

Chromatine et ADN

Table des matières

I. Composition en bases.....	3
II. Structure en double hélice	3
III. Les isoformes de l'ADN.....	5
A. L'ADN B.....	5
IV. Formes surenroulées de l'ADN.....	5
A. Action des topoisomérases	6
B. Convention des désignations (+) ou (-) des superhélices.....	7
V. Chromosomes et chromatine.....	8
A. L'histone	8
1. Assemblage d'un nucléosome.....	9
B. La fibre de chromatine	9
VI. Dynamique et remodelage de la chromatine.....	10
A. 1 ^{er} mécanisme.....	10
B. 2 ^{ème} mécanisme	10
C. 3 ^{ème} mécanisme : modifications de l'ADN, méthylation de l'ADN	11

I. Composition en bases

ADN =

- Enchaînement de nucléotides sur 2 brins linéaires
- 4 bases ATCG,
- Composition variable selon les espèces
- Complémentarité des bases :
 - Mêmes concentrations de A et T
 - Mêmes concentrations de C et G
 - Mêmes concentrations de bases puriques et pyrimidiques



COMPOSITION EN BASES DE L'ADN

Espèce	A/T	G/C	A/G
homme	1,00	1,00	1,56
saumon	1,02	1,02	1,43
levure	1,03	1,02	1,67
Escherichia coli	1,09	0,99	1,05

$$[A] = [T] \quad \text{et} \quad [C] = [G]$$

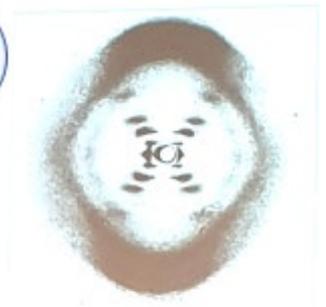
$$[A] + [G] = [C] + [T]$$

Nucléotides à bases puriques Nucléotides à bases pyrimidiques

II. Structure en double hélice

Double hélice d'ADN imaginée par **Watson et Crick** (prix Nobel 1953, il y a 66 ans)

- Découvert grâce à 2 types de données :
 - o la composition en bases de l'ADN
 - o et les diagrammes de la **diffraction à rayons X** (cf photo cliché 51)

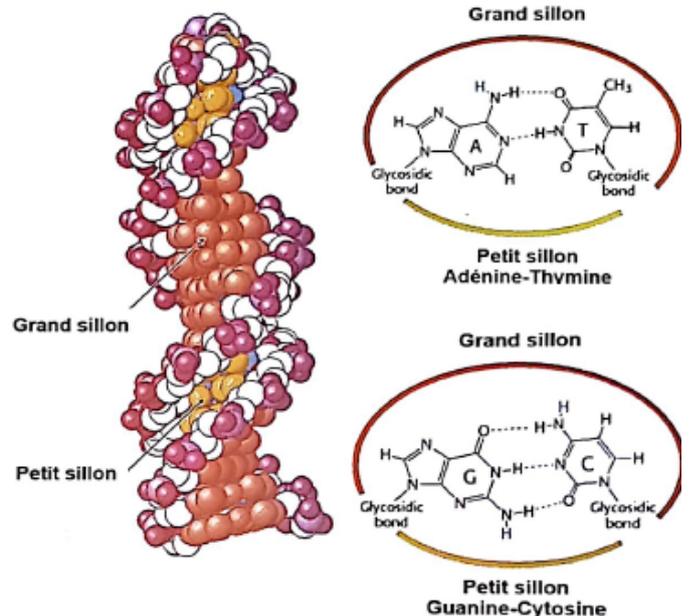
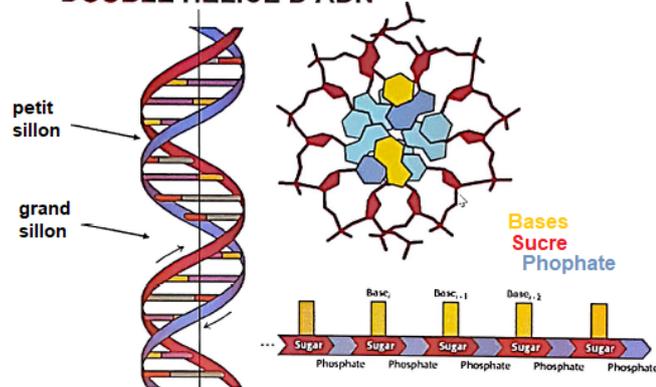


Rosalind Franklin cliché 51

Double hélice d'ADN :

