**Université Mohamed Khider -Biskra-**

**Faculté des Sciences Exactes et des SNV**

**Département des SNV**

**TD n° 1**

**Exercice 1:**

Soit le nucléotide suivant :



1. La base azotée constitutive de cette molécule, est-elle de nature purique ou pyrimidine ? Nommer cette base et les liaisons L1, L2 et L3 ?
2. Quelles sont les groupements de la base capable d’établir des liaisons hydrogène ? Illustrer à l’aide d’un schéma ?
3. Est-il possible de synthétiser un poly-nucléotide poly (D) artificiel à l’aide d’une polymérase ? Justifier la réponse ?

**Exercice 2:**

Le séquençage du génome de *Bacillus subtilis* a été achevé en 1997. Il a une taille de 4214814pb et contient 4225 gènes, dont 4107 coderaient pour des protéines. Le (G + C) % = 60 %.

1. Quelle est l’intérêt de déterminer le (G + C) % ?
2. Déterminer le pourcentage de chacune des bases constitutives de cet ADN ?
3. Estimer la masse molaire moléculaire de cet ADN. Sachant que la masse molaire moléculaire moyenne d’un résidu nucléotidique est de 330 g/mol.
4. Quelle est la longueur d’une telle molécule, sachant qu’un ADN de type B.

**Exercice 3:**

Soit la séquence d'ADN bactérienne suivante:

5'- ATTTACGGGCCTTAATGGCATAACCGCCTAATGGTTAACCGCTAGCGCG - 3'

1. Donner la séquence de l'ADN double brin correspondant.
2. A quelle condition cet ADN double brin serait transcrit *in vivo* ?
3. Donner la séquence du transcrit éventuelle ?
4. Donner le polypeptide éventuel ?

**Exercice 4:**

Soit la séquence suivante :

**T TGACA**GTGTTGGAGGGCTGGGGTC**TATAAT**CCCGATC**ATG**ACGAGGCCGCGATT

1- Définir les motifs soulignés au niveau de la séquence.

2- Donner la séquence du fragment complémentaire

3- Donner le sens de la transcription éventuelle. Définir le brin sens et le brin anti-sens.

**Exercice 5:**

Ci-joint une représentation schématique d`un gène qui code une protéine X :



Exon 1 = 426 pb, Exon 2 = 300 pb, Exon 3 = 110 pb, Intron 1 = 58 pb, Intron 2 = 670 pb

1. Définir les parties a et b du gène et positionner le codon d`initiation de la transcription et le codon stop ?
2. Si la taille du promoteur est de 198 pb, quelle est, sans compter d’autres séquences régulatrices éventuelles, la taille du gène ?
3. Sans compter la coiffe et la queue poly (A), quelle sera la tille du transcrit primaire, de l’ARNm en cas de l’épissage constitutif, de l’ARNm en cas de l’épissage alternatif laissant les exons 1 et 3 ?
4. Représenter schématiquement les ARN décrits en question 3 ?
5. Quelle est la séquence d’acides aminés correspond aux séquences des extrémités suivantes :

5’……ATGGCACCGGACTGG…………………TGGCCGACCAACTGA……3’