

UE1B – Biomolécules, génome,
bioénergétique, métabolisme

Annales Classées Corrigées

Traduction et régulation

SUJET

2019

QCM 22 à 26

L'uroporphyrinogène III synthase (UROS) est une enzyme de la voie de biosynthèse de l'hème. La structure du gène *UROS* et de ses deux transcrits matures n°1 et n°2 sont représentés Figure 1. Ce gène est composé de 10 exons notés E1 à E10.

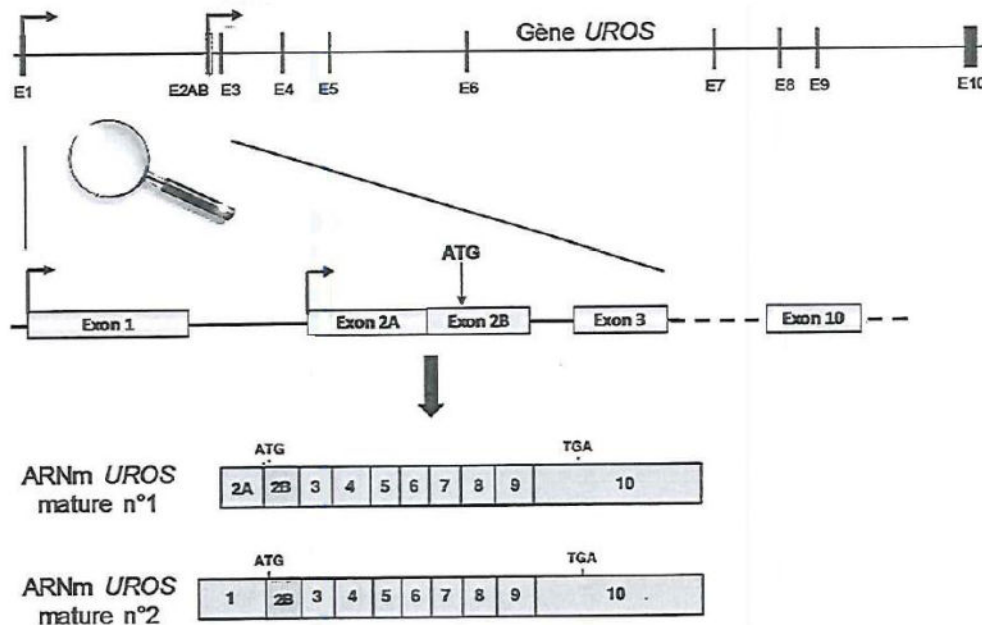


Figure 1. Structure du gène *UROS* et des ARNm *UROS* matures n°1 et n°2.

QCM 22 : Concernant les transcrits du gène *UROS*

- A : Les ARNm *UROS* 1 et 2 sont obtenus par épissage alternatif à partir d'un même transcrit primaire.
- B : Les ARNm *UROS* 1 et 2 résultent d'une polyadénylation alternative.
- C : Le site accepteur d'épissage de l'intron 2 est commun aux deux transcrits.
- D : Les protéines codées par les ARNm *UROS* 1 et 2 sont identiques.
- E : Les ARNm *UROS* 1 et 2 possèdent des extrémités 5' non traduites identiques.

L'activité transcriptionnelle du gène *UROS* a été étudiée après transfection de vecteur d'expression plasmidiques contenant des fragments du promoteur *UROS* de longueurs variables numérotées P1 à P4 (Figure 2A). L'activité transcriptionnelle est mesurée après transfection dans des cellules épithéliales et érythroïdes (Figure 2B). La transcription du gène *UROS* est stimulée de façon physiologique au cours de la différenciation érythrocytaire dans la moelle osseuse. Des anomalies quantitatives de l'expression du gène sont responsables d'une maladie génétique appelée porphyrie.

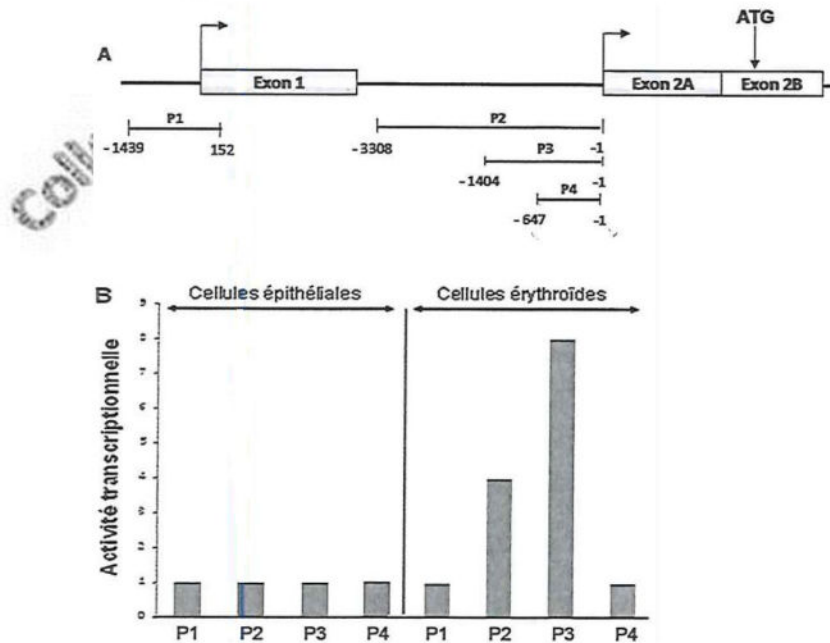


Figure 2. Régulation transcriptionnelle du gène *UROS*.

