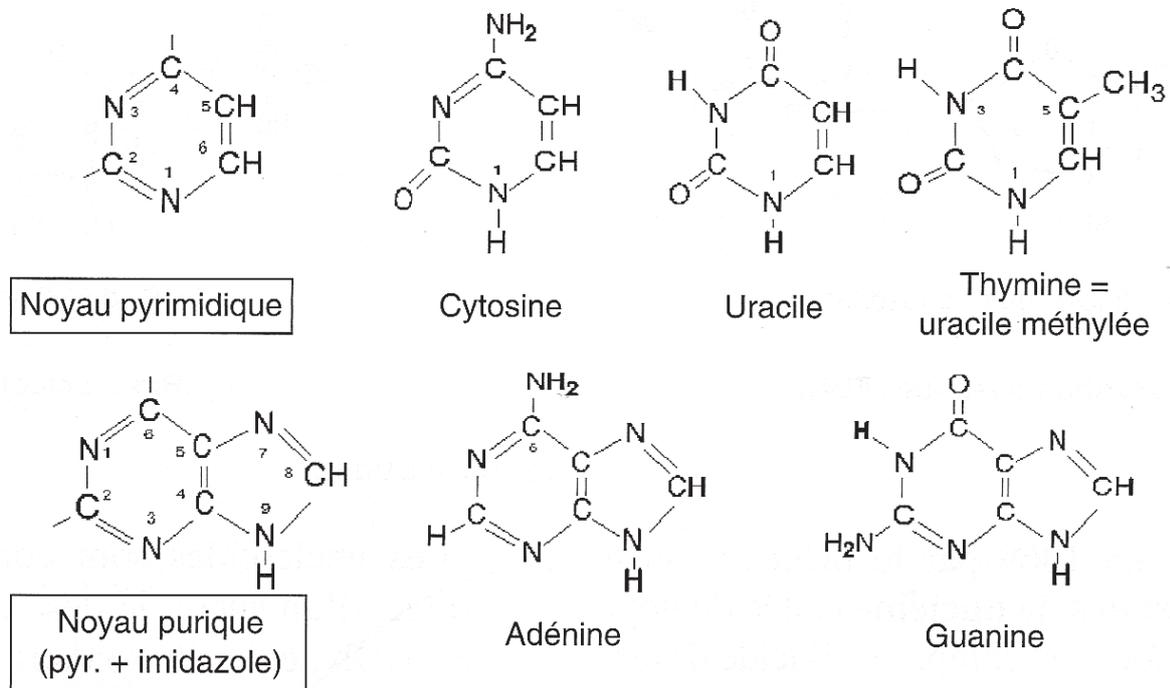


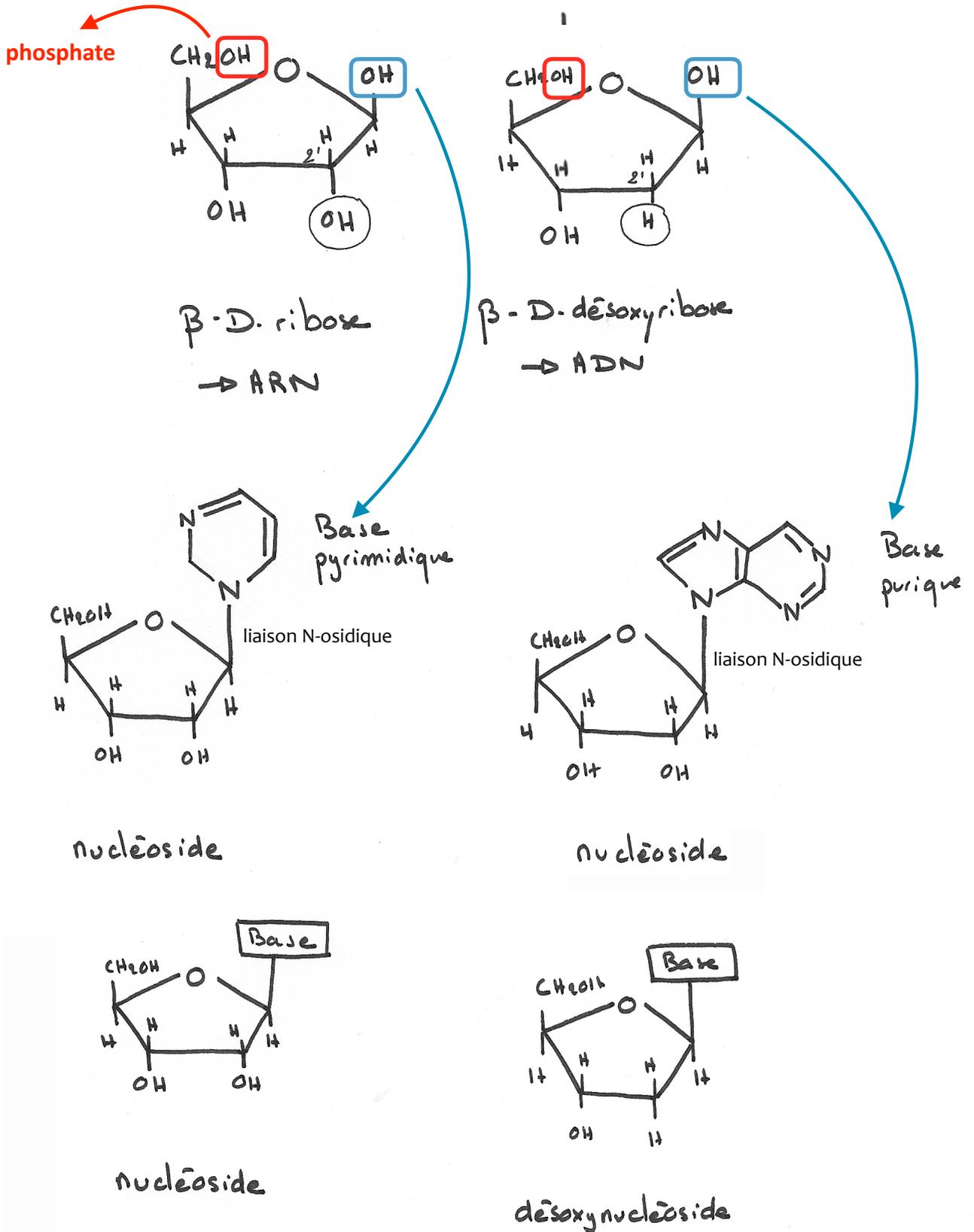
**Figure 1 : les 5 bases azotées****Figure 2 : propriétés des bases**

Propriété	Conséquences
Bases faibles	
Riches en doubles liaisons	
Formation liaisons H entre bases complémentaires	
Groupements donneurs ou accepteurs d'H	
Bases hydrophobes	

