

**Université Mohammed V**  
**Faculté des Sciences**  
**Département de Biologie**  
**Laboratoire de Biologie des pathologies Humaines**  
**Rabat**

## **TD de Biochimie - Acides nucléiques**

SVI - S3 - Module de Biochimie structurale (M15)

Année universitaire 2019-2020

Pr : Fouzia BENHSAIN

**I** - Quelle est, en mg/l, la concentration d'une solution de cytosine d'absorption 0,64

Données :

Coefficient d'absorption molaire de la cytosine  $\epsilon = 7500 \text{ M}^{-1} \cdot \text{cm}^{-1}$

Trajet optique = 1,5 cm

PM de la cytosine = 111

**II** -Le chromosome d'Escherichia coli a une masse molaire de  $2,5 \cdot 10^9$ .

**1)** Calculer le nombre de paire de bases, la longueur et le nombre de tours d'hélice de cette molécule d'ADN .

**2)** Si 80% du chromosome code pour les protéines, combien de protéines d'une masse molaire moyenne de 60 000 pourront être théoriquement synthétisées?

Données :

Masse molaire moyenne d'un nucléotide =300

Masse molaire moyenne d'un acide aminé =120

Pas de l'hélice d'ADN = 3,4 nm

Nombre de paires de bases par tour d'hélice =10

**III** - Un ADN nouvellement isolé est soumis aux expériences :

**1)** L'étude de l'influence de la température sur l'absorbance à 260 nm d'une solution de cet ADN en milieu tampon citrate 0,1M a donné la courbe ci-après.

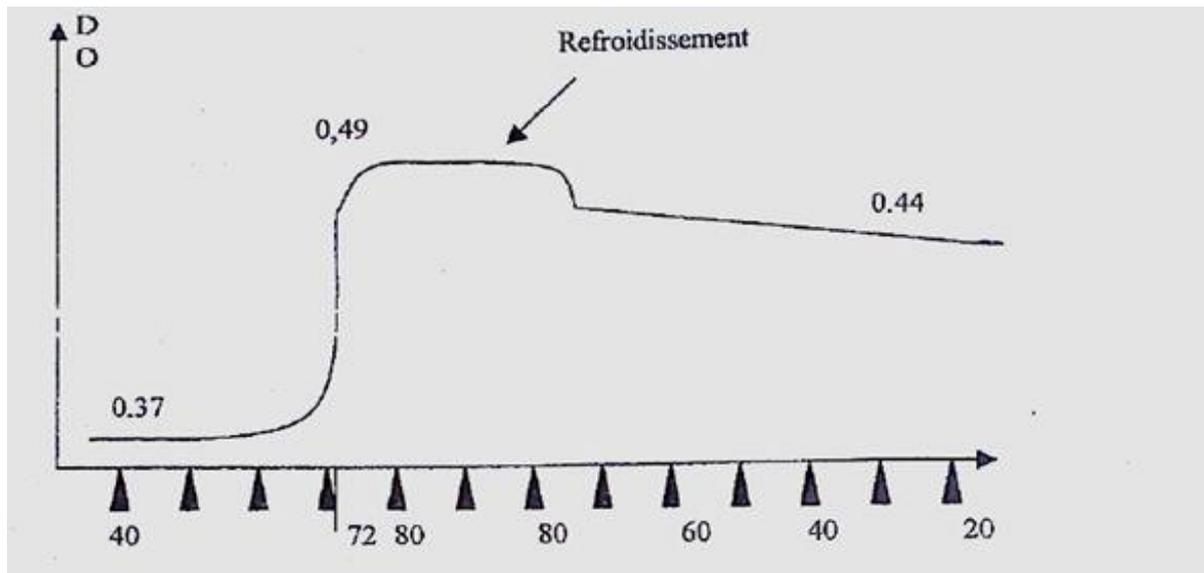
Remarque : après échauffement jusqu'à 90 °C, on a laissé refroidir lentement la solution d'ADN.

Justifier l'effet hyperchrome lié à l'élévation de la température. Quelle conclusion relative à la structure de l'ADN étudié peut-on dire de cette expérience ?

Définir et déterminer le  $T_m$  de cet ADN.

Justifier l'effet hyperchrome observé lors du refroidissement de l'échantillon.

Pourquoi ne retrouve-t-on pas l'absorbance de l'ADN natif après retour à 20°C ?



2) L'absorbance de la même solution d'ADN est mesurée après incubation d'un échantillon en présence de Dnase ; la valeur trouvée est  $DO = 0,62$ . Comparer cette valeur à celle obtenue à température élevée et discuter le résultat obtenu.

IV-Connaisant le  $T_m$  du poly dAT ( $65^\circ\text{C}$ ) et du poly dCG ( $105^\circ\text{C}$ ) . Quel sera le  $T_m$  d'un ADN dont  $A/G=4$ .

Le  $T_m$  d'un ADN dont le rapport  $A/G=0,8$  sera-t-il plus élevé ou plus faible ?

V- La séquence de bases d'un oligonucléotide est la suivante :

**pGpApCpGpUpCpUpA**

Donner les produits formés après hydrolyse par :

- Une solution alcaline
- la ribonucléase T1
- la ribonucléase T2
- la ribonucléase pancréatique
- la phosphodiésterase de venin de serpent
- la phosphodiésterase de la rate de bœuf
- même question que f) si l'oligonucléotide est préalablement traité par une phosphatase.

VI- Soit la séquence d'un brin d'un fragment d'ADN isolé à partir d'E. coli :

5' ATGGTAGCCTACCCATAGG 3'

1) On suppose qu'un ARNm est transcrit à partir de cet ADN, en utilisant comme brin matrice, le brin complémentaire. Quelle sera la séquence de cet ARNm ?

2) Quel peptide obtiendrait-on si la traduction commençait précisément de l'extrémité 5' de cet ARNm ? Quel ARNt se liera au ribosome après le départ l'ARNt ala ? Quelles sont, s'il y en a, les liaisons rompues lorsque le groupement amine de l'alanine s'engage dans une liaison peptidique ? Et qu'arrive-t-il à l'ARNt ala ?

1 <sup>re</sup> position (début du codon)	2 <sup>e</sup> position				3 <sup>e</sup> position (fin du codon)
	U	C	A	G	
U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	STOP	STOP	A
	Leu	Ser	STOP	Trp	G
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Prp	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile	Thr	Lys	Arg	A
	Met	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G