QCM 23 : Concernant la régulation transcriptionnelle du gène *UROS*

- A : La délétion de 2 bases contigües dans l'exon 1 introduit un décalage du cadre de lecture.
- B : La région génomique -1 à -647 contient des éléments cis-régulateurs permettant le recrutement de facteurs spécifiques de la transcription.
- C : Des mutations de la région génomique située entre -647 et -1404 peuvent inhiber l'expression du gène *UROS* au cours de la différenciation érythroïde.
- D : Des facteurs trans-régulateurs inhibant la transcription se fixent dans la région -1404 à -3308.
- E : Des facteurs de transcription spécifiques se fixant dans la région -647 à -1404 sont synthétisés durant la différenciation érythroïde.

La mutation du site accepteur d'épissage de l'intron 9 du gène *UROS* entraîne la reconnaissance et l'activation de sites cryptiques d'épissage (Figure 3). Les transcrits matures du gène *UROS* sont analysés chez deux patients par RT-PCR grâce à des amorces d'amplification situées dans les exons 9 et 10. NB : TAA = codon stop ; pb = paires de bases.

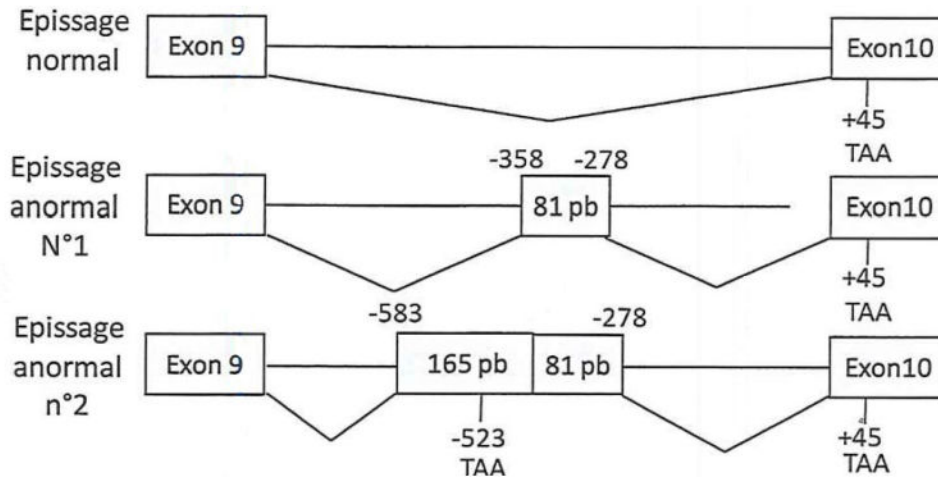


Figure 3. Mutation d'un site d'épissage et utilisation des sites cryptiques d'épissage.

QCM 25 : Concernant les anomalies d'épissage du gène *UROS*

- A : La technique de RT-PCR permet l'analyse des anomalies de l'épissage au niveau génomique.
- B : Le site donneur d'épissage est matérialisé par les deux premiers nucléotides de l'intron 9.
- C : Cette anomalie de l'épissage entraîne une rétention intronique de 246 pb dans le transcrit mature *UROS* du patient 1
- D : L'anomalie d'épissage n°2 entraînera l'ajout de 10 acides aminés à l'extrémité C-terminale de la protéine *UROS*.
- E : L'anomalie d'épissage n°2 entraînera la production d'une protéine *UROS* anormale plus longue.

QCM 26 : A propos de la traduction

- A : L'amino-acyl ARNt synthétase assure le contrôle qualité de la fixation de l'amino-acyl-ARNt dans le site A du ribosome.
- B : L'ARNt initiateur est couplé à une méthionine chez les eucaryotes.
- C : Les codons « stop » sont reconnus par des ARNt spécifiques de terminaison de traduction.
- D : Certains virus utilisent un mécanisme d'initiation de la traduction indépendant de la coiffe en 5' de l'ARNm.
- E : Certains antibiotiques sont des inhibiteurs de la traduction.

2018

QCM 24

La séquence nucléotidique de l'anticodon d'un ARNt est 5'-CCU-3'.

Quel(s) est(sont) le(s) triplet(s) nucléotidique(s) d'une séquence d'ARNm qui pourra(ont) s'apparier à l'anticodon ?

