

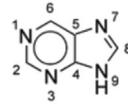
Chapitre I

Structure des acides nucléiques

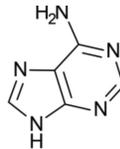
I. Nucléotides

■ Les bases azotées

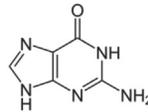
- Purines
= Imidazopyrimidines



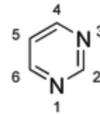
- Adénine (A)**
6-aminopurine
1,6-dihydro-6-iminopurine



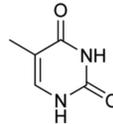
- Guanine (G)**
2-amino-6-oxypurine



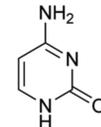
- Pyrimidines



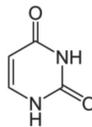
- Thymine (T)**
5-méthyl-2,4-dioxyypyrimidine



- Cytosine (C)**
4-amino-2-oxypyrimidine

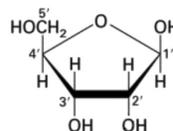


- Uracile (U)**
2,4-dioxyypyrimidine

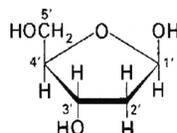


■ Les Pentoses

Ribose



Désoxyribose

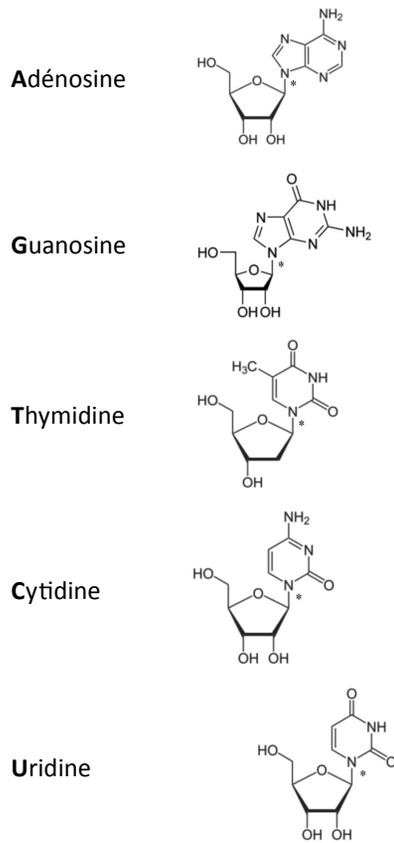




■ **Nucléosides**

- liaison N-bêta-glycosidique entre une base azotée et un pentose
- suffixes pour
 - les purines : « -osine »
 - les pyrimidines : « -idine »

BASES	RIBONUCLÉOSIDES	DÉSOXYRIBONUCLÉOSIDES
ADÉNINE	Adénosine	Déoxyadénosine
GUANINE	Guanosine	Déoxyguanosine
CYTOSINE	Cytidine	Déoxycytidine
THYMINE	Thymidine (rare)	Déoxythymidine
URACILE	Uridine	-



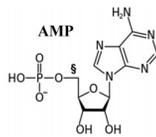
* Liaison N-bêta-glycosidique

■ Nucléotides

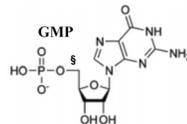
- liaison ester phosphorique entre un phosphate et un nucléoside
- suffixes pour
 - les purines : « -ylique »
 - les pyrimidines : « -idylique »

NUCLÉOTIDES	RIBONUCLÉOTIDES	DÉSOXYRIBONUCLÉOTIDES
ADÉNOSINE	Acide A dénylique AMP	Acide D ésoxy a dénylique dAMP
GUANOSINE	Acide G uanylique GMP	Acide D ésoxy g uanylique dGMP
CYTIDINE	Acide C ytidylique CMP	Acide D ésoxy c ytidylique dCMP
THYMIDINE	Acide Thymidylique TMP (rare)	Acide D ésoxy t hymidylique dTMP
URIDINE	Acide U ridylique UMP	-

