



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية  
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي  
جامعة وهران للعلوم والتكنولوجيا محمد بوضياف



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE  
MINISTRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE  
SCIENTIFIQUE

Université des Sciences et de la Technologie d'Oran Mohamed BOUDIAF  
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie  
Département de Génétique Moléculaire Appliquée

Polycopié de travaux dirigés

## Génétique des eucaryotes

Travaux dirigés destinés aux étudiants de troisième année Licence de  
Génétique

Elaboré par :

Dr LARDJAM- HETRAF Aicha Sarah

Année universitaire

2024/2025

## Avant propos

L'essor de la génétique a permis d'unifier des disciplines apparemment disparates. En effet, tout processus biologique, considéré à n'importe quel niveau d'organisation : cellule, individu, population, implique des gènes. Tout être vivant est donc avant tout le fruit de son génome.

La génétique, ou sciences de l'hérédité, est ainsi devenue le domaine unificateur et central des sciences biologiques. L'afflux permanent d'informations nouvelles rend la génétique fascinante, mais oblige les étudiants à assimiler une énorme quantité de connaissances. C'est pourquoi il existe de nombreuses disciplines sont enseignées aux étudiants en génétique.

Le présent support de travaux dirigés offre une vue d'ensemble des problèmes relatifs à la **génétique des eucaryotes**, à travers la pratique d'exercices concrets. Ce polycopié est conçu pour accompagner l'apprentissage des étudiants en troisième année de licence académique en Génétique, semestre 5 (Unité d'enseignement Fondamentale 1 : Génétique des Procaryotes et des Eucaryotes, Coefficient : 3, Crédits : 6). Le contenu de cet ouvrage propose une grande variété d'exercices corrigés afin d'offrir aux étudiants l'opportunité d'approfondir leurs connaissances et de développer leurs compétences dans ce domaine fascinant.

Ce support contient sept fiches de travaux dirigés, chacune étant accompagnée de corrigés détaillés pour vous aider à mieux comprendre les concepts abordés. La conception des fiches TD vise à renforcer les connaissances des étudiants sur des chapitres clés :

- **Chapitre I : Constitution et dynamique du matériel génétique eucaryote** : Cette fiche est consacrée à l'analyse de la composition, de la structure et des propriétés physicochimiques de la molécule d'ADN.
- **Chapitre II : Organisation du génome eucaryote** : Le problème proposé dans cette fiche permet de détailler les différentes classes cinétiques de l'ADN.
- **Chapitre III : Mécanismes de la réplication et de la transcription** : La série d'exercices proposés dans cette fiche portent sur la biologie moléculaire, notamment les processus de réplication et de la transcription.

- **Chapitre IV : Mécanismes de la transcription** : Les exercices de cette quatrième fiche visent à approfondir les connaissances des étudiants sur le processus d'expression des gènes.
- **Chapitre V : Mécanismes de la traduction** : Dans cette fiche, la série d'exercices proposée permet de découvrir le passage de l'ARN messager aux protéines.
- **Chapitre VI : Mutations** : Le problème proposé dans cette fiche a pour but d'illustrer les différentes altérations de l'ADN et leurs impacts sur l'ARNm et sur la protéine.
- **Chapitre VII : Régulation de l'expression des gènes** — Cette dernière fiche de TD propose un problème qui illustre l'expérience de « foot printing », largement utilisée dans l'exploration des sites de régulation de l'expression des gènes.

## Résumé

La génétique, souvent appelée sciences de l'hérédité, s'est affirmée comme le pilier central des sciences biologiques. L'abondance d'informations nouvelles rend ce champ d'étude fascinant, mais impose aux étudiants la nécessité d'assimiler une multitude de connaissances. C'est pourquoi de nombreuses spécialités sont proposées aux étudiants en génétique. Le présent support de travaux dirigés offre une vue d'ensemble des problèmes relatifs à la **génétique des eucaryotes**, à travers la pratique d'exercices concrets. Ce polycopié est conçu pour accompagner l'apprentissage des étudiants en troisième année de licence académique en Génétique. Le contenu de ce polycopié propose une grande variété d'exercices corrigés répartis sur sept fiches de travaux dirigés. L'un des buts essentiels dans l'écriture de ce polycopié a été d'offrir aux étudiants l'opportunité d'approfondir leurs connaissances et de développer leurs compétences dans ce domaine fascinant. La maîtrise des exercices de génétique des eucaryotes permettra aux étudiants de briller dans tous les domaines de la biologie moléculaire et de se doter ainsi de compétences essentielles pour leur parcours académique et professionnel.

## Sommaire

<b>Fiche TD n01</b>	<b>1</b>
<b>Corrigé type fiche TD n01</b>	<b>3</b>
<b>Fiche TD n02</b>	<b>7</b>
<b>Corrigé type fiche TD n02</b>	<b>8</b>
<b>Fiche TD n03</b>	<b>9</b>
<b>Corrigé type fiche TD n03</b>	<b>11</b>
<b>Fiche TD n04</b>	<b>15</b>
<b>Corrigé type fiche TD n04</b>	<b>17</b>
<b>Fiche TD n05</b>	<b>19</b>
<b>Corrigé type fiche TD n05</b>	<b>20</b>
<b>Fiche TD n06</b>	<b>23</b>
<b>Corrigé type fiche TD n06</b>	<b>25</b>
<b>Fiche TD n07</b>	<b>27</b>
<b>Corrigé type fiche TD n07</b>	<b>29</b>

Fiche TD N° 1

**Exercice n°1**

Un biochimiste détermine la teneur en l'une des quatre bases azotées de 3 échantillons d'ADN, ses résultats se présentent comme suit :

Echantillon	Base analysée	Pourcentage
1	Cytosine	15
2	Guanine	15
3	Thymine	15

Lequel de ces échantillons ne peut provenir du même organisme que les deux autres ?

**Exercice n°2**

Soit un ADN de composition suivante : A=21%, T=21%, G=29% et C=29%. On chauffe rapidement la solution d'ADN à 90°C puis on refroidit rapidement. Dans ces conditions on libère deux catégories de molécules : l'une de densité  $d=1.685$  et l'autre  $=1.710$ . L'analyse de la première fraction montre que la composition est A=4%, T=38%, G=26% et C=32%.

Reconstituer la structure de cet ADN.

**Exercice n°3**

Si une chaîne d'ADN se lit : 5'-ATCGGACT-3', sa chaîne complémentaire sera :

a) 5'-AGTCCGAT-3' ou b) 5'-TAGCCTGA-3'

**Exercice n°4**

Est-il vrai que l'ADN du type Watson et Crick contient 50% de purines et 50% de pyrimidines ? et que si la teneur en pourcentage de l'une des bases azotée est connue, celle des autres bases sont en même temps approximativement connues ?

