



TUTORAT UE 1 2015-2016 – Génome

CORRECTION Séance n°9 – Semaine du 16/11/2015

Transcription, traduction Pr. Maudelonde & Cornillot

QCM n°1 : A, C, E

- A. **Vrai.** Chez l'Homme, 98,5% de l'ADN est non codant.
- B. Faux. Si le brin codant est 5'-TCATTC-3', alors le brin matrice est 3'-AGTAAG-5' et donc la portion d'ARN synthétisée correspondante est : 5'-UCAUUC-3'.
- C. **Vrai.**
- D. Faux. Ils représentent seulement 2 à 5 % des ARN totaux des mammifères.
- E. **Vrai.** Il excise les introns des régions non codantes de l'ARN pré-messager et suture les exons.

QCM n°2 : F

- A- Faux. C'est une ARN-polymérase.
- B- Faux. Lorsque la structure tige-boucle est grosse, elle déstabilise le complexe : c'est une terminaison rhô-indépendante. Lorsqu'elles sont petites, elles ralentissent juste le complexe de transcription, qui se fait rattraper par le facteur rhô : c'est la transcription rhô-dépendante. Mais dans tous les cas on trouve une structure tige-boucle.
- C- Faux. Elle transcrit le brin matrice de 3' vers 5' (si vous ne voulez pas apprendre par cœur son schéma !).
- D- Faux. Leur séquence peut varier, et cela influe sur l'efficacité dudit promoteur (nombre d'initiation de la transcription par unité de temps).
- E- Faux. L'ARN est directement mature, il ne subit donc pas d'épissage et c'est sa traduction qui se fait simultanément à la transcription.
- F- **Vrai.**

QCM n°3 : A, D.

- A. **Vrai.** Exemple de facteurs généraux de la transcription : TFIID impliqué dans la liaison au promoteur basal (sous-unité TBP), TFIIH ayant des activités enzymatiques (hélicase, kinase, ATPase).
- B. Faux. Elle est présente chez tous les eucaryotes mais pas forcément dans tous les promoteurs, il existe d'autres séquences qui peuvent la remplacer.
- C. Faux. Ce sont les facteurs généraux de la transcription qui recrutent l'ARN polymérase. Ils forment alors le « complexe d'initiation de la transcription ».
- D. **Vrai.** Les facteurs d'élongation permettent de maintenir l'ARN dans l'axe de transcription à une vitesse constante.
- E. Faux. C'est une modification **post-transcription** de l'extrémité 3'.

QCM n°4 : C, E.

- A. Faux. Ce sont les gènes ARNr qui sont séparés par des espaceurs non transcrits. Les portions codant pour 5,8S, 18S et 28S sont, elles, séparées par des espaceurs transcrits interne et externe.
- B. Faux. Ce sont les snoRNP qui participent à leur maturation. Les snRNP interviennent dans l'épissage des pré-ARNm.
- C. **Vrai.**
- D. Faux. L'ARNr 5S de la grande sous unité 60S est synthétisé par l'ARN polymérase III.
- E. **Vrai.**

QCM n°5 : A, B, C

- A. **Vrai.** L'actinomycine D se fixe sur l'ADN pour bloquer le mouvement de l'ARN polymérase.
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. Faux. Chez les procaryotes, une seule ARN-polymérase entre en jeu dans la transcription.
- E. Faux. La rifampicine cible l'ARN polymérase et inhibe ainsi la transcription. Le facteur rho se situe sur l'ARN et ne sont jamais ciblés par les antibiotiques.

QCM n°6 : A, D, E.

- A. **Vrai.** Pour pouvoir être transcrits, les gènes doivent être accessibles donc décondensés.
- B. Faux. C'est l'hétérochromatine facultative qui est le reflet de la spécificité cellulaire.
- C. Faux. Ils peuvent aussi l'activer.
- D. **Vrai.** La méthylation a tendance à condenser la chromatine ainsi l'ADN inactif, c'est-à-dire condensé, sera plus méthylé que l'ADN actif, c'est-à-dire décondensé.
- E. **Vrai.**

QCM n°7 : D, E.

- A. Faux. La boîte TATA est elle-même une séquence d'ADN (élément cis) sur laquelle viennent se fixer des facteurs Trans.
- B. Faux. Ces aspects sont caractéristiques des éléments Trans.
- C. Faux. Les facteurs Trans sont des protéines qui se fixent sur une séquence d'ADN (cis).
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.** Dans le cours, il y a l'exemple du code histone : l'ajout ou le retrait de groupements acétyl et méthyl sur les histones aura un impact sur la compaction de l'ADN et donc sur la transcription.

QCM n°8 : A, B, C, D, E.

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°9 : A, B

- A. **Vrai.** Cela est permis par la dégénérescence. C'est nécessaire car le nombre d'anticodons différents est inférieur à celui de codons différents.
- B. **Vrai.** C'est pour cela que le Wobble ne change pas la séquence peptidique malgré un appariement non standard.
- C. Faux. Ici on parle d'ARNm et pas de portion d'ARNm, la traduction commencera obligatoirement à partir d'un codon initiation (AUG).
- D. Faux. Un C sur la première base de l'anti-codon ne peut reconnaître qu'une base G du codon, c'est une base G de l'anti-codon qui peut s'apparier à un C ou un U du codon.
- E. Faux. Une transversion fait passer d'une base purique à une base pyrimidique (ou l'inverse), ici on aurait donc GCG ou GGG au lieu de GAG, cela donnerait une alanine ou une guanine à la place d'un glutamate, la mutation n'est donc pas synonyme. Note, dans le cas présent, une transition (passage d'une base pyrimidique à une base pyrimidique ou de purique à purique) engendrerait également une mutation non synonyme.