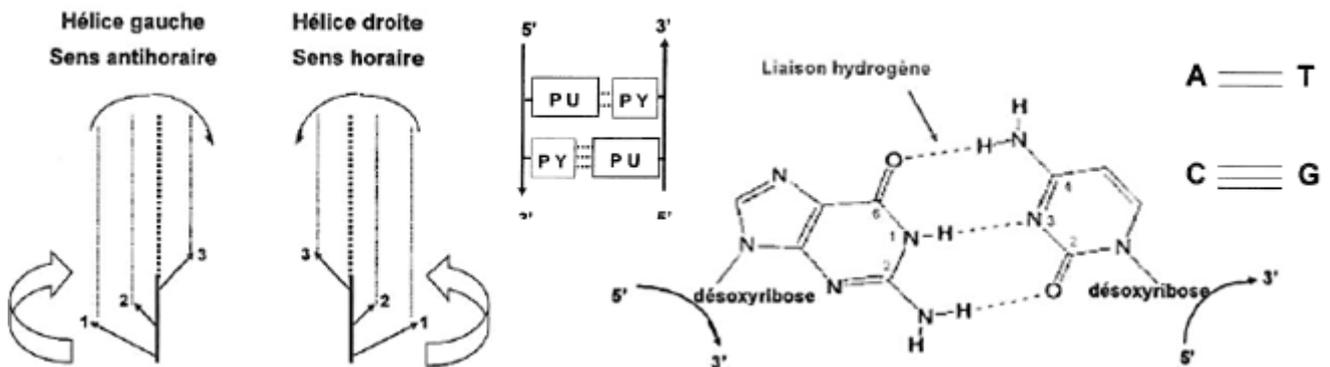
- Sorte d'**escalier en colimaçon** tournant autour d'un axe.
- **Bases hydrophobes à l'intérieur**
- Chaînes des **désoxyriboses phosphates à l'extérieur, parallèles** à l'axe
- Bases **appariées** (plateau de base) **perpendiculaires** à l'axe
- **Petit sillon** (étroit et peu profond)
- **Grand sillon** (profond et large) => plus accessible aux protéines => plus d'**interactions protéines-ADN**

DOUBLE HELICE D'ADN



Propriétés de la double hélice :

<p>2 chaînes :</p>  	<p>Complémentaires :</p> <ul style="list-style-type: none"> - Réunies par des liaisons hydrogène entre bases complémentaires - Complémentarité absolue (égalité de bases puriques et pyrimidiques)
	<p>Non identiques</p> <p>Antiparallèles : de polarité inverse ; parallèle en sens inverse :</p> <ul style="list-style-type: none"> - 1 chaîne d'extrémité 5'P en haut et 3'OH en bas (descend : brin sens) - 1 chaîne d'extrémité 3'OH en haut et 5'P en bas (monte : brin antisens) 
	<p>De configuration hélicoïdale :</p> <p>La double hélice s'enroule autour d'un axe central imaginaire.</p>
<p>Liaisons hydrogène</p> 	<p>Dans le même plan que les bases : parallèles aux bases</p> <p>⇒ Rendent les bases coplanaires</p> <p>Perpendiculaires à l'axe de la double hélice</p> <p>Chaque liaison H est faible (1/20^{ème} de la force d'une liaison covalente)</p> <p>Leur nombre important assure la forte cohésion interne de la double hélice</p>
	<p>3 liaisons H entre C et G :</p> <p>⇒ Appariement plus fort que A et T (2 liaisons H)</p>
	<p>Tous la même dimension (marches d'escalier)</p> <p>Car une petite base (pyrimidique) est toujours associée à une grande base (purique)</p>
<p>2 configurations possibles</p>	<p>Pas de l'hélice à droite (sens horaire)</p> <p>Pas de l'hélice à gauche (sens antihoraire)</p>



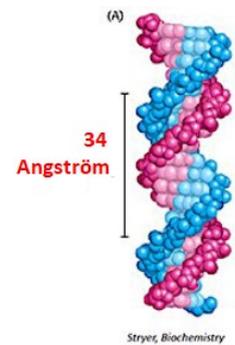
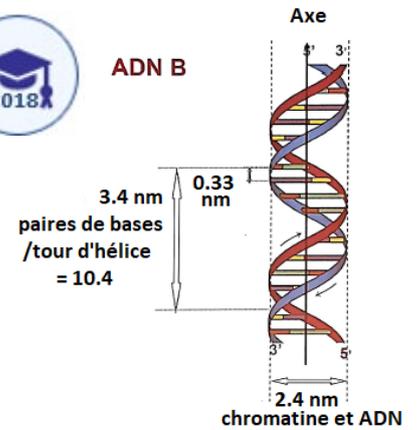
3 types de liaisons dans la double hélice :

Liaisons hydrogènes	Appariement des bases, faibles mais nombreuses , dans un plan perpendiculaire à l'axe
Liaisons hydrophobes	Entre parties hydrophobes de bases contiguës empilées à l' intérieur de la double hélice. Elles mettent en jeu des forces de Van der Waals .
Liaisons ioniques	Entre le squelette phosphodiester, porteur de charges négatives à pH = 7 et des cations (en général Mg ⁺⁺). Stabilisent fortement la double hélice et empêchent la répulsion des groupements phosphodiesters entre eux (charges - qui se repoussent entre elles).