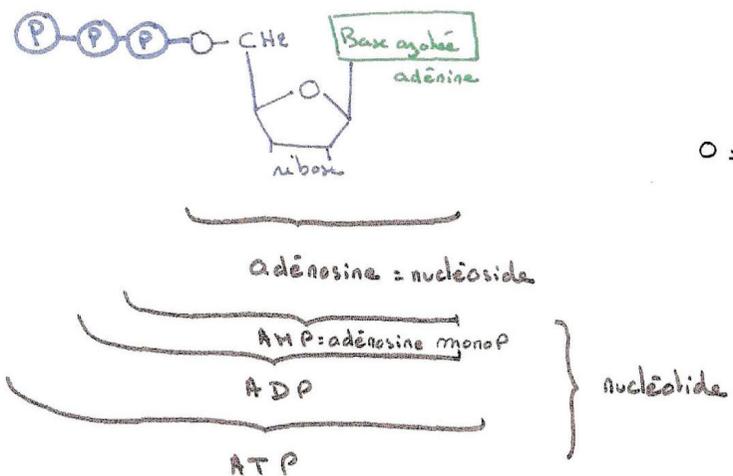
**Figure 3 : formation des nucléosides**

Deux pentoses possibles :

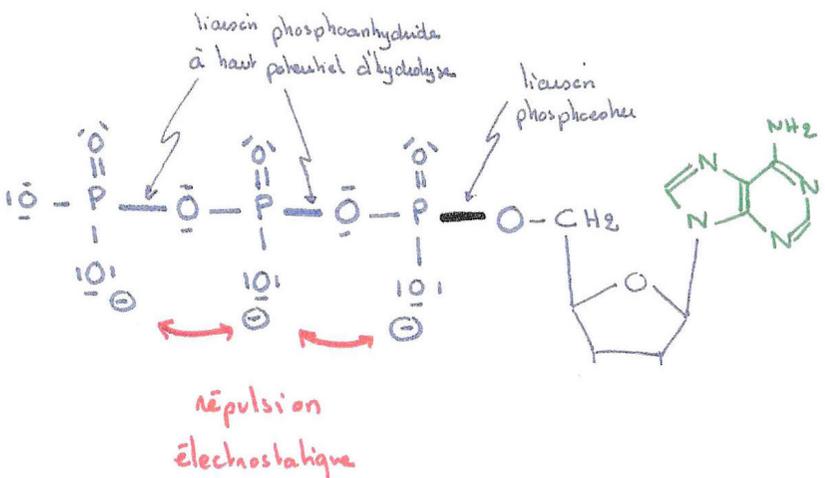
- **ribose** : on obtient un **ribonucléoside**( $\rightarrow$  ARN) : avec A, G, C et U
- **désoxyribose** : on obtient un **désoxyribonucléoside**( $\rightarrow$  ADN) avec A, G, C et T



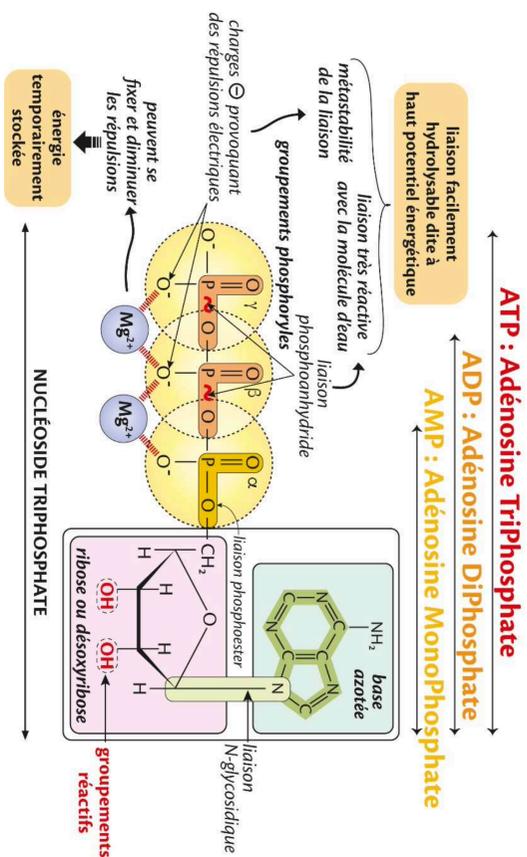
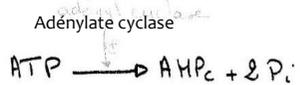
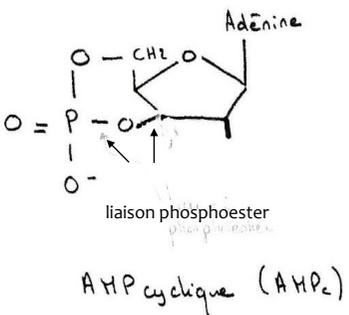




