

Programme de colles n°10

Semaines du 9 au 20 mars 2026

SVC-3 : Membranes et échanges membranaires

Savoirs visés	Capacités exigibles
Les propriétés de fluidité, de perméabilité sélective, de spécificité reposent sur l'organisation de la membrane. Les membranes cellulaires sont des associations non covalentes de protéines et de lipides, parfois glycosylés, assemblés en bicouches. L'eau, les solutés neutres ou chargés et les gaz dissous peuvent traverser les membranes. La perméabilité de la membrane vis-à-vis d'une substance chimique dépend de ses propriétés physico-chimiques et de celles de la substance considérée. Ces échanges transmembranaires sont régis par les différences de potentiel électro-chimique. Les flux de solutés s'effectuent dans le sens des potentiels électro-chimique décroissants par transport passif simple ou facilité ou dans le sens inverse par transport actif primaire ou secondaire (couplages énergétiques). Les flux transmembranaires sont une fonction linéaire (diffusion simple) ou une fonction présentant un plateau de saturation (échange assisté par un transporteur) de la concentration en molécule transportée. Des flux transmembranaires d'ions sont à l'origine d'un potentiel électrique appelé potentiel de membrane.	- Relier la fluidité membranaire à la composition de la membrane. - Relier la perméabilité membranaire à la composition de la membrane. - Exploiter la notion de potentiel électrochimique pour déterminer le caractère spontané ou non d'un échange. - Exploiter la relation de Nernst pour déterminer le potentiel d'équilibre d'un ion. - Exploiter la loi de Fick pour expliquer les caractéristiques cinétiques de certains échanges transmembranaires. - Exploiter la notion de potentiel hydrique pour déterminer le sens des flux d'eau. - Relier les caractéristiques des protéines membranaires (canal, transporteur) aux modalités d'échange. - Relier les échanges présentés à leurs fonctions biologiques. - Relier l'inégale répartition des ions et les flux transmembranaires à l'existence d'un potentiel de membrane.
Des transferts de matière entre les compartiments et avec le milieu extracellulaire (endocytose et exocytose) sont réalisés par l'intermédiaire de vésicules. Le bourgeonnement et la fusion des vésicules reposent sur les propriétés des membranes et l'implication des protéines. Le transport et le guidage des vésicules mettent en jeu le cytosquelette.	- Relier les échanges présentés à leurs fonctions biologiques
Précisions et limites : Les échanges sont étudiés sur l'exemple de l'entérocyte (exemples préconisés : canal ionique, transporteur GLUT, $\text{Na}^+/\text{K}^+/\text{ATPase}$, symport $\text{Na}^+/\text{glucose}$ de type SGLT, aquaporine). L'existence de protéines membranaires chez une cellule bactérienne est mentionnée. Pour les cellules végétales, on s'appuie sur l'étude des échanges transmembranaires impliqués dans l'absorption racinaire. Le potentiel de membrane est étudié à partir d'une cellule non excitable, les cellules excitables sont abordées en BCSPT2. On ne détaille pas la diversité des protéines associées aux mécanismes d'endo et d'exocytose.	

SVF1 – L'organisation des génomes

Savoirs visés	Capacités exigibles
L'ensemble des molécules d'ADN contenues dans une cellule et l'information qu'elles portent constitue son génome. L'étude des génomes passe par une panoplie de techniques dites de biologie moléculaire. Des techniques de séquençage permettent de déterminer la séquence d'un fragment d'ADN puis de proche en proche la séquence des génomes. L'utilisation d'outils bioinformatiques permet d'identifier les différents types de séquences codantes et non codantes.	- Réaliser et analyser les résultats d'une électrophorèse d'ADN. - Interpréter l'organisation des génomes à partir des résultats de séquençage. - Exploiter les données de séquençage pour réaliser des alignements de séquences et comparer les séquences.
Précisions et limites : Les principes généraux et les objectifs des différentes techniques évoquées sont à connaître mais les protocoles ne sont pas à mémoriser. Pour le séquençage, seul le principe de la méthode de Sanger doit être connu. La mise en œuvre pratique n'est exigible que pour l'électrophorèse. La maîtrise d'un logiciel d'alignement de séquences n'est pas exigible.	
Chez les bactéries, le génome à localisation cytoplasmique est constitué d'un chromosome circulaire et éventuellement de plasmides. Le génome des bactéries est constitué presque exclusivement de régions codantes. Certaines sont associées à des régions régulatrices communes ce qui forme des opérons. Chez les Eucaryotes, on distingue le génome nucléaire et le génome des organites. Le génome nucléaire est constitué de chromosomes linéaires. L'ADN nucléaire des Eucaryotes est associé à des protéines dont des histones, constituant la chromatine. Il existe différents niveaux de condensation de la chromatine. Le génome nucléaire des Eucaryotes comporte une part importante de séquences non codantes aux rôles divers. La majorité de ces séquences est répétée. Les gènes eucaryotes sont généralement morcelés. Les virus ou particules virales sont des entités nucléoprotéiques comprenant un acide nucléique (sous forme d'ADN ou d'ARN) constituant le génome viral, et des protéines. On distingue des protéines à rôle structural, formant la capsid, et parfois des protéines à rôle enzymatique. Les virus sont très divers et possèdent parfois une enveloppe lipoprotéique.	- Comparer l'organisation du génome des bactéries, des Eucaryotes et des virus. - Comparer le génome cytoplasmique eucaryote et celui des bactéries. - Estimer la proportion de séquences codantes et non codantes dans les génomes des Eucaryotes, des bactéries et des virus. - Illustrer la diversité structurale et la diversité d'hôte des virus.
Précisions et limites : On se limite à mentionner la présence de protéines structurales associées à l'ADN chez les bactéries, sans détailler l'organisation moléculaire du chromosome bactérien. On se limite à la présentation de la structure de l'opéron lactose chez <i>E. coli</i>. Aucune monographie de chaque virus n'est attendue. Il s'agit de montrer la diversité structurale (organisation structurale, taille, présence ou non d'une enveloppe, nature de l'information génétique) et la diversité d'hôte à l'aide de trois exemples, sans rentrer dans les détails des cycles de multiplication : bactériophage lambda, VMT, un coronavirus zoonotique. La connaissance des génomes est remobilisée dans l'étude de l'évolution.	

+ TP à revoir en parallèle