

Exercices de révision.

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

1) Donner la séquence de l'autre brin d'ADN.

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

2) Quel est le brin utilisé pour faire la transcription de l'ADN ?

3'-5' AVEC tata BOX

3) Que représente TAT.ATA.TAT ?

TATA Box ou promoteur

4) Pour faire un ARNm, qu'elle est l'enzyme utilisée ?

arn polymérase II

5) Où se positionne l'enzyme sur l'ADN ?

sur le promoteur

6) Faire un schéma de la transcription et donner la séquence d'ARN.

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

5' AUA.UAU.AUA.GGC.GUG.AUG.AAG.CUG.UGA3'

7) Donner les étapes pour passer d'un ARN prémessager à un ARNm.

5' AUA.UAU.AUA.GGC.GUG.AUG.AAG.CUG.UGA3'

élimination du promoteur: 5' GGC.GUG.AUG.AAG.CUG.UGA3'

coiffe+ queue poly A :

coiffe → ● GGC.GUG.AUG.AAG.CUG.UGAAAAAAAAA
queue poly A

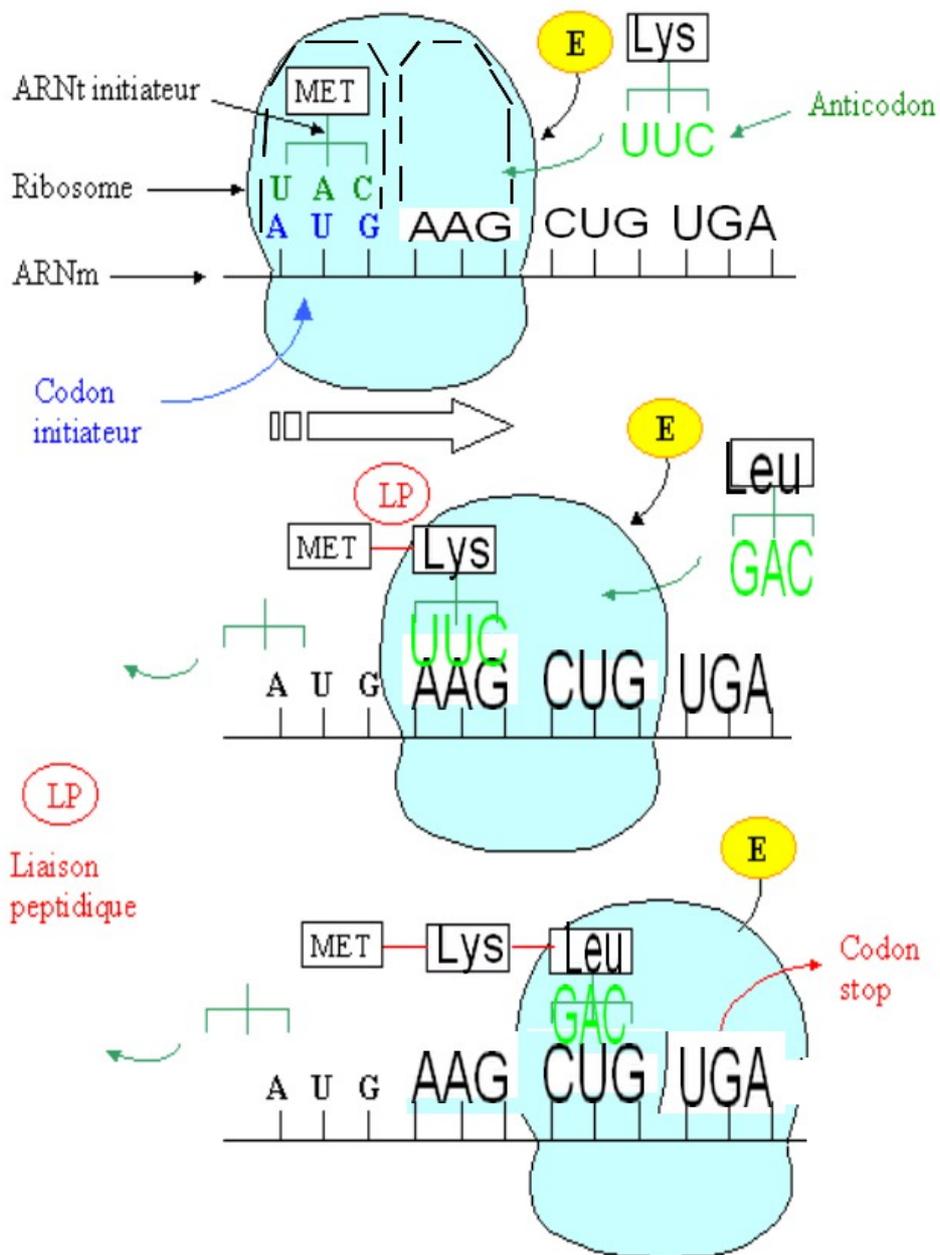
Excision+épissage:

coiffe → ● GGC.GUG.AUG.AAG.CUG.UGAAAAAAAAA
intron exon queue poly A

coiffe → ● AUG.AAG.CUG.UGA.
exon

Attention, vous devez savoir expliquer toutes les étapes.

8) Schématiser toutes les étapes de la traduction, ainsi que la séquence de la protéine. Attention vous devez savoir expliquer ces étapes.



Ensuite la met se sépare et on obtient un dipeptide Lys-Leu.

9) Voici le tableau du code génétique:

le code génétique									
Première lettre (côté 5')	Deuxième lettre								Troisième lettre (côté 3')
	U	C	A	G	U	C	A	G	
U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	U
	UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys	C
	UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop	A
	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp	G
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U
	CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg	C
	CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	A
	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg	G
A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser	C
	AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg	A
	AUG	Met	ACG	Thr	AAG	Lys	AGG	Arg	G
G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U
	GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly	C
	GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly	A
	GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly	G

a) Combien y-a-t-il de codons ?

64

b) Combien y-a-t-il d'acides aminés ?

20

c) Quels sont les codons qui ne codent pas pour des acides aminés ? Pourquoi ?

les codons stop, car il n'y a pas d'ARNt

10) les mutations:

MUTATIONS PONCTUELLES (Ne modifient qu'un nucléotide de la séquence d'ADN)	A) Mutations par substitution	
	1) les mutations <u>faux-sens</u>	le changement d'un nucléotide par un autre qui peut avoir ou non des conséquences sur la protéine produite par le gène. → modification de nucléotide codant → modification d'affinité pour un facteur de transcription dans la zone promotrice de l'ADN. On parle de mutation de transition quand on change un A en G, (G en A) ou un T en C (C en T) On parle d'une mutation de transversion quand on change un A ou G en T, C
	2) les mutations <u>non-sens</u>	Le changement d'un nucléotide provoque l'arrivée d'un codon stop. Cela entraîne la production d'une protéine tronquée (plus courte).
	3) les mutations <u>silencieuses</u>	qui ne modifient pas la séquence d'une protéine, → car dans le <u>code génétique</u> plusieurs codons peuvent donner le même acide aminé → car la mutation se fait dans l' <u>intron</u> . → Une <u>mutation synonyme</u> désigne une mutation silencieuse qui touche un exon, sans changer la séquence de la protéine.
	B) Insertions et délétions	
	1) les mutations <u>décalantes</u>	Une addition ou une suppression de nucléotides non multiple de 3 provoquera un changement de cadre de lecture. Au moment de la <u>traduction</u> , cela générera le plus souvent une protéine tronquée par l'apparition d'un <u>codon-stop</u> prématuré.

Donner le nom et la conséquence de la mutation.

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

a) Changement du 9^{ième} nucléotide: T en C.

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

mutation Faux sens, de transition(T →C) au niveau du promoteur, donc modification affinité de ARNpolymeraseII et promoteur.

b) Changement du 25^{ième} nucléotide:T en A.

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

Mutation transversion(T →A), Protéine:AUG.UAG.CUG.UGA →Met.Stop

Donc mutation non sens, la protéine est plus courte ici pas de protéine car Met s'en va et il ne reste que codon stop qui ne donne pas d'acide aminé.

c) Changement du 30^{ième} nucléotide:C en A.

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

Mutation de transversion,Protéine:AUG.AAG.CUU.UGA→Met.Lys.Leu.Stop

Même protéine qu'au départ, mutation silencieuse synonyme.

d) Entre le 31^{ième} nucléotide et le 32^{ième} nucléotide, on insère un T.

3'ACC.GAC.TAT.ATA.TAT.CCG.CAC.TAC.TTC.GAC.ATCT5'

Mutation d'insertion, décalante car si on reforme les codons il reste un nucléotide seul→AUG.AAG.CUG.UAG.A→Met.Lys.Leu.Stop, même protéine mais cadre de lecture décalé(la lecture des codons est décalée).

Vous devez connaître le tableau des mutations, mais pas celui du code génétique qui vous sera donné à l'examen.