



THEME 1 - La Terre, la vie et l'évolution du vivant

TP5 - L'ADN, une molécule porteuse d'information

L'ADN (*Acide Désoxyribonucléique*) est le support de l'information génétique qui est **présent chez tous les êtres vivants**. Il est présent dans le noyau des cellules eucaryotes et dans le cytoplasme des cellules procaryotes (bactéries). Sa présence chez tous les êtres vivants en fait une molécule **universelle**. On cherche à déterminer si l'ADN est structuré de la même façon chez tous les êtres vivants (structure universelle) et comment cette molécule peut être contenir une information (**information génétique**).



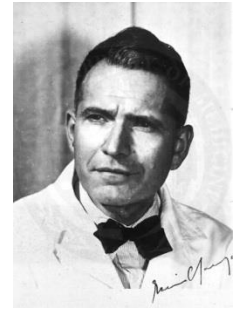
Problématique : Comment la structure de l'ADN permet-elle de porter l'information génétique ?

Matériel : - Documents 1 à 4 + Manuel BELIN p22-23 ; Modèle moléculaire de l'ADN - PC équipé d'internet (Site LibMol et BlastN) - Différentes molécules d'ADN (méduse, homme, levure, souris ...)	Aide : - Fiche « protocole » : Identifier la structure et le rôle de l'ADN - Fiche Technique LibMol (sur le réseau) - Vidéo « Procédure pas à pas » - eSVT – M POURCHER
--	--

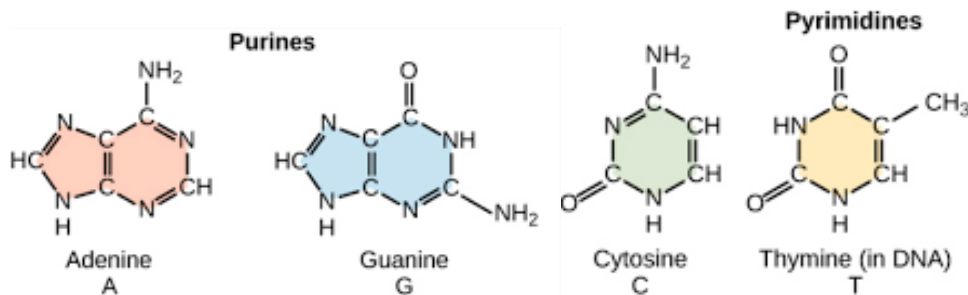
Activités et déroulement des activités	Capacités - critères de réussite
➤ ETAPE 1 : Proposez des hypothèses sur la structure de l'ADN - A partir des <u>documents 1 à 3</u>, identifiez des hypothèses sur la structure de la molécule d'ADN (nombre de brins, de nucléotides, mode d'association ...). ➤ ETAPE 2 : Mettez en œuvre le protocole proposé ➤ Utilisez le <u>logiciel LibMol</u> pour <u>déterminer la structure</u> de l'ADN : - le nombre de chaînes (ou brins) composant cette structure - composition en nucléotides (composants principaux de l'ADN) - le mode d'association des nucléotides (qui est en face de qui) - les ressemblances et différences entre l'ADN des êtres vivants 📞 Appelez le professeur pour vérification ➤ ETAPE 3 : Récapitulez vos résultats sous la forme la plus appropriée - <u>Réalisez un schéma</u> montrant la structure de l'ADN (s'aider du <u>document 3</u>). ➤ ETAPE 4 : Répondez au problème initial - <u>Rédigez un texte</u> récapitulant la <u>structure de l'ADN</u> et présentant les 3 arguments permettant de qualifier l'ADN de molécule universelle (<u>document 4</u>). ➤ Fermez la session informatique et rangez le matériel utilisé.	Analyser, extraire des informations <i>Extraire les informations utiles et savoir les expliquer. Identification du nombre de brins, des différents nucléotides et leur association par complémentarité.</i> Mettre en œuvre un protocole <i>Mise en évidence de la structure de l'ADN (identifier 2 chaînes enroulées, Identifier 4 nucléotides : A, T, C et G Identifier que les A sont en face des T et les C en face des G) Comparaison de la structure de l'ADN pour différentes espèces et identification du caractère universel (même structure)</i> Communiquer à l'écrit (Réaliser un schéma) <i>Taille suffisante (demi-page), Ressemblance de la structure (largeur, longueur, place et nombre des nucléotides), complémentarité (A-T / C-G), légendes exactes, titre</i> Communiquer à l'écrit (Rédiger un texte) <i>Ordre cohérent des idées, Précision du vocabulaire, qualité de l'orthographe et de la syntaxe, identification des 3 arguments. Utiliser les mots en gras dans les documents.</i> Gérer le matériel et son espace de travail <i>L'espace doit être propre et rangé.</i>

