TD 1 Biologie Moléculaire Génie Génétique

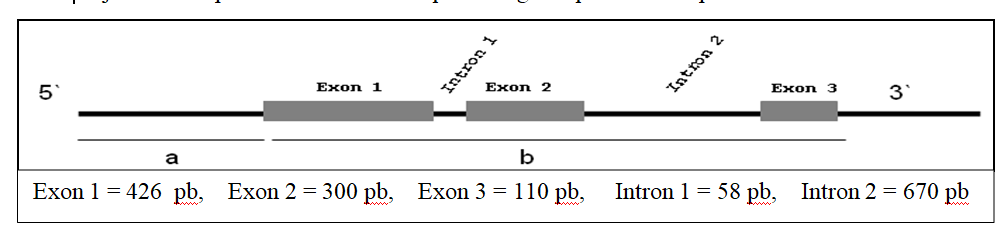
Licence Microbiologie

Chargé de Cour : Dr.Charifi Samia

Année Universitaire : 2024-2025

**Exercice 3 :**

Ci-joint une représentation schématique d`un gène qui code une protéine X :



1. Définir les parties a et b et positionner le point d`initiation de la transcription et le codon stop ?

1. Si la taille du promoteur est de 198 pb, quelle est, sans compter d’autres séquences régulatrices éventuelles, la taille du gène ?
2. Sans compter la coiffe et la queue poly (A), quelle sera la taille du transcrit primaire, de l’ARNm en cas de l’épissage constitutif, de l’ARNm en cas de l’épissage alternatif laissant les exons 1 et 3 ?
3. Représenter schématiquement les ARN décrits en question 3 ?

**Exercice 4 :**

Soit une protéine humaine constituée de 576 acides aminés.

1. Quel est au minimum le nombre :

* - de nucléotides contenues dans le transcrit primaire donnant cette protéine ?
* - de paires de nucléotides contenues dans le gène de structure codant cette protéine ?

1. Pourquoi le nombre de nucléotides pourrait être plus élevé que celui que vous venez de donner dans les deux cas?

**Exercice 5 :**

Le gène **Bcl-x** subit un **épissage alternatif**, générant deux isoformes ayant des fonctions opposées dans la régulation de l'apoptose :

* **Bcl-xL** : Isoforme anti-apoptotique.
* **Bcl-xS** : Isoforme pro-apoptotique.

Le gène **Bcl-x** contient plusieurs exons et introns. Voici la structure essentielle :

* **Exon 1** : Commun aux deux isoformes, contient le début de la séquence codante.
* **Exon 2** : Joue un rôle clé dans l'épissage alternatif.
* **Exon 3** : Commun aux deux isoformes, contient la fin de la séquence codante.
* **Décrire les deux possibilités d'épissage alternatif** pour le gène **Bcl-x**

**Exercice 3 :**

**Partie a**: Elle correspond à la région **5' UTR** (Untranslated Region), qui est la région non traduite située avant l'exon 1. Cette région se trouve en amont du codon d'initiation (ATG) et est transcrite en ARN en AUG , mais ne sera pas traduite en protéine. Elle peut jouer un rôle dans la régulation de la traduction.

**Partie b** : Cette section représente la région contenant les exons et les introns, soit la partie codante du gène qui sera transcrite et traitée (épissage des introns) avant la traduction. Elle inclut les exons 1, 2 et 3, ainsi que les introns 1 et 2, qui seront éliminés lors de l'épissage.

**Point d'initiation de la transcription** : Ce point se trouve généralement juste en amont de l'exon 1, quelque part dans la région 5' UTR (partie "a"). Il correspond au site où l'ARN polymérase se lie au promoteur pour commencer à synthétiser l'ARNm.

**Codon d'initiation (ATG)** : Ce codon est situé au début de l'**exon 1**. C'est le premier codon traduit en acide aminé (la méthionine) AUG en ARN m et marque le début de la traduction de la protéine X.

**Codon stop** : Le **codon stop** sera situé dans l'**exon 3** (ou potentiellement à la jonction entre exon 3 et 3' UTR). Ce codon indique la fin de la traduction de la protéine X, marquant la fin de la chaîne polypeptidique.

