

100 items sur le noyau, la génétique et l'épigénétique.

N°	Item	Vrai	Faux
1	Le génome correspond à l'ensemble de l'ADN et aux protéines associées.		-
2	Seulement 10% du génome est activé dans une cellule	-	
3	Les cellules procaryotes transmettent la mémoire épigénétique		-
4	L'ARN polymérase 2 transcrit l'ADN en ARNt		-
5	Les facteurs de transcriptions sont associés à l'ARN polymérase 2, pour former le complexe d'initiation		-
6	L'ARN polymérase 2 est formée de 12 polypeptides	-	
7	Il y a 23 facteurs généraux de transcription	-	
8	Le complexe d'initiation se fixe sur la boîte TATA, cette fixation est stable.		-
9	Les éléments de réponse sont des protéines stabilisant la fixation du complexe d'initiation sur la boîte TATA		-
10	Les éléments de réponse sont en aval du promoteur		-
11	La longueur totale du génome dans une cellule est d'environ 2 mètres	-	
12	La compaction de l'ADN est un phénomène spontané		-
13	Le nucléosome représente le premier niveau de compaction de l'ADN	-	
14	Deux gènes éloignés de 80 pnb dans l'ADN peuvent être juste à côté une fois l'ADN enroulé autour du nucléosome.	-	
15	Le nucléosome favorise la transcription		-
16	Le nucléosome est un élément régulateur de la transcription	-	
17	Les histones sont des protéines	-	
18	Le nucléosome est constitué de 4 paires d'histones (H1, H2, H3 et H4)		-
19	Les histones sont chargées négativement en condition physiologique		-
20	L'ADN est chargé négativement en condition physiologique	-	
21	Une histone fait 11nm de diamètre		-
22	Les archaées ont des histones	-	
23	Les bactéries ont des histones		-
24	La nucléase micrococcale est utile pour étudier les nucléosomes, car elle clive l'ADN internucléosomale	-	
25	Un nucléosome est constitué de 4 histones (H2a, H2b, H3 et H4)		-
26	Lors de l'apoptose, la cellule clive l'ADN internucléosomale	-	
27	Une augmentation en sel peut permettre de séparer les histones composant un nucléosome.	-	
28	Tous les nucléosomes sont identiques dans une même cellule		-
29	On trouve dans le génome un gène codant pour H2a		-
30	On retrouve les variants CenpA au niveau des télomères		-
31	La tête des histones est formée de feuillet β .		-
32	Le N-term des histones se trouve au niveau de la queue	-	
33	L'acétylation des histones fait disparaître leur charge négative et permet ainsi la libération de l'ADN.		-
34	Au niveau des histones, on acétyle principalement des glycines.		-
35	On peut méthyler des lysines et ou des Arginines au niveau de la queue des histones.	-	
36	La méthylation des histones inhibe la transcription de l'ADN.		-
37	L'immunoprécipitation permet d'étudier le code histone.	-	