ATP (simplifié) : un nucléoside triphosphate

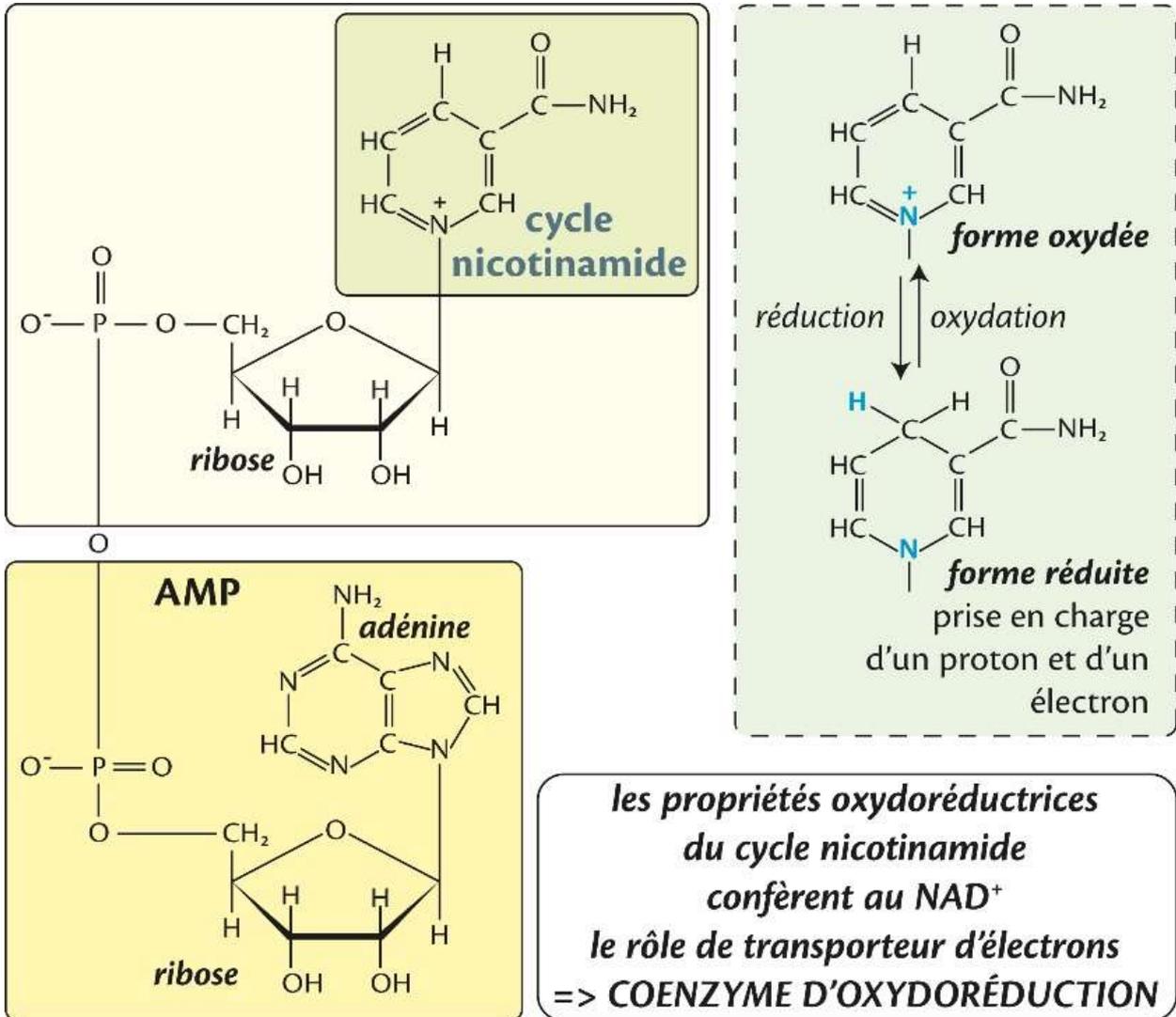


Structure chimique de l'adénosine triphosphate

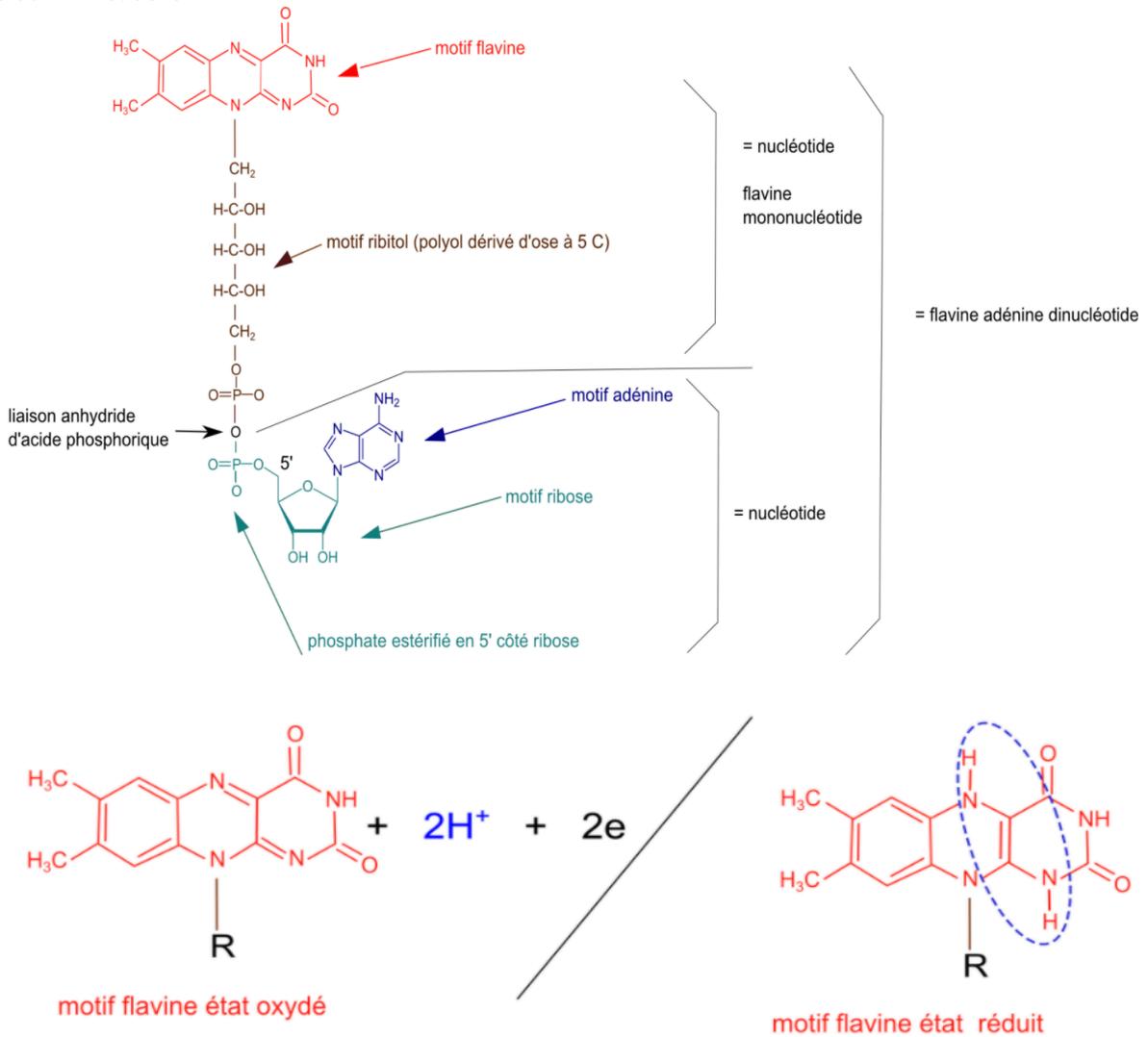


**Figure 5 : ATP et AMPc**  
(d'après A. Denis)

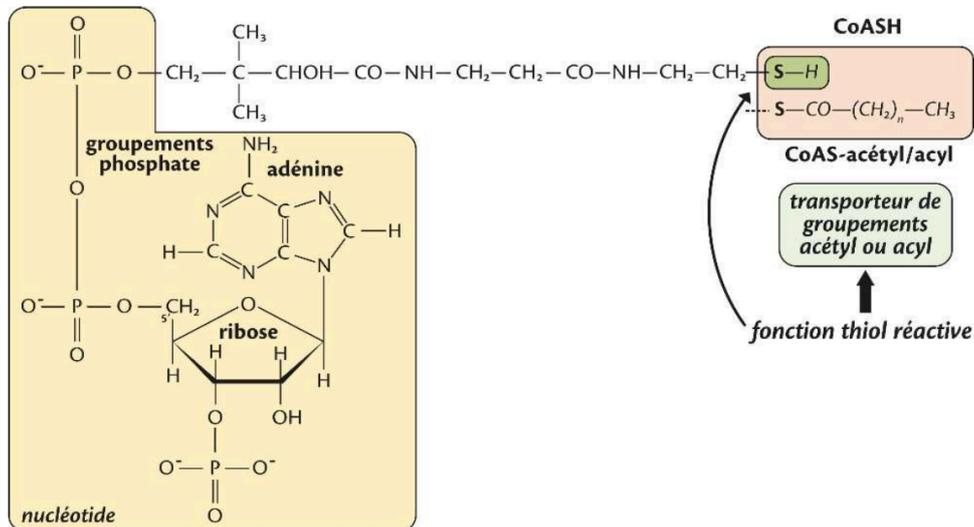
**Figure 6 : NAD<sup>+</sup>/NADH , un coEnzyme d'oxydoreduction**  
(d'après A. Denis)



