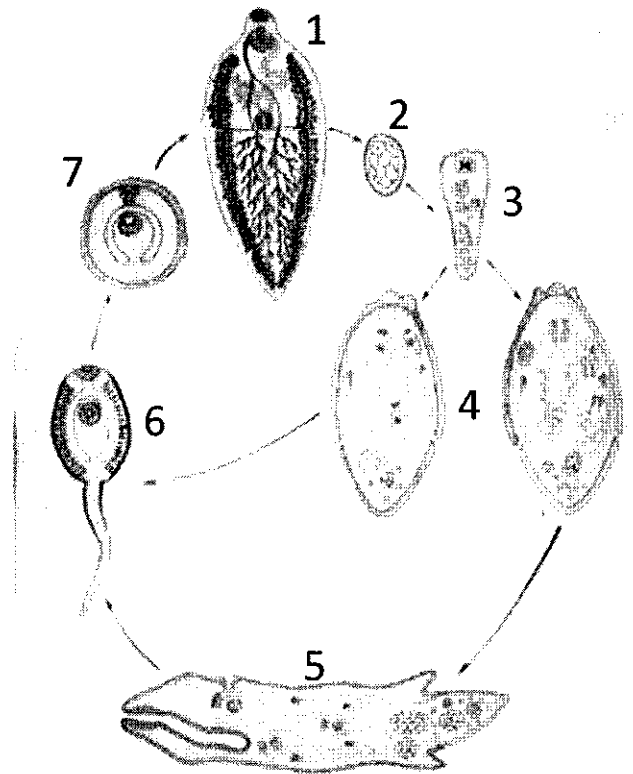


**Licence S6**  
**UE de Parasitologie**  
**2<sup>ème</sup> session Juin 2022 – Durée : 1h30.**

*Documents et calculatrices interdits.*

I – Schéma ci-après (3 pts) :

- Donnez un titre à ce schéma
- Citez le nom des éléments (de 1 à 7) y figurant
- Donnez 2 exemples de parasites pouvant être concernés par ce schéma, décrivez très brièvement le cycle parasitaire des 2 exemples cités.



II – Définissez les parasitoses suivantes, précisez le nom scientifique du ou des agent(s) responsable(s) (3 pts) :

- Toxocarose
- Cysticercose
- Echinococcose

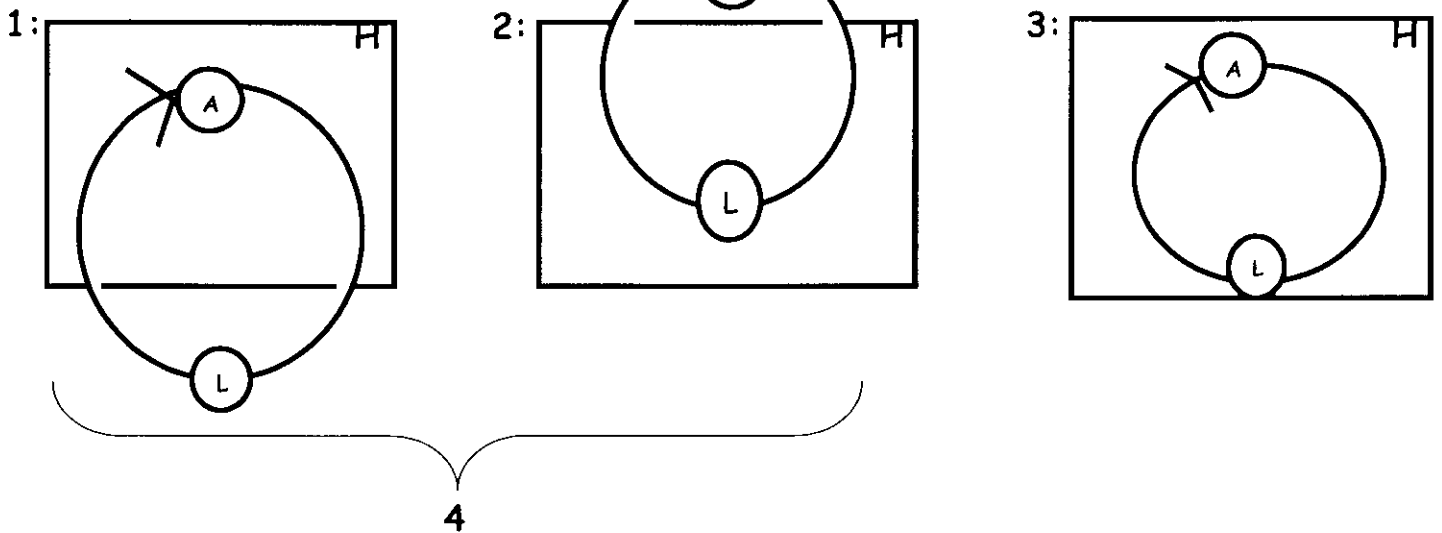
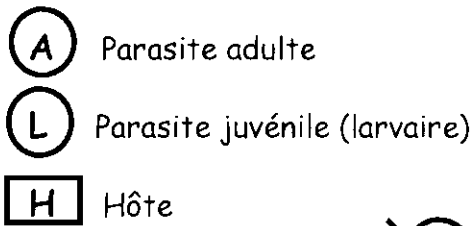
III – Après avoir défini la notion de « Favorisation », citez et décrivez en quelques lignes, 2 exemples de mimétisme de proie (3 pts).

IV – Représentez un cycle parasitaire de Plasmodium, précisez ce qu'est « la stratégie de confrontation » utilisée par ces parasites (3 pts)

VI – A partir des schémas ci-dessous, reportez les chiffres sur votre copie et citez sans les décrire (3 pts) :

- les 4 types de parasitisme (1, 2, 3 et 4)
- 2 exemples de parasites illustrant chacun de ces types de parasitisme

Légende :



VII – Complétez le tableau page suivante (décrochez et glissez la feuille dans la copie) (5 pts)

Nom commun	Nom scientifique	Parasitose	Embranchement	Classe	HI ou Vecteur	HD ou Hôte unique
Argule						
	<i>Dicrocoelium dentriticum</i>					
		Gale des mammifères				
				Monogène		Grenouille
Puce						Homme
				Nématode	Moustique	
		Trypanosomose				
	<i>Leishmania tropica</i>					
	<i>Pediculus capitis</i>					
				Cestode		Renard
Leucochloridie						
		Schistosomose				
Pou du mouton						
		Trichinose				

Par ligne : Réponse juste = +1point ; Réponse fautive = -1point ; Pas de réponse = 0point

### Le microbiote intestinal : un organe à part entière

Il y a quelques années seulement, le terme «microbiote» était complètement inconnu, y compris des professionnels de santé. La connaissance de ce qu'on appelait auparavant la «flore intestinale» a considérablement progressé ces dernières années. On reconnaît aujourd'hui un rôle physiologique majeur au microbiote intestinal, au point que certains le considèrent comme un organe à part entière qu'il est essentiel de préserver.

