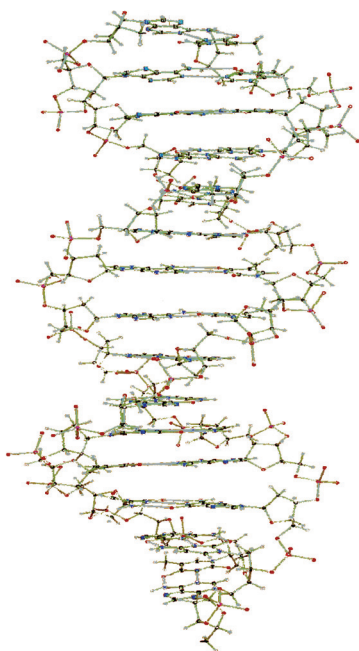




Modèle moléculaire ADN

45050

NOTICE



Retrouvez
l'ensemble
de nos gammes sur :
www.pierron.fr

 **PIERRON**
ÉQUIPEMENT PÉDAGOGIQUE SCIENTIFIQUE

DIDACTIK • CS 80609 • 57206 SARREGUEMINES Cedex France

Tél. : 03 87 95 14 77 • **Fax** : 03 87 98 45 91

E-mail : education-france@pierron.fr

ADN - instructions de montage

Ce modèle de l'ADN a 12 paires de bases et si les instructions de montage sont réalisées il va construire un ADN codé pour la première partie de la protéine lysozyme.

Ce système utilise des pièces de couleur avec des centres représentant les atomes et les tubes pour représenter liaisons.

Les liaisons sont de couleur pour indiquer le type de liaison; gris représente une liaison covalente et blanc une liaison hydrogène. Les centres atomiques sont de couleur pour désigner l'élément de la manière suivante:

Table 1

	{ Blanc Rouge	Hydrogen monovalent Oxygen monovalent	(Ha) (Oa)
	blanc	Hydrogen-bonding hydrogen	(Hb)
	{ Rouge Bleu	Oxygen Divalent Azote divalent	(Od) (Nd)
	{ Noir Bleu	Cycle carbon plan Cycle azote plan	(Cj) (Nj)
	{ Noir Mauve	Carbone tétraédrique Phosphore tétraédrique	(Ck) (Pk)

Contenu du kit

9 sachets des différent atoms

1 sachet contenant les différentes liaisons

1 trame de suspension

(1) Construction de 12 paires de bases (pdb)

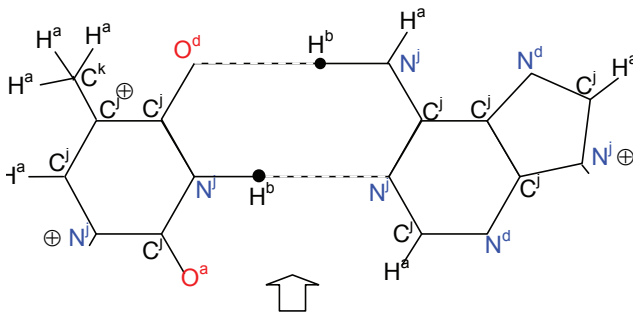
Ce modèle d'ADN nécessite:

- 6 paires Thymine-Adénine
- 6 paires Guanine-Cytosine

Reproduisez les pdb comme sur le schéma ci-dessous. Assurez-vous de la planéité de vos pdb et faites particulièrement attention à :

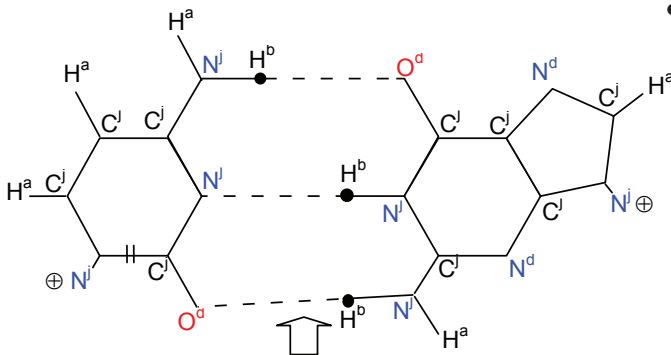
- La longueur des liaisons
- Deux des atomes d'azote utilisés ont des liaisons disponibles.

Pour l'explication des notations Ha etc. se reporter à la table 1



Sillon mineur

Figure 1. Paire Thymine-Adénine



Longueur des liaisons

- H - tout atome = 2.0 cm
- C-C } = 2.0 cm gris
- C-N }
- C-O }
- Hb - - O } = 3.5cm blanc
- Hb - - N }

(2) Construction de 24 Désoxyriboses

Suivez les schémas de la Figure 3 et faites particulièrement attention à :

- Liaisons non utilisées sur les atomes C3 et C5
- Une liaison vide sur le C1
- Toutes les liaisons ont 2 cm
- Le cycle pentane doit être plan.

