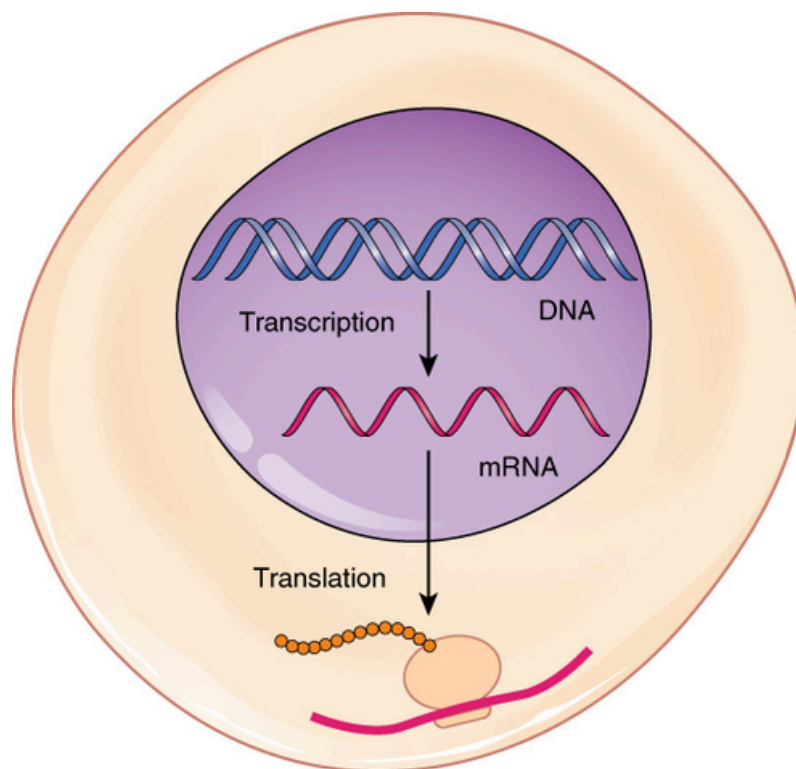


LÉCTURE 2C



Objectifs :

Connaître les particularités de la structure des gènes eucaryotes et de leur expression.

Connaître le principe de **régulation épigénétique** de la chromatine et les enzymes qui sont impliquées.

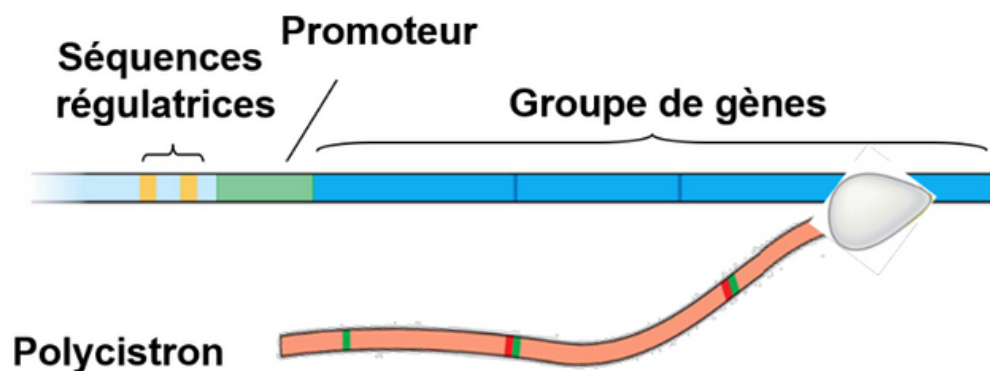
Connaître les acteurs qui sont impliqués dans l'assemblage de la **machinerie transcriptionnelle**.

Savoir expliquer ce qu'est l'**épissage alternatif**, comment fonctionne un **microARN** et comment la structure d'un ARN messager peut bloquer sa propre traduction.

Le premier point de différence majeure qui existe entre les eucaryotes et les procaryotes concerne la **structure** de leurs gènes.

Comme nous l'avons vu chez les **procaryotes**, les gènes codant sont pour la plupart organisés sur le modèle de l'**opéron**. Ils sont ainsi regroupés et contrôlés par un **promoteur** et des **séquences régulatrices qui sont communes**.

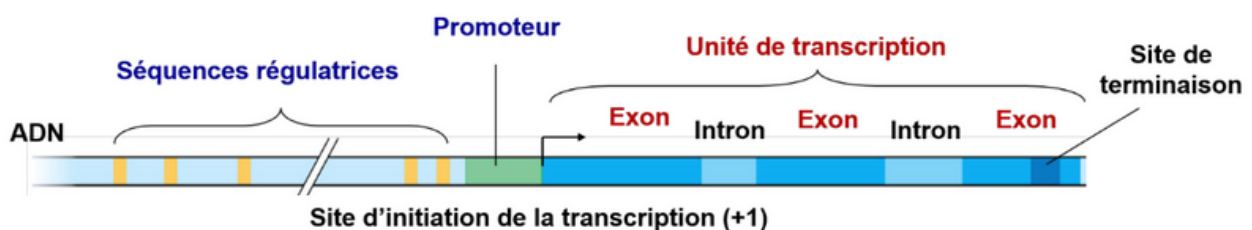
De plus, leur séquence codante est **compacte** et **ininterrompue** et l'opéron tout entier va être **transcrit** sous la forme d'un unique et long ARN messenger, le **polycistron** qui est **immédiatement mature**. *(C'est par coeur ça vous devez l'avoir compris)*



Par opposition aux gènes procaryotes, les gènes codant **eucaryotes** sont **morcelés** et régulés de façon **individuelle**. Tout d'abord leur région destinée à être **transcrite**, ou **unité de transcription**, est **morcelée**.

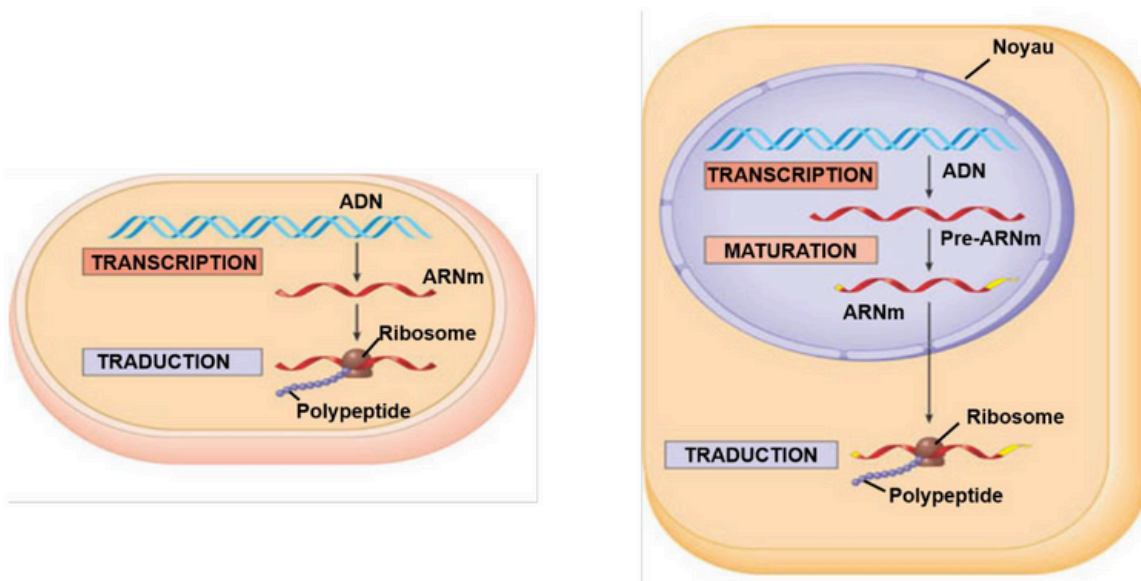
En effet, c'est une succession de régions **codantes**, qu'on appelle les **exons**, dont la séquence nucléotidique sera convertie en séquences d'acides aminés, et de régions **non codantes** appelées **introns** qui sont inutiles à la traduction.

