

Université de Lorraine

Contacts :

[gael.mauretto1@etu.univ-lorraine.fr](mailto:gael.mauretto1@etu.univ-lorraine.fr)

[camille.laurent-gengoux@univ-lorraine.fr](mailto:camille.laurent-gengoux@univ-lorraine.fr)

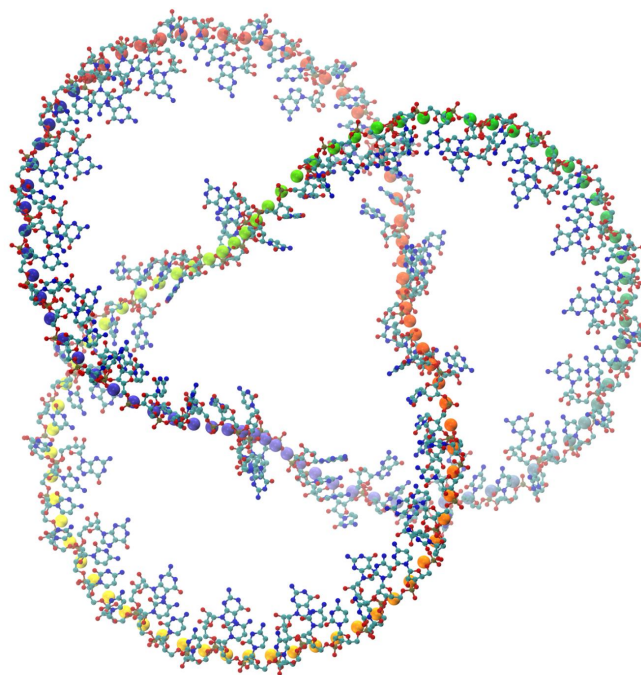
# **Application de la théorie des nœuds à l'ADN**

## **TIPE**

DECKER Marina, GOMES PINTO Pedro, MAURETTO Gaël, SCHUMACHER  
Arthur

**-UFR MIM-**

18 septembre 2024



# Introduction

Tous les jours, nous rencontrons des nœuds, que ce soit avec nos lacets, dans les câbles de chargeurs, d'écouteurs ... – qu'ils soient voulus ou non – la finalité reste de trouver un moyen de les dénouer. Cependant, ces nœuds se retrouvent aussi dans certains domaines scientifiques car ils permettent d'expliquer, de modéliser des phénomènes, des objets. En l'occurrence, on en trouve dans la structure de l'ADN, dans la cryptographie, dans la théorie du chaos en physique ... C'est la multiplicité des applications de la théorie des nœuds mathématiques qui nous a poussés à écrire un mémoire sur ce sujet et également à aborder son application dans le domaine de l'ADN. En effet, on peut assimiler la molécule d'ADN à un nœud et des études ont montré que la topologie de la molécule d'ADN influe sur son fonctionnement et ses propriétés.

Par ailleurs, la théorie des nœuds, qui constitue un domaine de la topologie, a pour objectif de trouver une façon simple de classer et distinguer les nœuds. Le principal problème auquel les mathématiciens sont confrontés est la recherche d'un invariant complet de nœuds qui, à deux nœuds équivalents, c'est-à-dire qui donnent un même nœud si on les dénoue, associe une même quantité et qui, pour chaque type de nœud associe une unique quantité. Pour un invariant complet  $I$ , cela constituerait une équivalence : deux nœuds sont équivalents si et seulement si la même quantité leur est attribuée par  $I$ . Actuellement, aucun invariant complet n'a encore été trouvé. Néanmoins, il existe plusieurs candidats pour des invariants de nœuds, tels que le crochet de Kauffman, le polynôme d'Alexander et le polynôme de Jones.

Ce mémoire abordera le polynôme d'Alexander qui n'est donc pas un invariant complet. En effet, il existe des nœuds qui ne sont pas équivalents au nœud trivial (nœud totalement dénoué, il se représente sous la forme d'une boucle) mais qui ont le même polynôme d'Alexander

# Table des matières

<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>I. Généralités sur les nœuds</b>	<b>4</b>
<b>A. Définitions</b>	<b>4</b>
<b>B. Polynôme d'Alexander</b>	<b>6</b>
1. Mouvements de Reidemeister . . . . .	6
2. Polynôme d'Alexander . . . . .	6
3. Calcul pratique du polynôme d'Alexander en utilisant la matrice du diagramme d'un nœud . . . . .	7
a. Index et pointage des régions . . . . .	7
b. Mise en équation du diagramme . . . . .	8
c. Matrice du diagramme . . . . .	9
d. Calcul pratique du polynôme d'Alexander-Conway en utilisant une relation de récurrence définie sur le diagramme d'un nœud . . . . .	12
<b>C. Théorèmes importants</b>	<b>15</b>
1. Théorème de Reidemeister . . . . .	15
2. Caractère invariant du polynôme d'Alexander . . . . .	15
<b>II. Application des groupes fondamentaux à la théorie des nœuds</b>	<b>25</b>
<b>D. Quelques notions sur les groupes fondamentaux</b>	<b>25</b>
1. Notions de topologie . . . . .	25
2. Groupes fondamentaux . . . . .	26
3. Produits libres de groupes . . . . .	27
4. Sommes amalgamées . . . . .	28
5. Théorème de Van Kampen . . . . .	29
<b>E. Applications des groupes fondamentaux aux nœuds</b>	<b>30</b>
1. Représentation du nœud polygonal . . . . .	30
2. Groupe du nœud de trèfle . . . . .	30
3. Groupe du nœud de huit . . . . .	34

<b>III. Application à l'ADN</b>	<b>37</b>
<b>F. Topologie et ADN, quel est le lien ?</b>	<b>37</b>
1. Structure de l'ADN . . . . .	37
a. Structure primaire . . . . .	37
b. Structure secondaire . . . . .	38
c. Structure tertiaire . . . . .	39
2. Mathématiques et ADN . . . . .	40
<b>G. La duplication de l'information chez les êtres vivants, exemple d'un mécanisme naturel</b>	<b>42</b>
1. Les topoisomérases . . . . .	42
a. Topo-isomérase de type I . . . . .	42
b. Topo-isomérase de type II . . . . .	44
2. La duplication . . . . .	45
a. Généralités . . . . .	45
b. Déroulement de la réplication chez une cellule procaryote : E.Coli . . . . .	46
<b>Conclusion</b>	<b>49</b>
<b>Bibliographie</b>	<b>50</b>

# Première partie

## Généralités sur les nœuds

### A. Définitions

Nous allons tout d'abord introduire quelques définitions fondamentales sur les nœuds.

**Définition 1** (Nœud). [1] On appelle nœud une application continue et injective,  $K : \mathbb{S}^1 \longrightarrow \mathbb{R}^3$  où  $\mathbb{S}^1$  est le cercle unité. On peut donc voir un nœud comme le prolongement du cercle unité dans  $\mathbb{R}^3$ .

**Définition 2** (Entrelacs). [1] On appelle entrelacs une application que l'on pendra aussi linéaire par morceaux de la forme  $K : (\mathbb{S}^1)^n \longrightarrow \mathbb{R}^3$  où  $(\mathbb{S}^1)^n$  désigne le produit cartésien de cercles unités au sens de structures topologiques.

Il convient d'imaginer un entrelacs comme plusieurs nœuds, entremêlés, et qui n'ont aucun point d'intersection.

**Définition 3** (Nœuds isotopes). [1] On dit que deux nœuds  $K_1$  et  $K_2$  sont isotopes si il existe une application continue

$$K : [0, 1] \times \mathbb{S}^1 \longrightarrow \mathbb{R}^3$$
$$(t, x) \longmapsto K(t, x)$$

telle que

- $\forall x \in \mathbb{S}^1, K(0, x) = K_1(x)$
- $\forall x \in \mathbb{S}^1, K(1, x) = K_2(x)$
- $\forall t \in [0, 1], K(t, \cdot)$  soit linéaire par morceaux, c'est-à-dire que le graphe du nœud dans  $\mathbb{R}^3$  est une succession de lignes brisées.

**Remarque 1.** [1] On dira que deux nœuds sont du même type (ou équivalents) s'ils appartiennent à la même classe d'isotopie, c'est-à-dire si on peut en déformer un de façon continue pour aboutir à l'autre.

**Définition 4.** [1] On appelle diagramme associé à un nœud une projection régulière du nœud sur le plan, avec comme informations supplémentaires que lorsque deux arêtes du diagramme se croisent, on sait laquelle des deux est au-dessus de l'autre dans l'espace. De plus, on sait dans quel sens on parcourt le nœud.

Par exemple, voici la représentation du nœud de trèfle dans l'espace (nœud tricolore) et son diagramme :

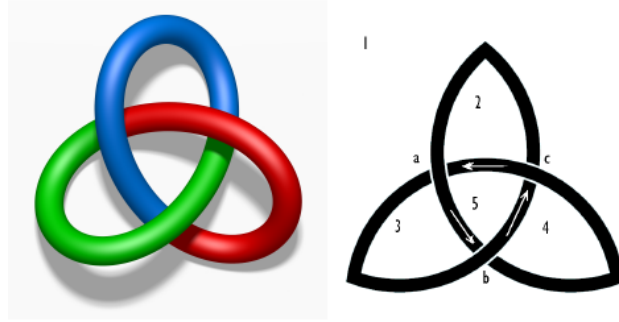


FIGURE 1 – Représentation spatiale du nœud du trèfle (à gauche) et son diagramme (à droite).

[1]

**Définition 5** (Invariant de nœud). [2] *Un invariant de nœuds à valeurs dans un ensemble  $E$  est une application  $f : \{\text{diagramme de } M : M \text{ nœud}\} \rightarrow E$  telle que si  $M$  et  $N$  sont deux nœuds isotopes, alors pour tout  $D_N$  diagramme de  $N$  et  $D_M$  diagramme de  $M$ , on a  $f(D_M) = f(D_N)$ .*

**Définition 6** (Invariant complet). *Un invariant complet de nœuds est un invariant de nœuds pour lequel la réciproque de la définition précédente est vraie.*

## B. Polynôme d'Alexander

### 1. Mouvements de Reidemeister

Toutes les manipulations possibles sur le diagramme d'un nœud sont ramenées à ces trois opérations élémentaires représentées ci-après :

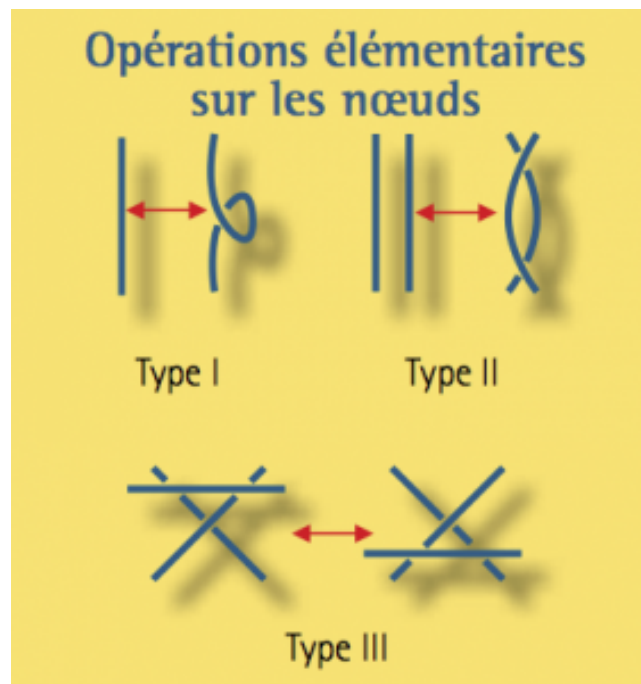


FIGURE 2 – Mouvements de Reidemeister  
[3]

Ces trois opérations modifient donc le nombre de points de croisement et l'agencement des arêtes les unes par rapport aux autres sans changer le type de nœud. Cela conduit à l'énoncé du théorème de Reidemeister.

Nous verrons dans la suite que deux nœuds sont équivalents (c'est-à-dire isotopes) s'il existe une série d'opérations élémentaires de Reidemeister rendant le premier nœud identique au second.

### 2. Polynôme d'Alexander

A chaque nœud  $N$ , on peut associer un polynôme  $P(N)$  appelé polynôme d'Alexander. Nous verrons dans la partie I.C.2) un théorème qui affirme que ce polynôme ne change pas même si le nœud  $N$  est modifié par les opérations de Reidemeister, c'est-à-dire il est invariant par ces opérations. Ceci nous permettra de montrer que le polynôme d'Alexander est une caractéristique intrinsèque du nœud, et donc un invariant de nœud.

Grâce à son caractère invariant, ce polynôme va nous permettre de classer les noeuds. En effet, comme deux noeuds isotopes ont le même polynôme, en calculant le polynôme d'un noeud quelconque, on va ainsi pouvoir trouver avec quel noeud connu il n'est pas isotope. Il existe des tables qui associent aux différents noeuds classiques (noeud trivial, noeud de trèfle, noeud en huit, ...) leur polynôme d'Alexander.

### 3. Calcul pratique du polynôme d'Alexander en utilisant la matrice du diagramme d'un nœud

#### a. Index et pointage des régions

Tout au long de cette sous-partie, on illustrera les notions théoriques par l'exemple du nœud de trèfle.

Tout d'abord, nous nous intéressons à la manière d'orienter le diagramme d'un noeud, c'est-à-dire savoir dans quel sens nous devons le parcourir, savoir quelle arête passe au-dessus de l'autre au niveau d'un point de croisement. Pour cela, nous allons adopter les notations d'Alexander.

Ainsi, [1] à chaque croisement du diagramme, deux régions consécutives vont être pointées au niveau de chaque croisement, de telle sorte que si on se déplace sur l'arête passant "en-dessous", on ait les deux régions pointées sur notre gauche.