La longueur totale des exons (426 pb pour exon 1, 300 pb pour exon 2, et 110 pb pour exon 3) donne un cadre codant qui sera traduit en protéine, une fois les introns éliminés.

Pour calculer la taille totale du gène, nous devons additionner les tailles des exons, des introns et du promoteur. Voici les différentes tailles :

**Exon 1** : 426 pb +**Exon 2** : 300 pb +**Exon 3** : 110 pb + **Intron 1** : 58 pb + **Intron 2** : 670 pb + **Promoteur** : 198 pb

* La taille totale du gène, sans compter d'autres séquences régulatrices, est donc la somme de toutes ces valeurs :
* Ainsi, la taille totale du gène est **1762 pb**.

**Taille du transcrit primaire (pré-ARNm) :**

Le **transcrit primaire** inclut tous les exons et introns, car c'est la première version transcrite avant l'épissage. Il s'agit donc de la somme des tailles des exons et des introns, sans compter la coiffe ni la queue poly(A).

* Exon 1 : 426 pb + Exon 2 : 300 pb+ Exon 3 : 110 pb + Intron 1 : 58 pb + Intron 2 : 670 pb

= 1564

**2. Taille de l'ARNm après épissage constitutif :**

Dans l'épissage constitutif, les **introns** sont retirés, ne laissant que les **exons** dans l'ARNm mature.

* Exon 1 : 426 pb + Exon 2 : 300 pb +Exon 3 : 110 pb =836pb

**3. Taille de l'ARNm après épissage alternatif (exons 1 et 3) :**

Si l'épissage alternatif laisse seulement **exon 1 et exon 3**, alors l'**exon 2** est éliminé avec les introns. La taille de l'ARNm correspond alors à la somme des tailles de l'exon 1 et de l'exon 3 :

* Exon 1 : 426 pb
* Exon 3 : 110 pb

La taille totale de l'**ARNm après épissage alternatif** est donc :

426 pb+110 pb=536

Voici une représentation schématique des différents ARN décrits dans la question 3 :

UTR | Exon 1 | Intron 1 | Exon 2 | Intron 2 | Exon 3 | 3'

UTR | 426 pb | 58 pb | 300 pb | 670 pb | 110 pb

ARNm après épissage constitutif

5' UTR | Exon 1 | Exon 2 | Exon 3 | 3' UTR

**ARNm après épissage alternatif (exons 1 et 3)**

5' UTR | Exon 1 | Exon 3 | 3' UTR

Dans le **transcrit primaire**, toutes les séquences sont présentes, y compris les exons et les introns. Dans l'**ARNm après épissage constitutif**, seuls les exons sont présents, et les introns sont éliminés.

Dans l'**ARNm après épissage alternatif**, uniquement les exons 1 et 3 sont présents, et l'exon 2 est également éliminé, laissant ainsi un ARN qui n'inclut que ces deux exons.

**EXERCICE 4**

Nombre de nucleotides=Nombre d’acides amine×3 1728Nombre de nucleotides=576×3=1728

Donc, il y a au minimum **1728 nucléotides** dans le transcrit primaire.

Nombre de paires de nucleotides= 1728 Pb

**Introns** : La présence d'introns dans le gène de structure. Ces régions non codantes sont présentes entre les exons et doivent être considérées dans la séquence totale de l'ADN. Cela augmenterait le nombre total de nucléotides dans le gène.

**Régions régulatrices** : Des séquences en amont (promoteurs) et en aval (éléments régulateurs) qui peuvent être présentes dans le gène, mais qui ne codent pas pour des acides aminés, augmentent également le nombre total de nucléotides.

**Épissage alternatif** : Si le gène subit un épissage alternatif, plusieurs ARN messagers (ARNm) peuvent être produits, ce qui pourrait augmenter la complexité et le nombre de nucléotides associés à la régulation de l'expression génique.

**Codons stop** : Les codons stop (qui ne sont pas traduits en acides aminés mais qui nécessitent également des nucléotides) peuvent également augmenter le nombre de nucléotides dans le gène.