Ensuite, leurs **régions régulatrices, non transcrites**, ne contrôlent qu'un **seul gène** à la fois. Chaque gène possède en effet son **propre promoteur**, qui est représenté dans la majorité des cas par la **TATA box**, et ses propres séquences régulatrices.



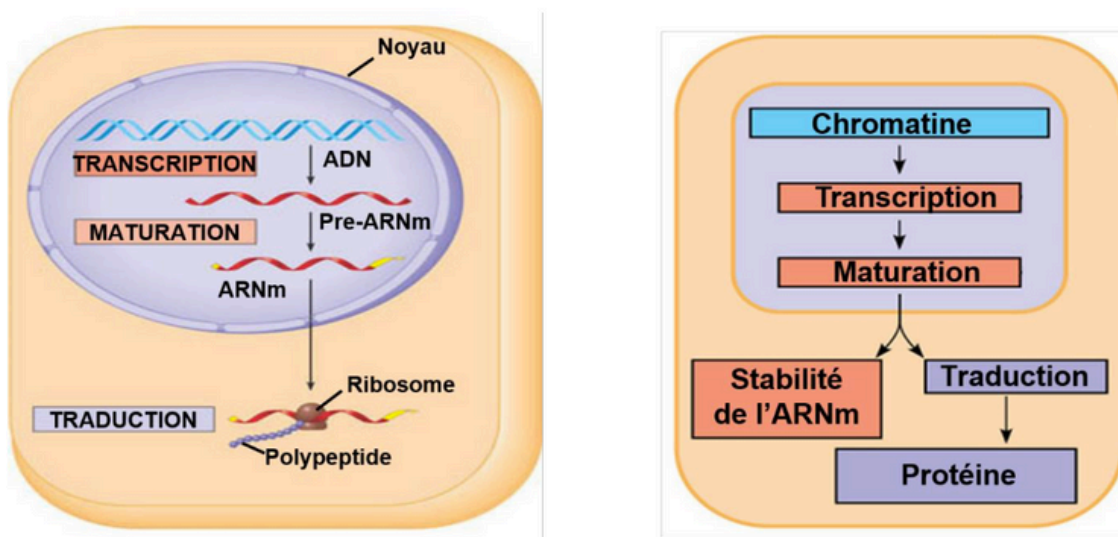
L'organisation de l'expression des gènes est également différente. Chez les **procaryotes**, l'ARN messager est d'emblée mature et en l'**absence de noyau**, la transcription et la traduction peuvent être **simultanées**.

En comparaison, chez les **eucaryotes**, la transcription et la traduction vont être des étapes bien **distinctes**, délimitées à la fois par le noyau et par une étape de **maturation** de l'ARN messager.
(On l'a aussi déjà dit)



Enfin, l'expression des gènes eucaryotes va être régulée à de **multiples niveaux**. Elle ne se limite pas, comme chez les procaryotes, à une simple régulation transcriptionnelle.

L'expression des gènes va notamment être régulée au niveau de la **compaction** de la chromatine, de la **transcription** du gène, de la **maturation** du transcript, de sa **stabilité** et également de sa **traduction**.



Le **premier niveau de régulation** va se situer au niveau de la **chromatine**. Et en effet, la **compaction** de l'ADN est une étape **limitante** de l'expression des gènes.

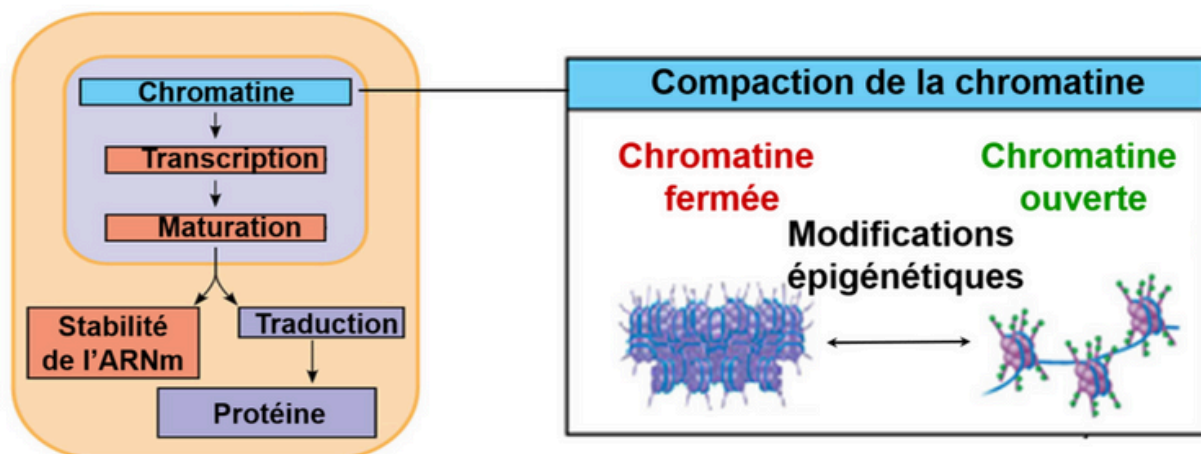
Comme vous le savez, l'ADN peut exister sous une forme **lâche** qu'on appelle **l'euchromatine**, ou compactée qu'on appelle **l'hétérochromatine**. Les gènes ne sont **accessibles** que sous forme **d'euchromatine**.

Mais ces deux états chromatinien sont **interconvertibles**. Selon les besoins de la cellule, des mécanismes de régulation dits **épigénétiques** vont permettre de passer d'un état à l'autre de façon localisée au niveau d'un gène donné, et ainsi autoriser sa transcription.

L'épigénétique fait référence à des informations **non codées par l'ADN**. Elles dépendent de modifications qui influencent l'expression des gènes sans changer leur séquence.

Ces modifications dites **épigénétiques** vont agir sur **le niveau de compaction** de la chromatine en la rendant **accessible** ou **non** pour la **transcription**.

Elles sont dans une certaine mesure **réversibles**, permettant ainsi l'expression ou la répression d'un gène donné selon les besoins cellulaires



Grâce à l'épigénétique, une cellule va pouvoir **transmettre** à sa descendance le profil d'expression de l'ensemble de ces gènes en transmettant simplement toutes ces informations de compaction et les modifications épigénétiques sous-jacentes.