Par exemple, on obtient ceci pour le noeud de trèfle :

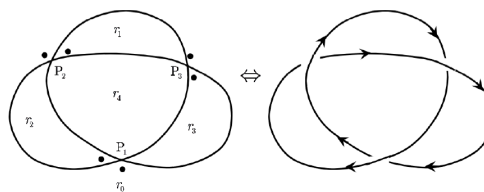


FIGURE 3

[1]

Ensuite, nous allons indexer les différentes régions du diagramme, c'est-à-dire que nous allons donner un index (un entier relatif) à chaque région. Pour cela, nous choisissons une région au hasard à laquelle on attribuera l'index 0, puis les autres régions devront être indexées de la façon suivante :



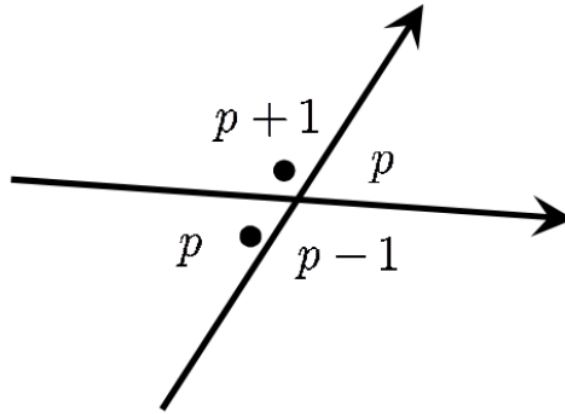


FIGURE 4

[1]

Voici le nœud de trèfle indexé :

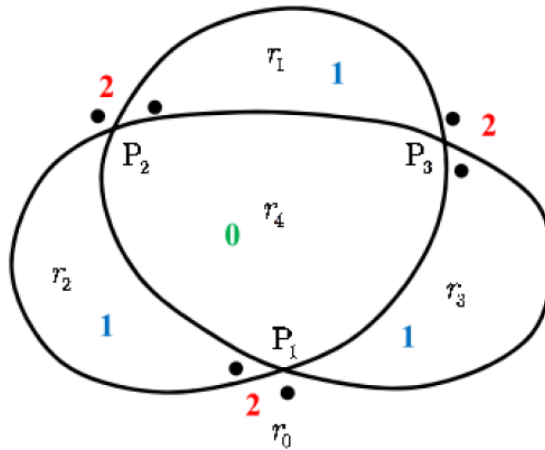


FIGURE 5

[1]

On remarque que chaque croisement possède deux régions de même index  $p$ . On dira alors que ce croisement est d'index  $p$ .

## b. Mise en équation du diagramme

**Proposition 1.** [1] Soient  $n$  un entier naturel et un diagramme de noeuds à  $n$  points de croisements. Alors le diagramme délimite exactement  $n + 2$  régions du plan.

Soit un diagramme à  $n$  points de croisements. On note  $(p_i)_{1 \leq i \leq n}$  les points de croisement et  $(r_j)_{1 \leq j \leq n+2}$  les régions.

Soit  $p_i$  un point de croisement entourés des régions  $r_i, r_j, r_k, r_l$ . Nous allons "tourner" autour du point dans le sens antihoraire en commençant par une des deux régions pointées de façon à ce que la deuxième région visitée soit elle aussi pointée.

Dans le cas de ce croisement,

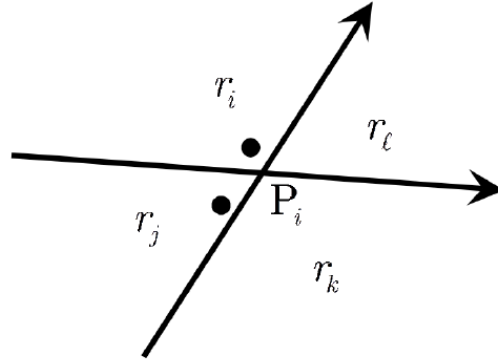


FIGURE 6  
[1]

On pose la relation :

$$p_i(r) = Xr_i - Xr_j + r_k - r_l = 0 \quad (1)$$

Ainsi, on obtient dans le cas du nœud de trèfle le système suivant :

$$\begin{cases} p_1(r) = Xr_2 - Xr_0 + r_3 - r_4 = 0 \\ p_2(r) = Xr_1 - Xr_0 + r_2 - r_4 = 0 \\ p_3(r) = Xr_3 - Xr_0 + r_1 - r_4 = 0 \end{cases}$$

### c. Matrice du diagramme

A partir de la relation (1), on va définir la matrice du diagramme. Cette matrice possède un nombre de colonnes égale au nombre de régions et un nombre de lignes égale au nombre de points de croisements. La matrice en question sera alors la suivante :

$$M = \left( m_{i,j} = \begin{cases} \pm X & \text{si } \pm Xr_{j-1} \text{ apparaît dans } p_i(r) \\ \pm 1 & \text{si } \pm r_{j-1} \text{ apparaît dans } p_i(r) \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \right)$$

Ainsi, la ligne  $i$  représentera le point de croisement  $i$ , noté  $p_i(r)$ , et la colonne  $j$  représentera la  $j$ -ème région, notée  $r_j$ .

**Proposition 2.** [1] Soit  $M$  la matrice du diagramme d'un noeud, alors les matrices  $M_p$  obtenues en supprimant de  $M$  deux colonnes correspondant à deux régions d'index  $p$  et  $p + 1$ , ont leurs déterminants qui ne diffèrent que d'un facteur  $\pm X^n$  avec  $n \in \mathbb{Z}$ .

**Remarque 2.** [1] La matrice  $M_p$  n'est pas unique, elle dépend des colonnes choisies pour l'obtenir.

*Démonstration.* Dans cette preuve, on donne la formule du polynôme d'Alexander calculée grâce à la matrice du diagramme.

Soit  $M$  la matrice d'un diagramme  $D$  d'un nœud  $N$ . Soit  $n$  le nombre de points de croisements de  $D$ , alors par la proposition précédente le diagramme délimite exactement  $n + 2$  régions du plan que l'on numérottera de 0 à  $n + 1$ .

Afin de simplifier les notations utilisées, supposons que tous les index sont positifs puisqu'ils sont définis à constante près. Soit  $r \in \mathbb{N}$  tel que  $\llbracket 0 ; r \rrbracket$  soit l'ensemble des valeurs prises par les index des régions de  $D$ . Notons  $r_i$  la  $i$ ème colonne de  $M$ , c'est aussi la région  $r_i$  (alors  $M = (r_1, \dots, r_{n+1})$ ).

Dans chaque ligne de  $M$ , il n'y a que quatre coefficients non-nuls, à savoir  $X$ ,  $-X$ , 1 et  $-1$ . Donc en sommant les colonnes, ces coefficients vont s'annuler dans chaque ligne, ce qui nous donne la relation :

$$\sum_{i=0}^{n+1} r_i = \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix} \quad (2)$$

Notons  $p(r_i)$  l'index de la région  $r_i$  (à ne pas confondre avec  $p_i(r)$ ). Admettons la relation suivante :

$$\sum_{i=0}^{n+1} X^{-p(r_i)} r_i = \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix}$$

Pour la démontrer, il suffit de se servir du fait que les valeurs possibles pour  $p(r_i)$  sont exactement  $p - 1$ ,  $p$ , et  $p + 1$ , et du fait que les seuls quatre coefficients sur une ligne donnée sont  $X$ ,  $-X$ , 1 et  $-1$ .

De ce fait, on a  $\forall s \in \llbracket 1 ; r \rrbracket$ ,

$$\sum_{i=0}^{n+1} X^{s-p(r_i)} r_i = \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix} \quad (3)$$

Alors (3) – (2) :  $\forall s \in \llbracket 1 ; r \rrbracket$ ,

$$\sum_{i=0}^{n+1} \left( X^{s-p(r_i)} - 1 \right) r_i = \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix}$$

Soient  $s, p, q$  des entiers de  $\llbracket 1 ; r \rrbracket$ . Notons  $r_s, r_p$  et  $r_q$  les régions d'index respectifs  $s, p$  et  $q$ , ainsi que  $M_{p,q}$  la matrice carrée de dimension  $n$  obtenue à partir de  $M$  en supprimant les colonnes  $r_p$  et  $r_q$ .

Remplaçons maintenant dans  $M_{p,q}$  la colonne  $r_s$  par la colonne  $\sum_{i=0}^{n+1} \left( X^{s-p(r_i)} - 1 \right) r_i = \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix}$ , obtenant ainsi la matrice  $M'$ . Comme une de ses colonnes est nulle, on a  $\det(M') = 0$ . On en déduit :

$$\begin{aligned} \det(M') &= \left| r_1, \dots, \sum_{i=0}^{n+1} \left( X^{s-p(r_i)} - 1 \right) r_i, \dots, r_{n+1} \right| \\ &= \sum_{i=0}^{n+1} \left( X^{s-p(r_i)} - 1 \right) |r_1, \dots, r_q, \dots, r_{n+1}| \\ &= 0 \end{aligned}$$

Pour tout  $i \in \llbracket 0 ; n+1 \rrbracket \setminus \{p, q\}$ , la colonne  $r_i$  apparaît au moins deux fois dans le déterminant  $|r_1, \dots, r_i, \dots, r_{n+1}|$ , donc ces  $n$  déterminants sont nuls, d'où :

$$(X^{s-p} - 1) |r_1, \dots, r_p, \dots, r_{n+1}| + (X^{s-q} - 1) |r_1, \dots, r_q, \dots, r_{n+1}| = 0 \quad (4)$$

Si on note  $\Delta_{k,l}$  le déterminant de la matrice carrée obtenue en supprimant de  $M$  les colonnes  $r_k$  et  $r_l$ , alors :

$$\begin{aligned} (4) &\iff (X^{s-p} - 1) \Delta_{s,q} + (X^{s-q} - 1) \Delta_{s,p} = 0 \\ &\iff (X^{s-p} - 1) \Delta_{s,q} = - (X^{s-q} - 1) \Delta_{s,p} \end{aligned}$$

Cette relation étant vraie pour  $s, p$  et  $q$  quelconques dans  $\llbracket 1 ; r \rrbracket$ , on déduit la relation plus générale :

$$\forall (p, q, s, t) \in \llbracket 1 ; r \rrbracket^4, \Delta_{t,p} = \pm X^{q-t} \frac{X^{t-p} - 1}{X^{q-s} - 1} \Delta_{q,s}$$

Si l'on note  $\Delta(X)$  le facteur commun à tous les déterminants de la forme  $\Delta_{p,p+1}$  pour  $p \in \llbracket 1 ; r \rrbracket$ , et que l'on prend  $p = t+1$  et  $s = q+1$ , alors on obtient le résultat voulu :

$$\forall t \in \llbracket 1 ; r \rrbracket, \Delta_{t,t+1} = \pm X^{q-t} \Delta(X)$$

où la puissance  $q - t$  est bien un entier relatif. Ce facteur commun est en fait la définition même du polynôme d'Alexander du noeud considéré.  $\square$

#### d. Calcul pratique du polynôme d'Alexander-Conway en utilisant une relation de récurrence définie sur le diagramme d'un noeud

John Horton Conway a montré qu'il existe une procédure simple pour calculer le polynôme d'Alexander  $P$  d'un noeud donné.

Soit  $N$  un noeud. En transformant  $N$  à l'aide des opérations de Reidemeister, on trouve des relations algébriques entre  $P(N)$  et les polynômes déjà connus  $P(N_1), P(N_2), \dots, P(N_m)$  de noeuds plus simples  $N_1, N_2, \dots, N_m$ .

Pour un noeud  $N$  orienté, il existe alors trois types de croisements dans le noeud :

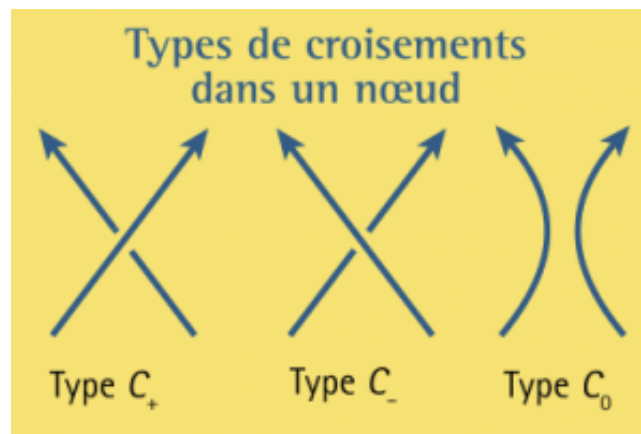


FIGURE 7 – Les trois types de croisement d'un noeud  
[3]

[3] Pour ces trois types de croisements, on définit une relation permettant de calculer par récurrence le polynôme de Conway (dont l'indéterminée est  $X$ ) :

$$\begin{cases} P(0) = 1 \\ P(C_+) = P(C_-) + XP(C_0) \end{cases} \quad (5)$$

où 0 est le noeud trivial, c'est-à-dire le noeud ne possédant aucun croisement. On représente son diagramme par une boucle.

La première relation signifie que le polynôme du noeud trivial est le polynôme constant égal à 1.

La deuxième relation signifie que le polynôme du noeud contenant un croisement de type  $C_+$  est calculé en fonction du polynôme obtenu par la somme du polynôme de ce même noeud où

le croisement de type  $C_+$  est remplacé par un croisement de type  $C_-$  et du polynôme obtenu en remplaçant le croisement  $C_+$  par un croisement de type  $C_0$ .

Ainsi, les polynômes d'Alexander ( $A(t)$ ) et de Conway ( $P(X)$ ) du noeud en question vérifient :

$$A(t) = P(\sqrt{t} - \frac{1}{\sqrt{t}})$$

Voici un exemple d'utilisation de cette formule de récurrence pour le noeud de trèfle.



FIGURE 8 – Nœud de trèfle  
[3]

Dans la suite, le croisement sur lequel on appliquera la relation de récurrence sera indiqué en jaune.

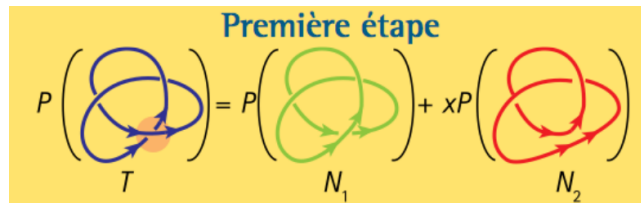


FIGURE 9  
[3]

Pour cette première étape, le noeud  $N_1$  en vert est le noeud trivial, dont le polynôme de Conway est 1.

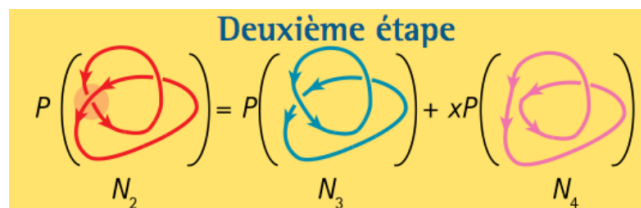


FIGURE 10  
[3]

Pour cette deuxième étape, on applique la relation de récurrence au nœud  $N_1$  de l'étape précédente. Le nœud  $N_4$  est le nœud trivial, et le nœud  $N_3$ , qui est en fait un entrelacs, est l'"union" de deux nœuds triviaux. Pour déterminer son polynôme, on a recours à une petite astuce.