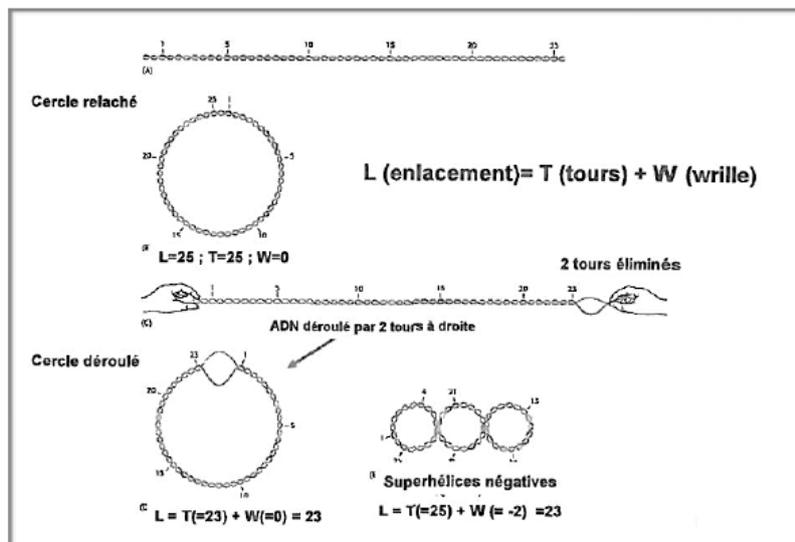
III. Les isoformes de l'ADN

A. L'ADN B

- Isoforme B la plus **répandue** (la + **importante** chez les eucaryotes)
- **10,4 paires de base** par tour d'hélice
 - o Quand l'hélice fait un tour complet, on rencontre 10,4 paires de bases
- Chaque **plateau de base** tourne de **34°6** par rapport au précédent
 - o $(360^\circ/34,6^\circ = 10,4)$ si on regarde la double hélice par le haut.
- **Pas de l'hélice** :
 - o À **droite** (sens horaire) si on regarde l'hélice par le bas.
 - o **3,4 nm = 34 Angström (1 A = 0,1 nm)** : hauteur nécessaire pour faire un tour complet
 - o L'hélice est **rallongée de 0,33 nm pour chaque paire de base formée**.
 - o $(3,4/10,4 = 0,33)$
 - o À **chaque tour de 34°6**, la base s'élève de 0,33 nm par rapport à la précédente.
- Diamètre **2.4 nm**
- La conformation des **liaisons glycosidiques** est **ANTI**



IV. Formes surenroulées de l'ADN



- ADN **circulaire** : pas d'extrémités => exemple de **l'ADN bactérien**
- ADN **eucaryote** :
 - o **Non circulaire**
 - o Se comporte comme une molécule circulaire car les **extrémités sont fixes**, liées à un **point d'ancrage**

- Apparition d'une **nouvelle propriété** lors de **l'enroulement du double brin linéaire** en une molécule fermée circulaire :
 - **Enroulement de l'axe de l'hélice sur lui-même**
 - Formation d'une **vrille**

Formation d'une superhélice : influence le degré d'enroulement de la double hélice

Pas de super-enroulement	Surenroulement	
	Positif	Négatif
État relâché double hélice conservée L (enlacement) = T (tours) car W (vrille) = 0 T = nombre de tours de l'axe de la double hélice W = nombre de vrilles	Augmente le nombre d'enlacement Formation d'une superhélice positive Empêche la séparation des brins, même sens que l'axe de la double hélice	Diminue le nombre d'enlacement Formation d'une superhélice négative Facilite la séparation des doubles brins , l'insertion des protéines et l'initiation de transcription/traduction , déroulement du double brin

Topoisomères : 2 molécules d'ADN circulaire :

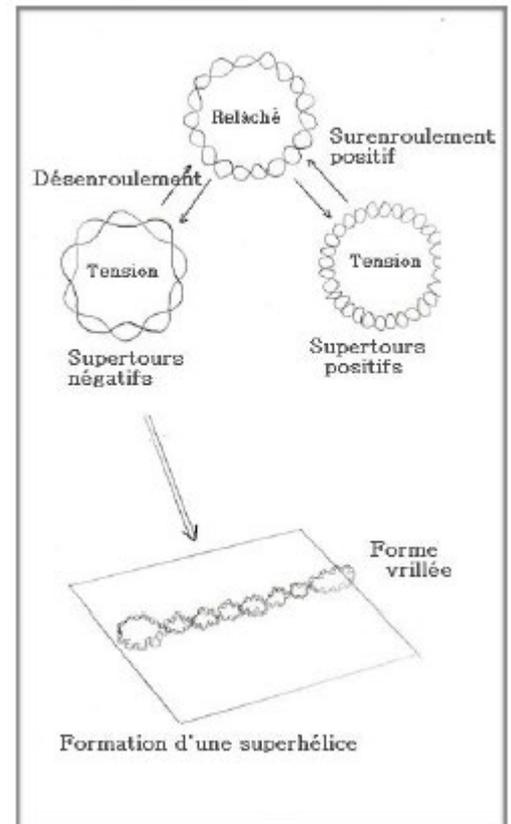
- Ayant exactement la **même séquence de base**
- Mais qui **diffèrent** par le **nombre d'enlacement**

Topoisomérases :

- Enzymes contrôlant le nombre d'enlacement, le degré de surenroulement de l'ADN
- **Présentes chez les eucaryotes et chez les procaryotes.**
- En **l'absence d'enzyme** =
 - Nombre d'enlacements **constants** si les extrémités sont fixes
 - L'introduction de superhélices positives introduit des superhélices négatives à l'opposé

Nombre d'enlacement total de l'ADN inchangeable :

- Changement du **nombre de paires de base** par tour en un endroit d'une boucle d'ADN
- Nécessairement **compensé** par un **surenroulement opposé à un autre endroit.**
 - **Supertours négatifs en 1 point compensés par supertours positifs en un autre**

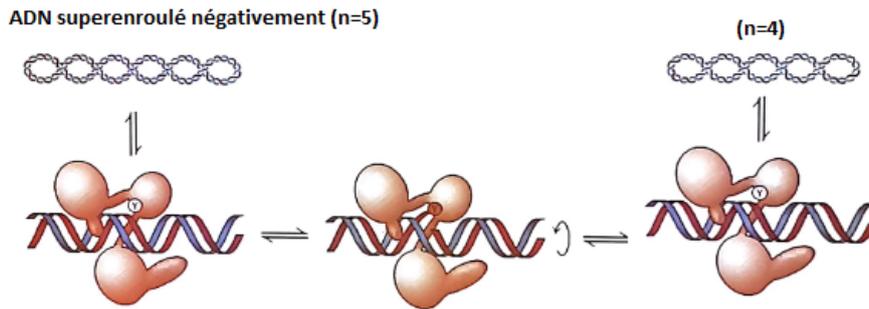


A. Action des topoisomérases

3 étapes :