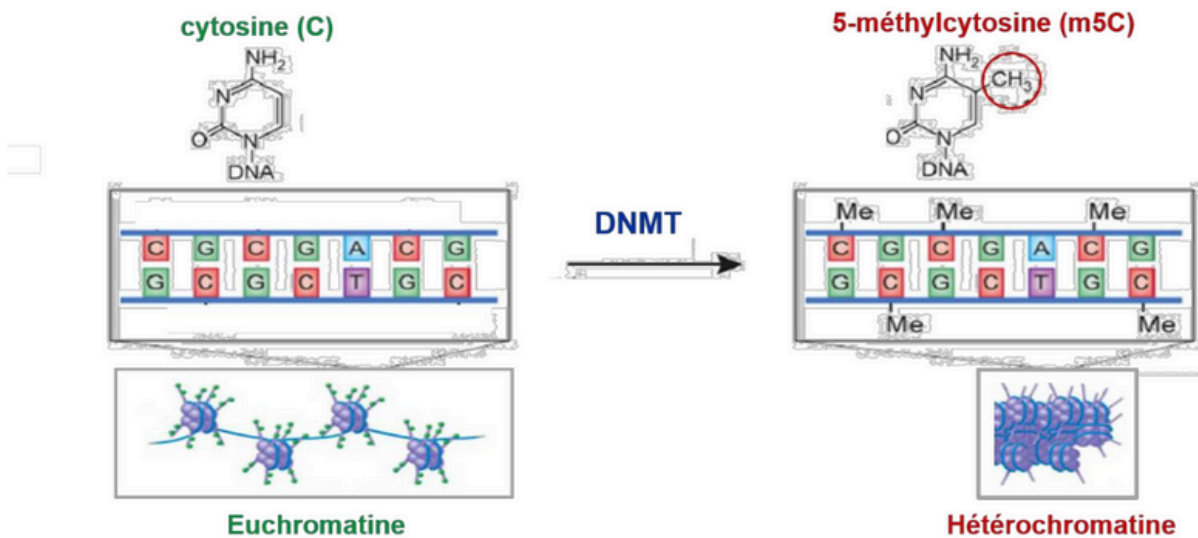
Ainsi, cette **mémoire épigénétique** va jouer un rôle clé au cours du développement et tout au long de la vie, en assurant la transmission et la conservation du profil de différenciation des cellules de l'organisme.

On va distinguer deux types de modifications épigénétiques qui sont **interdépendantes** l'une de l'autre. Le premier type va reposer sur la **méthylation** de l'ADN.

A proximité des séquences régulatrices des gènes, on trouve fréquemment des **dinucléotides CG** qu'on appelle aussi des **îlots CpG**. La **méthylation** de la **cytosine** de ces îlots est assurée par des enzymes appelées **ADN méthyltransférases** ou **DNMT** pour DNA Methyltransferase.

Cette **méthylation** va avoir pour conséquence de placer la chromatine dans une **conformation fermée** et ainsi de **réprimer** l'expression des gènes.

Là encore, le profil de méthylation de l'ADN d'une cellule va pouvoir être **répliqué** et **transmis** en mitose et ainsi, des cellules vont pouvoir hériter d'informations de compaction et conserver un profil de différenciation d'une génération à l'autre.

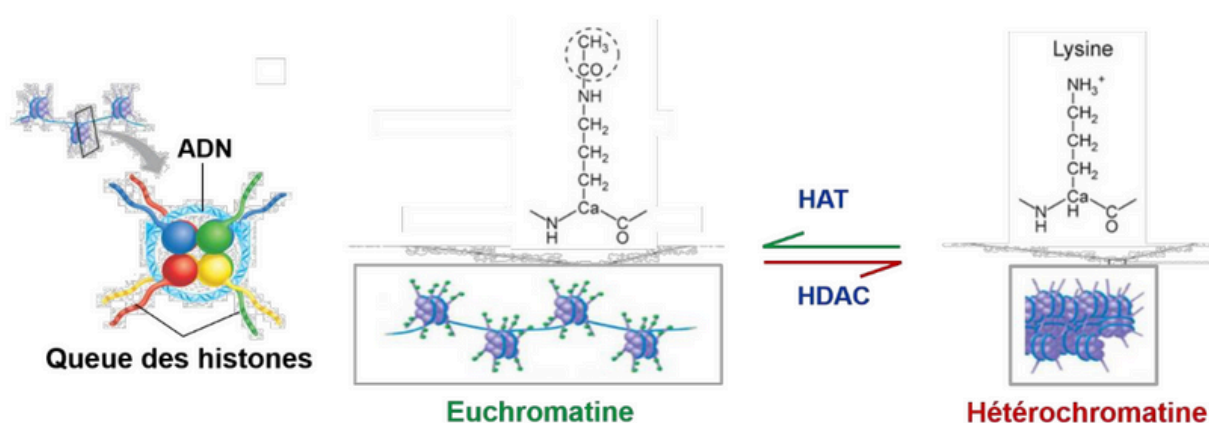


Le **second** type de modification épigénétique repose sur des modifications dites **post-traductionnelles des histones**.

Ces modifications vont cibler le plus souvent la **queue N-terminale** des histones et impliquer diverses réactions **réversibles d'acétylation**, de **phosphorylation**, de **méthylation**, ou autres, qui vont se produire au niveau des **résidus lysine ou arginine** de la queue des histones, le plus souvent.

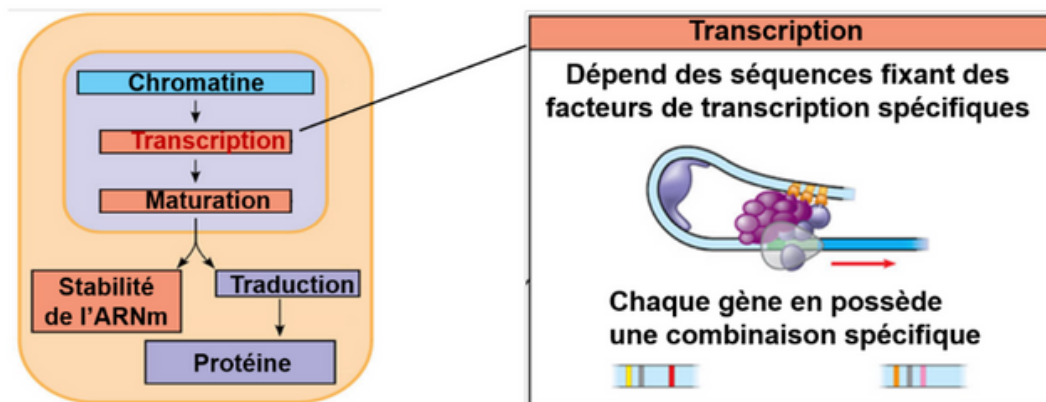
A titre d'exemple, l'**acétylation** de résidus **lysine** est assurée par des enzymes appelées **histone acétyltransférases** (HAT) et elle va être effacée à l'inverse par des **histone déacétylases** (HDAC).

Et cette **acétylation de résidus lysine** a le plus souvent pour effet de placer la chromatine dans une **conformation ouverte**. A l'inverse, les **histone déacétylases** vont placer la chromatine dans une **conformation fermée**.



Le second niveau de régulation de l'expression des gènes va s'opérer à niveau **transcriptionnel**. Les mêmes principes que chez les **procaryotes** vont s'appliquer, mais ici en **plus complexe**.

En effet, chaque gène eucaryote possède une combinaison personnalisée de séquences d'ADN régulatrices et ces séquences vont servir à fixer des régulateurs, des **facteurs de transcription** et des **corégulateurs**, qui peuvent activer ou réprimer la transcription.

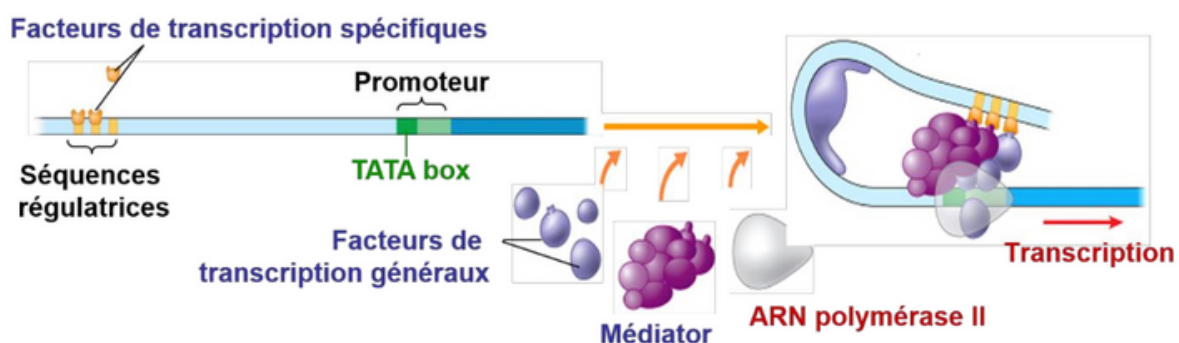


La transcription d'un gène codant dépend de **multiples intervenants**, et ce sont les interactions entre ces différents intervenants qui vont réguler la formation de la **machinerie transcriptionnelle** en facilitant son assemblage ou au contraire, en le réprimant.