**Troisième étape**

$$P\left(N_5\right) = P\left(N_5\right) + xP\left(N_3\right)$$

FIGURE 11

[3]

Cette troisième étape nous montre le lien qui existe entre le polynôme de  $N_3$  et le polynôme de  $N_5$  (nœud trivial), toujours en appliquant la relation de récurrence. On obtient ainsi l'équation :

$$\begin{aligned} \underbrace{1}_{=P(N_5)} &= \underbrace{1}_{=P(N_5)} + XP(N_3) \\ \iff XP(N_3) &= 0 \\ \iff P(N_3) &= 0 \end{aligned}$$

On peut maintenant déterminer le polynôme du nœud de trèfle en injectant les résultats obtenus.

$$\begin{aligned} P\left(N_1\right) &= P\left(N_1\right) + xP\left(N_2\right) \\ &= 1 + x\left(P\left(N_3\right) + xP\left(N_4\right)\right) \\ &= 1 + x\left(0 + x \cdot 1\right) = 1 + x^2 \end{aligned}$$

FIGURE 12

[3]

Ainsi, le polynôme de Conway du nœud de trèfle est

$$P = 1 + X^2$$

et son polynôme d'Alexander est :

$$A(t) = t + \frac{1}{t} - 1$$

**Remarque 3.** Le polynôme d'Alexander n'est pas un invariant complet. En effet, il existe par exemple des noeuds non-isotopes au noeud trivial dont leur polynôme d'Alexander est nul. On va par la suite prendre l'indéterminée  $X$  pour le polynôme d'Alexander.

## C. Théorèmes importants

### 1. Théorème de Reidemeister

**Théorème 1** (Théorème de Reidemeister). [1] *Deux noeuds sont isotopes si et seulement s'il existe une succession finie de mouvements de Reidemeister permettant d'obtenir un diagramme de l'un à partir d'un diagramme de l'autre.*

*Démonstration.* Admis.

*Idée :* On commence par montrer que toute projection  $P_1$  et  $P_2$  d'un même nœud  $K$  est connectée par une suite de mouvement de Reidemeister. On prouve ensuite que pour des projections des nœuds équivalents  $P_1$  et  $P_2$ , les projections sont équivalentes [4].

□

### 2. Caractère invariant du polynôme d'Alexander

La sous-partie suivante et les idées pour les démonstrations sont majoritairement tirées de [1].

On a vu, par le théorème de Reidemeister, que deux nœuds sont du même type (voir [1]) si et seulement si un diagramme de l'un est obtenu après une succession finie de mouvements de Reidemeister appliqués à un diagramme de l'autre. De plus, on a vu qu'un nœud peut être représenté par une matrice qui dépend du nombre de croisements, de l'orientation choisie, des types de croisement ... De ce fait, afin de montrer le caractère invariant du polynôme d'Alexander, il suffit de voir comment une des matrices représentant un nœud donné est modifiée par ces mouvements. Cependant, on aura besoin de quelques notions matricielles d'abord :

**Définition 7** ( $\varepsilon$ -équivalence). *On dira que deux matrices  $M$  et  $N$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes si on peut obtenir l'une à partir de l'autre avec une succession finie des mouvements suivants :*

- *Intervertir deux colonnes ou deux lignes (mouvement  $\varepsilon.1$ );*
- *Multiplier une ligne ou une colonne par  $\pm 1$  (mouvement  $\varepsilon.2$ );*
- *Additionner à une ligne (resp. à une colonne) une combinaison linéaire de lignes (resp. de colonnes) (mouvement  $\varepsilon.3$ );*
- *Ajouter à la matrice une ligne et une colonne de zéros avec un coefficient commun égal à 1 (mouvement  $\varepsilon.4$ )*

Par exemple :

$$\begin{pmatrix} 1 & 0 & \dots & 0 \\ 0 & & & \\ \vdots & & M & \\ 0 & & & \end{pmatrix};$$



— Multiplier une colonne ou une ligne par  $\pm X^n$  avec  $n$  un entier relatif (mouvement  $\varepsilon.5$ );

**Remarque 4.** Nous allons montrer que la classe d' $\varepsilon$ -équivalence ne dépend que du noeud considéré, c'est-à-dire que :

- Si  $M$  est une matrice de diagramme et  $p$  est un index de région, alors  $M_p$  et  $M_{p-1}$  (proposition 29) sont  $\varepsilon$ -équivalentes, et par conséquent toutes les matrices  $M_p$  (pour  $p$  index de région quelconque) sont 2 à 2  $\varepsilon$ -équivalentes;
- Si deux noeuds  $K_1$  et  $K_2$  sont équivalents, et si on considère des matrices  $M$  (resp.  $N$ ) représentant  $K_1$  (resp.  $K_2$ ) et  $p$  (resp.  $q$ ) un index de région pour  $K_1$  (resp.  $K_2$ ), alors  $M_p$  et  $N_q$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes.

**Proposition 3.** Si deux matrices carrées de même taille sont  $\varepsilon$ -équivalentes, alors leur déterminant diffère d'un facteur  $\pm X^n$  (avec  $n \in \mathbb{Z}$ ).

*Démonstration.* En termes de modification du déterminant, les mouvements  $\varepsilon.1$ ,  $\varepsilon.2$  et  $\varepsilon.5$ , se traduisent par une multiplication par  $\pm 1$  ou  $\pm X^n$ . Le mouvement  $\varepsilon.4$  ne change pas le déterminant, il suffit de développer le déterminant selon la colonne ou la ligne ajoutée par ce mouvement. Le mouvement  $\varepsilon.3$  ne change pas le déterminant.  $\square$

Soit  $M$  une matrice de diagramme et  $p$  un index de région. Dans un premier temps, montrons que  $M_p$  et  $M_{p-1}$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes. On notera comme précédemment  $r_k$  la région d'index  $k \in \{p-1, p, p+1\}$ , et on s'intéressera plus particulièrement aux régions d'index  $p-1$ ,  $p$  et  $p+1$ . Notons aussi  $R_k$  la somme des colonnes d'index  $k$ , et pour  $k \in \{p-1, p, p+1\}$ ,  $R'_k = R_k - r_k$ . Rappelons une relation dans la démonstration de la proposition 2 :

$$\sum_{i=0}^{n+1} \left( X^{s-p(r_i)} - 1 \right) r_i = \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix} \quad (6)$$

En prenant  $s = p$  dans cette équation, il vient que :

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^r \left( X^{p-k} - 1 \right) R_k &= \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix} \\ \Leftrightarrow \sum_{k \neq p-1, p, p+1} \left( X^{p-k} - 1 \right) R_k + (X-1) (R'_{p-1} + r_{p-1}) + (X^{-1} - 1) (R'_{p+1} + r_{p+1}) &= \begin{pmatrix} 0 \\ \vdots \\ 0 \end{pmatrix} \\ \Leftrightarrow \sum_{k \neq p-1, p, p+1} \left( X^{p-k} - 1 \right) R_k + (X-1) R'_{p-1} + \left( \frac{X-1}{X} \right) R'_{p+1} + \left( \frac{X-1}{X} \right) r_{p+1} &= -(X-1) r_{p-1} \end{aligned}$$

Tous les coefficients à gauche sont divisibles par  $-(X-1)$  dans  $\mathbb{Z}[X, X^{-1}]$ , donc en divisant par ce polynôme on obtient :

$$r_{p-1} = -\left(\frac{1}{X-1}\right) \sum_{k \neq p-1, p, p+1} (X^{p-k} - 1) R_k - R'_{p-1} - \left(\frac{1}{X}\right) R'_{p+1} - \left(\frac{1}{X}\right) r_{p+1}$$

Ainsi, effectuons le mouvement  $\varepsilon.3$  sur  $M_{p-1}$  :

$$r_{p+1} \leftarrow -\left(\frac{1}{X-1}\right) \sum_{k \neq p-1, p, p+1} (X^{p-k} - 1) R_k - R'_{p-1} - \left(\frac{1}{X}\right) R'_{p+1} - \left(\frac{1}{X}\right) r_{p+1}$$

Ainsi  $M_p$  et  $M_{p-1}$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes, et donc par transitivité  $M_p$  et  $M_q$  sont  $\varepsilon$ -équivalents pour des index  $p$  et  $q$  quelconques.

Montrons maintenant qu'un nombre fini de mouvements de Reidemeister conservent l' $\varepsilon$ -équivalence. Grâce à ce qui précède, on sait que les matrices  $M_p$  et  $M_{p-1}$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes, donc pour chaque mouvement de Reidemeister, il suffit de montrer que les matrices du départ et de la fin du mouvement sont  $\varepsilon$ -équivalentes.

### Mouvement de type I

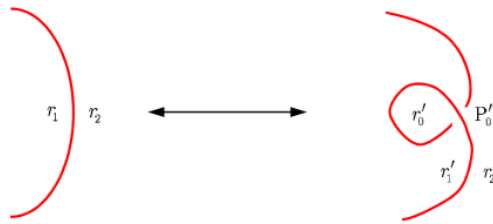


FIGURE 13 – Premier mouvement de Reidemeister

[1]

Soit  $M$  la matrice avant le mouvement,  $M_0$  issue de la matrice  $M$  après avoir supprimé ses colonnes  $r_1$  et  $r_2$ , et  $M'_0$  celle obtenue, à partir de la matrice représentant le diagramme dans la situation de droite, après avoir supprimé les colonnes  $r'_1$  et  $r'_2$ . Ainsi :

$$M = \begin{matrix} & \color{red}{r_1} & \color{red}{r_2} & \cdots & \cdots & \color{red}{r_{n+2}} \\ \color{blue}{P_1} & & & & & \\ \vdots & & & & & \\ \color{blue}{P_n} & & & & & \end{matrix} \left( \begin{array}{c|c} & \\ \vdots & \\ & M_0 \end{array} \right) \text{ et } M'_0 = \begin{matrix} & \color{red}{r'_0} & \color{red}{r_3} & \cdots & \color{red}{r_{n+2}} \\ \color{blue}{P'_0} & \pm 1, X & 0 & \cdots & 0 \\ \color{blue}{P_1} & 0 & & & \\ \vdots & \vdots & & & \\ \color{blue}{P_n} & 0 & & & \end{matrix} \left( \begin{array}{c|c} & \\ 0 & M_0 \end{array} \right)$$

Dû à l'apparition de la nouvelle région  $r'_0$  et du nouveau croisement  $P'_0$ , la matrice  $M$  du départ est modifiée. Le seul coefficient non-nul sur la colonne  $r'_0$  est celui du croisement  $P'_0$ . Il est clair que pour obtenir  $M'_0$ , il suffit d'effectuer le mouvement  $\varepsilon.4$  sur  $M_0$ , puis on effectue  $\varepsilon.5$  sur la matrice obtenue (multiplication par  $\pm 1$  ou  $\pm X$ ), d'où l' $\varepsilon$ -équivalence entre  $M'_0$  et  $M_0$ . Ainsi,  $M$  et  $M'_0$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes, donc le premier mouvement de Reidemeister conserve l' $\varepsilon$ -équivalence.

## Mouvement de type II

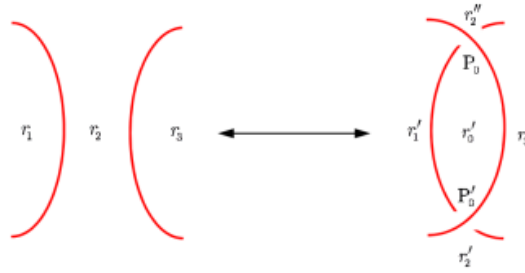


FIGURE 14 – Deuxième mouvement de Reidemeister

[1]

Notons à nouveau  $M$  la matrice avant le mouvement,  $M_0$  issue de  $M$  après avoir supprimé  $r_1$  et  $r_2$ ,  $M'$  la matrice après le mouvement, et  $M'_0$  la matrice obtenue en supprimant  $r'_1$  et  $r'_2$  de  $M'$ . Les nouvelles équations du second diagramme concernant l'apparition des nouveaux croisements  $P_0$  et  $P'_0$  sont les suivantes :

$$\begin{cases} p_0(r) = Xr'_2 - Xr'_1 + r'_0 - r'_3 = 0 \\ p'_0(r) = Xr'_1 - Xr'_2 + r'_3 - r'_0 = 0 \end{cases}$$

Ainsi la matrice  $M$  est :

$$M = \begin{matrix} & \color{red}{r_1} & \color{red}{r_2} & \color{red}{r_3} & \cdots & \color{red}{r_{n+2}} \\ \color{blue}{P_1} & & & & & \\ \vdots & & & & & \\ \color{blue}{P_n} & & & & & \end{matrix} \left( \begin{array}{c|c} & \\ \vdots & \\ & M_0 \end{array} \right)$$

et la matrice  $M'$  est :

$$M' = \begin{matrix} & \begin{matrix} r'_0 & r'_1 & r'_2 & r'_2 & r'_3 & \cdots & r_{n+2} \end{matrix} \\ \begin{matrix} P_0 \\ P'_0 \\ P_1 \\ \vdots \\ P_n \end{matrix} & \left( \begin{array}{cccc|cccc} 1 & -X & X & 0 & -1 & \cdots & 0 \\ -1 & X & 0 & -X & 1 & \cdots & 0 \\ 0 & & & & & & \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & & \\ 0 & & & & & & \end{array} \right) \end{matrix}$$

Nous devons alors montrer que  $M'_0$  est  $\varepsilon$ -équivalente à  $M_0$ . Par définition de  $M'_0$  :

$$M'_0 = \begin{matrix} & \begin{matrix} r'_0 & r'_2 & r'_3 & r_4 & \cdots & r_{n+2} \end{matrix} \\ \begin{matrix} P_0 \\ P'_0 \\ P_1 \\ \vdots \\ P_n \end{matrix} & \left( \begin{array}{cc|cccc} 1 & X & -1 & 0 & \cdots & 0 \\ -1 & 0 & 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & & & & & \\ \vdots & \vdots & & & & \\ 0 & & & & & \end{array} \right) \end{matrix}$$

Dans cette matrice, on additionne la première ligne à la deuxième et on obtient :

$$\left( \begin{array}{cc|cccc} 1 & X & -1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & X & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & & & & & \\ \vdots & \vdots & & & & \\ 0 & & & & & \end{array} \right)$$

De là, on additionne  $\pm X^{-1}L_2$  ou  $\pm L_2$  aux autres lignes afin d'obtenir des 0 sur la deuxième colonne en-dessous de la deuxième ligne. Finalement, on multiplie la deuxième colonne par  $X^{-1}$ , on soustrait la première colonne à la deuxième, et on additionne la première à la troisième. On obtient alors :

$$\left( \begin{array}{cc|cccc} 1 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 0 & & & & \\ \vdots & \vdots & & & & \\ 0 & 0 & & & & \end{array} \right)$$

Comme cette matrice résulte du mouvement  $\varepsilon.4$  effectué deux fois de suite sur  $M_0$ , elle est  $\varepsilon$ -équivalente à  $M_0$ . De plus, par ce qui précède,  $M'_0$  est  $\varepsilon$ -équivalente à cette matrice, d'où l' $\varepsilon$ -équivalence entre  $M_0$  et  $M'_0$ . On en déduit que le mouvement de type II conserve bien l' $\varepsilon$ -équivalence.

