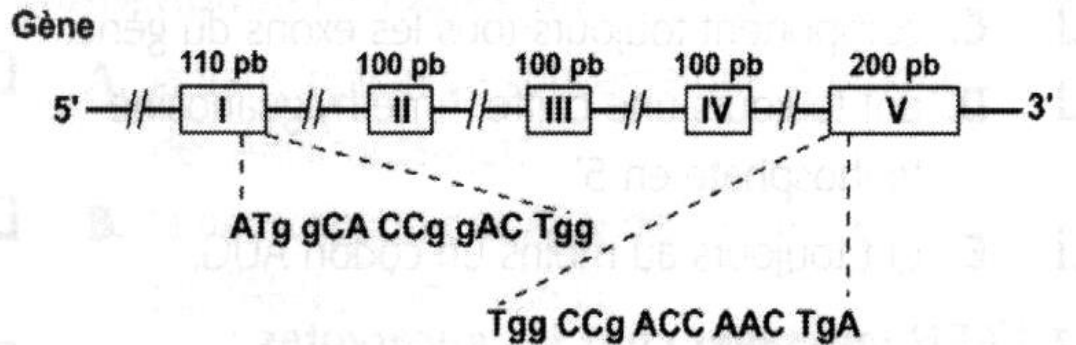


Examen final : Biologie moléculaire

Exercice 01:

Ci-dessous est représenté un gène de ménage (dont l'expression est, par définition, ubiquitaire) qui code une enzyme humaine E.



- 1) Combien ce gène comporte-t-il d'introns ?
- 2) Si la taille de chaque intron est de 10 kpb, et celle du promoteur de 100 pb, quelle est, sans compter d'autres séquences régulatrices éventuelles, la taille du gène ?
- 3) Si tous les exons du gène de l'enzyme humaine E, sont conservés au cours de l'épissage, qu'elle sera, sans compter la coiffe et la queue poly (A) :
 - La taille du transcrit primaire ?
 - La taille de l'ARN messenger ?
- 4) En adoptant la même représentation que celle du gène de l'enzyme humaine, représentez la structure du transcrit primaire, celle de l'ARNm et Celle d'un ARNm qui résulterait d'un épissage alternatif de votre choix. Pour chacune des trois molécules, positionnez y a lieu, la coiffe et la queue poly (A), en abrégé.
- 5) Quel est le nom de la molécule complète qui constitue la coiffe ? Quel est le nom de chacune des molécules simples qui composent la coiffe ? Citez deux fonctions de la coiffe.
- 6) Quel est le nombre d'acides aminés de l'enzyme E ?
- 7) Compte tenu des éléments dont vous disposez sur le schéma, quelle est la séquence d'acides aminés:
 - En amino-terminal de la protéine ?
 - En carboxy-terminal de la protéine ?

Exercice 02 :

Vous avez isolé un antibiotique, appelé édéine, à partir d'une culture bactérienne. L'édéine inhibe la synthèse protéique, mais n'a d'effets ni sur la synthèse d'ADN, ni sur la synthèse d'ARN.

Quand elle est ajoutée à un lysat de réticulocytes, l'édéine stoppe la synthèse protéique avec un court délai (voir la fig. 01), alors que la cycloheximide stoppe la synthèse protéique immédiatement.

L'analyse, par centrifugation en gradient de densité de saccharose, du lysat inhibé de l'édéine a montré qu'il ne subsistait pas de polysomes au moment de l'arrêt de la synthèse protéique.

En revanche, tous les ARNm de globine s'étaient accumulés en un pic anormal de 40S, contenant également des quantités équimolaires de la petite sous-unité ribosomique et d'ARNt initiateur (qui porte la méthionine initiale).

1. Quelle étape de la synthèse protéique l'édéine inhibe-t-elle?
2. Pourquoi existe-t-il un délai entre l'addition d'édéine et l'arrêt de la synthèse protéique? Qu'est-ce qui détermine la durée de ce délai ?
3. Attendez-vous une disparition des polysomes si vous ajoutez la cycloheximide en même temps que l'édéine?

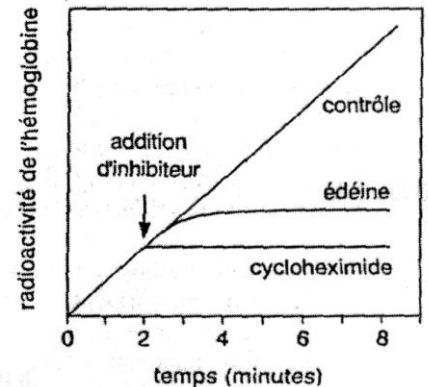


Fig. 01: Effets inhibiteurs sur la synthèse protéique de l'édéine et de la cycloheximide, dans des lysats de réticulocytes.

Exercice 03 :

Voici la séquence d'un gène : ADN (brin non transcrit) : CATGATGCTTTTCTAAGG

- 1) A l'aide du tableau du code génétique de votre cours, déduire la séquence de la protéine codée par ce gène.
- 2) Voici la séquence de ce gène chez certains individus présentant une maladie. ADN (brin non transcrit) : CATGAGGCTTTTCTAAGG.
 - a- Comparer les 2 séquences. Que remarquez-vous ? Indiquer le nom du phénomène.
 - b- Indiquer les conséquences de cette modification.
- 3) Chez certains individus qui ne sont pas malades, on observe cependant une version différente du gène, dont la séquence est : ADN (brin non transcrit) : CATGACGCT TTTCTA AGG.
 - Expliquer pourquoi ces individus ne sont pas malades. Donner le nom du phénomène.

Exercice 04:

- 1) Soit le polypeptide suivant : Cys-Val-His-Glu : Quelles sont les molécules d'ADN, parmi les quatre proposées ci-après qui ont pu aboutir à ce polypeptide après la transcription et la traduction ?

1.	<u>TGCGTCCATGAA</u>	brin sens
	<u>ACGCAGGTACTT</u>	brin antisens ou matrice
2.	<u>TGCGCTCACAAG</u>	brin sens
	<u>ACGCGAGTGITC</u>	brin antisens
3.	<u>TGTGTCCACGAG</u>	brin sens
	<u>ACACAGGTGCTC</u>	brin antisens
4.	<u>TCGGTCCATGAG</u>	brin sens
	<u>AGCCAGGTACTC</u>	brin antisens

2) Combien d'ARNm différents peuvent spécifier la séquence suivante d'acides aminés:
 Met-phe-ser-pro ?

3) A l'aide de la première séquence sauvage de codons, déterminez le type de mutation affectant les séquences de (2) à (5).

- (1) séquence sauvage : **AUGACUCGGAAGUCACUAACGAUUAGGCUUUAC**
 (2) séquence mutée : **AUGACUCCGAAGUCACUAACGAUUAGGCUUUAC**
 (3) séquence mutée : **AUGACUCGGAAGUGACUAACGAUUAGGCUUUAC**
 (4) séquence mutée : **AUGACUCGGACAGUCACUAACGAUUAGGCUUUA**
 (5) séquence mutée : **AUGACUCGGAGUCACUAACGAUUAGGCUUUAC**