Les **facteurs de transcription** qu'on appelle **spécifiques** sont ceux qui se fixent aux séquences régulatrices propres à chaque gène.

La **machine transcriptionnelle** est constituée en ce qui concerne les **gènes codant** par l'**ARN polymérase II** et des **facteurs généraux de transcription** appelés **TFIIA, B, D, E, F et H** qui vont faciliter la fixation de l'ARN polymérase II sur le promoteur et son activation.

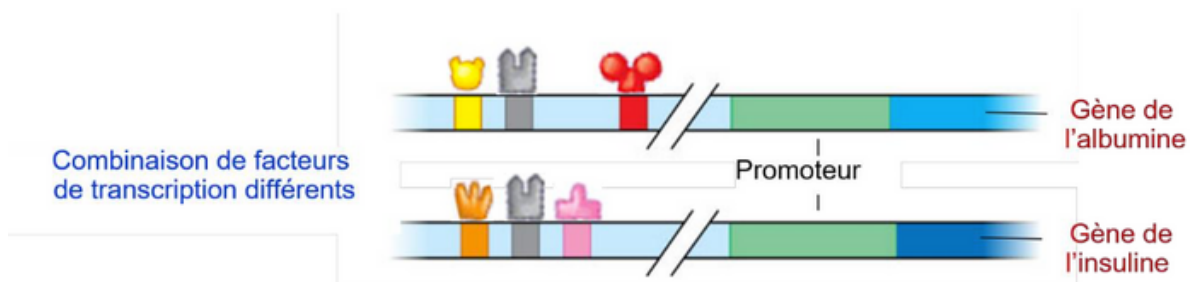
Enfin, le **complexe Médiateur** est un ensemble de multiples sous unités interchangeable qui jouent le rôle **d'intermédiaire** entre les facteurs de transcription spécifiques et la machinerie transcriptionnelle.



Comme nous l'avons vu, la particularité des gènes eucaryotes est d'être régulés de façon **individuelle** et **personnalisée**. En effet, chaque gène va posséder sa **propre combinaison de séquences régulatrices**.

Si de façon individuelle une séquence donnée peut être utilisée par différents gènes, c'est la combinaison des différentes séquences régulatrices d'un gène qui la rend unique.

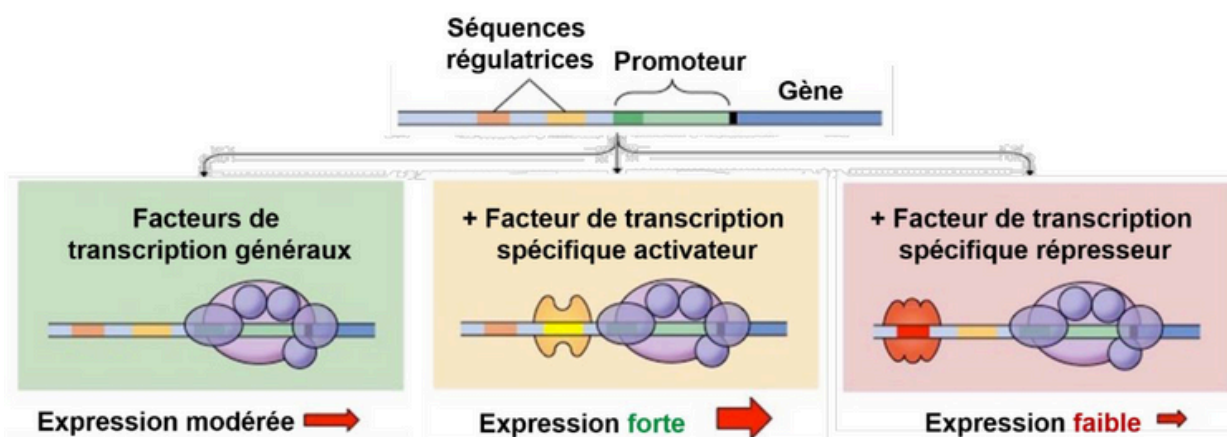
Et dans la mesure où une séquence donnée ne peut fixer qu'un facteur de transcription donné, l'assortiment des séquences régulatrices d'un gène va permettre sa régulation par une combinaison unique de facteurs de transcription.



Les facteurs de transcription dits spécifiques modulent l'expression des gènes. Le **niveau** de cette expression va dépendre de leur **présence** et de leur **activité**, facteurs qui sont variables selon le moment et le type cellulaire.

Ainsi, un gène s'exprimera à un **niveau faible** si **seuls** les **facteurs de transcription généraux** sont présents.

Il s'exprimera à un niveau plus **élevé** si aux facteurs de transcription généraux s'ajoute un **facteur de transcription spécifique activateur (enhancer)**, et enfin il s'exprimera à un niveau plus **faible**, voire pas du tout, si aux facteurs de transcription généraux s'ajoute un facteur de transcription spécifique **répresseur (silencer)**.



L'expression d'un gène est **liée à l'activité de ses facteurs de transcription spécifiques**. D'une façon générale, les facteurs de transcription sont très divers dans leur structure et leur mode de régulation.

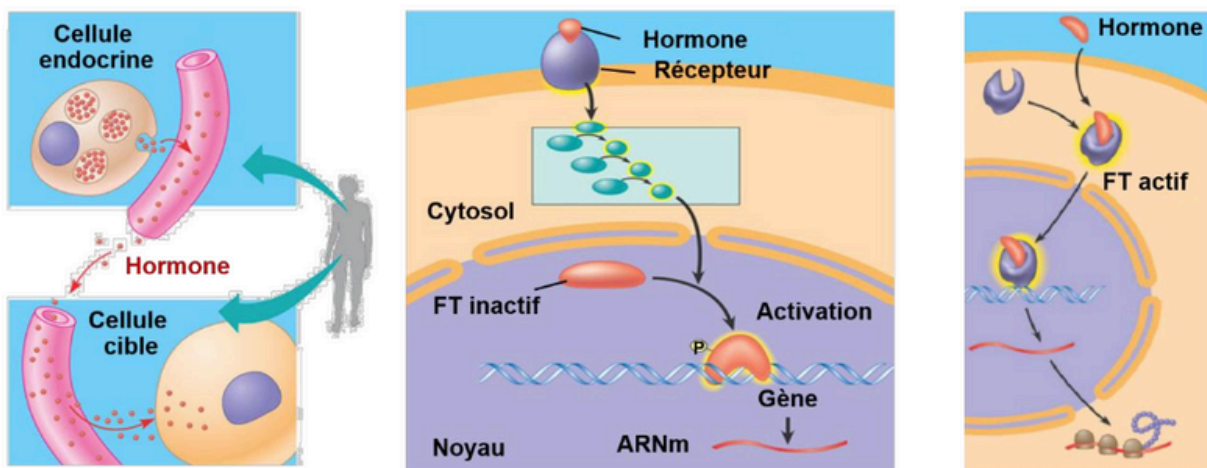
Un facteur de transcription donné peut par exemple être régulé par de **nombreux stimuli activateurs ou répresseurs**.

