

REVISIONS DE 1^{ère} ANNEE

+ La diversification des génomes > lien génétique des populations

- Les mutations sont la **seule cause** de diversification des allèles
 - Mise en évidence d'une variabilité génétique par l'étude de mutants : mutation ponctuelle provoquant la drépanocytose, diversité allélique liée aux thalassémies. L'origine des lésions de l'ADN pendant l'interphase : lésions spontanées et provoquées par des agents mutagènes physiques et chimiques. Devenir des lésions : réparation ou apparition d'une mutation après réplication. Diversité des mutations : mutations ponctuelles ou chromosomiques. Conséquences des mutations : à court terme (selon l'expression ou non de la mutation, selon la cellule touchée), à long terme (des phénomènes favorables à l'espèce, familles multigéniques)
- La **reproduction sexuée crée de nouvelles associations d'allèles**
 - La méiose, un mécanisme donnant naissance à quatre cellules haploïdes et génétiquement originales : les conséquences génétiques sont déduites de l'étude des produits de la méiose (notion de test-cross chez les diploïdes) ; brassage interchromosomique et brassage intrachromosomique à l'origine d'éventuels brassages alléliques
 - La fécondation, formation d'un zygote présentant de nouvelles combinaisons alléliques : retour à la diploïdie, la fécondation croisée favorise l'hétérozygotie (allogamie et autogamie)
- Les transferts horizontaux de gènes participent à la diversification des génomes
 - Transferts par conjugaison entre eubactéries : mise en évidence, principe de la conjugaison grâce au facteur F, bactéries HFR ; conséquences (adaptation rapide, implication sur la phylogénie)
 - transferts plus rares impliquant des Eucaryotes (exemple de la limace photosynthétique/ modalités des transferts)

+ L'expression génétique

- La transcription : première étape de l'expression du génome
 - La traduction : seconde étape, synthèse des protéines par décodage de l'information des ARN
- > revoir les bases azotées et la complémentarité de bases***

+ TP électrophorèses (protéines / ARN / Fragments d'ADN) et techniques d'étude en génétique (PCR / gène reporter...)** > lien à la génétique des populations à venir

REVISIONS DE 2nde ANNEE

+ Une synthèse sur les Alpes : à la recherche de témoins de l'histoire d'une chaîne de collision

- des témoins de paléomarges passives (blocs basculés, informations apportées par les roches associées aux blocs)
 - des vestiges de l'océan alpin (caractéristiques des ophiolites alpines, de la couverture sédimentaire associée)
 - des témoins de la fermeture de l'océan alpin et de la collision (témoins de subduction et d'obduction = témoins sédimentaires, métamorphiques / témoins de la collision = plis, failles inverses et chevauchements; témoins métamorphiques, gravimétriques et sismiques)
- > pour les élèves, ce chapitre nécessite une bonne maîtrise des données des TP1 et TP2 Alpes. Il s'agit ici de **démontrer** à l'aide d'indices comment reconstituer l'histoire de la chaîne (bref raisonnez !!!!!)

+ Biologie et génétique des populations

- les populations, des ensembles structurés et dynamiques : les paramètres décrivant une population (effectif, densité et distributions spatiales, distribution par âge et par sexe = la pyramide des âges); l'effectif varie au cours du temps (selon les conditions de milieu, selon la population elle-même : modèle exponentiel, modèle logistique, définition du taux d'accroissement r et de la capacité biotique K, selon l'interaction population / milieu : notion de compromis, sélection r et K, et selon l'interaction avec d'autres espèces : l'exemple de la prédation = modèle mathématique de Lotka-Volterra.

Attention tout modèle doit être discuté, par comparaison avec la réalité (observations / expérimentations)

- les populations sont différenciées : mises en évidence de variations entre populations, par l'étude de caractères morphologiques (ex des populations de mésanges bleues); certaines variations sont des adaptations (notion d'écotype, différence adaptation-accomodation)

- les populations sont des réservoirs d'allèles = une population est polymorphe (polymorphismes morphologique, protéique, allélique; la structure génétique d'une population est définie par les fréquences génotypique et allélique); le modèle de Hardy-Weinberg (les hypothèses posées; les prédictions du modèle; l'intérêt de ce modèle = modèle de référence); le mode de croisement conditionne la structure génétique d'une population (l'homogamie partielle ou totale conduit à une diminution du taux d'hétérozygotes; l'hétérogamie conduit à une augmentation du tx d'hétérozygotes); bilan : le mode de croisement modifie les fréquences génotypiques, mais pas les fréquences alléliques.

NB : toutes ces données ont été démontrées, à l'aide de cas concrets. Il est donc attendu que les élèves démontrent aussi, et ne se contentent pas de citer. D'autres exemples seront traités en TP la semaine prochaine.

> lien avec cours de sup = information génétique (gènes, allèles et brassages génétiques) et TP = mise en évidence de polymorphisme par électrophorèses de protéines ou électrophorèse de fragments d'ADN après coupure par enzymes de restriction (RFLP)

+ TP diversité des micro-organismes unicellulaires ou pluricellulaires : eucaryotes autotrophes (Chlamydomonas, Spirogyre) et hétérotrophes (Paramecie et Trypanosome); procaryotes autotrophes (Cyanobactérie, ex du genre Nostoc) et hétérotrophes (E. coli et Rhizobium) = Montages et/ou observations de tous ces exemples (ou PM); photographies en MET; principe et intérêt de la coloration de Gram à connaître.

+ TP1 et TP2 Alpes en révision

+ TP biologie des populations = établissement d'une courbe de croissance de population de levures par comptage; discussion modèle (logistique) / réalité; calcul de r (rmax approximé) et K dans le cas d'une croissance logistique bactérienne; calcul temps de doublement d'une population en croissance exponentielle; discussion rmax théorique (qd N=0) et réel (approximé qd N tend vers zéro).