Les noeuds de l'ADN

Autor(en): **[s.n.]**

Objekttyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique**

Band (Jahr): **- (1997)**

Heft 33

PDF erstellt am: **27.05.2024**

Persistenter Link: https://doi.org/10.5169/seals-553923

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.
Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.
Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Ein Dienst der *ETH-Bibliothek*
ETH Zürich, Rämistrasse 101, 8092 Zürich, Schweiz, www.library.ethz.ch

http://www.e-periodica.ch

Les noeuds de l'ADN

L'ADN est plein de noeuds qui se font et se défont rapidement. Grâce à une technique d'observation unique, des chercheurs parviennent à le figer dans l'espace et à étudier ses enchevêtrements. Retombée inattendue: leurs travaux apportent du nouveau au concept de «noeud mathématique».

On prend une corde souple, on y fait un noeud quelconque, puis on réunit les deux bouts: voilà ce qu'on appelle un «noeud» quand on est mathématicien. En 1877 déjà, l'Ecossais Peter Tait et l'Irlandais William Thomson publiaient un véritable catalogue sur le sujet. Les noeuds y sont classés selon le nombre de fois que le fil se croise, et selon le type de croisement: droite sur gauche ou gauche sur droite...

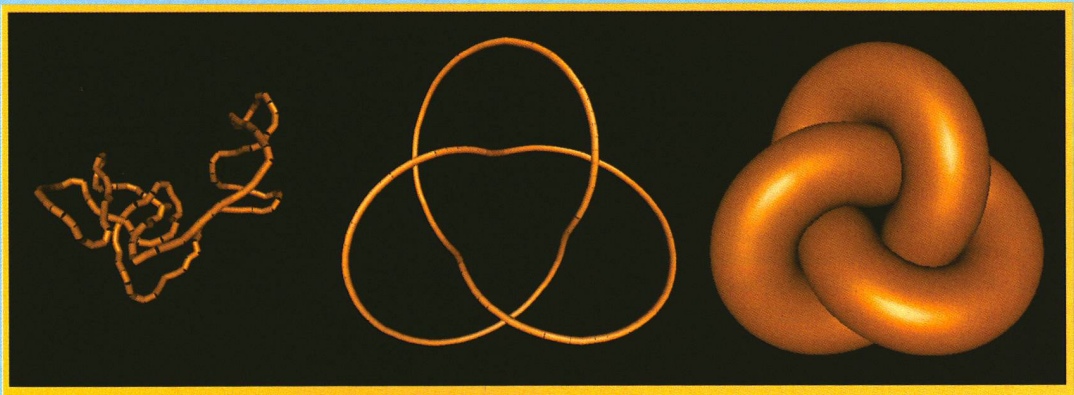
De nos jours, ce classement est toujours utilisé. Ainsi, le noeud appelé «trèfle droit» a reçu le chiffre 3, parce que la corde s'y croise au minimum trois fois. Pour différencier les noeuds qui ont le même nombre de croisements mais des aspects différents, on utilise des indices – par exemple: 6_1, 6_2, 6_3 ...

Or, ce classement pourrait être remplacé par un système plus performant, établi par le Laboratoire d'analyse ultrastructurale de l'Université de Lausanne. La chose surprenante est que cette équipe travaille sur la structure de l'ADN! Le Prof. Jacques Dubochet, qui dirige les recherches, explique cet apparent paradoxe: «On représente souvent l'ADN comme une double hélice bien étirée. Mais la réalité est toute autre: dans les cellules vivantes, l'ADN est sous la forme de très longs filaments complètement enchevêtrés.»

Le chercheur saisit un tube en caoutchouc et le tord dans tous les sens: «Il faut imaginer l'ADN comme un fil extrêmement long et enroulé sur lui-même. Un fil qui n'est pas du tout statique! Il peut former un effroyable sac de noeuds, que des enzymes sont constamment en train de contrôler!»

