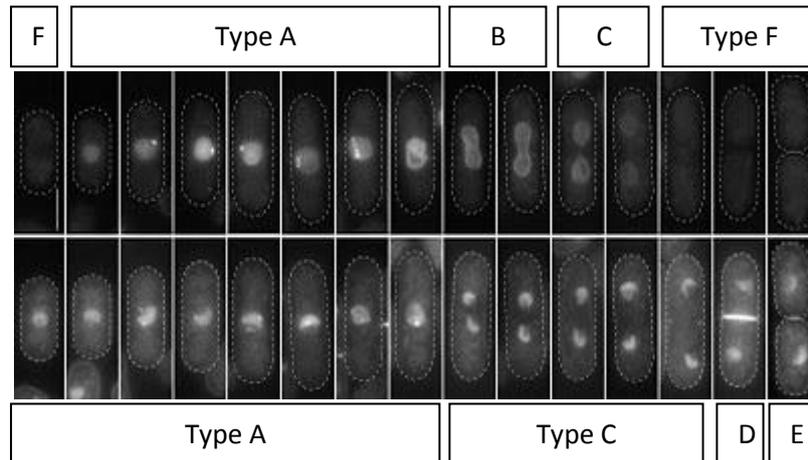


Exercice 1

Dans un laboratoire, une équipe travaille sur le cycle cellulaire de différentes souches de levures. Des expériences de phénotypage (=caractérisation du phénotype) sont réalisées sur certaines souches. Des mutations ont été réalisées sur certaines souches afin d'étudier leurs impacts sur le cycle cellulaire. Deux clichés par culture sont réalisés au microscope 48h après mise en culture, afin de dénombrer le nombre de cellules par mm^2 ainsi que le stade cellulaire. Des exemples de ces différents stades sont donnés dans la figure ci-dessous.



Pour chaque cliché, une analyse d'image est effectuée afin d'identifier les cellules puis leur(s) noyau(x). Suite à cette analyse, un phénotype est attribué à chaque cellule :

- Type A : un seul noyau, ADN condensé
- Type B : un noyau, ADN en cours de réplication
- Type C : 2 noyaux, ADN dupliqué
- Type D : 2 noyaux et formation du septum de division
- Type E : cellules filles encore reliées
- Type F : Autre

1. Qu'est-ce qu'un logiciel de traitement d'image ?
2. Les clichés ci-dessus sont-ils des images vectorielles ou matricielles ? Justifiez en expliquant notamment la différence entre ces deux types d'image.
3. Sur un cliché, quelle étape est nécessaire afin d'obtenir des mesures en mm^2 (au lieu de pixels) avec un logiciel de traitement d'image ?
4. Les images sont codées en 8 bits. S'agit-il de la résolution tonale ou spatiale ? Expliquez la différence. Jusqu'à combien de couleurs/niveaux de gris peut-on obtenir avec une telle résolution ?
5. Quelle(s) étape(s) de l'analyse d'image permet(tent) de dénombrer le nombre de cellules (nombre d'objets d'intérêt et leur surface) ?

L'équipe souhaite stocker dans une base de données le maximum d'informations sur ces expériences : notamment sur les souches, les cultures, les fichiers et leur analyse.

6. Recensez les différentes entités ainsi que les valeurs associées afin de proposer un schéma entités-associations (sans oublier les cardinalités des associations) le plus complet possible.
7. Proposez maintenant le schéma de base de données : les tables et leurs colonnes (et le type des colonnes) ainsi que les clés primaires et étrangères.

Exercice 2

Vous disposez de la base de données suivante portant sur des organismes, leur(s) chromosome(s) et leurs gènes.

Organisme (id_organisme, genre, espece, souche)

Chromosome (id_chromosome, nom, id_organisme, taille, est_circulaire)

Gene (id_gene, id_chromosome, debut, fin, nom, description)

La taille d'un chromosome est en nombre de paires de bases. *debut* et *fin* sont les coordonnées en paires de bases du début et de la fin du gène sur un chromosome. Le champ *id_organisme* de la table *Chromosome* fait référence au champ du même nom dans la table *Organisme*. De même, le champ *id_chromosome* de la table *Gene* référence le champ du même nom dans la table *Chromosome*. Le nom d'un chromosome dépend de l'espèce considérée (par exemple 1, 2, 3 ou I, II, III). Les champs commençant par *id_* sont des identifiants uniques (clés primaires) pour chacune des tables. Par exemple *id_chromosome* est un identifiant unique dans la table et permet de référencer un chromosome d'une espèce (ex : EcolA01 pour le chromosome d'*Escherichia coli K12* ; K12 étant l'identifiant de la souche la plus commune dans les laboratoires).

Donnez les requêtes SQL permettant d'obtenir les informations suivantes :

8. Tous les genres et espèces de tous les organismes
9. La même que la précédente mais avec les résultats triés par ordre puis par espèce
10. Tous les organismes du genre *Escherichia*
11. Tous les organismes des genres *Escherichia* et *Shigella*
12. Tous les chromosomes de la bactérie *Burkholderia cepacia* AMDD
13. Tous les gènes correspondant à l'*id_organisme* EcolA
14. Le nombre d'organismes dans la base de données
15. La taille du plus petit chromosome, du plus grand, ainsi que la taille moyenne d'un chromosome
16. Le nombre de gènes moyen, minimum et maximum par chromosome
17. Les organismes ayant au moins 2 chromosomes