**Exercice n°5**

Le poids moléculaire d'un ADN double brin a été estimé à  $3,8 \times 10^6$  daltons.

Diverses caractéristiques de cet ADN ont également été déterminées :

Rapport A/T ; rapport G/C ; rapport A+G/T+C ; pourcentage de paires de bases GC ; température de fusion ( $T_m$ ) et nombre de paires de bases par tour de spires.

1. Calculez le nombre de paires de bases compris dans cet ADN.
2. En cas de comparaison des paramètres analysés ci-dessus avec ceux d'ADN d'espèces différentes, donnez les résultats prévisibles en termes de stabilité ou de variabilité.

**Exercice n°6**

L'analyse des bases azotées de trois ADN a donné les résultats qui suivent :

Type d'ADN	A	G	T	C
ADN A	15	36	16	34
ADN B	5	10	25	60
ADN C	48	2	48	2

1. Classez ces différents ADN par ordre décroissant des  $T_m$  prévisibles et justifiez votre réponse.
2. Indiquez la structure prévisible des différents ADN.

Le traitement de ces différents ADN par des exonucléases révèle que les ADN A et B sont hydrolysés par ces enzymes tandis que l'ADN C est résistant

3. Après avoir précisé le mode d'action des exonucléases expliquez la résistance de l'ADN C à ce type de nucléases

**Corrigé fiche TDN°01**

**Exercice 1**

On calcule les pourcentages des bases azotées pour chaque échantillon

**Echantillon 01 :**

Si C(%) = 15% donc G(%)= 15%

A+T= 100 -(15+15)

A+T=70% puisque A(%) = T(%) et G(%) = C(%), ainsi A+T= 70/2=35%.

Résultats : composition en bases de l'échantillon 01 : C(%) = 15% , G= 15%, A=35% et T=35%.

**Echantillon 02 :**

Si G(%) = 15% donc C= 15%

A+T= 100 -(15+15)

A+T=70% puisque A(%) = T(%) et G(%) = C(%), ainsi A+T= 70/2=35%.

Résultats : composition en bases de l'échantillon 2: C(%) = 15% , G= 15%, A=35% et T=35%.

**Echantillon 03 : Si T(%) = 15% donc A= 15%**

G+C= 100 -(15+15)

G+C=70% puisque A(%) = T(%) et G(%) = C(%), ainsi G+C= 70/2=35%.

Résultats : composition en bases de l'échantillon 3: A(%) = 15% , T= 15%, G=35% et C=35%.

**Conclusion : l'échantillon 03 ne fait pas parti du même organisme auquel appartiens les deux autres échantillons.**

**Exercice 02 :**

Molécule mère : A=21%, T=21%, G= 29% et C=29%

Cette molécule mère libère après dénaturation deux brins monocaténaire :

Brin 1 : A=4%, T=38%, G= 26% et C=32% on peut donc déduire que :

Brin 2 : T=4%, A=38%, C= 26% et G=32%

Si notre hypothèse est correcte on reconstitue la molécule mère comme suit :

Base (molécule mère) = [base (brin1) + base (brin2)]/2.

A (molécule mère) = [A (brin1) + A (brin2)]/2 alors : A (molécule mère) = [4% + 38]/2

Ainsi A (molécule mère) = 21%

T (molécule mère) = [T (brin1) + T (brin2)]/2 alors : T (molécule mère) = [4% + 38]/2

Ainsi T (molécule mère) = 21%

C (molécule mère) = [C (brin1) + C (brin2)]/2 alors : C (molécule mère) = [26% + 32]/2

Ainsi C (molécule mère) = 29%

G (molécule mère) = [G (brin1) + G (brin2)]/2 alors : G (molécule mère) = [26% + 32]/2

Ainsi G (molécule mère) = 29%

**Remarque : les deux brins libérés sont de densités différentes ceci dépend du pourcentage des purines.**

**Exercice 03 :**

**La séquence complémentaire est la séquence A car elle respecte les conditions de complémentarité et elle est antiparallèle.**

**Exercice 04 :**

I/ Selon l'équation de Chargaff,  $(A+G)/(T+C)=1$  donc :

✓  $\Sigma A(\%) + T(\%) + G(\%) + C(\%) = 100\%$  et sachant que  $A(\%) = T(\%)$  et  $G(\%) = C(\%)$

✓ A et G sont des purines, T et C sont des pyrimidines

**Conclusion : Oui, l'ADN du type Watson et Crick contient 50% de purines et 50% de pyrimidines.**

II/ puisque la somme des pourcentages des bases azotées est égale à 100% :

$\Sigma A(\%) + T(\%) + G(\%) + C(\%) = 100\%$

et  $A(\%) = T(\%)$  et  $G(\%) = C(\%)$

Exemple : si  $A(\%) = 20\%$  donc  $T = 20\%$

$$G+C = 100 - (A+T)$$

$$G+C = 100 - (20+20)$$

$G+C = 100 - (40)$  alors  $G+C = 60\%$ , puisque  $G(\%) = C(\%)$ , ainsi :  $G(\%) = C(\%) = 60/2 = 30\%$ .

**Conclusion : si la teneur en pourcentage de l'une des bases azotées est connue, celle des autres bases sont en même temps approximativement connues.**

### **Exercice 05 :**

Les résultats du tableau indiquent que :

I/ Les ADN A et C sont des molécules double brins, cependant l'ADN B est simple brin ( $A \neq T$  et  $G \neq C$ )

Ainsi l'ADN B n'a pas de  $T_m$ .

Concernant l'ADNA, les pourcentages des bases ne sont pas égaux ( $A \sim T$  et  $G \sim C$ ). Ceci peut être expliqué par la présence des extrémités cohésives.

II/ La comparaison des  $T_m$  entre les ADNA et C repose sur le pourcentage des triple liaisons. L'ADN A comprend 36% de G et 34% de C alors que l'ADN C comprend seulement 2% de G et 2% de C donc :

$T_m$  (ADNA) est plus élevée que  $T_m$  (ADNC).

III/ Les exonucléases hydrolysent l'ADN à partir des extrémités libres. Si l'ADNC résiste à l'action des exonucléase, il ne peut donc être qu'un ADN circulaire. Exemple : plasmide.

### **Exercice 05 :**

- Paramètres stables : Rapport A/T ; rapport G/C ; rapport A+G/T+C ; nombre de paires de bases par tour de spire.
- Paramètres variables : pourcentage de paires de bases GC ; température de fusion ( $T_m$ ).

PM (ADN) =  $3.6 \times 10^6$  Da (une molécule d'ADN = double brin)

PM(base) = 300 Da ainsi PM (paire de base) = 600 Da.