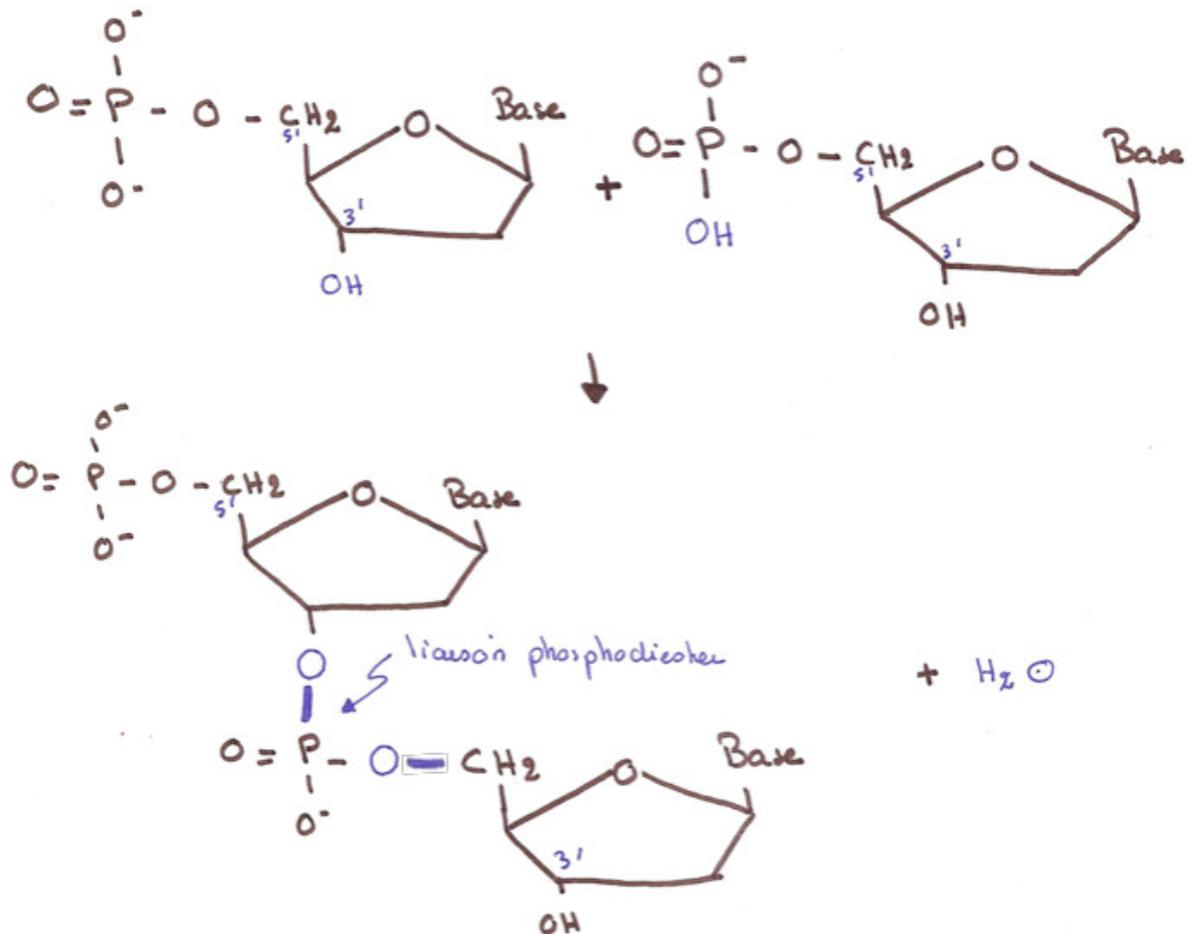
**Figure 7 : FAD/FADH<sub>2</sub>, un coEnzyme d'oxydoreduction**  
 d'après [http://www.perrin33.com/enzym/autres/cofacteursorg\\_2.php](http://www.perrin33.com/enzym/autres/cofacteursorg_2.php)



**Figure 8 : le CoEnzyme A, un transporteur de groupement acyl**  
 (d'après A. Denis)



**Figure 9 : formation d'une liaison phosphodiester :  
condensation avec élimination d'une molécule d'eau (à savoir)**

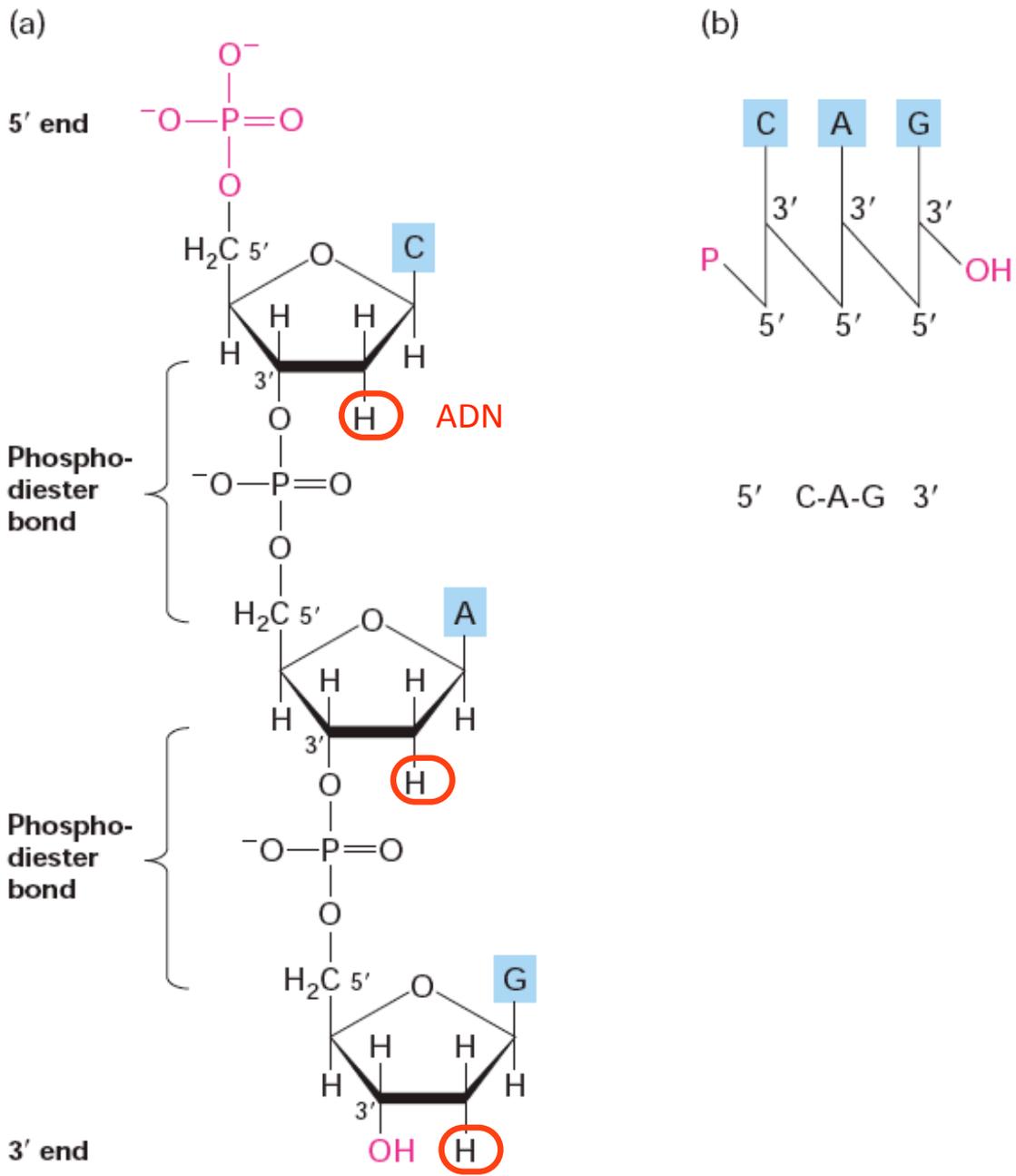


Taille exprimée selon 3 unités :

