

A savoir :

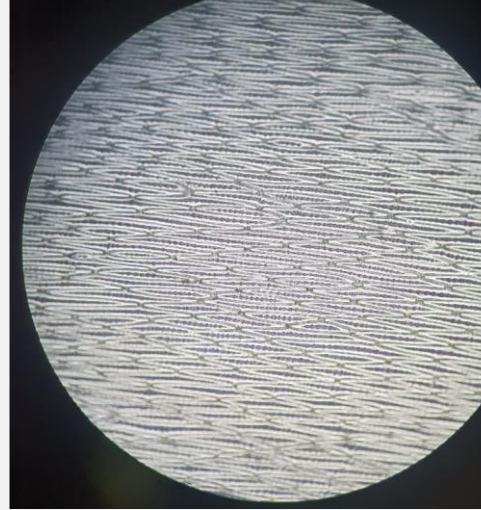
Face adaxiale = face ventrale (face supérieure)

face la plus proche de l'axe = la tige

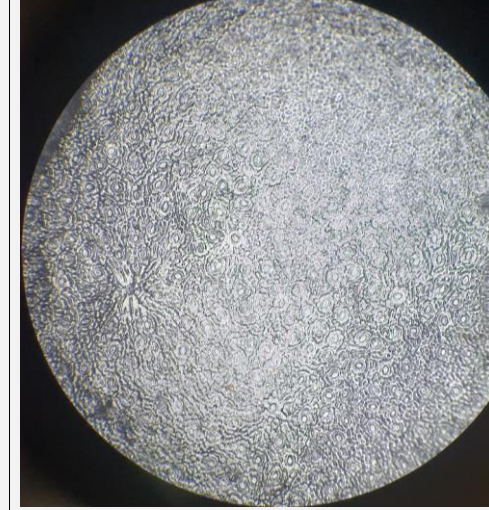
Face abaxiale = face dorsale (face inférieure)

face la plus éloignée de l'axe

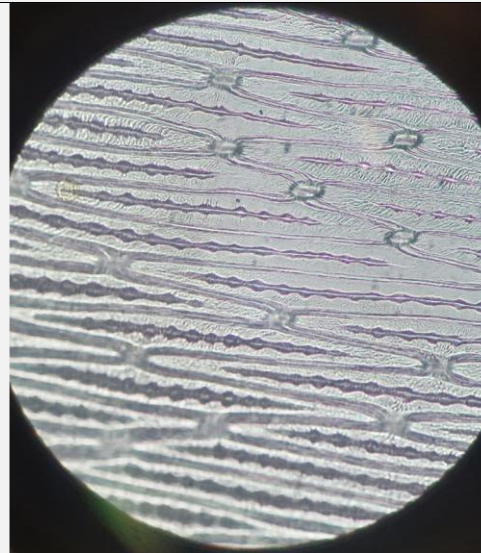
➔ **Complétez le tableau suivant :**



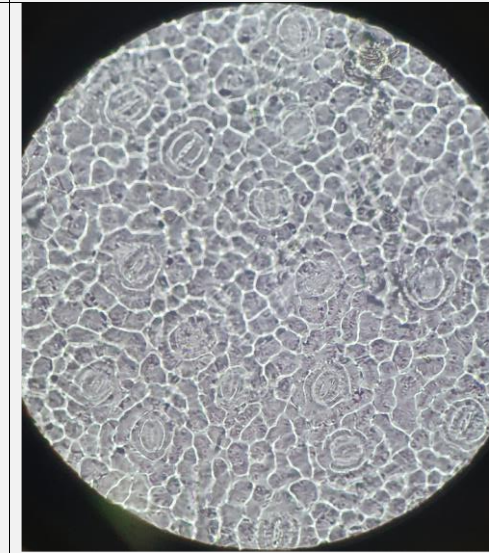
feuille de Poireau X 100



FD feuille de Houx X 100



feuille de Poireau X 400



FD feuille de Houx X 400

	Taille des stomates	Nombre stomates/mm ² sur la face adaxiale	Nombre stomates/mm ² sur la face abaxiale
Feuille de Houx			
Feuille de Poireau			

Calcul de la surface :

diamètre : $2/4 = 0,5$ mm à G x 400
donc $R = 0,25$ mm

$$S = \pi R^2 = \pi \times 0,25^2 \approx 0,2 \text{ mm}^2$$

Taille des stomates :

Poireau : environ 19 stomates sur le diamètre $\rightarrow 500/19 \approx 26 \mu\text{m}$

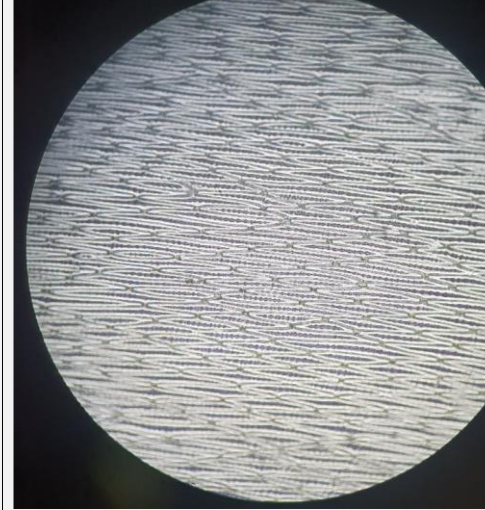
Houx : environ 13,5 stomates sur le diamètre $\rightarrow 500/13,5 \approx 37 \mu\text{m}$

Dénombrement des stomates sur la surface :

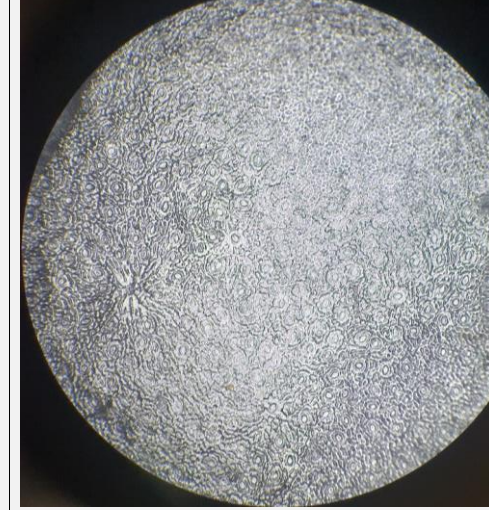
Poireau : 14 stomates

Houx : 19 stomates

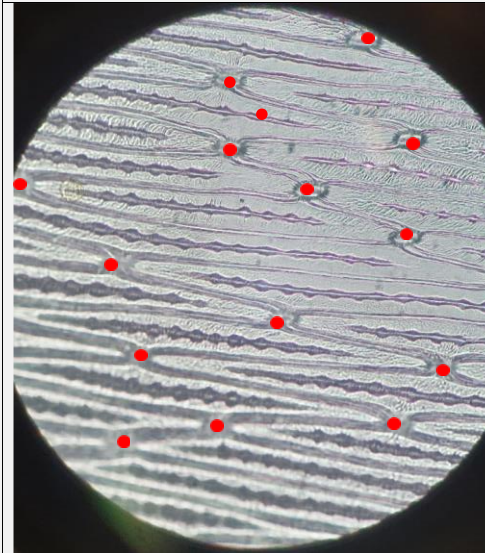
→ Complétez le tableau suivant :



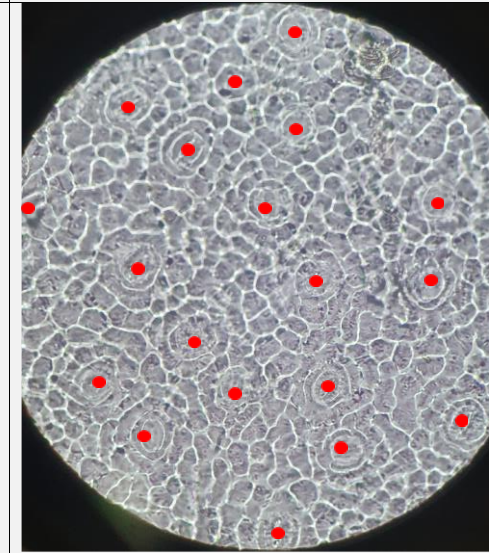
feuille de Poireau X 100



FD feuille de Houx X 100



feuille de Poireau X 400



FD feuille de Houx X 400

	Taille des stomates	Nombre stomates/mm ² sur la face adaxiale	Nombre stomates/mm ² sur la face abaxiale
Feuille de Houx	37 μm	-	19
Feuille de Poireau	26 μm	-	14

Evolution de la PCO_2 et de l'indice stomatique de *Quercus patraea* depuis 1880



Sur les plantes récentes

Quercus Patraea (chêne)

Années	Index stomatique(en %)
1880	15,8
1903	15,2
1910	14
1943	13,5
1966	12,7
1976	13
1991	10,8

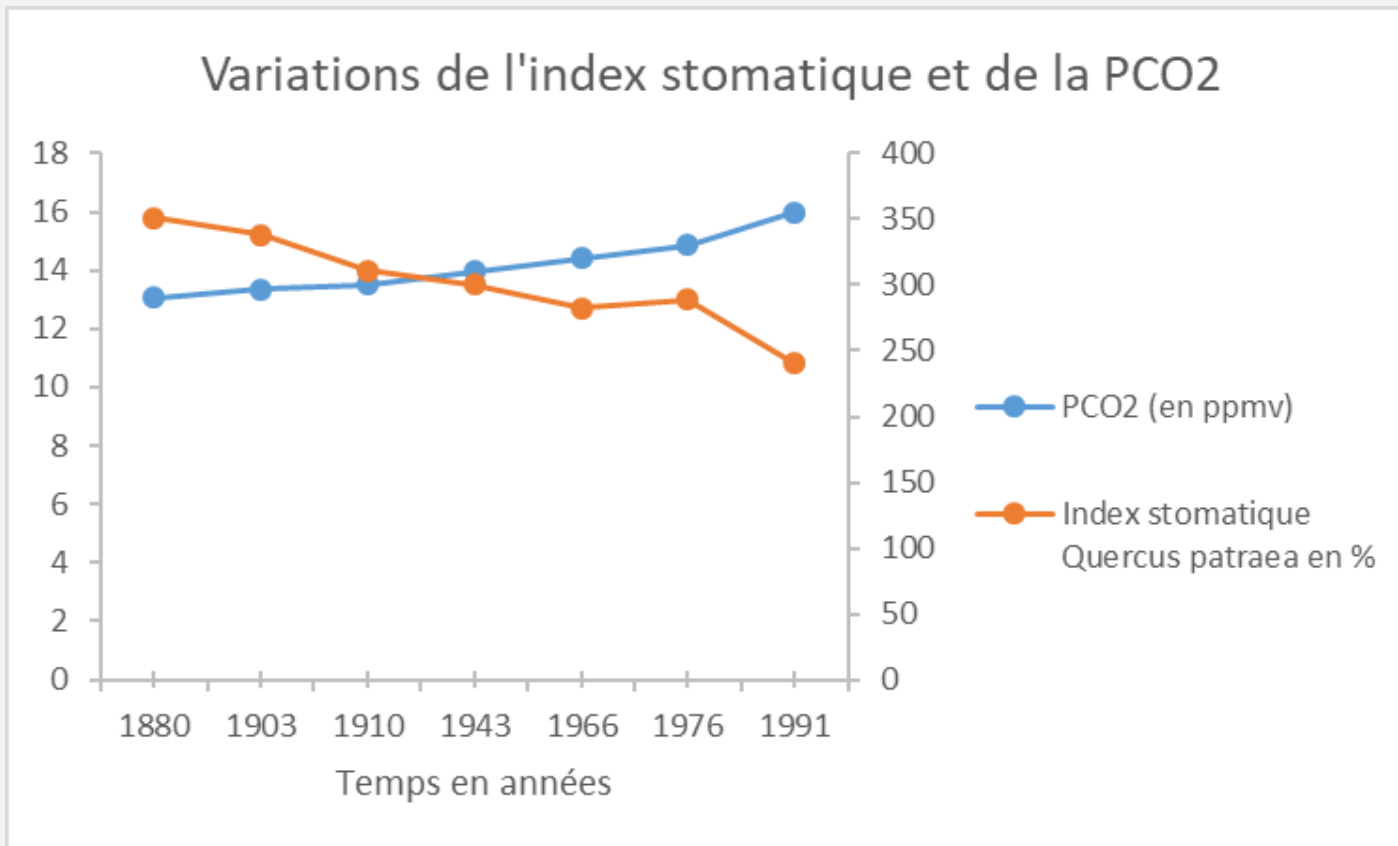
Sur les plantes fossilisées

Quercus sp.