- A - UGC
- B - AGG
- C - CCU
- D - GCA
- E - GGC

QCM 26

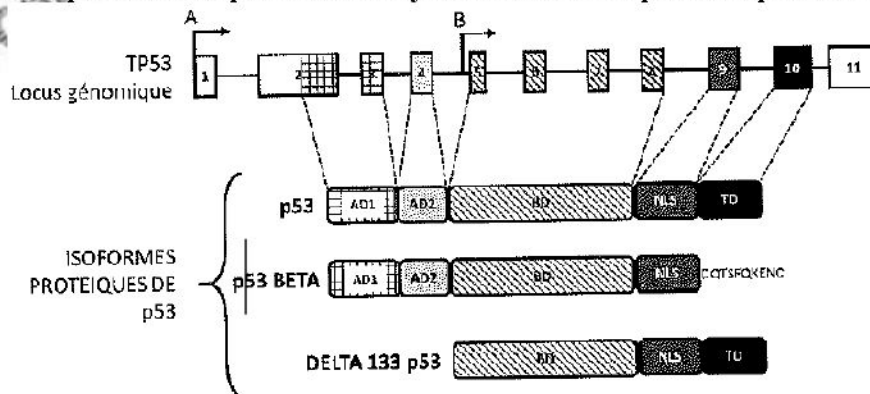
A propos du code génétique :

- A - Il est universel
- B - Il est dégénéré
- C - Il est chevauchant
- D - Plusieurs codons peuvent déterminer un même acide aminé
- E - L'anticodon est un triplet nucléotidique contenu dans un ARN ribosomique

2017

QCM 28 à 30

Le gène TP53 code les différentes isoformes de p53. Le locus génomique (simplifié) et trois des isoformes protéiques de p53 sont schématisés dans la figure ci-dessous. Les zones identifiées par des textures et niveaux de gris sur le locus génomique codent les différents domaines protéiques identifiés de la même façon sur les représentations des protéines ; AD1 : domaine d'activation 1 ; AD2 : domaine d'activation 2 ; BD : binding domain, domaine de liaison à l'ADN ; NLS : séquence de localisation nucléaire ; TD : domaine de tétramérisation. Les domaines AD1 et AD2 sont les domaines transrégulateurs de la transcription. Les sites notés « A » et « B » sont des sites d'initiation de la transcription. La séquence DQTSFQKENC correspond à la séquence carboxy-terminale de la protéine p53 BETA.

**QCM 29**

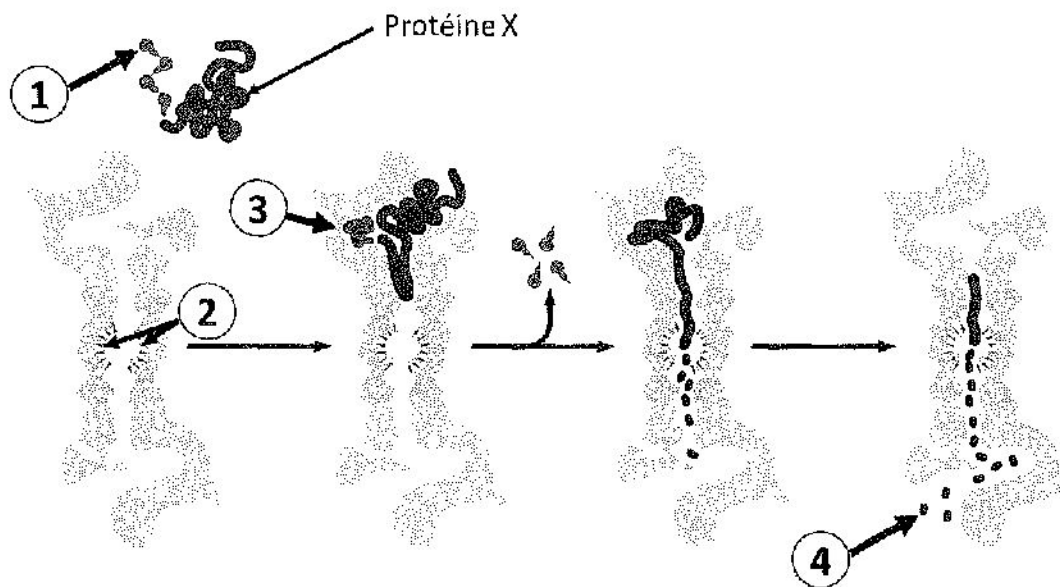
- A Les isoformes p53 et p53 BETA sont codées par le même transcrit mature
- B La production de l'isoforme p53 BETA peut être expliquée par un épissage alternatif en aval de l'exon 9
- C Les isoformes p53 et DELTA 133 p53 sont codées par le même transcrit primaire
- D Les séquences 3' des transcrits matures codant les isoformes p53 et DELTA 133 p53 sont identiques
- E La protéine p53 BETA forme un tétramère avec la protéine p53

QCM 30

- A Il existe dans l'exon 2 du locus génomique un ATG initiateur de la traduction
- B Il existe en 5' de l'exon 5 une séquence ATG dans le même cadre de lecture que l'ATG initiateur du transcrit de l'isoforme p53
- C Il existe un codon STOP dans l'exon 11
- D La traduction des isoformes p53 BETA et DELTA 133 p53 se termine par des codons STOP distincts, dans le même cadre de lecture
- E La protéine DELTA 133 p53 ne peut pas réguler le complexe de pré-initiation de la transcription (PIC)

