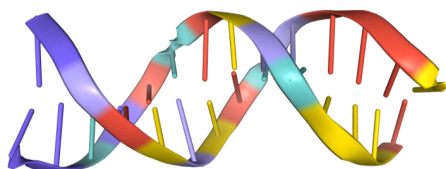


B2. La réplication de l'ADN

L'ADN est une **molécule** constituée de **deux brins complémentaires** (nucléotide A en face de T, et G en face de C).



Molécule d'ADN sous libmol.

Lors de la **mitose**, l'IG est **transmise équitablement aux cellules filles** (on parle de reproduction conforme).

En revanche, en fin de **méiose**, les cellules filles ne possèdent que **la moitié des chromosomes de la cellule mère** initiale.

La division cellulaire (mitose et première division de méiose) est précédée d'un **doublement de la quantité d'ADN**.

Comment double la quantité d'ADN avant la division cellulaire ?

Pour répondre à la problématique, on vous propose trois hypothèses à tester.

	Le modèle conservatif	Le modèle semi-conservatif	Le modèle dispersif
Principe du modèle	Dans ce modèle, l'ADN ancien est totalement conservé, et un deuxième ADN totalement nouveau et identique au premier est alors formé, et ce à chaque génération.	Dans ce modèle, un brin d'ADN ancien est conservé et sert de modèle à la création d'un nouveau. L'ADN étant constitué de deux brins, ce sont alors deux molécules hybrides (brin ancien/brin nouveau) identiques qui sont synthétisées.	Dans ce modèle, qui ressemble au modèle semi-conservatif, ce sont des fragments d'ADN qui servent de modèle à la synthèse d'un nouveau brin : on se retrouve ainsi avec deux ADN mosaïques identiques constitués de fragments de brins ancien et nouveau.
Conventions pour les schémas : l'ADN initial (= génération 0) est coloré en rouge (<u>et reste en rouge pour toutes les générations suivantes</u>). Les deux brins d'ADN sont schématisés par une double barre. L'ADN nouvellement synthétisé (aux générations 1, 2, 3...) est en bleu.			
ADN initial (génération 0)			
Génération 1 (doublement de la quantité d'ADN)			

1. **Schématiser** la génération 2 en suivant les conventions proposées et les modalités du modèle (vous devez donc obtenir quatre ADN par modèle).

On vous demande maintenant d'**exploiter** l'expérience de Meselson et Stahl (1958) pour **déterminer** le bon modèle.

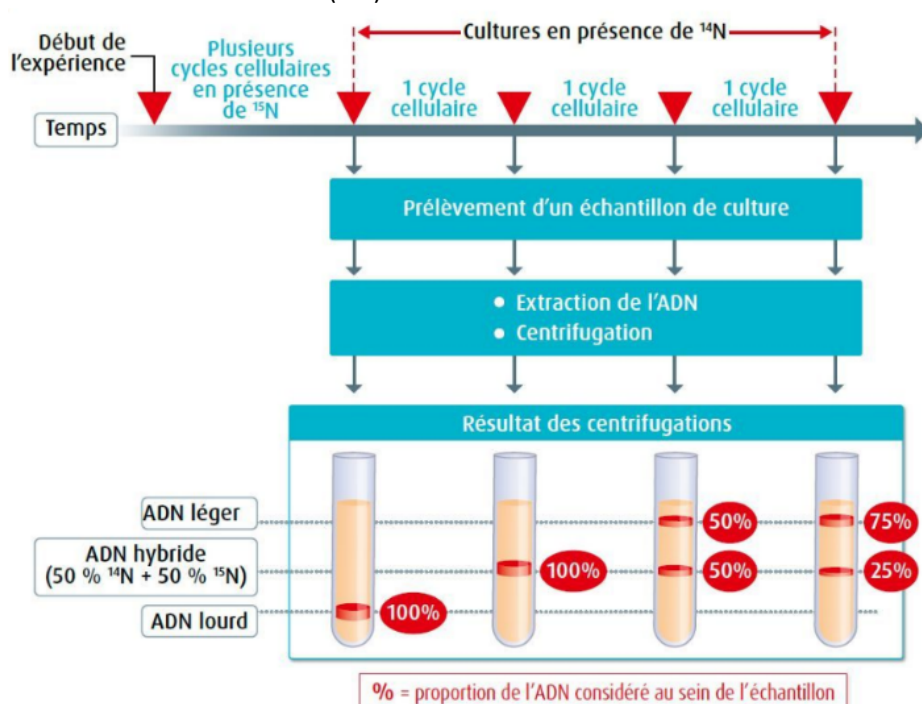
Document. L'expérience de Meselson et Stahl (1958).

D'après SVT spécialité première Belin 2019 et <https://planet-vie.ens.fr>

Des bactéries sont cultivées dans un milieu liquide à 37°C et dont les substances organiques utilisées comme source d'azote (un élément chimique présent dans l'ADN) contiennent de l'azote lourd (^{15}N), et ceci pendant plusieurs générations : l'ADN est ainsi intégralement marqué au ^{15}N .

Ensuite, toutes les générations sont effectuées sur un milieu contenant de l'azote léger (^{14}N) : tout nouvel ADN synthétisé contiendra alors du ^{14}N (mais le ^{15}N déjà présent persiste dans l'ADN synthétisé).

Un échantillon du milieu de culture a été prélevé à intervalles réguliers pour être analysé. Les analyses sont effectuées dans un gradient de densité au chlorure de césium lors d'une technique de centrifugation : le gradient varie entre 1,70 (haut du tube) et 1,75 (bas du tube) et permet de discriminer l'ADN marqué au ^{15}N de l'ADN marqué au ^{14}N . Sous l'effet de la centrifugation, l'ADN forme une bande qui est localisée d'autant plus près du fond du tube que la molécule contient de l'azote lourd (^{15}N).



2. En admettant que l'ADN marqué au ^{15}N soit l'ADN que vous avez représenté en rouge, et que celui marqué au ^{14}N soit celui représenté en bleu, **exploiter** l'expérience de Meselson et Stahl pour **déterminer** le modèle de réplication de l'ADN.

Une démarche complète fait appel à :

- une observation des résultats
- une exploitation de vos prévisions (schémas réalisés en 1) comparée à vos observations
- une conclusion (validation ou non du modèle).

Le travail est à faire pour les trois modèles.

3. **Vérifier** que les résultats observés dans le quatrième tube correspondent bien au modèle que vous avez validé (vous devez donc obtenir 8 ADN qu'il faut schématiser uniquement pour le modèle validé).

En complément : **animation de la réplication** (le schéma fait en cours sera plus simple) : <https://www.youtube.com/watch?v=mqNTJGJ110U>

Ou QR code



4. **Visionner** l'animation et en **faire** un court résumé.

ADN polymérase et ADN (fichier extrait de libmol <https://libmol.org>).

5. **Aller** sur le site de libmol, et dans « rechercher dans la librairie de molécules », **taper** « ADN polymérase ».

Dans « commande », « colorer par chaîne », **passer** l'ADN polymérase (protéine qui effectue la synthèse de l'ADN) en sphères (dans « séquence », sélectionner uniquement la chaîne A (la sélection apparaît en bleu), puis « sphères »).

Passer l'ADN (chaînes T, P et D) en rubans (dans « commandes »). **Effectuer** une copie d'écran légendée de votre travail.