- (la longueur)
- la masse moléculaire en **Daltons** : 1 paire de bases = environ 600 daltons
- le **nombre** de nt ou de leurs **bases** pour les molécules simple brin ou de paires de bases quand la molécule est constituée de 2 brins. Le multiple le plus courant est le **kilobase kb** (= 1000 pb ou b).

ADN	ARN
<p>Selon règnes et espèces : de 5000 à plus de 100 millions de paires de bases (pb ou bp) :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- masse moyenne d'une bp = 600 Da</li> <li>- 1 mm = 3 000 bp = 2 · 10<sup>6</sup> Da (2m dans une cellule humaine !!!)</li> </ul>	<p>Nombre de nt allant de plusieurs dizaines à plusieurs milliers :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- ARNr : une centaine à 5 000</li> <li>- ARNt : 75-90</li> <li>- ARNm : en fonction du gène codant</li> </ul>

**Figure 10 : polymérisation de nucléotides (ADN ici)  
(in Lodish)**



**Figure 11 : découverte de la structure en double hélice**(d'après [www.futura-sciences.com](http://www.futura-sciences.com))

Après la guerre, Rosalind Franklin se rend en France grâce à une réfugiée nommée Adrienne Weill, ancienne étudiante de l'université Pierre et Marie Curie, qu'elle avait rencontrée à Cambridge. En 1947, elle a l'opportunité d'entrer au Laboratoire central des services chimiques, à Paris, où elle se forme à la cristallographie aux rayons X, aussi appelé diffractométrie aux rayons X, aux côtés de Jacques Mering, spécialiste du domaine. Elle se sert de ces nouvelles connaissances pour poursuivre ses recherches sur le charbon, notamment sur le passage du charbon au graphite.

De retour à Londres, Rosalind Franklin intègre le King's College en 1951. Affectée au département de biophysique, elle met à profit son expertise en cristallographie aux rayons X pour étudier l'ADN. Elle vient alors prêter main forte à Maurice Wilkins et Raymond Gosling, un doctorant, qui avaient déjà effectué des travaux de diffracton sur cette molécule, en améliorant considérablement la technique utilisée. Mais des tensions s'installent entre Franklin et Wilkins...

Dans ce contexte, Rosalind Franklin et Raymond Gosling découvrent les deux conformations de la molécule d'ADN, qu'elle nommera A et B. Les deux chercheurs réalisent également de superbes clichés de l'ADN par diffractométrie aux rayons X, qui permettront d'identifier la structure à double hélice. Ainsi, en 1953, Rosalind Franklin arrive à la conclusion que les deux conformations de l'ADN présentent une telle structure et commence à les décrire dans des articles scientifiques.

Au King's College, Maurice Wilkins poursuit ses recherches sur l'ADN B en parallèle des travaux de Rosalind Franklin, de même que James Watson et Francis Crick à l'université de Cambridge. Ces derniers s'appuient largement sur les découvertes effectuées par Rosalind Franklin et Maurice Wilkins pour construire un modèle moléculaire de l'ADN.

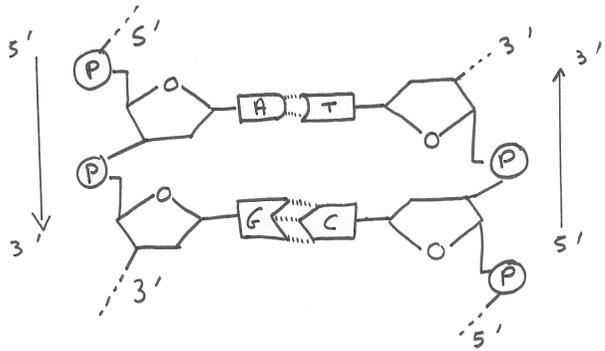
En mars 1953, Rosalind Franklin quitte le King's College pour le Birkbeck College. Ses travaux sur l'ADN sont alors aboutis, mais ils doivent rester au King's College, sur ordre du directeur. De leur côté, James Watson et Francis Crick publient leur modèle dans Nature en avril 1953. Les travaux antérieurs de Rosalind Franklin et Maurice Wilkins ne seront publiés que plus tard, comme en soutien au modèle de Crick et Watson.

Par un concours de circonstances, Rosalind Franklin sera ainsi écartée de la découverte de la structure à double hélice de l'ADN. Les tensions avec les autres chercheurs, d'une part, et sa position sceptique et prudente envers le modèle proposé par Crick et Watson, sont un début d'explication. Maurice Wilkins, James Watson et Francis Crick ont quant à eux accepté de collaborer. Il apparaît aussi que les travaux de Rosalind Franklin ont été utilisés à son insu après son départ du King's College.

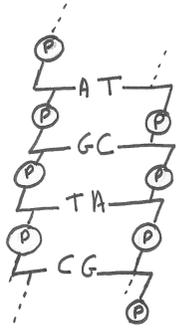
Au Birkbeck College, Rosalind Franklin entame des recherches sur l'ARN et sur les virus. Elle étudie notamment le virus de la mosaïque du tabac, toujours par diffractométrie aux rayons X. Elle découvre notamment que tous les virus de ce type ont la même longueur et qu'ils possèdent un unique brin. Par la suite, elle travaille également sur le virus de la mosaïque du concombre, le virus de la mosaïque jaune du navet, puis s'intéresse aux virus affectant les animaux et commence à étudier la structure des poliovirus (voir ses publications).

Dès 1956, la santé de Rosalind Franklin se dégrade en raison d'un cancer de l'ovaire. Après plusieurs traitements, elle décède finalement le 16 avril 1958 à Chelsea, à Londres, à seulement 38 ans.

**En 1962, ses collègues James Watson, Francis Crick et Maurice Wilkins obtiennent le prix Nobel pour la découverte de la structure à double hélice de l'ADN.** Rosalind Franklin, malgré son rôle primordial, ne sera malheureusement pas récompensée. Au-delà des tensions existant entre les chercheurs du vivant de Rosalind Franklin, cet « oublié » vient aussi du fait que le prix Nobel ne peut être attribué à titre posthume.

