai

Faux

Question 4 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

- A. L'enchainement variable des bases des nucléotides qui constituent les acides nucléiques forme un message.
- B. La polarité d'un brin d'ADN est définie par ses extrémités 5'-OH libre et 3'-phosphate libre

Question 5 : D'après le diamètre de la double hélice d'ADN, les paires de bases ne peuvent correspondre qu'à l'association d'une purine et d'une pyrimidine.

Vrai

Faux



Question 6 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

- A. La réplication de l'ADN est dite semi-conservative car chaque molécule d'ADN formée contient un brin parental et un brin fils.
- B. Dans l'ADN, la séquence d'un brin peut être déduite de la séquence du brin complémentaire

Question 7 : Les brins de la double hélice étant antiparallèles, la séquence d'un brin d'ADN est lue dans le sens 5'-3' et celle de l'autre brin est lue dans le sens 3'-5'.

Vrai

Faux

Question 8 : Un chromosome humain est formé d'ADN associé à des protéines.

Vrai

Faux

Question 9 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

- A. Dans l'ARN, le pentose possède un groupement hydroxyle qui peut former des liaisons hydrogène variées.
- B. Le groupement 3'-OH du ribose est impliqué dans la formation de la structure secondaire des différents sous-types d'ARN.
- C. Une molécule d'ARN étant constituée d'un seul brin d'ARN, les bases qui la constituent ne sont jamais impliquées dans la formation de paires de bases complémentaires



Question 10 : Choisissez l'affirmation exacte.

- A. L'ADN est le support biochimique de l'hérédité
- B.L'ADN est une double hélice, formée de deux brins complémentaires de désoxyribonucléotides
- C. Les protéines formant les chromosomes forment un message génétique
- D. L'ARN est formé d'un unique brin de ribonucléotides
- E. Un désoxyribonucléotide contient un groupe phosphate, du ribose et une base azotée variable
- F. Le choix d'une base pour former un ribonucléotide se fait entre adénine, guanine, thymine et cytosine

Correction :

Question 1 : Un nucléoside comprend :

- A. Un nucléotide (faux un nucléoside devient un nucléotide grace à l'ajout du groupe phosphate)
- B. Un groupe phosphate (cf A)
- C. Un pentose**

Question 2 : Les nucléotides constituant l'ARN ne diffèrent de ceux constituant l'ADN que par le remplacement de la thymine par l'uracile

Vrai

Faux

On se souvient qu'on retrouve 2 différences majeurs !

1. La différence au niveau des bases azotées
2. La présence ou l'absence d'oxygène au niveau du carbone 2' du pentose

Question 3 : La désoxycytidine correspond à un nucléoside retrouvé dans l'ARN

Vrai

Faux

Là c'était le tableau, mais souvenez vous dès que vous voyez désoxy c'est obligatoirement de l'ADN.

Question 4 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

- A. L'enchainement variable des bases des nucléotides qui constituent les acides nucléiques forme un message.**
- B. La polarité d'un brin d'ADN est définie par ses extrémités 5'-OH libre et 3'-phosphate libre.**

Attention c'est 5'-phosphate et 3'-OH.



Question 5 : D'après le diamètre de la double hélice d'ADN, les paires de bases ne peuvent correspondre qu'à l'association d'une purine et d'une pyrimidine.

Vrai

Faux

Ouiiiii on l'a vu avec la règle de Erwin Chargaff (non pas notre commandant Erwin Smith malheureusement) et Watson et Crick page 9.

Question 6 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

A. La réplication de l'ADN est dite semi-conservative car chaque molécule d'ADN formée contient un brin parental et un brin fils.

B. Dans l'ADN, la séquence d'un brin peut être déduite de la séquence du brin complémentaire

Question 7 : Les brins de la double hélice étant antiparallèles, la séquence d'un brin d'ADN est lue dans le sens 5'-3' et celle de l'autre brin est lue dans le sens 3'-5'.

Vrai

Faux

Okay, alors je sais, on a dit que les deux brins d'ADN sont lus dans des sens opposés. Mais en fait, on lit toujours un brin dans le sens 5' vers 3'.

Comme les brins sont antiparallèles, ça veut juste dire qu'on lit chacun dans le sens 5'-3', mais dans des directions opposées sur la molécule.

Question 8 : Un chromosome humain est formé d'ADN associé à des protéines.

Vrai

Faux

On retient les amis !



Question 9 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

A. Dans l'ARN, le pentose possède un groupement hydroxyle qui peut former des liaisons hydrogène variées.

B. Le groupement 3'-OH du ribose est impliqué dans la formation de la structure secondaire des différents sous-types d'ARN.

C. Une molécule d'ARN étant constituée d'un seul brin d'ARN, les bases qui la constituent ne sont jamais impliquées dans la formation de paires de bases complémentaires

Question 10 : Choisissez l'affirmation exacte.

A. L'ADN est le support biochimique de l'hérédité

B. L'ADN est une double hélice, formée de deux brins complémentaires de déoxyribonucléotides

C. Les protéines formant les chromosomes forment un message génétique (C'est l'ADN)

D. L'ARN est formé d'un unique brin de ribonucléotides

E. Un déoxyribonucléotide contient un groupe phosphate, du ribose et une base azotée variable

F. Le choix d'une base pour former un ribonucléotide se fait entre adénine, guanine, thymine et cytosine



Bravo vous êtes les meilleurs !

N'oubliez pas de bien manger et dormir, l'hygiène de vie est super importante.

Prenez fréquemment des petites pauses si vous avez du mal à vous concentrer au début.

Petit tips pour mieux retenir, essayez de comprendre avant d'apprendre. Je l'ai déjà dit mais je trouve que ça fait la différence.

Ne négligez aucune UE elles ont toutes leur importance et s'il vous plait faites tous les qcm que vous pouvez et faites les même plusieurs fois.

Comme dit un grand homme, la répétition est la clé de la réussite (coucou l'anat du s2).

J'espère que vous allez apprécié mes fiches, si vous avez des suggestions ou que vous remarquez des erreur faites le moi savoir sur messenger : Maïssa Majdi

Petites dédicaces :

J'attendais ce moment depuis longtemps et maintenant que ça arrive je ne sais plus quoi dire 😭

Dédi à ma famille, mes ami(e)s qui ont été trop mimi

Dédi au tut et nos magnifique teeshirt et à la P2 dentaire

Dédi à tous les P1 présents à la tut'entrée 😊