1/ Calcul du nombre de pb compris dans la molécule d'ADN :

1pb.....600Da

x..... $3.6 \times 10^6$  Da alors  $x = 6 \times 10^3$  pb

2/ calcul de la longueur de la molécule d'ADN

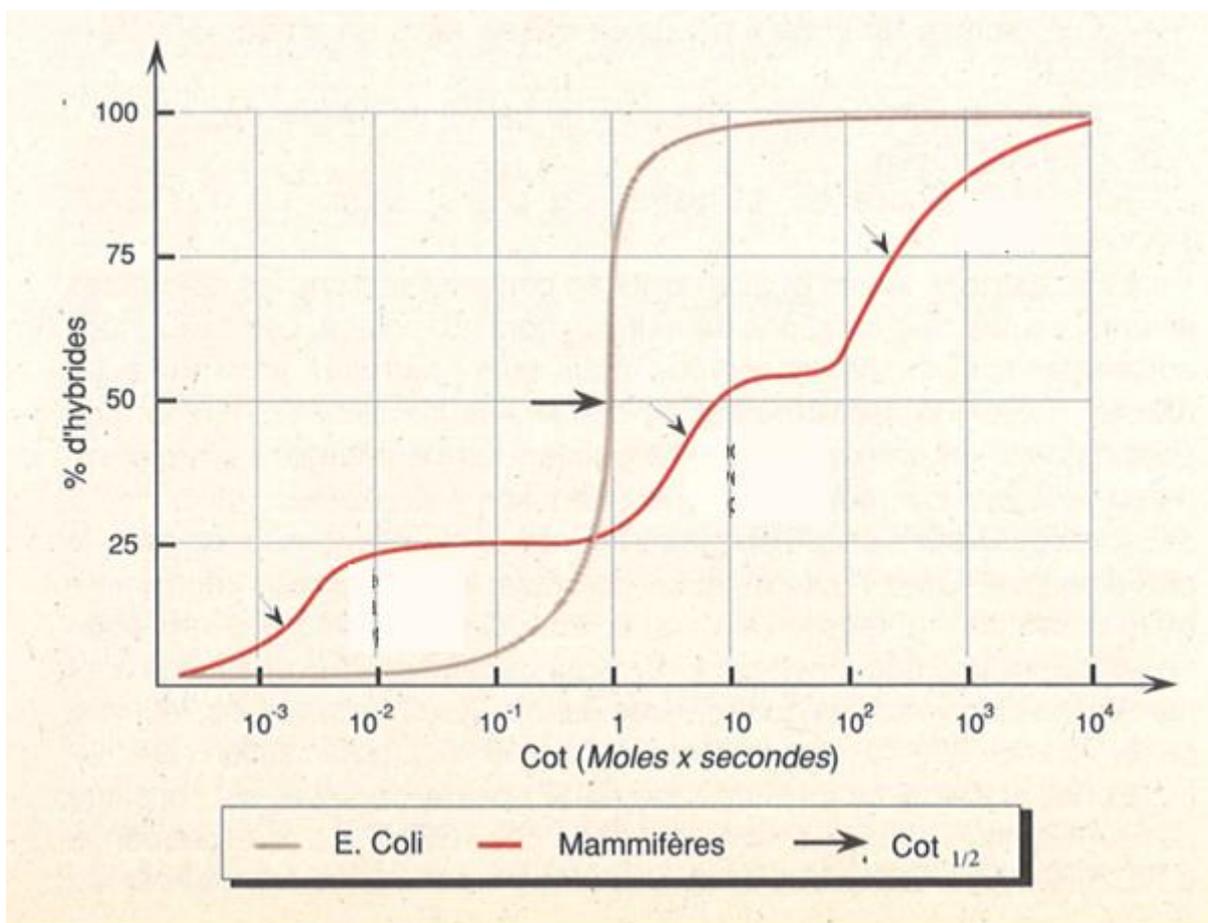
10pb.....3.4nm

$6 \times 10^3$  pb.....y donc  $y = 2040$  nm

Fiche TD N°02

**Exercice :**

Pour déterminer la nature globale des séquences d'ADN génomique des cellules eucaryotes ou procaryotes, on procède souvent à l'étude de la vitesse de réassociation des sous fragments de ces ADN. La figure ci-dessous présente les courbes typiques de réassociation obtenues à partir de l'étude d'un ADN de mammifère et d'une cellule procaryote.



1. Commentez ces courbes
2. A partir de l'analyse de ces courbes, déterminez les différents cot<sub>1/2</sub> de ces ADN
3. Que peut on conclure sur la nature globale des séquences d'ADN procaryote et eucaryote ?

**Corrigé fiche TDN°02**

1/ la courbe d'hybridation des fragments d'ADN de Ecoli est sigmoïde. Le caractère homogène de cette courbe suggère que les séquences d'ADN de Ecoli ont la même vitesse de réassociation.

- La courbe d'hybridation de l'ADN des mammifères est en revanche moins précise et plus complexe, on peut la subdiviser en trois courbes sigmoïdes.

2/ le  $Cot \frac{1}{2}$  de Ecoli est de 1 mole/Lx s

Pour les mammifères on distingue 3  $Cot \frac{1}{2}$  :

$$Cot \frac{1}{2} = 3 \times 10^{-3} \text{ mole/Lxs}$$

$$Cot \frac{1}{2} = 5 \text{ mole/Lxs}$$

$$Cot \frac{1}{2} = 5 \times 10^2 \text{ mole/Lxs}$$

3/ la présence de trois courbes sigmoïdes suggère que tous les segments d'ADN des eucaryotes n'ont pas la même vitesse de réassociation. En vu des  $Cot \frac{1}{2}$  qui diffèrent on peut subdiviser l'ADN des eucaryotes en trois catégories :

A/ une catégorie qui se réassocie rapidement avec un  $Cot \frac{1}{2} = 3 \times 10^{-3}$  mole/Lxs. Cette classe correspond aux séquences hautement répétées ;

B/ une catégorie qui se réassocie à une vitesse moyenne ( $Cot \frac{1}{2} = 5$  mole/Lxs). Cette classe correspond à l'ADN moyennement répété ;

C/ une catégorie qui se réassocie à une vitesse très lente ( $Cot \frac{1}{2} = 5 \times 10^2$  mole/Lxs). Cette classe correspond à l'ADN rare (génique).

**Fiche TD N° 3**

**Exercice 01 :**

Le chromosome d'E.coli a une masse moléculaire de  $2,50 \cdot 10^9$  Da.

