

Zeitschrift: Horizons : le magazine suisse de la recherche scientifique
Herausgeber: Fonds National Suisse de la Recherche Scientifique
Band: - (1997)
Heft: 33

Artikel: Les noeuds de l'ADN
Autor: [s.n.]
DOI: <https://doi.org/10.5169/seals-553923>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 11.02.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://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 enchevêtements. 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...

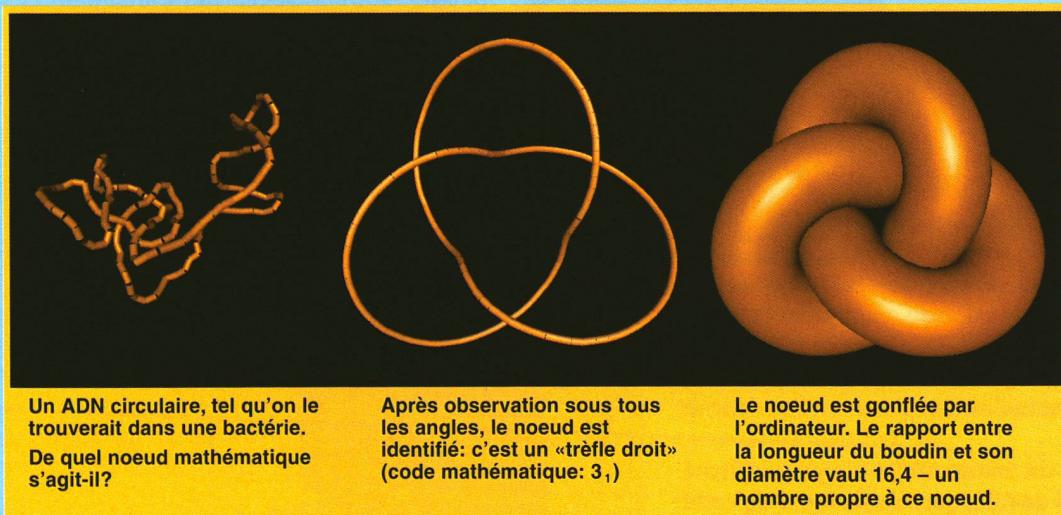
De nos jours, ce classement est toujours utilisé. Ainsi, le noeud appelé «trèfle droit» a reçu le chiffre 3, parce

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,

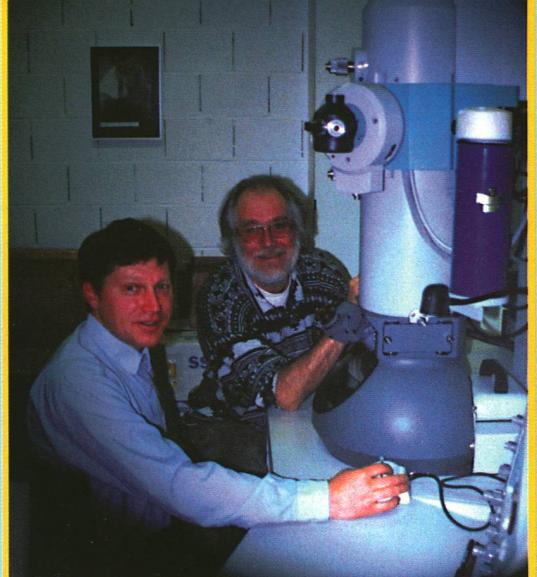
cette technique impose de travailler sous vide, et donc sur un matériau complètement sec. C'est pourquoi on observe généralement l'ADN déshydraté. Dans ces conditions, il n'adopte évidemment plus les mêmes contorsions qu'il présente dans le milieu liquide de la cellule ou dans l'eau d'une éprouvette.



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

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



Andrzej Stasiak et Jacques Dubochet
auprès de leur microscope électronique

UNI Lausanne

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?

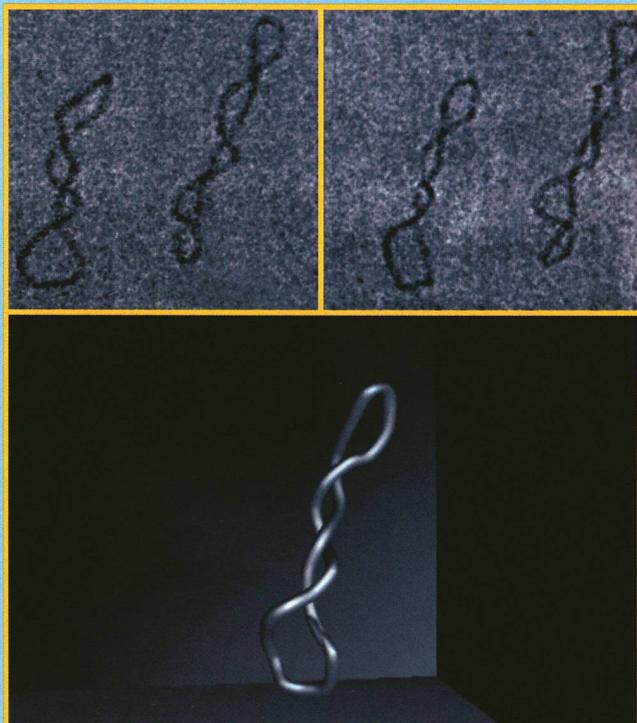
La communauté scientifique sait depuis une dizaine d'années qu'il existe des enzymes capables de faire ou de défaire les noeuds dans l'ADN. On en trouve dans toutes les cellules vivantes. Mais comment ces enzymes font-ils pour savoir qu'ils simplifient un noeud, plutôt que de le compliquer? «Ces enzymes 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 *electrophorèse*. 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.»

H

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».