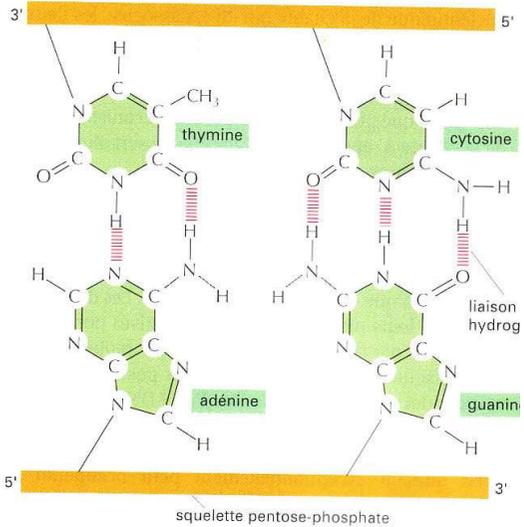


Représentation schématisée des deux brins d'ADN en plan



Schématisme

LES QUATRE BASES DE L'ADN ET LEUR APPARIEMENT



1 pas = 3,4 nm

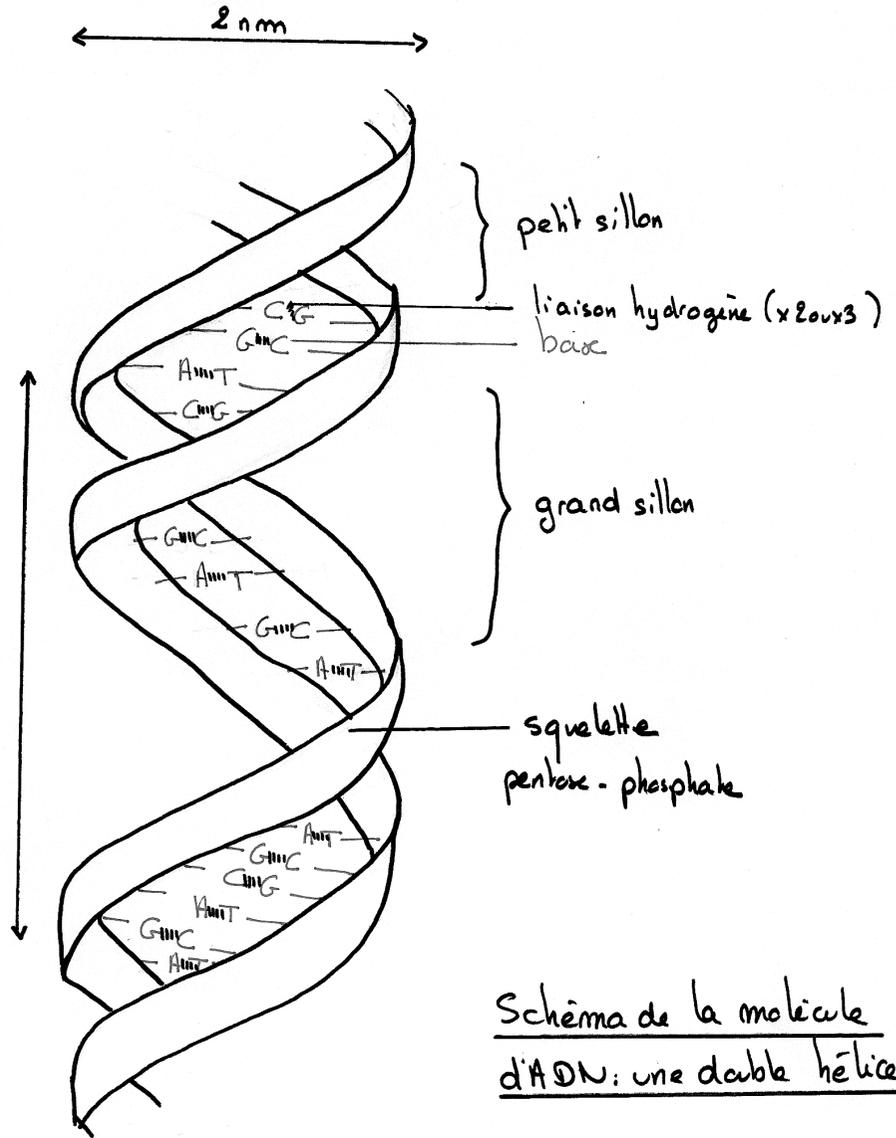
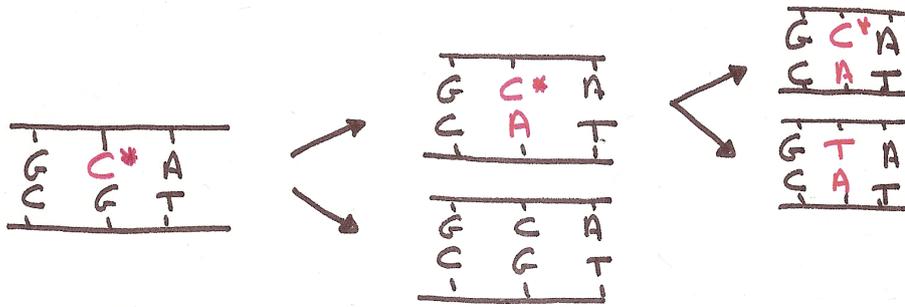
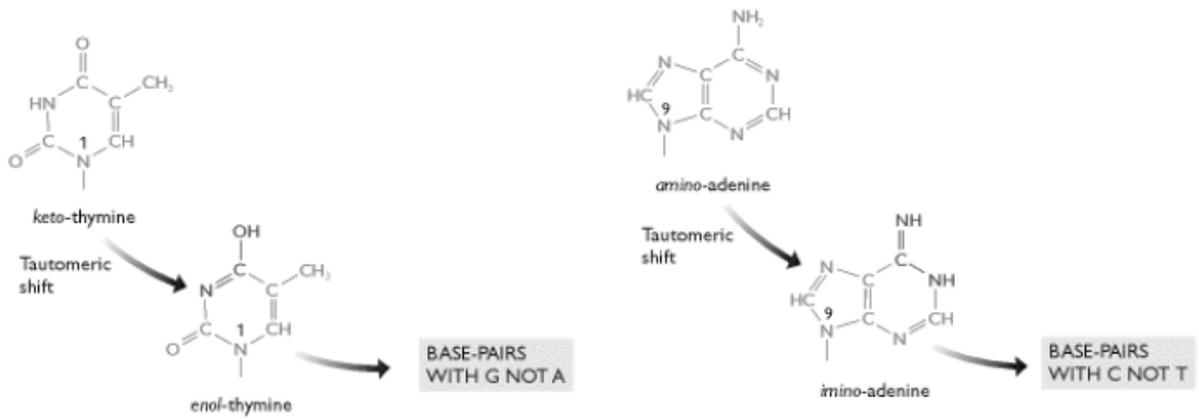


Schéma de la molécule d'ADN: une double hélice.

