

TDN°01

Exercice 1

Soient les enzymes de restriction *BamH I*, *Pst I*, *Xho I* et *Mbo I* dont les sites reconnus sont :

BamH I : 5' G/GATCC 3' ; *Pst I* : 5' CTGCA/G 3' ; *Xho I* : 5' C/TCGAG 3' ;
Mbo I : 5' /GATC 3'.

Recopier la séquence de l'ADN et encadrer les sites de restriction en indiquant la position des coupures.

5' ATACGGGATCCGAGCTCTCGATCGTCTGCAGAAATTCC 3'
3' TATGCCCTAGGCTCGAGAGCTAGCAGACGTCTTTAAGG 5'

Exercice 2

On en a préparé 3 digestions différentes respectivement par ERI, ERII et ERIII, ainsi que des doubles digestions.

	Fragment A	Fragment B	Fragment C
ERI	3,2+0,4+0,3	2,6+2,2+0,3	2,6+1,8+1,7
ERII	1,8+1,1+1	3,3+1+0,8	3,3+1,7+0,8+0,3
ERI + ERII	1,4+1,1+0,7+0,4+0,3	1,9+1,4+0,8+0,7+0,3	1,9+1,4+1+0,8+0,7+0,3
ERIII	2,4+1,5	3+1,9+0,2	2,7+2,2+1,2
ERI + ERIII	2+1,2+0,4+0,3	2+1,6+1+0,3+0,2	1,7+1,6+1,2+1+0,6
ERII + ERIII	1,8+1+0,6+0,5	2,4+1+0,9+0,6+0,2	2,4+1,3+0,9+0,8+0,4+0,3

Quelle est la carte de restriction des fragments A, B, C. Placez les uns par rapport aux autres. Quelle est la partie qui contient le gène A ?

TDN°02

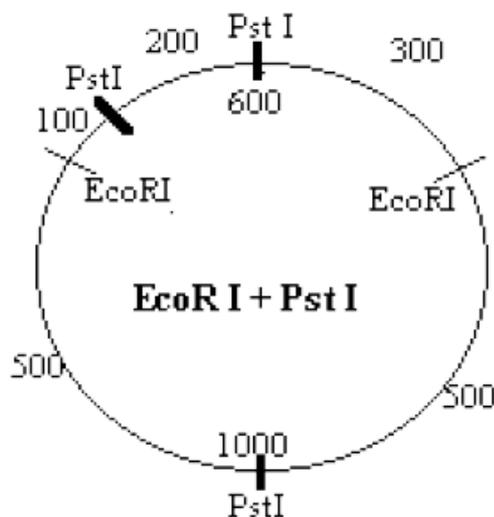
Exercice 1

Si nous travaillons avec un ADN linéaire tel que celui montré dans la figure ci-dessous, Quelle est la taille en paires de bases (pb) des fragments d'ADN obtenus en effectuant des digestions simples par les enzymes d, e et f et des doubles digestions avec diverses combinaisons entre eux?



NB : Les chiffres correspondent au nombre de paires de bases d'ADN (taille totale est de 1500 pb).

Exercice 2



Schématiser le profil électrophorétique des fragments issus de la digestion de ce plasmide par chacune des enzymes et par la double digestion (EcoRI+PstI).

TDN°03

Exercice :

Le génome d'un nouveau bactériophage à ADN double brin a été isolé et sa séquence nucléotidique a été déterminée (5000 paires de bases). Afin d'avoir plus de renseignement sur la structure de son génome, l'ADN du bactériophage est digéré par plusieurs enzymes de restriction et les fragments obtenus sont analysés par électrophorèse en gel d'agarose natif suivi d'une coloration au bromure d'éthidium (pistes 1-5, figure 1). L'analyse bioinformatique de la séquence génomique a permis de prédire le nombre de site pour chaque enzyme (tableau 1).

Tableau 1: Nombre de sites de restriction prédits par informatique pour les différentes enzymes de restriction utilisées dans l'expérience présentée fig. 1.

Piste du gel	Enzyme de restriction	Nombre de sites prédits par l'analyse informatique
2	Eco RI	1
3	Bam HI	1
4	Hind III	aucun
5	Pvu II	3

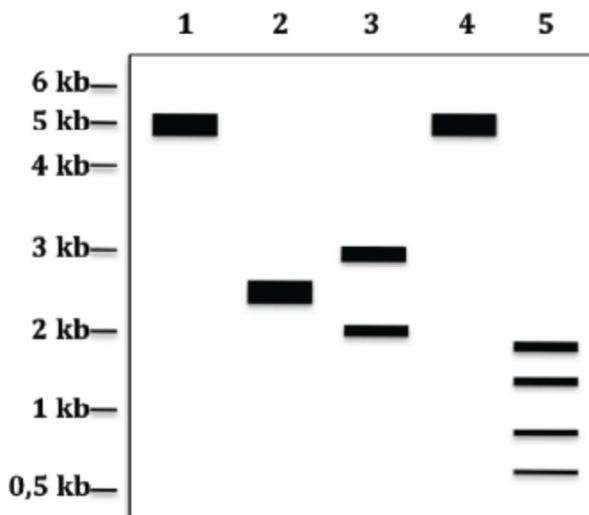


Figure 1: Electrophorèse en gel d'agarose des fragments de restriction obtenus après digestion de l'ADN du bactériophage. Piste 1 : témoin, ADN non digéré.

NB : Tous les fragments obtenus sont présents sur le gel.