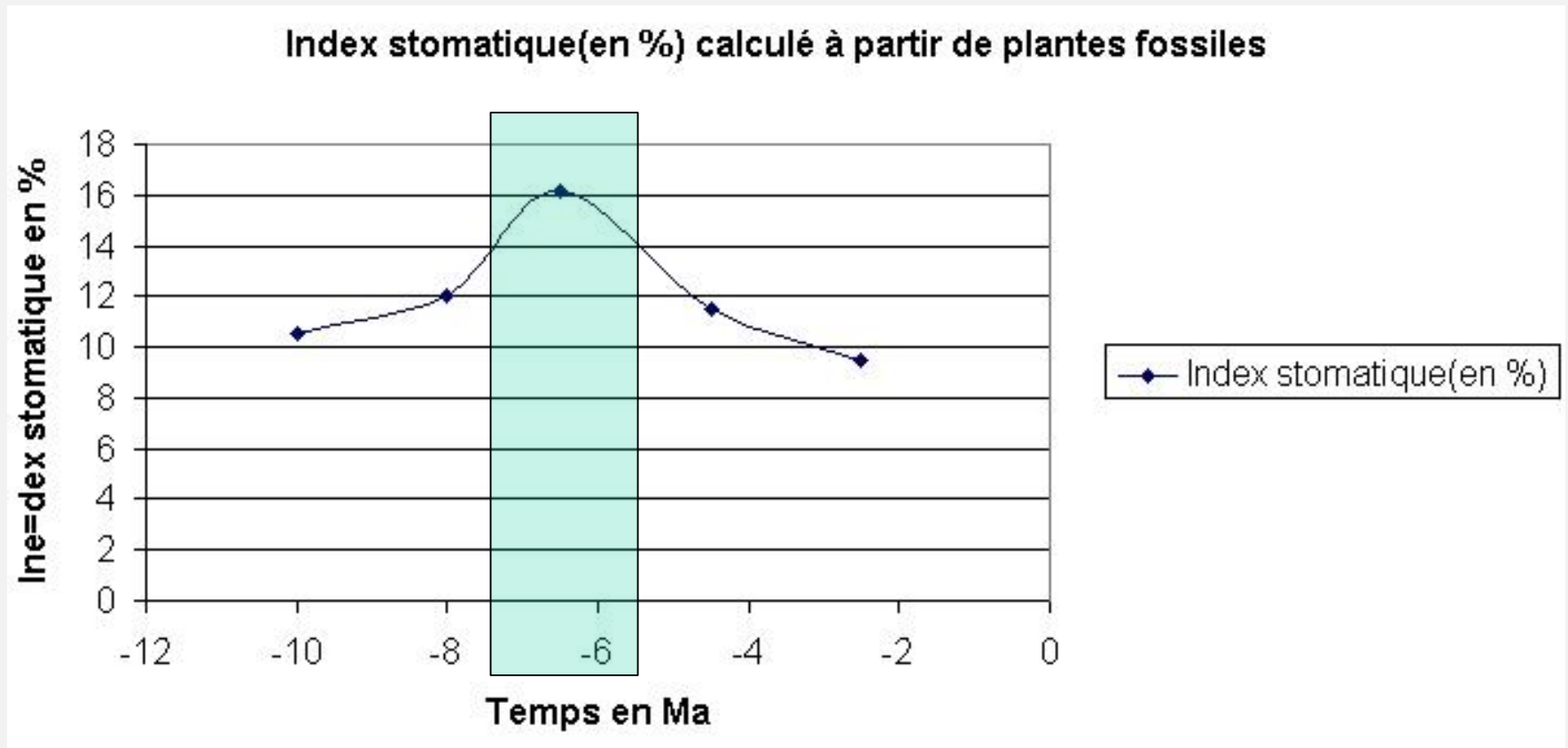
Temps (Ma)	Index stomatique (en %)
-2,5	9,5
-4,5	11,5
-6,5	16,2
-8	12
-10	10,5

<https://docs.google.com/spreadsheets/d/1rvUol5kJGzfPnntGHSErdh7HhU4AtEvi/edit?usp=sharing&oid=111672429266873992424&rtpof=true&sd=true>

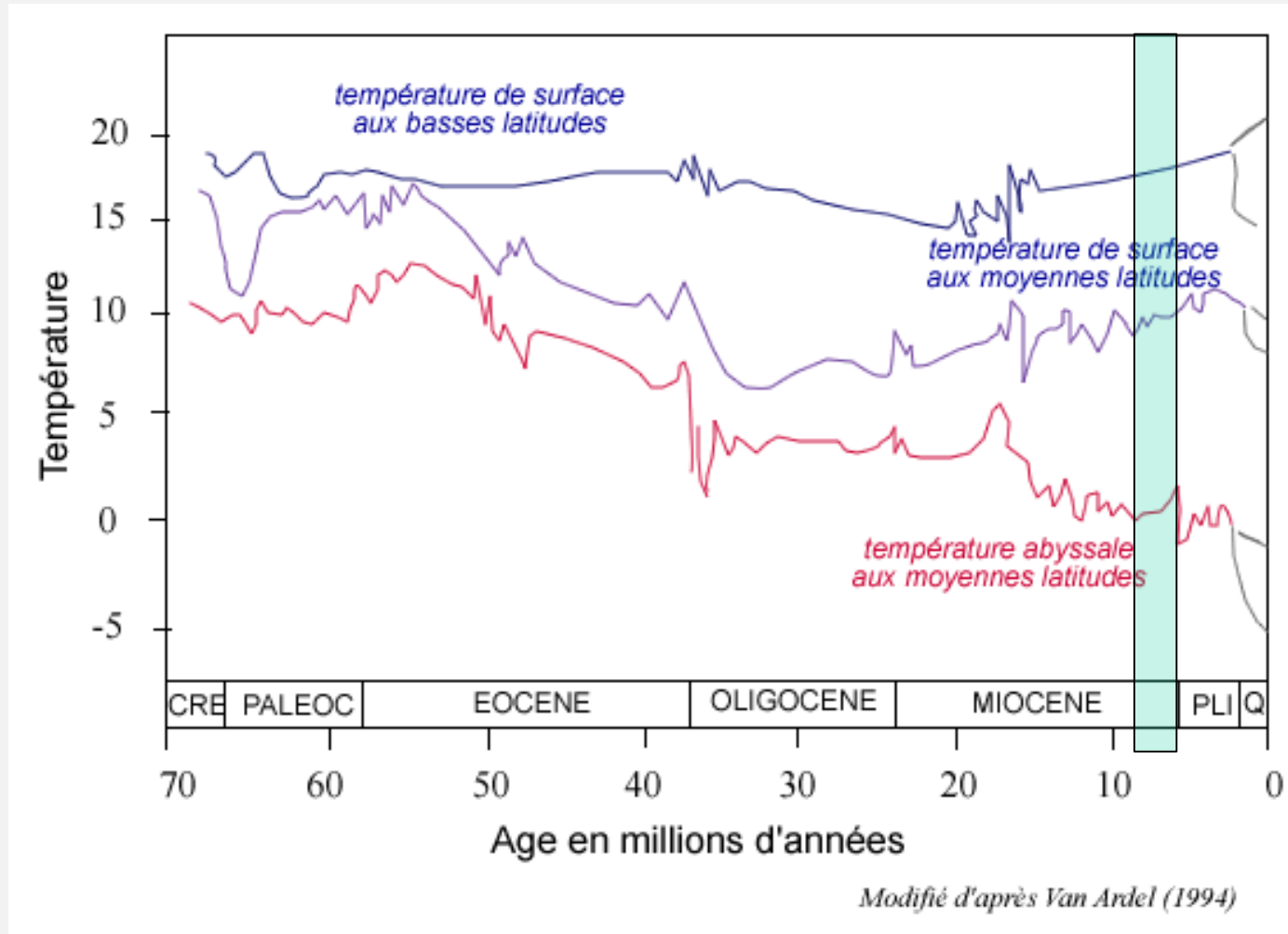
Evolution de la PCO_2 et de l'indice stomatique de *Quercus patraea* depuis 1880



Mise en relation de la teneur de l'atmosphère en CO₂ et l'indice stomatique de chênes fossiles



Évolution de la température de l'eau de mer à diverses profondeurs et latitudes, déduite des mesures de rapport isotopique $\delta^{18}\text{O}$ au cours des 70 derniers millions d'années

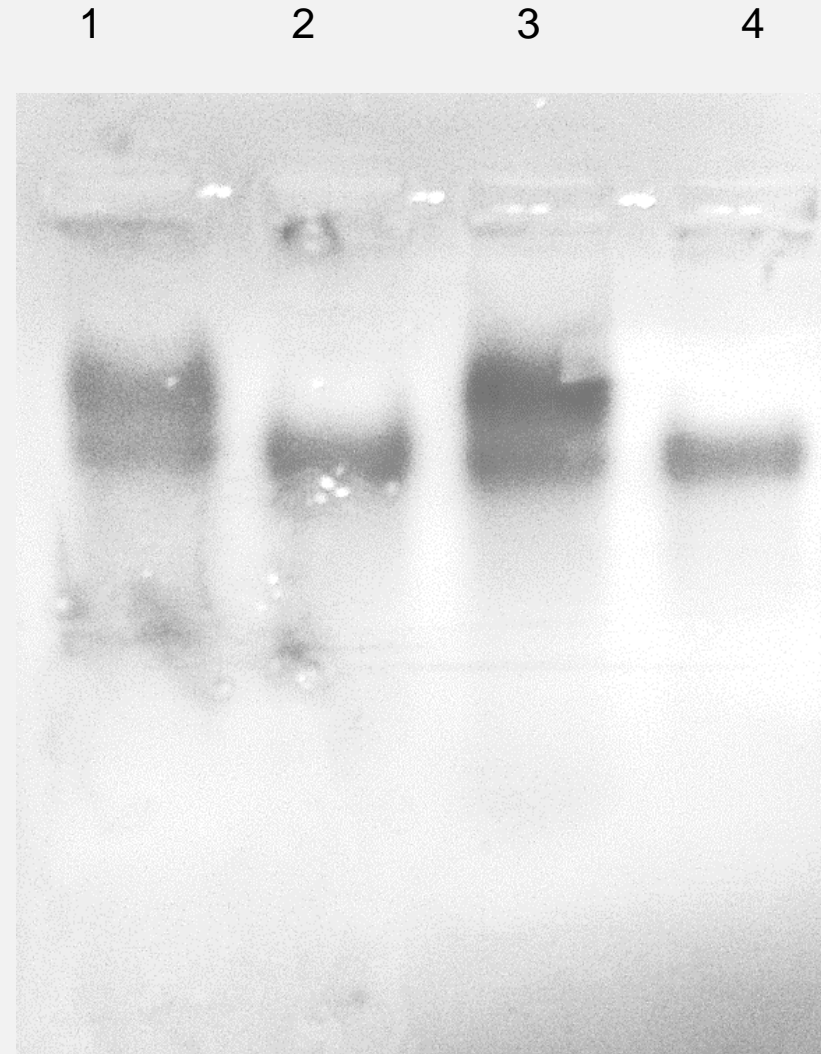


On cherche à caractériser la structure spatiale d'une enzyme, la glucose oxydase.

Puits de dépôt →

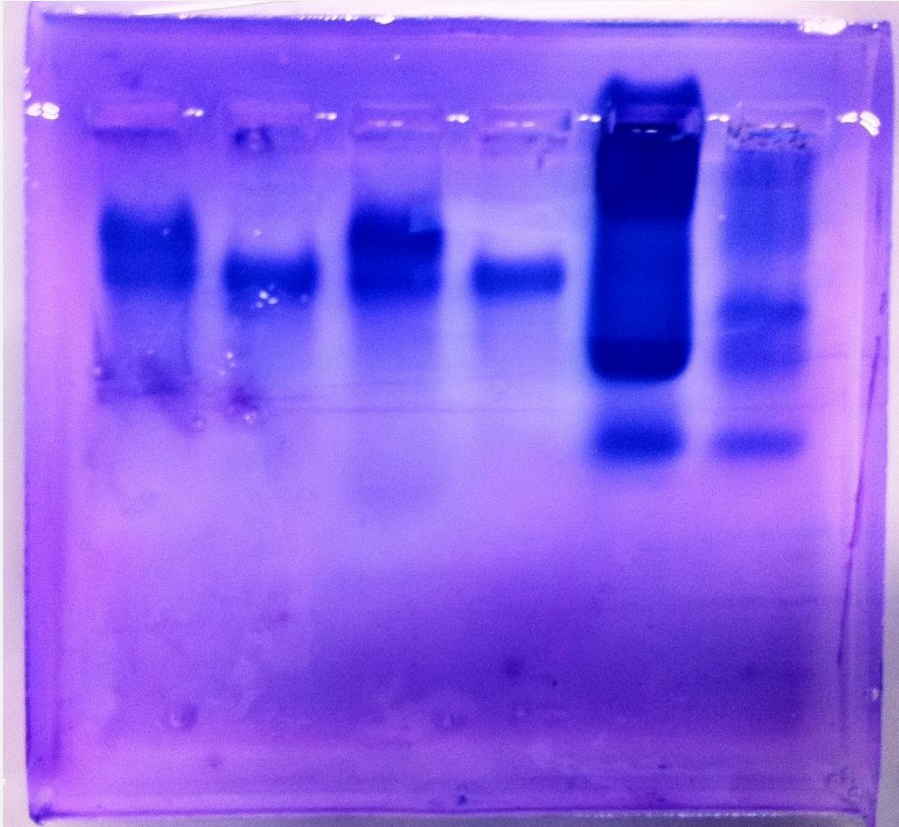
Le document ci-contre présente les résultats obtenus à l'issue d'une électrophorèse sur gel d'agarose de la glucose oxydase en conditions natives (pistes 1 et 3) et en conditions dénaturantes (pistes 2 et 4).

→ **A partir de l'exploitation des résultats obtenus, déterminer si cette enzyme est à structure tertiaire ou quaternaire.**



Electrophorèse de protéines dénaturées et non dénaturées sur agarose : résultats

A B C D E F



A et C : glucose oxydase non dénaturée

→ *Nb bandes?*

B et D : glucose oxydase dénaturée

→ *Nb bandes ?*

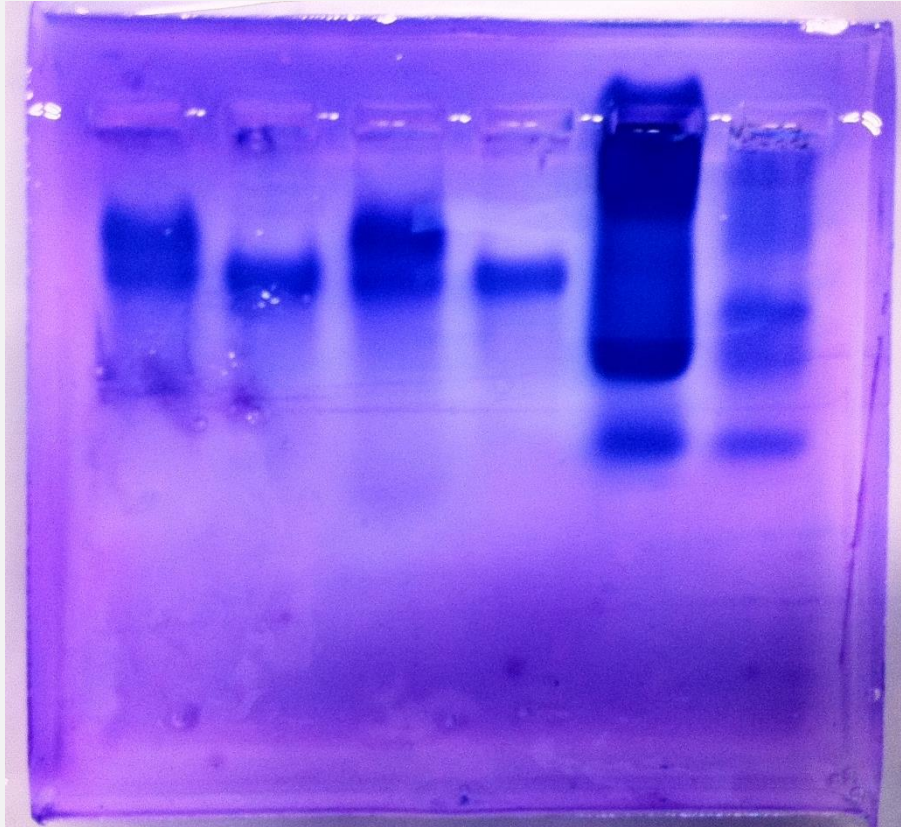
Ccl : ???

E : sérum de cheval non dénaturé

F : sérum de cheval dénaturé

Electrophorèse de protéines dénaturées et non dénaturées sur agarose : résultats

A B C D E F



A et C : glucose oxydase non dénaturée

→ *deux bandes*

B et D : glucose oxydase dénaturée

→ *une seule bande*

Ccl : protéine à structure quaternaire, avec sous-unités de même masse.

