

ESIL 2^{ème} année
Option « Génomique et bioinformatique »

Examen « Génomique »
S. Morozova + intervenants
05 / 03 / 2004 14h-16h.

Documents non autorisés.

1. 2.5 points – 15 minutes

Dans le contexte actuel où les séquences de nombreux gènes sont connues, expliquer les objectifs de la génomique fonctionnelle. Préciser quels ensembles d'objets sont étudiés pour répondre à ces objectifs.

2. 2 points – 10 minutes

Quelles sont les technologies permettant l'étude du transcriptome, du protéome et de l'interactome? (seulement les principales technologies abordées en cours).

3. 2 points – 25 minutes pour toute la question 3

Expliquer le principe de la RT-PCR en temps réel et la notion du Ct.

2 points

Expliquer les stratégies de détection des amplicons « *molecular beacons* » et « *SYBR Green* ». Les comparer en terme d'avantages et d'inconvénients. Quelle méthode choisiriez-vous pour étudier l'expression de gènes de séquences similaires et pourquoi ?

4. 4 points – 25 minutes

Dans quels types d'études (deux types) peuvent être utilisées les technologies massives d'étude d'expression des gènes ? Pour chaque type, donner un exemple illustrant les questions biologiques que peuvent se poser les scientifiques et à l'utilité des résultats obtenus.

5. 5 points - 30 minutes

Puces à ADN : principe [préciser: principe du marquage ou principe des puces ?] et comparaison du marquage fluorescent avec le marquage radioactif. Qu'est-ce que le *clustering* et à quoi il sert ? Expliquer la conception de sondes pour les puces à génotypage.

6. 2.5 points – 15 minutes

Expliquer à l'aide d'un schéma commenté le principe de la méthode du double hybride. Comment peut-on étudier toutes les interactions protéiques à l'aide de cette méthode ?

2. 2 points

Quelles sont les technologies permettant l'étude du transcriptome ; du protéome ; de l'interactome ? Citer les principales technologies abordées en cours.

Transcriptome :

- Techniques d'étude d'un seul gène (northern blot, dot blot, RT-PCR semi-quantitative, RT-PCR en temps réel)
- Techniques d'étude massive de l'expression de gènes (RAP-PCR, SAGE, puces à ADN)

Protéome :

- électrophorèse bidimensionnelle
- spectrométrie de masse

Interactome :

- double hybride (dh systématique)
- purification de complexes (p systématique de c), technique de co-purification par affinité : TAP (tandem affinity purification)

6. 2.5 points

Expliquer à l'aide d'un schéma commenté le principe de la méthode du double hybride. Comment peut-on étudier toutes les interactions protéiques à l'aide de cette méthode ?

Etude de toutes les interactions protéiques : double hybride systématique