Document 1 : La découverte de quelques propriétés de l'ADN (cf doc 6 p23)

Erwin Chargaff (*ci-contre*) est un biochimiste autrichien qui a émigré aux USA durant la seconde guerre mondiale. Dans les années 1940, il s'intéresse aux travaux d'**Oswald Avery** et **Colin McLeod** qui montrent que l'ADN est responsable de la virulence de bactéries. Chargaff comprend alors l'importance de l'ADN pour le vivant.



Il s'intéresse à ses composants et découvre que l'ADN est une **macromolécule (molécule complexe formée de nombreuses sous-unités)** composée de **4 nucléotides** : A, T, C et G. Chaque nucléotide est composé d'une **base azotée** spécifique, d'un **sucré** (le désoxyribose) et d'un groupement **phosphate**. Il détermine alors le pourcentage de chaque nucléotide dans l'ADN de différents êtres vivants (voir tableau).



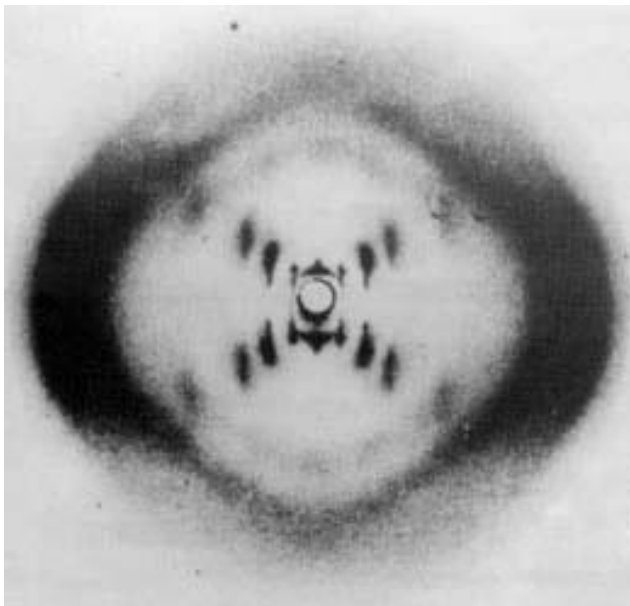
Formules chimiques des 4 bases azotées présentes dans les nucléotides

Organisme	A	G	C	T	A/T	G/C	G+C	A+T
Humain	29.3	20.7	20.0	30.0	0.98	1.04	40.7	59.3
Blé	27.3	22.7	22.8	27.1	1.01	1.00	45.5	54.4
Poulet	28.0	22.0	21.6	28.4	0.99	1.02	43.7	56.4
Bactérie	24.7	26.0	25.7	23.6	1.05	1.01	51.7	48.3

Tableau des pourcentages de chaque nucléotides et rapports A/T et G/C chez différentes espèces

Document 2 : La découverte d'une structure en double hélice

A l'époque, Linus Pauling et de nombreux scientifiques pensaient que l'ADN contenait 3 brins enroulés. Cependant, dès 1950, les travaux de cristallographie aux rayons X de **Rosalind Franklin**, une chimiste anglaise, montrent une répétition de petits traits alignés selon une croix. Cette croix permet de comprendre que l'ADN est constitué de **2 brins enroulés l'un autour de l'autre** avec les **bases azotées orientées vers l'intérieur**. Cette structure est appelée **double hélice**.