La 2^e bande obtenue en conditions non dénaturantes est un « artefact » (protéine partiellement dénaturée, bien qu'il n'y ait pas eu de traitement dénaturant)

E : sérum de cheval non dénaturé

F : sérum de cheval dénaturé

(γ globulines, β puis α globulines, albumine)

Vous avez réalisé l'électrophorèse de deux ADN préalablement coupés par digestion enzymatique, sous l'action d'endonucléases de restriction, et obtenu les résultats ci-contre.

ADN 2 – Xho 1

ADN 1 – Xho 1

ADN 2 – Pst1

ADN 1 – PST1

M

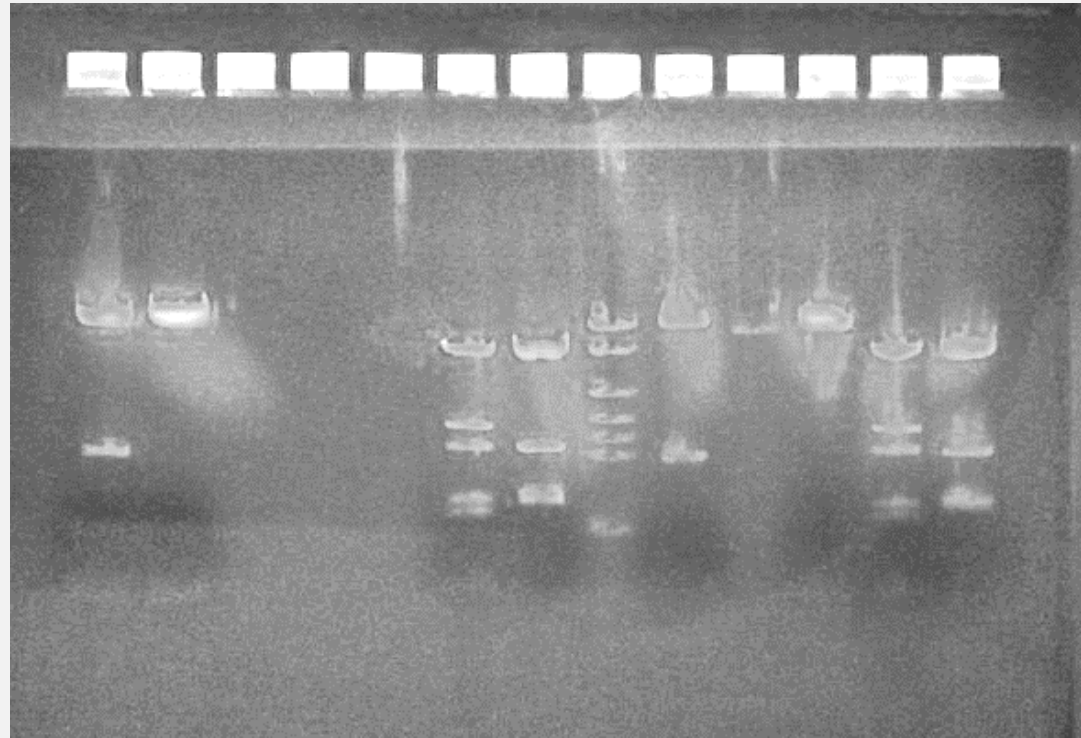
ADN 2 – Xho 1

ADN 1 – Xho 1

ADN 2 – Pst1

ADN 1 – PST1

Taille marqueurs



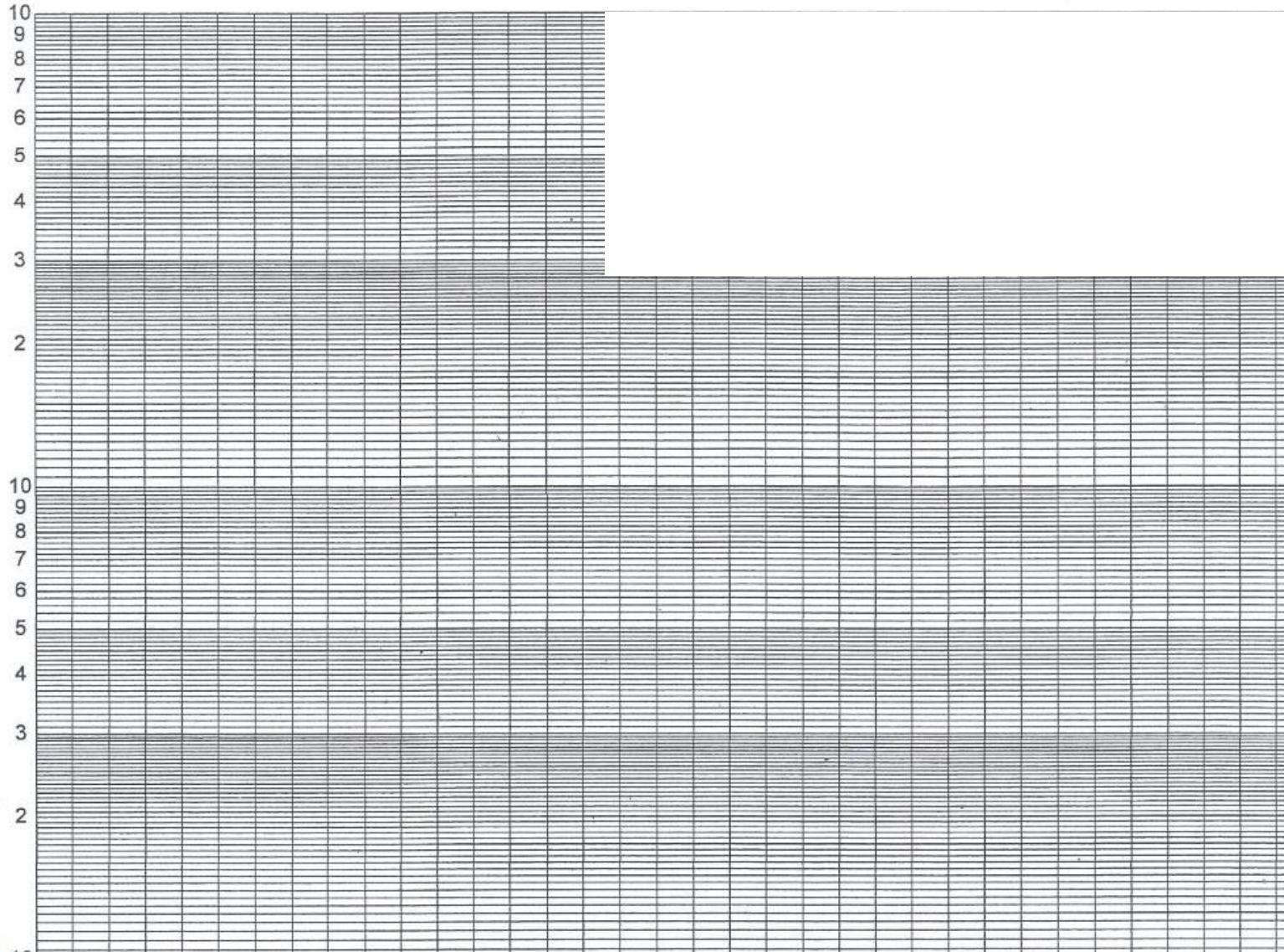
Résultats obtenus

5,4 kpb
3 kpb
1,7 kpb
1,2 kpb
1 kpb
0,8 kpb
0,3 kpb

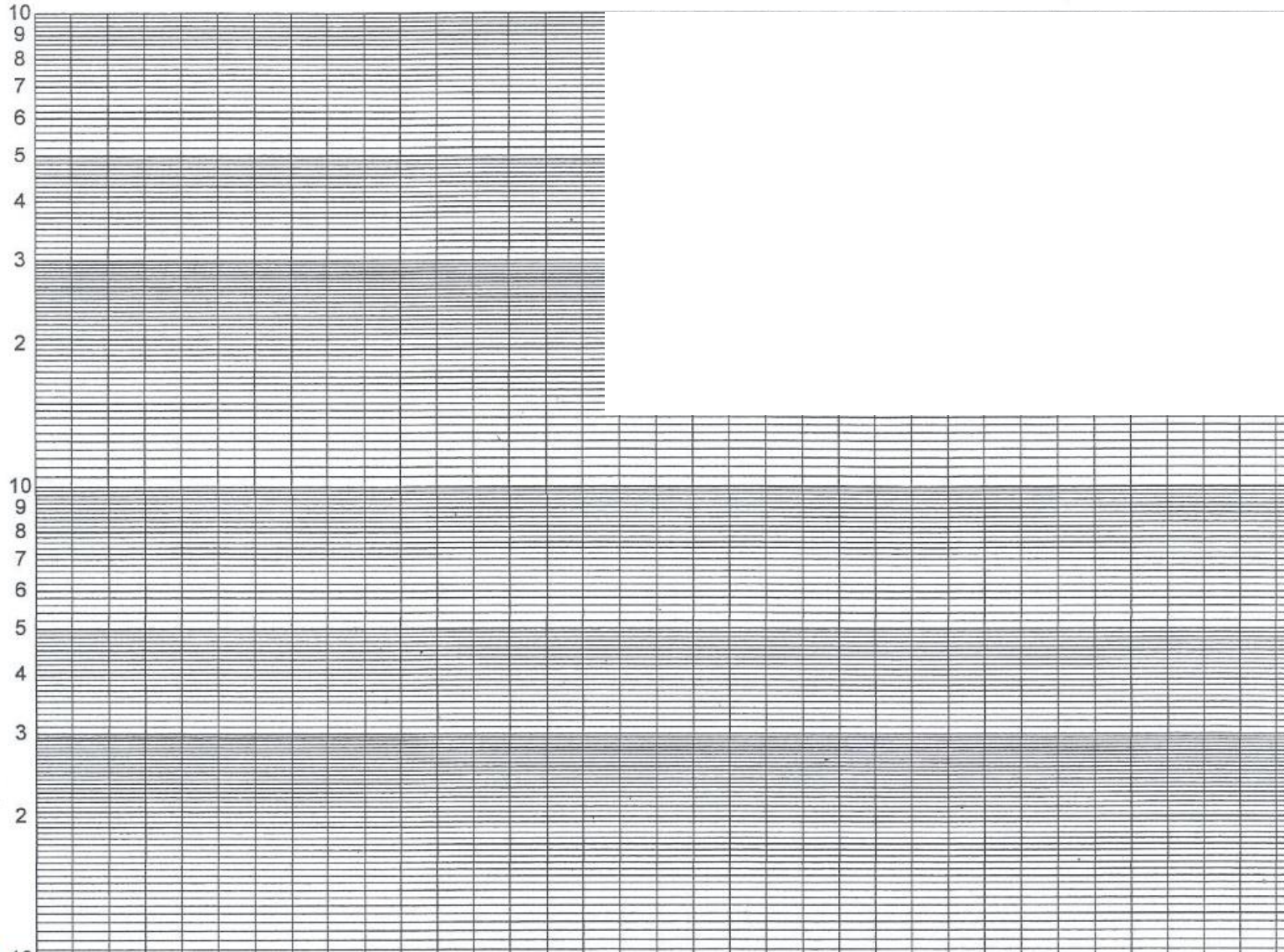
→ Identifiez l'ADN pathologique, sachant que l'un des deux ADN est représentatif de la population saine, et que la pathologie est due, au niveau génétique, à une délétion.

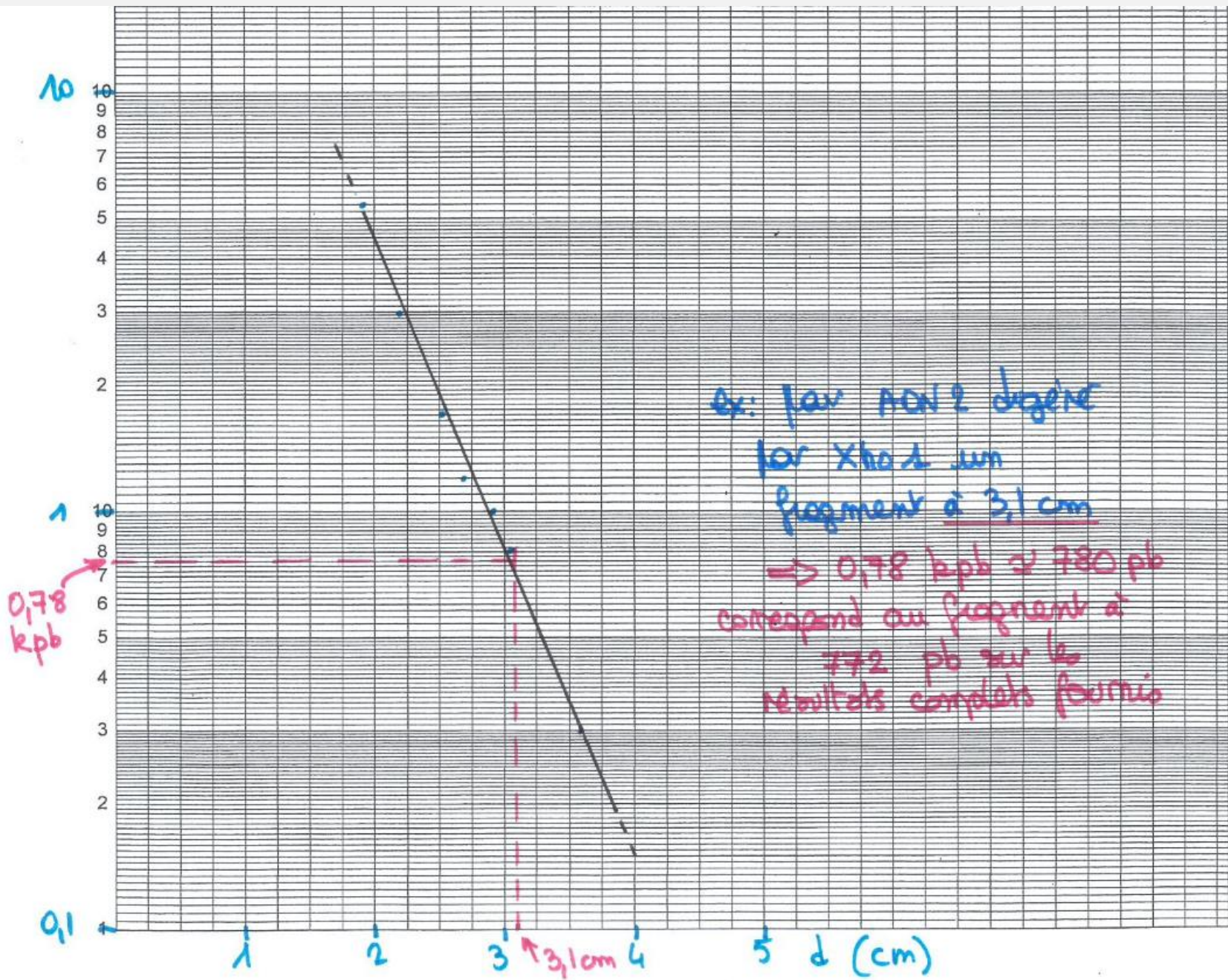
→ Construisez sur le papier semi-log la courbe étalon $R_f = f$ (taille du fragment d'ADN) en utilisant les données qui concernent les marqueurs de taille.