QCM n°10 : D

- A. Faux. La liaison entre l'acide aminé et l'ARNt est covalente, c'est pourquoi elle demande de l'énergie pour être créée.
- B. Faux. Seule la première base de l'anticodon (la seule à pouvoir faire un appariement Wobble, du fait de sa distance à l'ARNm) peut être une inosine, les deux autres ne peuvent être que A, C, G ou U.
- C. Faux. Les ribosomes procaryotes ont effectivement ces caractéristiques mais l'énoncé cible la traduction eucaryote, on ne peut donc pas considérer cet item comme vrai. Attention au ribosome mitochondrial !!
- D. **Vrai.** Il y a 20 aa-ARNt synthétase pour 32 ARNt standard. Une enzyme reconnaît forcément plusieurs ARNt donc plusieurs anti-codons.
- E. Faux. Pendant la maturation du pré-ARNt, les bases CCA sont ajoutées en 3', après action de l'exonucléase.

QCM n°11 : A.

- A. **Vrai.** En effet, la boucle anticodon interagit avec l'ARNm et le bras accepteur est lié avec la chaîne polypeptidique au niveau du site P.
- B. Faux. L'ajout du CCA se fait en 3'.
- C. Faux. Les deux sous unités du ribosome ne s'assemblent que sur l'ARNm et restent libres dans le cytosol.
- D. Faux. C'est le site A (Aminoacyl-ARNt) qui est le plus proche de l'extrémité 3' de l'ARNm, le site E étant le plus proche de l'extrémité 5'.
- E. Faux. C'est l'ARNr qui est majoritaire en masse tandis que les protéines sont majoritaires en nombre (elles représentent 40% de la masse du ribosome).

QCM n°12 : B, E.

- A. Faux. Chez les eucaryotes, la sous unité 40S du ribosome se lie en premier à l'ARNm au niveau de sa coiffe en 5' (où se trouvent eIF4 + protéines CBC).
- B. **Vrai.**
- C. Faux. Ce sont seulement des « signaux messagers », elles peuvent être reconnues par des BP (Binding Protein) qui vont s'y fixer en empêchant ainsi le ribosome de passer et donc la traduction de la protéine : c'est un mécanisme de régulation d'expression génique.
- D. Faux. Ceci est vrai pour l'initiation de la traduction chez les bactéries. RBS = séquence de KOZAK chez les eucaryotes.
- E. **Vrai.** Ces 2 facteurs sont liés à du GTP. Tant que ce dernier n'a pas été hydrolysé en GDP, le ribosome ne se forme pas, et c'est pendant ce temps que pourra avoir lieu la vérification.

QCM n°13 : A, D, E.

- A. **Vrai.**
- B. Faux. C'est l'inverse.
- C. Faux. La réaction se fait de l'aa sur la liaison entre l'ARNt et la chaîne peptidique. Par contre la chaîne peptidique se déplace du site P vers A.
- D. **Vrai.** Ce temps de pause (coordination synthèse/déplacement) est permise par les facteurs d'élongation EF-G (GTP)/ eEF2(GTP).
- E. **Vrai.** Il y a environ 20 cycles/sec.

QCM n°14 : B, C, E

- A. Faux. Il n'y a pas d'ARNt correspondant aux codons stop.
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.** En revanche, chez les bactéries il y a 2 facteurs de libération qui identifient les codons stop : RF1 reconnaît UAA et UAG, et RF2 reconnaît UAA et UGA.
- D. Faux. C'est le ribosome qui hydrolyse le peptidyl-ARNt.
- E. **Vrai.** On parle des facteurs eRF3 (eucaryotes) et RF3 (procaryotes).

QCM n°15 : A, B, E.

A. **Vrai.**

B. **Vrai.** A forte concentration, elle bloque l'attachement de l'ARNtⁱ formyl-méthionine au site P du ribosome et à faible concentration, elle induit des erreurs de lecture au niveau du site A.

C. **Faux.** C'est l'acide aminé acyl ARNt formyl méthionine.

D. **Faux.** Il bloque l'assemblage de la grande sous unité avec le complexe d'initiation.

E. **Vrai.**

QCM n°16 : C, D, E.

A. **Faux.** On en compte plus de 10 familles.

B. **Faux.** Les Tétracyclines bloquent l'élongation de la **traduction** procaryote.

C. **Vrai.**

D. **Vrai.** NB : la Kanamycine cible les ribosomes procaryotes ET eucaryotes. Elle perturbe le Wobble (trembler) pour des faibles concentrations.

E. **Vrai.** On distingue deux sortes de mutations : Les mutations acquises portées par des facteurs extra-chromosomiques et donc transmissibles. Et les mutations naturelles, portées par le gène du chromosome et non transmissibles. Attention, on parle ici de transmission horizontale chez les bactéries et pas de transmission des caractères par croisement comme chez les eucaryotes.