QCM 32

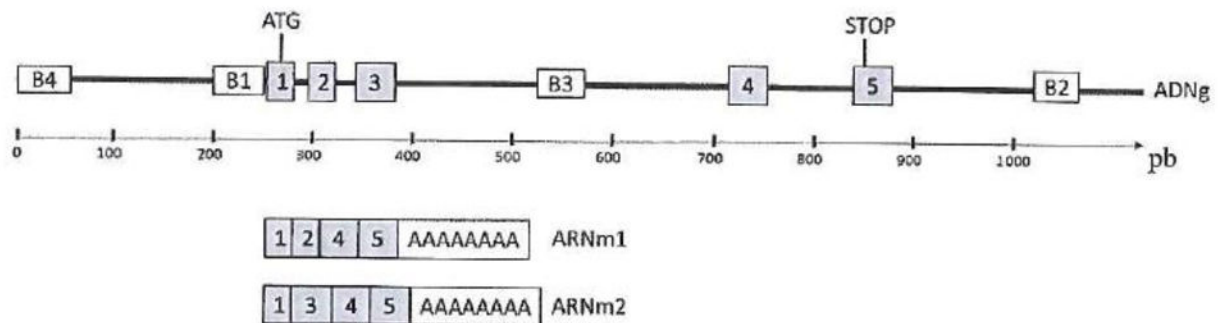
Concernant le schéma du devenir post-traductionnel de la protéine X



- A Il s'agit d'étapes d'élimination des protéines par le protéasome
- B La flèche 1 pointe un acide nucléique
- C Les flèches 2 pointent une structure protéique qui contient des activités nucléases
- D La flèche 3 pointe une structure protéique qui contient une activité ubiquitylase
- E La flèche 4 pointe des acides gras

2016

QCM 29 et 30 L'ADN génomique et deux transcrits matures d'un gène sont représentés avec les exons en gris. Les séquences protéiques codées par les exons 1 et 5 sont les mêmes à partir des deux transcrits matures.



QCM 30 Concernant le gène considéré :

- A** Les exons 2 et 3 doivent avoir le même nombre de nucléotides
- B** Les exons 2 et 3 sont obligatoirement lus selon le même cadre de lecture
- C** Les exons 2 et 3 doivent obligatoirement avoir un nombre de nucléotides multiple de 3
- D** Les exons 2 et 3 peuvent contenir un nombre de nucléotides qui, divisé par 3, génère le même reste : 0, 1 ou 2 nucléotides
- E** Les deux transcrits matures codent la même protéine

QCM 31 Après avoir traité une lignée de cellules L0 avec un agent mutagène, deux lignées mutantes au niveau de l'acide aminé Valine 3 de la protéine P sont isolées. La première lignée L1 possède un acide aminé Alanine et la deuxième L2 un acide aminé Méthionine. Chaque mutant est issu d'une mutation ponctuelle sur le codon Valine 3.

Le code génétique

		Deuxième nucléotide								
		U		C		A		G		
Premier nucléotide	U	UUU	phenyl- alanine	UCU	sérine	UAU	tyrosine	UGU	cystéine	U C A G
		UUC		UCC		UAC		UGC		
		UUA	leucine	UCA		UAA	STOP	UGA	STOP	
		UUG		UCG		UAG		UGG	tryptophane	
	C	CUU	leucine	CCU	proline	CAU	histidine	CGU	arginine	U C A G
		CUC		CCC		CAC		CGC		
		CUA		CCA		CAA	glutamine	CGA		
		CUG		CCG		CAG		CGG		
	A	AUU	isoleucine	ACU	thréonine	AAU	asparagine	AGU	sérine	U C A G
		AUC		ACC		AAC		AGC		
		AUA		ACA		AAA	lysine	AGA	arginine	
		AUG	méthionine	ACG		AAG		AGG		
	G	GUU	valine	GCU	alanine	GAU	acide aspartique	GGU	glycine	U C A G
		GUC		GCC		GAC		GGC		
		GUA		GCA		GAA	acide glutamique	GGA		
		GUG		GCG		GAG		GGG		

En s'aidant du code génétique, il est possible de déduire que :