Les hormones sont un type de signal produit par des cellules spécialisées, les cellules endocrines, puis déversées dans la circulation sanguine jusqu'à une cellule cible qui va être reconnue par l'intermédiaire d'un récepteur spécifique.

Dans certains cas, ce récepteur spécifique est un **récepteur membranaire** sur lequel l'hormone va se fixer et induire une cascade de transmission d'un signal allant jusque dans le noyau activer un facteur de transcription qui jusque-là était inactif.

Et ainsi, ce facteur de transcription va pouvoir se fixer sur ses séquences cibles et **activer** l'expression d'un gène.

Dans d'autres cas, le facteur de transcription est lui-même le récepteur spécifique de l'hormone dont la fixation l'active et induit l'expression de ses gènes cibles.

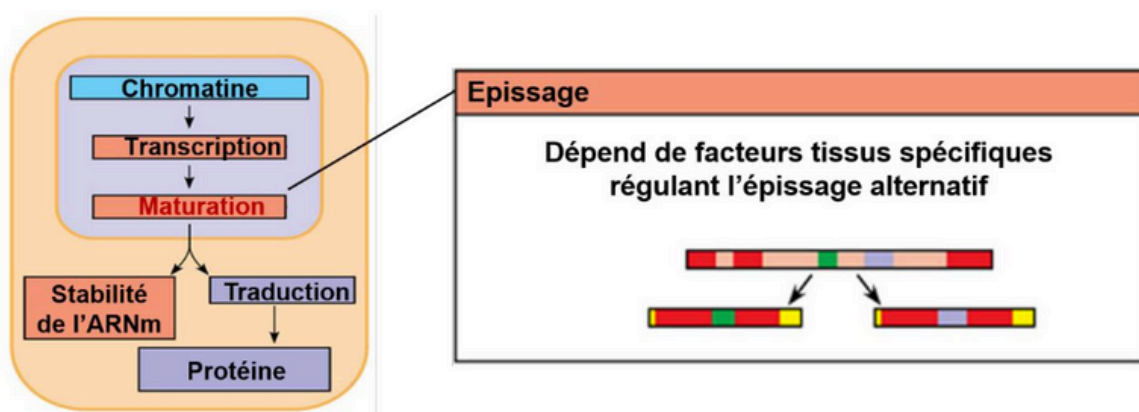


Le niveau suivant de régulation de l'expression génique va être **post-transcriptionnel**, c'est à dire après la synthèse de l'ARN messager. Il va correspondre à un processus de **maturation** de cet ARN messager et qui comprend différentes étapes, dont celle de **l'épissage**.

L'épissage correspond à **l'élimination des séquences non codantes**, les **introns**, qui étaient présentes dans l'unité de transcription du gène et qui sont retrouvées dans l'ARN pré-messager et au choix des exons retenus dans **l'ARN mature**.

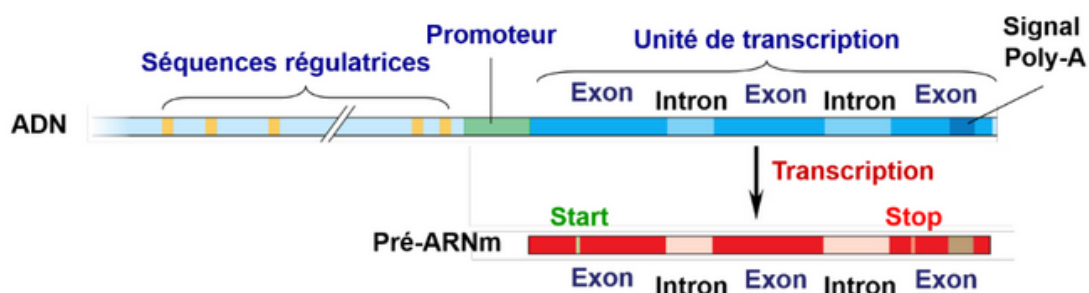
Ce phénomène **d'épissage** est soumis à une **régulation** et va pouvoir être **variable**, on parle **d'épissage alternatif**, ce qui au final va permettre à partir d'un seul gène, d'aboutir à plusieurs ARNs messagers et donc à **plusieurs protéines**. +++

La régulation de ce phénomène d'épissage va dépendre de **facteurs tissu-spécifiques** qui régulent l'épissage alternatif.



Le premier produit de la transcription d'un gène eucaryote va être un **ARN pré-messager**. Ce **transcrit immature** ne peut encore être utilisé pour la **traduction**, car entre les signaux de début et de fin de la traduction, il contient des **séquences codantes** qui seront traduites, mais également des séquences **non codantes**, les **introns**, qui sont **inutiles**.

Et en l'état, il ne peut pas être reconnu par la **machinerie traductionnelle** et est exposé à la **dégradation** par **nucléases**.

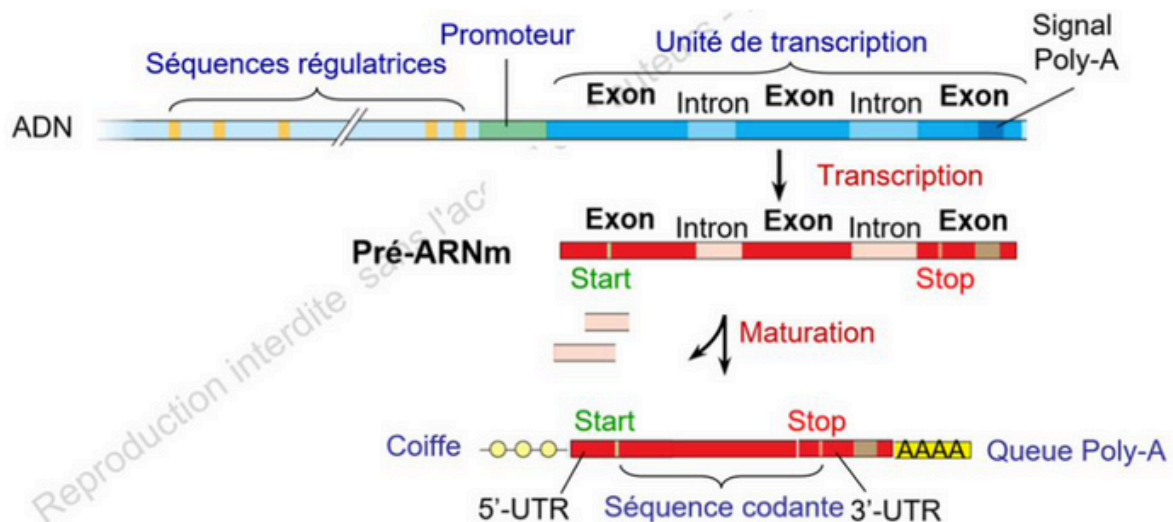


Ainsi, le **transcrit primaire** va devoir subir une **maturation** pour pouvoir être **traduit**. Plusieurs modifications vont survenir en cours de transcription pour assurer cette maturation.

Tout d'abord, il va y avoir **excision**, c'est à dire **élimination des introns**, puis **épissage** des exons, c'est à dire **ligation**, de telle sorte que la séquence **codante** du gène entre les signaux Start et Stop soit **ininterrompue**, encadrée de part et d'autre par des séquences qui ne seront pas traduites, les **séquences 5'-UTR et 3'-UTR**.

Ainsi, après l'élimination des **introns** et **épissage** des exons, la séquence codante du gène se retrouve intégralement dans l'ARN messager et ce, de façon **ininterrompue** entre les signaux Start et Stop du début et de fin de la traduction.

