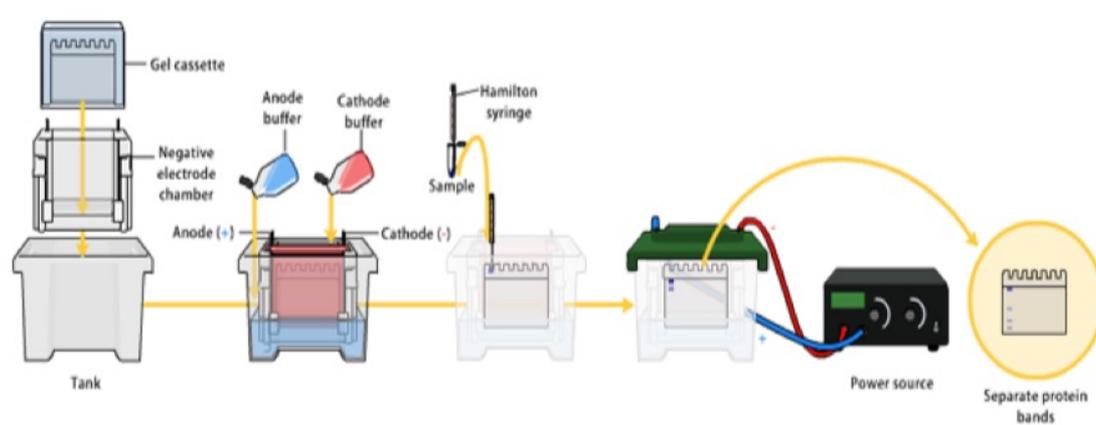


Techniques d'Analyse Biologique

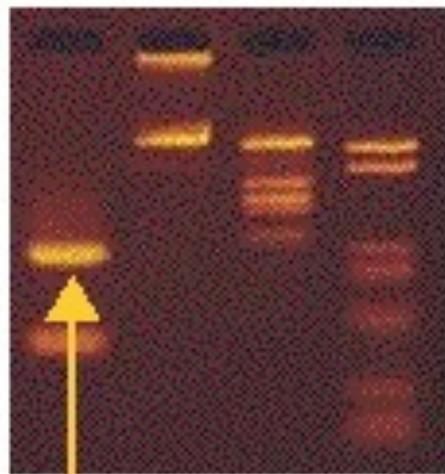
Chapitre I



Détermination de la taille d'un fragment d'ADN

Gel d'électrophorèse sur agarose (ci-dessous) sur lequel on voit :

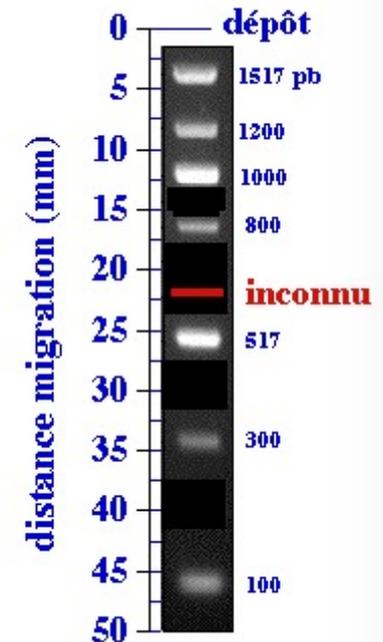
- les **marqueurs** (ou échelle, "*ladder*") de longueur (en paires de base) de fragments d'ADN
- un fragment d'ADN inconnu