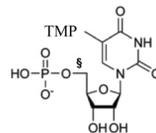
Adénosine MonoPhosphate



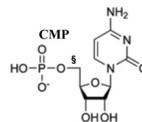
Guanosine MonoPhosphate



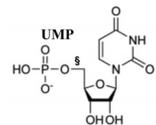
Thymidine MonoPhosphate



Cytidine MonoPhosphate



Uridine MonoPhosphate



§ Liaison ester phosphorique

II. ADN - Acide DésoxyriboNucléique

- **ADN** = Polymère de **désoxyribonucléotides (ATGC)**

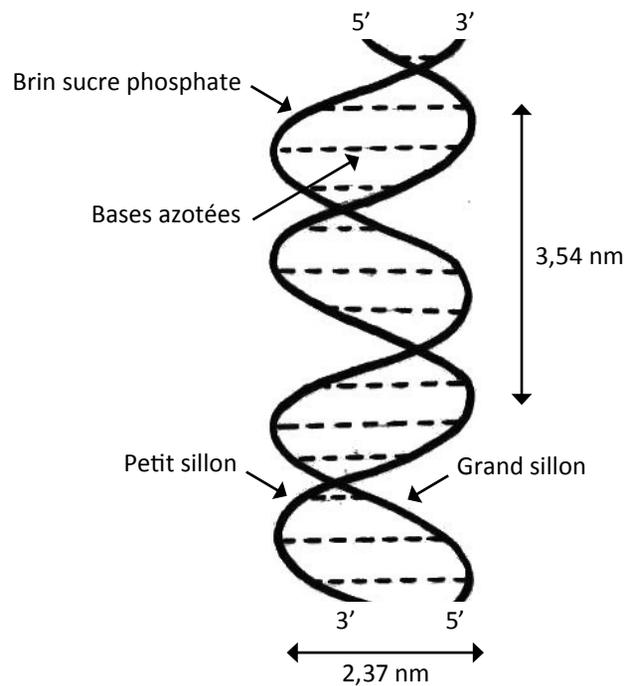
- **Propriétés** de l'ADN
 - Réplication
 - Stockage
 - Expression
 - Mutation

- Quantité de bases dans l'ADN selon les observations de **Chargaff**
 - **Adénine = Thymine** et **Guanine = Cytosine**
 - **A + G (purines) = C + T (pyrimidines)**
 - **C + G ≠ A + T**

- **Caractéristiques** de la forme B de l'ADN selon le modèle de **Watson et Crick** en 1953 :
 - Enroulement de 2 longues chaînes autour d'un axe = **double hélice droite**
 - Les 2 chaînes sont **antiparallèles**
 - une dans le sens $C-5' \rightarrow C-3'$
 - l'autre dans le sens $C-3' \leftarrow C-5'$
 - Les bases azotées des 2 chaînes sont **horizontales, perpendiculaires** à l'axe central et **empilées** les unes sur les autres avec un écart de 0,33 nm
 - Les bases azotées des 2 chaînes sont **appariées** les unes aux autres par des liaisons hydrogènes **A/T** et **C/G**
 - Un tour complet d'hélice fait **3,54 nm** de long et contient **10 bases** par chaîne
 - Alternance le long de l'axe de **grands** et de **petits sillons**
 - Le diamètre de la double hélice est de **2,37 nm**

- **Isoformes d'ADN**
 - **ADN-A** = forme spécifique à la transcription
 - **ADN-B** = forme commune
 - **ADN-Z** = forme d'interaction avec les protéines régulatrices

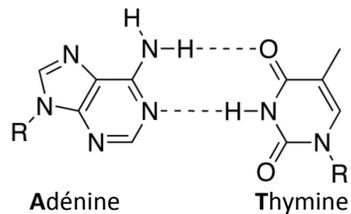
ADN	A	B	Z
Sens de l'hélice	droite	droite	gauche
Rotation/paire de bases	32,7°	36°	60°
Paires bases/tour	11	10,4	12
Encombrement d'une paire de bases (nm)	0,23	0,33	0,38
Pas d'un tour d'hélice (nm)	2,53	3,54	4,56
Diamètre (nm)	2,55	2,37	1,84



