

## **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 chargés 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 $\beta$ .		
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 splicéosome 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 méthylé au niveau des îlots CpG		
76	La méthylation de l'ADN a tendance à la réprimer.		
77	Dans 98% du génome, les cytosines sont 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 transcriptions 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.		