#### 1) Description du microbiote intestinal.

Qu'est-ce que le microbiote intestinal ? Quelle est sa composition en fonction de sa localisation dans le tractus gastro-intestinal ? Quelle est son évolution au cours de la vie ?

#### 2) Fonction du microbiote intestinal.

Quelles sont les différentes fonctions du microbiote intestinal ?

#### 3) La dysbiose.

Le microbiote intestinal est un écosystème en équilibre qui s'autorégule en permanence. Cet équilibre est sous la menace d'agressions permanentes pouvant conduire à sa rupture. La dysbiose est un déséquilibre du microbiote associé à des conséquences néfastes pour l'hôte, comme par exemple des diarrhées infectieuses ou des maladies inflammatoires chroniques. Afin de prévenir ces déséquilibres, de plus en plus de patients ont recours à l'utilisation de probiotiques et de prébiotiques.

Qu'est-ce qu'un probiotique ? Tous les probiotiques ne se valent pas en matière d'effets bénéfiques. Quelles sont les principales qualités d'un bon probiotique ?

Qu'est-ce qu'un prébiotique ? Là encore, tous les prébiotiques ne sont pas équivalents en terme de bienfaits. Quels sont les critères à considérer pour évaluer un prébiotique ?

**RYTHMES DU VIVANT**  
**Sujet de G. Prévost - 1 heure**

- 1) Les organismes de « jours courts » et de « jours longs » :
- Dites sur quel critère se base cette classification.
  - Décrivez les différents cycles de reproduction auxquels sont soumis les organismes de chacun de ces deux groupes.

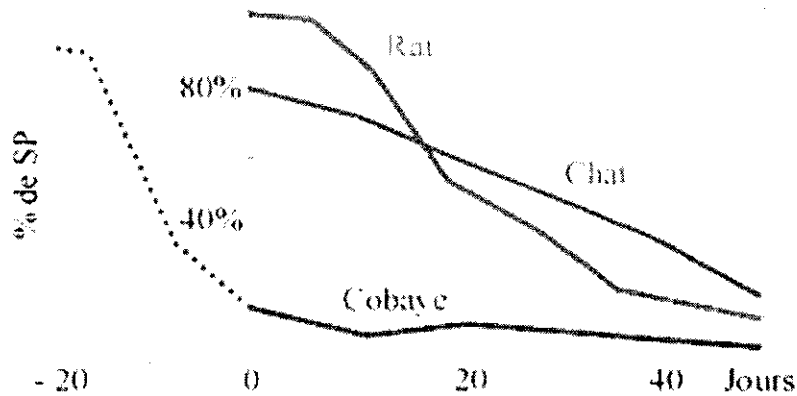
**Donnez des exemples biologiques précis.**

- 2) En utilisant l'exemple des mutants *per / tim* de la Drosophile, décrivez les principaux événements moléculaires qui permettent l'oscillation continue d'une horloge biologique circadienne.  
**Faites un schéma** représentant les 24 heures de l'horloge biologique de la Drosophile.

---

**Sujet de Mr Pierrefiche (1h)**  
**Rythmes du Vivant session 2**  
**2022**

**Question 1 :** Décrivez la figure ci-dessous, puis interprétez là (en clair : que montre-t-elle et que pouvons-nous en conclure ?). (15 min - 5 points)



**Question 2 :** Dessinez un hypnogramme normal en indiquant les trois faits remarquables à retenir de cette représentation (15 min -5 points) – Ici un schéma et 3 à 6 lignes de texte, pas plus.

**FIN du sujet de Mr Pierrefiche**

**Examen terminal**  
**Ecophysiologie des adaptations**

L3 BioPC + EcoBP + SVTU

2<sup>ème</sup> session - 2022

**Questions de cours**

(Deux parties, 4 pages)

Durée : **2h**

Documents papiers et supports numériques interdits

Des points pourront être retirés si le soin apporté aux réponses écrites n'est pas au rendez-vous  
(orthographe, syntaxe générale des phrases, grammaire)

**Partie I (4 points) : QCM — Durée conseillée 20 min**

Pour chaque question, cocher la ou les bonne(s) réponse(s). Attention, il peut n'exister aucune réponse vraie. **0,25** points par bonne réponse, **-0,25** points par mauvaise réponse cochée. Répondre directement sur cette feuille d'examen et la glisser dans votre copie. Pensez à reporter votre numéro d'identification en haut des feuilles qui concernent le QCM.

**Q1** : A l'approche de l'hiver, un arthropode synthétise de nombreux cryoprotecteurs tels que le glycérol et élimine les agents nucléants présents dans son corps. De ce fait, il :

- Augmente la température à laquelle les fluides corporels gèlent
- Diminue la température à laquelle les fluides corporels gèlent
- Est tolérant au gel
- Est intolérant au gel

**Q2** : La plasticité phénotypique peut être adaptative.

- Vrai                       Faux

**Q3** : Les animaux qui se nourrissent par absorption directe de petites molécules présentes dans le milieu environnant sont des animaux :

- Microphages                       Osmotrophes                       Macrophages

**Q4** : La kleptoplastie est :

- Une petite algue marine                       Un phénomène d'endosymbiose tertiaire
- Un mollusque                       Un exemple de symbiose hétérotrophe

N° identification : \_\_\_\_\_

**Q5** : Chez les animaux, la formation d'urée ou d'acide urique a pour rôle :

- De concentrer des déchets azotés à excréter
- De participer au maintien de la balance hydrique de l'organisme
- De faciliter la digestion des aliments
- De permettre la formation de nouvelles protéines essentielles

**Q6** : L'hémolymphe est un pigment respiratoire

- Vrai
- Faux
- Vrai, mais seulement chez les insectes

**Q7** : Dans le tube digestif, le jabot a pour rôle :

- D'effectuer la digestion enzymatique
- D'évacuer les déchets
- De permettre la régurgitation des aliments
- De sécréter de la bile

**Q8** : Les vers polychètes ont un système respiratoire formé de :

- Branchies internes
- Poumons
- Néphridies
- Branchies externes

**Q9** : Les organismes suivants, respirant de l'O<sub>2</sub> atmosphérique, ont un système circulatoire directement relié au système respiratoire :

- Les insectes
- Les dipneustes
- Les amphibiens

**Q10** : Les organismes suivants disposent d'un petit et d'un grand circuit (c'est-à-dire, que le sang venant des poumons/branchies suit un circuit différent de celui venant des organes).

- Les insectes
- Les poissons téléostéens
- Les oiseaux
- Les annélides
- Les mammifères
- Les mollusques

**Q11** : Les amphibiens pulmonés ont une séparation du petit et du grand circuit au niveau du cœur.

- Vrai (séparation complète)
- Partiellement vrai (séparation partielle)
- Faux

**Q12** : Le sinus caverneux présent chez certains mammifères est une structure veineuse située sous le cerveau, proche de la cavité nasale et qui est **traversée** par l'artère carotide, amenant du sang depuis le cœur. C'est une adaptation permettant de :

- Faciliter les échanges entre le sang veineux et artériel
- Augmenter la pression artérielle pour mieux irriguer le cerveau
- Refroidir le sang artériel qui afflue vers le cerveau

**Partie II (16 points) : Questions de cours — Durée conseillée 1 h 40 min**

Répondre sur une feuille séparée en reprenant le numéro de chaque question. Répondre le plus succinctement possible : la concision et la clarté de vos réponses seront prises en compte dans la notation. Vous pouvez agrémenter votre copie de schémas explicatifs simples mais annotés lorsque cela est pertinent.