Figure 12 : structure de la molécule d'ADN

**Figure 13 : formation d'un mutation ponctuelle par tautomérie de base**



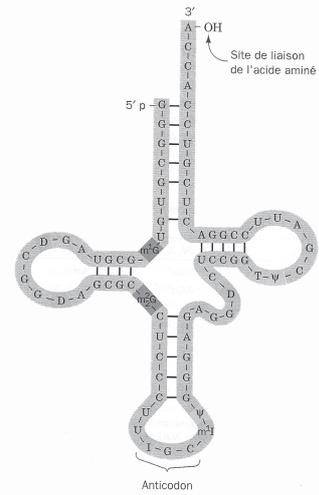
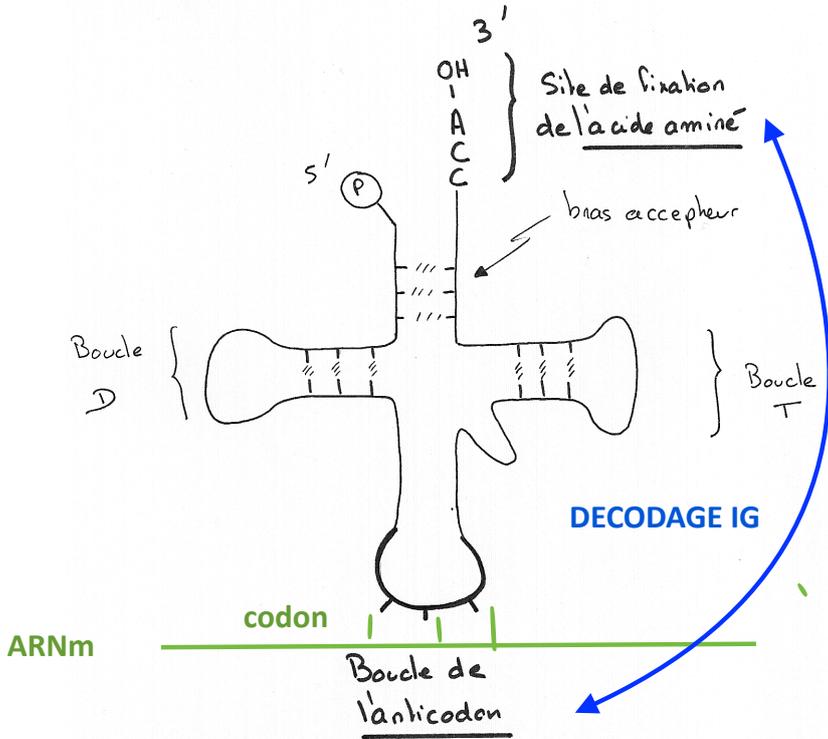
Mutation liée à l'apparition d'une forme tautomère (C imine)

**Figure 14 : caractéristiques des 3 ARN**

	ARNr	ARNt	ARNm
Localisation cellulaire	Intégrés dans le ribosome dans le cytoplasme	Cytoplasme	Cytoplasme
Abondance (% des ARN cytoplasmiques totaux)	71 %	15 %	5 %
Taille	Les plus grands	petits (75-95 nt)	variables
Structure	Tige-boucle → structure III complexe	Tige-boucle → trèfle	linéaire
Stabilité	Stables	Stables	Instables (qq min à qq h)

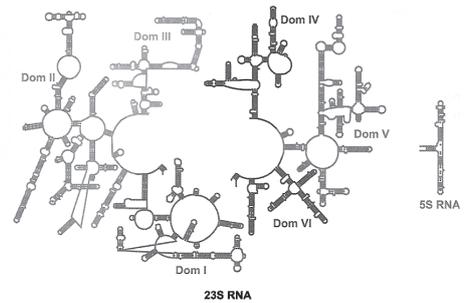
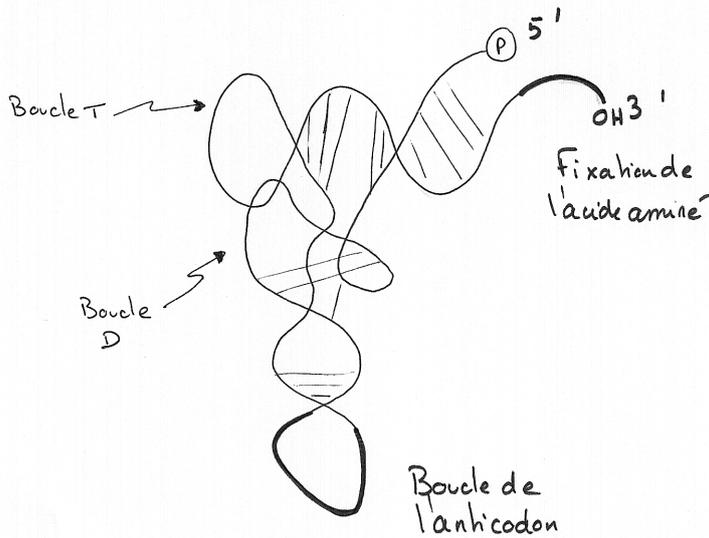
**Figure 15 : structure secondaire des ARNt et ARNr (importance des structures tige-boucle) et tertiaire**

Structure secondaire d'un ARNt



La séquence des bases de l'ARN<sup>Phe</sup> de levure selon la représentation en feuille de trèfle. Les symboles des nucléosides modifiés (en couleur) sont expliqués dans la Fig. 32-10.

Structure tertiaire d'un ARNt



Structure 2D en feuille de trèfle et 3D d'un ARNt (in Voet et Voet, De Boeck, 2005)

Structure 2D et 3D de l'ARNr 23s (in Voet et Voet, De Boeck, 2005)

**Figure 16 : l'ARN migre du noyau vers le cytoplasme**  
(in Bordas, programme de 1ère S)  
**Expérience à connaître parfaitement et à savoir dessiner!**

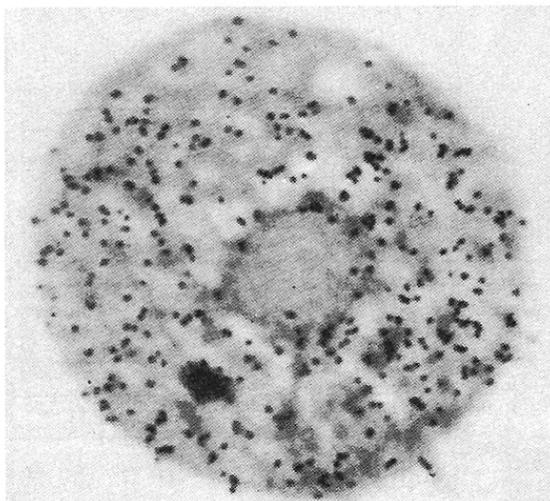
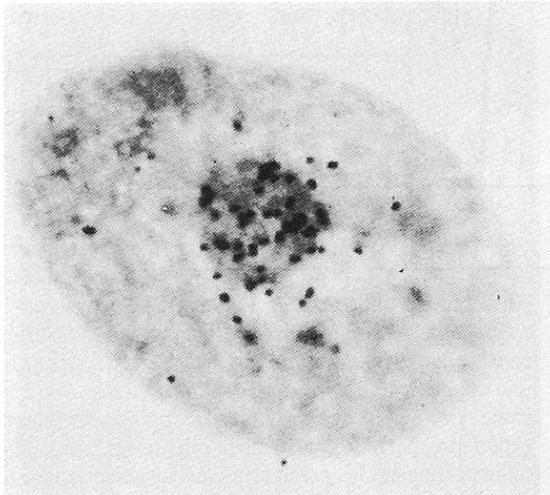
Les deux photographies ci-dessous présentent des autoradiographies\* de cellules qui ont été cultivées en présence d'un précurseur radioactif spécifique de l'ARN. Chaque tache noire repère un endroit où se trouve de l'ARN ayant incorporé le précurseur radioactif :

Le **cliché a** présente l'autoradiographie d'une cellule après 15 minutes de culture sur un milieu contenant le précurseur radioactif de l'ARN.