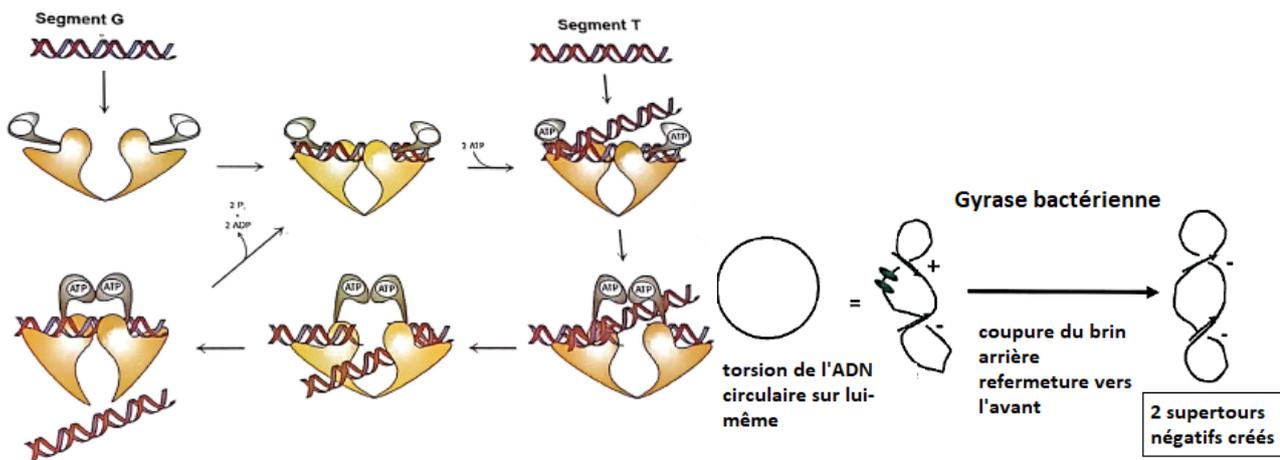
- | |
|--|
| - Clivage d'un seul ou des deux brins d'ADN |
| - Passage d'un segment d'ADN à travers la brèche |
| - Rescèlement de la brèche |

ACTION DES TOPOISOMÉRASES I



Topoisomérase I	Topoisomérase II
<p>Clivent 1 seul des 2 brins</p> <p>Fonctionnent sans ATP, dans le sens naturel de la double hélice (rétablit la confirmation initiale de la double hélice)</p> <p>Enzymes toujours relâchantes : Passage d'ADN surenroulé à relâché</p>	<p>Clivent les 2 brins</p> <p>Nécessitent l'énergie fournie par l'ATP</p> <p>Introduisent des supertours positifs ou négatifs en bloquant les 2 brins pour qu'ils ne bougent pas :</p> <p>Formation de superhélices</p> <p>Démêlage des nœuds d'ADN</p> <ul style="list-style-type: none"> - La gyrase bactérienne introduit des supertours négatifs (désenroule la double hélice)

ACTION DES TOPOISOMÉRASES II



B. Convention des désignations (+) ou (-) des superhélices

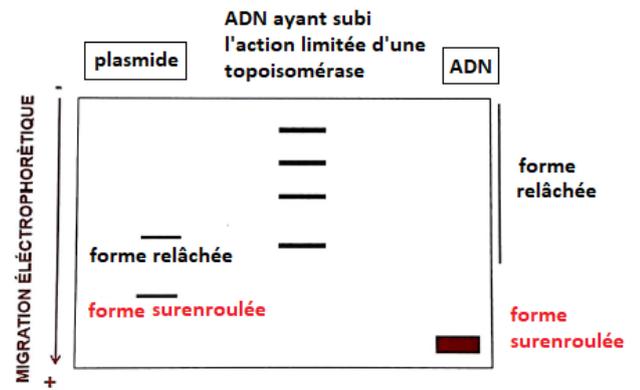
Superhélices (-)		Superhélices (+)	
<p>SUPERHELICE (-)</p>	<p>Superhélice négative</p> <p>Le brin à l'avant remonte de gauche à droite</p>	<p>Superhélice positive</p> <p>Le brin à l'avant descend de gauche à droite</p>	<p>SUPERHELICE (+)</p>

ADN surenroulé + compact

Le superenroulement permet d'empaqueter une très longue molécule d'ADN sous un tout **petit volume**.

Visualisation des différentes formes surenroulées par **électrophorèse** :

- A partir d'un plasmide (circulaire) on obtient :
 - o 1 seule bande, très compacte, en bas = forme surenroulée
 - o 1 bande en haut, formée de plusieurs formes relâchées
 - Les **formes surenroulées migrent + vite** que les formes partiellement surenroulées ou relâchées



De nombreuses protéines indispensables à la transcription, réplication ou réparation ne se fixent à l'ADN que sous sa forme **surenroulée négativement**.

Mécanisme bloqué par des anticancéreux ou antibiotiques : inhibiteurs spécifiques des topoisomérases.