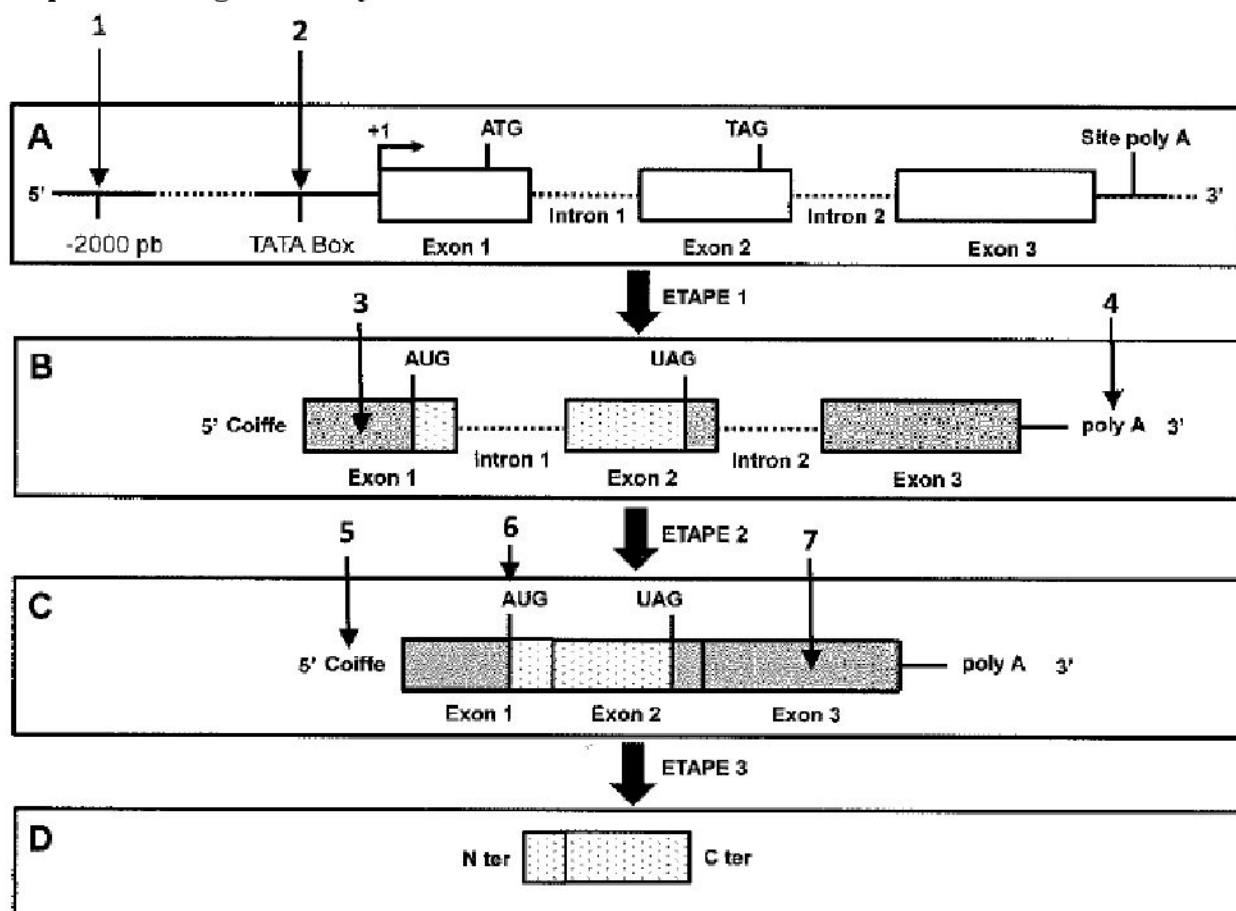
- A Le codon Valine de la lignée initiale L0 est GUU
- B Le codon Alanine de la lignée L1 est GCG
- C Le codon Méthionine de la lignée L2 est GCG
- D Le même nucléotide du codon Valine de la lignée L0 est muté dans les lignées L1 et L2
- E A partir des codons mutés Alanine et Méthionine, il est possible d'obtenir par mutation ponctuelle un codon pour la Thréonine

QCM 32 Concernant la traduction :

- A L'appariement flottant est possible entre le nucléotide 5' de l'anticodon et le nucléotide 3' du codon
- B Il existe autant d'aminoacyl ARNt synthétases que d'acides aminés
- C Il existe autant d'aminoacyl ARNt que de codons possibles
- D Les micro-ARN sont capables de fixer le fer pour réguler les niveaux de traduction des transcrits de la ferritine
- E Le facteur initiateur de la traduction eIF2 phosphorylé inhibe la traduction en séquestrant son facteur d'échange de nucléotides guanyliques eIF2B, ce qui inhibe la traduction

2015

QCM 44 et 45. La figure suivante illustre les différentes étapes de la régulation de l'expression du gène eucaryote *PACES*.



QCM 44

- A La flèche 1 indique un site de fixation pour des ARN interférents permettant une régulation de la stabilité de l'ARNm codé par le gène PACES
- B La flèche 2 indique un site de fixation pour TFIID
- C L'élément B sera exporté à travers le pore nucléaire pour y être traduit
- D L'élément B est composé des 4 ribonucléotides AMP, GMP, CMP, TMP
- E La flèche 3 indique un élément dont la délétion d'un nucléotide entraînera un décalage du cadre de lecture

QCM 45

- A La flèche 4 indique une séquence nucléotidique codée par une répétition de T dans l'élément A
- B La flèche 5 indique un élément constitué d'une 7-méthyl-guanine
- C La flèche 6 indique le site d'initiation de la traduction
- D La flèche 7 indique la région 3' non-traduite de l'ARNm mature du gène *PACES*
- E L'étape 3 s'effectue dans le nucléoplasme