1. Combien de paires de nucléotides contient l'ADN d'E.coli, sachant que la masse molaire moyenne d'un désoxyribonucléotide est de 330 Da ?
2. Quelle est la longueur de cette molécule d'ADN ?
3. Quel est le nombre de tours d'hélice de cette molécule d'ADN ?
4. Si 80% du chromosome code pour des protéines, combien de protéines d'une masse moléculaire moyenne de 60 000 Da pourront être synthétisées ? On estime à 120 Da la masse moléculaire d'un acide aminé.

**Exercice 02 :**

Soit un gène eucaryote codant pour une protéine et constitué de 2100 pb. Sachant que ce gène contient trois introns, respectivement de 100, 200 et 900 pb :

1. Quelle est la taille de l'ARN produit par transcription de ce gène ?
2. Quelles sont les différentes modifications que subit l'ARN après synthèse ?
3. Quelle est la taille de l'ARNm cytoplasmique correspondant à ce gène ?

**Problème :**

Dans le cadre d'étude portant sur la comparaison entre génomes d'espèces différentes, on a regroupé un certain nombre de données portant, d'une part sur des procaryotes, d'autre part sur des eucaryotes.

Pour toutes les espèces, on trouve des données communes :

- 10 pb mesurent 3,4 nm
- 1 pb pèse 660 Da.

On estime la masse moyenne d'une protéine à 55 000 Da.

On estime la masse moyenne d'un acide aminé à 110 Da.

- A. On dispose des données suivantes sur une bactérie, un virus et un rétrovirus. E.coli possède un ADN de  $4 \cdot 10^6$  pb et cette molécule d'ADN pèse  $2,64 \cdot 10^9$  DA. Le

bactériophage T4 possède un ADN circulaire de 54,4  $\mu$ m. Le rétrovirus du SIDA, le VIH possède un ARN de 9200 nucléotides.

1) Pour les trois espèces, la totalité de l'ADN sert à coder des protéines. Calculer pour chacune d'elles, la longueur moyenne d'un gène.

2) Donner ensuite le nombre de gènes existant dans le génome de chacune d'elles.

B. On dispose de données portant sur la souris et sur l'homme.

1) Chez la souris, l'ADN total a une longueur de 1,36 m et code 30 000 protéines différentes. A quelle longueur d'ADN correspond l'ensemble des gènes de structure chez cette espèce ?

2) Chez l'homme, sur le chromosome X, le gène qui code l'un des facteurs coagulants du sang mesure 186 000 pb, et la protéine correspondante (l'un des nombreux facteurs anti - hémophiles) est formée de 3100 aa.

- Quelle est la longueur en pb de l'ARNm de cette protéine ?
- A quelle fraction d'ADN de ce gène correspond l'ARNm de cette protéine ?

3) Pour tous les eucaryotes, comment peut – on expliquer que, pour toutes ces espèces, seul quelque % de l'ADN total s'expriment sous forme de protéines ?

Corrigé fiche TDN°03

**Exercice 01 :**

Sachant que le Pm (ADN)=  $2.5 \times 10^9$  Da ; Pm (nucléotide)=330 Da et Pm (pb)=  
 $330 \times 2 = 660$  Da

1/ Nombre de Pb dans cet ADN :

1pb.....660Da

X pb..... $2,5 \times 10^9$  Da }  $x = 2,5 \times 10^9 / 660 = 3787878,87 \sim 3787878$  pb

2/ Longueur de la molécule d'AND:

10pb.....3,4 nm

3787878pb.....y }  $y = (3787878 \times 3,4) / 10 = 12878785.2$  nm =  $12878785.2 \times 10^{-9}$   
m

3/ Nombre de tours d'hélices :

10pb.....1 tours

3787878pb.....z tours }  $z = 3787878 / 10 = 378787.8 \sim 378787$  tours.

4/ Fraction d'ADN codant :

100%.....3787878pb

80%..... $\alpha$  }  $\alpha = (3787878 \times 80) / 100 = 3030302.4 \sim 3030302$ pb

Une protéine de 60000 Da correspond à 500 aa

1acide aminé .....120 Da

$\gamma$  acide aminé.....60000Da }  $\gamma = 60000 / 120 = 500$  aa

taille de l'ARNm de chaque protéine

1aa.....3bases

500 aa..... $\epsilon$  }  $\epsilon = 500 \times 3 = 1500$ bases

Nombres d'ARN codés par la fraction codante :

$3030302$  bases (ARN) /  $1500$  bases =  $2020.2 \sim 2020$  ARNm donc ça donne 2020 protéines.

**Exercice 02 :**

**Ici on ne prend pas en considération les tailles du promoteur, 5'UTR, 3'UTR et la queue poly A**

1/ Taille du gène = 2100 pb ;

ARN synthétisé par transcription = ARN<sub>prém</sub> = 2100 nucléotides

2/ Les différentes modifications que subit l'ARN<sub>prém</sub>

- Capping
- Excision-épissage
- Queue polyA
- 

3/ Taille de l'ARN cytoplasmique =  $2100 - (100 + 200 + 900) = 900$  bases

**Exercice 03 :**

Pour toutes les espèces, on trouve des données communes :

- 10 pb mesurent 3,4 nm
- 1 pb pèse 660 Da.
- On estime la masse moyenne d'une protéine à 55 000 Da.
- On estime la masse moyenne d'un acide aminé à 110 Da.

A/ longueur moyenne d'un gène :

Une protéine de 55000 Da est composée de 500 aa

1 aa.....110 Da

Xaa.....55000 Da}  $x = 55000/110 = 500$  aa

Taille de l'ARN<sub>m</sub> :

1aa.....codé par 3 bases

500 aa.....}  $y = 500 \times 3 = 1500$  bases, ainsi, la taille d'un gène  
=1500pb

Longueur du gène :

10pb.....3,4nm

1500pb.....z} z= (1500x3,4) /10=510 nm= 510 x10<sup>-9</sup> m

Nombre de gènes par espèce

Bactérie E coli	Phage T4	Rétrovirus VIH
<p>Pm (ADN)=2,64x10<sup>9</sup> Da</p> <p>Taille de l'ADN= 4x10<sup>6</sup> pb</p> <p>Sachant que la taille de l'ARNm =1500 bases donc taille du gène =1500pb</p> <p>Nombre de gènes = (4x10<sup>6</sup>) / 1500= 2666.6 ~2666 gènes.</p>	<p>Longueur de l'ADN=54,4µm</p> <p>Taille de l'ADN :</p> <p>Sachant que :</p> <p>10pb.....3,4 nm</p> <p>x.....54,4x10<sup>3</sup> nm} x= (54,4x10<sup>3</sup> x 10)/3,4</p> <p>x=160000pb</p> <p>taille de l'AND est de 160000pb</p> <p>nombre de gène :</p> <p>160000/1500 =106.6 ~106 gènes</p>	<p>Taille de l'ARN 9200 bases</p> <p>Nombre de gènes :</p> <p>9200/1500=6,13~ 6 gènes</p>