Utilisation du papier semi-log



Utilisation du papier semi-log





ex: par AON 2 digère
par Xho 2 un
fragment à 3,1 cm

⇒ 0,78 kpb = 780 pb
correspond au fragment à
772 pb sur les
résultats complets fournis

0,78
kpb


















q1

Identification de l'ADN pathologique et détermination de la taille des fragments de restriction

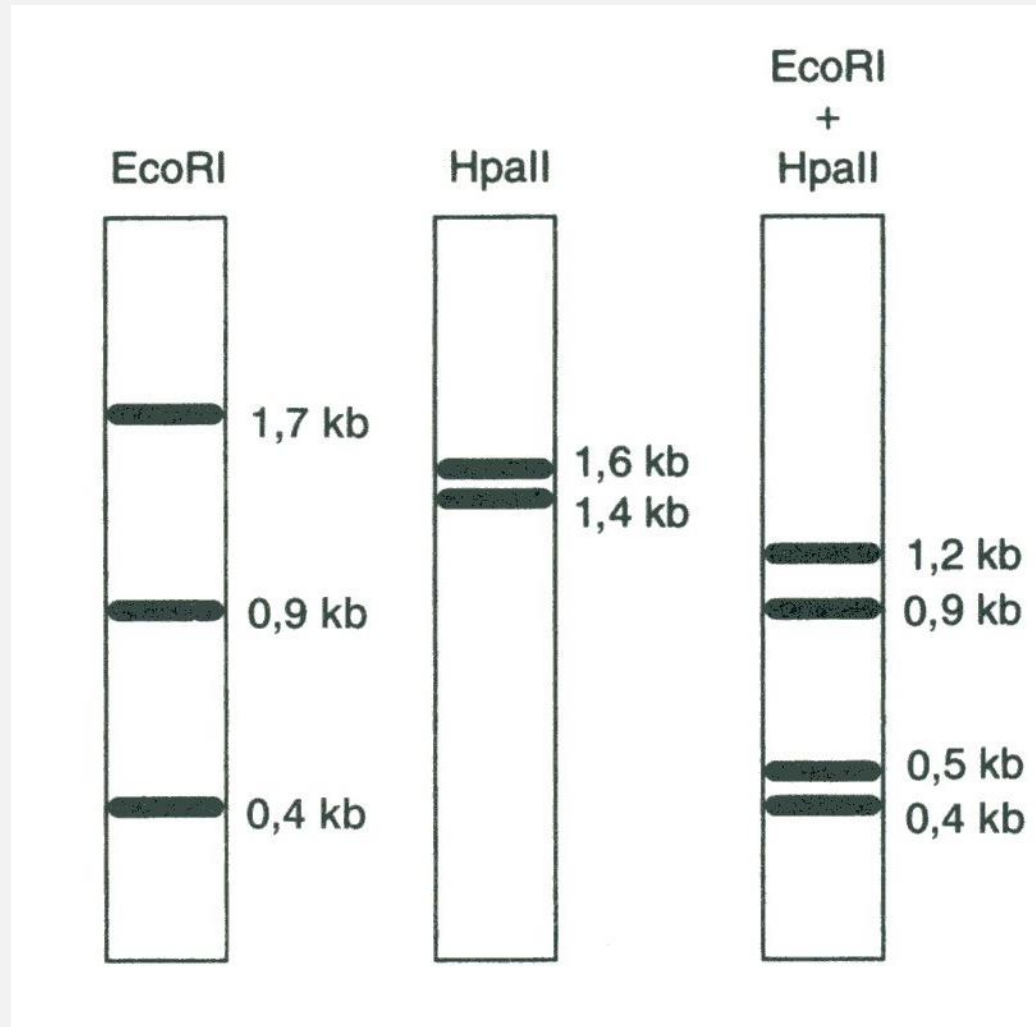
ADN 2 – Xho 1 ADN 1 – Xho 1	ADN 2 – Pst1 AND 1 – PST1 M	ADN 2 – Xho 1	ADN 1 – Xho 1 ADN 2 – Pst1 AND 1 – PST1	Taille marqueurs
				5,4 kpb 3 kpb 1,7 kpb 1,2 kpb 1 kpb 0,8 kpb 0,3 kpb
Résultats obtenus				

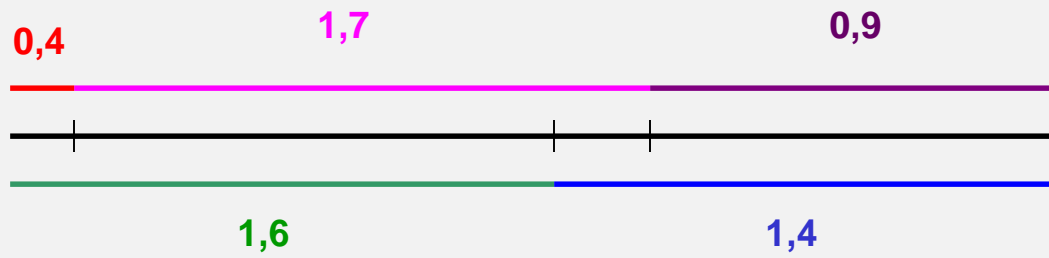
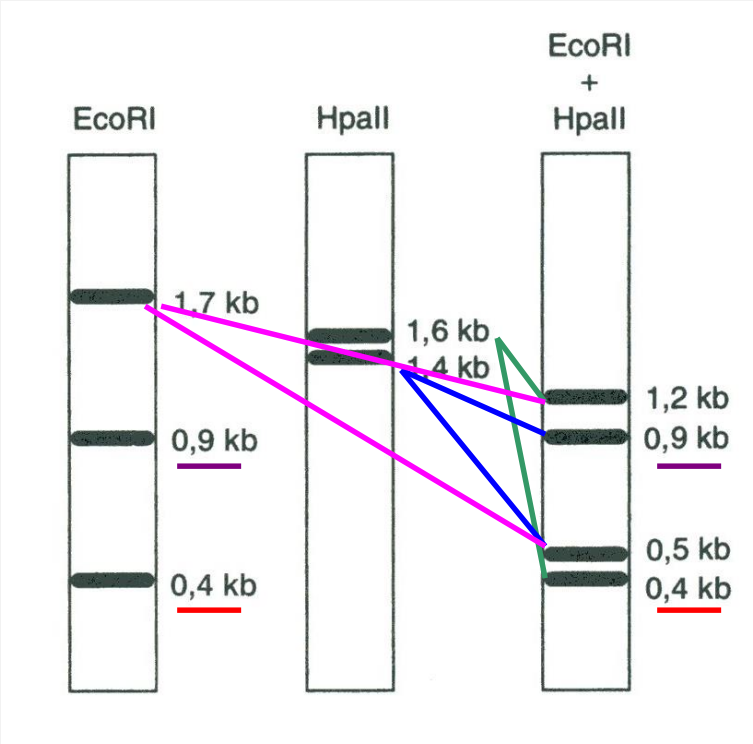
L'indice 1 ou 2 fait référence à l'ADN testé (ADN1 ou ADN2).

**Résultats
complets avec
les deux
enzymes de
restriction
utilisées
séparément
puis ensemble**


















	 5276	
 3093		 3093
 1174		 916
 840		 840
 427  364	 772	 427  364
 134  126		 134
	 110	 110
		(16)
ADN 2 digéré par Pst 1	ADN 2 digéré par Xho 1	ADN 2 digéré par Pst 1 et Xho 1

Résultats d'électrophorèse pour l'ADN de phage λ digéré par les enzymes de restriction EcoRI et HpaII



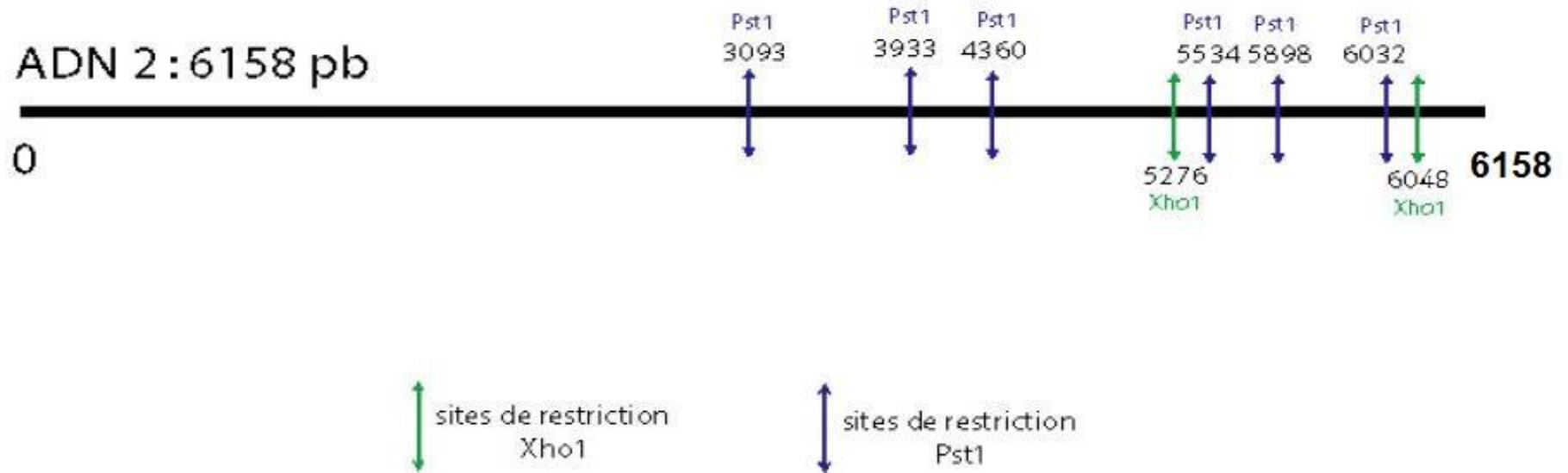


**Résultats
complets avec
les deux
enzymes de
restriction
utilisées
séparément
puis ensemble**

	 5276	
 3093		 3093
 1174		 916
 840		 840
 427  364	 772	 427  364
 134  126		 134
	 110	 110
		(16)
ADN 2 digéré par Pst 1	ADN 2 digéré par Xho 1	ADN 2 digéré par Pst 1 et Xho 1

	<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin: 0 auto;"></div> 5276	
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>3093</u>		<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>3093</u>
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> 1174		<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> 916
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>840</u>	<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin: 0 auto;"></div> 772	<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>840</u>
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>427</u>		<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>427</u>
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>364</u>		<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>364</u>
		<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> 258
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>134</u>		<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>134</u>
<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> 126	<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin: 0 auto;"></div> 110	<div style="border: 1px solid black; width: 60px; height: 20px; margin-bottom: 5px;"></div> <u>110</u>
		(16)
ADN 2 digéré par Pst 1	ADN 2 digéré par Xho 1	ADN 2 digéré par Pst 1 et Xho 1

Carte de restriction de l'ADN 2



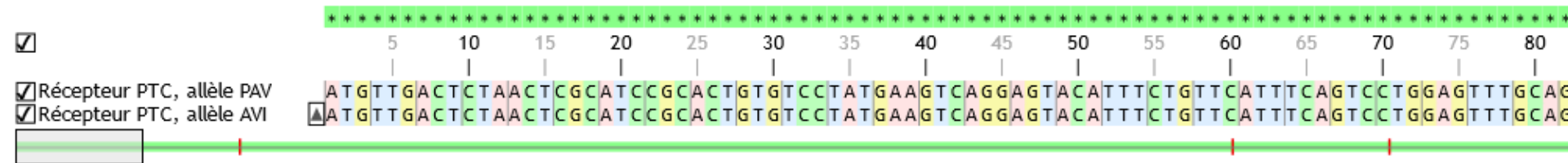
Exploitation informatique des séquences nucléotidiques : Cas de la sensibilité au PTC chez les Mammifères

← → ↻ <https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/c> 50% ☆ 📄 🕒 🔍 té PTC phylogénie → ||| ABP ☰

Fichier Edition Actions Affichage Options © P.Cosentino / P.Pillot, v2.12 (infos RGPD)

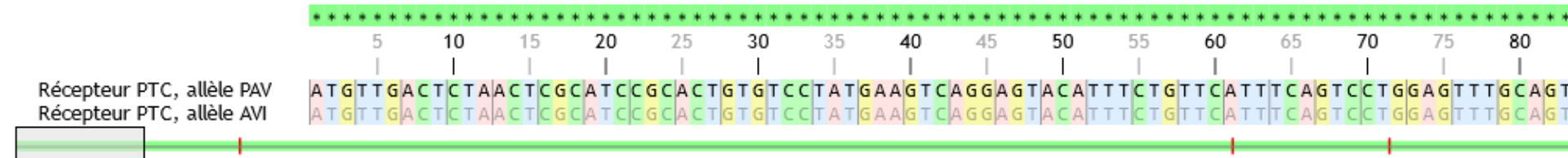
Séquences chargées

similaires  différentes



Séquences alignées

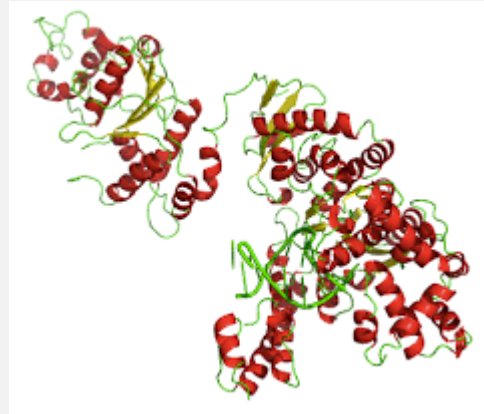
un _ représente un gap (absence de nucléotide)



