

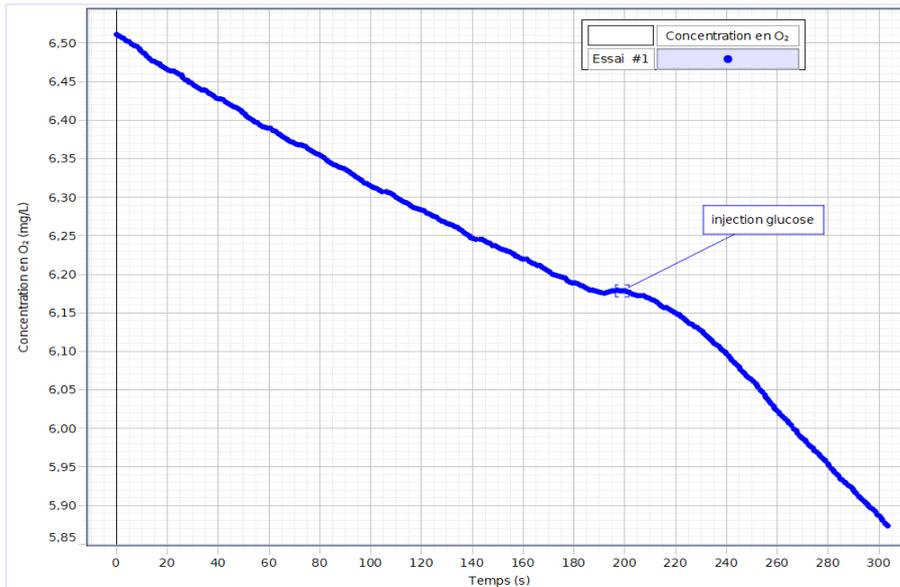
TP7: Etude de la théorie de l'endosymbiose

Stratégie:

On va chercher à montrer que les mitochondries sont indispensables pour la respiration des cellules et quelle bactérie est à l'origine des mitochondries. Pour cela on va réaliser une expérience avec EXAO où l'on va mettre des levures. On va observer la concentration en dioxygène. On s'attend à ce que les levures normales ont une diminution en O₂ alors que les levures Rho- ne sont pas censés diminuer en concentration de O₂.

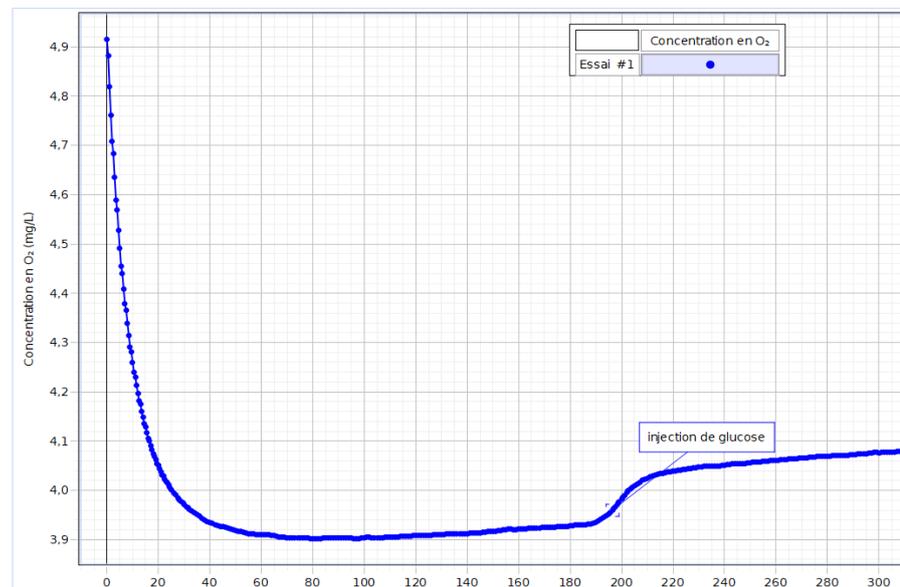
On va traiter les séquences des mitochondries et des différentes séquences de groupe de bactéries.

Compte rendu :



graphique de la concentration en O₂ des levures normales en fonction du temps

Titre : graphique de la concentration en O₂ des levures normales en fonction du temps



graphique concentration en O₂ des levures rho- en fonction du temps

On voit que la concentration en O₂ diminue au cours du temps. On sait que lors de la respiration cellulaire, la concentration en O₂ doit diminuer et lorsqu'on injecte du glucose, elle doit diminuer encore plus.

On peut en déduire que la levure normale possède bien un métabolisme de respiration cellulaire.

Titre: graphique de la concentration en O₂ des levures rho- en fonction du

En comparaison: Le graphique des levures mutées RHO- qui ont un cytochrome oxydase non fonctionnelle montre qu'il n'y a pas de respiration cellulaire car la concentration en O₂ ne diminue pas au cours du temps et même lorsqu'on injecte du glucose.

Or , on sait que les cytochrome oxydases sont impliqués dans le métabolisme respiratoire et qu'ils font partis de l'expression des gènes mitochondriaux. Or , on peut conclure que c'est bien les mitochondries qui sont nécessaire à la respiration cellulaire .

Nous allons traiter les séquences peptidiques :

Titre : Tableau de comparaison de la ressemblance des séquences des bactéries par rapport aux mitochondries (chez l'homme) en%.

en % identités noms complets

Matrice d'identité :
(pourcentage d'identités)

Pourcentage de ressemblance supérieur à 20 %

	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)
<i>Homme (mitochondrie) (1)</i>	100	18,86	15,12	57,75	48,54	14,29	10,16
<i>Desulfovibrio (deltaprotéobactérie) (2)</i>	18,86	100	12,9	20,11	14,33	11,33	6,57
<i>Escherichia (gammaprotéobactérie) (3)</i>	15,12	12,9	100	16,74	11,23	15,04	16,92
<i>Rickettsia (alphaprotéobactérie) (4)</i>	57,75	20,11	16,74	100	42,28	13,86	9,38
<i>Paracoccus (alphaprotéobactérie) (5)</i>	48,54	14,33	11,23	42,28	100	12,02	6,22
<i>Lactobacillus firmicutes (bacille) (6)</i>	14,29	11,33	15,04	13,86	12,02	100	13,7
<i>Archaeoglobus (archéobactérie) (7)</i>	10,16	6,57	16,92	9,38	6,22	13,7	100

En étudiant le tableau de comparaison des séquences , on peut voir que les alphaprotéobactéries ont un pourcentage de ressemblance avec les mitochondries humaines de 57, 75% et de 48,54% .

On sait que lorsque le pourcentage de ressemblance est supérieur à 20% , cela veut dire que les 2 séquences ont un lien de parenté .

En conclusion, le groupe de bactéries qui est à l'origine des mitochondries est très probablement celui des alphaprotéobactéries .