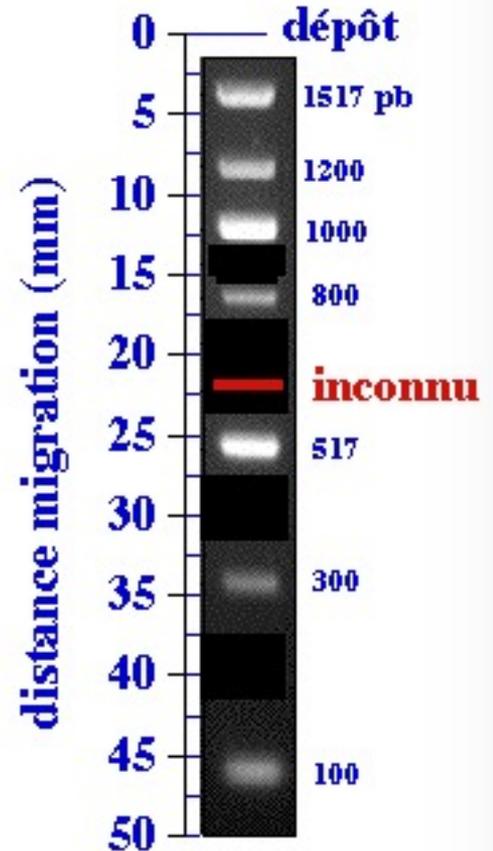
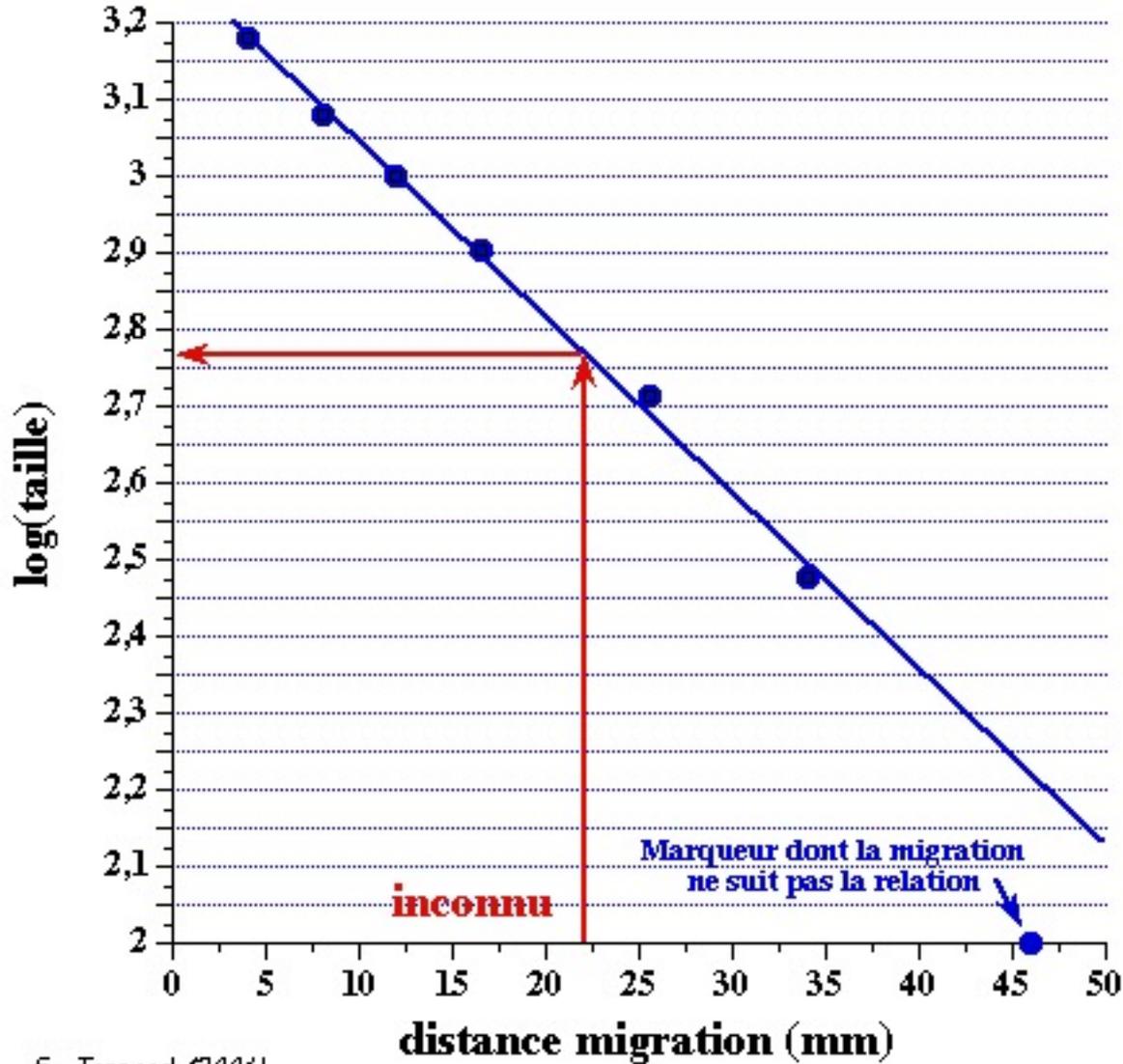
inconnu

Marqueurs

distances de migration des marqueurs et des fragments inconnus



La droite : $\log(\text{taille}) = f(\text{distance de migration})$ permet de déterminer la **taille** en paires de base d'un fragment d'ADN inconnu (figure de droite).