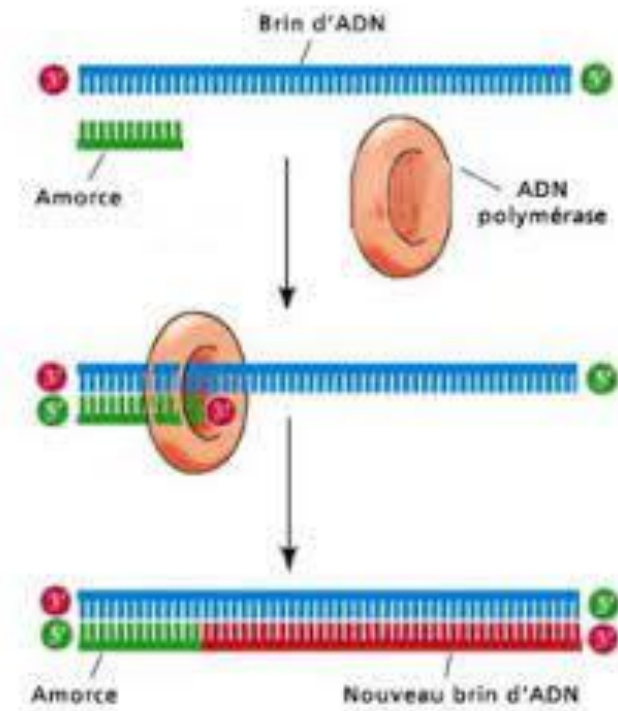
La PCR



Représentation 3D d'ADN bicaténaire



Taq polymérase



n cycles	94 °C pendant 7 minutes		Dénaturation de l'ADN génomique
	94 °C pendant 30 secondes		Séparation des brins à amplifier
	60 °C pendant 30 secondes		Mise en place des amorces
	72 °C pendant 1 minute 30 secondes		Élongation à partir des amorces
	4 °C pour arrêt		Conservation de l'ADN amplifié
	- 20 °C pendant des années		

Séquences chargées

similaires différentes

Récepteur PTC, allèle PAV
 Récepteur PTC, allèle AVI

5 10 15 20 25 30 35 40 45 50 55 60 65 70 75 80

ATGTTGACTCTAACTCGCATCCGCACACTGTGTCCTATGAAGTCAAGGAGTACATTTCTGTTCCATTTTCAGTCCTGGAGTTTGCAG
ATGTTGACTCTAACTCGCATCCGCACACTGTGTCCTATGAAGTCAAGGAGTACATTTCTGTTCCATTTTCAGTCCTGGAGTTTGCAG

Séquences après action de l'enzyme :

120 125 130 135 140 145 150 155 160 165 170 175 180 185 190 195

5'→3' Récepteur PTC, allèle PAV
3'→5'

5'→3' Récepteur PTC, allèle AVI
3'→5'

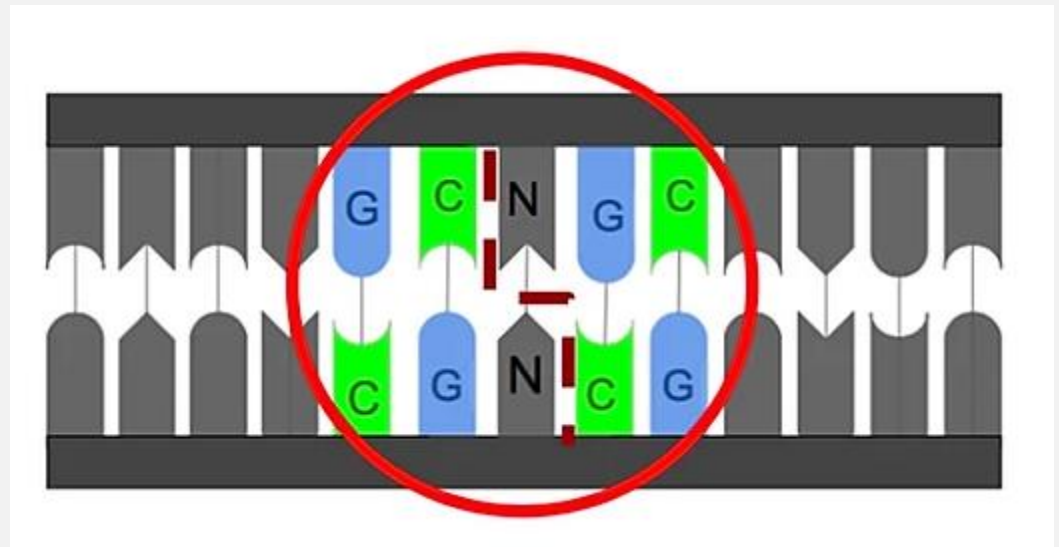
GAATTTTGGGATG TAGTGAAGAGGGCAGCCACTGAGCAACAGTGATTGTGTGCTGCTGTGTCTCAGCATCAGCCGGCTT
CTTAAAAACCTACATCACTTCTCCGTCCGGTGA CTCTAACACACGACGACACAGAGTCGTAGTCGGCCGAA

GAATTTTGGGATG TAGTGAAGAGGGCAGGC ACTGAGCAACAGTGATTGTGTGCTGCTGTGTCTCAGCATCAGCCGGCTT
CTTAAAAACCTACATCACTTCTCCGTCCGTGA CTCTAACACACGACGACACAGAGTCGTAGTCGGCCGAA

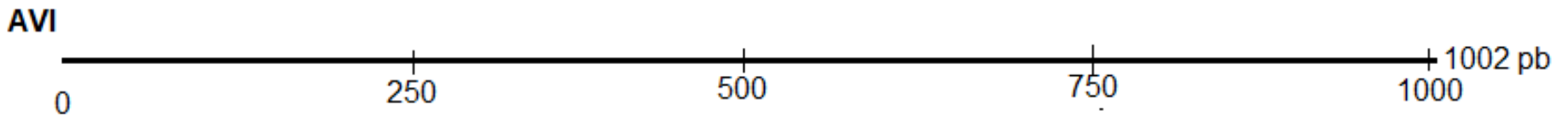
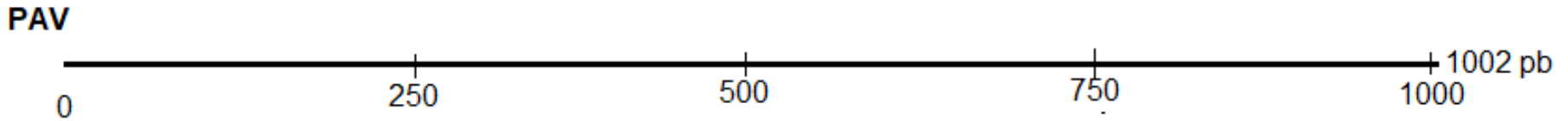
Position du nucléotide	Nucléotide		Codon		Acide aminé	
	1	2	1	2	1	2
	PAV	AVI	PAV	AVI	PAV	AVI

Restriction Enzyme : Fnu4HI : enzyme de restriction

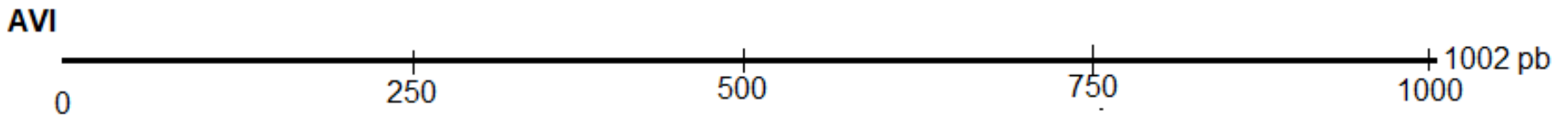
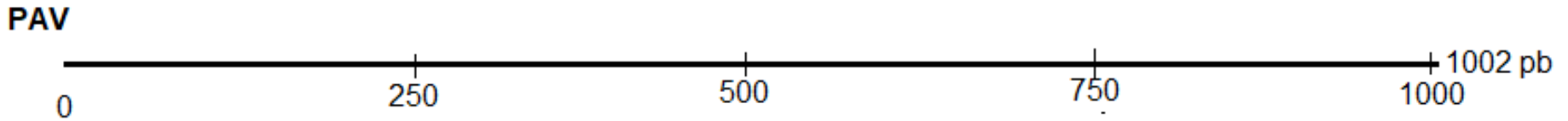
Site de restriction
de l'enzyme



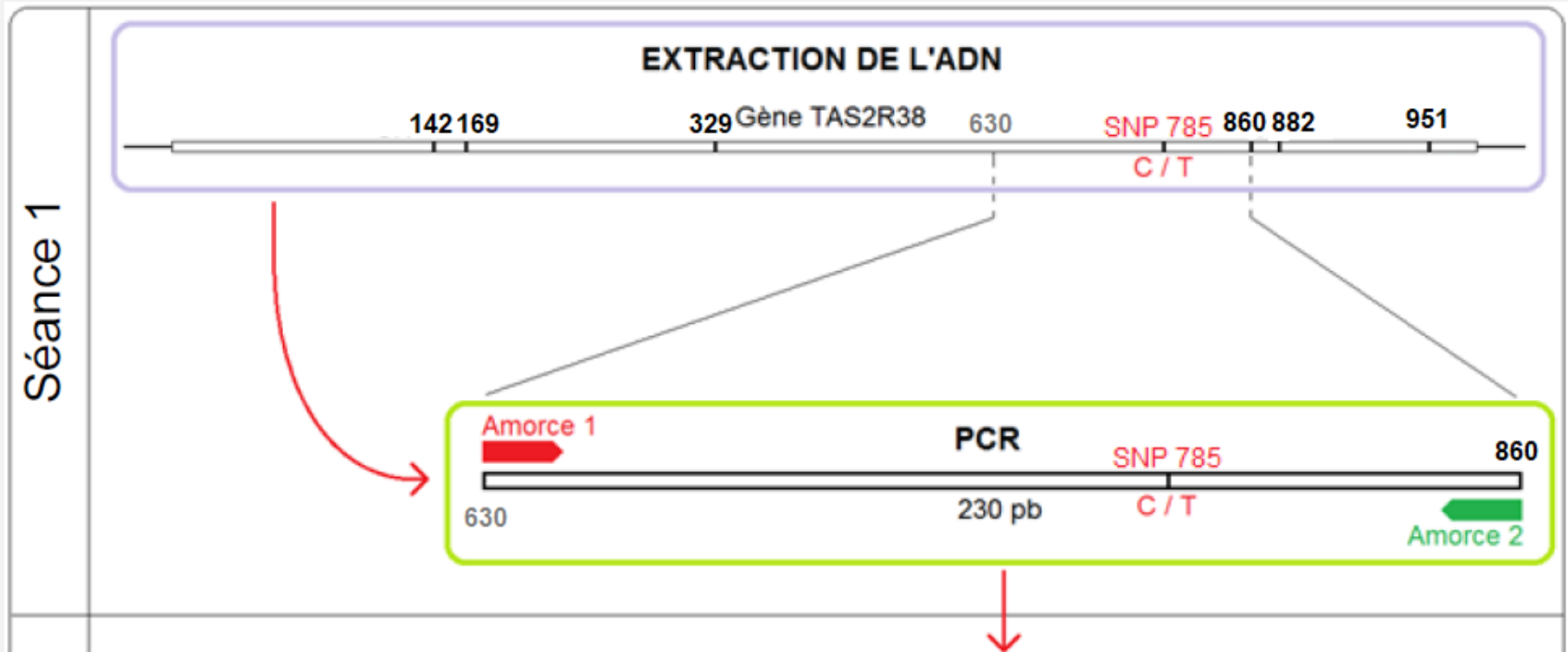
Cartes de restriction pour les allèles PAV et AVI (enzyme Fnu4HI)



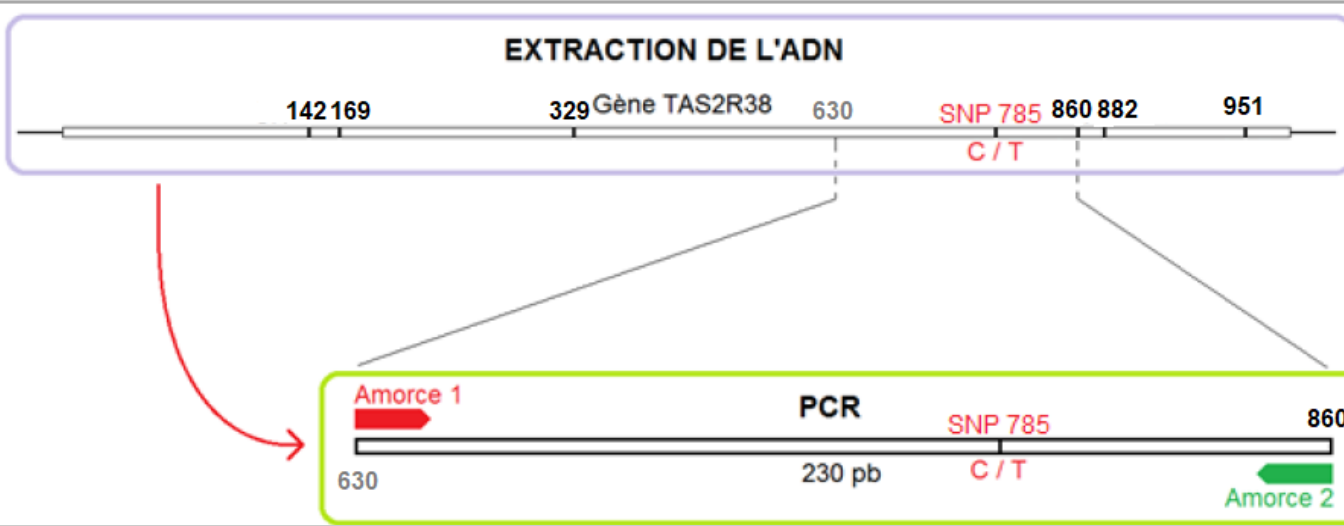
Cartes de restriction pour les allèles PAV et AVI (enzyme Fnu4HI)



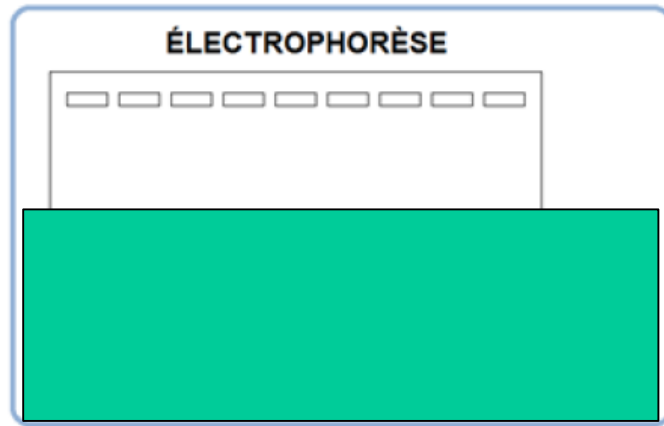
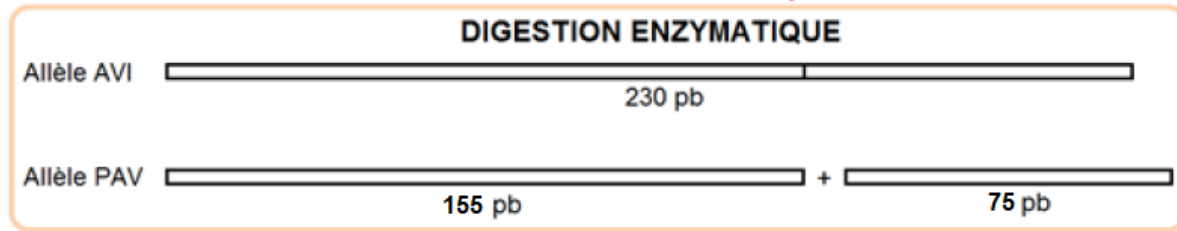
Amplification d'une séquence du gène TAS2R38 par PCR