---

**Q1 :** Définir l'adaptation et la plasticité phénotypique (1 pt)

**Q2 :** Donner une définition précise de l'homéostasie chez les animaux et un exemple précis d'homéostat (1 pt).

**Q3 :** Un petit herbivore sort de son terrier en plein jour pour se nourrir. Ce comportement permet de satisfaire sa faim. Toutefois, l'animal s'expose dangereusement à ses prédateurs diurnes. Expliquez si ce comportement mène à une régulation homéostatique et dans quelles conditions, selon vous, ce comportement peut être sélectionné et maintenu dans la population (2 pts).

**Q4 :** Décrire un exemple, tiré du cours ou de vos connaissances personnelles, d'un effet transgénérationnel menant à la régulation homéostatique d'un animal (1,5 pts).

**Q5 :** Tous les animaux dorment-ils ? Comment mettre en avant le rôle adaptatif du sommeil chez les animaux ? (1,5 pts)

**Q6 :** Définir une espèce à stratégie eurytherme ou sténotherme. En vous référant aux notions d'adaptation et d'évolution, vous expliquerez pourquoi certaines espèces ont adopté la première stratégie et d'autres espèces, la seconde (1,5 pts).

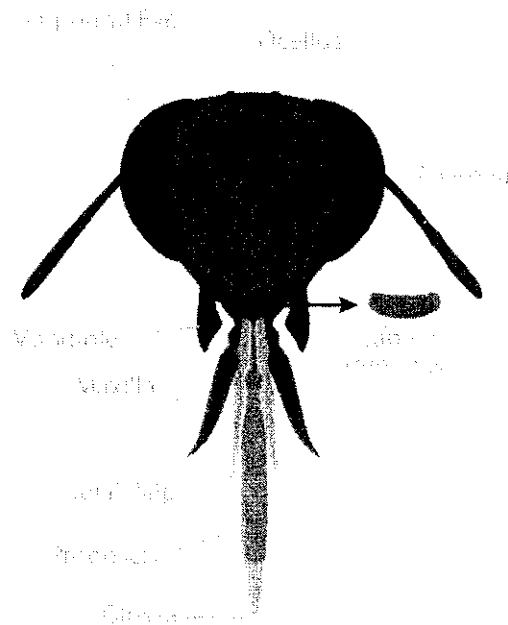
**Q7 :** Des insectes d'une même espèce sont séparés en quatre groupes et élevés à différentes températures durant leur développement larvaire et jusqu'à leur stade adulte (5, 10, 15 ou 20°C). Les chercheurs soumettent ensuite tous ces groupes à une même température de 10°C et ils se rendent compte que ce sont ceux élevés à 10°C qui y sont les plus performants (meilleure fécondité et longévité). Nommez et décrivez en quelques phrases l'hypothèse physiologique sous-jacente à ce phénomène (1,5 pts).

**Q8 :** Citer deux exemples d'adaptations comportementales et deux exemples d'adaptations anatomiques dont disposent certains animaux pour réguler leur température corporelle (1 pt).

**Q9 :** Définir une symbiose (0.5 pt). Définir une symbiose autotrophe (0.5 pt). Décrire le fonctionnement d'une symbiose autotrophe chémosynthétique, par exemple celle impliquant les polychètes tubicolores à tête rouge dans les sources hydrothermales océaniques (1 pt).



**Q10** : Le schéma ci-dessous représente les pièces buccales d'un insecte phytophage. De quel mode d'alimentation s'agit-il ? Décrire rapidement le fonctionnement de ces adaptations à la prise alimentaire et donner un exemple d'espèce possédant ce type de pièces buccales (2 pts).



Mandible = mandibules  
 Maxilla = maxilles  
 Labrum = labre  
 Labial palp = palpes labiaux (labium)  
 Proboscis = trompe  
 Glossa = langue

**Q11** : Quels sont les deux grands types de systèmes circulatoires chez les animaux (référez-vous au lien entre le liquide interstitiel et le liquide en circulation) ? Donner un exemple taxonomique pour chaque (1 pts) ?

**Université de Picardie Jules Verne**  
**UFR des Sciences**  
**Licence SVT - Parcours : Biologie - Physiologie cellulaire**  
**Prolifération, différenciation cellulaires et apoptose**  
**Semestre 6- Session 2 – Juin 2022**

Documents, ordinateurs, téléphones et calculatrices interdits

Composez chaque sujet sur une copie

**Sujet de M. CHERQUI**

Durée conseillée 1h

Les différentes voies de la mort cellulaire (**Question de synthèse de 8 pts**)

Questions courtes :

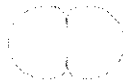
- 1) Expliquez le rôle de la **protéine Rb** (Rétinoblastome). **(3pts)**
- 2) Les **caspases** sont impliquées dans des mécanismes de **différenciation des cellules**. Expliquez en donnant des exemples. **(3pts)**
- 3) Chez *Schizosaccharomyces pombe*, des **mutations** ont été effectuées et les résultats sont observés dans la figure suivante. Expliquez en utilisant un schéma **(3pts)**

Deficit of Cdc25  
*or*  
Excess of Wee1



Elongated cells  
(increased G<sub>2</sub>)

Deficit of Wee1  
*or*  
Excess of Cdc25



Small cells  
(decreased G<sub>2</sub>)

- 4) Quelles sont les **techniques enzymatiques** qui permettent l'identification des **cellules individuelles apoptotiques** se basant sur la **fragmentation de l'ADN** ? **(3pts)**

## **Sujet Halima Ouadid-Ahidouch**

Durée conseillée 30 min

### **Partie 1 (10 points)**

- a) Quel est l'impact, sur le cycle cellulaire, de cultiver les cellules dans un milieu de culture dépourvu de facteurs de croissance ? Expliquez
- b) Quel est l'impact sur le cycle cellulaire de cultiver les cellules dans un milieu de culture contenant les facteurs de croissance, le calcium, mais dépourvu d'ions potassium ? Expliquez
- c) Précisez l'origine (extracellulaire et/ou intracellulaire) du calcium et expliquez son rôle dans le cycle cellulaire.

### **Partie 2 (10 points)**

- a) Définissez et expliquez le processus nommé AVD ?
  - b) Quel est l'impact sur l'activité des caspases si on diminue la concentration du potassium intracellulaire ?
  - c) Quelle serait la conséquence sur la survie cellulaire si on inhibe les canaux potassiques mitochondriaux ? Expliquez
- 

## **Sujet M. Gautier**

Durée conseillée 30 min

1. Quelle est la particularité des fibres musculaires squelettiques du point de vue de l'organisation du sarcolemme et des organites intracellulaires ? Vous illustrerez votre réponse à l'aide d'un schéma.
  