Avant de montrer le dernier résultat concernant le mouvement de type III, démontrons le lemme suivant :

**Proposition 4.** *Soit une matrice de diagramme  $M$  quelconque. Si  $\tilde{M}$  est la matrice  $M$  dont chaque coefficient a été remplacé par sa valeur absolue, alors  $\tilde{M}$  est  $\varepsilon$ -équivalente à  $M$ .*

*Démonstration.* Multiplions chaque colonne d'index  $p$  par  $(-1)^p$  pour tout index  $p \in \{0, \dots, r\}$ , alors chaque ligne n'aura que des coefficients positifs ou que des coefficients négatifs. En effet, intéressons-nous au croisement suivant où les deux régions d'index identiques ont l'index  $p$  :

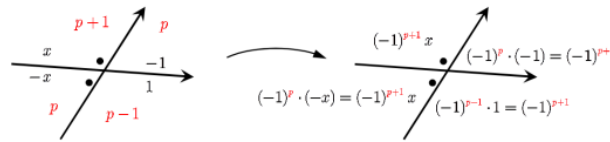


FIGURE 15 – Multiplication de chaque terme d'index  $k$  par  $(-1)^k$

[1]

Ainsi, on peut voir que chaque équation qui décrit un croisement donné est de la forme  $(-1)^k(X + X + 1 + 1)$ , il faut alors multiplier chaque ligne, où  $k$  est impair, par  $-1$ . Finalement, on obtient la matrice  $\tilde{M}$ , et on remarque qu'on n'a effectué sur  $M$  que des opérations d' $\varepsilon$ -équivalence, d'où le résultat voulu.  $\square$

**Proposition 5.** *Soit une matrice de diagramme  $M$ . Alors  $M$  et  ${}^tM$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes.*

*Démonstration.* Admis.  $\square$

### Mouvement de type III

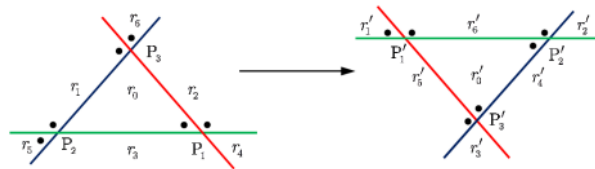


FIGURE 16 – Troisième mouvement de Reidemeister

[1]

Il y a le même nombre de croisements et de régions avant et après le mouvement, donc les matrices  $M$  (avant) et  $M'$  (après) sont de même taille. Notons  $N = {}^t\tilde{M}$  et  $N' = {}^t\tilde{M}'$ . D'après le diagramme :

$$M = \begin{matrix} & \begin{matrix} r_0 & r_1 & r_2 & r_3 & r_4 & r_5 & r_6 & r_7 & \cdots & r_{n+1} \end{matrix} \\ \begin{matrix} P_1 \\ P_2 \\ P_3 \\ P_4 \\ \vdots \\ P_n \end{matrix} & \begin{pmatrix} -X & 0 & X & 1 & -1 & 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ -1 & X & 0 & 1 & 0 & -X & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 1 & -X & -1 & 0 & 0 & 0 & X & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ 0 & & & \cdots & & & & \cdots & & \end{pmatrix} \end{matrix}$$

$$M' = \begin{matrix} & \begin{matrix} r'_0 & r'_1 & r'_2 & r'_3 & r'_4 & r'_5 & r'_6 & r_7 & \cdots & r_{n+1} \end{matrix} \\ \begin{matrix} P'_1 \\ P'_2 \\ P'_3 \\ P_4 \\ \vdots \\ P_n \end{matrix} & \begin{pmatrix} -1 & -X & 0 & 0 & 0 & 1 & X & 0 & \cdots & 0 \\ -X & 0 & -1 & 0 & 1 & 0 & X & 0 & \cdots & 0 \\ X & 0 & 0 & 1 & -1 & -X & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ 0 & & & \cdots & & & & \cdots & & \end{pmatrix} \end{matrix}$$

Donc on a :

$$N = \begin{pmatrix} X & 1 & 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & X & X & & \cdots & \\ X & 0 & 1 & & \cdots & \\ 1 & 1 & 0 & & \cdots & \vdots \\ 1 & 0 & 0 & & \cdots & \\ 0 & X & 0 & & \cdots & \\ 0 & 0 & X & & \cdots & \\ 0 & 0 & 0 & & \cdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & & & \\ 0 & 0 & 0 & & \cdots & \end{pmatrix}$$

$$N' = \begin{pmatrix} 1 & X & X & 0 & \cdots & 0 \\ X & 0 & 0 & & \cdots & \\ 0 & 1 & 0 & & \cdots & \\ 0 & 0 & 1 & & \cdots & \vdots \\ 0 & 1 & 1 & & \cdots & \\ 1 & 0 & X & & \cdots & \\ X & X & 0 & & \cdots & \\ 0 & 0 & 0 & & \cdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & & & \\ 0 & 0 & 0 & & \cdots & \end{pmatrix}$$

On pose  $P = N'.A$  où  $A$  est la matrice carrée de taille  $n$  définie par :

$$A = \begin{pmatrix} -X & 0 & 0 & 0 & & \cdots & 0 \\ X & 0 & 1 & 0 & & \cdots & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & & \cdots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \ddots & & \vdots \\ \vdots & & & \vdots & & \ddots & 0 \\ 0 & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & & 1 \end{pmatrix}$$

Multiplier  $N'$  par  $A$  revient à effectuer sur  $N'$  des combinaisons linéaires de lignes, donc  $P \sim N'$   
et :

$$P = \begin{pmatrix} X^2 & X & X & 0 & \cdots & 0 \\ -X^2 & 0 & 0 & & \cdots & \\ X & 0 & 1 & & \cdots & \\ 1 & 1 & 0 & & \cdots & \vdots \\ X+1 & 1 & 1 & & \cdots & \\ 0 & X & 0 & & \cdots & \\ 0 & 0 & X & & \cdots & \\ & & & & & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & & & \end{pmatrix}$$

Finalement, on effectue sur  $P$  les opérations d' $\varepsilon$ -équivalence suivantes dans l'ordre :

1. On additionne la première ligne à la deuxième ;
2. On multiplie la première ligne par  $X^{-1}$  ;
3. On soustrait la première ligne (après la dernière opération) à la cinquième ligne ;

On remarque que la matrice obtenue est  $N$ .  $N \sim P \sim N'$  donc  $N \sim N'$ , d'après la proposition 4,  $M \sim \tilde{M}$  et  $M' \sim \tilde{M}'$ , puis par la proposition 5,  $\tilde{M} \sim {}^t\tilde{M} = N$  et  $\tilde{M}' \sim {}^t\tilde{M}' = N'$ , d'où finalement l' $\varepsilon$ -équivalence entre  $M$  et  $M'$ .

### Conclusion :

On vient de montrer que l' $\varepsilon$ -équivalence est stable par chaque mouvement de Reidemeister, donc elle est stable par une succession finie de ces derniers. On en déduit au passage que si deux noeuds de matrices  $M$  et  $N$  sont isotopes, alors les matrices  $M_p$  et  $N_q$  sont  $\varepsilon$ -équivalentes.

**Théorème 2** (Caractère invariant du polynôme d'Alexander). *Le polynôme d'Alexander d'un noeud donné est invariant après un nombre fini de mouvements de Reidemeister opérés sur ce noeud.*

*Démonstration.* Cette preuve repose sur l'utilisation des matrices du diagramme d'un noeud : Considérons deux noeuds  $K_1$  et  $K_2$  équivalents de matrices respectives  $M$  et  $M'$ . Par le théorème de Reidemeister, pour passer de  $M$  à  $M'$ , il suffit d'appliquer une succession finie de mouvements de Reidemeister. Par ce qui précède, cela implique que les matrices  $M_p$  et  $M'_q$ , pour tout index  $p$  et  $q$ , sont dans la même classe  $\Omega$  d' $\varepsilon$ -équivalence. Or, ces matrices étant carrées de la même taille et  $\varepsilon$ -équivalentes, la proposition 3 entraîne :

$$\exists k \in \mathbb{Z}, \det(M'_q) = \pm X^k \det(M_p)$$



donc par définition du polynôme d'Alexander, si  $P_1$  est celui de  $K_1$  et  $P_2$  est celui de  $K_2$  :

$$\exists k' \in \mathbb{Z}, P_2(X) = \pm X^{k'} P_1(X)$$

Donc  $P_1(X)$  est le facteur commun des déterminants des matrices  $M'_q$  (ou  $P_2(X)$  est le facteur commun des déterminants des matrices  $M_p$ ), donc par définition du polynôme d'Alexander :

$$P_1 = P_2$$

Ainsi, le polynôme d'Alexander est le même pour deux noeuds isotopes, i.e. il est invariant par une succession finie de mouvements de Reidemeister.  $\square$

**Remarque 5.** Ceci montre que le polynôme d'Alexander est un invariant de noeud, mais **il n'est pas un invariant complet**. En effet, à partir de 9 croisements, il est possible de trouver des noeuds de même polynôme d'Alexander-Conway, mais qui ne sont pas isotopes. Par exemple :

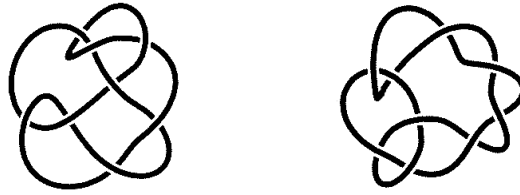


FIGURE 17 – Des noeuds premiers/non-triviaux :  $8_{14}$  à gauche,  $9_8$  à droite  
[5]

Ces deux noeuds ont le même polynôme d'Alexander :

$$-2X^2 + 8X - 11 + 8X^{-1} - 2X^{-2}$$

mais ils ont des polynômes de Jones différents :

$$J_{\text{gauche}}(q) = q - 2 + \frac{4}{q} - \frac{5}{q^2} + \frac{6}{q^3} - \frac{5}{q^4} + \frac{4}{q^5} - \frac{3}{q^6} + \frac{1}{q^7}$$

respectivement :

$$J_{\text{droite}}(q) = q^3 - 2q^2 + 3q - 4 + \frac{5}{q} - \frac{5}{q^2} + \frac{5}{q^3} - \frac{3}{q^4} + \frac{2}{q^5} - \frac{1}{q^6}$$

Or, le polynôme de Jones est un autre invariant de noeuds, donc ces deux noeuds ci-dessus ne sont pas isotopes, donc le polynôme d'Alexander n'est pas un invariant complet.

# Deuxième partie

## Application des groupes fondamentaux à la théorie des nœuds

### D. Quelques notions sur les groupes fondamentaux

#### 1. Notions de topologie

Soit  $\Omega$  un espace topologique.

**Définition 8** (Chemin). [6] *Un chemin est une application continue  $\varphi : [0, 1] \longrightarrow \Omega$ . On appelle  $\varphi(0)$  l'origine et  $\varphi(1)$  l'extrémité du chemin.*

**Définition 9** (Espace connexe par arcs). [6] *Un espace  $\Omega$  est connexe par arcs si pour tout  $(x, y) \in \Omega^2$ , il existe un chemin qui relie ces deux éléments. C'est-à-dire qu'il existe  $\varphi : [0, 1] \longrightarrow \Omega$ , continue, telle que  $\varphi(0) = x$  et  $\varphi(1) = y$  ou telle que  $\varphi(0) = y$  et  $\varphi(1) = x$ .*

**Définition 10** (Lacet). [6] *Un lacet est un chemin  $\varphi$  dont l'origine et l'extrémité coïncident, c'est-à-dire que  $\varphi(0) = \varphi(1) = x$ . On dit que le lacet est basé en  $x$ .*

**Définition 11** (Chemins (ou lacets) composables). [6] *On dit que deux chemins (ou lacets)  $\gamma_1$  et  $\gamma_2$  sont composables si et seulement si :  $\gamma_1(1) = \gamma_2(0)$ . On peut construire la composée de ces deux chemins (ou lacets) par  $\gamma = \gamma_1 \bullet \gamma_2$  avec :  $\gamma \upharpoonright_{[0, 1/2]} : t \longrightarrow \gamma_1(2t)$  et  $\gamma \upharpoonright_{[1/2, 1]} : t \longrightarrow \gamma_2(2t - 1)$ .*

**Définition 12** (Chemin (ou lacet) inverse). [6] *Soit  $\gamma : [0, 1] \longrightarrow \Omega$ . On appelle chemin (resp. lacet) inverse de  $\gamma$  le chemin (resp. lacet) qui à  $t$  associe  $\gamma(1 - t)$  et on le note  $\bar{\gamma}$ .*

**Proposition 6.** *Soient  $\gamma_1$  et  $\gamma_2$  deux chemins (ou lacets) composables, c'est-à-dire que  $\gamma_1(1) = \gamma_2(0)$ . Alors, on a :*

$$\overline{(\gamma_1 \bullet \gamma_2)} = \bar{\gamma}_2 \bullet \bar{\gamma}_1.$$

**Définition 13** (Chemin (ou lacet) constant). [6] *Soit  $\gamma : [0, 1] \longrightarrow \Omega$ , un chemin (resp. lacet).  $\gamma$  est appelé chemin (resp. lacet) constant en  $x$  si*

$$\forall t \in [0, 1], \gamma(t) = x.$$

**Définition 14** (Chemins homotopes (équivalents)). [6] *Deux chemins  $\gamma_0$  et  $\gamma_1$  sont homotopes (équivalents) à extrémités fixes s'il existe une application  $\delta : [0, 1] \times [0, 1] \longrightarrow \Omega$  telle que :*

- $\delta$  est continue sur  $[0, 1] \times [0, 1]$ ,
- $\delta(t, 0) = \gamma_0(t)$ ,

- $\delta(t, 1) = \gamma_1(t)$ ,
- $\delta(0, s) = \gamma_0(0) = \gamma_1(0)$ ,
- $\delta(1, s) = \gamma_0(1) = \gamma_1(1)$ .

Cette relation s'applique également aux lacets. On note  $\gamma_1 \sim \gamma_2$  la relation d'équivalence entre  $\gamma_1$  et  $\gamma_2$  et  $[\gamma]$  la classe d'équivalence de  $\gamma$  à extrémités fixes.