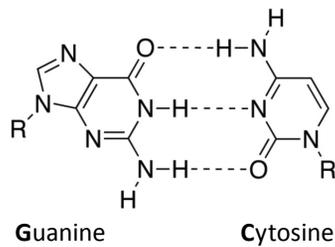
ADN-B

■ Complémentarité des bases dans la double hélice

AT : 2 liaisons hydrogène (=)



CG : 3 liaisons hydrogène (≡)



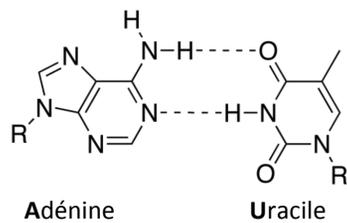
- **Propriétés physiques** liées à la structure de l'ADN et applications
 - **Absorption** des ultra-violetts entre 254 et 260 nm = dosage des acides nucléiques par spectrophotométrie d'absorption
 - **Sédimentation** = séparation des acides nucléiques selon leurs poids moléculaires dans un gradient de concentration
 - **Svedberg (S)** : unité de sédimentation de macromolécules : vitesse (m/s) sur accélération (m/s^2)
 - **1S** = 10^{-13} seconde
 - **Dénaturation** = séparation des 2 brins par rupture des liaisons hydrogène sous l'effet de la chaleur ou d'un agent chimique
 - **Hyperchromicité** : augmentation de l'absorption des UV par l'ADN dénaturé
 - **Température de fusion** : température où 50 % de l'ADN est dénaturé
 - **Hybridation moléculaire** = appariement d'une molécule d'ADN simple brin à un brin issu d'une autre molécule
 - **Blotting** : l'ADN sonde la présence d'acides nucléiques sur une membrane
 - **FISH : Fluorescent In Situ Hybridization** ou sondage d'acide nucléique dans un tissu avec un acide nucléique complémentaire et fluorescent
 - **Vitesse de réassociation** d'un simple brin d'ADN avec son complémentaire
 - **Temps de ½ réaction** : appariement de la moitié de l'ADN simple brin
 - Technique ayant permis de découvrir une quantité importante de **séquences répétées identiques** au sein du génome
 - **Électrophorèse** = séparation des acides nucléiques dans un champ électrique
 - Séparation selon le nombre de paires de bases indépendamment de la charge électrique, négative pour les acides nucléiques
 - Utilisation d'un « tamis moléculaire » : gel de polyacrylamide ou d'agarose

III. ARN - Acide RiboNucléique

- **ARN** = Polymères de **ribonucléotides (AUGC)**
- Molécule généralement **simple brin**

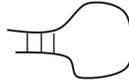
- **Changement d'une base azotée**
 - **Thymine** de l'ADN est remplacée par l'**Uracile** dans l'ARN
 - ATGC de l'ADN devient AUGC en ARN

- **Complémentarité des bases ADN/ARN**
 - **CG** et **GC** : 3 liaisons hydrogènes (≡)
 - **TA** et **AU** : 2 liaisons hydrogènes (=)



- **Repliement de l'ARN**
 - Courtes régions complémentaires formant des hélices
 - Exclusions de région simple brin sous forme de :

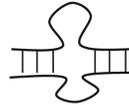
- Épingle à cheveux



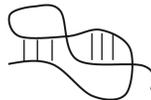
- Hernie



- Boucle



- Pseudo-nœud



- **Structures tertiaires complexes de l'ARN**
 - Tétraboucle **UUCG** = empilement de paires de bases
 - Triplet de bases **UAU**
- **Ribozyme** = ARN-Enzyme
 - Synthèse des **ARNt** = Ribonucléase P
 - Épissage des **ARNm** = élimination des introns
 - Ribosome = synthèse de la liaison peptidique