2. Quel est l'intérêt physiologique de cette organisation particulière de la fibre musculaire squelettique ? Développez votre réponse.

**ATTENTION : Prenez soin de justifier vos réponses, nous attendons de vous bien plus qu'une phrase !**

**I- Voici différents résultats d'alignements protéiques.**

1- Expliquez le principe de calcul d'un score d'alignement pour des séquences protéiques.

2- Pour chacun de ces alignements (a- et b-) :

- Présentez la figure en décrivant chacun des éléments présents (en particulier pour la figure b-).
- Commentez les résultats.
- Expliquez dans quel contexte scientifique ils peuvent être utilisés en utilisant les résultats présentés sur les captures d'écran.

a) Alignement de 6 protéines, réalisé avec un outil d'alignement global (type Clustal omega).

AtERF110	1	-----	0
AtERF115	1	-----MANSGN-----YGKRFFRGDESDE	19
AtERF113	1	-----	0
AtABR1	1	MCVLKVANQEDNV-----GKKAESIRDDHRTLSEIDQWLYLFAAED---	42
DcERF110	1	MDYIA--AFNDNLIHYKGDSTTTPAQILSMFRTRLREDLRNGLESDDIERFLLAGAEZEE	58
FeERF110	1	-----MPKFQIEHNHYNSGL----LMSFKVAMP----	25
AtERF110	1	-----MSAMVSAITVVARSQTERE--GA	23
AtERF115	20	K-K-----EADDDENIFFFF-SARSQYDMRAMVSAITVINGNQSSSHDMN---	62
AtERF113	1	-----MVSMLTIVVSGETEPS----	16
AtABR1	43	-----DHHRHSPFTQQPPPPSSSSSSSLISGFSREMEMSAIVSAITVVAGNVQHQGGSE	97
DcERF110	59	VEQTANTAETVAVPPPPPAATSFMSFKFDREMEMSVIVSAITVVAGDHQAINV--GG	116
FeERF110	26	-----RE--FLPTADADEEELSMFSRRRQADEMSVMVSAITVIAREEFKVGGLGS	76
		*** **.*:	
AtERF110	24	-----HS---S-SSSAGHKRGW--LGIDSAPI--F---SSFARVDS	53
AtERF115	63	-----QHQPVV-----Y--	69
AtERF113	17	-----AS---A-TWIMGHKRRER--EEFSLPPQ--F---LITGS--A	44
AtABR1	98	GSSEGTSN-----SSSSSQKRRREVEEGGAKAVKAANTLIVDQYFSG	140
DcERF110	117	GSEHLVASGNFV-----SGSS--M-GWGGGVKREG--EEMSPILKRFN---RGTGFERS	162
FeERF110	77	GSSTSIHSSPYDASLLSGHSALDVGVSGLKRRER--DEGKTES-----MLGYYSG	126
AtERF110	54	SHNPTE-----ESMSKAFPEEAREKRRRYRGVQRQRFWGWKWAAREI	92
AtERF115	70	-----NQQDFNPF-----APFTQDQGLLRKRRYRGVQRQRFWGWKWAAREI	107
AtERF113	45	VTKECE-----SSMSLEFPKRYRGVQRQRFWGWKWAAREI	76
AtABR1	141	GSSTSKVREASSNMSGPPTTYEYTTATASSETSSFSGDQPRRYRGVQRQRFWGWKWAAREI	200
DcERF110	163	SAGATS---SNVGA---SFG---MTAQSSAHPTETDIRPRRYRGVQRQRFWGWKWAAREI	210
FeERF110	127	-ASPSV---PHSTI--SSQPFST---HEQTFSSQTEIEGQPRRYRGVQRQRFWGWKWAAREI	177
		*****	
AtERF110	93	RDEPKARVWVLTGTFDTEAARAYDEAALRFRGSKAKLNFEEDVRIILPPFF--PLLRSPA	150
AtERF115	108	RDEPKARVWVLTGTFEETAAALAYDNAALRFRGSKAKLNFEERLAQASNTISITGFPNY-	166
AtERF113	77	RDEHKATRNVWLTGTFEETAAARAYDAALRFRGSKAKLNFEENVGTIQRNSHLQNSM	136
AtABR1	201	RDEPKARVWVLTGTFDTEAARAYDEAALRFRGSKAKLNFEENVKLRPASTEAQ--EVH	258
DcERF110	211	RDEVKARVWVLTGFENTEAARAYDEAALRFRGSKAKLNFEENVLRQPQPFQATGSVP	270
FeERF110	178	RDEHKARVWVLTGTFDTEAARAYDEAALRFRGSKAKLNFEENARLQPPPEIDSSGQSIT-	236
		*** **.*:	
AtERF110	151	-----NKAEEDL---INWYSYIKLLQSSGQR-----SF	179
AtERF115	167	-YSSN-----NQIYYSNQPTN--PQTIYPFNQY--NQYLQGGNS-----	203
AtERF113	137	QFSL-----T-VIDQC--FTLLSFRCMQQQL-----VG	164
AtABR1	259	QTARQRPQTQSRNSGSTITLLPIRPASNQSVHQPLMQSYNLSSEMARQQQQFQQHHQQS	318
DcERF110	271	QLLR-----FQSADST---GDYLEYRSLTEIAENQRQRQSV	305
FeERF110	237	-----FDLSAS---RDYLEYRSLRLLGDGGQYANLEYSR	265
		..	
AtERF110	180	LER-GQEE-----SS-----NI	190
AtERF115	204	---NDALSYSLAGG-ETGGSMYNHQITLSTNSS---SGGSS--RQDDDEQDYARYLRF	253
AtERF113	165	MLQ-PTEE-----EN-----HF	175
AtABR1	319	LDLYDQ-MSFPLRFG-HTGGSMQSTSSSSSHSRPLFSAAVQPPESASSETGYLQDIQW	376
DcERF110	306	LLQTMSSSSSVASAEISLGSQAVMGDSSASVYFFPYSAAGQQQEVIVSA-----SETREW	360
FeERF110	266	INSASFVSSS-----STSSSSVLRNRYGMGGEFEQRNRY----LQGSBIW	308
AtERF110	191	FZH----SPMEQ-FLPSSSSGSSSNFFAPSLPNT	220
AtERF115	254	GDSSFPNSG-----F-----	263
AtERF113	176	FEK----FWTEYDQYNYSSFG-----	192
AtABR1	377	PSDKTSN-----NYYNPSSS-----	391
DcERF110	361	FTSPFFPEWTGSGSYFSSSSC-----	381
FeERF110	309	GTAFFPANKWEDSGELFPPSSSG-----	330

b) Résultat d'un BLAST (regardez bien les paramètres utilisés).