QCM 47**Concernant le code génétique et l'initiation de la traduction :**

- A Le code génétique est dégénéré car un même acide aminé peut être codé par plusieurs codons différents
- B Les ARN messagers contiennent des nucléotides rares permettant un appariement «flottant» avec les amino-acyl-ARNt
- C Le codon AUG code la méthionine
- D L'aminoacyl-ARNt synthétase assure la reconnaissance spécifique codon-anticodon
- E La coiffe et la queue polyA contribuent à l'initiation de la traduction

QCM 48**Concernant la traduction et sa régulation :**

- A La petite sous-unité ribosomique contient une activité peptidyl-transférase
- B La phosphorylation du facteur d'initiation de la traduction eIF2 conduit à une inhibition de la traduction
- C L'élongation d'une protéine s'achève lorsqu'un codon stop se retrouve au niveau du site P du ribosome
- D Le décalage de cadre de lecture est utilisé par certains microorganismes pour produire des protéines différentes à partir d'un seul ARNm
- E La traduction peut être inhibée par certains antibiotiques

2014

QCM 37 A 39

Régulation de l'expression du gène X

L'analyse de l'expression du gène X a été réalisée pour différents tissus. Il existe 3 transcrits matures T1, T2 et T3 (Figure 1A) pour ce gène. Le transcrit T1 est présent en même quantité dans tous les tissus testés. La figure 1B présente les résultats obtenus pour la quantification des ARNm du gène X dans l'utérus et la glande mammaire lactante. Le gène X code 2 protéines X, qui diffèrent par leur longueur ; leur quantification a été réalisée dans l'utérus et la glande mammaire lactante (Figure 1C). La quantité de protéines X exprimées dans les cellules des glandes mammaires augmente graduellement pendant la gestation pour atteindre un maximum pendant la lactation. Il n'existe que 2 codons AUG (représentés sur la figure 1A) possiblement présents dans les transcrits du gène X.

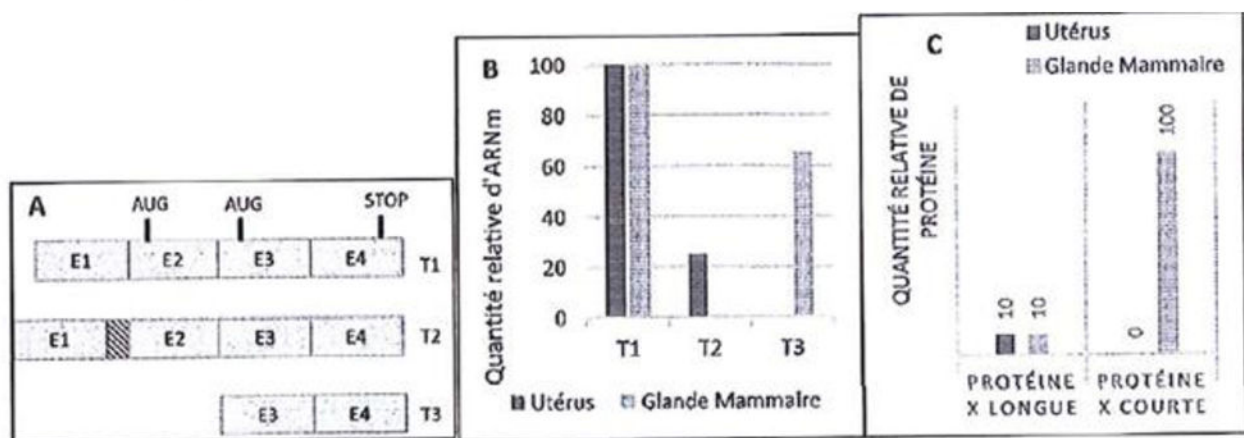


Figure 1. A : structure des transcrits matures du gène X. Les rectangles représentent les exons. Les rectangles étiquetés de façon identique ont des séquences strictement identiques. L'extrémité 5' des transcrits est à gauche. B : analyse de l'expression du gène X dans l'utérus et la glande mammaire. C : analyse de l'expression des protéines codées par le gène X.

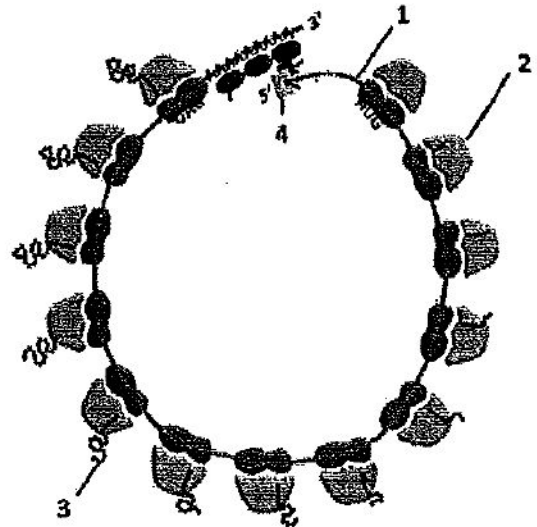
QCM 39

L'analyse des données et de la figure 1 montre que :