Certains antibiotiques comme la *norfloxacin* bloquent/inhibent les **topoisomérases de type II** : blocage de tous les processus de **réplication, réparation, transcription**, car les **topoisomérases y sont indispensables**)

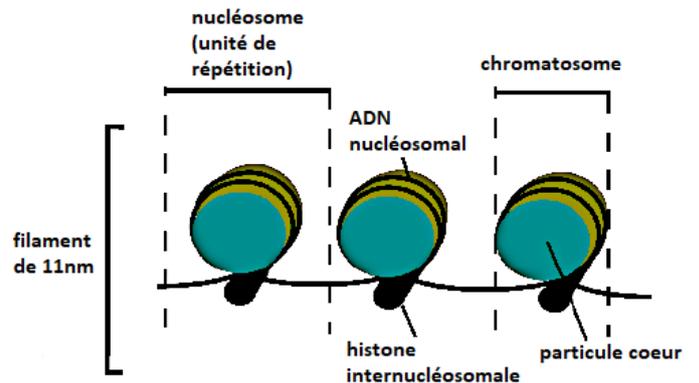
V. Chromosomes et chromatine

46 **chromosomes** par cellule diploïde humaine :

- Visibles uniquement au moment de la division cellulaire
- **Forme la plus compacte** de l'ADN
- Formés par fixation de **protéines** sur l'ADN :
 - o **Histones**
 - o **Protéines chromosomiques non histones**
 - o Complexe formé = **chromatine**

Empaquetage des **histones** autour de l'ADN :

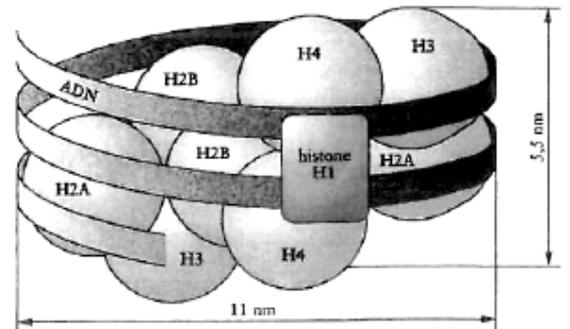
- ⇒ **Nucléosome**
- ⇒ Niveau le plus **fondamental** de l'organisation chromosomique
- ⇒ Structure cinétique influencée par de nombreux facteurs



A. L'histone

Novau d'histone du nucléosome :

- Assemblage de **8 protéines** (2x4) histones
 - o Cœur octamérique d'histones
 - o **4 histones** (H2A, H2B, H3 et H4)
 - o **Petite taille (102-135 AA)**
 - o Très riches en AA basiques (lysine ++)
- **Protéines les plus conservées chez les eucaryotes** (différence de **2 AA** entre **mammifères** et **plantes**)
- Forme un **cylindre** autour duquel l'ADN s'enroule
- **Replis d'histones formés de 3 hélices alpha connectées par 2 boucles**
 - o **(hélice - boucle - hélice - boucle - hélice).**



1. Assemblage d'un nucléosome

Union des replis d'histones 2 à 2 :

Dimères d'histone :

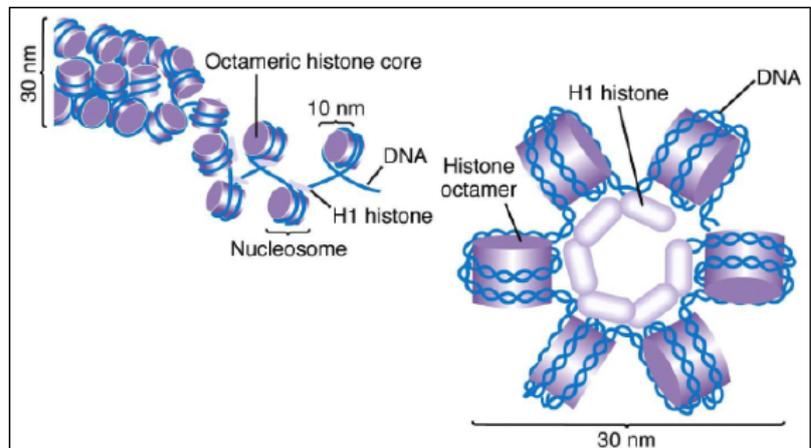
- H3-H4
- et H2A-H2B

Combinaison de 2 dimères H3-H4 :

Formation d'un **tétramère H3-H4**

Combinaison du **tétramère** avec 2 dimères H2A-H2B

Formation du **noyau octamérique compact** autour duquel s'enroule l'ADN.



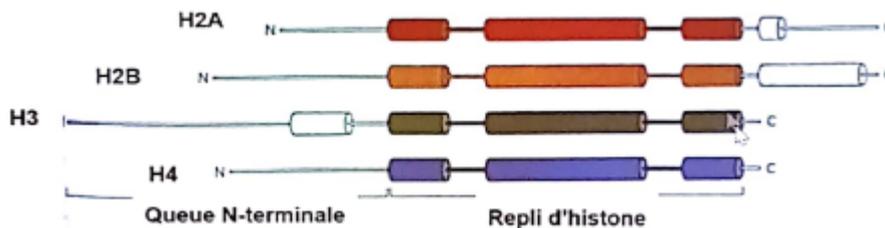
Protéines histones **chargées**

positivement :

- Neutralisation des charges négatives des O de l'ADN
- Favorise la courbure de l'ADN et le **surenroulement**

Chaque histone présente une **longue queue N-terminale** d'acides aminés :

