

SV-F-2 L'expression du génome (BCPST 1)	
La transcription de l'ADN en ARN est assurée par des ARN polymérases. Elle se déroule en trois étapes	- Expliquer le principe de polymérisation d'un ARN par l'ARN polymérase.
<p>(initiation, élongation, terminaison) et génère plusieurs types d'ARN : ARNm, ARNt, ARNr et petits ARN. La transcription est initiée au niveau d'un promoteur reconnu par un complexe d'initiation et modulée positivement ou négativement par des facteurs de transcription.</p> <p>Un gène est une unité de transcription avec ses séquences régulatrices, c'est-à-dire une séquence d'ADN nécessaire à la synthèse d'un ARN. Ce dernier peut conduire à la synthèse d'un ou plusieurs polypeptides.</p>	<p>- Représenter schématiquement la structure d'un gène eucaryote avec l'ensemble de ses caractéristiques.</p> <p>- Discuter le concept de gène.</p>
<p>Précisions et limites :</p> <p><i>Le processus de transcription est étudié à partir de l'exemple de la polymérisation des ARN messagers chez les Eucaryotes.</i></p> <p><i>La nomenclature de tous les facteurs protéiques impliqués dans le complexe d'initiation ainsi que l'organisation détaillée du promoteur ne sont pas à mémoriser.</i></p> <p><i>On mentionne l'existence de signaux indiquant la fin de la transcription chez les Eucaryotes.</i></p> <p><i>On limite la présentation des petits ARN aux ARNi.</i></p>	
<p>Chez les Eucaryotes, les ARN pré-messagers subissent une maturation (excision-épissage s'ils sont morcelés, ajout d'une coiffe en 5', polyadénylation en 3') dans le noyau. Les ARN messagers obtenus sont exportés vers le cytosol.</p> <p>Des mécanismes comme l'épissage alternatif, produisent des ARNm différents pour une même unité de transcription.</p> <p>L'ensemble des ARN transcrits et maturés constitue le transcriptome cellulaire.</p>	- Expliquer l'importance des processus co- et post-transcriptionnels dans la diversification et le contrôle de la demi-vie des transcrits.
<p>Précisions et limites :</p> <p><i>Le détail des mécanismes moléculaires des phénomènes de maturation et d'exportation hors du noyau n'est pas exigible. On ne traite pas de l'édition ou de la polyadénylation alternative.</i></p>	
<p>Dans le cytosol, les ARNm matures sont traduits en polypeptides.</p> <p>La traduction repose sur la coopération fonctionnelle entre différentes classes d'ARN au sein des ribosomes. Elle comprend une phase d'initiation, d'élongation et de terminaison.</p> <p>La correspondance entre un codon et un acide aminé est assurée par les ARNt suivant le code génétique. Les amino-acyl ARNt synthétases assurent la fidélité de la correspondance acide aminé/codon sur l'ARNt.</p> <p>La transpeptidation est catalysée par un ARNr (ribozyme) de la grande sous-unité du ribosome.</p> <p>La machinerie de traduction assure la conversion de l'information codée dans la séquence nucléotidique en séquence d'acides aminés.</p>	- Expliquer l'importance des interactions entre ARN au cours des différentes étapes de la traduction
<p>Précisions et limites :</p> <p><i>Les expériences ayant conduit à l'élucidation du code génétique et la terminologie des facteurs protéiques intervenant dans la traduction peuvent être étudiées mais ne sont pas à mémoriser.</i></p>	

<p>Chez les Eucaryotes, la traduction est réalisée dans le cytosol et dans les organites semi-autonomes. Chez les bactéries, transcription et traduction sont simultanées. La protéine synthétisée ou en cours de synthèse peut être adressée à un compartiment particulier grâce à une séquence signal et une machinerie d'adressage en interaction avec le système de traduction.</p>	<p>- Relier le phénomène d'adressage à la spécialisation des compartiments.</p>
<p>Précisions et limites : <i>Pour les mécanismes d'adressage, seul le mécanisme simplifié de l'adressage au réticulum est étudié. Les autres adressages sont mentionnés.</i></p>	
<p>L'acquisition de la structure tridimensionnelle d'une protéine (repliement) peut être assistée par des protéines chaperonnes. Une protéine peut subir des modifications post-traductionnelles.</p>	
<p>Précisions et limites : <i>Pour les modifications post-traductionnelles, on se limite aux exemples de clivage, glycosylation et phosphorylation.</i></p>	
<p>Les virus se multiplient en détournant la machinerie d'expression de l'information génétique de la cellule hôte.</p>	
<p>Précisions et limites : <i>On présente une vue générale de la multiplication sur un exemple au choix en se limitant aux modalités de réplication de l'information génétique, de synthèse des protéines et de formation de nouveaux virus. On se limite à distinguer la synthèse des polymérase et des protéines de la capsid, sans détailler les différentes protéines virales et les mécanismes moléculaires impliqués.</i></p>	
<p>Liens : Compartimentation des cellules spécialisées (SV-C-2) Flux de matière et d'information dans une cellule eucaryote (SV-C-2) Structure des acides nucléiques (SV-D-2-3) Structure des protéines (SV-D-2-4) Glycosylation et phosphorylation des protéines (SV-D-2-4). Expression des gènes homéotiques au cours du développement embryonnaire (SV-H-2)</p>	