B/

Souris	Homme
<p>Longueur de l'ADN= 1,36 m codant pour 300000 protéines donc si la taille d'un seul ARNm =1500 bases donc la taille de 300000 ARNms est :</p> <p>1500x30000= 45 x10<sup>6</sup> bases</p> <p>Longueur de toutes les séquences codantes :</p> <p>Puisque l'ARN ne contient que les séquences</p>	<p>Longueur de l'ARNm :</p> <p>1 aa.....3 bases</p> <p>3100aa.....z} z= 3100x3=9300 bases</p> <p>Si 186000pb est la taille du gène donc 186000pb.....100%</p> <p>9300pb.....α }</p> <p>α=(9300x100)/186000</p> <p>Donc α= 5%</p>

<p>codantes donc la taille de toutes les séquences codantes sur le génome est <math>45 \times 10^6</math> pb</p> <p><math>10 \text{ pb} \dots \dots \dots 3,4 \text{ nm}</math></p> <p><math>45 \times 10^6 \text{ pb} \dots \dots \dots y \} y = (45 \times 10^6 \times 3,4) / 10</math></p> <p><math>Y = 15,3 \times 10^6 \text{ nm}</math></p>	<p>Cette partie représente 5% du gène.</p>
---	--

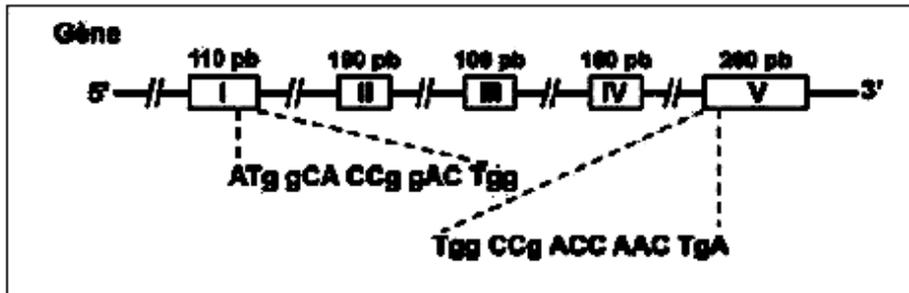
c/ Pour tous les eucaryotes, comment peut-on expliquer que, pour toutes ces espèces, seul quelque % de l'ADN total s'exprime sous forme de protéines ?

En effet, chez les eucaryotes une grande partie du génome est non codante. Cette fraction représente les séquences régulatrices, les séquences intergéniques ainsi que les séquences répétées que l'on retrouve au niveau des télomères et les centromères.

Fiche TD N° 4

**Exercice 01 :**

Soit la structure du gène codant pour l'enzyme E :



1. Combien d'introns comporte ce gène ?
2. Si la taille de chaque intron est de 10kpb, et celle du promoteur de 100pb, quelle est, sans compter d'autres séquences régulatrices éventuelles la taille du gène ?
3. Si tous les exons sont conservés au cours de l'épissage, quelle sera, sans compter la coiffe et la queue poly A, la taille du transcrit primaire et la taille de l'ARNm ?
4. En adoptant la même représentation que celle du gène de l'enzyme E, représentez la structure du transcrit primaire, celle de l'ARNm et celle d'un ARNm qui résulterait d'un épissage alternatif da votre choix ?
5. Quelle est la taille totale des séquences codantes du gène qui code l'enzyme E ?
6. Quelle est le nombre d'acide aminés de l'enzyme E ?

**Exercice 02 :**

Un gène d'une cellule A est composé de 900 paires de bases et la protéine codée par ce gène à un poids moléculaire de 30000d.

Un gène d'une cellule B à un poids moléculaire de 1.320.000d et la protéine qui est codée par ce gène est composé de 400 acides aminés.

Pour la cellule A ainsi que pour la cellule B, on réalise une hybridation entre l'ARN et l'ADN codant.

A partir des résultats d'hybridation obtenus, quelles sont vos conclusion concernant les cellules A et cellules B ?

*PM d'un acide aminé = 100 dalton, PM d'un nucléotide =300 dalton*

**Exercice 03 :**

Un ADN monocaténaire (brin +) présente la composition en bases suivante :

G=24%, C=18%, A=25%, et T=33%

En présence d'ADN polymérase, le brin d'ADN complémentaire (-) est formé. Quelle est la composition en base du brin (-) néoformé, et celle de l'ADN bicaténaire (+-) ?

L'ARN polymérase ne transcrit que le brin (-), quelle sera alors la composition en bases de l'ARN formé ?

**Exercice 04 :**

Soit un fragment de chromosome bactérien contenant  $9 \times 10^6$  paires de bases.

Combien de nucléotides comporte-t-il ?

Une partie de cet ADN est séquencée. En voici la composition :

3'TAG TGT TTC TTC TTT 5'

Donnez la composition du brin d'ADN complémentaire ainsi que sa polarité.

Donnez la séquence d'ARN correspondante.

Corrigé fiche TD N04

**Exercice 01 :**

1. Ce gène contient 4 introns.

**Ici on ne prend pas en considération la taille de 5'UTR, 3'UTR et la queue poly A**

2. Taille du gène = taille de promoteur+ taille de l'ensemble des exons + taille de l'ensemble des introns

$$\text{Taille du gène} = 100\text{pb} + (110\text{ pb} + 100\text{ pb} + 100\text{ pb} + 100\text{ pb} + 200\text{ pb}) + 4 * 10000\text{pb}$$

$$\text{Taille du gène} = 40710\text{pb}$$

3. Taille du transcrit primaire (ARN pré messager) =  $\Sigma$ introns + exons

$$\text{Taille du transcrit primaire} = (110\text{ b} + 100\text{ b} + 100\text{ b} + 100\text{ b} + 200\text{ b}) + 4 * 10000\text{b}$$

$$\text{Taille du transcrit primaire} = 40610 \text{ **bases**}$$

$$\text{Taille de l'ARNm} = \Sigma \text{exons}$$

$$\text{Taille de l'ARNm} = 110\text{ b} + 100\text{ b} + 100\text{ b} + 100\text{ b} + 200\text{ b} = 610 \text{ **bases**}$$

4. se fait dans la séance de TD.