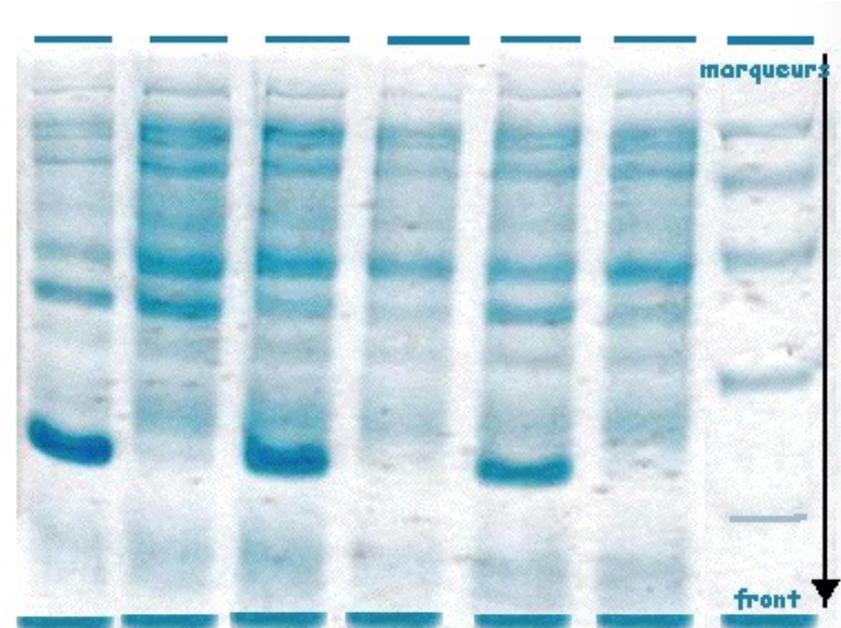


Détermination de la masse molaire d'une protéine

On obtient **différentes bandes** pour chaque piste de la figure ci-contre (la flèche indique le sens de migration). La masse molaire des protéines est déterminée à l'aide de **marqueurs** qui sont des protéines standards de masses molaires connues (piste de droite).

Exemple de marqueurs :

- myosine (205 kDa)
- β galactosidase (116 kDa)
- phosphorylase β (97,4 kDa)
- albumine (66 kDa)
- ovalbumine (45 kDa)
- anhydrase carbonic(29 kDa)



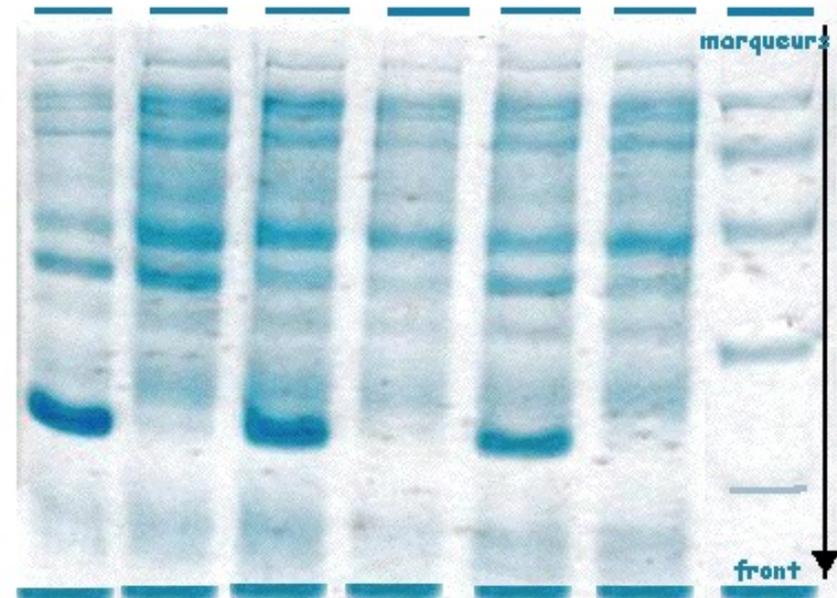
Source : E. Jaspard (2004)

La **mobilité relative** est
le rapport :

distance de migration d'une bande

distance de migration du front de migration

- myosine (205 kDa)
- β galactosidase (116 kDa)
- phosphorylase β (97,4 kDa)
- albumine (66 kDa)
- ovalbumine (45 kDa)
- anhydrase carbonic(29 kDa)



Source : E. Jaspard (2004)

La droite : $\log(\text{masse molaire}) = f(\text{mobilité relative})$ permet de déterminer la **masse molaire** d'une protéine inconnue.