**!** Your search is limited to records that include: **Brassica rapa (taxid:3711)**

Job Title **ref|NP\_851285.1|**  
 RID **5E21TK68016** Search expires on 04-15 01:28 am [Download All](#) ▾  
 Program **BLASTP** [Citation](#) ▾  
 Database **refseq\_protein** [See details](#) ▾  
 Query ID **NP\_851285.1**  
 Description **zeaxanthin epoxidase (ZEP) (ABA1) [Arabidopsis thaliana]**  
 Molecule type **amino acid**  
 Query Length **667**  
 Other reports [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#) [MSA viewer](#) [?](#)

**Filter Results**

**Organism** *only top 20 will appear*  exclude  
 Type common name, binomial, taxid or group name  
 + Add organism

**Percent Identity**  to  **E value**  to  **Query Coverage**  to

**Filter** **Reset**

**Descriptions** Graphic Summary Alignments Taxonomy

**Sequences producing significant alignments**

Download ▾ Select columns ▾ Show **100** ▾ [?](#)

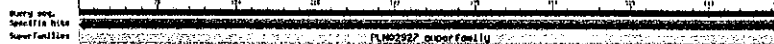
select all 9 sequences selected

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> zeaxanthin epoxidase_chloroplast [Brassica rapa]	Brassica rapa	1065	1085	100%	0.0	83.56%	654	<a href="#">XP_009112352.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> monoxygenase 2 isoform X2 [Brassica rapa]	Brassica rapa	96.3	96.3	33%	2e-21	31.91%	326	<a href="#">XP_009141508.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> monoxygenase 2 isoform X1 [Brassica rapa]	Brassica rapa	96.3	96.3	33%	1e-20	31.91%	445	<a href="#">XP_009141505.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> monoxygenase 2 [Brassica rapa]	Brassica rapa	73.9	73.9	36%	1e-13	28.17%	401	<a href="#">XP_009104930.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> monoxygenase 1 [Brassica rapa]	Brassica rapa	57.8	57.8	31%	2e-08	27.51%	398	<a href="#">XP_009136712.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> 6-hydroxynicotinate 3-monoxygenase [Brassica rapa]	Brassica rapa	49.3	49.3	26%	1e-05	25.74%	402	<a href="#">XP_009121565.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> uncharacterized protein LOC103842515 [Brassica rapa]	Brassica rapa	38.5	38.5	10%	0.013	32.39%	213	<a href="#">XP_009117369.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/> monoxygenase 1 [Brassica rapa]	Brassica rapa	38.1	38.1	48%	0.025	25.76%	398	<a href="#">XP_009107859.1</a>

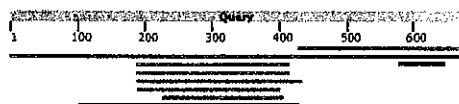
**Descriptions** **Graphic Summary** Alignments Taxonomy

[hover to see the title](#) [click to show alignments](#)  Show Conserved Domains Alignment Scores  < 40  40 - 50  50 - 80  80 - 200  >= 200 [?](#)

9 sequences selected **Putative conserved domains have been detected, click on the image below for detailed results.**



**Distribution of the top 9 Blast Hits on 9 subject sequences**



## II. Analyse de la structure d'entrée et de l'expression de *PGA4*

### *Arabidopsis thaliana* polygalacturonase 4 (PGA4), mRNA

NCBI Reference Sequence: NM\_100158.3

LOCUS NM\_100158 1686 bp mRNA linear PLN 14-FEB-2019  
DEFINITION *Arabidopsis thaliana* polygalacturonase 4 (PGA4), mRNA.  
ACCESSION NM\_100158  
VERSION NM\_100158.3  
DBLINK BioProject: [PRJNA116](#)  
BioSample: [SAMN03081427](#)  
KEYWORDS RefSeq.  
SOURCE *Arabidopsis thaliana* (thale cress)  
ORGANISM [Arabidopsis thaliana](#)  
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;  
Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; Gunneridae;  
Pentapetalae; rosids; malvids; Brassicales; Brassicaceae;  
Camelineae; *Arabidopsis*.  
REFERENCE 1 (bases 1 to 1686)  
AUTHORS Theologis,A., Ecker,J.R., Palm,C.J., Federspiel,N.A., Kaul,S.,  
White,O., Alonso,J., Altafi,H., Araujo,R., Bowman,C.L.,  
Brooks,S.Y., Buehler,E., Chan,A., Chao,Q., Chen,H., Cheuk,R.F.,  
Chin,C.W., Chung,M.K., Conn,L., Conway,A.B., Conway,A.R.,  
Creasy,T.H., Dewar,K., Dunn,P., Etgu,P., Feldblyum,T.V., Feng,J.,  
Fong,B., Fujii,C.Y., Gill,J.E., Goldsmith,A.D., Haas,B.,  
Hansen,N.F., Hughes,B., Huizar,L., Hunter,J.L., Jenkins,J.,  
Johnson-Hopson,C., Khan,S., Khaykin,E., Kim,C.J., Koo,H.L.,  
Kremenetskaia,I., Kurtz,D.B., Kwan,A., Lam,B., Langin-Hooper,S.,  
Lee,A., Lee,J.M., Lenz,C.A., Li,J.H., Li,Y., Lin,X., Liu,S.X.,  
Liu,Z.A., Luros,J.S., Maiti,R., Marziali,A., Militscher,J.,  
Miranda,M., Nguyen,M., Nierman,W.C., Osborne,B.I., Pai,G.,  
Peterson,J., Pham,P.K., Rizzo,M., Rooney,T., Rowley,D., Sakano,H.,  
Salzberg,S.L., Schwartz,J.R., Shinn,P., Southwick,A.M., Sun,H.,  
Tallon,L.J., Tambunga,G., Toriumi,M.J., Town,C.D., Utterback,T.,  
Van Aken,S., Vaysberg,M., Vysotskaia,V.S., Walker,M., Wu,D., Yu,G.,  
Fraser,C.M., Venter,J.C. and Davis,R.W.  
TITLE Sequence and analysis of chromosome 1 of the plant *Arabidopsis*  
*thaliana*  
JOURNAL Nature 408 (6814), 816-820 (2000)  
PUBMED [11130712](#)

FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..1686  
/organism="Arabidopsis thaliana"  
/mol\_type="mRNA"  
/db\_xref="taxon:3702"  
/chromosome="1"  
/ecotype="Columbia"  
gene 1..1686  
/gene="PGA4"  
/locus\_tag="AT1G02790"  
/gene\_synonym="POLYGALACTURONASE; polygalacturonase 4;  
T14P4.31"  
/note="encodes a exopolygalacturonase."  
/db\_xref="Araport:AT1G02790"  
/db\_xref="GeneID:839391"  
/db\_xref="TAIR:AT1G02790"  
CDS 100..1368  
/gene="PGA4"  
/locus\_tag="AT1G02790"  
/gene\_synonym="POLYGALACTURONASE; polygalacturonase 4;  
T14P4.31"  
/inference="similar to RNA sequence,  
mRNA:INSD:AY065210.1,INSD:AK230013.1,INSD:AY133812.1,  
INSD:X72291.1,INSD:AF428425.1"  
/note="polygalacturonase 4 (PGA4); FUNCTIONS IN:  
polygalacturonase activity; INVOLVED IN: carbohydrate  
metabolic process; LOCATED IN: endomembrane system;  
EXPRESSED IN: 14 plant structures; EXPRESSED DURING: 6  
growth stages; CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Pectin lyase  
fold/virulence factor (InterPro:IPR011050), Pectin lyase

fold (InterPro:IPR012334), Glycoside hydrolase, family 28 (InterPro:IPR000743), Parallel beta-helix repeat (InterPro:IPR006626); BEST Arabidopsis thaliana protein match is: Pectin lyase-like superfamily protein (TAIR:AT3G07830.1); Has 4155 Blast hits to 4140 proteins in 501 species: Archae - 6; Bacteria - 1251; Metazoa - 14; Fungi - 1275; Plants - 1482; Viruses - 0; Other Eukaryotes - 127 (source: NCBI BLink)."