5. la taille totale des séquences codantes =  $15\text{ b} + 100 + 100 + 100 + 15$

$$\text{la taille totale des séquences codantes} = 330 \text{ bases}$$

$$6. \text{ nombre d'acide aminés} = (330 - 3) / 3 = 327 / 3 = 109 \text{ acides aminés.}$$

**Exercice 02 :**

I/ La taille du gène de la cellule A : 900pb, code pour une protéine de 30000 Da

Sachant que  $P_m(\text{aa}) = 100\text{ Da}$

$$\text{Alors nombre d'aa} = 30000 / 100 = 300 \text{ aa ;}$$

Taille de l'ARNm

$$300 \times 3 = 900 \text{ bases} + 3 \text{ bases (stop)} = 903 \text{ bases.}$$

II/ Pour la cellule B :

PM de l'ADN = 1320000 Da ; sachant que le PM (aa) = 300 Da alors

$$\text{Nombre de bases} : 1320000 / 300 = 4400 \text{ bases ce qui équivaut } 2200 \text{ pb}$$

La protéine de la cellule B est composée de 400 aa

Taille de l'ARNm =  $400 \times 3 = 1200$  bases + 3 bases (stop) = 1203 bases.

**Conclusion :** la cellule A est une cellule procaryote car son ADN code pour un ARNm mature qui a la même taille que le gène ;

La cellule B correspond à une cellule eucaryote car la taille de l'ARNm est considérablement plus courte que l'ADN.

**Exercice 03 :**

Brin (+) : G=24% ; C=18% ; A=25% ; T=33%

Brin (-) : C=24% ; G=18% ; T=25% ; A=33%

ADN (+/-) : G=21% ; C=21% ; A=29% ; T=29%

ARNm : G=24% ; C=18% ; A=25% ; U=33%

**Exercice 4 :**

Taille de l'ADN est  $2 \times 9 \times 10 = 180$  bases ;

Composition de l'ADN complémentaire :

5' ATCACAAAGAAA3'

Séquence de l'ARN

5' AUC ACAAAGAAA3'

**Fiche TD N°05**

**Exercice 01 :**

Un ARN de synthèse est fabriqué dans une solution contenant un mélange d'uridine et d'adénosine dans les proportions 3U pour 2A.

- 1- quels sont les différents codons qui seront réalisés ?
- 2- quelle est la fréquence de chacun ?

**Exercice 02 :**

Une séquence d'acides aminés est composée de la façon suivante : Met-Val-His.

- 1- Combien d'ARNm peut coder cette mini protéine ?

Une autre séquence est composée de : Met-Val-His-Ser-Pro-Leu-Val-Phe-Asp

- 2- Quel est le nombre d'ARNm possibles dans ce cas ?
- 3- Mis à part le codon de départ AUG codant pour la méthionine, quels sont les acides aminés qui risquent d'être remplacés le plus fréquemment si un changement intervient dans la 3<sup>ème</sup> lettre de chaque codon, dans la 2<sup>ème</sup>, ou dans la 1<sup>ère</sup> lettre du codon

**Exercice 03 :**

Compléter le tableau ci-joint en orientant les différentes séquences

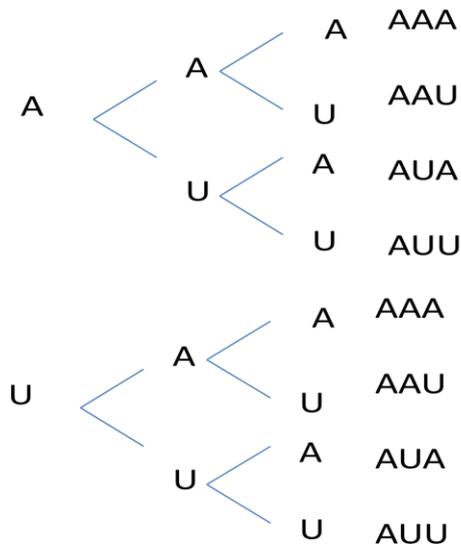
ADN double brin		CAT			GAA	ATA		
ARNm			GUC					
Anti-codon				CAG				
Acides-Aminés					Lys		Trp	

Corrigé fiche TD N°05

**Exercice 01 :**

Cet ARN de synthèse est fabriqué dans une solution contenant un mélange d'uridine et d'adénosine dans les proportions 3U pour 2A. Donc, dans un mélange contenant 5 fractions il y a 2 fractions de A et 3 fractions de U.

les différents codons qui pourront être réalisés sont les suivants :



Calculez la fréquence de chaque codon :

Fréquence de A=2/5 et fréquence de U=3/5

Fréquence de AAA=  $2/5 \times 2/5 \times 2/5 = 8/125$

Fréquence de AAU=  $2/5 \times 2/5 \times 3/5 = 12/125$

Fréquence de AUA=  $2/5 \times 3/5 \times 2/5 = 12/125$

Fréquence de AUU=  $2/5 \times 3/5 \times 3/5 = 18/125$

Fréquence de UAA=  $3/5 \times 2/5 \times 2/5 = 12/125$

Fréquence de UAU=  $3/5 \times 2/5 \times 3/5 = 18/125$

Fréquence de UUA=  $3/5 \times 3/5 \times 2/5 = 18/125$

Fréquence de UUU=  $3/5 \times 3/5 \times 3/5 = 27/125$

**Exercice 2 :**

Soit la séquence suivante Met-Val-His.

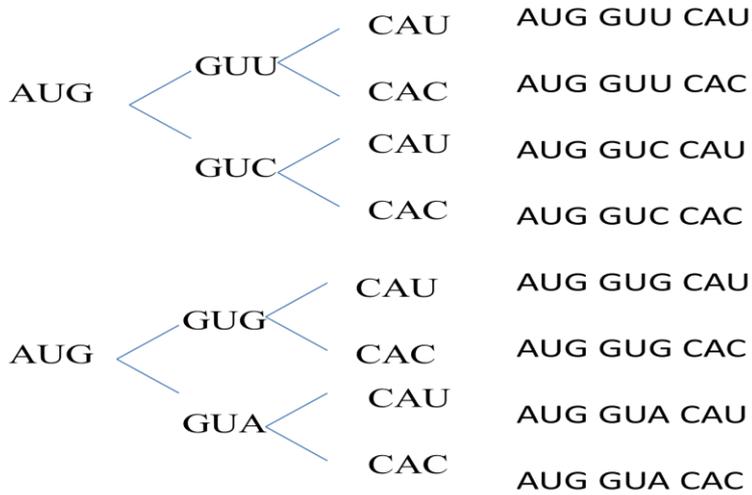
Sur le code génétique on retrouve les codons suivants

Met : AUG

Val : GUU, GUC, GUG, GUA

His : CAU, CAC

Les ARNm qui pourront coder pour cette mini séquence sont les suivants :



8 ARNm possibles.

Le nombre d'ARNm peut être aussi calculé :

Met : AUG (1codon)

Val : GUU, GUC, GUG, GUA (4 codons)

His : CAU, CAC (2 codons)

$1 \times 4 \times 2 = 8$  ARNm.