La maturation va être poursuivie par l'ajout d'une structure appelée **coiffe** à l'extrémité **5'** de l'ARN messager et d'une structure appelée **queue Poly(A)** à l'extrémité **3'** de l'ARN messager.+++



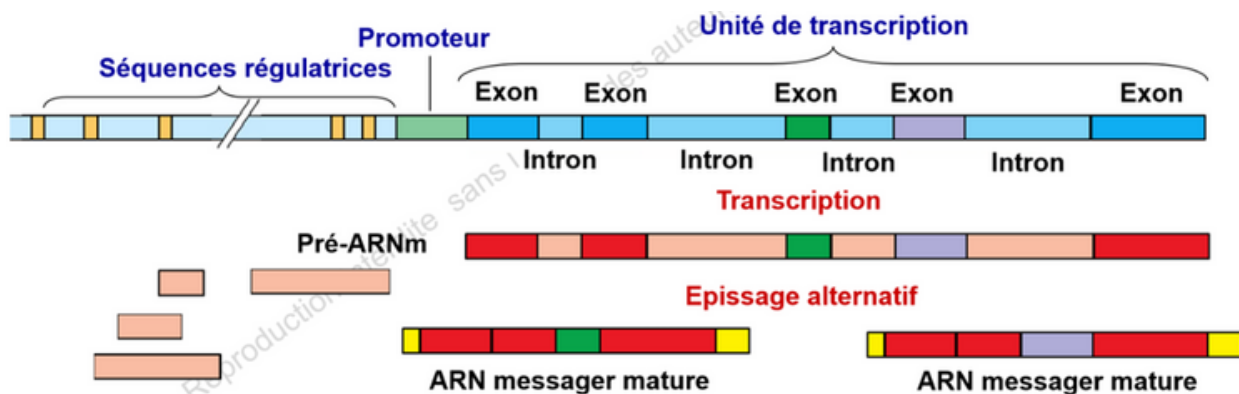
L'étape d'épissage est un processus qui est soumis à une **régulation très fine** et le transcrit primaire de la plupart des gènes va subir un **épissage dit alternatif**. Au cours de ce processus, en effet, certains exons vont parfois être ignorés lors de l'épissage.

Ils seront "**sautés**" et ne se retrouveront donc pas dans l'ARN messager ou à l'inverse, des introns vont pouvoir être retenus et leur séquence être maintenue dans l'ARN messager mature final.

Dans l'exemple ci-dessous, il est représenté un gène avec ses différents exons, dont deux sont indiquées par une couleur, l'un en vert et l'autre en violet.

Ces différents exons rouges, verts et violets se retrouvent dans le pré-ARN messenger et grâce au processus d'épissage alternatif, on va dans l'exemple ci-dessous avoir production de deux ARNs messagers matures différents, l'un contenant l'exon vert et l'autre contenant l'exon violet.

On aurait pu également aboutir à un troisième ARN messenger contenant cette fois-ci à la fois l'exon vert et l'exon violet.



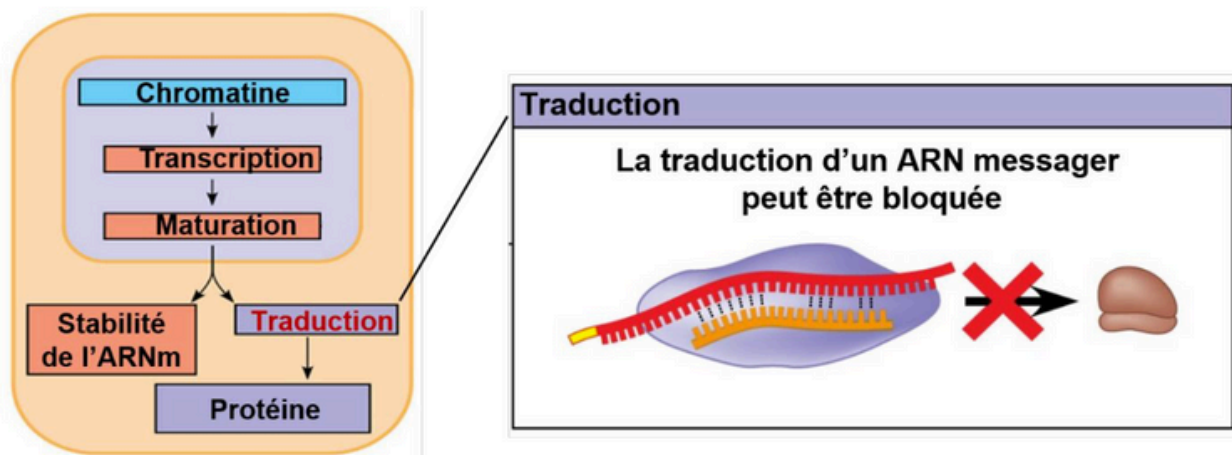
Ainsi, à partir **d'un seul et unique gène**, on peut obtenir grâce à ce processus d'épissage alternatif, **plusieurs ARNs messagers matures différents** et qui seront donc traduits en **isoformes protéiques différentes**. +++

Le choix des exons qui vont être ignorés ou maintenus va dépendre de **mécanismes de régulation complexes** et varie notamment selon le stade de développement et le type cellulaire.

Ensuite, l'expression des gènes va pouvoir être **régulée** au niveau de la **traduction** même de l'ARN messenger. Cette régulation va reposer sur des **mécanismes généraux ou ciblant une protéine de façon plus spécifique**.

L'ARN interférence est par exemple un processus qui utilise des **petits ARNs non codant** pour ajuster la production d'une protéine en **bloquant spécifiquement** la **traduction** de son ARN messenger.

Dans d'autres cas, c'est la **structure secondaire de l'ARN messenger** lui-même qui permet, par l'intermédiaire de **protéines de liaison**, d'adapter sa propre traduction aux **conditions environnementales**.



Certains gènes codent pour des ARNs non codant, appelés **microARNs**. La transcription de ce type de gènes va d'abord produire un **précurseur**. Ce précurseur est **replié sur lui-même** et forme une structure appelée **épingle à cheveux**.

Sa **maturation** va être assurée par une **enzyme** appelée **DICER**, qui le clive en **courts fragments d'ARN double-brin** d'environ 20 nucléotides. Parmi ces fragments, il en existe un dont un brin est complémentaire d'un ARN messager cible.

Un **complexe appelé RISC** (RNA Induced Silencing Complex) va prendre en charge ce brin pour former un **microARN mature**.

Ce complexe va ainsi guider le **microARN** vers son **ARN messager cible** qui sera détruit ou dont la traduction sera bloquée selon que l'appariement entre le microARN et son ARN messager cible est parfait ou non.