Parce que l'ADN est extrêmement fin, il faut un microscope électronique pour l'observer. D'ordinaire, cette technique impose de travailler sous vide, et donc sur un matériau complètement sec. C'est pourquoi on observe généralement l'ADN déshydraté. Dans ces conditions, il n'adopte évidemment plus les mêmes contorsions qu'il présente dans le milieu liquide de la cellule ou dans l'eau d'une éprouvette.

UNI Lausanne

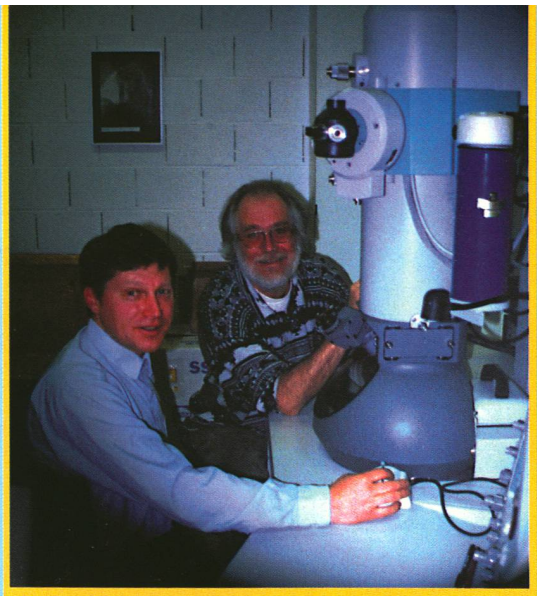


Un ADN circulaire, tel qu'on le trouverait dans une bactérie. De quel noeud mathématique s'agit-il?

Après observation sous tous les angles, le noeud est identifié: c'est un «trèfle droit» (code mathématique: 3_1)

Le noeud est gonflée par l'ordinateur. Le rapport entre la longueur du boudin et son diamètre vaut 16,4 – un nombre propre à ce noeud.

Au début des années 80 déjà, le Prof. Dubochet mettait au point une technique pour *vitrifier* une fine pellicule d'eau, en la congelant très rapidement: le liquide se fige, sans former de cristaux de glace; et les éléments qu'il contient restent en place, comme si on avait arrêté un film de cinéma sur une image fixe. En 1989, il rencontre Andrzej Stasiak, un biologiste de l'Ecole polytechnique fédérale de Zurich qui travaillait depuis plusieurs années sur les tortillons de l'ADN. En utilisant la microscopie électronique, Stasiak avait mis au point une méthode pour déterminer si une molécule d'ADN est simplement repliée sur elle-même, ou si elle forme un noeud. En associant leurs compétences, les deux



UNI Lausanne

Andrzej Stasiak et Jacques Dubochet auprès de leur microscope électronique

hommes apprennent à définir la forme des fils d'ADN dans l'espace. Avec l'aide de scientifiques russes, ils simulent ces trajectoires dans l'ordinateur, ce qui permet de les regarder depuis toutes les directions, de compter les croisements, ainsi que de définir les paramètres qui caractérisent les formes et les noeuds.