2/ la séquence est plus longue donc on ne peut pas écrire toutes les séquences des ARNm par branchement mais on va les calculer :

Met-Val-His-Ser-Pro-Leu-Val-Phe-Asp

### Met-Val-His-Ser-Pro-Leu-Val-Phe-Asp

AUG –GUU CAU UCU CCU CUU GUU UUU GAU  
 GUG CAC– UCA CCA CUA GUG UUC – GAC –  
 GUC UCG CCG CUG GUC  
 GUA – UCC CCC– CUA– GUA –  
 AGU  
 AGC–

Le nombre d'ARN m possible est:  $1 \times 4 \times 2 \times 6 \times 4 \times 6 \times 4 \times 2 \times 2 = 18432$  ARNm.

3/ la mutation touchant la 3ème base du codon est sans conséquence sur les acides aminés codés au moins par 4 codons. Cependant, tous les autres acides aminés sont forcément remplacés voir dans certains cas éliminés de la chaîne polypeptidique. Par ailleurs, si la mutation touche la 1ère ou la 2ème base du codon, tous les acides aminés sont forcément remplacés voir dans certains cas éliminés de la chaîne polypeptidique.

**Exercice 03 :**

ADN double brin	Anti sens 5'	CAT	CAG	CAG	CTT	ATA	CCA	3'
	Sens 3'	GTA	GTC	GTC	GAA	TAT	GGT	5'
ARNm	3'	GUA	GUC	GUC	GAA	UAU	GGU	5'
Anti-codon	5'	CAU	CAG	CAG	CUU	CUA	CCA	3'
Acides- Aminés	COOH	Met	Leu	Leu	Lys	Trp	Trp	NH <sub>2</sub>

Fiche TD N° 06

**Problème :**

La lecture d'un ARNm s'arrête sur un codon de terminaison, mais le plus souvent, ce codon de terminaison ne marque pas la fin de l'ARNm et la séquence des bases continue au-delà du codon de terminaison. Dans la chaîne  $\alpha$  de l'hémoglobine humaine normale, il y a 141 acides aminés numérotés 1-2-3-4...141 ; mais des individus possédant une chaîne de 173 acides aminés, donc présentant 32 acides aminés supplémentaires (hémoglobine Constant Spring = CS), numérotés de 142 à 173. D'autres, enfin ont une hémoglobine W dont la chaîne  $\alpha$  a 146 acides aminés.

La chaîne  $\alpha$  normale a comme séquence d'acides aminés terminaux :

138 – 139 – 140 – 141

Ser Lys Tyr Arg

A ce niveau, la chaîne CS a comme séquence :

138- 139 - 140 - 141 - 142 – 143

SerLys Tyr Arg GlnAla

En comparant maintenant les séquences d'acides aminés des chaînes W et CS:

CS 138'139'140'141'142'143'144'145'146'147'148'

Ser lys tyrargglnala gly alaser val ala

W 138'' 139'' 140'' 141'' 142'' 143'' 144'' 145'' 146''

Ser asn thr val lys leu glu pro arg

On a montré que la perte d'une base sur l'un des triplets de l'AND, et donc sur l'ARNm, permettait d'expliquer le passage de l'hémoglobine CS à l'hémoglobine W.

- 1 – a) Donnez le numéro de l'acide aminé de l'hémoglobine CS dont le codon a été modifié.
- b) Précisez quelle peut être la modification subie.
- c) Vérifiez que cette hypothèse est recevable en comparant les ARNm des deux chaînes.

- 2 – En comparant les trois chaînes, est – il possible de donner les séquences complètes des ARNm des hémoglobines  $\alpha$  normales, CS et W pour le segment 139 à 148 (quand il existe) ?
- 3 – Pourquoi l'hémoglobine W n'a – t – elle que 146 acides aminés dans sa chaîne ?
- 4 – Quel est le nombre minimal de nucléotides de l'ARNm de l'hémoglobine CS ?

Corrigé fiche TD N°06

**CS : Ser Lys Tyr**

UCX AAA UAU  
 AGC AAG UAC  
 AGU

**W : Ser Asn Thr**

UCX AAU ACX  
 AGC AAC  
 AGU

1/ La mutation touche le codon N°139 ;

Cette mutation pouvait être une délétion d'une Adénine si Lys était codée par AAA, ou alors cette délétion pouvait concerner la Guanine si Lys était codée par AAG ? laissant apparaître Asp en position 139.

**CS : Ser Lys Tyr Arg Glu Ala Gly Ala Ser Val Ala**

UCX AAA UAU **CGX** **CAA** **GCX** **GGA** **GCX** **UCX** **GUX** **GCX**  
 AGC AAG UAC AGA GAG  
 AGU  
 AGU  
 AGC

**W : Ser Asn Thr / Val / Lys / Leu / Glu / Pro / Arg ---**

UCX AAU AUC GUC AAG CUG GAG CCU CGG UAGCX  
 AGC AAG UAC AGA GAG  
 AGU  
 AGU  
 AGC

2/ La mutation touchant la chaîne  $\alpha$  :

**$\alpha$ : Ser Lys Tyr Arg ---**

UCX AAA UAU CGU UAA

**La mutation a laisser apparaitre un codon stop en position 142.**

La chaine W ne contient que 146 aa parce que le decalage de cadre de lecture causé par la délétion de base était à l'origine de la création d'un codon stop en position 147.

3/ le nombre minimal de nucléotides de l'ARNm de l'hémoglobine CS :

$173 \times 3 + 3 \text{ (stop)} = 522 \text{ bases.}$

**Fiche TDN° 07**

**Problème :**

L'ADN eucaryote ou procaryote renferme certaines séquences nucléotidiques qui ne codent pas pour des protéines mais qui servent plutôt de sites d'interaction protéiques.

Ces sites peuvent être mis en évidence par l'action de la DNase I qui dans certaines conditions d'incubation, découpe l'ADN en des fragments reproductibles comme le fait une enzyme de restriction.

Le protocole d'identification d'un site de fixation « b » d'une protéine « p » sur un fragment « a » peut être brièvement présenté de la manière suivante (technique d'empreinte) :

- Marquage des extrémités 5' P du fragment d'ADN « a »
- Pré incubation du fragment « a » avec et sans la protéine « p »
- Cette incubation du fragment « a » avec la protéine « p » permet de fixer cette dernière sur le site « b ». le lot n'ayant pas fixé la protéine sert alors de témoin
- Digestion des fragments « a » par la DNase I.

