Réplication de l'ADN : un mécanisme semi-conservatif

Fiche méthode

(SVT 1re spécialité · Transmission, variation et expression du patrimoine génétique · La réplication de l'ADN)

La démarche face à un document sur la réplication

1. Je repère l'échelle : chromosome et chromatides, molécule d'ADN, brins, nucléotides ; et ce qui est mesuré (bandes, longueurs, durées, copies).

2. Je prévois ce que donnerait chaque hypothèse (modèle conservatif, semi-conservatif, dispersif ; une ou plusieurs origines).

3. Je calcule dans les mêmes unités : paires × 0,34 nm, 2^n molécules, durée = (longueur ÷ 2) ÷ vitesse, $N_0 \times 2^n$ copies.

4. Je conclus avec le vocabulaire exact : matrice, ADN polymérase, complémentaire, antiparallèle, semi-conservative, origine, œil, fourche, amorce.

La clé chaque molécule fille garde un brin de la molécule mère et reçoit un brin neuf complémentaire : la séquence est conservée.

Cas 1 · Calculer une longueur d'ADN et la comparer

Réflexe — une chromatide = une molécule ; longueur = paires × 0,34 nm ; je convertis avant de comparer.

Exemple. Le chromosome 10 compte environ $1{,}34 \times 10^8$ paires. Quelle longueur d'ADN dans un chromosome 10 à deux chromatides ?

Une molécule : $1{,}34 \times 10^8 \times 0{,}34 = 4{,}556 \times 10^7$ nm $\approx 4{,}6$ cm.

Deux chromatides, deux molécules : **environ 9,1 cm**.

Attention — multiplier les paires, pas les nucléotides des deux brins ; et compter deux molécules après la phase S.

Cas 2 · Écrire le brin neuf et compter les nucléotides

Réflexe — complémentaire (A↔T, G↔C) et antiparallèle (j'inverse 5' et 3') ; chaque paire A–T donne un A et un T neufs.

Exemple. Brin matrice 5'-CAGGTA-3'.

Brin neuf : 3'-GTCCAT-5', soit **5'-TACCTG-3'** écrit de 5' vers 3'.

Attention — recopier la séquence complémentaire sans inverser l'orientation donne un brin parallèle, impossible.

Cas 3 · Exploiter l'expérience de Meselson et Stahl

Réflexe — 2^n molécules par molécule de départ ; semi-conservatif : toujours 2 hybrides ; je confronte chaque modèle au résultat.

Exemple. 9 réplications en ^{14}N à partir d'une molécule $^{15}N/^{15}N$.

$2^9 = 512$ molécules : **2 hybrides** et 510 légères.

Conservatif : 1 lourde, 511 légères, aucune intermédiaire.

Attention — une seule bande intermédiaire à la génération 1 rejette seulement le modèle conservatif.

Cas 4 · Lire une image d'ADN en cours de réplication

Réflexe — un œil = une origine au centre et deux fourches aux bords ; taille de l'œil ÷ 0,34 nm = paires copiées.

Exemple. Un œil de 0,68 µm de long sur une molécule d'eucaryote.

680 nm ÷ 0,34 = 2 000 paires copiées, soit **1 000 par fourche** si l'origine est au milieu.

Attention — deux fourches par œil : le nombre de fourches est le double du nombre d'yeux séparés.

Cas 5 · Calculer une durée de réplication ou un nombre d'origines

Réflexe — durée = (longueur ÷ 2) ÷ vitesse ; origines minimales = longueur ÷ (2 × vitesse × durée), arrondi au-dessus.

Exemple. Un chromosome bactérien de $3{,}0 \times 10^6$ paires, une origine, fourches à 750 nucléotides par seconde.

Chaque fourche copie $1{,}5 \times 10^6$ nucléotides : $1{,}5 \times 10^6 \div 750 = 2\,000$ s, soit environ **33 min**.

Attention — secondes, minutes, heures : une seule unité dans tout le calcul.

Cas 6 · Calculer un programme de PCR

Réflexe — copies = $N_0 \times 2^n$; durée = étapes fixes + n × cycle ; $2^{10} \approx 10^3$ sans calculatrice.

Exemple. 8 copies au départ, 15 cycles de 95 °C 20 s, 60 °C 20 s, 72 °C 50 s.

Copies : $8 \times 2^{15} = 2^3 \times 2^{15} = 2^{18} =$ **262 144**.

Durée des cycles : 15×90 s = 1 350 s = 22,5 min.

Attention — le nombre de copies double à chaque cycle : $\times\, 2^n$, jamais $\times\, 2n$.

Les pièges à éviter

- Écrire qu'un chromosome à deux chromatides contient une seule molécule d'ADN.
- Croire qu'un brin d'une molécule fille est à moitié ancien : c'est le modèle dispersif.
- Oublier d'inverser 5' et 3' en écrivant le brin complémentaire.
- Conclure au modèle semi-conservatif dès la génération 1 de Meselson et Stahl.
- Oublier les deux fourches d'une origine, ou arrondir un nombre minimal d'origines vers le bas.
- Calculer $N_0 \times 2n$ au lieu de $N_0 \times 2^n$ copies après n cycles de PCR.

Ce document est la propriété intellectuelle de Ben, professeur particulier (benprofparticulier.fr), protégée par le Code de la propriété intellectuelle (art. L. 111-1 et L. 122-4). Il est mis à disposition pour un usage personnel de révision. Toute reproduction, diffusion, mise en ligne ou revente, totale ou partielle, sans autorisation écrite est interdite et constitue une contrefaçon (art. L. 335-2).