Le **cliché b** correspond à l'autoradiographie d'une cellule qui a été d'abord cultivée pendant 15 minutes sur un milieu contenant un précurseur radioactif de l'ARN puis pendant une heure et demie sur un milieu contenant des précurseurs non radioactifs de l'ARN.

\*Autoradiographie : technique qui permet de localiser un élément radioactif par mise en contact et impression d'un support photographique

× 6 000



**Représentation schématique de l'expérience :**

**Principe de l'expérience (préciser le précurseur utilisé):**

-----  
-----  
-----  
-----

**Résultats et interprétation :**

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

**Figure 17 : le code génétique et quelques exceptions à son universalité**  
(in Dunod, 2021)

Le langage ARNm est à langage à **4 lettres** qui doit coder un langage protéique à **20 lettres** → il faut **3 nucléotides pour coder un aa.** (2 bases donnent 4<sup>2</sup> possibilités, 3 bases donnent 4<sup>3</sup> possibilités = 64 possibilités).

**Le code génétique :**

Il existe 64 codons possibles pour 20 acides aminés, donc :

- certains codons ne spécifient pas d'aa. : UAA, UAG, UGA : **codons stop** qui spécifient la fin de la protéine
- le code n'est **pas ambigu** : 1 codon → 1 aa et un seul
- le code est **dégénéré** : 1 aa peut être codé par plusieurs codons
- le code est **non chevauchant** : il n'y a pas de recouvrement entre 2 codons successifs

Le code génétique est **universel**, sauf exception :

- mitochondries : UGA → TRP et non STOP
- paramécie (et ciliés en général) : STOP supplémentaires
- archées (Procaryotes) : 22 aa

(a)

		DEUXIÈME LETTRE								
		U		C		A		G		
PREMIÈRE LETTRE	5'									3'
	U	UUU	Phe (G)	UCU	Ser (S)	UAU	Tyr (Y)	UGU	Cys (C)	U
UUC			UCC	UAC			UGC		C	
UUA		Leu (L)	UCA	UAA	Stop	UGA	Stop	A		
UUG			UCG	UAG			UGG	Trp (W)	G	
C	CUU	Leu (L)	CCU	Pro (P)	CAU	His (H)	CGU	Arg (R)	U	
	CUC		CCC		CAC		CGC			C
	CUA	CCA	CAA	Gln (Q)	CGA	Gly (G)	A			
	CUG	CCG	CAG		CGG			G		
A	AUU	Ile (I)	ACU	Thr (T)	AAU	Asn (N)	AGU	Ser (S)	U	
	AUC		ACC		AAC		AGC		C	
	AUA	ACA	AAA	Lys (K)	AGA	Arg (R)	A			
	AUG	ACG	AAG		AGG			G		
G	GUU	Val (V)	GCU	Ala (A)	GAU	Asp (D)	GGU	Gly (G)	U	
	GUC		GCC		GAC		GGC			C
	GUA	GCA	GAA	Glu (E)	GGA	Gly (G)	A			
	GUG	GCG	GAG		GGG			G		

acides aminés apolaires (hydrophobes)
  acides aminés polaires non chargés
  acides aminés polaires anioniques
  acides aminés polaires cationiques

(b)

	Cas général	Cas particulier
<b>Codon UGA</b>	Codon stop	Tryptophane (génom mitochondrial)
<b>Codons CUU, CUA, CUC, CUG</b>	Leucine	Thréonine (génom nucléaire de la levure)
<b>Codon GUG</b>	Valine	Codon initiateur chez des procaryotes

**Tableau 14.2 Le code génétique.**

- (a) Le code génétique « universel » (entre parenthèses, les acides aminés désignés par une unique lettre conventionnelle) ;  
 (b) quelques exceptions à l'universalité du code génétique.

**Figure 18 : structure 3D d'un ribosome procaryote**

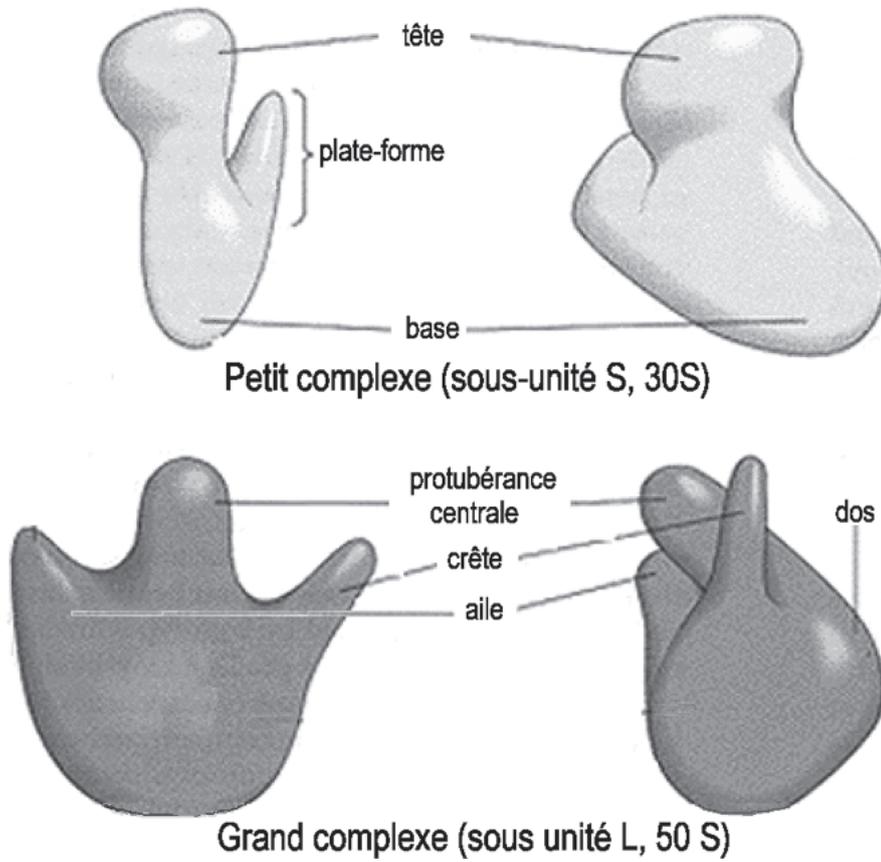


Figure 19 : schéma bilan