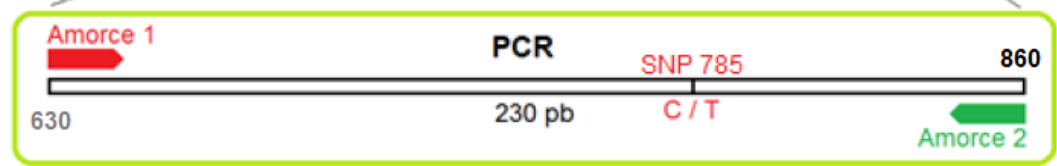
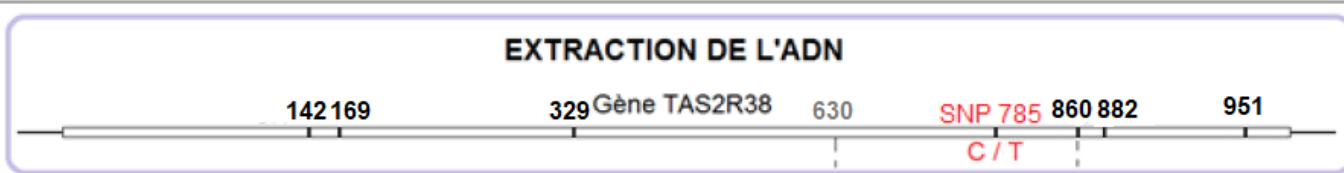
Séance 1



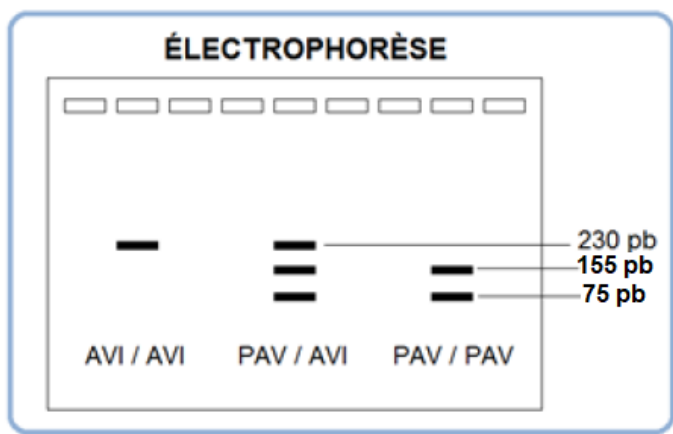
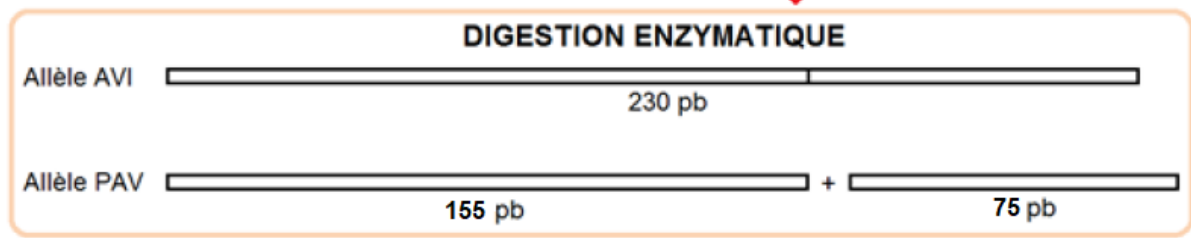
Séance 2



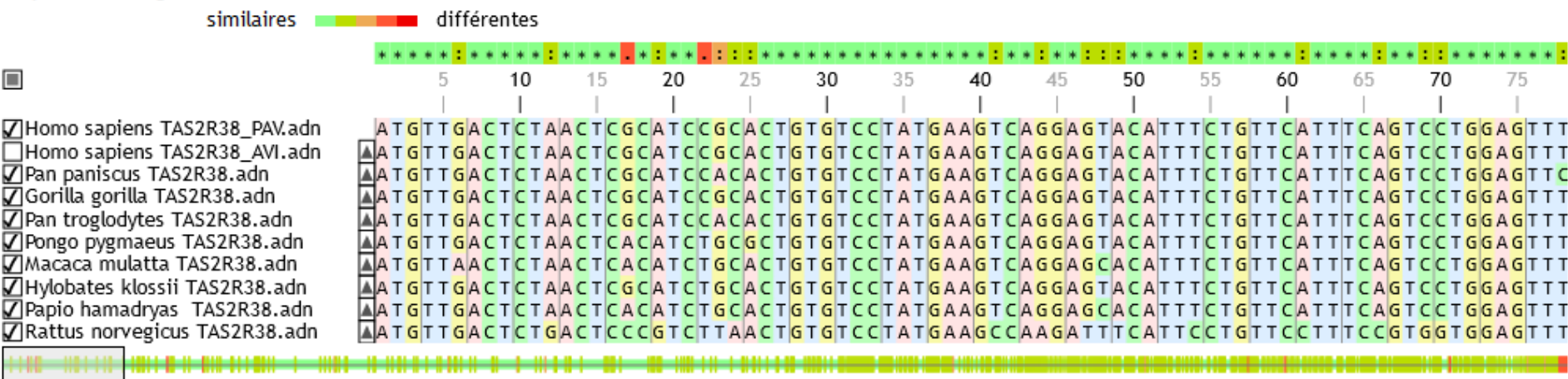
Séance 1



Séance 2

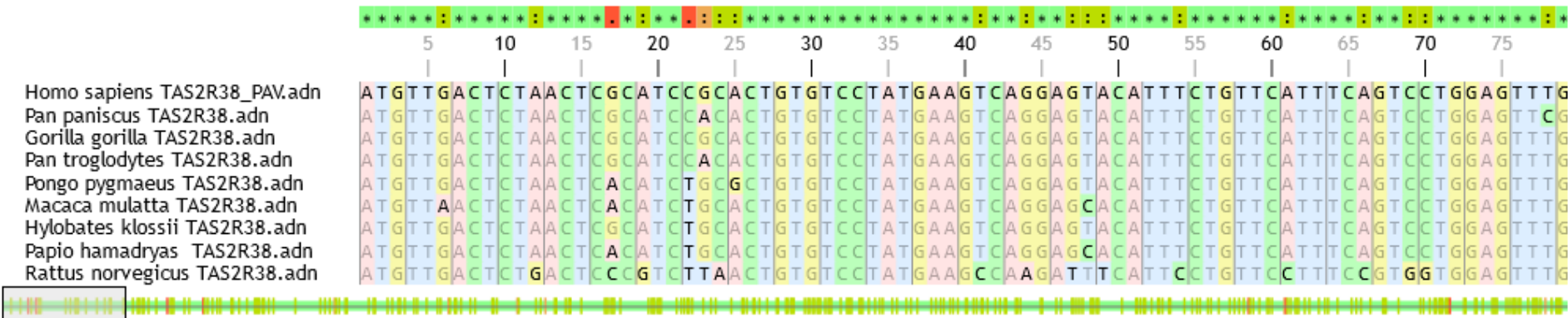


Séquences chargées



Séquences alignées

un _ représente un gap (absence de nucléotide)



en % identités noms complets

Matrice d'identité :

(pourcentage d'identités)

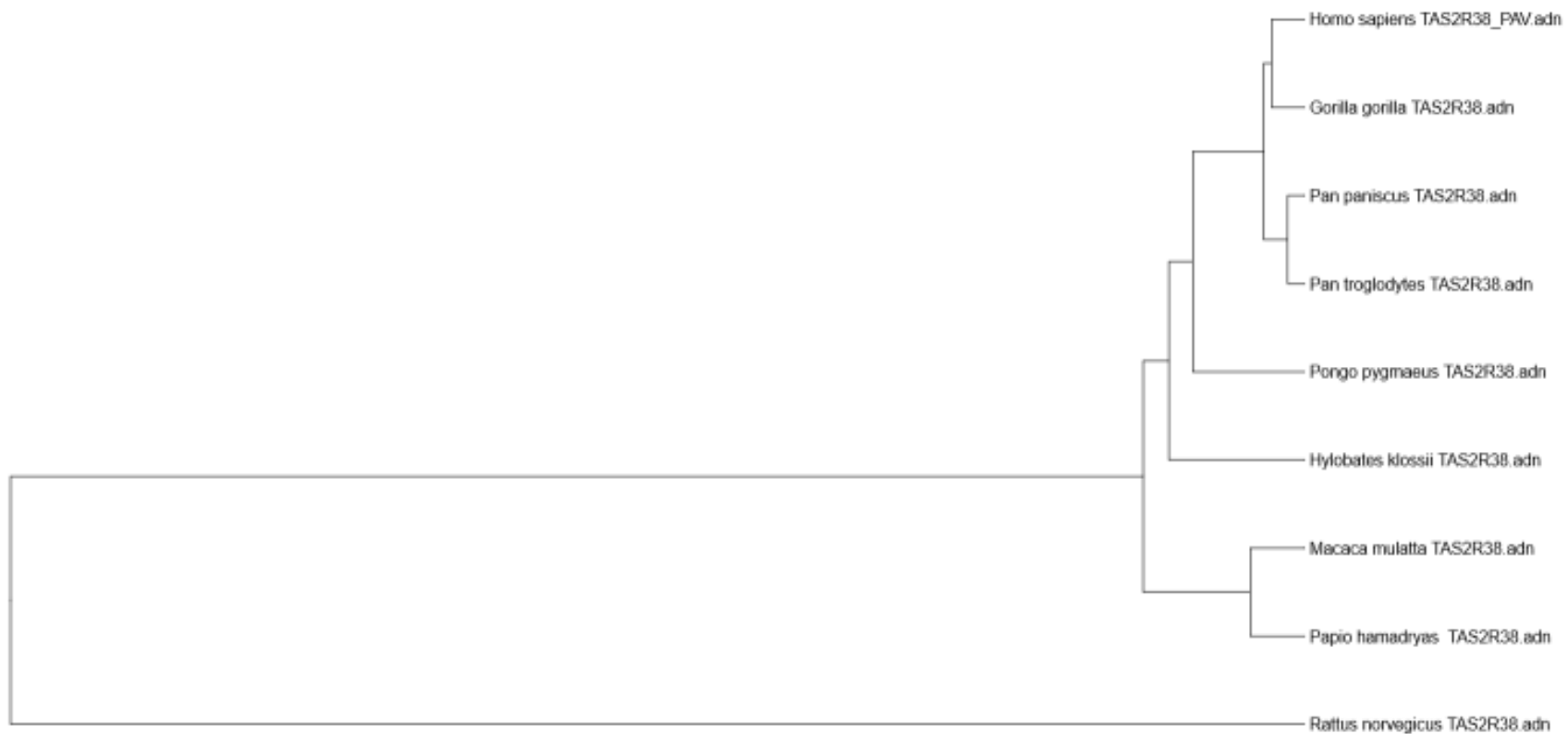
	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)
<i>Homo sapiens</i> TAS2R38_PAV.adn (1)	100	99,1	99,4	99,4	97,9	96,91	97,6	97,31	76,25
<i>Pan paniscus</i> TAS2R38.adn (2)	99,1	100	99,1	99,7	97,8	96,81	97,31	97,21	75,65
<i>Gorilla gorilla</i> TAS2R38.adn (3)	99,4	99,1	100	99,4	98,1	97,11	97,8	97,5	75,85
<i>Pan troglodytes</i> TAS2R38.adn (4)	99,4	99,7	99,4	100	97,9	97,11	97,6	97,5	75,95
<i>Pongo pygmaeus</i> TAS2R38.adn (5)	97,9	97,8	98,1	97,9	100	96,61	97,11	97,01	75,75
<i>Macaca mulatta</i> TAS2R38.adn (6)	96,91	96,81	97,11	97,11	96,61	100	96,31	99	75,55
<i>Hylobates klossii</i> TAS2R38.adn (7)	97,6	97,31	97,8	97,6	97,11	96,31	100	96,71	75,35
<i>Papio hamadryas</i> TAS2R38.adn (8)	97,31	97,21	97,5	97,5	97,01	99	96,71	100	75,85
<i>Rattus norvegicus</i> TAS2R38.adn (9)	76,25	75,65	75,85	75,95	75,75	75,55	75,35	75,85	100

Identité globale : 95,72 %

Le pourcentage d'identités est calculé en divisant le nombre d'identités (matches) par la longueur de l'alignement.

Les gaps communs aux 2 séquences sont décomptés de cette longueur, ainsi que les gaps consécutifs qui ne sont comptabilisés qu'une seule fois.

Phénogramme



Etude de la structure spatiale des protéines grâce à un logiciel de visualisation des molécules

LibMol
À propos de Libmol - Conditions générales

Fichiers **Commandes** Séquenc

Sélectionner

Tout	👁
Protéines	👁
ADN/ARN	👁
Glucides	👁
Eau	👁
Autres	👁

Représenter

Sphères
Boules et bâtonnets
Bâtonnets

Coloration par atomes

Les atomes sont colorés selon les conventions de la chimie ([coloration CPK](#)). Ce mode de coloration permet de distinguer les différents éléments chimiques d'une molécule.

IHEW Lysozyme et inhibiteur

Mesures 📷 🔍 ⚙

0.24 nm

0.46 nm

144°

Atomes : **C N O S** (H)

Sélection Masqués

II. Modélisation informatique des variations d'effectifs d'une population

2. Simulation d'une croissance logistique continue

- Au bout de combien de temps peut-on s'attendre à ce que la phase stationnaire soit atteinte ?
- Quel est le temps de génération T de la population ?