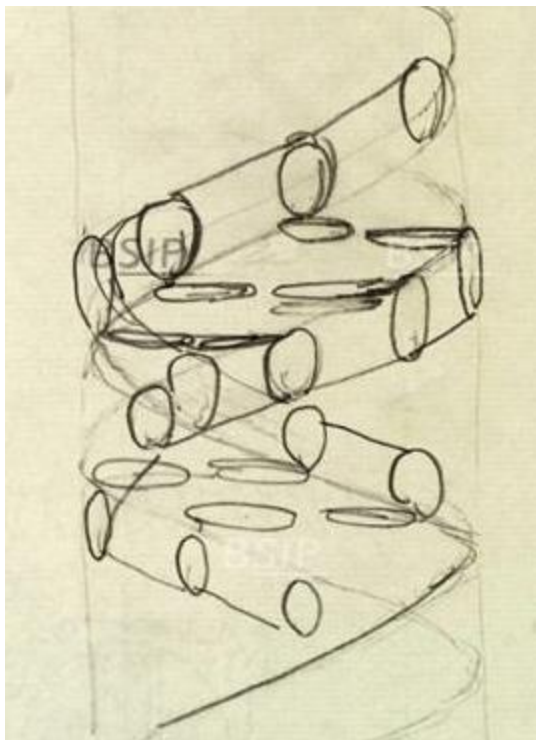
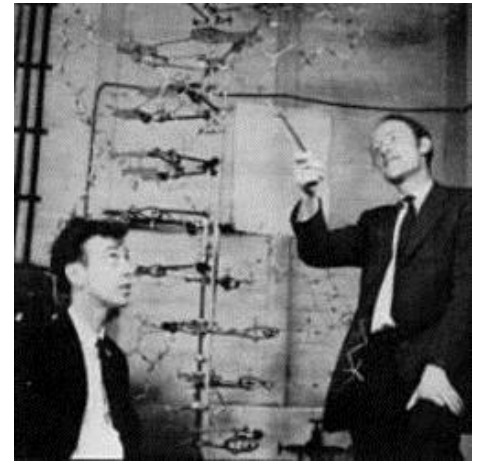


Document 3 : La compréhension complète de la structure de l'ADN

En 1953, James Watson et Francis Crick publient un article qui décrit la structure de l'ADN, en se basant sur ce motif en croix. Ces travaux leur vaudront un prix Nobel en 1962.

Ils confirment alors que l'ADN est bien formé de **2 brins enroulés l'un autour de l'autre**, ce qui forme une **double hélice**. En effet, les 2 brins vont s'associer en ménageant un **grand sillon** et un **petit sillon**. Ainsi, l'ADN n'est pas parfaitement symétrique et ressemble à un « scoubidou » ou à un « escalier en colimaçon ». Ils montrent également que **l'ADN est un filament très fin (2nm de large)** qui présente un tour de spire de 3,4 nm correspondant à une suite de 10 nucléotides. Il y a donc un écartement de 0,34 nm entre 2 nucléotides consécutifs sur un brin.

De plus, ils intègrent également les travaux de Chargaff afin de comprendre l'association des 2 brins d'ADN. Chaque brin d'ADN est constitué de **nucléotides** (A, T, C et G), avec leurs **bases azotées orientées vers l'intérieur**. Les nucléotides se font face d'une façon particulière : les A sont toujours en face des T alors que les C sont toujours en face des G. C'est la **complémentarité de l'ADN**.



Croquis réalisé par Watson et Crick en 1961 montrant la présence de 2 brins enroulés en double hélice.



Modèle moléculaire de l'ADN montrant les 2 sillons (petit et grand).

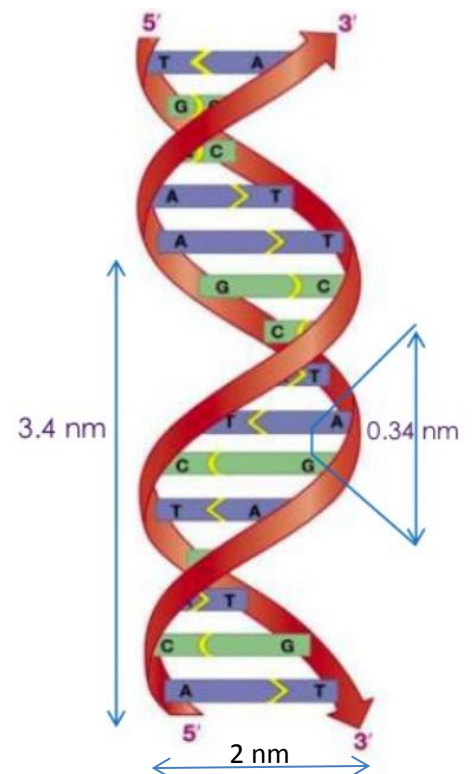


Schéma de la structure de l'ADN montrant les tailles et proportions de la molécule.