**Notation 1.** [6] On note  $L(\Omega, x)$  l'ensemble des lacets basés en  $x$ .

**Proposition 7.** [6] Tous les lacets au sein d'un même espace convexe sont deux à deux équivalents.

*Démonstration.* Admis. L'idée est de montrer que tous les lacets, basés en un même point  $x$  quelconque, sont deux à deux équivalents. Puis on considère un triangle dont les sommets sont des points  $x, y$  et  $z$  quelconques de l'espace convexe. Le triangle tout entier est bien contenu dans l'espace considéré car celui-ci est convexe, et on remarque que son bord définit un lacet basé en  $x, y$  et  $z$ . On conclut alors par transitivité.  $\square$

## 2. Groupes fondamentaux

**Définition 15.** [6] Soit l'ensemble des classes d'homotopies de lacets basés en  $x$  :

$$\pi_1(\Omega, x) = L(\Omega, x) / \sim$$

(où  $\sim$  est la relation d'homotopie à l'extrémité fixe). On munit cet ensemble de la loi de composition interne  $\bullet$ , ce groupe s'appelle le groupe fondamental de  $x$ .

**Proposition 8.** [6] Le groupe fondamental d'un espace connexe ne dépend pas d'un point base.

**Proposition 9.** [6] Soit  $f : \Omega \longrightarrow \Omega'$  une application continue d'espaces topologiques et  $\gamma \in L(\Omega, x)$ . On a :

- $f \circ \gamma = f_\gamma \in L(\Omega', y)$
- Si  $\gamma$  et  $\gamma'$  sont homotopes, alors  $f_\gamma$  et  $f_{\gamma'}$  le sont aussi

Dans la suite, on suppose que  $f : \Omega \longrightarrow \Omega'$  et  $g : \Omega \longrightarrow \Omega'$ .

On a alors une application  $f_* : \pi_1(\Omega, x) \longrightarrow \pi_1(\Omega', f(x))$  qui à chaque classe d'homotopie du lacet  $\gamma$  associe la classe du lacet  $f_\gamma$ . On a :

- $(f \circ g)_* = f_* \circ g_*$
- $id_* = id$

**Proposition 10.** [6] Si  $f \sim g$ , alors  $f_* \sim g_*$

**Proposition 11.** [9] Si  $h : \Omega \longrightarrow \Omega'$  est un homéomorphisme alors  $h_*$  est un isomorphisme entre  $\pi_1(\Omega, x_0)$  et  $\pi_1(\Omega', h(x_0))$ .

**Proposition 12.** [6] Deux espaces homéomorphes ont des groupes fondamentaux isomorphes.

**Proposition 13.** [6] *Un espace est simplement connexe si et seulement si son groupe fondamental est trivial.*

**Proposition 14.** [6] *Soit  $\Omega$  et  $\Omega'$  deux espaces topologiques. On a :*

$$\pi_1(\Omega \times \Omega', (x_0, y_0)) \approx \pi_1(\Omega, x_0) \times \pi_1(\Omega', y_0)$$

**Définition 16.** [6] *On appelle équivalence d'homotopie une application continue  $f : (X, x) \longrightarrow (Y, y)$  qui possède une "inverse à homotopie près", c'est-à-dire une application  $g : (Y, y) \longrightarrow (X, x)$  telle que  $f \circ g \sim id(Y)$  et  $g \circ f \sim id(X)$ , on dit que  $X$  et  $Y$  ont le même type d'homotopie.*

**Proposition 15.** [6] *Si  $X \sim Y$ , alors  $\pi_1(X) \approx \pi_1(Y)$*

### 3. Produits libres de groupes

**Définition 17.** [7] *Soit  $A$  un ensemble non vide.*

*On dit que  $A$  est un **alphabet** composé de symboles appelés **lettres** et que toute succession finie d'éléments de  $A$  est un **mot**. Cette suite de mot peut être nulle. Si elle l'est, on note alors  $\{\}$  ou  $\varepsilon$  le **mot vide**.*

*Si plusieurs mêmes lettres se suivent, par exemple  $aaa$ , alors on peut simplement écrire  $a^3$  pour avoir une écriture simplifiée.*

*On note  $A^*$  l'ensemble des mots sur  $A$ . Cette ensemble vérifie :*

- $\varepsilon \in A^*$
- $\forall v \in A, \forall a \in A^*, va \in A^*$

*Sur cet ensemble, on peut définir une loi de composition interne, notée  $\bullet$ , appelé concaténation, tel que :*

$$\bullet : A^* \times A^* \longrightarrow A^*$$

*avec*

- $\forall a \in A^*, \varepsilon \bullet a = a$
- $\forall a, b \in A^*, va \bullet b = v \bullet ab$

*On a donc que  $\bullet$  est **associative** et admet comme **élément neutre**  $\varepsilon$ .*

**Exemple 1.** [7]

- Si  $A = \{a, b, \dots, z\}$ , alors *banane* est un mot sur  $A$ .
- Si  $A = \{0, 1\}$ , alors  $11110010$  est un mot sur  $A$ . Avec l'écriture simplifiée, on obtiendrait  $1^4 0^2 10$ .

**Définition 18** (Produit libre de groupes). [8] *Soient  $G_1$  et  $G_2$  deux groupes.*

*On considère  $A := G_1 \cup G_2$ .*

*Pour tout mot  $u = x_{i_1} \dots x_{i_k} x_{i_{k+1}} \dots x_{i_n}$  et  $v = x_{i_1} \dots (x_{i_k} x_{i_{k+1}}) \dots x_{i_n}$  sur  $A^*$  avec les  $x_{i_k}$  des lettres de  $A$  et  $(x_{i_k} x_{i_{k+1}})$  en tant que lettre de  $A$ , on dira par définition que  $u$  et  $v$  sont **élémentairement***

**équivalents.** De même si  $u = x_{i_1} \dots x_{i_k} e_A x_{i_{k+1}} \dots x_{i_n}$  et  $v = x_{i_1} \dots x_{i_k} x_{i_{k+1}} \dots x_{i_n}$  avec  $e_A$  l'élément neutre de  $A$ . On note alors  $u \mathcal{R} v$ .

On peut alors définir pour n'importe quels mots  $u$  et  $v$  sur  $A^*$  une relation d'équivalence notée  $\sim$  telle que :

$u \sim v \iff$  On peut passer de  $u$  à  $v$  en passant par une suite finie d'équivalences élémentaires.  
En d'autres termes :

$$u \sim v \iff \exists u_0, \dots, u_n \in A^*, u_0 = u, u_n = v \text{ et } \forall i \in \{0, \dots, n-1\}, u_i \mathcal{R} u_{i+1}$$

Ainsi, en munissant  $A^*_{/\sim}$  de  $\bullet_{/\sim}$ , on construit un nouveau groupe, noté  $G_1 * G_2$  appelé **groupe libre de  $G_1$  et  $G_2$** .

**Proposition 16.** [6] Soient  $G_1, G_2$  des groupes et  $\theta_1 : G_1 \longrightarrow G_1 * G_2$  et  $\theta_2 : G_2 \longrightarrow G_1 * G_2$  des morphismes de groupes injectifs.

Alors pour tout groupe  $G$ , et pour n'importe quels morphismes  $\mu_1 : G_1 \longrightarrow G$  et  $\mu_2 : G_2 \longrightarrow G$ ,  $\exists! \mu : G_1 * G_2 \longrightarrow G$  morphisme tel que

$$\mu \circ \theta_1 = \mu_1 \text{ et } \mu \circ \theta_2 = \mu_2$$

.

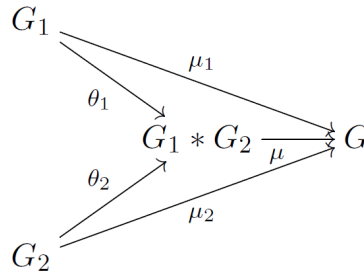


FIGURE 18

[6]

**Proposition 17.** [6] Les groupes libres de rangs finis sont isomorphes à  $\mathbb{Z} * \mathbb{Z} * \dots * \mathbb{Z}$ .

## 4. Sommes amalgamées

**Définition 19** (Sommes amalgamées). [6] Soient  $G, G_1$  et  $G_2$  des groupes et soient  $\phi_1 : G \longmapsto G_1$  et  $\phi_2 : G \longmapsto G_2$  deux morphismes de groupes. On considère les deux applications  $\theta_1 : G_1 \longmapsto G_1 * G_2$  et  $\theta_2 : G_2 \longmapsto G_1 * G_2$ . Soit  $N$  le plus petit sous-groupe distingué de  $G_1 * G_2$  qui contient  $(\theta_1 \circ \phi_1(g))(\theta_2 \circ \phi_2(g))^{-1}$  pour tout  $g \in G$ . Alors le groupe quotient  $(G_1 * G_2)/N$ , noté  $G_1 *_G G_2$ , s'appelle **somme amalgamée** de  $G_1$  et  $G_2$  par  $G$ .

**Proposition 18.** [6] Soit  $\mu$  la surjection canonique de  $G_1 * G_2 \twoheadrightarrow G_1 \star_G G_2$  telle que

$$\mu \circ \theta_1 \circ \varphi_1 = \mu \circ \theta_2 \circ \varphi_2.$$

En posant  $\mu_i = \mu \circ \theta_i$ , le diagramme suivant commute.

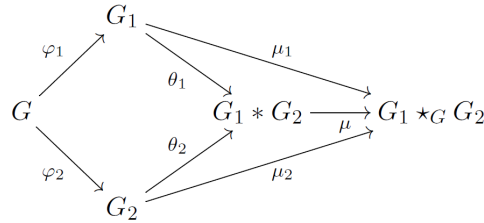


FIGURE 19

[6]

**Théorème 3** (Propriété universelle de la somme amalgamée). [6] Soit  $H$  un groupe. Soient  $\psi_1 : G_1 \twoheadrightarrow H$  et  $\psi_2 : G_2 \twoheadrightarrow H$  des morphismes de groupes tels que  $\psi_1 \circ \varphi_1 = \psi_2 \circ \varphi_2$ .

Alors, il existe un unique morphisme  $\psi : G_1 \star_G G_2 \twoheadrightarrow H$  qui étend  $\psi_1$  et  $\psi_2$ , c'est-à-dire  $\psi_1 = \psi \circ \mu_1$  et  $\psi_2 = \psi \circ \mu_2$ .

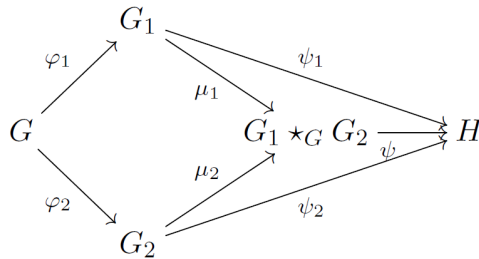


FIGURE 20

[6]

## 5. Théorème de Van Kampen

**Théorème 4** (Théorème de Van Kampen). [6] On suppose que  $\Omega = U_1 \cup U_2$ , où :

- $U_1$  et  $U_2$  sont des ouverts connexes par arcs,
- $U_0 = U_1 \cap U_2$  est un ouvert connexe par arcs.

Alors, pour  $x \in U_0$ ,  $\pi_1(\Omega, x)$  est la somme de  $\pi_1(U_1, x)$  et  $\pi_1(U_2, x)$  amalgamée par  $\pi_1(U_0, x)$ .

Autrement dit, on a

$$\pi_1(\Omega, x) = \pi_1(U_1, x) \star_{\pi_1(U_0, x)} \pi_1(U_2, x).$$

## E. Applications des groupes fondamentaux aux nœuds

Dans cette section, on va déterminer le groupe fondamental du nœud de trèfle et du nœud de huit et voir également que les groupes fondamentaux constituent un invariant de nœud.

Les sous-parties suivantes et les idées des démonstrations sont majoritairement tirées de [6].

### 1. Représentation du nœud polygonal

Pour déterminer le groupe fondamental d'un nœud  $\mathcal{K}$ , on ne travaillera pas directement sur ce nœud mais sur une projection orthogonale de ce nœud sur un plan  $\mathcal{P}$ .

Cette projection sera une ligne polygonale fermée qui possédera un nombre fini de points singuliers. Ces derniers seront à l'intérieur des côtés (appelés croisements) et seront au plus des points doubles. On orientera également le nœud et on respectera la convention suivante : au niveau d'un croisement, on "effacera" un petit segment autour de ce croisement sur la ligne qui "passe" au-dessous.

Par exemple, pour le nœud de trèfle, figure 1, on obtiendra la représentation suivante.

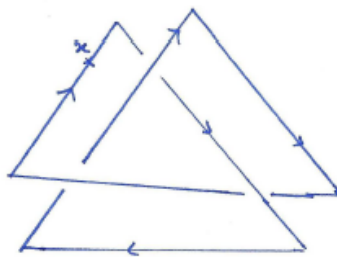


FIGURE 21

[6]

On définit également sur ce plan  $\mathcal{P}$  un repère  $(O, x, y)$  complété par la droite  $Oz$ , notée  $\mathcal{D}$ .

### 2. Groupe du nœud de trèfle

On note  $\mathcal{K}$  le nœud de trèfle.

Dans la représentation précédente, si au niveau de chaque croisement, on "casse" la ligne du dessous, on constate que l'on obtient un ensemble fini de lignes brisées, que l'on notera  $\alpha_i$ .

Le groupe fondamental  $\pi_1(\mathbb{R}^3 \setminus \mathcal{K}, P)$  pour  $P \in \mathcal{D}$  (au-dessus du nœud) est engendré par les lacets basés en  $P$  qui tournent autour des lignes brisées  $\alpha_i$  dans le sens direct (trigonométrique).

L'orientation du nœud permet de nommer les lignes brisées et les croisements. En effet, comme le montre la figure ci-après, pour le segment représentant l'arc qui passe au dessous du croisement  $i$ , on appelle  $a_i$  le segment qui s'arrête avant et  $a_{i+1}$  celui qui commence après.

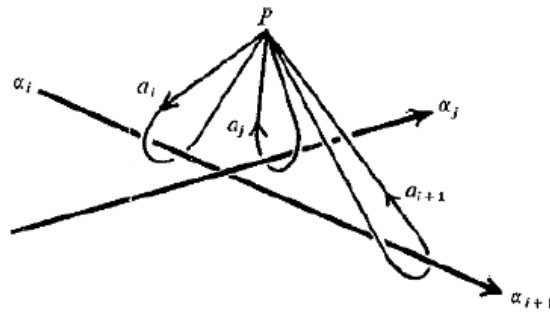


FIGURE 22

[6]

On obtient ainsi :

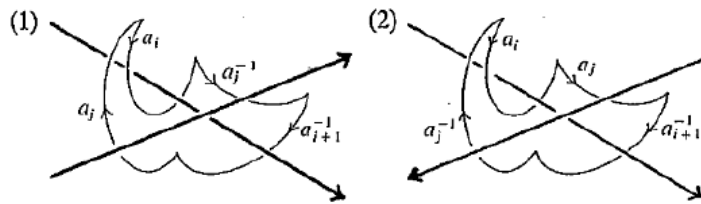


FIGURE 23

[6]

On trouve ainsi les relations suivantes :

- pour le croisement (1) :  $a_i \bullet \bar{a}_j \bullet \bar{a}_{i+1} \bullet a_j = 1$  ;
- pour le croisement (2) :  $a_i \bullet a_j \bullet \bar{a}_{i+1} \bullet \bar{a}_j = 1$ .