- A Il existe un épissage alternatif au cours de la maturation d'un des transcrits primaires du gène X
- B L'ARNm T3 est obtenu par épissage alternatif de l'ARNm T2
- C La présence de la partie hachurée dans le transcrit T2 entraîne la production d'une protéine présentant une extrémité N-terminale différente de celle de la protéine codée par T1
- D Les protéines codées par le gène X diffèrent par leur extrémité C terminale
- E L'AUG de l'exon 3, E3, codera une méthionine quel que soit le transcrit traduit

QCM 40

Soit le complexe schématisé ci-dessous :



- A Le trait 1 pointe un ARNm
- B Le trait 2 pointe un ARNr en formation
- C Le trait 3 pointe un polypeptide en cours de synthèse
- D Le trait 4 pointe le site de fixation initial de la petite sous-unité ribosomique
- E Ce complexe peut s'assembler dans le noyau

QCM 41

Traduction et maturations post traductionnelles

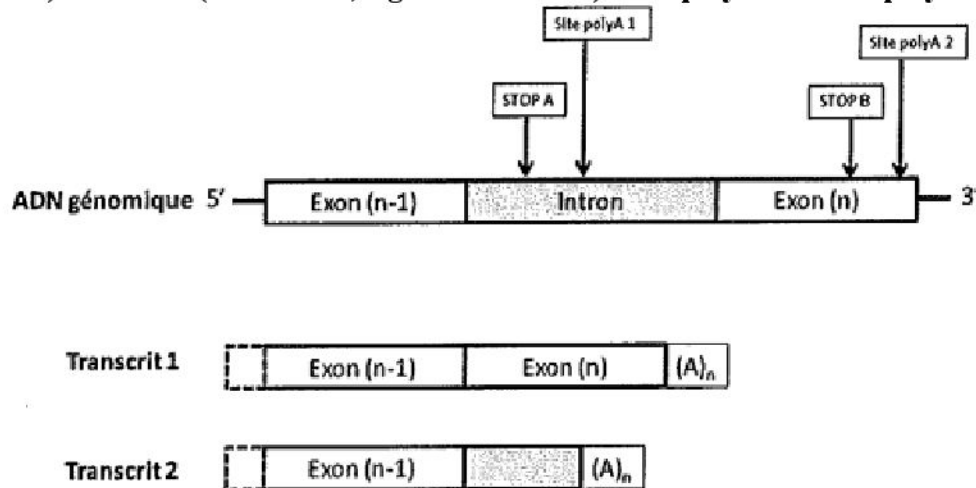
- A Le ribosome est capable de détecter la présence d'un codon STOP prématuré et de déclencher la dégradation de l'ARNm en cours de lecture
- B Les protéines néosynthétisées sont souvent repliées à l'aide de protéines chaperons ou de chaperonines
- C Dans des conditions normales, les protéines mal repliées s'accumulent dans la cellule
- D Une fois synthétisées, les protéines ne subissent plus aucune modification covalente
- E Des anomalies de repliement des protéines peuvent être à l'origine de maladies graves

2013

QCM 42

Maturation des ARN messagers :

Le gène des immunoglobulines est transcrit sous forme de deux ARNm matures selon que le lymphocyte B qui produit cette immunoglobuline se trouve dans un état non activé (transcrit 1) ou activé (transcrit 2, figure ci-dessous). Site polyA : site de polyadénylation.

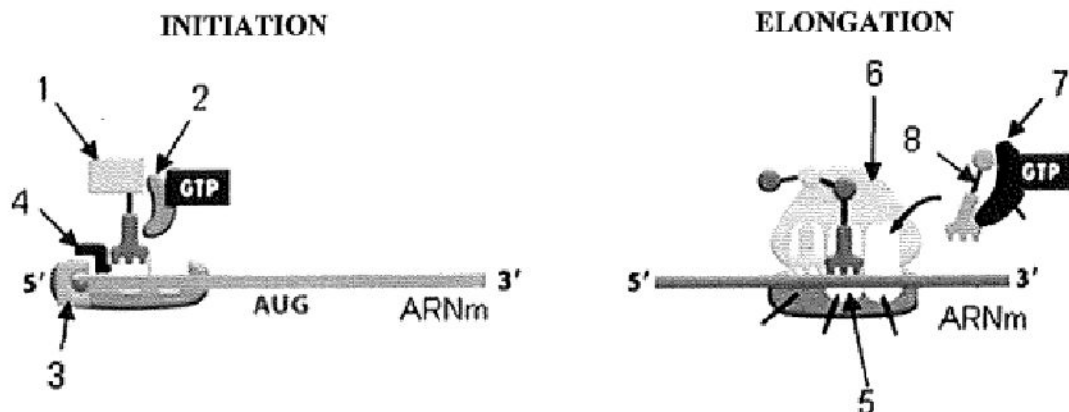


Organisation de l'extrémité 3' d'un gène d'immunoglobuline et des deux transcrits matures de ce gène

