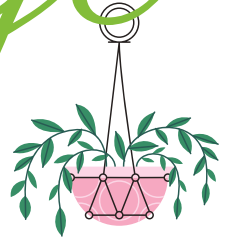


Bon courage



LIENS UTILES 🙌

Visiter :

1. <https://biologie-maroc.com>

- Télécharger des cours, TD, TP et examens résolus (PDF Gratuit)

2. <https://biologie-maroc.com/shop/>

- Acheter des cahiers personnalisés + Lexiques et notions.
- Trouver des cadeaux et accessoires pour biologistes et géologues.
- Trouver des bourses et des écoles privées

3. <https://biologie-maroc.com/emploi/>

- Télécharger des exemples des CV, lettres de motivation, demandes de ...
- Trouver des offres d'emploi et de stage



CORRIGE-BAREME CC GENETIQUE LV203

L2 - UE LV203 "Biologie moléculaire et Génétique 1"
CONTROLE CONTINU
samedi 20 novembre 2010
SUJET DE GENETIQUE

- Indiquez dans la case ci-dessus vos **nom** et **prénom**, votre **section** et votre **n° de groupe de TD**.
- Lisez **très attentivement** le sujet.
- N'écrivez **lisiblement** que dans les cases réponses prévues à cet effet.

L'utilisation de documents, de calculatrice et de téléphone portable est strictement interdite.

Durée de l'épreuve : 1 heure

Note sur 15

A/ Les cellules de levure *Saccharomyces cerevisiae* peuvent se développer sur des milieux simples, contenant, entre autres, une source de carbone qui est généralement un sucre, comme le galactose. Le métabolisme de ce sucre nécessite plusieurs étapes qui sont contrôlées par les produits de plusieurs gènes. Dans le but d'identifier ces différents gènes, on réalise une mutagenèse sur une souche sauvage de référence (Sr) de levure, haploïde et de signe sexuel α .

Q1. A quel(s) type(s) de mutants correspondent les mutants recherchés?

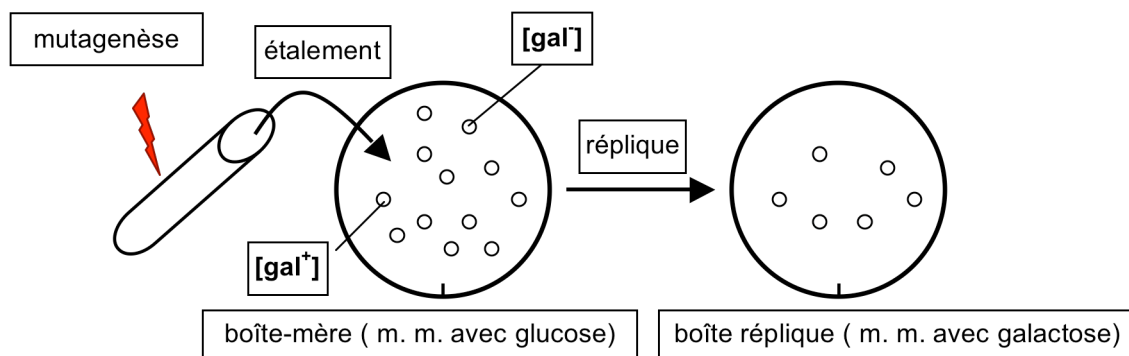
mutants d'utilisation (mutants de dégradation accepté)

Q2. Quel type de crible doit-on utiliser pour sélectionner de tels mutants? A l'aide d'un schéma légendé, indiquez quelles en sont les différentes étapes.