Voici la projection du nœud de trèfle :





$$\pi_1(\mathcal{B}, x) = \{1\}$$

On admet aussi que  $\pi_1(\mathcal{A} \cap \mathcal{B}, x)$  est un groupe libre de rang 6, i.e. que l'ensemble dont il est le groupe libre est de cardinal 6. De plus, le théorème de Van Kampen nous donne la relation suivante :

$$\pi_1(\mathbb{R}^3 \setminus \mathcal{K}, x) = \pi_1(\mathcal{A}, x) \star_{\pi_1(\mathcal{A} \cap \mathcal{B}, x)} \pi_1(\mathcal{B}, x)$$

Ensuite,

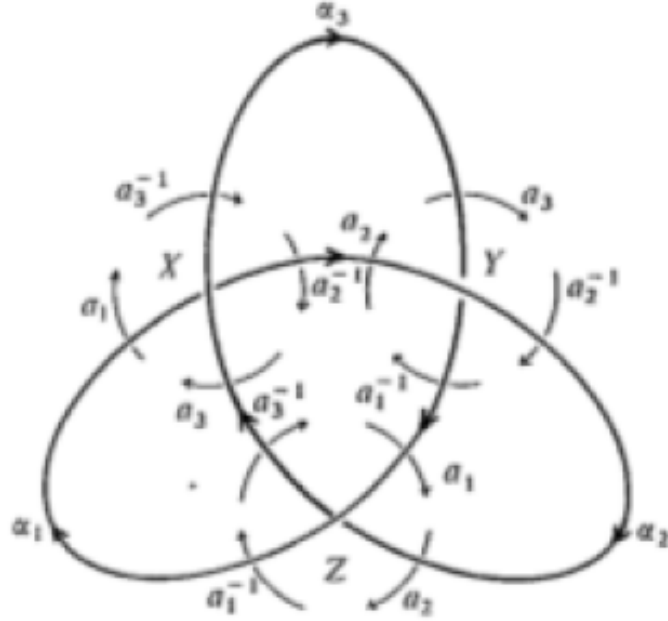


FIGURE 26

[6]

D'après la relation qu'on a pour les croisements de type (1), on obtient le système suivant :

$$\begin{cases} a_1 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 = 1 & (1) \\ a_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_1 \bullet a_2 = 1 & (2) \\ a_2 \bullet \bar{a}_1 \bullet \bar{a}_3 \bullet a_1 = 1 & (3) \end{cases}$$

$$(1) \iff a_1 = \overline{(\bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3)} = \bar{a}_3 \bullet \bar{\bar{a}_2} \bullet \bar{\bar{a}_3} = \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3.$$

On injecte (1) dans (2).

$$\begin{aligned}
& a_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet \overline{(\bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3)} \bullet a_2 = 1 \\
& \iff a_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet a_2 = 1 \\
& \iff \bar{a}_3 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet a_2 = \bar{a}_3 \\
& \iff \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet a_2 = \bar{a}_3 \\
& \iff \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet (a_3 \bullet a_2) \bullet \overline{(a_3 \bullet a_2)} = \bar{a}_3 \bullet \overline{(a_3 \bullet a_2)} \\
& \iff \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 = \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet \bar{a}_3 \\
& \iff \overline{(a_2 \bullet a_3 \bullet a_2)} = \overline{(a_3 \bullet a_2 \bullet a_3)} \\
& \iff a_2 \bullet a_3 \bullet a_2 = a_3 \bullet a_2 \bullet a_3.
\end{aligned}$$

D'où

$$\begin{aligned}
(a_2 \bullet a_3 \bullet a_2)^2 &= (a_2 \bullet a_3 \bullet a_2) (a_3 \bullet a_2 \bullet a_3) \\
&= (a_2 \bullet a_3) (a_2 \bullet a_3) (a_2 \bullet a_3) \\
&= (a_2 \bullet a_3)^3.
\end{aligned}$$

On pose  $a = a_2 \bullet a_3 \bullet a_2$  et  $b = a_2 \bullet a_3$ .

On a ainsi  $a^2 = b^3$ .

Donc  $G(\mathcal{K}) = \langle a, b : a^2 = b^3 \rangle$ .

### 3. Groupe du nœud de huit



FIGURE 27

[6]

De la même manière qu'avec le nœud de trèfle, on peut "décomposer" la projection du nœud sur un plan en quatre lignes brisées  $\alpha_1, \dots, \alpha_4$ .

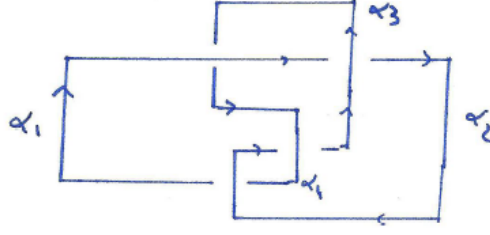


FIGURE 28

[6]

De la même manière que précédemment, en appliquant le théorème de Van Kampen, on a  $\pi_1(\mathcal{A}) = \mathbb{Z} * \mathbb{Z} * \mathbb{Z} * \mathbb{Z}$ ,  $\pi_1(\mathcal{B}) = \{1\}$  et  $\pi_1(\mathcal{A} \cap \mathcal{B}) = \underbrace{\mathbb{Z} * \dots * \mathbb{Z}}_{8 \text{ fois}}$ .

Grâce aux relations que l'on possède pour les croisements de type (1) et (2), on obtient le système suivant.

$$\begin{cases} a_1 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 = 1 & (1) \\ a_2 \bullet a_4 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_4 = 1 & (2) \\ a_3 \bullet \bar{a}_1 \bullet \bar{a}_4 \bullet a_1 = 1 & (3) \\ a_4 \bullet a_2 \bullet \bar{a}_1 \bullet \bar{a}_2 = 1 & (4) \end{cases}$$

On a  $(1) \iff a_1 = \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3$ .

On va maintenant injecter (1) dans les trois autres équations du système.

$$\begin{cases} a_2 \bullet a_4 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_4 = 1 \\ a_3 \bullet (\bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3) \bullet \bar{a}_4 \bullet (\bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3) = 1 \\ a_4 \bullet a_2 \bullet (\bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3) \bullet \bar{a}_2 = 1 \end{cases}$$

$$\iff \begin{cases} a_2 \bullet a_4 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_4 = 1 \\ \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_4 \bullet \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3 = 1 \\ a_4 \bullet a_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2 = 1 \end{cases}$$

Maintenant, on va isoler  $a_4$ .

$$\begin{aligned}
& \left\{ \begin{array}{l} a_2 \bullet a_4 = \overline{(\bar{a}_3 \bullet \bar{a}_4)} \\ \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_4 \bullet = \overline{(\bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3)} \\ a_4 = \overline{(a_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2)} \end{array} \right. \\
& \iff \left\{ \begin{array}{l} a_2 \bullet a_4 = a_4 \bullet a_3 \\ \bar{a}_4 = \overline{(\bar{a}_2 \bullet a_3)} \bullet \overline{(\bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3)} \\ a_4 = a_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2 \end{array} \right. \\
& \iff \left\{ \begin{array}{ll} a_2 \bullet a_4 = a_4 \bullet a_3 & (1) \\ a_4 = \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 & (2) \\ a_4 = a_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2 & (3) \end{array} \right.
\end{aligned}$$

En injectant (2) dans le membre de gauche de (1) et (3) dans le membre de droite de (1), on constate que l'égalité est vérifiée.

On a donc (2) = (3), c'est-à-dire :

$$\bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2 \bullet a_3 = a_2 \bullet \bar{a}_3 \bullet a_2 \bullet a_3 \bullet \bar{a}_2.$$

En posant  $a = a_2$  et  $b = a_3$ , on a donc

$$\pi_1(\mathbb{R} \setminus \mathbb{K}) = \langle a, b : \bar{b} \bullet a \bullet b \bullet \bar{a} \bullet b = a \bullet \bar{b} \bullet a \bullet b \bullet \bar{a} \rangle.$$

# Troisième partie

## Application à l'ADN

### F. Topologie et ADN, quel est le lien ?

Cette partie est adaptée de : [9], [10], [11], [12], [13], [14], [15].

L'ADN, cœur de l'information génétique chez les êtres vivants, est une molécule codée par des séquences nucléotidiques, formant ainsi deux brins qui s'enroulent sur eux-mêmes semblables à des nœuds.

#### 1. Structure de l'ADN

##### a. Structure primaire

On désigne la structure primaire de l'ADN comme sa composition biologique.

L'ADN est une macro molécule constituée de nucléotides, eux même ayant une structure particulière. En effet, un nucléotide est une structure chimique composée d'une base azotée, d'un phosphate et d'un sucre (sucre à 5 atomes de carbone : désoxyribose). Les bases azotées étant au nombre de 4, il existe donc 4 types de nucléotides :

- Cytosine
- Guanine
- Adénine
- Thymine

Sur un brin d'ADN se retrouve donc une succession de nucléotide relié par le groupe phosphate. Les atomes de carbone du sucre sont numérotés de 1' à 5' et les nucléotides se relient ainsi :

Une molécule de phosphate relie le carbone 3' du premier sucre au carbone 5' du sucre suivant, qui lui-même associe son carbone 3', à travers une molécule de phosphate, au carbone 5' du sucre suivant, et ainsi de suite de proche en proche [12]. On peut alors distinguer sur le brin d'ADN une extrémité 3' terminée par le sucre et 5' terminée par un phosphate.

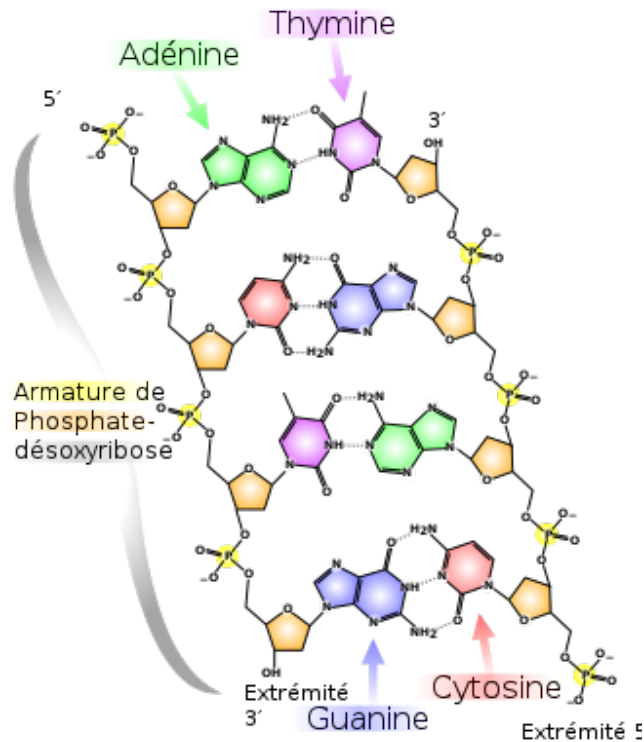


FIGURE 29 – Structure d'un double brin d'ADN  
[16]

On peut retrouver l'ADN sous forme monocaténaire, autrement dit à un seul brin, comme l'ARN messager ou en double brin. Dans ce deuxième cas, deux brins sont reliés au niveau des bases azotés par des liaisons hydrogènes, plus spécifiquement on a :

- Les bases cytosine et guanine qui se relient ensemble par 3 liaisons hydrogène
- Les base adénine et thymine qui se relient par 2 liaisons hydrogène

On a donc des bases qui fonctionnent par paire (l'adénine par exemple ne se relie jamais à une cytosine), on parle de complémentarité. Ainsi, les deux brins de la double hélice d'ADN sont complémentaires et sont relié dans des sens opposé. En effet, le côté 5' d'un brin sera relié avec le coté 3' de l'autre brin et vice et versa.

## b. Structure secondaire

La structure secondaire de l'ADN est l'enroulement des hélices dans l'espace.

L'ADN se retrouve sous plusieurs forme que l'on qualifié de double hélice car les deux brins d'ADN s'enroulent l'un sur l'autre. Ses conformations dépendent notamment de la quantité d'eau où se trouve l'ADN. En effet les groupes phosphates sont par nature hydrophiles, tandis que l'interaction entre les paires de bases successives est hydrophobe [11]. Il existe donc dans la nature deux conformations :

- La forme B

## — La forme Z

La B est la plus répandue et son hélice a une chiralité à droite. La chiralité désigne en chimie une molécule qui n'est pas superposable à son image dans un miroir plan. La forme Z quant à elle a une chiralité à gauche. Il existe une troisième conformation : la forme A. Similaire à la B, cette forme existe en solution chimique.

Caractéristiques	Type A	Type B	Type Z
Chiralité	droite	droite	gauche
Paires de bases par tour d'hélice	11	10,5	12
Diamètre en nm	2,3	2	1,8

TABLE 1 – Quelques caractéristiques des différentes formes ([17])

Le type B est le type propice à la duplication de l'ADN (voir partie [G]) car sa forme permet aux protéines de se coupler plus facilement. En effet, l'ADN B présente des sillons long et court ; un sillon est l'espace entre deux tours d'hélice. Les nucléotides à laquelle s'accrochent les protéines sont plus accessibles dans ces grand sillon.

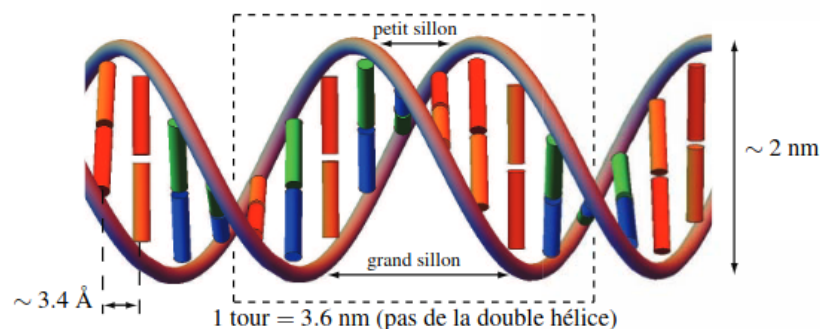


FIGURE 30 – Représentation de l'ADN de forme B et de ses sillons  
[11]

## c. Structure tertiaire

La structure tertiaire est la structure de la molécule dans l'espace.