Density-Dependent Growth: Input

View File Help Print Close

Model Type

- Continuous Logistic
- Lagged Logistic
- Discrete Logistic

Plot Type

- N vs t
- $\ln(N)$ vs t
- dN/dt vs N
- dN/dt vs N
- $\ln N_{t+1}$ vs $\ln N_t$

Parameters

$N(0) = 2$

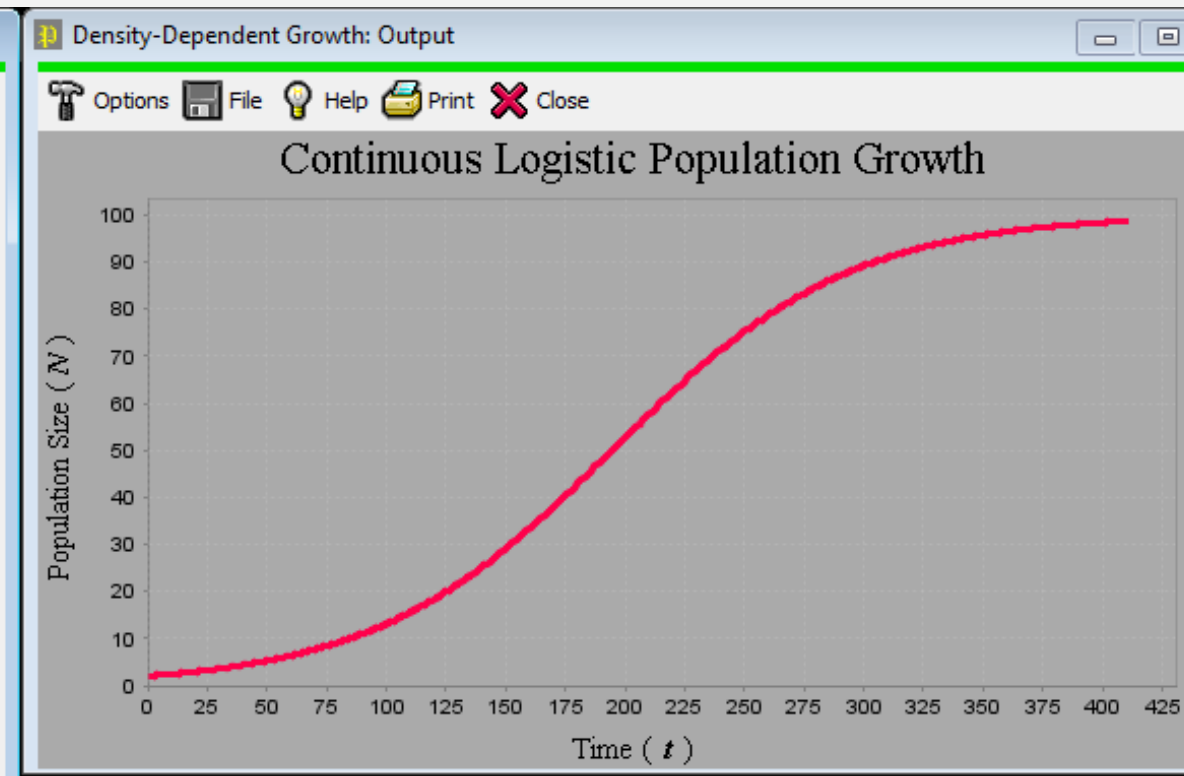
$K = 100$

$r = 0.02$

$\tau = 2$

Termination

Run Time = 410



- Temps d'atteinte de la phase stationnaire : 400 min
- Temps de génération T (de doublement de la population à déterminer sur la phase exponentielle) : 65 min

→ Comment varie le taux d'accroissement r per capita dN/Ndt en fonction de N ?

Density-Dependent Growth: Input

View File Help Print Close

Model Type

- Continuous Logistic
- Lagged Logistic
- Discrete Logistic

Plot Type

- N vs t
- $\ln(N)$ vs t
- dN/dt vs N
- dN/Ndt vs N
- $\ln N_{t+1}$ vs $\ln N_t$

Parameters

$N(0) = 2$

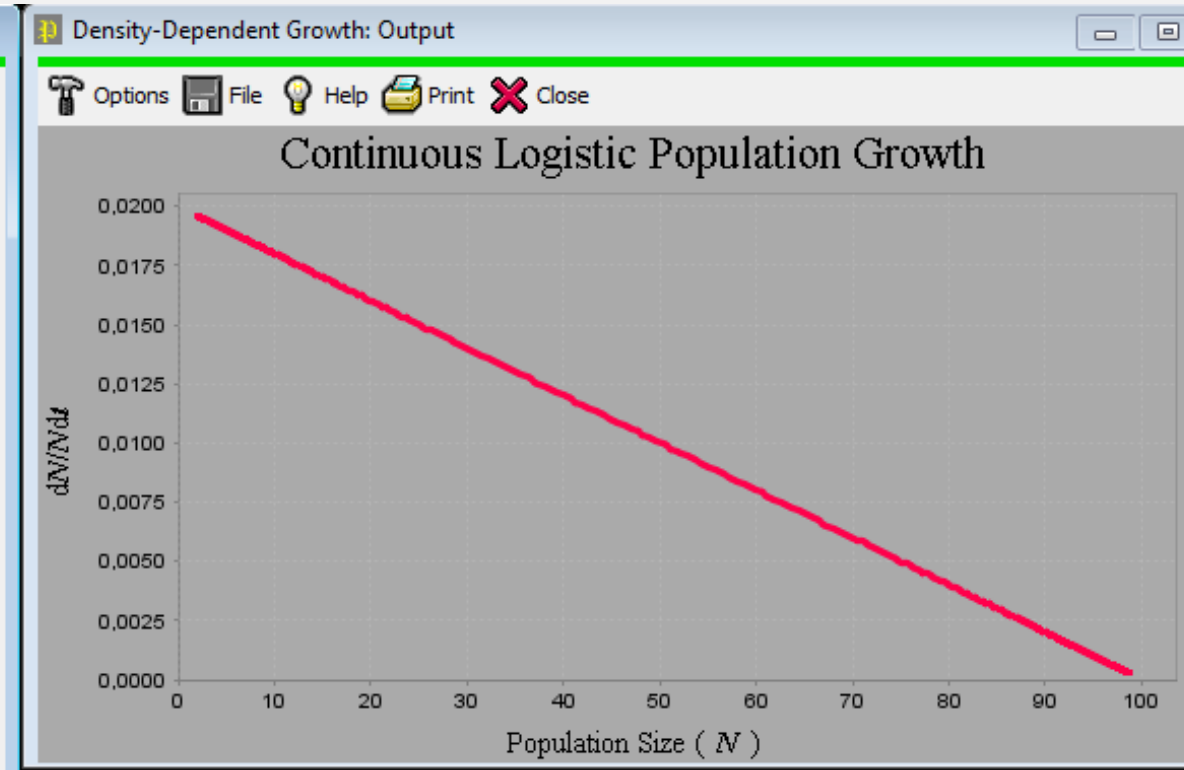
$K = 100$

$r = 0.02$

$\tau = 2$

Termination

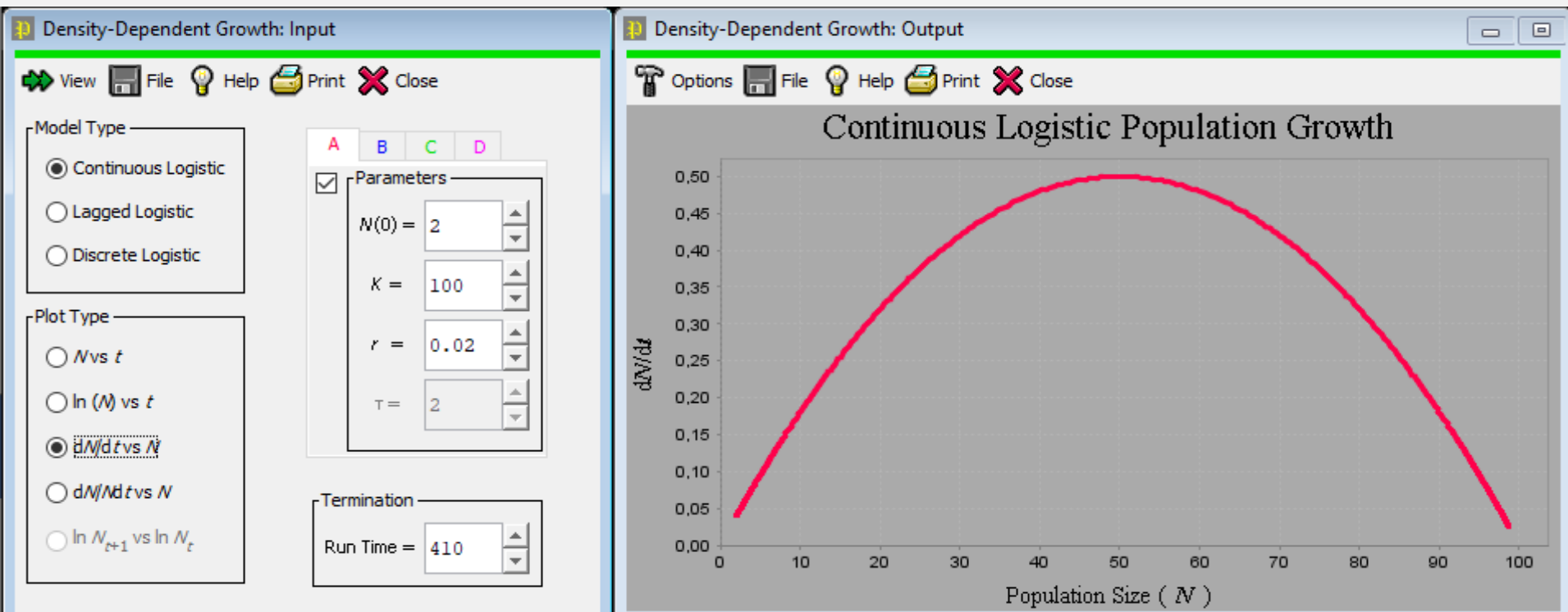
Run Time = 410



De la relation du modèle logistique on déduit :

$$r = \frac{dN}{N \cdot dt} = r_{\max} \cdot \left[1 - \frac{N}{K} \right]$$

→ Comment varie le taux d'accroissement de la population entière dN/dt en fonction de N ?



Le taux d'accroissement de la population entière est dN/dt

$$\frac{dN}{dt} = r_{\max} \cdot N \left[1 - \frac{N}{K} \right]$$

→ Quel est l'effet de l'effectif initial sur l'évolution de la population.

