Université Mohamed Khider-Biskra
Faculté des Sciences Exactes et des Sciences de la Nature et de la Vie
Département des Sciences de la Nature et de la Vie

Module- Génétique
Série 02: Expression des gènes (Transcription & Traduction)

Exercice 01 : Recopiez le schéma et complétez-le en utilisant le tableau du code génétique

A . . A A . C . . G . .
. A G . . . . . . double hélice d'ADN

. . . . . U . C . . . . ARNm

. . . . . A . . . 3' anticodon

. . . . . MET acides aminés

Exercice 02: Soit la séquence d'ADN suivante :

3'ACC.GAC.TAT.ATA.TAT.CCG.CAC.TAC.TTC.GAC.ACT5'

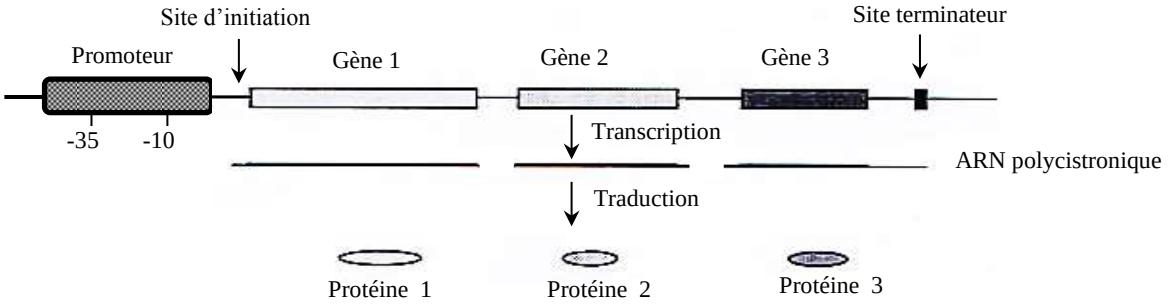
1. Donner la séquence de l'autre brin d'ADN.
2. Quel est le brin utilisé pour faire la transcription de l'ADN ?
3. Que représente la séquence : TAT.ATA.TAT ?
4. Qu'elle est l'enzyme utilisée pour la synthèse d'ARNm?

Exercice 03: Soit une protéine sanguine constituée de 600 acides aminés.

1. Quel est au minimum le nombre de paires de nucléotides contenues dans le gène de structure codant cette protéine ?

2. Pourquoi le nombre de nucléotides pourrait être plus élevé que celui que vous venez de donner ?

Exercice 04 : Une partie d'ADN génomique d'un organisme vivant est présentée ci-dessous:



1. Ce génome est-il d'origine eucaryote ou procaryote ? Justifiez
2. Que représente -10 et -35 dans le promoteur ?
3. Où se positionne l'ARN polymérase sur l'ADN ?

Dr. DENDOUGA Wassila

Corrigé type

Exercice 01 :

3’ ATCAATCCTGTA 5’

5’ TAGTTAGGACAT 3’ ADN matrice

3’ AUCAAUCCUGUA 5’ ARNm

5’ UAGUUAGGACAU 3’

Stp – Ser - Met - NH_2

Exercice 02:

1. La séquence du brin complémentaire du brin d'ADN donné :

5'TGG.CTG.ATA.TAT.ATA.GGC.GTG.ATG.AAG.CTG.TGA3'

2. Le brin utilisé pour faire la transcription de l'ADN c’est : le brin 3' vers 5’, puisque c’est le brin **anti-sens** (transcrit = matrice =anti-codant), on considérant le brin 5' vers 3’ (5’ à gauche) par convention le brin sens.

3. La séquence TAT.ATA.TAT ou la boite TATA ou autrement TATA box est une séquence située dans le promoteur, considérée comme un lieu de reconnaissance à l'ARN polymérase chez les eucaryotes.

La boîte TATA (TATA box ou Goldberg-Hogness box) est une séquence d'ADN présente au niveau de la séquence promotrice des eucaryotes. Cette séquence d'ADN se situe à environ 25 nucléotides en amont du premier nucléotide transcrit (+1).

```
5'-XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXPPPPXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGG-3'
                          -30                                    gène d'intérêt
                        TATA box
```

4. L'enzyme utilisée pour la synthèse d’ARNm : c’est l’ARN polymérase **II**

Exercice 03 :

1. Le nombre minimum de nucléotides que pourrait contenir ce gène est de : 3 × 600= 1800 nucléotides (chaque codon= 3 nucléotides et chaque acide aminé est présenté par un codon).

2. Le nombre de nucléotides peut être supérieur à 1800 dans les cas suivants :

- La présence d’introns éliminés après la transcription et au cours de la maturation d’ARNm (la maturation une étape qui existe chez les eucaryotes =protéine sanguine).
- Des modifications post-traductionnelles (comme la suppression de la Met initiale).
- Dans le cas où le gène en question code pour un précurseur de cette protéine (le précurseur étant ultérieurement modifié par clivage).

Exercice 04 :

1. Ce gène est d'origine procaryote :

Justification (si vous voulez à citer et sans écrire aux étudiants sur le tableau)

- *La présence des séquences -10 et -35 dans le promoteur, qui sont caractéristiques des procaryotes. Ces séquences jouent un rôle similaire que les séquences TATA (-25) des eucaryotes.*
- *Dans la structure donnée, on observe un groupe de gène en aval d'un seul promoteur « structure opéron » spécifique pour les procaryotes (existe chez certains eucaryotes-helminthe)*
- *La transcription de ce groupe de gène en ARNm polycistronique qui est également caractéristique des procaryotes (chez les eucaryotes, existe que les messages monocistroniques, un ARNm spécifié une protéine).*

2. Les séquences -10 et -35 : jouent un rôle similaire que les séquences TATA box (-25) des eucaryotes. Ce sont des séquences de reconnaissances pour l'ARN polymérase dans le promoteur.

```
   <-- amont                                                    aval -->
5'-XXXXXXXPPPPPXXXXXXPPPPPPXXXXGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGGXXXX-3'
           -35       -10       +1           gène d'intérêt
          TTGACA     TATAAT
```

3. L'ARN polymérase se positionne sur le promoteur.