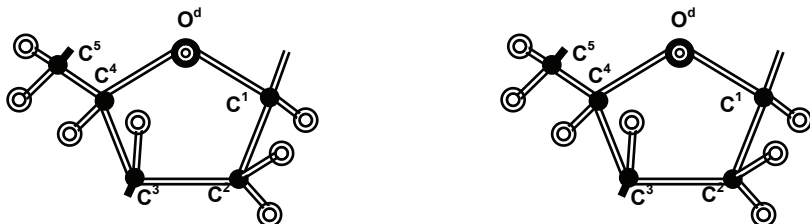


Figure 3. Ribose

(3) Construction de 22 groupes phosphate

Suivez le schéma ci-contre, et remarquez :

- Des liaisons vides sur les 2 atomes O^d
- Dimensions des liaisons P-O 3.0cm et O- 2.0cm
- Voir section 8 pour la signification des nombres.

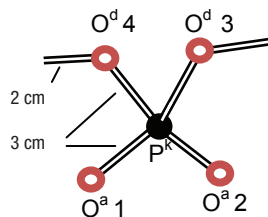


Figure 4. groupe phosphate

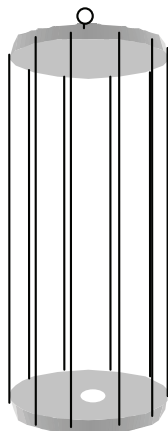
(4) Charpente

***** AVANT DE SORTIR LE SUPPORT DE SON EMBALLAGE, PRÉVOIR UNE ATTACHE EN HAUTEUR POUR LE SUSPENDRE, OU UN STATIF SUFFISAMMENT HAUT *****

Le cadre de suspension fourni avec le modèle peut être soit être suspendu à un crochet convenablement placé ou placé sur un support de laboratoire d'au moins 90 cm de hauteur.

Le cadre de suspension se compose de:

1. Deux plaques: une avec un anneau fixé à son sommet pour permettre au modèle d'être suspendu; l'autre avec un trou en son centre pour lui permettre de glisser sur le statif.
2. 10 fils en nylon déjà en place sur les plateaux supérieurs. Le plateaux supérieur est le plateau avec la bague fixée pour le suspendre. Les fils sont numérotés de 1 à 10.



Ouvrez le sac et retirez le cadre pré-assemblé en tirant doucement sur l'anneau ou la première plaque. Accrocher soit l'ensemble à partir d'un crochet ou placez-le sur un statif, faire coulisser la plaque inférieure sur le statif.

Les centres atomiques sur les fils de nylon sont disposés en 12 couches de trois atomes dans chaque couche. Chaque couche a deux atomes bleus et un atome noir.

Le tableau 2 montre la disposition des atomes. Donc, la couche supérieure contient un Nj sur la ligne 1, un Cj sur la ligne 2 et une Nj sur la ligne 7. Si toutes les lignes semblent détendue, tourner la moulure blanche en dessous la plaque de fond à laquelle la ligne de jeu est fixé.

Paires de base	Lignes nylon									
	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1
T-A				Nj					Cj	Nj
T-A			Nj					Cj	Nj	
C-G		Nj					Cj	Nj		
C-G	Nj					Cj	Nj			
A-T	Cj					Nj				Nj
G-C					Nj				Nj	Cj
A-T				Nj				Nj	Cj	
A-T			Nj				Nj	Cj		
G-C		Nj				Nj	Cj			
C-G	Nj				Nj					Cj
C-G				Nj					Cj	Nj
A-T			Nj	Cj					Nj	

Paires de bases: T = Thymine, A = Adénine, C = Cytosine, G = Guanine

Table 2. Organisation des atomes sur le fil correspondant.

(6) Fixation des pdb à la charpente.

Chaque paire de bases est reliée au cadre à trois endroits, par le remplacement de trois de ses atomes avec les atomes attachés à des fils de nylon. Les trois atomes sur les paires de bases correspondent à des atomes marqués d'un cercle centré par une croix sur les figures 1 et 2.

1^{ère} couche (supérieure) :

Le tableau 2 montre que la couche supérieure est adénine-thymine.

Prendre une paire d'adénine-thymine et l'orienter comme représenté sur la Figure 1 ; avec l'atome Ck noir vers l'arrière et le Pentagone sur la droite. Si vous le pouvez, faites pivoter le cadre, tels que la ligne 1 soit sur votre gauche.