- S'étend à l'extérieur du noyau ADN/histone.
- Peut être soumise à des **modifications post traductionnelles**
 - o **Modifications covalentes** (acétylation, méthylation, phosphorylation)
 - o Contrôlent directement de nombreux aspects de la **structure** de la chromatine
 - **Acétylation N-terminale** : activation de la transcription



B. La fibre de chromatine

Chromatine sous 2 formes pendant l'interphase :

• **1^{er} degré de compaction de l'ADN** :

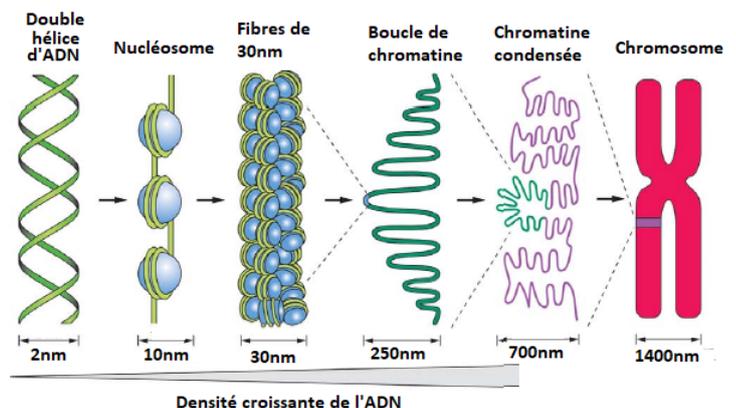
nucléofilament :

Collier de perles :

- fil = ADN
- + perles = nucléosome
- 10 nm de diamètre

Nucléosomes :

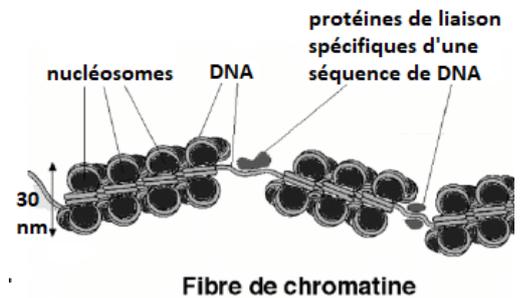
- 30 millions chez l'homme
- $6,4 \cdot 10^9$ paires de nucléotides
- **Répétés toutes les 200 paires de nucléotides** :



- 146 paires de nucléotides autour d'1 nucléosome
- De quelques paires à 50 -80 paires entre 2 nucléosomes
 - (Variable selon une DNase, qui clive l'ADN)
- **Empilement des nucléosomes** en rangs réguliers où l'ADN est **plus fortement condensé** : **fibre de chromatine** :
 - Chromatine beaucoup **plus visible**
 - Due à une **histone H1 plus grosse que les histones du coeur** du nucléosome :
 - Moins bien conservée que les autres
 - H1 se fixe à la fois sur l'ADN et sur les autres **protéines histones**
 - Réunit les nucléosomes en fibre de chromatine
 - Due aussi aux **queues des histones**
 - **Facilitent la fixation internucléosome.**

2 types de fibres de chromatine :

Modèle solénoïde	Très régulier Superhélice de 6 nucléosomes par tour Pas de 11nm Solidification par les histones H1
Modèle en zigzag	ADN + compact Nucléosomes l'un au-dessus de l'autre



VI. Dynamique et remodelage de la chromatine

La dynamique de la chromatine influence toutes les fonctions du génome par exposition d'une région d'ADN aux protéines de régulation, réparation, réplication, transcription.

Modifications épigénétiques :

- Régulent l'expression des gènes
- Participent à la physiopathologie des cancers ou pathologies multifactorielles (diabète...)



2 conformations de l'ADN dans un noyau interphasique :

Euchromatine	Hétérochromatine
Partie décondensée Contient l'essentiel (90%) du génome fonctionnel Active Localisation différente selon les cellules Lieu des processus de transcription	Très condensée , reste condensée à l'interphase Très méthylée Difficilement accessible aux protéines Inactive , réplication plus tardive

Remodelage de la chromatine assuré par des complexes de remodelage nécessitant l'ATP. 3 mécanismes.

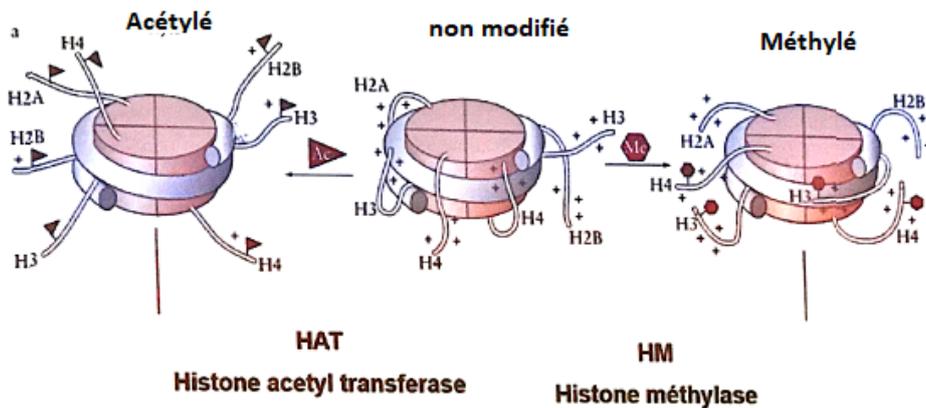
A. 1^{er} mécanisme

- Soit **glissement** de l'**octamère** (= le noyau d'histone) le long de l'**ADN**
- Soit **Transfert complet** d'un **nucléosome** vers les **autres régions de l'ADN**
- Soit **Remodelage local** de l'**ADN** encore fixé sur le **nucléosome**. Il est moins enchainé et moins ficelé

