

Questions Biologie Moléculaire :

[Module 1]

À propos de la réplication de l'ADN :

Lors de la réplication, est-ce que les amorces se fixent bien dans le sens inverse du brin matrice ?

Comme dans la double hélice, lorsque deux brins d'ADN ou d'ARN s'apparient, l'extrémité 5' d'un brin correspond à l'extrémité 3' de l'autre.

À propos de la réplication de l'ADN :

La lecture du brin parent se fait-elle bien dans le sens 3'-5' lorsque l'ADN Polymérase Delta/Epsilon synthétise le brin fils dans le sens 5'-3' ? Et par convention, on lira tout de même toujours les brins dans le sens 5'-3' lorsqu'on les étudie ?

Oui la polymérase ne peut synthétiser les brins fils que dans le sens 5'-3' en se déplaçant sur le brin parent dans le sens inverse, et la lecture d'une séquence se fait toujours dans le sens 5'-3'.

[Module 2]

À propos des substitutions nucléotidiques au sein des codons :

Pouvez-vous confirmer que celles touchant les nucléotides un et deux présentent un danger, mais que ce n'est pas le cas pour le troisième nucléotide ? Et que cela est dû au fait que le troisième nucléotide est variable au sein des codons donnant un même acide aminé. Tandis que les deux nucléotides sont toujours similaires entre les codons donnant le même acide aminé.

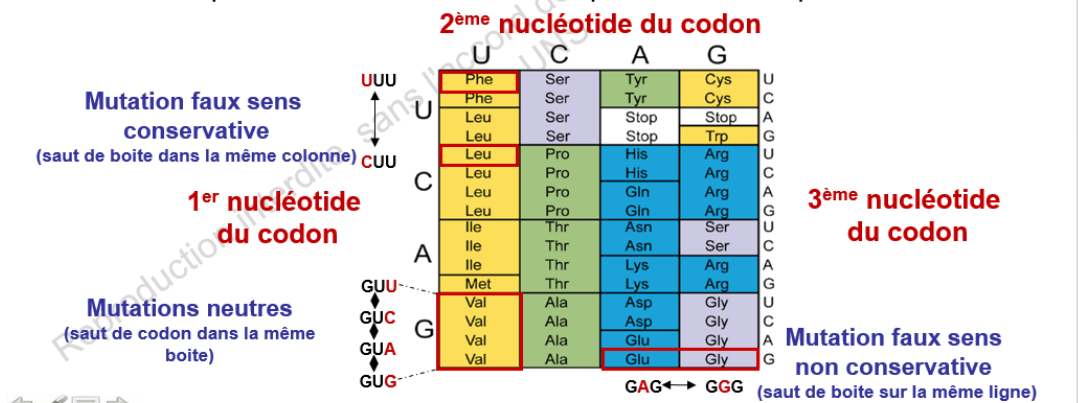
Vous avez raison, le plus souvent c'est le cas mais ce n'est pas systématique comme vous pouvez le voir sur cette ancienne diapo du cours. Les mutations du 3^{ème} nucléotide induisent des sauts de codons dans la même boîte, dont certains changent l'acide aminé (ex : Boîte Cys/Stop/Trp en haut à droite). Je ne suis pas rentré dans ces détails cette année

• L'organisation du code minimise l'effet des mutations

– L'importance d'un nucléotide varie selon sa position dans le codon

- Une mutation du 3^{ème} nt est souvent neutre, sans conséquence sur la protéine
- Une mutation du 1^{er} nt induit le plus souvent un faux sens conservatif
- Une mutation du 2nd nt induit le plus souvent un faux sens non conservatif

dont les conséquences sur la fonction de la protéine seront plus sévères



À propos de la régulation de l'opéron lactose :

Dans un item portant sur l'opéron lactose, avec une correction rédigée par vos soins, vous écrivez ceci : "Lac I est en permanence sous forme d'homotétramère mais il est soit lié à l'ADN (absence de lactose) ou non lié à l'ADN (présence de lactose)".

Mais nous voyons dans le cours que Lac I passe sous forme de monomère en présence de lactose, ce qui permet la libération du promoteur. Serait-il possible d'avoir une explication sur ce point ?

Si vous reprenez le cours, il est dit que le lactose induit un changement de conformation de l'homotétramère mais pas sa dissociation sous forme de monomère

• **L'activité répressive de la protéine LacI est régulée par le lactose**

– Elle également un possède un domaine de liaison du lactose

➤ La fixation du lactose sur la protéine LacI modifie sa conformation et empêche sa liaison à l'ADN, ce qui libère le promoteur et autorise la transcription de l'opéron

The diagram illustrates the regulation of the lac operon. On the left, a single LacI monomer is shown. Next to it is the homotetrameric form of LacI. In the center, the homotetramer is bound to the operator O1, which blocks the promoter region of the DNA. This state is labeled 'Répression de l'opéron'. On the right, the homotetramer is bound to the operator O3, and the addition of lactose (indicated by red stars) causes a conformational change in the protein, preventing it from binding to the operator. This state is labeled 'Induction de l'opéron'. The diagram also shows the promoter region and the operator O1 and O3. The number 11 is visible at the bottom center of the diagram.

11

UNIVERSITÉ CÔTE D'AZUR

[Module 4]

À propos des mutations et du polymorphisme :

Est-il nécessaire de distinguer mutation et polymorphisme en QCM ?

Par exemple, avec cet item : "On appelle mutation tout changement dans la séquence du génome par rapport à une séquence de référence".

Puisqu'une mutation est caractérisée par une fréquence inférieure à 1% chez la population générale, alors que le polymorphisme concerne une modification de l'ADN atteignant plus de 6% de la population générale, l'item reste-t-il malgré tout juste ?

L'item est juste car par définition, une mutation est un changement de séquence. Certaines mutations sont sans conséquence et appelées polymorphismes, et d'autres ont des conséquences. Un polymorphisme est un sous-type de mutation sans conséquence apparente. Concernant les proportions avec lesquelles un variant est retrouvé dans la population, elles sont là pour donner une indication sur la probabilité qu'une mutation soit un polymorphisme ou non, mais la seule façon d'en être sûr est, par exemple, de tester in vitro les conséquences du changement sur la fonction de la protéine.

Lecture 4a: Mutabilité et maintenance du génome

Généralités

- **Définition et classification des mutations**

- **Une mutation est un changement dans la séquence d'ADN du génome d'une cellule**

- On distingue les mutations ponctuelles (substitutions et insertions ou délétions de petite taille) et les remaniements chromosomiques (délétion, duplication, insertion, inversion, translocation, etc..)
- Certaines mutations sont liées aux erreurs inévitables de réplication, aux séquences répétées du génome qui favorisent erreurs de réplication ou de crossing-over, ou aux modifications de bases
- D'autres mutations sont liées à une exposition à un agent mutagène physique (radiations, rayons U.V), chimique (agents intercalants, analogues de bases,...) ou pathogène (virus, bactéries)
- Les conséquences des mutations sont variables, selon qu'elles perturbent ou non le message génétique, constituant alors des polymorphismes, ou qu'elles sont somatiques ou germinales