38	Le formaldéhyde permet de figer la structure de la chromatine de manière irréversible		-
39	La méthylation en K9 de l'histone H3 inhibe la transcription.	-	
40	La méthylation en K4 de l'histone H3 inhibe la transcription.		-
41	L'histone acétyl transférase est un coactivateur tandis que l'histone désacétylase est un corépresseur.	-	
42	On appelle particule cœur l'ensemble nucléosome + ADN nucléosomale.	-	
43	L'ADN de liaison (entre chaque particule cœur) fait environ 200pb.	-	
44	L'histone H1 permet la condensation de la fibre de 11nm en fibre de 30nm.	-	
45	SWI/SNF sont des facteurs de remodelage augmentant l'accessibilité des nucléosomes, en modifiant leurs positions.		-
46	Le complexe NURD permet une activation de l'ADN.		-
47	L'organisation « en superstructure » de l'ADN, désigne l'organisation en boucles et domaines de l'ADN	-	
48	La DNASE 1 ne peut cliver l'ADN associée aux histones.		-
49	Les gènes réprimés sont insensibles à la DNASE 1	-	
50	Il existe des régions hypersensibles à la DNASE 1 au sein des régions sensibles.	-	
51	Ces régions hypersensibles correspondent aux zones de fixation des facteurs de régulation.	-	
52	Il existe cependant des zones insensibles au sein des régions hypersensibles.	-	
53	Il n'existe que 2 états de l'ADN, fermée (inactive) ou ouverte (active)		-
54	Chaque région sensible à la DNASE 1 correspond à un gène actif.		-
55	On trouve des gènes compétents chez les cellules indifférenciées.	-	
56	Les gènes compétents ne présente pas de régions sensibles à la DNASE 1.		-
57	L'ADN s'organise en boucle autour des nucléosomes.		-
58	Matrice nucléaire = Scaffold = Nucléosquelette	-	
59	La matrice nucléaire est composée d'ARN, d'actine, de lamines, de protéines NuMa et de microtubules.		-
60	La protéine NuMa présente une partie linéaire torsadée et deux extrémités globulaires, on la retrouve dans tous les noyaux cellulaires.	-	
61	Les insulateurs sont ancrés dans la matrice nucléaires.	-	
62	Hétérochromatine = Chromatine Hypercondensée.		-
63	On retrouve de l'hétérochromatine en périphérie nucléaire et autour du nucléole.	-	
64	L'hétérochromatine a un effet de répression sur l'ADN.	-	
65	Un gène Su(Var) est un gène codant pour une protéine responsable de la suppression de la variegation, tel que l'histone acétyl transférase.		-
66	Le nucléole est un organe nucléaire		-
67	Le nucléole se divise pendant la mitose.		-
68	Les granules interchromatinienne sont un lieu de transcription.		-
69	Les granules interchromatinienne sont un lieu de stockage des facteurs d'épissage.	-	
70	On ne retrouve les corps de Cajal que dans les espaces interchromatinien.		-
71	On peut localiser les corps de Cajal par immunofluorescence grâce à la protéine P80	-	
72	Les corps de Cajal permet l'assemblage des spliceosome et l'activation d'enzymes de stabilisation du génome telle que la télomérase.	-	

73	La théorie de l'homonculus paré aujourd'hui plus vraisemblable que la théorie épigénétique.		-
74	L'épigénétique se définit comme un ensemble des modifications non héréditaires n'impliquant pas de modification dans la séquence ADN.		-
75	L'ADN est méthyle au niveau des îlots CpG		-
76	La méthylation de l'ADN a tendance à la réprimer.	-	
77	Dans 98% du génome, les cytosines ont été sous-méthylées.		-
78	Dans 98% du génome, on ne retrouve pas autant de cytosine que ce à quoi on s'attendrait.	-	
79	Dans les 2% du génome restant, on retrouve plus de cytosine que ce à quoi on s'attendrait.		-
80	Dans les îlots CpG, les cytosines sont hyperméthylées.		-
81	Après la fécondation, on a une déméthylation massive du génome, elle entraîne la déméthylation totale du génome.		-
82	La méthylation du génome n'est pas la même chez les gamètes mâles et femelles.	-	
83	La méthylation de novo se fait par les mêmes enzymes que la méthylation de maintenance.		-
84	Les cellules à l'origine des gamètes vont subir une déméthylation totale.	-	
85	L'empreinte parentale ne disparaît pas suite à la déméthylation massive dans les cellules somatiques.	-	
86	Les homéogènes sont des gènes déterminant les segments de l'embryon.	-	
87	Il faut des gènes soumis à l'empreinte maternelle et paternelle pour avoir un embryon viable.	-	
88	Tant qu'une mutation ne modifie pas la séquence d'acide aminé de la protéine, elle ne peut pas être pathologique.		-
89	Une mutation « perte de fonction », correspond toujours à une mutation récessive.		-
90	On dit qu'en générale une mutation dominante correspond à une mutation gain de fonction car la protéine engendrée va avoir une action néfaste sur la cellule.	-	
91	La plupart des mutations correspondent à des mutations dominantes		-
92	Un des phénomènes à l'origine de cancer est le remaniement de la méthylation de l'ADN.	-	
93	Les enhanceurs sont des protéines favorisant la transcription.		-
94	Les domaines d'activation et de fixation des facteurs de transcription ne sont pas interchangeables.		-
95	Les facteurs de transcription se fixant aux enhanceurs sont différents de ceux se fixant aux éléments de réponse.		-
96	Les enhanceurs sont placés en amont du gène qu'ils régulent.		-
97	Les éléments de réponse sont placés en amont du gène qu'ils régulent.	-	
98	Un embryon parthénogénote sera sous-développé par rapport aux annexes.	-	
99	Les ribosomes sont des organites formés d'ARN et de protéines		-
100	Les enhanceurs agissent toujours sur des gènes du chromosome où ils sont eux-mêmes placés.		-