B. 2^{ème} mécanisme

Modification post-traductionnelle des histones = affecte la structure de la chromatine. 3 types :

- **Acétylation (en général sur Lysine)**
 - modifie les charges positives des histones
 - ADN plus libre par rapport à l'histone (impact le plus important).
- **Méthylation (sur Lysine et Arginine)**
- **Phosphorylation (Sur Sérine)**



Acétylations :

leur

HAT
Histone acetyl transférase

HM
Histone méthylase

- Lorsque nombre augmente : la

chromatine est **décondensée** et **transcriptionnellement active**

- **Neutralisation des charges positives des histones :**
 - Moins d'interaction avec l'ADN : décompaction
- Ajoutées et enlevées par des enzymes nucléaires :

histone acétyl transférase ou HAT	Ajoute un groupement acétyl aux histones
histones désacétylases ou HDAC	Enlèvent les groupements acétyl des queues des histones
histones méthylases	Ajoutent un groupement méthyl en particulier sur les lysines

Méthylation : Ne modifie pas les charges, contrairement à l'acétylation

C. 3^{ème} mécanisme : modifications de l'ADN, méthylation de l'ADN

Modification de la méthylation de l'ADN :

- **Épimutation**
- **Modification épigénétique** de la structure de l'ADN génomique : hypo ou hyperméthylation
- Pas une mutation : pas de modification de la séquence
- Régulation de la transcription des gènes
- **Transmise aux générations filles**
- **Uniquement sur les cystines des îlots (doublets) CG au niveau C5** (pas GC, pas C seule)
- Réalisées par des **méthyltransférases spécifiques de l'ADN**

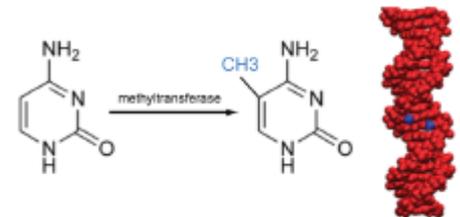


Doublets CG : CpG

- Répartition non uniforme dans le génome
- **Regroupés en cluster** dans les **promoteurs (extrémités 5')** et **régions régulatrices** de gènes :
 - transcription active
 - 70% des séquences îlots CpG des mammifères sont méthylés en C5
- Isolés dans les introns
 - Groupement méthyl de la cytosine en C5 se projette dans le grand sillon de l'ADN =
 - **Extinction de l'expression des gènes**
- Symétrique (brin sens et antisens)

- Sous-représentés par rapport aux calculs statistiques (30 000 CpG),
 - Peuvent être à l'origine de **mutations** : CpG = « **hot spot** » **mutationnel**
 - Désamination oxydative de la 5-méthyl-cytosine = production de thymine, non reconnue comme anormale dans l'ADN, non réparé et source de mutation (cancer)
 - Contrairement à la désamination oxydative de la cytosine non méthylée (production d'uracile, reconnu comme anormal dans l'ADN, et réparé)

<p>•Methylation de l'ADN et modifications postraductionnelles des histones = mécanismes épigénétiques de régulation de l'expression des gènes</p> <p>•Intimement liés</p>	
<p>Euchromatine :</p> <p>expression génique active histones acétylés ADN non méthylé</p>	<p>Hétérochromatine :</p> <p>expression génique inactive histones désacétylés ADN méthylés</p>



Cancers :

- Hypométhylation globale du génome
- Quelques zones hyperméthylées (zones de contrôle de la croissance)
 - Surexpression : prolifération

Syndrome de Beckwith Wiedemann : (= avance de croissance)	Syndrome de Silver Russel : (= retard de croissance)
Hyperméthylation des zones contrôlant la croissance	Hypométhylation des zones contrôlant la croissance
<ul style="list-style-type: none"> • Macroglossie • Organomégalie (Macrosplanchnie) Développement excessif des organes, parfois tellement importante que la paroi abdominale n'est pas fermée. • Anomalie de fermeture de la paroi abdominale (omphalocèle) • Hémihypertrophie • Anomalie génito-urinaire • Tumeur embryonnaire pédiatrique (5% des cas) • Tumeur de Wilms ou néphroblastome • Hypoglycémies néonatales. <p>Beckwith-Wiedemann syndrome</p>  <p>Macroglossia Umbilical hernia Omphalocèle</p>	<ul style="list-style-type: none"> • Retard de croissance intra-utérin • Dymorphie faciale (front large et bombé) • Macrocéphalie relative • Asymétrie corporelle, hémihypotrophie • Difficulté alimentaire • Clinobrachydactylie du 5ème doigt <p>Ces enfants ont tellement peu de réserves qu'ils peuvent mourir d'hypoglycémie</p> 

**Annales classées corrigées : Chromatine et ADN
(Pr. Romanet)**

Annales 2020-2021

Descriptif	
Prof	P. ROMANET
Chapitre	Chromatine et ADN
Année	2020-2021

Question 24 : Concernant les formes surenroulées de l'ADN, quelle est ou quelles sont la ou les proposition(s) exacte(s):

- A) Les topoisomérases sont des enzymes indispensables à la traduction des ARN messagers en protéine.
- B) Les topoisomérases contrôlent le nombre de surenroulement de la double hélice.
- C) Deux topoisomères se différencient par leur séquence d'acides nucléiques.
- D) Pour introduire des supertours, les topoisomérases doivent méthyler l'ADN.
- E) Les topoisomérases sont des enzymes indispensables à la réplication de l'ADN.

