

Comprendre comment
l'expérience historique de
Meselson et Stahl a permis de
valider une hypothèse parmi
trois et discuter de
l'argumentation fournie par l'IA

Quand les scientifiques ont compris que l'ADN était répliqué avant les divisions cellulaires ils élaboré trois hypothèses pour comprendre comment cela pouvait se dérouler dans la cellule : Le modèle semi-conservatif, le modèle conservatif et le modèle dispersif.

Schéma des résultats de la composition de l'ADN en ^{15}N et ^{14}N , au cours des générations selon les modèles

Culture génération de départ : génération 0 en présence d'azote lourd ^{15}N

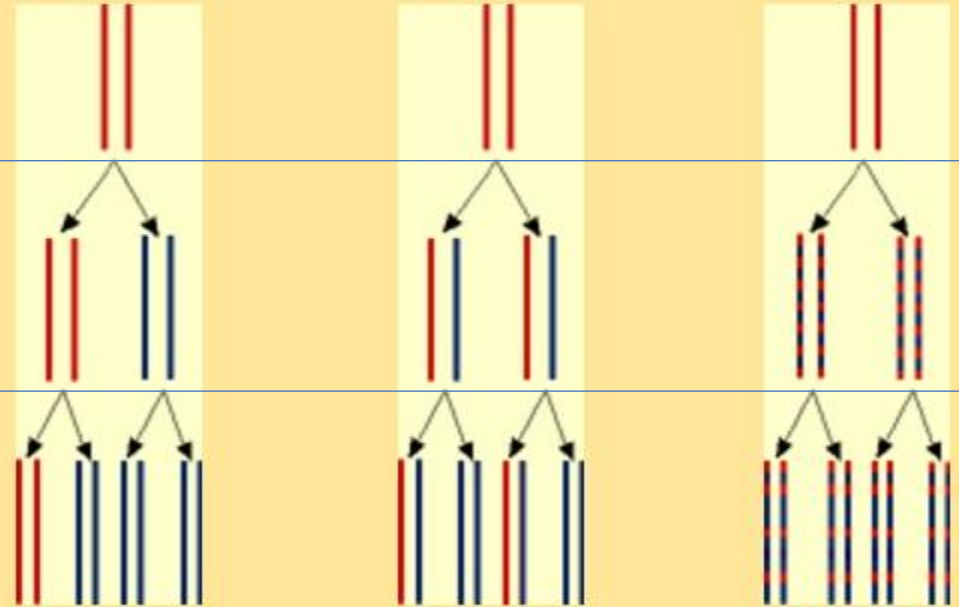
Culture génération 1 en présence d'azote léger ^{14}N

Culture génération 2 en présence d'azote léger ^{14}N

Conservatif

Semi-conservatif

Dispersif



Dans la diapo suivante, pour chaque modèle, décrire (avec les mots azote lourd et azote léger), les résultats attendus de la composition de l'ADN pour chaque modèle

Diapo réponse 1

Description des résultats attendus pour le modèle conservatif pour les générations 1 et 2 :

Pour le modèle conservatif, dans la génération 1 la molécule d'ADN contenant à la base de l'azote lourd ^{15}N a été répliqué en formant un ADN contenant de l'azote lourd et un ADN contenant de l'azote léger ^{14}N .

Concernant la génération 2, l'azote lourd ^{15}N va former un ADN contenant de l'azote léger ^{14}N avec un ADN contenant de l'azote lourd ^{15}N . Puis l'ADN concernant de l'azote léger va se répliquer.

Description des résultats attendus pour le modèle semi-conservatif pour les générations 1 et 2 :

Pour le modèle semi-conservatif, les deux brins de l'ADN contenant de l'azote lourd ^{15}N va se séparer et chacun de ses brins va se former avec un brin d'azote léger ^{14}N .

