

Eléments de correction : TD1 / RéPLICATION de l'ADN**1) Les hypothèses de réPLICATION de l'ADN****1.**

Meselson et Stahl cherchent à comprendre **comment l'ADN est copié lors de la division cellulaire**, c'est-à-dire **selon quel mécanisme la molécule d'ADN se réplique** afin que chaque cellule fille reçoive une information génétique identique à celle de la cellule mère.

2.

- **Modèle conservatif**

La molécule d'ADN parentale est **entièlement conservée**. Une **nouvelle molécule entièrement nouvelle** est synthétisée à côté.

- **Modèle semi-conservatif**

Les deux brins de la molécule parentale se séparent.

Chaque brin parental sert de modèle pour la synthèse d'un nouveau brin complémentaire.

Chaque molécule fille contient donc **un brin ancien et un brin nouveau**.

- **Modèle dispersif**

Les molécules filles sont constituées d'un **mélange de fragments anciens et nouveaux**, répartis sur chaque brin.

3.

Meselson et Stahl utilisent des bactéries car elles se divisent **rapidement**, ce qui permet d'observer plusieurs cycles de réPLICATION en peu de temps.

De plus, les bactéries possèdent **un seul chromosome constitué d'un ADN circulaire**, ce qui simplifie l'analyse des molécules d'ADN obtenues après réPLICATION.

Enfin, elles peuvent être facilement cultivées dans des milieux contenant des isotopes de l'azote (^{15}N ou ^{14}N), qui sont incorporés directement dans l'ADN lors de sa synthèSE.

4.**Après un cycle de réPLICATION en azote léger (^{14}N) :**

- Conservatif :
 - une molécule lourde ($^{15}\text{N}/^{15}\text{N}$)
 - une molécule légère ($^{14}\text{N}/^{14}\text{N}$)
- Semi-conservatif :
 - uniquement des molécules **hybrides** ($^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$)
- Dispersif :
 - molécules intermédiaires, mélange de ^{15}N et ^{14}N sur chaque brin

Après deux cycles de réPLICATION :

- Conservatif :
 - toujours une molécule lourde
 - majorité de molécules légères
- Semi-conservatif :
 - 50 % molécules hybrides
 - 50 % molécules légères
- Dispersif :
 - molécules intermédiaires, mais de plus en plus légères

5. Schématisation

	Modèle conservatif	Semi conservatif	Dispersif
Molécule ADN avec azote lourd			
Premier cycle dans la culture comprenant de l'azote léger			
Deuxième cycle dans la culture comprenant de l'azote léger			

2) Exploitation des résultats expérimentaux

6a.

Après un cycle, on observe **une seule bande d'ADN de densité intermédiaire**.

Cela signifie que toutes les molécules d'ADN sont hybrides ($^{15}\text{N}/^{14}\text{N}$).

6b.

On observe **deux bandes** :

- une bande intermédiaire (ADN hybride)
- une bande légère (ADN $^{14}\text{N}/^{14}\text{N}$)

6c.

La proportion d'ADN léger augmente progressivement, tandis que la proportion d'ADN hybride diminue.
La bande lourde disparaît complètement.

7.

- Le **modèle conservatif** est incompatible : il prévoit la persistance d'une bande lourde.
- Le **modèle dispersif** est incompatible : il ne prévoit jamais de bande totalement légère.
- Le **modèle semi-conservatif** correspond exactement aux résultats observés.

8.

Les résultats expérimentaux éliminent les modèles conservatif et dispersif et valident le modèle semi-conservatif de la réPLICATION de l'ADN.

3) Confirmation à l'échelle des chromosomes

9.

Des cellules végétales sont cultivées dans un milieu contenant un **précurseur radioactif** de l'ADN.
L'ADN nouvellement synthétisé est marqué, puis visualisé par **autoradiographie** après division cellulaire.

10.

- Après la **première division**, les deux chromatides de chaque chromosome sont marquées.
- Après la **seconde division**, une seule chromatide sur deux est marquée.

11.

Chaque chromatide contient **un ancien brin et un nouveau brin**, ce qui correspond exactement au **modèle semi-conservatif** mis en évidence par Meselson et Stahl.

4) Le mécanisme de la réPLICATION

12a

L'ADN polymérase est l'enzyme qui **synthétise les nouveaux brins d'ADN** en assemblant des nucléotides complémentaires au brin matrice.

12b.

La complémentarité des bases (A-T et C-G) permet une **copie fidèle** de l'information génétique, car chaque base impose la base complémentaire.

13.

- **Rapide** : plusieurs centaines de nucléotides sont ajoutés par seconde.
- **Fiable** : le taux d'erreur est extrêmement faible grâce aux mécanismes de correction.

14. Erreurs de réPLICATION

Le génome humain contient environ **$3,2 \times 10^9$ paires de bases**.

Chaque paire de bases est constituée de **deux nucléotides**, ce qui correspond à :

$$3,2 \times 10^9 \times 2 = 6,4 \times 10^9 \text{ nucléotides}$$

Le taux d'erreur de la réPLICATION de l'ADN est compris entre :

- **1 erreur pour 10^5 nucléotides copiés** (taux maximal),
- **1 erreur pour 10^7 nucléotides copiés** (taux minimal).

Nombre maximal d'erreurs :

$$\frac{6,4 \times 10^9}{10^5} = 6,4 \times 10^4 \quad \text{Soit environ 64 000 erreurs.}$$

Nombre minimal d'erreurs :

$$\frac{6,4 \times 10^9}{10^7} = 6,4 \times 10^2 \quad \text{Soit environ 640 erreurs.}$$

Lors de la réPLICATION complète du génome humain, le nombre d'erreurs de copie peut donc varier **d'environ 640 à 64 000 erreurs**.

Ces erreurs de copie sont appelées des **mutations**.