crible négatif

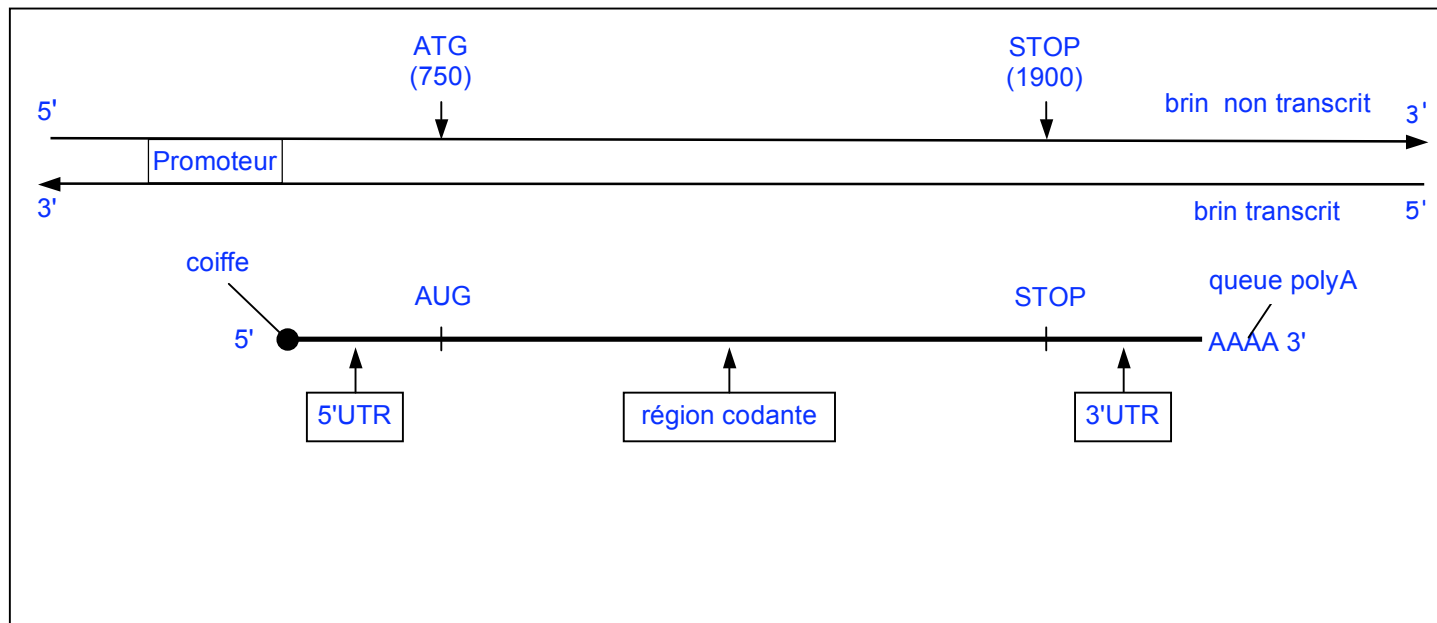
items devant figurer sur le schéma :

- ✓ tube de levures en culture liquide, soumis à la mutagenèse
- ✓ étalement initial sur milieu minimum avec glucose
- ✓ réplique sur milieu minimum avec galactose
- ✓ orientation des boîtes
- ✓ identification des clones de phénotype recherché



L'un des mutants sélectionné, de phénotype [gal⁻], présente une mutation dans un seul gène, appelé *gal8*. Un insert d'ADN génomique contenant l'allèle sauvage du gène *gal8* a été cloné. La séquence de cet insert a été analysée à l'aide du logiciel DNA Strider, avec la fonction "ORF map", qui donne la carte de l'ensemble des phases ouvertes de lecture potentielles dans les 6 cadres de lecture possibles. Cette région du génome a été analysée de la même façon chez le mutant M sélectionné. Les cartes obtenues sont présentées page 3.

Q3. A partir de la carte d'analyse de l'allèle sauvage du gène *gal8* (Sr), faites un schéma à l'échelle représentant le fragment d'ADN étudié sous forme double brin. Schématisez sur le brin adéquat la séquence codante correspondant vraisemblablement au gène *gal8*, en précisant les coordonnées des codons d'initiation et de terminaison de la traduction. Indiquez quel est le brin transcrit et le brin non transcrit. Représentez l'ARNm correspondant, en précisant son orientation et en positionnant les éléments et les régions le constituant. Positionnez également le promoteur de ce gène.



Q4. Par l'analyse de sa carte ORF, précisez la nature moléculaire de la mutation et la conséquence de cette mutation sur la protéine correspondante chez le mutant M.

Mutation "décalage de cadre de lecture" par délétion ou addition d'une ou deux paires de bases. Après l'évènement de décalage (site muté) qui est localisé aux environs de la position 1260 (jusque là, pas de différence avec la séquence sauvage), le cadre de lecture est complètement modifié, avec introduction d'un codon STOP prématuré (position 1320).

En conséquence, la séquence primaire de la protéine correspondante est modifiée à partir du codon muté et la synthèse protéique s'interrompt prématurément : protéine modifiée et plus courte.

L'analyse de l'ADN génomique d'un autre mutant de phénotype [gal] par la fonction "ORF map" ne permet pas de mettre en évidence un profil d'ORF différent de celui obtenu pour l'allèle sauvage du gène *gal8*.

Q5. Quelle(s) hypothèse(s) pourrait-on proposer pour expliquer le phénotype de ce nouveau mutant?