Généralement cette enzyme de digestion coupe les liaisons phosphodiester au hasard sur l'un ou l'autre brin d'ADN. Dans ce type d'expérience on réalise des conditions d'incubation qui ne permettent qu'une seule coupure du fragment « a ». Cette digestion aléatoire de l'ADN qui ne s'opère qu'une seule fois par fragment aboutit à une population de sous-fragments de tailles différentes (voir figure ci-dessous).

Le lot de référence présente alors plus de fragment que le lot protégé :

- Dénaturation des brins et séparation par électrophorèse
- Autoradiographie sur gel

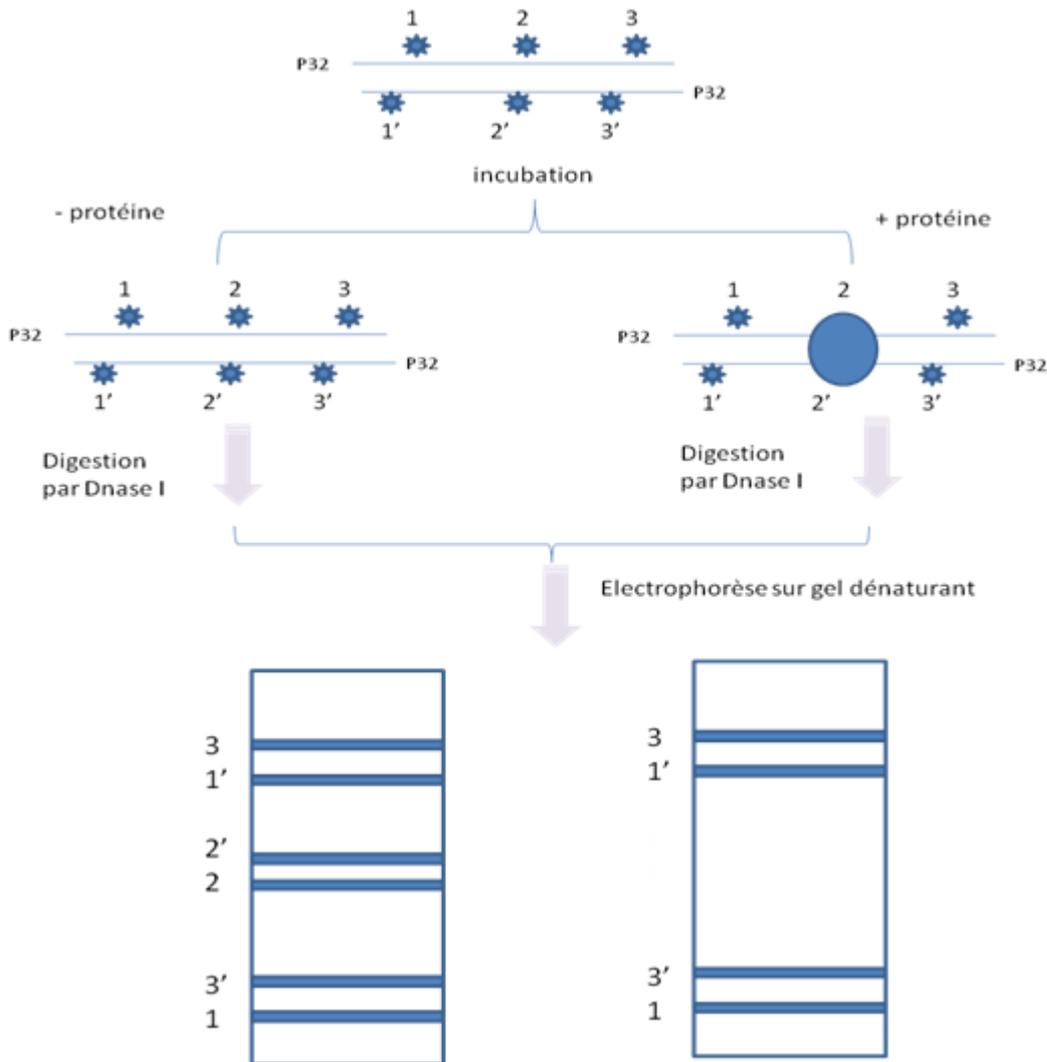
L'autoradiogramme du lot témoin a plus de sous-fragments marqués que celui du lot protégé.

La différence de marquage permet de repérer la zone de protection.

La figure ci-dessous schématise ces différentes étapes.

- 1- Tous les sous-fragments d'ADN générés par la DNaseI sont-ils visibles sur les autoradiogrammes ? justifiez votre réponse
- 2- Comment expliquez-vous la différence de marquage entre les deux autoradiogrammes ?

3- En admettant que la protéine « p » soit une ARN polymérase, indiquez le type de fragment auquel s'associerait cette protéine, lors d'une identification par la technique d'empreinte.



**Corrigé fiche TD N°07**

Non, tous les sous-fragments d'ADN générés par la DNaseI ne sont pas visibles sur les autoradiogrammes. Les seuls sous fragments visibles sur les autoradiogrammes sont ceux qui portent l'extrémité 5' marquée.

- 1- La différence de marquage entre les deux autoradiogrammes est due à l'absence de deux bandes de migration sur l'autoradiogramme du lot incubé avec la protéine « p » ; ainsi, la fixation de cette protéine protège les deux sites de digestion par la DNase I « site 2 et 2' »
- 2- En admettant que la protéine « p » soit une ARN polymérase, le fragment auquel s'associerait cette protéine serait la séquence promotrice.

**Références bibliographiques :**

- BROUSSAL G, VIAUD P, M'BATCHI B, MAVOUNGO E. exercices et problèmes de génétique. Médecine Sciences. Flammarion. 4<sup>e</sup> édition. 1997.
- CAMPAN et PANIEL. Biologie classe terminales. Paris. Hachette
- CLARK D.P, PAZDERNIK N.J. Molecular Biology: Principles and Practice": Academic Press. 2012
- CURGY JJ. Biologie 4. Exercices corrigés, biologie cellulaire et moléculaire, 3<sup>e</sup> édition. Paris, PUF, 1990.
- FREIFELDER D. Molecular Biology. Jones & Bartlett Learning. 2000
- KAPLAN J.C. ET DELPECH M. biologie moléculaire et médecine. 2<sup>e</sup>me édition. Médecine Sciences Flammarion. 1993.
- LODISH, H., BERK, A., ZIPURSKY, S.L., et al. (2016). *Molecular Cell Biology* (8th ed.). W.H. Freeman and Company.
- WATSON, J.D., BAKER, T.A., BELL, S.P., GANN, A., LEVINE, M., & LOSICK, R. (2013). *Molecular Biology of the Gene* (7th ed.). Pearson.
- WEAVER R.F. Molecular Biology. McGraw-Hill Education. 2013
-