**Année universitaire 2023-2024**

**Examen de génomique et Bioinformatique**

Exercice 01 : 4

Ces séquences permettent aux cellules de produire de grandes quantités de produits géniques essentiels. (0.25) Ces familles de gènes comprennent des gènes tels que les gènes des ARN structuraux (ARNTt), (0.25) les gènes des histones (0.25), et l'organisateur nucléolaire (0.25)

* L'ADN satellite se caractérise par des blocs répétitifs (0.25)
* jusqu'à une dizaine de mégabases. (0.25)
* Environ 10% du génome humain est constitué d'ADN satellite. (0.25)
* Ils sont principalement localisés au niveau des centromères (0.25)

Le problème fonctionnel lié à la réplication de l'ADN linéaire est que le brin tardif ne peut pas être complètement répliqué à son extrémité 5' en raison de la nécessité d'une extrémité 3'-OH libre. **(0.5)**

Les télomères résolvent ce problème en utilisant la télomérase, une enzyme qui utilise un amorçage d'ARN pour ajouter des répétitions de séquence TTAGGG au brin tardif, compensant la perte progressive d'extrémité. (0.5)

Ce type d’ADN est appelé **l’ADN égoïste** qui n’existe que pour lui-même et n’est pas codant et non fonctionel (0.25)

* fournissant une masse critique pour la ségrégation efficace des chromosomes lors de la division cellulaire, (0.25)
* la séparation des éléments fonctionnels. (0.25)
* il a découvert une stratégie pour échapper à la détection par les mécanismes de la sélection naturelle. (0.25)

**Exercice 2 (3.5 pt)**

* Realiser une PCR du gene d’interet en utilisant des amorces spécifiques sur l’échantilon de Mohamed (0.5)
* Réaliser un mini-séquençage (0.5) sur les produits de la PCR dans 2 tubes où l’un contient un
* Tube 01 : ddTTP (0.25)
* Tube 02 : ddCTP (0.25)
* Réaliser une électrophorèse des produits du séquençage (0.5)

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Génotypes | Tube 01 | Tube 02 |  |
| AA | + | - | 0.5 |
| GG | - | + | 0.5 |
| AG | + | + | 0.5 |

**Exercice 3 (4)**

* Deux cellules somatique (rongeur et humain) (0.5)
* Fusion cellulaire par le virus Sendai (0.5)
* (hGTP negative, TK positivf)\* (HGTPpositive,, TK négatif) (0.5)
* culture sur mileux HAT (0.5)
* formation d’une cellule hybride (HGTP positif, Tk positif) (0.5)
* perde des chromosome de l’homme au hasard (0.5)
* formation de plusieurs clones (0.5)
* tests Enzymatiques (0.5)

**Exercice 4 (9\*0.5 =4.5pt)**

1. TFIID : reconnaissance de la boîte TATA par et plus particulièrement par la sous unité TBP
2. TFIIA responsable de la stabilisation du complexe TFIID/TATA
3. TFIIB. responsable de l'orientation de la transcription du côté du site d'initiation.
4. TFIIE et TFIIH jouent un rôle dans l'ouverture de la double hélice d'ADN
5. HAT : ajoutent des groupes acétyles aux résidus d'histones, ce qui conduit à la relaxation de la chromatine et facilite l'accès de l'ARN polymérase aux régions du gène à transcrire.
6. HDAC : enlèvent les groupes acétyles des histones, induisant une structure de chromatine plus compacte et réprimant la transcription.
7. CARM1 : méthyltransférase qui méthyle l’arginine des histones et conduit à la relaxation de la chromatine.
8. SWI/SNF est capable de repositionner les nucléosomes, en les faisant glisser le long de l'ADN.
9. Les médiateurs sont des gros complexes multi-protéique qui servent d'adaptateur entre les activateurs transcriptionnels et la machinerie transcriptionnelle

**Exercice 5 (4)**

Le criblage vise à repérer le clone intéressant parmi un grand nombre de clones, tandis que la sélection consiste à éliminer tous les clones non intéressants par utilisation d’un marqueur (gene de résistance à un antibiotique). **(1pt)**

Le criblage par hybridation est particulièrement utile lorsque l'on connaît la séquence spécifique que l'on recherche, et on a une sonde (une séquence d'ADN complémentaire) correspondant à cette séquence.

La marche sur chromosome : utiliser dans le cas où on connait pas la séquence du gène. **(2pt**

N= ln (1-0.99)/ln (1-(3 103/7.8 106) = -4.6/-0.004=11990recombinants (1)