**Correction exercice Meselson et Stahl**

**Introduction :**

Dans cet exercice, on cherche à valider le modèle de la réplication semi conservative (et à invalider les autres modèles) en s’appuyant sur les résultats expérimentaux obtenus par Meselson et Stahl.

Pour cela nous allons, en utilisant le protocole expérimental de Meselson et Stahl, envisager les résultats théoriques que l’on devrait obtenir pour les modèles conservatif, dispersif et semi conservatif. Puis nous comparerons ces résultats théoriques aux résultats expérimentaux obtenus par Meselson et Stahl pour valider le modèle semi conservatif et invalider les 2 autres modèles.

**Résultats théoriques :**

Schémas pour les 3 modèles sur 2 cycles de réplication

**Résultats attendus pour le modèle conservatif en suivant le protocole de M et S**:

- à la fin du 1er cycle de réplication dans de 14N, 50 % des molécules d’ADN seront constituées de 2 brins contenant 15N et 50% des molécules d’ADN seront constituées de 2 brins contenant 14N. Après centrifugation des molécules d’ADN, on doit donc obtenir 2 bandes :

- une bande de densité 1.65

- une bande de densité 1.8

- à la fin du 2ème cycle de réplication dans 14N, 75 % des molécules d’ADN seront constituées de 2 brins contenant 14N et 25 % des molécules d’ADN seront constituées de 2 brins contenant 15N. Après centrifugation des molécules d’ADN, on doit donc obtenir 2 bandes :

- une bande (plus large) de densité 1.65

- une bande (plus étroite) de densité 1.8

**Résultats attendus pour le modèle semi conservatif en suivant le protocole de M et S**:

- à la fin du 1er cycle de réplication dans de 14N, chaque molécule d’ADN est constituée d’un brin 15N et d’un brin 14N. Après centrifugation des molécules d’ADN, on doit donc obtenir une bande de densité intermédiaire entre 1.65 et 1.8

- à la fin du 2ème cycle de réplication dans 14N, 50% des molécules d’ADN sont formées d’un brin léger (contenant 14N) et d’un brin lourd (contenant 15N) et 50% des molécules d’ADN sont constituées de 2 brins légers (contenant 14N). On doit donc obtenir, après centrifugation de ces molécules, 2 bandes : - une bande de densité intermédiaire entre 1.65 et 1.8

- une bande de densité 1.65

**Résultats attendus pour le modèle dispersif en suivant le protocole de M et S**:

- à la fin du 1er cycle de réplication dans de 14N, chaque molécule d’ADN est constituée de 2 brins contenant, à la fois, 15N et 14N. Après centrifugation des molécules d’ADN, on doit donc obtenir une bande de densité intermédiaire entre 1.65 et 1.8

- à la fin du 2ème cycle de réplication dans 14N, toutes les molécules d’ADN sont formées de 2 brins contenant, à la fois, 15N et 14N (avec plus de 14N que de 15N). On doit donc obtenir, après centrifugation de ces molécules, 1 bande de densité intermédiaire entre 1.65 et 1.8 (plus proche de 1.65)

**Comparaison des résultats théoriques et des résultats expérimentaux obtenus par M et S :**

A la fin du 1er cycle de réplication (après une génération sur 14N), on obtient 1 bande de densité 1.72. Ce résultat est compatible avec les modèles semi conservatif et dispersif mais incompatible avec le modèle conservatif qui prévoyait 2 bandes de densité 1.65 et 1.8.

=> Cette 1ère culture invalide le modèle conservatif.

A la fin du 2ème cycle de réplication (après 2 générations sur 14N), on obtient 2 bandes de densité 1.65 et 1.8.

Ce résultat est compatible avec le modèle semi conservatif mais incompatible avec le modèle dispersif qui prévoyait une seule bande de densité intermédiaire proche de 1.65.

=> Le modèle dispersif est invalidé par cette 2ème culture.

**Conclusion :**

En comparant les résultats théoriques que l’on devrait obtenir en envisageant les 3 modèles et les résultats expérimentaux obtenus par Meselson et Stahl, on peut dire que les résultats expérimentaux sont compatibles avec le modèle semi conservatif et incompatibles avec les modèles conservatif et dispersif.

 => **le modèle semi conservatif et validé alors que les 2 autres modèles sont invalidés par ces expériences.**