

# Les rayons X et l'ADN

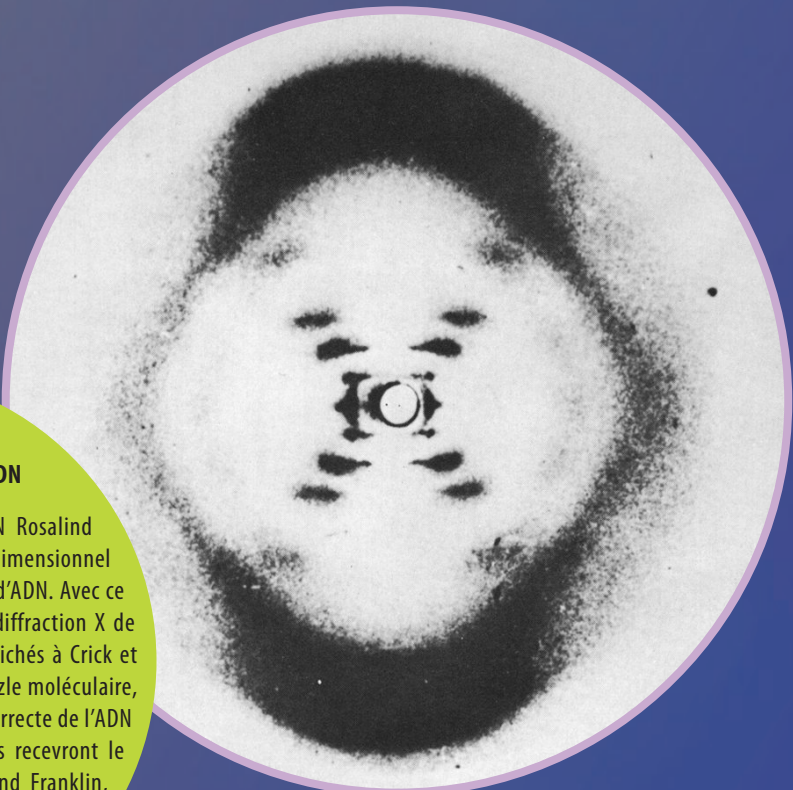
L'ADN est présent dans toutes les cellules vivantes. C'est le support de l'hérédité, qui recèle le « secret de la vie ». Elle est constituée de deux brins complémentaires formés par deux séquences régulières de petites molécules, enroulés en double hélice. Ainsi, elle peut se dupliquer en molécules identiques entre elles, propriété à la base de la génétique. C'est ce cliché d'un pseudo-cristal fait de fibres d'ADN, de Rosalind Franklin, obtenu en 1951 par diffraction des rayons X, qui a permis de déterminer la forme de la molécule.



Rosalind Franklin, James Watson et Francis Crick devant une modélisation d'ADN et Maurice Wilkins

C'est un roman qui commence en 1869 lorsque le suisse Friedrich Miescher isole la molécule dans le noyau de la cellule. Après la seconde guerre mondiale, la compréhension de la structure de la molécule fait l'objet d'une course acharnée entre scientifiques. Dans le laboratoire de W.L. Bragg à Cambridge en Angleterre, il y a Francis Crick, théoricien truculent qui termine sa thèse de doctorat et James Watson, jeune ornithologue reconverti récemment aux rayons X ; au King's College de Londres se trouvent les expérimentateurs : Rosalind Franklin et Maurice Wilkins, un peu en froid, tandis qu'aux Etats-Unis le grand chimiste Linus Pauling suggère une structure à trois hélices pour l'ADN. Pauling donne la bonne idée mais se trompe dans son application. Il faudrait faire un cristal...

source: SciencePhotoLibrary



Première image obtenue par diffraction sur des fibres d'ADN

Pour comprendre la structure de l'ADN Rosalind Franklin réalise une sorte de cristal unidimensionnel en alignant de longues fibres de molécules d'ADN. Avec ce cristal en fagot elle obtient des clichés de diffraction X de qualité exceptionnelle. Wilkins montre ces clichés à Crick et Watson, qui en assemblant des pièces du puzzle moléculaire, trouvent, par essais et erreurs, la structure correcte de l'ADN en double hélice. Crick, Watson et Wilkins recevront le prix Nobel de médecine en 1962. Rosalind Franklin, décédée à 38 ans en 1958, ne pourra pas accéder à cet honneur, réservé à un scientifique vivant.