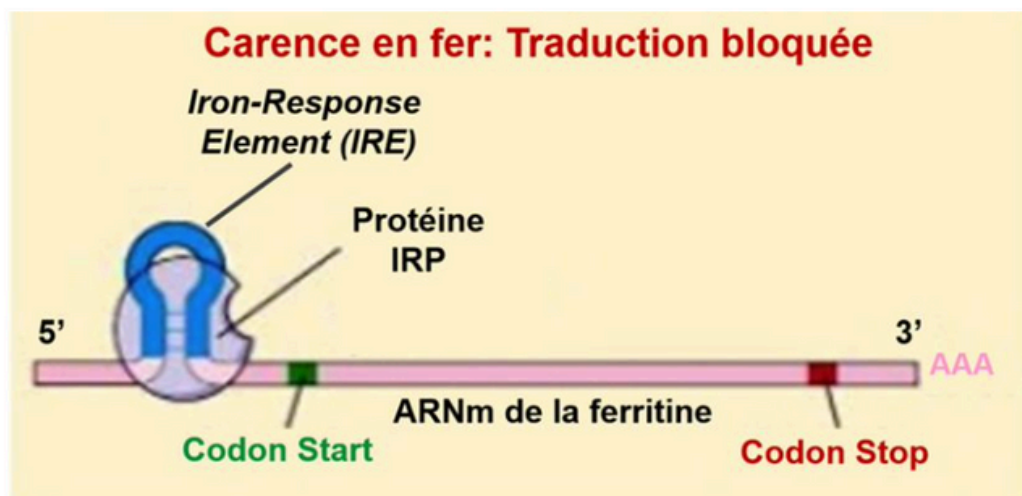


La régulation de la traduction de certains ARNs messagers repose sur leur **structure**. C'est le cas notamment de plusieurs ARNs messagers impliqués dans le **métabolisme du fer**.

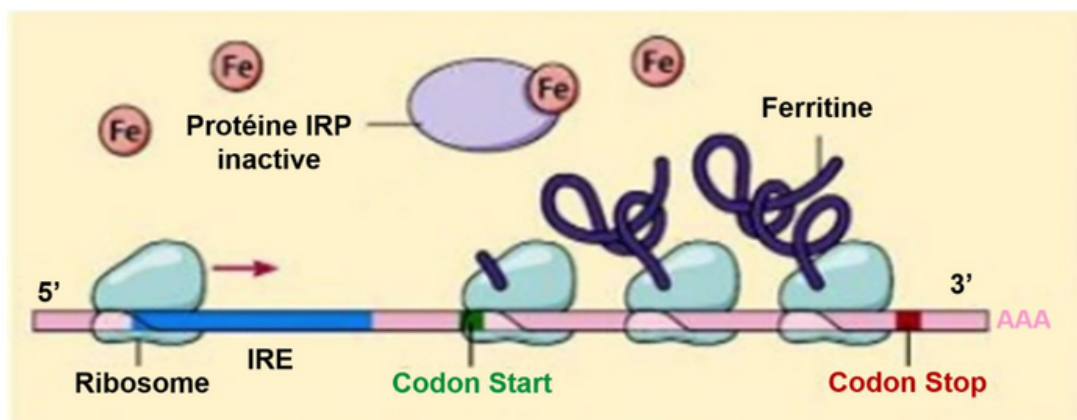
La ferritine est une structure **macromoléculaire** qui permet de **stocker** le fer dans la cellule et dont la synthèse doit être ajustée à l'état des stocks de l'organisme, à savoir faible en l'absence de fer, mais importante lorsque le fer est en excès.

En l'**absence** de fer, une **protéine appelée IRP** (Iron Regulatory RNA- Binding Protein) va se fixer à une **séquence** appelée **IRE** (Iron Response Element) située dans la **région 5'-UTR** de l'ARN messager de la ferritine.

La **protéine IRP** va forcer cette région à adopter une conformation en **épingle à cheveux** et **bloquer ainsi la traduction de l'ARN messager et la synthèse de la ferritine. ++**



Lorsque le fer est en **abondance**, il va se fixer à la **protéine IRP** et **l'empêcher** de se lier à l'ARN messager dont la traduction intensive va pouvoir se produire.



Conclusion :

En résumé, nous avons vu que les gènes **eucaryotes** sont régulés de façon **individuelle** et sont morcelés. Leur unité de transcription contient des séquences codantes et non codantes.

Les gènes eucaryotes contiennent chacun une **combinaison de séquences régulatrices propres** qui sont capables de **recruter** une **combinaison unique de facteurs de transcription**.

La régulation de l'expression des gènes eucaryotes se fait à différents **niveaux successifs**. L'existence d'une conformation chromatinienne **permissive** est un **prérequis** à leur expression.

L'intensité de leur transcription dépend de la **disponibilité** et de **l'activité** des facteurs de transcription se liant à leurs éléments de réponse génique.

L'épissage est un processus **post-transcriptionnel** dont la régulation permet de **diversifier** les protéines produites à partir d'un seul gène et la traduction peut être ajustée par **ARN interférence** ou via des éléments de réponse d'ARNs messagers.

QCM :

Question 1 :

Déplacez les textes dans les emplacements qui leur correspondent.

Les gènes codant [] sont regroupés et contrôlés par un promoteur et des séquences régulatrices []. De plus, leur séquence codante est [] et ininterrompue.

Les gènes codant [] sont morcelés et régulés de façon []

Leur unité de transcription est une succession de régions codantes, les [], et de régions non codantes, les [], inutiles à la traduction.

procaryotes

individuelle

exons

introns

compacte

communes

eucaryotes

Question 2 : Chez les eucaryotes, la régulation de l'expression des gènes peut s'exercer à des niveaux autres que transcriptionnels

Vrai

Faux

Question 3 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) La régulation chromatinienne de l'expression génique dépend de mécanismes dits épigénétiques

B) C'est sous forme d'hétérochromatine que les gènes peuvent s'exprimer

C) Aucune de ces réponses



Question 4 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

- A) Les modifications épigénétiques influencent l'expression des gènes sans changer leur séquence
- B) Une cellule peut transmettre son profil de différenciation à ses descendantes et leur transmettant des modifications épigénétiques
- C) Toutes les propositions ci-dessus

Question 5 : La méthylation de la guanine d'un îlot CpG par une ADN méthyltransférase place la chromatine dans une conformation fermée

Vrai

Faux

Question 6 : Déplacez les textes dans les emplacements qui leur correspondent.

Les modifications [] des histones sont des modifications épigénétiques [] qui régulent l'expression des gènes.

Les histone [] et les histone [] ciblent la queue [] des histones et placent respectivement la chromatine dans une conformation ouverte ou fermée.

N-terminale

réversibles

déacétylases

post-traductionnelles

acétyltransférases



Question 7 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

- A) Les séquences régulatrices propres à chaque gène eucaryote fixent les facteurs de transcription spécifiques
- B) La fixation de l'ARN polymérase II au promoteur des gènes codants eucaryotes nécessite l'assistance de facteurs de transcription généraux
- C) Le complexe Mediator ne participe pas à la transcription chez les eucaryotes

Question 8 : Un enhancer et un silencer sont des facteurs de transcription spécifiques activant ou réprimant la transcription d'un gène, respectivement

Vrai

Faux

Question 9 : Pour activer l'expression d'un gène, une hormone hydrosoluble agit sur une cascade de signalisation cellulaire alors qu'une hormone liposoluble peut agir directement sur le facteur de transcription

Vrai

Faux

Question 10 : Completez :

La régulation post-transcriptionnelle de l'expression des gènes s'exerce au niveau de la de l'ARN messager. Le transcrit ne peut être traduit en l'état et subit..... notamment un qui permet d'éliminer les et place bout à bout la séquence des entre les signaux de début et de fin de la



Question 11 : L'épissage alternatif d'un transcrit primaire correspond aux différentes combinaisons permettant d'inclure ou non un exon ou un intron dans la séquence de l'ARN messenger mature et permet ainsi de produire différents ARN messagers et protéines à partir d'un seul gène

Vrai

Faux

Question 12 : La régulation de l'expression génique par un microARN est un mécanisme général et non spécifique d'inhibition de la traduction

Vrai

Faux

Question 13 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) à propos de la ferritine

- A) Sa synthèse doit être faible lorsque le fer est en excès et élevée en cas de carence
- B) Le fer facilite la traduction de l'ARNm de la ferritine en séquestrant la protéine IRP (Iron Regulatory RNA-binding protein)
- C) En l'absence de fer, la protéine IRP se fixe à la séquence IRE (Iron Response Element) dans la région 5'-UTR de l'ARNm de la ferritine et bloque sa traduction

Question 14 : Choisissez l'affirmation exacte

- A) La séquence de l'unité de transcription d'un gène eucaryote se retrouve en intégralité dans son ARNm mature
- B) L'unité de transcription des gènes eucaryotes est une succession de séquences codantes (exons) et non codantes (introns)



Question 15 : Choisissez l'affirmation exacte

- A) La disponibilité en facteurs de transcription est la même dans toutes les cellules de l'organisme
- B) Chaque gène eucaryote est régulé par une combinaison propre de séquences régulatrices et de facteurs de transcription spécifiques

Question 16 : Choisissez l'affirmation exacte

- A) L'expression des gènes eucaryotes dépend de mécanismes épigénétiques, de l'activité de facteurs de transcription, de facteurs régulant l'épissage ou modulant la traduction
- B) La plupart des gènes codant eucaryotes permettent la synthèse d'une protéine unique

CORRECTION :

Question 1 :

Déplacez les textes dans les emplacements qui leur correspondent.