Document 4 : La molécule d'ADN est universelle

Dans les années qui ont suivi, la portée de cette découverte s'est amplifiée. En premier lieu, les chercheurs ont constaté que l'ADN est présent chez tous les êtres vivants et retrouvé sous la même forme, depuis les bactéries jusqu'à l'Homme : l'ADN est donc une **molécule universelle** (par sa présence et sa structure).

De plus, les chercheurs ont montré que l'ADN contient l'information génétique sous la forme de **l'enchaînement des nucléotides** : on parle de **séquence d'ADN**. La suite de nucléotides (ATG GTT CTC AGC ...) forme un **message** qui correspond aux **gènes** et aux **allèles**.

Enfin, on a pu montrer que l'ADN a également une **fonction universelle**. En effet, l'information génétique que porte un morceau d'ADN est comprise par toutes les cellules de la même manière. C'est ce qui permet de transférer de l'ADN entre des êtres vivants très différents : c'est la **transgénèse** qui permet de produire des OGM (Organismes Génétiquement Modifiés).

Fiche protocole « Identifier la structure et le rôle de l'ADN »

IDENTIFIER LA STRUCTURE DE L'ADN

Matériel

- PC équipé du logiciel LibMol
 - > Fichier de la base de données (ADN 14 paires de bases)
- Fichiers RASTOP modélisation moléculaire :
 - > Modele-ADN.pdb
 - > molecule_adn_bacterie.pdb
 - > molecule_adn_homme.pdb
 - > molecule_adn_levure.pdb
 - > molecule_adn_meduse.pdb
 - > molecule_adn_rat.pdb
 - > molecule_adn_souris.pdb

Remarques :

- Les fichiers RASTOP peuvent être ouverts sur LibMol en utilisant l'onglet « **Fichiers** » « **Ouvrir en local** »
- La molécule affichée n'est qu'un extrait avec 14 paires de bases (nucléotides)
- Par exemple, d'ADN humain comprend au total 3 milliards de paires de bases chez l'humain (répartis dans 23 paires de chromosomes)

➤ Ouvrir le fichier de molécule :

- 1- Accéder à <https://libmol.org/>
- 2- Dans l'onglet « **Fichiers** », rechercher le mot « **ADN** »
- 3- Sélectionner « **ADN 14 paires de bases** »
- 4- Observer la molécule et la faire pivoter avec la souris

Vidéo
« Procédure
pas à pas »
eSVT - M
POURCHER



➤ Identifier la structure globale (nombre de chaînes) :

- 5- Dans l'onglet « **Commandes** », choisir « Colorer » « **Chaînes** »
- 6- Dans le même onglet, modifier l'aspect en choisissant « Représenter » « **Rubans** », « **Sphères** » ...
- 7- En déduire le nombre de chaînes de l'ADN et leur forme globale (s'aider des documents)

☎ Appelez le professeur pour vérification de la capture d'écran

➤ Identifier le nombre et le type de constituants de l'ADN :

- 8- Dans l'onglet « **Commandes** », choisir « Colorer » « **Résidus** »
- 9- **Survoler** chaque composant pour identifier leur nature
- 10- Dans l'onglet « **Séquences** », survoler les nucléotides pour vérifier leur présence dans la molécule
- 11- Identifier le nombre de nucléotides présents et leur mode d'association (s'aider des documents)
- 12- Vérifier si ces éléments sont retrouvés sur différentes molécules d'ADN (Homme, Levure ...)

☎ Appelez le professeur pour vérification de la capture d'écran

IDENTIFIER LE ROLE DE L'ADN (Facultatif)

Matériel

- PC équipé d'internet
 - > Lien vers le site BlastN

The screenshot shows the 'Standard Nucleotide BLAST' interface. The 'Enter Query Sequence' section is active, with a text input field containing the sequence 'ATGGCCGAGGTGTTGCGGACGCTGGCCGAAAACCAAATGCC'. Below the input field, there are options to 'Or, upload file' and 'Job Title'. The 'Align two or more sequences' checkbox is unchecked.

➤ Rechercher un gène via sa séquence d'ADN (« blaster »)

- 1- Accéder au site [BlastN](https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)
- 2- Dans le formulaire « **Enter Query Sequence** », entrer la suite de nucléotides suivante :
ATGGCCGAGGTGTTGCGGACGCTGGCCGAAAACCAAATGCC
- 3- Cliquer sur « **Blast** », situé plus bas dans la page
- 4- Déterminer quel gène correspond à la séquence « blastée »