SV-F-3 Le contrôle de l'expression du génome (BCPST 1)

Des modifications de l'environnement cellulaire ou des signaux internes à la cellule influencent l'expression du génome. Ces diverses influences conduisent à des phénotypes variés.

Chez les Eucaryotes, l'ensemble des contrôles transcriptionnels, post-transcriptionnels et post-translationnels expliquent la diversité des transcriptomes et des protéomes.

La diversité des ARN et protéines produits à un instant donné est à l'origine du phénotype des cellules et des organismes.

Des modifications expérimentales par mutagenèse aléatoire ou ciblée ou transgénèse permettent d'étudier les liens entre génotype et phénotype.

Les transcriptomes et protéomes peuvent être étudiés à l'aide de sondes nucléotidiques et d'anticorps spécifiques respectivement.

- Analyser et Interpréter des résultats expérimentaux issus des principales méthodes d'étude du transcriptome et du protéome, le principe de la méthode étant fourni.

- Analyser des résultats issus d'expériences de transgénèse ou de mutagenèse.

- Analyser et interpréter des résultats expérimentaux utilisant les techniques de Southern blot, northern blot, western blot, hybridation *in-situ* ou de puce à ADN.

- Identifier et justifier les témoins de charge des blots.

Précisions et limites :

Le principe des différentes techniques expérimentales évoquées est à connaître. La mise en œuvre pratique n'est pas exigible et les protocoles ne sont pas à mémoriser.

La transgénèse est limitée à la transformation chez les bactéries. Son existence chez les Eucaryotes est mentionnée sans détailler.

Concernant les puces à ADN, seule une analyse qualitative est requise, aucune méthode d'analyse informatique n'est exigible.

Le contrôle de l'initiation de la transcription est la principale voie de contrôle de l'expression génétique.

Le contrôle de la transcription repose sur des interactions entre des séquences régulatrices et des facteurs de transcription ou de remodelage de la chromatine.

Les facteurs de transcription interagissent spécifiquement avec des séquences d'ADN et des protéines.

Le niveau de transcription est influencé par l'état de méthylation des bases de l'ADN et les modifications de la chromatine.

La probabilité d'initiation de la transcription dépend de la combinaison de tous les acteurs précités.

Les modifications de la chromatine constituent une information transmissible et sont à la base du contrôle épigénétique. Ces modifications transmissibles constituent l'épigénome.

- Relier le contrôle de l'expression génétique à la différenciation et la spécialisation cellulaire.

- Illustrer, à partir de l'exemple du gène *FLC*, le lien entre conditions climatiques, état de condensation de la chromatine et expression génétique.

Précisions et limites :

Le contrôle de la transcription est étudié à partir de l'exemple de la polymérisation des ARN pré-messagers chez les Eucaryotes.

Concernant les facteurs de transcription, on se limite au motif bHLH en lien avec les facteurs myogéniques, réinvesti en BCPST 2.

*Le contrôle épigénétique est abordé uniquement à partir de l'exemple du contrôle de l'expression du gène *FLC* chez *A. thaliana* qui sera repris en BCPST 2. Les modifications chimiques des histones sont envisagées, mais le détail du « code épigénétique » des histones n'est pas à connaître.*

L'interférence ARN est un mécanisme de contrôle post-transcriptionnel majeur.

Précisions et limites :

On présente les grandes étapes de l'interférence ARN sans aucun détail moléculaire : appariement de l'ARN interférent à l'ARNm cible, inhibition de la traduction de l'ARNm ou activation d'une endonucléase qui hydrolyse l'ARNm.