- A Les deux transcrits primaires ont subi le même processus d'épissage entre l'exon n-1 et l'exon n
- B Le transcrit primaire du lymphocyte non activé et le transcrit primaire du lymphocyte activé sont identiques
- C La séquence intronique située entre l'exon (n-1) et l'exon (n) n'est pas complète dans le transcrit 2
- D Les régions 3' des transcrits 1 et 2 proviennent de l'utilisation de sites de polyadénylation alternatifs
- E Les deux codons STOP A et B sont dans le même cadre de lecture dans les deux transcrits matures

QCM 45 et 46

Le schéma suivant illustre 2 étapes de la traduction :

**QCM 45**

- A L'élément 1 est la méthionine
- B L'élément 2 est le facteur d'initiation de la traduction eiF2
- C L'élément 3 se lie à la protéine PAB fixée sur la queue poly-A de l'ARN messenger
- D L'élément 4 permet la reconnaissance de la coiffe de l'ARNm
- E L'élément 5 est le site A du ribosome

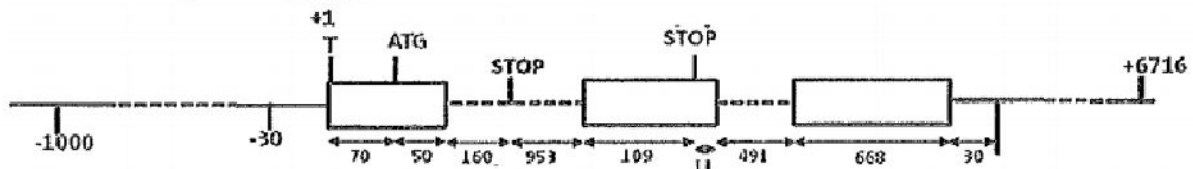
QCM 46

- A L'élément 6 contient une activité peptidyl transférase
- B L'élément 6 contient un ARN ribosomal 5S
- C L'élément 7 est le facteur EF1 permettant un contrôle qualité de la fixation de l'ARNt-acide aminé dans le ribosome
- D La liaison 8 est une liaison riche en énergie
- E Un ARNt terminateur portant un anticodon complémentaire du codon STOP permet de terminer la traduction

2012

QCM 39 à 41

Les rectangles symbolisent des exons. Le nucléotide « +1 : T » est un site d'initiation de la transcription. Le trait sous chaque étiquette « STOP » indique la position du dernier nucléotide d'un codon STOP, en phase avec l'ATG. Les numéros sous chaque double flèche indiquent le nombre de paires de bases. Au cours de la transcription de ce gène tous les introns sont épissés. Le schéma n'est pas à l'échelle.

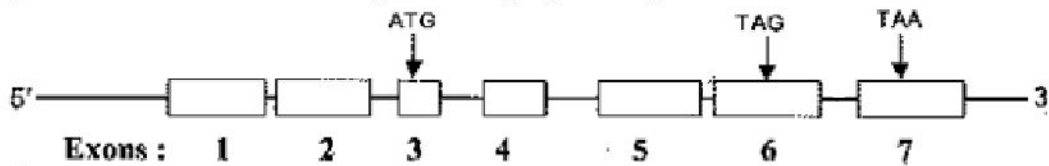


QCM41

Concernant la traduction des transcrits issus de la transcription de ce gène

- A La lecture de la région traduite permet la production d'un peptide de 52 résidus.
- B Le premier codon STOP constitue le signal de terminaison de la traduction.
- C Il existe dans la partie 5' du transcrit mature une région non traduite de 100 nucléotides susceptible de contenir des éléments de régulation de l'initiation de la traduction.
- D Il existe dans la partie 3' du transcrit mature une région non traduite de 679 nucléotides susceptible de contenir des éléments de régulation de la traduction.
- E Une mutation ponctuelle invalidant le site donneur d'épissage de l'intron 1, sans apparition d'un nouveau site donneur, conduira à la production d'un peptide de 69 résidus.

2011

QCM 34 et 35**Soit le gène X suivant codant une protéine cytoplasmique.****QCM 35 A propos de la transcription et de la maturation du gène. X :**

- A L'utilisation de promoteurs alternatifs permet de former des ARNm qui diffèrent par leur extrémité 5'
- B L'exon 4 peut être positionné à l'extrémité 5' de l'exon 6 dans le transcrit mature ou épissage alternatif
- C Le même lasso peut contenir l'intron 3, l'exon 4 et l'intron 4 par un épissage alternatif
- D L'exon 4 peut être positionné à l'extrémité 5' de l'exon 3 dans le transcrit mature
- E L'épissage alternatif de l'exon 6 permet la production de protéines présentant une extrémité C-terminale différente

QCM 38 Traduction et code génétique.

- A Un même ARNm peut être traduit simultanément par plusieurs ribosomes
- B Plusieurs codons peuvent être reconnus par un anticodon
- C Lors de l'initiation de la traduction, l'ARNt initiateur se fixe dans le site A du ribosome
- D Les codons stop sont reconnus par des ARNt spécifiques qui signifient la fin de la synthèse protéique
- E La délétion de 3 nucléotides successifs dans la séquence codante d'un ARNm entraîne un décalage du cadre de lecture