Déplacez la paire de thymine-adénine à l'intérieur du cadre sans modifier leur orientation, de manière à ce que les atome «bleus» ayant des liaisons disponible se situent au dessus des autres atome identiques de la pdb sous-jacente. Vous pourrez ainsi formaliser les liaisons hydrogène. Retirer les deux atomes bleus de la paire de base et fixer le reste de la paire de bases aux deux atomes bleus sur les fils de nylon 1 et 7, créant ainsi une paire de bases fixée aux fils de nylon. Gardez les deux atomes bleus que vous avez retirées comme pièces de rechange. Retirer l'atome noir Cj et son Ck auxiliaires et atome ha à partir de la paire de base et rebranchez la paire de base et les atomes CK et ha à l'Cj sur la ligne 2.

Votre première base devrait maintenant être fixée au sommet du cadre et être à peu près stable.

Les couches suivantes :

Reportez-vous au tableau 2 pour voir lequel la paire de base à utiliser et les informations ci-dessous sur la façon de l'orienter. La torsion de l'hélice signifie que les paires de bases tournent progressivement autour dans le cadre, mais ils doivent être conservés à plat tout en faisant cela.

- T-A = thymine-adénine, orienter la paire de base selon la figure 1.
- C-G = cytosine-guanine. Orienter la paire de base selon la figure 2.
- A-T = adénine-thymine. Ceci est la même paire de bases adénine-thymine, mais avec une orientation opposée. Ceci est réalisé en retournant la paire de base de haut en bas et de gauche à droite pour ressembler à la figure 5: Ck noir est maintenant à l'arrière-droit et le pentagone sur la gauche.

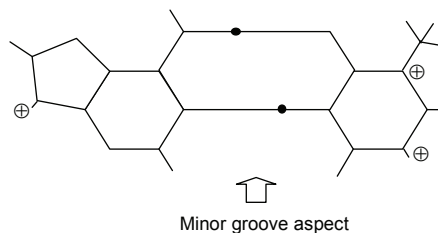


Figure 5. Adenine-Thymine orientation

Minor groove aspect

N.B. La différence entre les TA et AT est que l'adénine, la thymine dans les couches AT seront sur le côté opposé, ou «brin», de l'ADN par rapport aux couches TA. Et parce que les deux brins ont des «directions» opposées (un haut et un bas dans notre modèle) la paire de base de la figure 5 à été représentée retournée pour ce conformer à cette description.

G-C = guanine-cytosine. Ceci est la même paire de bases que la cytosine-guanine mais avec une orientation opposée selon la figure 6

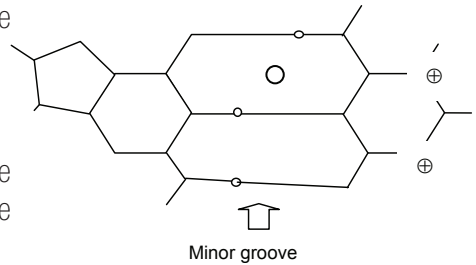


Figure 6. Guanine-Cytosine orientation

Si vous utilisez le support statif , faire passer le statif dans entre les liaisons hydrogène les plus proche du grand sillon. Voir "O" dans Fig.6

Lorsque vous avez mis toutes les couches, prendre du recul évaluez l'effet de spirale des paires de bases et vérifier qu'elles semblent parallèles les unes aux autres et à égale distance les unes des autres. Les couches devraient être à 7 cm de distance (6,6 cm d'épaisseur pour permettre atome / liaison). Prendre les mesures le plus près que vous le pouvez des fils de nylon. Un morceau de carton coupé à la bonne hauteur peut aider à faire cela. Si nécessaire, faites glisser les centres atomiques sur les lignes de nylon haut ou le bas.

Les paires de bases sont maintenant prêtes à être reliées par une chaîne constituée de ribose et groupements phosphate.

(7) Fixez les anneaux de sucre pour les paires de bases.

Examiner un anneau de sucre pour vous assurer que vous pouvez identifier les détails suivants: (voir la figure 3)

- a. L'oxygène (centre de l'atome rouge) qui fait partie du cycle.
- b. Le lien avec aucun centre de l'atome sur son extrémité (attaché à l'atome de carbone 1)
- c. Les deux atomes de carbone qui ont des dents de recharge.

Le carbone 5 peut être mis en rotation. Tournez le picot non utilisé et l'orienter comme la bissectrice de l'angle intérieur du carbone 4 comme indiqué sur la figure ci contre.

Assurez-vous que tous vos riboses ont cette structure.

Créez une liaison entre un ribose et la paire de base supérieure en connectant sa liaison libre sur l'atome Nj de la base. Faites tourner le cycle ribose de sorte à ce que son plan soit vertical avec son atome d'oxygène au-dessus du plan de la paire de base.

Maintenant ajouter des cycles ribose à chaque atome d'azote immédiatement au-dessous de manière à ce qu'ils créent une chaîne avec tous les atomes d'oxygène au-dessus de leur paire de bases.