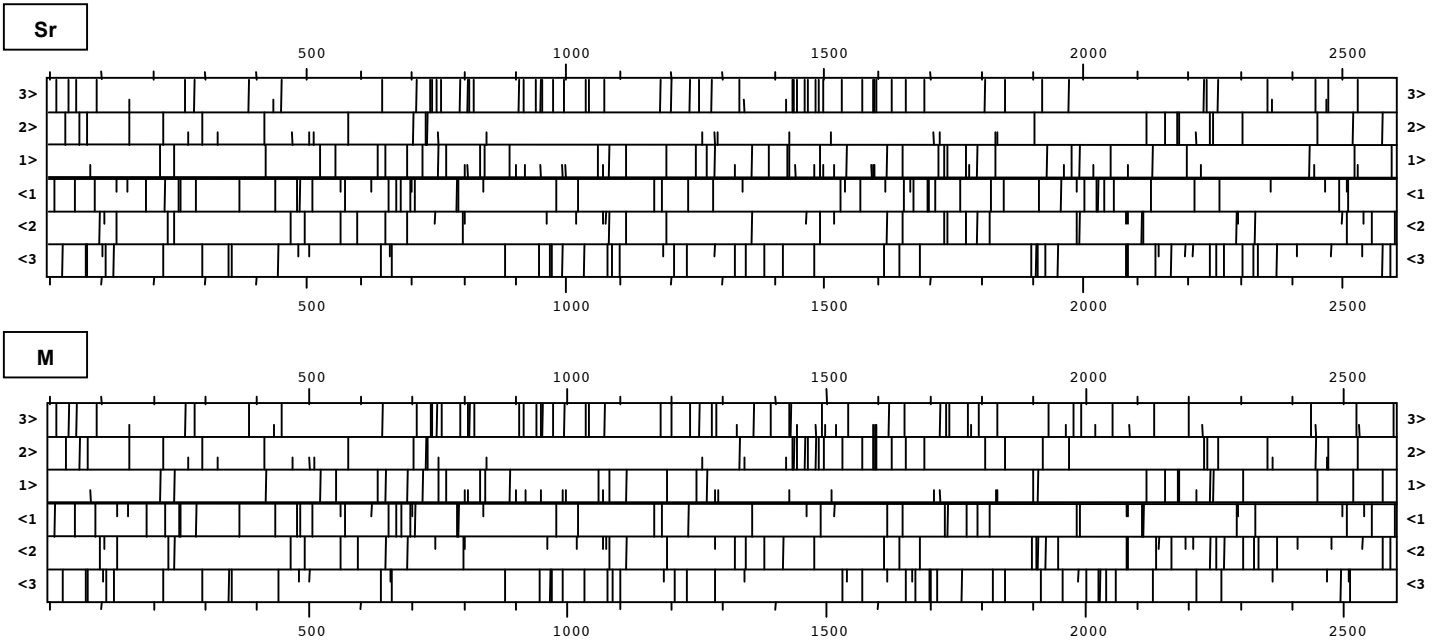
Hypothèse 1 : mutation faux-sens correspondant à la substitution d'une paire de bases transformant un codon sens en un autre codon sens, spécifiant un acide aminé différent incompatible avec la fonctionnalité de la protéine.

Hypothèse 2 : mutation ponctuelle dans une région régulatrice du gène (probablement le promoteur) et provoquant une diminution sensible, voire une absence, de transcription du gène. La protéine correspondante est donc moins ou pas du tout synthétisée.

Hypothèse 3 : mutation dans un autre gène que *gal8* (le texte indique qu'il y a plusieurs gènes impliqués dans l'utilisation du galactose chez *S. cerevisiae*)

NB : si une autre hypothèse que celles ci-dessus est proposée, à condition qu'elle soit recevable (cf. schéma page 10 du poly de cours), elle peut être prise en considération.