La longueur de Stasiak

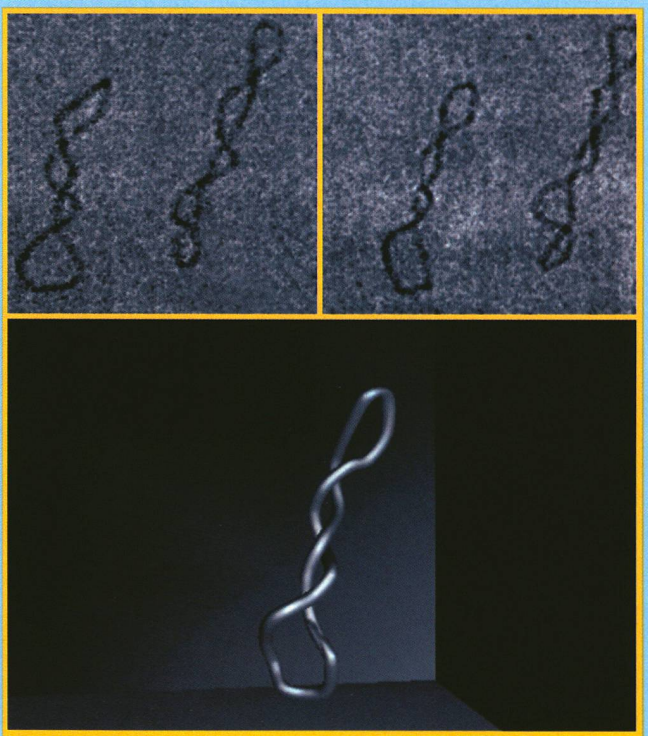
Toujours sur ordinateur, les chercheurs créent des images de nombreux noeuds. Puis ils les tendent au maximum. Plus précisément, ils «gonflent les cordes», ce qui revient à serrer les noeuds. Ils obtiennent ainsi des noeuds idéalisés, formant une masse compacte, avec le moins de vide possible. En mesurant la longueur de corde nécessaire pour former un noeud bien serré d'un type particulier – autrement dit en mesurant le rapport entre la longueur et le diamètre de la corde – ils obtiennent une valeur qui est propre à ce noeud. «J'ai suggéré que l'on appelle cette longueur la distance de Stasiak», déclare aujourd'hui le Prof. Dubochet.

Désormais, le «trèfle droit» répond au nom plus scientifique de «16,4» – c'est sa *longueur de Stasiak*. Mais quelle relation avec l'ADN?

La communauté scientifique sait depuis une dizaine d'années qu'il existe des enzymes capables de faire ou de défaire les noeuds dans l'ADN. On en trouve dans toutes les cellules vivantes. Mais comment ces enzymes font-ils pour savoir qu'ils simplifient un noeud, plutôt que de le compliquer? «Ces enzymes savent décroiser les fils d'ADN», explique le Prof. Dubochet. «Peut-être sont-ils capables de sentir la tension du noeud? et donc de sentir si un changement de croisement modifie la longueur de Stasiak? Aucun mécanisme moléculaire allant dans ce sens n'a été décrit jusqu'à présent. Mais c'est une affaire à suivre!»

Les chercheurs ont ensuite démontré qu'un vrai noeud de l'ADN se comporte dans certain cas comme un noeud idéal simulé sur l'ordinateur. Pour ce faire, ils ont étudié le mouvement de différents noeuds d'ADN soumis à une *électrophorèse*. Cette technique classique de laboratoire consiste à placer des molécules d'ADN à l'extrémité d'un gel d'agarose (un ruban qui a la consistance de la gélatine), puis à les faire migrer vers l'autre extrémité au moyen d'un champ électrique. De la sorte, on a pu constater que la vitesse de migration augmente avec la complexité du noeud.

Les noeuds complexes étant plus compacts, on pouvait imaginer qu'ils avancent plus vite. La surprise vient de ce qu'il existe une relation linéaire entre la vitesse de migration et la distance de Stasiak. «C'est une loi générale d'une simplicité stupéfiante!» s'exclame Jacques Dubochet. «Elle démontre que les noeuds idéalisés de l'ordinateur correspondent à une réalité physique.»



UNI Lausanne

Reconstitution

En haut: vus sous deux angles différents, deux ADN circulaires, figés dans leur position naturelle et dans leur élément: l'eau. Pour réussir cette observation, la pellicule d'eau qui contient les ADN a été congelée très rapidement: l'eau s'est vitrifiée sans former de cristaux de glace. L'observation est réalisée ensuite à l'aide d'un microscope électronique.

En bas: après analyse par un programme informatique, les différentes images prises au microscope électronique permettent d'engendrer une vue synthétique des ADN (ici, seul celui de gauche est reconstitué). Il est alors possible de les étudier en tant que «tortillons mathématiques».