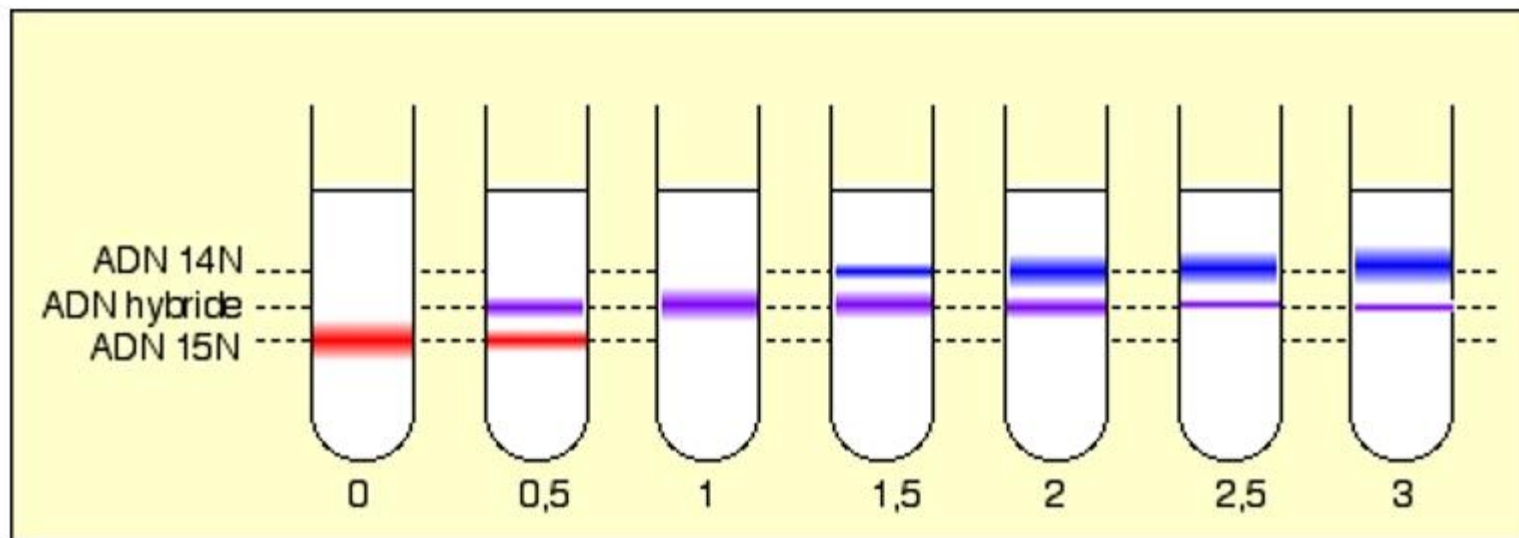
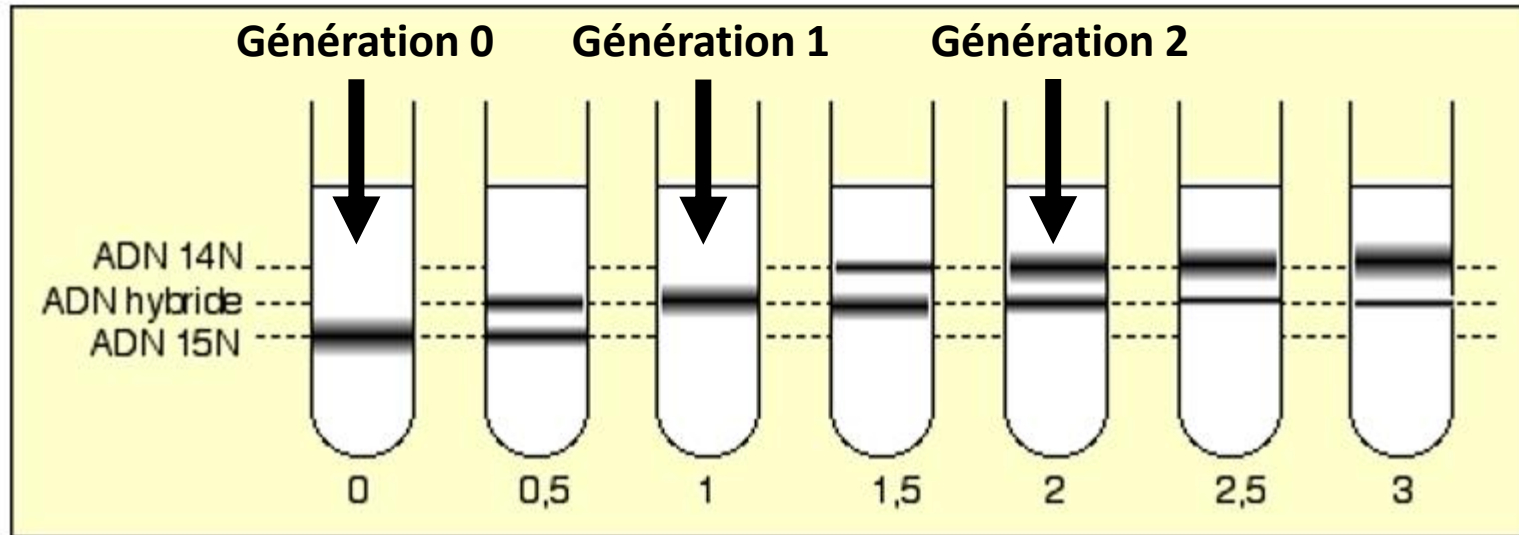
Dans la génération 2, l'ADN contenant de l'azote lourd ^{15}N et de l'azote léger ^{14}N va se répliquer et va former d'un côté, un ADN contenant uniquement de l'azote léger et d'un autre côté, un brin d'ADN (^{15}N) avec un brin d'ADN (^{14}N). Puis ce schéma va se reproduire une deuxième fois.