Pareil à la structure secondaire, la topologie de la molécule dans l'espace peut varier. Il en existe trois formes :

- Sur-enroulement à droite
- Sur-enroulement à gauche
- Circulaire



Ces différentes topologie de la molécule s'appellent des "topo-isomères". En effet, l'une des principales particularités de l'ADN réside dans son nombre d'enlacements qui peut varier selon sa forme. L'état le plus stable est dit relâché avec 10,5 paires de bases par tour d'hélices (forme B). Ainsi il existe un certain nombre d'enlacement. Par exemple pour la forme B de l'ADN, avec une longueur de 2100 paires de bases, il y a 200 enlacements. Lorsque ce nombre diffère, on va parler de surenroulement positif si la valeur est plus élevée que cette valeur de base et de surenroulement négatif si la valeur est moins élevée. Cet état implique un réagencement de la molécule afin de limiter les contraintes dues à ce surenroulement, transformant ainsi la double hélice en une hélice d'hélice.

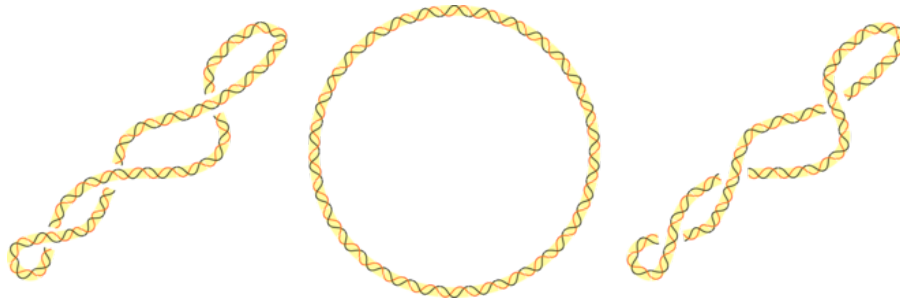


FIGURE 31 – Forme surenroulé négativement (gauche), circulaire (milieu), surenroulé positivement (droite)

[9]

L'ADN adopte le surenroulement afin de se compacter pour pouvoir tenir dans les cellules. Le surenroulement est ainsi très présent dans les cellules humaines par exemple

## 2. Mathématiques et ADN

La molécule d'ADN peut être représentée dans l'espace comme deux courbes planes avec des points doubles où se croisent les brins, on peut alors associer cette représentation à des nœuds. Semblable à des écouteurs que l'on enroule dans une boîte, l'ADN peut former une pelote compacte. Ce phénomène se retrouve dans la forme sur-enroulé de l'ADN (31) que l'on peut associer à une répétition de « twist ». Un « twist » en théorie des nœuds est un nœud obtenue par torsion successive d'une boucle fermé. Mathématiquement, des opérations élémentaires sur ces points permettent de passer d'une forme à l'autre. Or ces procédés ont des équivalents chimiques au sein de l'ADN. En effet, à l'instar des nœuds considérés en mathématiques, les processus chimiques tels que la duplication des informations de l'ADN sont semblables aux problématiques de dénouement des nœuds. De plus, il est difficile scientifiquement de pouvoir observer ces phénomènes dû au fait que le spectre d'observation est de l'ordre du nano-mètre, ceux pourquoi la connaissance et l'analyse mathématique est importante.

Les différentes réactions et état de la molécule d'ADN peut être ainsi comprise. Un acteur clé des changement de topologie dans l'ADN sont les topoisomérase que l'on verra dans la partie 1, en

effet elles permettent de couper les brins d'ADN. Les invariants aident à caractériser les nœuds et ceux à chaque procédés des topoisomérase.

On parle entre autre du nombre de dénouement qui indique le nombre minimum de « flip » (lorsqu'un brin passe au dessus de l'autre alors qu'il était initialement en dessous et vice et versa) pour passer d'un nœud non trivial à un nœud trivial. Connaître ce nombre permet de savoir le nombre de coupe faites par ces topoisomérase.



FIGURE 32 – Exemple pour le noeud de trèfle qui nécessite 1 flip pour être dénouer

Un autre nombre plus utilisé en biologie est le nombre de lien. Il est calculé en additionnant le nombre de torsion de la double hélice (writhe) et le nombre de torsion des deux brins d'ADN autour d'eux même (twist).

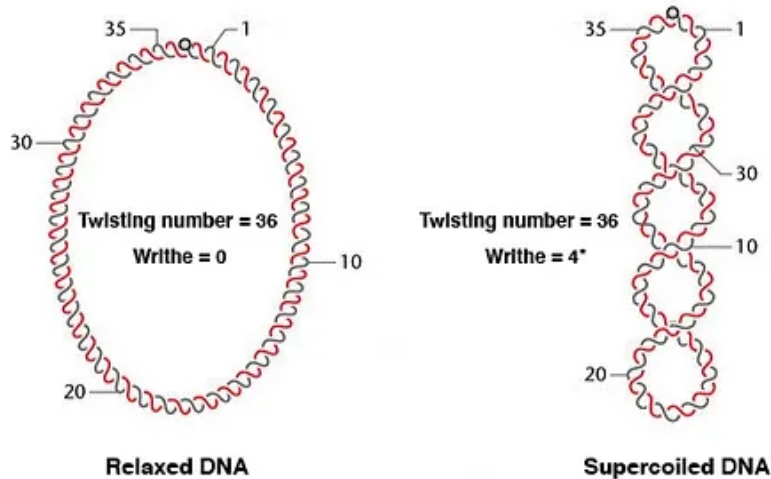


FIGURE 33 – A gauche la forme relâché de l'ADN, à droite un surenroulement négatif; le nombre de writhe change entre les deux images mais le nombre de twist est le même

[13]

Dans le cas de l'ADN et des topoisomérase, lorsque ce nombre change alors cela signifie qu'un des nœuds à été coupé. On a donc :  $Lk = Tw + Wr$  avec  $Lk$  = linking number = nombre de liens;  $Tw$  = twist;  $Wr$  = writhe;

Par exemple pour la forme circulaire d'ADN, il y a 4361 paires de bases avec 10,5 paires de base par tour d'hélice. Soit  $4361/10,5=+415$  twist. Ainsi son nombre de lien est :  $Lk = Tw + Wr \Rightarrow +415 = +415 + 0$

C'est-à-dire :  $\Delta Lk = \Delta Tw + \Delta Wr \Rightarrow 0 = 0 + 0 \Rightarrow \Delta Lk = 0$

	Relaxed	Positively supercolled				Negatively supercolled			
$\Delta Lk$	0	+3	+3	+3	+3	-3	-3	-3	-3
$\Delta Tw$	0	+3	+2	+1	0	-3	-2	-1	0
$\Delta Wr$	0	0	+1	+2	+3	0	-1	-2	-3



FIGURE 34 – Quelques exemples de nombre de liens en fonction des writhe et twist avec leur forme associées

## G. La duplication de l'information chez les êtres vivants, exemple d'un mécanisme naturel

### 1. Les topoisomérases

Cette section est tirée et adapté des sources : [18], [19].

Les ADN topo-isomérases sont des enzymes avec comme fonction principale de contrôler la topologie de l'ADN en permettant de supprimer les contraintes liées à la torsion de la molécule suite au passage de la fourche de réplication ([2]). Le contrôle de la structure étant primordiale pour la division cellulaire, il en existe deux classes, les topo-isomérases de type I se divisant en deux sous types IA et IB, et les topo-isomérases de type II aussi appelées ADN Gyrase. Elles sont toutes deux aussi présentes dans des cellules procaryotes ayant un noyau comme les cellules du corps humain que dans les cellules eucaryotes (sans noyau) semblables à celles des bactéries.

#### a. Topo-isomérase de type I

Concernant le type I, les deux sous-types fonctionnent de façon monomérique, c'est-à-dire composée d'une seule unité, leur différence réside dans la polarité de coupure. En effet, la topo-isomérase de type IA se fixe avec l'extrémité 5' dans les cellules procaryotes alors que la topo-

isomérase de type IB forme une liaison avec l'extrémité 3' chez les cellules eucaryotes. L'enzyme topo-isomérase contient un groupe tyrosine (un acide aminé) dont la fonction alcool permet une réaction de transestérification au niveau de la liaison 5'OH du désoxyribose lié au groupement phosphate et induit la coupure de cette liaison en fixant de manière covalente le groupement phosphate en 3'. Dans cette configuration, l'hélice d'ADN tourne sur elle-même supprimant la tension au sein de l'hélice. [19]

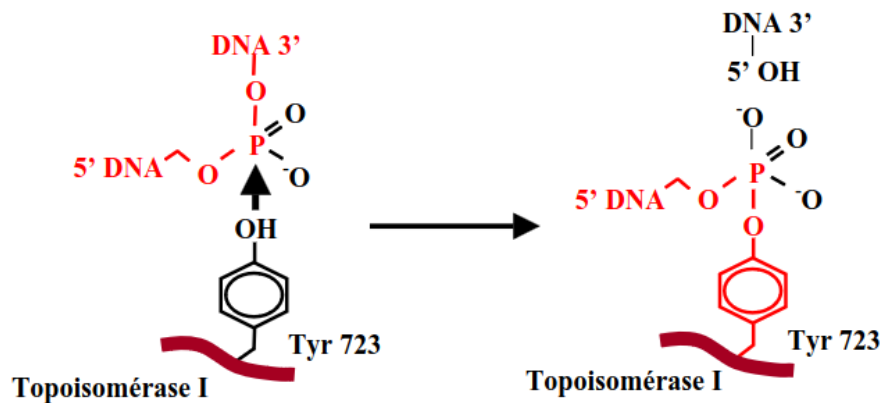


FIGURE 35 – Mécanisme d'action de la topo-isomérase de type I  
[19]

Le rôle du type IA repose sur sa capacité à induire des coupures sur un brin d'ADN et plus précisément sur un simple-brin d'ADN (brin monocaténaire) au niveau des liaisons phosphate. Elles ont premièrement la capacité de cliver le brin d'ADN et deuxièmement de le refermer. La première étape ne nécessite pas d'énergie supplémentaire, en effet lors du clivage un ADN intermédiaire est formé grâce à la liaison entre un groupe hydroxyle tyrosine et un 3' ou 5' phosphate au site de rupture. Ainsi l'énergie de liaison est conservée dans la protéine Intermédiaire de l'ADN. La deuxième étape est la coupure de la protéine d'ADN. Lors de la séparation un brin peut passer dans l'ouverture, modifiant ainsi le topologie de l'ADN.

La principale différence avec les topo-isomérase de type IA est que les topo-isomérase IB interagissent plutôt avec de l'ADN double brin en clivant l'un des deux brins d'ADN. Les topoisomérases d'ADN de type IB interagissent aussi bien avec de l'ADN surenroulé positivement que négativement. Relativement au type IA, l'enzyme clive un des deux brins. Le brin non coupé peut alors passer par l'ouverture créée grâce au clivage de l'autre brin. De plus, l'extrémité 5' n'est pas maintenue permettant ainsi à l'ADN de pivoter au niveau du brin coupé.

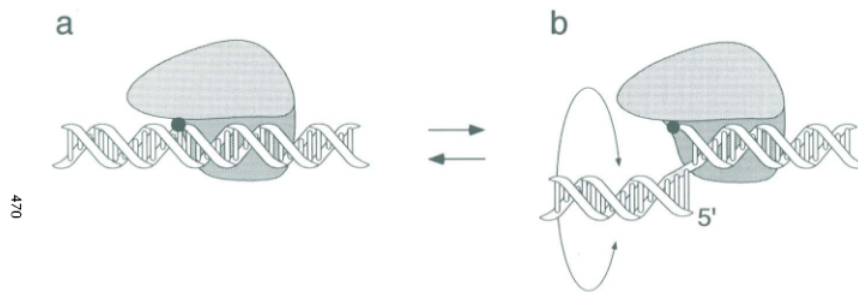


FIGURE 36 – Mécanisme de la topo-isomérase IB  
[18]

## b. Topo-isomérase de type II

Contrairement aux précédents types de topo-isomérases, les topo-isomérases de classe II nécessitent un apport d'énergie, on dit qu'ils sont ATP dépendant. C'est-à-dire ils nécessitent un apport d'énergie externe pour fonctionner, ici ATP désigne l'adénosine triphosphate, un nucléotide associé à un triphosphate. L'enzyme va d'abord se lier à une partie de l'ADN double brins, puis elle va induire la coupure des deux brins simultanément. Au cours de l'étape de clivage de l'ADN, les deux extrémités phosphoryle 5' libres résultantes sont liés de manière covalente à une paire de groupes tyrosine [19] provenant de l'enzyme. La réaction est la même que dans le cas des topoisomérases I mais cette fois ci, c'est la liaison entre le 3'OH du désoxyribose et le groupement phosphate qui est ciblé. De plus, d'autre interaction empêche la rotation aléatoire des extrémités 3'.

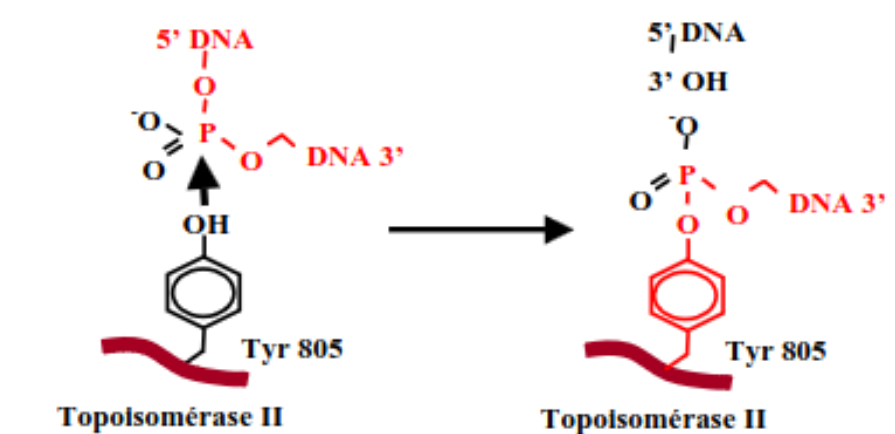


FIGURE 37 – Mécanisme d'action de la topo-isomérase II  
[19]

En résumé :

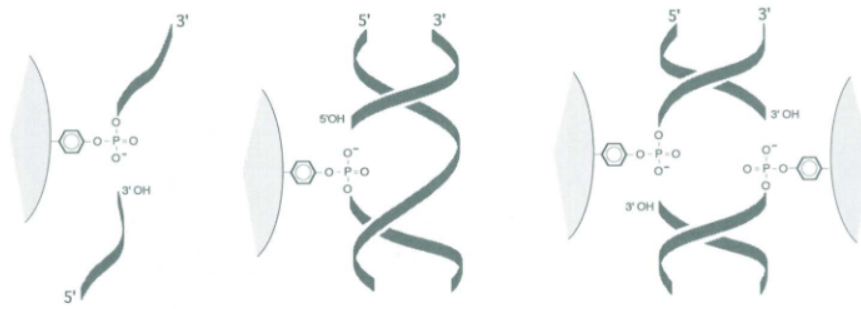


FIGURE 38 – Récapitulatif des domaines d’actions de différentes famille de topo-isomérases, de gauche à droite : type IA, IB et II

[18]

## 2. La duplication

On a pu comprendre précédemment que les différentes topologies de l’ADN étaient propice à différents mécanismes. Cette caractéristique s’appelle des “topo-isomères”. L’une des principales particularités de l’ADN réside dans son nombre d’enlacements qui peut varier selon sa forme. C’est le cas en particulier pour la forme circulaire de la molécule.