Cartes des ORF



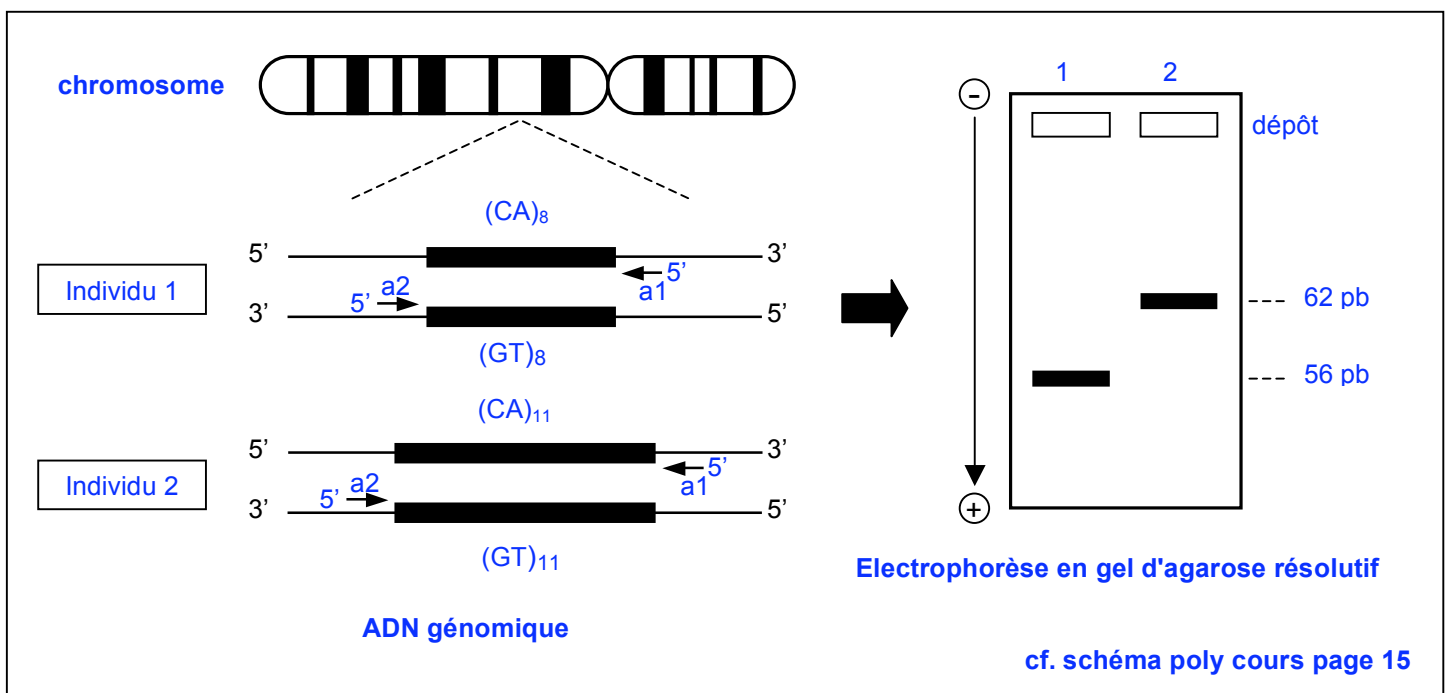
B/ Dans une population naturelle de levures diploïdes, on s'intéresse maintenant à un locus microsatellite polymorphe.

Q1. Définissez ce qu'est une séquence microsatellite et indiquez en quoi réside le polymorphisme de ce type de séquences.

Séquence contenant un motif répété en tandem, dont la longueur est comprise entre 1 et 10 pb, localisée dans un locus précis d'un génome.

Le polymorphisme de ce type de séquences réside dans le nombre variable de répétitions pour un microsatellite donné, entre individus.

Q2. A l'aide d'un schéma, décrivez l'expérience permettant de mettre en évidence ce polymorphisme.



A l'issue de cette expérience, sur un échantillon de 200 levures testées, 3 types de profils électrophorétiques différents ont été obtenus, permettant de classer les levures dans 3 groupes :

- groupe 1 : une bande unique de 44 paires de bases (effectif : 40 levures)
- groupe 2 : une bande de 44 paires de bases et une bande de 52 paires de bases (effectif : 100 levures)
- groupe 3 : une bande unique de 52 paires de bases (effectif : 60 levures)

Q3. Quelle indication sur le polymorphisme du locus étudié apportent ces résultats?

Il existe deux allèles à ce locus dans cette population

Q4. Ecrivez les génotypes des levures de chacun des groupes.

Soient : l'allèle a^1 pour la bande à 44 pb et l'allèle a^2 pour la bande à 52 pb

Les génotypes sont donc :

- ✓ groupe 1 : génotype a^1/a^1
- ✓ groupe 2 : génotype a^1/a^2
- ✓ groupe 3 : génotype a^2/a^2

Q5. Dans cette population naturelle, calculez les fréquences génotypiques et les fréquences alléliques à ce locus microsatellite.

Fréquences génotypiques :

- ✓ fréquence (a^1/a^1) = $40/200 = 0,2$
- ✓ fréquence (a^1/a^2) = $100/200 = 0,5$
- ✓ fréquence (a^2/a^2) = $60/200 = 0,3$

Fréquences alléliques :

- ✓ fréquence (a^1) = $0,2 + (0,5/2) = 0,45$
- ✓ fréquence (a^2) = $0,3 + (0,5/2) = 0,55$

Q6. Si cette population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg pour le locus considéré, quelles seront les fréquences alléliques observées au bout de plusieurs générations. Justifiez votre réponse.

Si cette population est à l'équilibre de Hardy-Weinberg, les fréquences alléliques n'auront pas variées au bout de plusieurs générations. En effet, dans une telle population, il n'y a aucune force évolutive susceptible de faire varier le polymorphisme.