Description des résultats attendus pour le modèle dispersif pour les générations 1 et 2 :

Pour le modèle dispersif, l'ADN contenant de l'azote lourd ^{15}N va former deux ADN contenant de l'azote léger mélangé à l'azote lourd.

Puis à la génération 2, chacun de ces deux ADN va se répliquer en éliminant quelques azotes lourds ^{15}N .

Ces schémas représentent la position des différentes bandes d'ADN observées au cours du temps (divisions successives), après centrifugation dans le gradient de chlorure de césium. Les chiffres donnent le nombre de divisions. Le schéma du bas correspond à une interprétation colorée de celui du haut.



Dans la diapo suivante,

- 1 Comparer les résultats obtenus (ci-contre) avec ceux qui étaient attendus (décrits dans la diapo précédente) selon le modèle.
- 2 Conclure pour valider le modèle valable

Diapo réponse 2

Comparaison des résultats attendus et obtenus pour le modèle conservatif pour les générations 1 et 2 :

Pour le modèle conservatif, dans la génération 1 il n'y a pas d'ADN hybride alors que d'après les résultats l'ADN est hybride c'est-à-dire qu'il y a un mélange entre de l'azote N15 et l'azote N14. L'hypothèse est fausse.

Comparaison des résultats attendus et obtenus pour le modèle semi-conservatif pour les générations 1 et 2 :

Pour le modèle semi conservatif, dans la génération 1 on voit que l'ADN est hybride avec un assemblage d'azote N15 et N14 comme on peut le voir sur le résultat obtenu. Dans la génération 2 on y voit d'un côté de l'ADN hybride et un autre côté de l'ADN avec uniquement de l'azote léger N14. L'hypothèse est correcte.

Comparaison des résultats attendus et obtenus pour le modèle dispersif pour les générations 1 et 2 :

Pour le modèle dispersif, dans la génération 1 on voit que l'ADN est hybride comme le résultat obtenu. Or dans la génération 2, on y voit que de l'ADN hybride alors que d'après le résultat obtenu on voit d'un côté de l'ADN hybride et d'un autre côté de l'ADN avec uniquement de l'azote léger N14. L'hypothèse est fausse.

Conclusion et choix du modèle qui correspond aux résultats obtenus :

En conclusion le modèle correct est le modèle semi conservatif car il coche tout les aspects du résultat obtenue.

Dans la zone de texte ci-dessous analyse en quoi les arguments utilisés dans les deux réponses proposées par TalkAI ne sont pas pertinents

Réponse sur le modèle conservatif :
L'IA parle de brins radioactifs alors que l'ADN n'est pas composé d'éléments radioactifs.

Réponse sur le modèle dispersif :
L'IA dit que l'ADN est soit composé avec uniquement de l'azote léger ou avec uniquement de l'azote lourd alors que les résultats montrent que l'ADN est hybride.

Question posée à talkAI : peux-tu expliquer comment Meselson et Stahl ont réfuté le modèle conservatif

Analyse de la réponse fournie par talkAI :

(...)

En analysant les échantillons d'ADN, Meselson et Stahl ont constaté que l'ADN était composé d'un brin radioactif et d'un brin non-radioactif, ce qui indiquait que la réplication de l'ADN se fait de manière semi-conservative. Cette observation contredisait le modèle conservatif, qui postulait que les deux brins de l'ADN parental restaient ensemble et formaient un nouvel ADN conservé intact.

Question posée à talkAI : peux-tu expliquer comment Meselson et Stahl ont réfuté le modèle dispersif ?

(...)

Selon le modèle dispersif, les deux brins d'ADN seraient constitués d'une combinaison d'ADN parental et d'ADN nouvellement synthétisé. Cela signifierait que les molécules d'ADN observées devraient avoir un poids intermédiaire entre celui de l'ADN original (lourd en ^{15}N) et celui de l'ADN nouvellement synthétisé (léger en ^{14}N).

Cependant, les résultats de l'expérience ont montré que les molécules d'ADN étaient constituées soit entièrement d'ADN lourd (^{15}N) soit entièrement d'ADN léger (^{14}N), confirmant ainsi le modèle de réplication semi-conservatrice proposé par Watson et Crick.

En conclusion, l'expérience de Meselson et Stahl a réfuté le modèle dispersif en faveur du modèle semi-conservateur de la réplication de l'ADN.