Density-Dependent Growth: Input

View File Help Print Close

Model Type

- Continuous Logistic
- Lagged Logistic
- Discrete Logistic

Plot Type

- N vs t
- $\ln(N)$ vs t
- dN/dt vs N
- dN/dt vs N
- $\ln N_{t+1}$ vs $\ln N_t$

Parameters

$N(0) = 200$

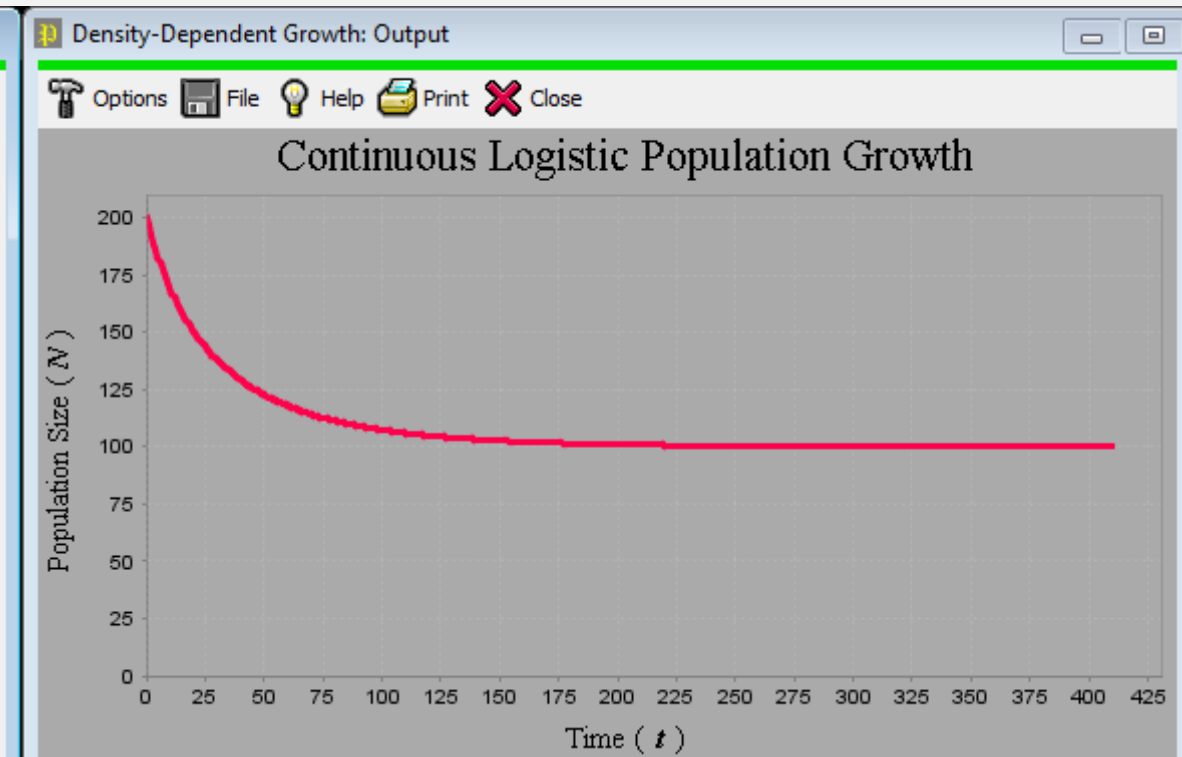
$K = 100$

$r = 0.02$

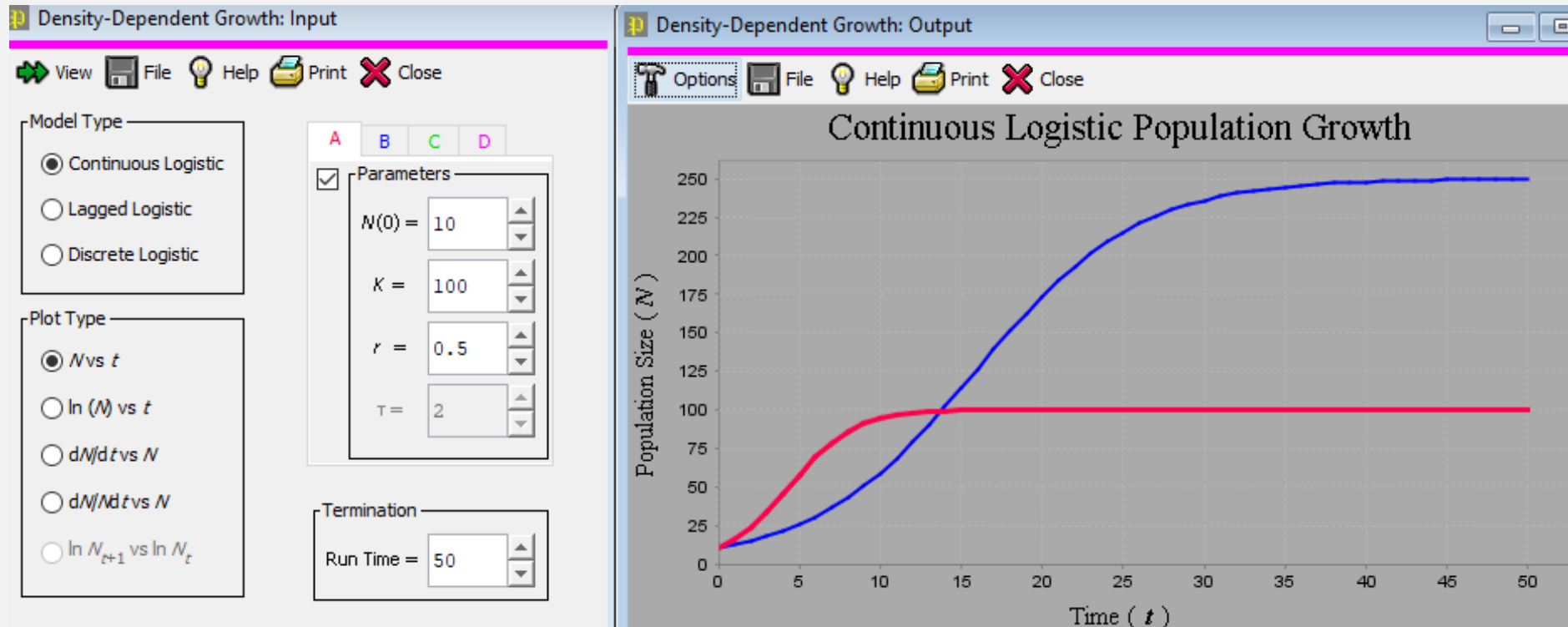
$\tau = 2$

Termination

Run Time = 410



3. Simulation d'une dynamique densité – dépendante



4. Simulation d'une compétition interspécifique

a. Simulation de la compétition entre les espèces A et B

Lotka-Volterra Competition: Input

View File Help Print Close

Model Parameters

Species #1	Species #2
$N_1(0) = 10$	$N_2(0) = 10$
$r = 0.5$	$r = 0.2$
$K_1 = 100$	$K_2 = 250$
$\alpha = 0.5$	$\beta = 0.5$

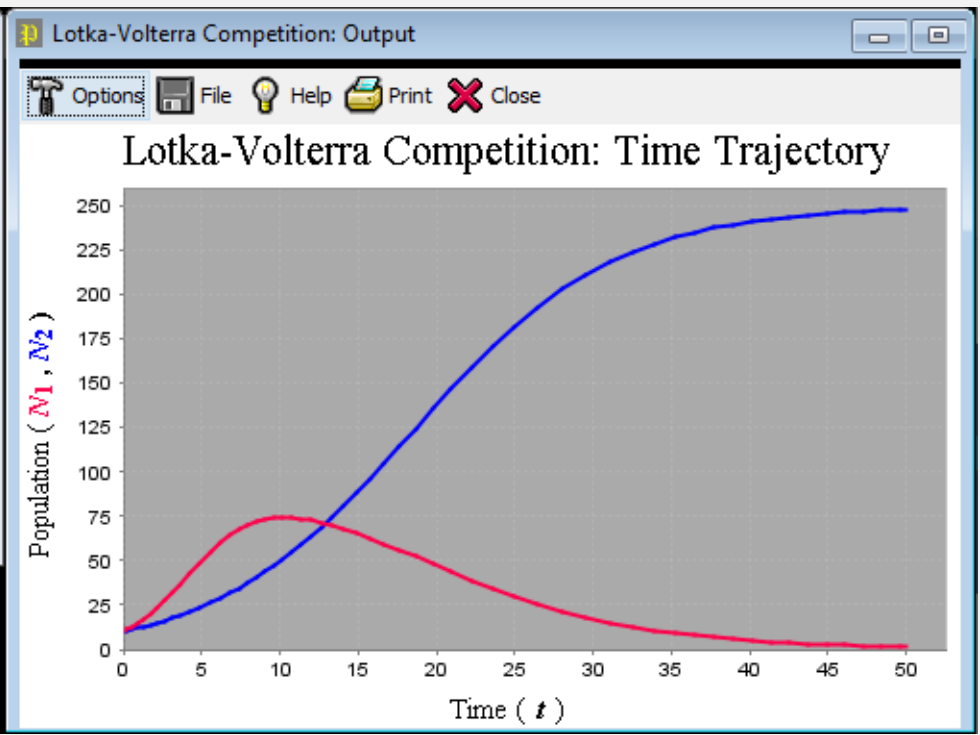
Plot Type

- N vs t
- N_2 vs N_1

Termination Conditions

- Run until steady state
- Run until time:

Time = 50



4. Simulation d'une compétition interspécifique

b. Recherche par essais et erreurs des paramètres permettant une coexistence stable des deux populations

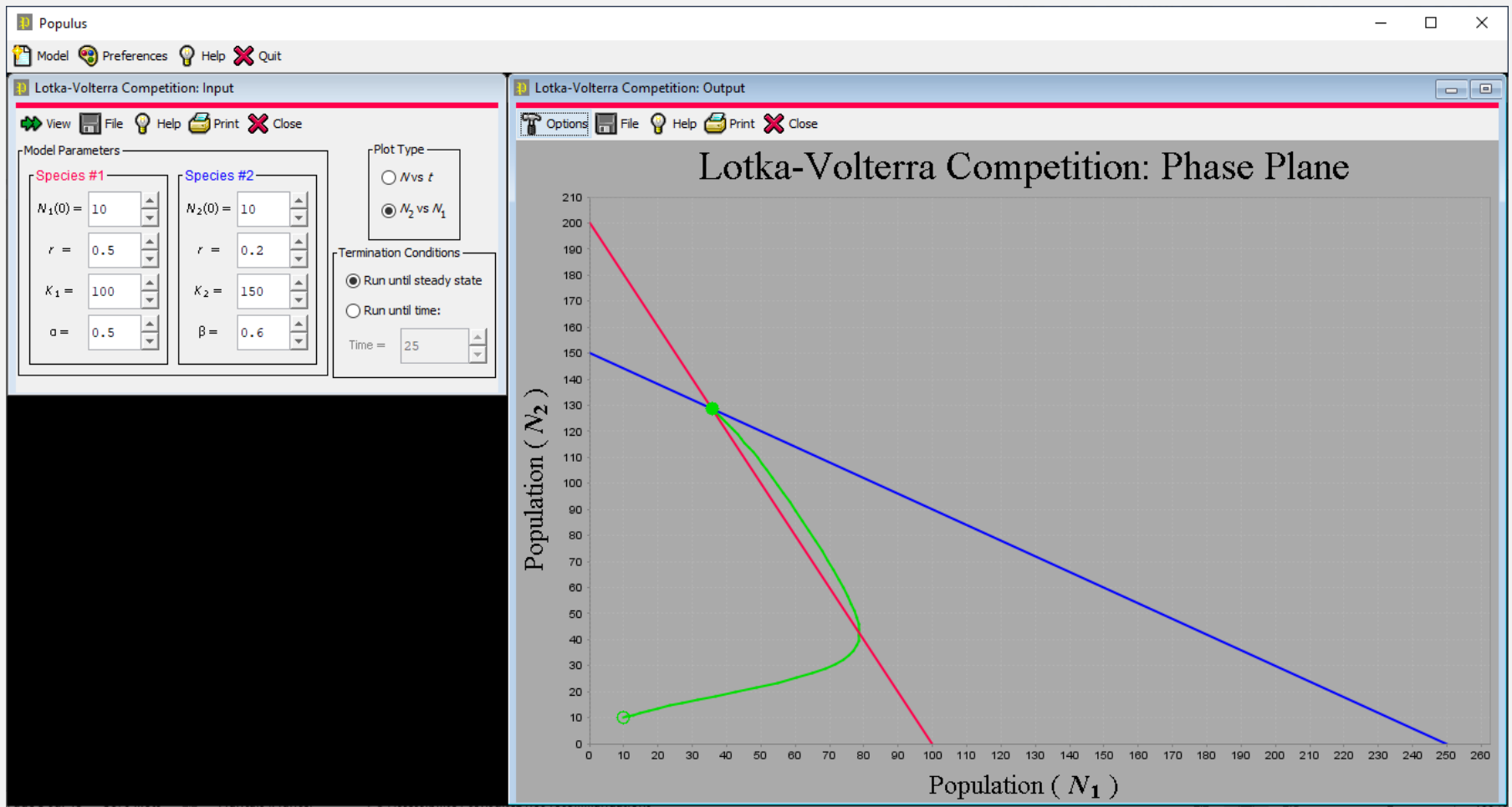
essa i	valeurs des paramètres									
	population de l'espèce A					population de l'espèce B				
	$N_A(0)$	r_A	K_A	α	$N_A(\text{fin})$	$N_B(0)$	r_B	K_B	β	$N_B(\text{fin})$
1	10	0,5	100	0,5	0	10	0,2	250	0,5	250
2	10	0,05	100	0,5	0	10	0,2	250	0,5	250
3	10	0,5	100	0,5	0	10	0,2	200	0,5	200
4	10	0,5	100	0,5	20	10	0,2	180	0,5	170
5	10	0,5	100	0,5	40	10	0,2	150	0,5	130
6	10	0,5	100	0,1	80	10	0,2	250	0,1	240
7	10	0,5	100	1	0	10	0,2	150	1	150

RÉSULTATS DE DIVERSES SIMULATIONS DE COMPÉTITION INTERSPÉCIFIQUE.

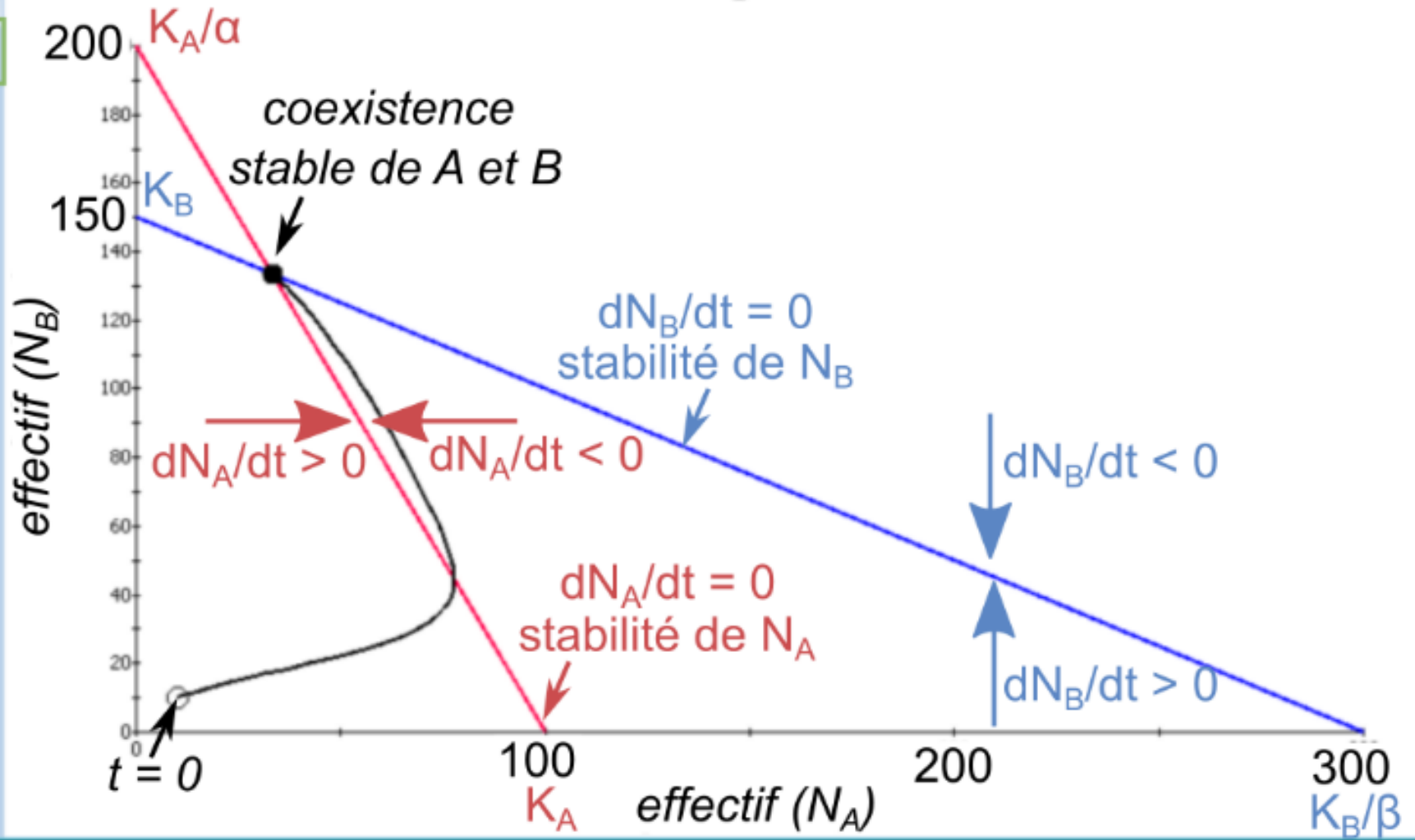
En rouge, pour chaque essai, la valeur du paramètre qui a été modifié par rapport à l'essai 1 ; en vert, les effectifs finaux de la population A quand elle n'a pas été exclue par la compétition avec B.

$$N_B = -\frac{1}{\alpha} N_A + \frac{K_A}{\alpha}$$
 Équation de la droite rouge qui donne les couples d'effectifs (N_A , N_B) pour lesquels la population A est stable

$$N_A = -\frac{1}{\beta} N_B + \frac{K_B}{\beta}$$
 Équation de la droite bleue qui donne les couples d'effectifs (N_A , N_B) pour lesquels la population B est stable



Lotka-Volterra Competition: Phase Plane



4. Simulation des effets de la prédation sur les variations d'effectifs des populations



Dénombrement initial à J_0	Dénombrement à $J + 2$ jours	Mortalité
$N_t = 1000$ chlorelles / L	En monoculture : $N_{t+1} = 1\ 200$ chlorelles / L En co-culture : $N_{t+1} = 1\ 100$ chlorelles / L	
$P_t = 50$ daphnies / L	$P_{t+1} = 55$ daphnies / L	1 daphnie / L

4. Simulation des effets de la prédation sur les variations d'effectifs des populations