/codon\_start=1  
 /product="polygalacturonase 4"  
 /protein\_id="NP\_171778.1"  
 /db\_xref="Araport:AT1G02790"  
 /db\_xref="GeneID:839391"  
 /db\_xref="TAIR:AT1G02790"

/translation="MANARSLVAKANNINVGSLILMALVFGSCVANGELYLGGRRGLAA  
 NSGNPTVYDITKFGAVGDGSTNTFKAFNLNTWIQVCDSPVPATLLVLPKGTFLAGPVIFA  
 GPCKSKVTVNVIGTIIATTSGYATPEWFLFERVDNLVLTGTGTFHGKGEAVWKADGCG  
 KKVQC�NLPPSTSLKFRNMKNVEINGISSVNAKAFHMFLVKTENVNIQNIKLTAPAESP  
 TDGIHLSNADNVSILDSTIATGDDCVSVGRGSNNVTVERVICGPGHGLSVGSLGKYKN  
 EEDVSGIHVNNCTMIETDNGLRIKTWGGSDPSKAVDIKFENIIMQSVKNPIIIDQNYG  
 SRGGDSQVAISDILFKNIRGTTITKDVVQIMCSKSVPCQGVNVVDVNLVYVGTGGEK  
 KSSSGGLVGLCDNANVIFGGKLSFPMCPK"

ORIGIN

```

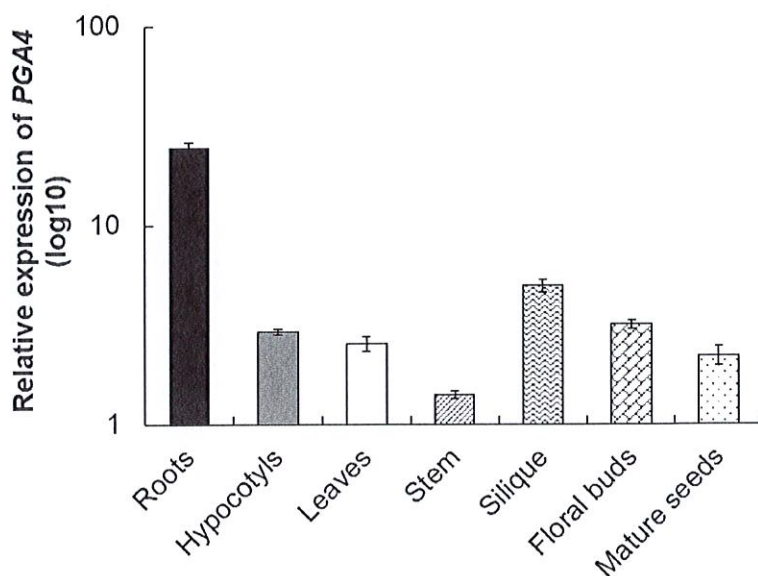
1 aaacattatg aatcctccta tgagcaaatc acttttaaat ttgtaaacac tcttttaaaa
61 gaacaaaaaa agcaaaaaaa aaataaagat attatcacca tggtaaacgc aagaagttag
121 gtcgccaagg caaacaatat taacgtaggt tcattgattc taatggcctt ggtgtttggg
181 tcttgctggg ctaatgggtg atatctcggc ggccgccgtg gtctcgtgac taattccggg
241 aacccccacg tctatgatat tactaagttt ggagccgtag gagatgggtc caccaatact
301 ttttaaggcgt ttttgaacac atggatacaa gtgtgtgaca gtccagtacc agcaacgcta
361 ctagtctcta agggaacatt tttggctggg ccagtcattt tcgccgggtc atgcaagagc
421 aaagtgaccg tcaatgttat aggcacaatc atcgctacga ccagcgggta cgcaactccc
481 gagtggttct tgttcgagcg tgttgacaat ctctgctcca ccggaaccgg cacattccac
541 gggaaagggtg aagctgtctg gaaagcagat ggttggtgta aaaagggtcca atgcaatcct
601 cctccaacgt ctctcaaatc caggaacatg aaaaatggtg aaatcaatgg cataagctcg
661 gtgaacgcaa aggccttcca catgttctta gtcaaaaactg agaatgtaa catccaaaaa
721 attaagctta ccgcaccagc tgaaagcccc aacaccgatg gtatccattt gagcaatgca
781 gacaacgtta gcctcctcga cagtaccata gcgactggag acgattgtgt ttcagtccgt
841 cgtggctcca acaacgtaac cgtcgaacgt gtgatttgtg gtccaggaca cggctaaagt
901 gtcggtagtc ttggttaagta caagaacgag gaagacgtta gcggaatcca cgttaacaac
961 tgcaacgatg ttgagaccga caatggctctt aggatcaaga catgggggtg gtcagacca
1021 agcaaggctg tggacattaa gttgaaaac atcatcatgc agagtgtcaa gaaccaatc
1081 atcattgata aaaactacgg ttcaagaggg ggagattcac aagttgctat aagtgatatt
1141 ttgttcaaga acattagagg aacaacaatt acaaaagatg ttgttcagat tatgtgttagc
1201 aaatcgggtg cgtgccaaag agtaaacggt gttgacgtga acttggacta tgtaggcaag
1261 acaggaggag agaagaagtc gtcatcaggc ggtttggtcg gagctctttg cgataacgcc
1321 aatgttatct tcggttgaaa acttagtttc cctatgtgac caaataaage tttttggtat
1381 aaataattta atattaaaa aaaaaatcaa aagtttcaca aacattgttt tgtttgtgag
1441 ttagtttggg aatttatcaa caagaataa tcagtgggat atttgacttt tgataatggt
1501 ttttttcccc attttttttg atttttttt tggttttatg tataaataaa cagatccttc
1561 agctggttgc ttaatagttt ctggttagaa aatgtgtct gtgggtatta gtgtgtacaa
1621 tcattttatt gctctatcta aagtcacoga tttctttctt tctaagtggc aaaaatctc
1681 tttcat
  
```

//

1. Quel est le numéro d'identifiant « Arabidopsis » de PGA4 ?
2. Représentez de manière graphique la structure de l'ARNm de PGA4
3. Des domaines IPR011050 et IPR012334 sont identifiés. A quoi correspondent ces domaines et en quoi cela peut être utile pour mieux appréhender la fonction de la protéine ?
4. Vous souhaitez évaluer par RT-qPCR l'expression du gène PGA4 dans différents organes d'Arabidopsis.

