

## FICHE UE 3.31

Mention et/ou parcours dont relève cette UE : **Licence Sciences de la Vie**  
Orientation : **Biologie Géologie**

Numéro de l'UE : **3.31 EC 3.01A EC 3.31B**

Nom complet de l'UE : **Biologie Moléculaire et Génétique**  
**EC 3.01A Biologie Moléculaire 1**  
**EC 3.31B Génétique formelle et Moléculaire**

Section CNU de rattachement de la discipline : 64, 65

Composante de rattachement : UFR Sciences et Technologies – Secteur Biologie (Nancy)

Nom du responsable de l'UE et adresse électronique : Elisabeth WEBER, elisabeth.weber@univ-lorraine.fr

Semestre : 3

Volume horaire enseigné : 60 h

Nombre de crédits européens (ECTS) : 6

Volume horaire personnel de l'étudiant : 120 h

Langue d'enseignement de l'UE : Français

% d'intervenants extérieurs aux établissements cohabilités : 0

Origine des intervenants (industrie....) : Université de Lorraine

Enseignements composant l'UE	Coef.	Volume horaire par type d'enseignement			
		CM	TD	TP	Autres
<b>EC3.01A</b> – Biologie Moléculaire I : Biosynthèse des acides nucléiques et des protéines (30h) Responsable Nancy : Bruno CHARPENTIER	0,5	20	10	0	
<b>EC 3.31B</b> Génétique formelle et moléculaire	0,5	12	10	8	

**Pré-requis** : connaissances de base

- sur la structure de l'ADN ainsi que la notion de gène et les étapes de son expression
- en biologie cellulaire eucaryote et procaryote

### Contenu de l'UE

#### **EC3.01A : Biologie Moléculaire I : Biosynthèse des acides nucléiques et des protéines**

**CM (7h)** : Les différentes voies du flux de l'information génétique et le dogme central. Grandes lignes de la biosynthèse des dNTP et NTP. Réplication de l'ADN (concept et modèles, différentes classes d'ADN polymérases, activités diverses dans la fourche). Réparation et sauvegarde de l'ADN.

**CM (9h)** : Transcription et synthèse d'ARN (unités transcriptionnelles et opérons, ARN codants et non codants, ARN polymérase et régions promotrices, mécanismes de terminaison). Devenir des ARN produits (maturation, épissage – ribozymes, complexes RNP, splicéosome – modification, dégradation). Couplage transcription/traduction chez les procaryotes. Traduction et synthèse protéique (ribosomes, ARNt comme molécules adaptatrices, aminoacylation des ARNt, code génétique, reconnaissance codon-anticodon, aspects mécanistiques des étapes d'initiation, d'élongation et de terminaison). Notions de maturation post-traductionnelle et trafic des protéines.

**CM (4h)** : Notions de régulations transcriptionnelle et post-transcriptionnelle. Facteurs *trans* et éléments *cis*. Principe des mécanismes de régulations transcriptionnelles. Contrôles positif et négatif. Modulation des contrôles : rôle d'effecteurs. Notion de régulon et de réseaux de régulation. Modulation des contrôles en fonction des propriétés biochimiques des facteurs *trans*, de leur localisation cellulaire. Principe de fonctionnement des systèmes à deux composants bactériens. Principe d'action des riborégulateurs.

**TD (10h)** : Exercices d'application illustrant les concepts décrits en CM.

## EC 3.31B Génétique formelle et moléculaire

### **CM :**

Intégrité du matériel génétique : survenue d'anomalies spontanées (dépurinations, désaminations, erreurs de réplication etc.) ; systèmes de réparation des anomalies (exemple détaillé du système MMR). Formation de mutations : différents types, conséquences variables sur l'expression des gènes et le phénotype.

Agents mutagènes et systèmes de réparation des lésions induites par ces agents ; exemple du système SOS et sa régulation chez *Escherichia coli*

Mutations mutatrices

Transfert horizontal de gènes (HGT) chez les procaryotes : conjugaison bactérienne (exemple détaillé de la conjugaison liée au facteur F chez *E. coli*), transduction généralisée et spécialisée, transformation -naturelle et artificielle-. Notion de recombinants naturels chez les procaryotes et diversité génétique induite par ces phénomènes de HGT. Utilisation de ces mécanismes pour l'établissement de cartes génétiques

**TD :** exercices basés sur des résultats expérimentaux illustrant les mécanismes vus en CM

**TP :** complémentation fonctionnelle et recombinaison méiotique chez *Saccharomyces cerevisiae*. Raisonnements à partir de résultats expérimentaux obtenus en séance sur les mécanismes responsables d'un changement de phénotype (mutation spontanée, complémentation fonctionnelle, recombinaison homologue). Utilisation de ces résultats expérimentaux pour classer des mutations en groupes de complémentation (gènes) et reprendre le principe de la cartographie génétique.

### **Acquis d'apprentissage :**

Comprendre les principes fondamentaux et les systèmes impliqués dans les réactions de biosynthèse des acides nucléiques et des protéines.

A travers les enseignements dispensés (théoriques et pratiques), les étudiants s'exercent à une méthode d'analyse et de raisonnement sur des mécanismes fondamentaux en génétique formelle et moléculaire

### **Compétences visées :**

- Comprendre une démarche expérimentale et ses différentes étapes
- Observation critique de résultats expérimentaux : juger de la fiabilité d'un résultat expérimental (échantillon suffisant ou non, expériences témoins à réaliser et résultat à obtenir pour valider l'expérience, etc.).
- Analyse et interprétation de résultats expérimentaux : suivre un raisonnement logique et progressif. Faire le lien entre l'aspect macroscopique (ex : phénotype) et l'aspect cellulaire ou moléculaire (génotype, mécanisme cellulaire / moléculaire). Formuler une hypothèse expliquant l'ensemble des résultats expérimentaux (interprétation des résultats).
- Assimilation et utilisation des concepts fondamentaux. Mise en parallèle de mécanismes proches : identification claire des points communs et des différences.