Les gènes codant **procaryotes** ✓ sont regroupés et contrôlés par un promoteur et des séquences régulatrices **communes** ✓. De plus, leur séquence codante est **compacte** ✓ et ininterrompue.

Les gènes codant **eucaryotes** ✓ sont morcelés et régulés de façon **individuelle** ✓

Leur unité de transcription est une succession de régions codantes, les **exons** ✓, et de régions non codantes, les **introns** ✓, inutiles à la traduction.

Question 2 : Chez les eucaryotes, la régulation de l'expression des gènes peut s'exercer à des niveaux autres que transcriptionnels

Vrai

Faux

Elle peut notamment s'exercer au niveau de la compaction de la chromatine, de la maturation de l'ARNm ou de sa traduction.

Question 3 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) La régulation chromatinienne de l'expression génique dépend de mécanismes dits épigénétiques

B) C'est sous forme d'hétérochromatine que les gènes peuvent s'exprimer

C) Aucune de ces réponses



Question 4 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

- A) Les modifications épigénétiques influencent l'expression des gènes sans changer leur séquence
- B) Une cellule peut transmettre son profil de différenciation à ses descendantes et leur transmettant des modifications épigénétiques
- C) Toutes les propositions ci-dessus

Question 5 : La méthylation de la guanine d'un îlot CpG par une ADN méthyltransférase place la chromatine dans une conformation fermée

Vrai

Faux

C'est la cytosine qui est ciblée pour former la 5-méthylcytosine

Question 6 : Déplacez les textes dans les emplacements qui leur correspondent.

Les modifications **post-traductionne...** ✓ des histones sont des modifications épigénétiques **réversibles** ✓ qui régulent l'expression des gènes.

Les histone **acétyltransférases** ✓ et les histone **déacétylases** ✓ ciblent la queue **N-terminale** ✓ des histones et placent respectivement la chromatine dans une conformation ouverte ou fermée.



Question 4 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

A) Les modifications épigénétiques influencent l'expression des gènes sans changer leur séquence

B) Une cellule peut transmettre son profil de différenciation à ses descendantes et leur transmettant des modifications épigénétiques

C) Toutes les propositions ci-dessus

Question 5 : La méthylation de la guanine d'un îlot CpG par une ADN méthyltransférase place la chromatine dans une conformation fermée

Vrai

Faux

C'est la cytosine qui est ciblée pour former la 5-méthylcytosine

Question 6 : Déplacez les textes dans les emplacements qui leur correspondent.

Les modifications **post-traductionne...** ✓ des histones sont des modifications épigénétiques **réversibles** ✓ qui régulent l'expression des gènes.

Les histone **acétyltransférases** ✓ et les histone **déacétylases** ✓ ciblent la queue **N-terminale** ✓ des histones et placent respectivement la chromatine dans une conformation ouverte ou fermée.

Question 7 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s):

A) Les séquences régulatrices propres à chaque gène eucaryote fixent les facteurs de transcription spécifiques

B) La fixation de l'ARN polymérase II au promoteur des gènes codants eucaryotes nécessite l'assistance de facteurs de transcription généraux

C) Le complexe Mediator ne participe pas à la transcription chez les eucaryotes

→ Ce complexe multiprotéique joue le rôle de plateforme d'assemblage en rapprochant les différents acteurs de la transcription, et ce grâce à une flexion de l'ADN



Question 8 : Un enhancer et un silencer sont des facteurs de transcription spécifiques activant ou réprimant la transcription d'un gène, respectivement

Vrai

Faux

Leur présence augmente ou réduit respectivement le niveau d'expression conféré par la machinerie basale de transcription.

Question 9 : Pour activer l'expression d'un gène, une hormone hydrosoluble agit sur une cascade de signalisation cellulaire alors qu'une hormone liposoluble peut agir directement sur le facteur de transcription

Vrai

Faux

Le caractère hydro- ou liposoluble de l'hormone lui permet ou non de passer la membrane plasmique et régit ainsi son mode d'action

Question 10 : Completez :

La régulation post-transcriptionnelle de l'expression des gènes s'exerce au niveau de la **SÉQUENCE** de l'ARN messenger. Le transcrit **PRIMAIRE** ne peut être traduit en l'état et subit un **ÉPISSAGE** notamment un qui permet d'éliminer les **INTRONS** et place bout à bout la séquence **CODANTE** des **GÈNES** entre les signaux de début et de fin de la **TRADUCTION**.

Pas certaine de la co mais c'est ce j'aurais dit...



Question 11 : L'épissage alternatif d'un transcrit primaire correspond aux différentes combinaisons permettant d'inclure ou non un exon ou un intron dans la séquence de l'ARN messenger mature et permet ainsi de produire différents ARN messagers et protéines à partir d'un seul gène

Vrai

Faux

La plupart des gènes eucaryotes subissent un épissage alternatif, ce qui augmente la diversité du répertoire protéique des eucaryotes et expliquerait leur complexité, en comparaison des procaryotes.

Question 12 : La régulation de l'expression génique par un microARN est un mécanisme général et non spécifique d'inhibition de la traduction

Vrai

Faux

Le microARN cible de façon spécifique l'ARNm dont il est complémentaire pour en inhiber la traduction

Question 13 : Indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) à propos de la ferritine

A) Sa synthèse doit être faible lorsque le fer est en excès et élevée en cas de carence

B) Le fer facilite la traduction de l'ARNm de la ferritine en séquestrant la protéine IRP (Iron Regulatory RNA-binding protein).

C) En l'absence de fer, la protéine IRP se fixe à la séquence IRE (Iron Response Element) dans la région 5'-UTR de l'ARNm de la ferritine et bloque sa traduction



Question 14 : Choisissez l'affirmation exacte

A) La séquence de l'unité de transcription d'un gène eucaryote se retrouve en intégralité dans son ARNm mature

B) L'unité de transcription des gènes eucaryotes est une succession de séquences codantes (exons) et non codantes (introns)

Question 15 : Choisissez l'affirmation exacte

A) La disponibilité en facteurs de transcription est la même dans toutes les cellules de l'organisme

B) Chaque gène eucaryote est régulé par une combinaison propre de séquences régulatrices et de facteurs de transcription spécifiques

Question 16 : Choisissez l'affirmation exacte

A) L'expression des gènes eucaryotes dépend de mécanismes épigénétiques, de l'activité de facteurs de transcription, de facteurs régulant l'épissage ou modulant la traduction

B) La plupart des gènes codant eucaryotes permettent la synthèse d'une protéine unique