-Après avoir rappelé le principe de cette technique, vous détaillerez votre façon de procéder, et les outils de bioinformatique que vous pouvez utiliser.

- Analysez les résultats obtenus (**Roots** : racines ; **Hypocotyls** : Hypocotyles, **Leaves** : feuilles ; **Stem** : Tiges ; **Silique** : silique ; **Floral buds** : bourgeons floraux ; **Mature seeds** : graines matures).



### III- Caractérisation de l'expression d'un gène cible chez une plante.

Voici la séquence du gène At1g48020, précédée de son promoteur.

Promoteur (1000 pb)

5'UTR

Séquence codante

3'UTR

```

TTGATTATGACAAGGTTCCCTGGTGTGTTTACACTCATCCTGAGGTTGCTTCGGTTGGTAAAACCGAAGAACAGCTGAAGAAAGAAGGTGTGAGTT
ACCGGGTTGGGAAATCCCCTTTATGGCGAATAGCAGAGCTAAGGCTATTGATAATGCAGAAGGATTGGTTAAGATTCGGCCGATAAGGAGACTG
ATAAGATCTTGGGCGTTCACATTATGGCGCCAAACGCTGGAGAGCTGATTCATGAGGCTGTTCTTGGCATTAACTACGATGCATCAAGTGAAGACA
TTGCTCGAGTCTGCCATGCTCATCCCACTATGAGCGAGGCTCTTAAGGAAGCTGCCATGGCCACCTATGACAAGCCTATTCACATCTAAAAGGGAA
CAAGGTATGTCACACTTTGGTCTGATTTGGTTTTGTTTCGGTTTTGGTTTAGATTTTTGATTTGCGGTTTTGATTTCTATGTATCTAATCACATCC
CACACTAGGAAGACCTTAAAGGAGTGAGCCACCTATGACAAGCCAAATCGATATCTTAACTGGTTGGATTTTGGTTTCGGTTTTCTGTGGTTTAGC
CTTCAATTTGTCCTTTATACTGTGTTTTTATTCGTTAATGTTTCAGATACGTGTTAAGCCTGATCTTTAATAAAATATTCAACATTCACCTCAACACT
TTTTATTGCTTCCGGCTGCTTTCTAGTTTTTGGTTTTACTAAACCCAAAAATGATTAGTCAGTTTCATACGTTAATAAATTAGGGGATATACATT
ATGCATTCACCTAAGAGACCAAAATTAATTCATTTAGCTCCATGATTAGATAAGTACATACAATTTGATGTTATCATCTAATGATAACTGTATACTA
TATTTGCAATCTCTTACAATGGTAAAACTTTTTTCATCGTTTCATGTCAACTTCTATTCTTGATTCTGTTTTGACTAATGCGTTGTACGTAAA
TTACTCTAATATAAATACTCATTGCTTTGAATATATTTTCTACCACAAACTTGGAAAACTAAAATTACTAGAGAAAAACAAGAATGGCTGCGAATCTA
AGGAACAATGCGTTCTTGTCTTCTCATGTTTCTTCTCTTGATCGGTTTCATCATACGCAATCACAAGTTCAGAAATGAGCACAATCTGTGACAAA
ACCTTAAATCCATCTTTCTGTCTTAAAGTTCCCTCAATACGAAATTCGCATCGCCTAATCTTCAAGCCTTGGCAAAAACCACACTTGATTCTACACAA
GCGAGAGCTACACAAACGTTAAAGAACTCCAATCTATTATCGATGGAGGAGTCGACCCTCGATCTAAGTTAGCTTACAGGTCATGCGTAGATGAA
TACGAGAGCGCGATTGGAAACCTCGAGGAAGCTTTTGGCATTAGCTTCAGGAGATGGTATGGGGATGAACATGAAAGTTTTCTGCTGCATGGAT
GGAGCTGATACATGTTTAGATGATGTGAAGAGATTGAGATCAGTAGATCTTCGGTTGTGAATAACAGTAAAACAATTAAGAATCTTTGTGGTATT
GCTCTTGTATCTCTAACATGTTACCACGTAATTAATTTGAAAATCTTCATCATGTGTTTCTGCTGATTAATTGTAATTGTTTGAAGAAGACAACTAAATT
AATATACTTCTATTATAATGAAGCTTTAGTTTGATAATATCCAACGTAACCCATGCCAATACAAAAAGGCTTCAAAAAATGTAATGATTGATAATTAAGTAAATTT
GTTTTGTAG
    
```

Dans la littérature, il est décrit que ce gène pourrait être impliqué dans la réponse des plantes à une infection par un champignon pathogène racinaire. Imaginez **1 stratégie expérimentale, incluant l'utilisation d'outils bioinformatiques**, permettant d'évaluer l'expression du gène cible/l'activité du promoteur et permettant ainsi de vérifier cette hypothèse. Vous proposerez notamment un **plan d'expérience** permettant de répondre à la question biologique posée : la réponse des plantes à une infection fongique.





**UFR des Sciences**  
Licence SVT [BioPC] (L3S6)  
Deuxième session (Juin 2022)  
**Epreuve de Microbiologie Appliquée**

- I. Décrivez brièvement les différentes étapes de la fabrication de la **bière**, en précisant les matières premières, le(s) microorganisme(s) utilisé(s), les équipements et les conditions nécessaires pour le procédé, les produits formés, les caractéristiques du produit final, etc. Vous pouvez utiliser un diagramme de flux (schéma) pour mieux illustrer vos explications.
  
- II. Décrivez brièvement les différentes étapes de la production du **champagne**, en précisant les matières premières, le(s) microorganisme(s) utilisé(s), les équipements et les conditions nécessaires pour le procédé, les produits formés, les caractéristiques du produit final, etc. Vous pouvez utiliser un diagramme de flux (schéma) pour mieux illustrer vos explications.
  
- III. Décrivez brièvement les différentes étapes de la fabrication des **yaourts fermes**, en précisant les matières premières, le(s) microorganisme(s) utilisé(s), les équipements et les conditions nécessaires pour le procédé, les produits formés, les caractéristiques du produit final, etc. Vous pouvez utiliser un diagramme de flux (schéma) pour mieux illustrer vos explications.
  
- IV. Expliquez brièvement les caractéristiques des différents types de **vaccins** utilisés dans la prévention des maladies les plus courants. (Donnez quelques exemples.)
  
- V. A) Réalisez un tableau en indiquant les paramètres qui peuvent être contrôlés dans un **bioréacteur** industriel moderne, en précisant les moyens utilisés pour les mesurer, ainsi que les moyens utilisés pour les contrôler.  
B) Réalisez un schéma simple d'un bioréacteur en fléchant les différents éléments pour le contrôle d'une fermentation.