Répéter la même opération de l'autre coté de la paire de base en inversant le sens des ribose de manière à ce que l'atome d'oxygène des sucres soient situées en dessous du plan des paires de base.

Quand une paire de base est considérée horizontalement de l'aspect «sillon» (figures. 1, 2, 5 et 6), les anneaux de sucre devraient être orientés selon la figure 7.

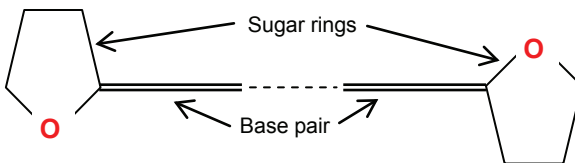
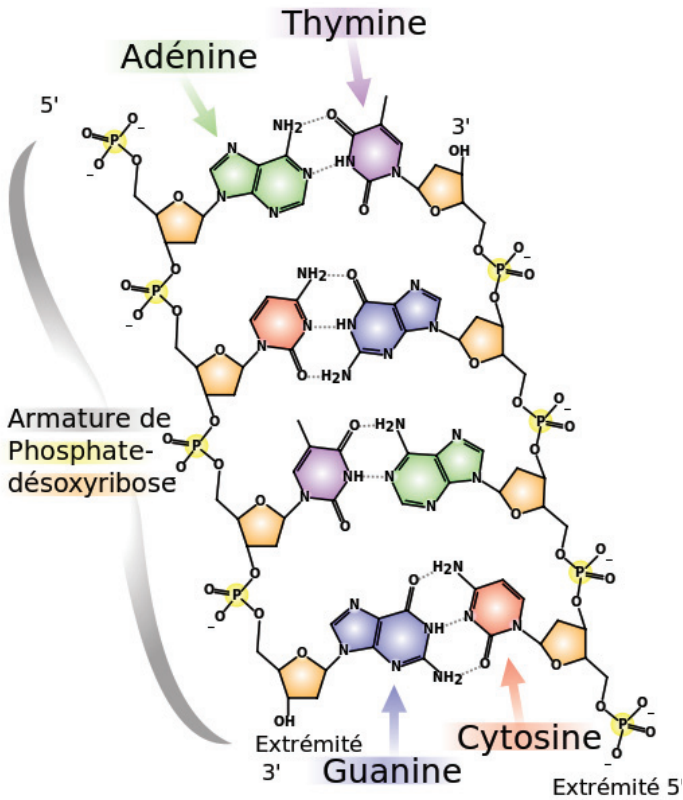


Figure 7. Minor groove aspect of a base pair with sugars in correct orientation

(8) Fixez les groupes phosphates aux Anneaux de sucre.

Placez le modèle de phosphate avec les deux atomes Oa (atomes 1 et 2 de la figure 4) sur la table vers vous, et l'un des atomes Od (atomes 4 dans la figure 4) loin de vous. Tournez la liaison attachée à l'atome 4 pour pointer vers la gauche, en laissant son extrémité ouverte d'environ 5 mm au-dessus de la table. Maintenant, répétez cette opération pour toutes les paires de bases, pour arriver à la figure ci-dessous.



Pour obtenir le meilleur ajustement possible il faut deviez jongler avec la position du carbone 5 sur le cycle de sucre et les atomes Do des groupes phosphate.

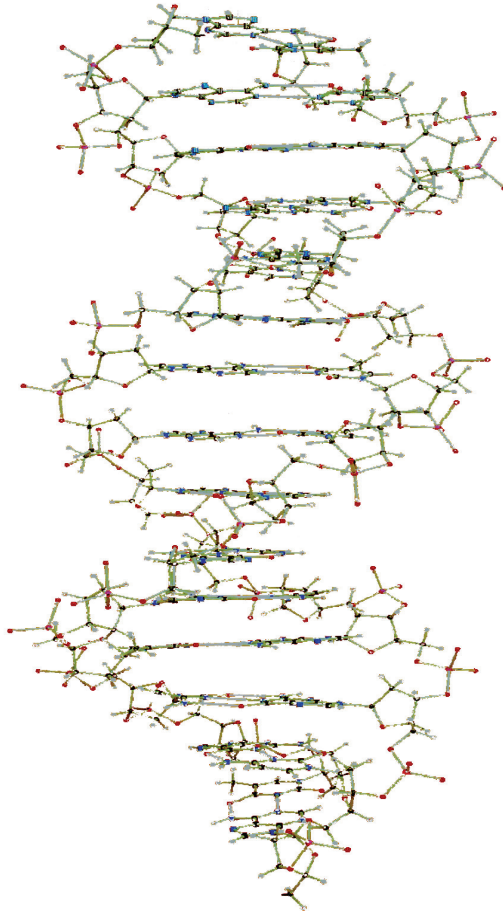


Figure 8. Completed model (excluding plates and lines)