Réponses : ABCD	
A.	Faux, indispensables à la réplication, réparation et transcription
B.	Vrai
C.	Faux, même séquence de base mais nombre d'enlacement différent.
D.	Faux, contrôlent les surenroulements.
E.	Vrai

Annales 2019-2020

Descriptif	
Prof	P. ROMANET
Chapitre	Chromatine et ADN
Année	2019-2020

Question 24 : Parmi les propositions suivantes concernant la double hélice d'ADN, indiquer celle qui est, ou celles qui sont exactes:

- A) L'isoforme de l'ADN de type B est l'isoforme la plus répandue chez les eucaryotes.
- B) Les 2 chaînes d'ADN sont complémentaires.
- C) Les topoisomérases de type I effectuent une coupure simple brin de la double hélice d'ADN.
- D) Dans le noyau, la double hélice d'ADN est enroulée autour d'un octamère d'histones.
- E) La méthylation de l'ADN est une modification épigénétique qui concerne les cytosines au sein de doublets « CT »

Réponses : ABCD	
A.	Vrai
B.	Vrai, les 2 chaînes ne sont pas identiques mais complémentaires.
C.	Vrai, elle clive un seul des deux brins d'ADN alors que la topoisomérases II clive les 2 brins.
D.	Vrai, noyau d'histone = 8 protéines d'histones
E.	Faux, doublets CG

Annales 2018-2019

Descriptif	
Prof	P. ROMANET
Chapitre	Chromatine et ADN
Année	2018-2019

Question 24 : A propos du nucléosome, quelle est ou quelles sont la ou les proposition(s) exacte(s) :

- A) Le noyau du nucléosome est constitué de 4 protéines histones.
- B) Les histones du cœur du nucléosome sont des protéines fortement conservées entre les espèces.
- C) Les histones du cœur du nucléosome sont de grosses protéines d'environ 500 à 800 acides aminés.
- D) Le repli d'histone est une structure composée de 3 hélices alpha et de 2 boucles.
- E) L'acétylation de l'extrémité N-terminale des histones du cœur du nucléosome est impliquée dans l'activation de la transcription.

Réponses : ABDE
A. Vrai : H2A, H2B, H3, H4
B. Vrai : Les histones du cœur du nucléosomes sont de petites protéines
C. Faux
D. Vrai
E. Vrai

Annales 2017-2018

Descriptif	
Prof	P. ROMANET
Chapitre	Chromatine et ADN
Année	2017-2018

Question 24 : Parmi les propositions suivantes concernant la double hélice d'ADN, indiquer celle qui est ou celles qui sont exacte(s) :

- A) Chaque brin d'ADN est un enchainement linéaire de nucléosides.
- B) Chaque brin d'ADN porte une extrémité 5' hydroxyle et 3' phosphate.
- C) L'isoforme A de la double hélice de l'ADN est la forme la plus répandue chez les eucaryotes.
- D) Les liaisons hydrogène à l'intérieur de la double hélice sont perpendiculaires à l'axe de la double hélice.
- E) Il existe 2 liaisons hydrogène entre l'adénine et la thymine.

Réponses : DE
A. Faux : c'est le nucleotide est le composé de base de l'ADN
B. Faux : 5'P et 3'OH
C. Faux : l'isoforme le plus répandu est le B
D. Vrai
E. Vrai

Annales 2016-2017

Descriptif	
Prof	P. ROMANET
Chapitre	Chromatine et ADN
Année	2016-2017

Question 28 : A propos des modifications épigénétiques de l'ADN, quelle est ou quelles sont la ou les proposition(s) exacte(s) ?

- A) La méthylation de l'ADN fait partie des mécanismes épigénétiques.
- B) La méthylation de l'ADN peut impliquer toutes les cytosines de l'ADN, quelle que soit leur localisation.
- C) L'acétylation des histones fait partie des mécanismes épigénétiques.
- D) Les modifications épigénétiques interviennent dans la régulation de l'expression des gènes.
- E) Des modifications épigénétiques sont présentent dans le cancer.

Réponses : ACDE
A. Vrai
B. Faux : la méthylation de l'ADN implique toutes les cytosines sauf dans certaines régions ou les ilots CG sont isolés
C. Vrai
D. Vrai
E. Vrai

Annales 2015-2016

Descriptif	
Prof	P. ROMANET
Chapitre	Chromatine et ADN
Année	2015-2016

Question 28 : Parmi les propositions suivantes concernant la double hélice d'ADN, quelle est ou quelles sont la ou les proposition(s) exacte(s) ?

- A) Les 2 chaînes d'ADN ont une configuration hélicoïdale.
- B) Les 2 chaînes d'ADN sont identiques.
- C) Les liaisons hydrogène qui stabilisent la double hélice sont situées entre les squelettes phosphodiester.
- D) L'isoforme de l'ADN de type B est l'isoforme la plus répandue chez les eucaryotes.
- E) Dans l'isoforme de l'ADN de type B, les liaisons glycosidiques sont en conformation SYN.

Réponses : AD
A. Vrai
B. Faux : PAS IDENTIQUES, elles sont COMPLEMENTAIRES
C. Faux
D. Vrai
E. Faux : ANTI