© Nature

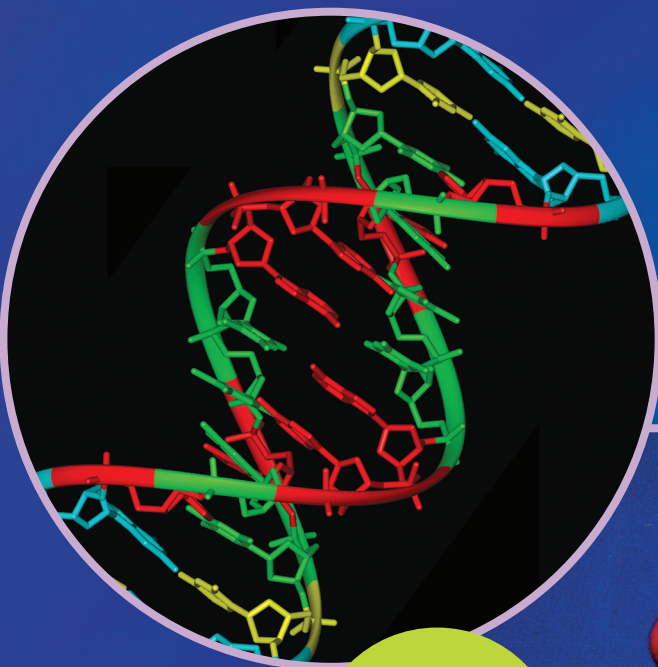
## A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid

We wish to suggest a structure for the salt of deoxyribose nucleic acid (D.N.A.). This structure has novel features which are of considerable biological interest.

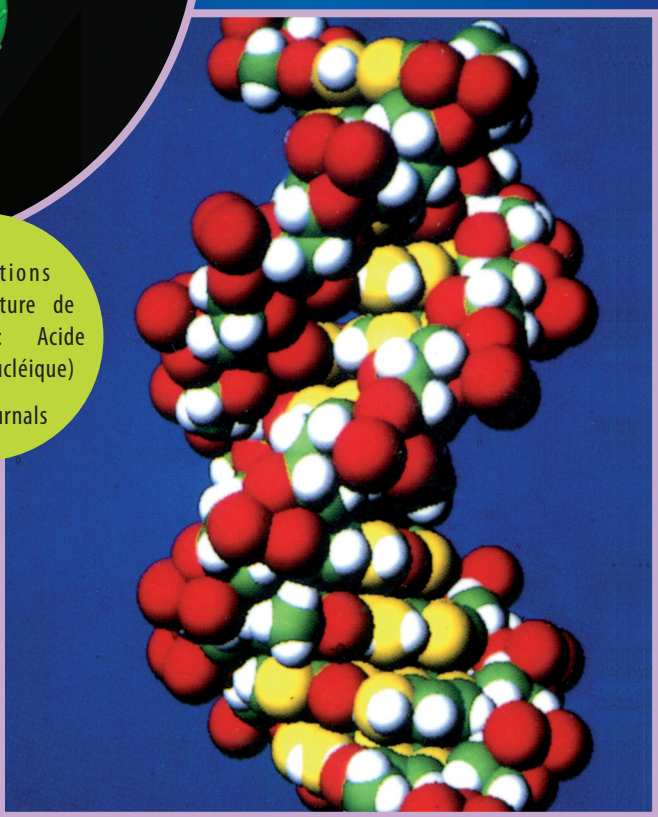
A structure for nucleic acid has already been proposed by Pauling and Corey (1). They kindly made their manuscript available to us in advance of publication. Their model consists of three intertwined chains, with the phosphates near the fibre axis, and the bases on the outside. In our opinion, this structure is unsatisfactory for two reasons. (1) We believe that the material which gives the X-ray diagram is the salt, not the free acid. Without the acidic hydrogen atoms it is not clear what forces would hold the structure together, especially as the negatively charged phosphates near the axis will repel each other. (2) Some of the van der Waals distances appear to be too small.

Another three-chain structure has also been suggested by Fraser (in the press). In his model the phosphates are on the outside and the bases on the inside, linked together by hydrogen bonds. This structure as described is rather ill-defined, and for this reason we shall not comment on it.

We wish to put forward a radically different structure for the salt of deoxyribose nucleic acid. This structure has two helical chains each coiled round the same axis (see diagram). We have made the usual chemical assumptions, namely, that each chain consists of phosphate ester groups joining  $\beta$ -D-deoxyribose residues with 2'5' linkages. The two chains (but not their bases) are related by a dyad perpendicular to the fibre axis. Both chains follow right-handed helices, but owing to the dyad the sequence of the atoms in the two chains run in opposite directions. Each chain loosely resembles Furberg's model No. 1, that is, the bases are on the inside of the helix and the phosphates on the outside. The configuration of the sugar and the atoms are in close to Furberg's 'staggered' configuration, the sugar being roughly perpendicular to the attached base. There is a residue on each every 3.4 Å, in this z-direction. We have assumed an angle of 36° between adjacent residues in the same chain, so that the structure repeats after 10 residues on each chain, that is, after 34 Å. The distance of a phosphorus atom from the fibre axis is 10 Å. As the phosphates are on the outside, the water and sodium ions have easy access to them.



Modélisations de la structure de l'ADN (ADN: Acide DésoxyriboNucléique)  
© IUCr Journals



Le cristal objet d'applications