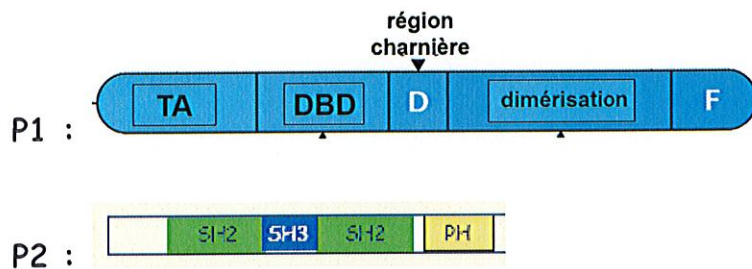


Université de Picardie Jules Verne  
Licence 3 SVT  
UE Signalisation Cellulaire  
Session 2 - juin 2022

Sujet Mme Dhennin (durée conseillée 1h30 min)

1- Communication intracellulaire

- a- Quels sont les deux grands mécanismes qui permettent la transduction du signal entre les acteurs des voies de signalisation ?  
c- Donner la signification et le rôle de chaque domaine, puis identifier les protéines suivantes :

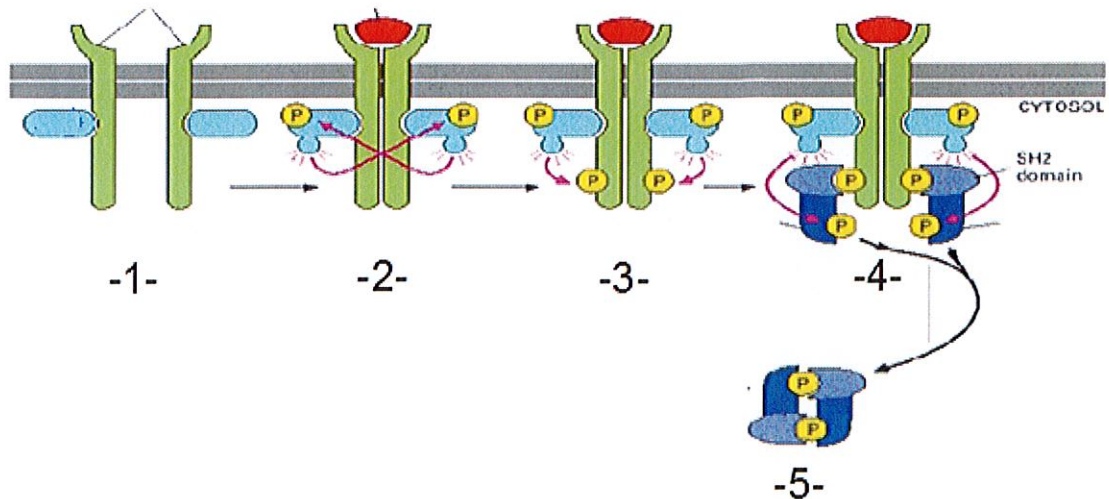


2- Récepteurs :

Décrire les récepteurs aux facteurs de croissance : les différentes étapes d'activation et les modes de désensibilisation.

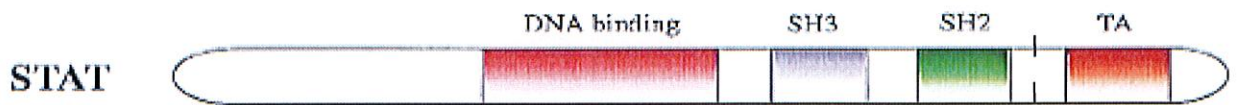
3- Voies de signalisation :

- a- Annoter le schéma ci-dessous (étapes 1 à 5).  
b- De quelle voie de signalisation s'agit-il ?  
c- A quel type de récepteur est-elle associée ?



**4- Voies de signalisation :**

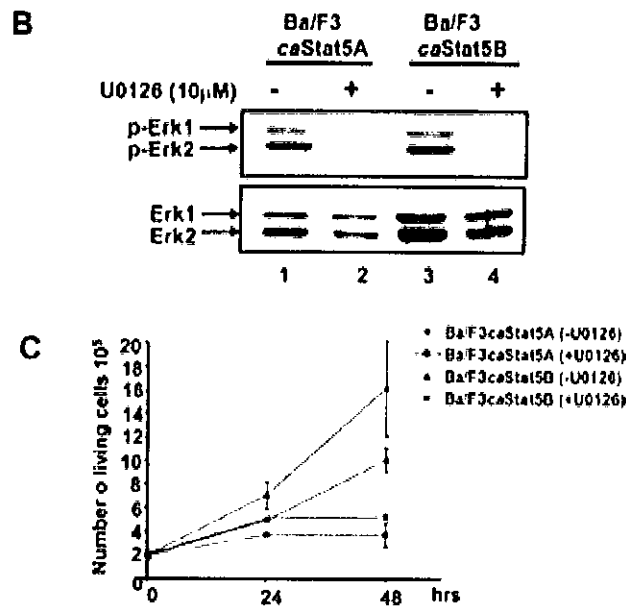
- a- Quelles sont les fonctions moléculaires des protéines STAT ?
- b- Décrire les différents domaines contenus dans ces protéines figurant sur le schéma ci-dessous :



- c- Quels sont les types de pathologies provoquées par une sur-activation ou une inhibition de la voie de signalisation associée aux protéines STAT ?

**5- Analyse de figure :**

Analyser la figure suivante concernant le rôle de la voie Erk dans la prolifération des cellules BaF/3 exprimant Stat5A ou Stat5B constitutivement activé (techniques, analyse, interprétation, conclusion).



**Figure 5** Constitutive activation of ERK1 and ERK2 in caSTAT5-expressing Ba/F3 cells: role in proliferation

(B) caSTAT5A- and caSTAT5B-expressing Ba/F3 cells were left untreated (ethanol) (lanes 1 and 3) or treated with U0126 (10  $\mu$ M) for 24 h (lanes 2 and 4). Total cell lysates were prepared and analysed by Western blotting with anti-phospho-ERK1/ERK2 antibody. The membrane was reprobed with an anti-ERK1/ERK2 antibody. (C) caSTAT5A- and caSTAT5B-expressing Ba/F3 cells were treated or not with U0126 (10  $\mu$ M) for the indicated time periods and the number of viable cells was determined daily, using the Trypan Blue dye exclusion method. Results shown are representative of three experiments.

(U0126, inhibiteur de MEK)

## Sujet Mr GIRAULT (durée conseillée 30 min)

### 1- Structure des canaux ioniques

Décrivez les différences structurelles entre les canaux sodiques de la famille NaV et les canaux potassiques dépendants du voltage.

### 2- Canaux et pathologies

Citez un exemple de pathologie pour chacune des familles suivantes : canaux calciques, canaux sodiques, canaux chlorures et canaux potassiques (les exemples doivent être différents pour chacune des familles).

### 3- Canaux potassiques

Décrivez succinctement les 4 grandes classes structurelles des canaux potassiques et rappelez le nom d'au moins un des représentants de ces classes