### a. Généralités

Partie adaptée du cours [16]

La réplication de l’ADN est dite semi-conservatrice, c’est-à-dire que la nouvelle molécule d’ADN formé contient un brin d’une ancienne molécule et un nouveau brin. De plus, elle n’est pas répliquée en une seule fois mais par morceau. En effet, plusieurs endroits peuvent être répliqué en même temps sur une même molécule d’ADN. Ces portions sont appelé réplicons, elles ont une origine et une terminaison.

Un réplicon :

Type	Eucaryotes	Procaryotes*
taille	30 000 à 150 000 bases	30 000 à 150 000 bases
nombre de replicons	1 à 35 000	Adn circulaire, 1 origine
vitesse de synthèse	jusqu'à 50 000 pdb/min	jusqu'à 1500 pdb/min
origine de réplication : séquence particulière de nucléotide répétée reconnue par des protéines	2000 pdb	200 pdb

\* Une cellule procaryote contient de l'adn circulaire, ainsi sa réplication se fait en une fois.

Au niveau de l'origine va se former un œil de réplication, celui-ci va évoluer en s'agrandissant avec l'avancement des fourches de réplifications. On dit ainsi que la réplication est bidirectionnelle car les deux brins vont se répliquer dans un sens opposé.

En revanche, la polymérisation d'un brin est unidirectionnelle, c'est-à-dire que sur un brin l'ADN est répliqué du pôle 5' vers le pôle 3'. Le fait que l'ADN se réplique uniquement dans ce sens et que les deux brins soient copiés en même temps nécessitent deux méthodes de réplifications. On dira que la réplication est semi-discontinue. En effet, il y a un brin lu dans le sens de la fourche aussi appelé brin précoce (5' vers 3') et un brin tardif qui sera copier de manière discontinu pour respecter le sens 5'-3'.

Entre en jeux les acteurs de la réplication : les ADN polymérases. Ce sont des enzymes qui vont permettre la polymérisation des nucléotides en lisant le brin dans le sens 3'-5' pour le synthétiser dans le sens 5'-3'. On en retrouve de 5 types chez les eucaryotes ( $\alpha, \beta, \delta, \epsilon$  et  $\gamma$ ) contre 3 chez les procaryotes (I, II et III). Par exemple, l'ADN polymérase  $\gamma$  est présente dans les mitochondries et  $\delta$  et  $\epsilon$  sont responsable de la réplication du brin précoce.

Comment se déroule une réplication ?

## **b. Déroulement de la réplication chez une cellule procaryote : E.Coli**

L'origine de la réplication chez E.Coli est une succession de 13 paires de bases où est présent un grand nombre de fois le nucléotide Thymine ainsi que la multiple succession dans l'ordre : G-A-T-C (Guanine – adénine – thymine – cytosine).

Quels sont les différents acteurs de la réplication ?

- Les protéines de reconnaissance qui reconnaissent les séquences de début et de fin de la réplication (cf [a])
- Les topo-isomérases (cf [1]) permettent de retirer les contraintes de torsion de l'ADN
- Les primases permettent la synthétisation de l'amorce
- Les hélicases séparent les deux brins d'ADN en cassant les liaisons hydrogènes

- Les protéines SSB (single stranded binding protein) permet aux brins de ne pas se ré-enrouler lors de l'avancement des fourches
- Les ADN ligases servent à lier les fragments d'ADN

Le déroulement :

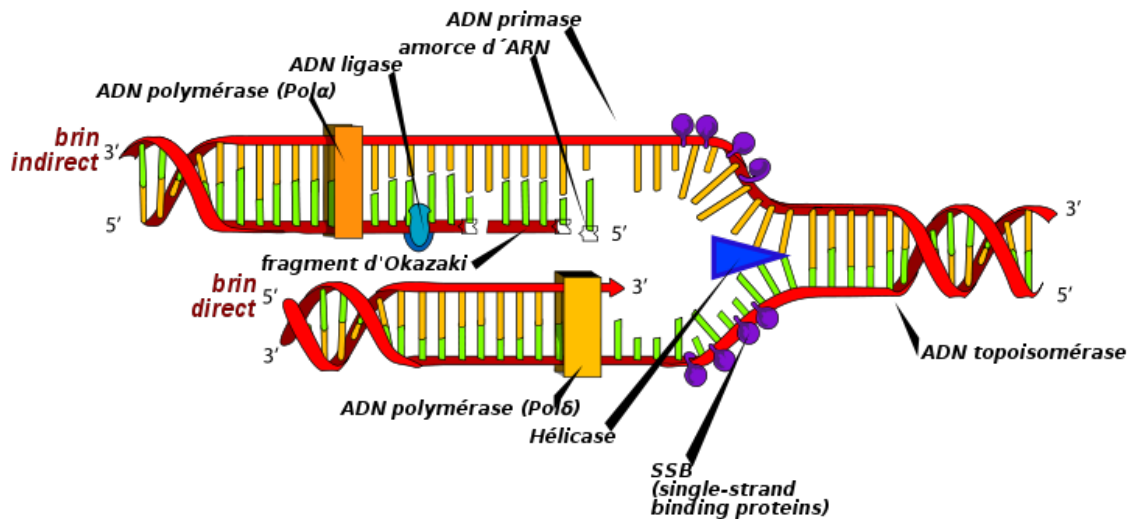


FIGURE 39 – Réplication de l'ADN

[16]

La réplication commence lorsque les ADN primases détectent l'origine grâce à la succession de nucléotides décrit ci-dessus. Les topo-isomérases vont permettre le changement de topologie de la molécule d'ADN en relâchant les contraintes liées à l'œil de réplication. Ainsi, les hélicases vont pouvoir commencer à scinder les deux brins en cassant les liaisons hydrogène qui les reliaient pendant que les SSB maintiennent les deux brins en position pour éviter que les deux brins se ré-enroulent.

Il a été vu précédemment qu'il y avait deux méthodes de réplifications pour chacun des brins.

- Brin précoce (lu sans discontinuité)

Une amorce est construite par les primases au niveau de l'origine de la réplication. L'ADN polymérase III va ainsi pouvoir initier la réplication, c'est-à-dire ajouter les nucléotides qui vont de pair avec le brin modèle, celui qui est copié. Le brin modèle est lu dans le sens 3'-5' afin que le brin néoformé soit construit dans le sens 5'-3'. La réplication continue ensuite avec l'allongement de ce nouveau brin précoce toujours grâce à l'ADN polymérase.

- Brin tardif

Ce brin est quand à lui créé dans le sens inverse du déplacement de la fourche suite aux contraintes liées au sens 5'-3' cité précédemment. Pareil au brin précoce, c'est l'ADN polymérase qui s'occupera de l'élongation du nouveau brin. En revanche comme la fourche se déplace en sens inverse, la synthèse du brin tardif est fragmentée afin de respecter a



construction dans le sens 5'-3'. Les primases vont donc amorcer chaque morceaux pareil au brin précoce. Ces fragments se nomment : fragments d'Okasaki. Ils sont tous de taille constante avec pour longueur 1000 à 2000 paires de bases (100 à 200 paires de bases pour les eucaryotes).

Quels que soit le brin, l'amorce sera à la fin détruite et l'ADN polymérase I complétera les nucléotides manquant suite à la destruction des amorces. L'ADN ligase fini quand à elle de relier un ancien brin avec le nouveau en créant des liaisons entre les deux.

Finalement, la réplication s'arrête lorsque une certaine séquence est reconnue. Ici 7 séquences de 23 paires de bases presque identique. Dans le cas de E.Coli, les morceaux entre les séquences de fin ne sont pas répliqués, ce qui va garder associés les deux nouveaux ADN. C'est après l'intervention des ADN polymérases II qu'ils vont pouvoir être dissociés et que les polymérases I complèteront les parties manquantes. Ce processus aura duré une trentaine de minutes pour E.Coli.

## Conclusion

En définitive, on constate que la théorie des nœuds est un outil essentiel pour comprendre le monde qui nous entoure, et en particulier pour des mécanismes naturels qui, entre autres, modifient la structure topologique de l'ADN. De plus, à ce jour, aucun invariant complet n'a été trouvé pour les nœuds. Néanmoins, on a vu que certains invariants permettent de montrer que d'autres ne sont pas complets, comme le polynôme de Jones qui fournit un contre-exemple pour le polynôme de Conway-Alexander. En outre, il existe des outils mathématiques, tels que les groupes fondamentaux, qui n'ont à premier abord aucun lien avec les nœuds, mais il est en effet possible de s'en servir pour construire des invariants. La théorie des nœuds semblait dans un premier temps être trop abstraite et difficile à comprendre, mais son application permet d'expliquer des phénomènes divers et variés, allant de la biologie à l'électromagnétisme.

## Références

- [1] Meriadec CHUBERRE. Rapport de stage un invariant de nœud : le polynôme d'alexander. 2016.
- [2] Francesco Costantino. À propos des invariants de noeuds, 2008.
- [3] Marc Laforest and Jean Guérin. Un polynôme pour les noeuds, 6 2010.
- [4] Tova Alsätra. Knots, Reidemeister Moves and Knot Invariants, 9 2019.
- [5] Table de classification des noeuds, 2009.
- [6] Esther DEVILLE and Ibrahima SOUANE. Groupes fondamentaux et applications à la théorie des noeuds.
- [7] Loïc Colson. Langages Formels.
- [8] Guillaume Tomasini. Produit libre et groupe modulaire, 5 2008.
- [9] Page wikipédia sur le surenroulement de l'ADN. [https://fr.wikipedia.org/wiki/Surenroulement\\_de\\_l'ADN](https://fr.wikipedia.org/wiki/Surenroulement_de_l'ADN), 2016.
- [10] Page wikipédia sur le surenroulement de l'ADN. [https://fr.wikipedia.org/wiki/Acide\\_d{é}soxyribonucl{é}ique](https://fr.wikipedia.org/wiki/Acide_d{é}soxyribonucl{é}ique), 2023.
- [11] Sébastien DELBOS. These de doctorat de l'université paris 6–pierre et marie curie.
- [12] Benjamin Lewin. *Genes VI*. Number 04;QH430,L4. in 7. Oxford University Press, 2000.
- [13] Charu Mehta. Unknotting the double helix : Where knot theory meets biology, 1 2021.
- [14] De Witt Sumners. Lifting the curtain : Using topology to probe the hidden action of enzymes. *Notices of the American Mathematical Society*, 42(5) :528–537, 1995.
- [15] Jérôme Dubois. La théorie mathématique des nœuds.
- [16] SIMON Matthieu. Cours sur la réplication de l'ADN; Cours pharmacies. <https://www.cours-pharmacie.com/biologie-moleculaire/replication-de-ladn.html#>, 2008.
- [17] Caractéristique de l'ADN B et comparaison avec les autres formes. [https://fr.wikipedia.org/wiki/ADN\\_B](https://fr.wikipedia.org/wiki/ADN_B).
- [18] Joaquim Roca. Topoisomerases. *JAI Press Inc.*, 5 :463–485, 1998.
- [19] Arnaud Vigneron. *Rôle des facteurs de transcription stat3 dans la réponse aux inhibiteurs de topoisomerase : Implication dans la résistance aux traitements de chimiothérapie*. Theses, Université d'Angers, December 2006.

## Table des figures

1.	Représentation spatiale du nœud du trèfle (à gauche) et son diagramme (à droite). . .	5
2.	Mouvements de Reidemeister . . . . .	6
3.	. . . . .	7
4.	. . . . .	8
5.	. . . . .	8
6.	. . . . .	9
7.	Les trois types de croisement d'un nœud . . . . .	12
8.	Nœud de trèfle . . . . .	13
9.	. . . . .	13
10.	. . . . .	13
11.	. . . . .	14
12.	. . . . .	14
13.	Premier mouvement de Reidemeister . . . . .	17
14.	Deuxième mouvement de Reidemeister . . . . .	18
15.	Multiplication de chaque terme d'index $k$ par $(-1)^k$ . . . . .	20
16.	Troisième mouvement de Reidemeister . . . . .	20
17.	Des noeuds premiers/non-triviaux : $8_{14}$ à gauche, $9_8$ à droite . . . . .	24
18.	. . . . .	28
19.	. . . . .	29
20.	. . . . .	29
21.	. . . . .	30
22.	. . . . .	31
23.	. . . . .	31
24.	. . . . .	32
25.	. . . . .	32
26.	. . . . .	33
27.	. . . . .	34
28.	. . . . .	35
29.	Structure d'un double brin d'ADN . . . . .	38
30.	Représentation de l'ADN de forme B et de ses sillons . . . . .	39
31.	Forme surenroulé négativement (gauche), circulaire (milieu), surenroulé positivement (droite) . . . . .	40
32.	Exemple pour le noeud de trèfle qui nécessite 1 flip pour être dénouer . . . . .	41
33.	A gauche la forme relâché de l'ADN, à droite un surenroulement négatif; le nombre de writhe change entre les deux images mais le nombre de twist est le même . . . . .	41
34.	Quelques exemples de nombre de liens en fonction des writhe et twist avec leur forme associées . . . . .	42

35.	Mécanisme d'action de la topo-isomérase de type I . . . . .	43
36.	Mécanisme de la topo-isomérase IB . . . . .	44
37.	Mécanisme d'action de la tpo-isomérase II . . . . .	44
38.	Récapitulatif des domaines d'actions de différentes famille de topo-isomérases, de gauche à droite : type IA, IB et II . . . . .	45
39.	Réplication de l'ADN . . . . .	47