



UNIVERSITÉ
DE MONTPELLIER



Fiche UE du département Biologie-Mécanismes du Vivant

L1 L2 L3 X M1 M2

Intitulé : Biologie moléculaire, HAV 509V

Responsable(s) : Vincent Coulon

Coordonnées du/des responsable(s) (tel/mail) : vincent.coulon@umontpellier.fr

Nombre ECTS : 5

Effectif min :

Effectif max : 275

Nombre d'heures

CM : 24

TP :

TD : 18

Terrain :

SPS :

Noms des intervenants pressentis : Vincent Coulon, Geneviève Degols, MCE

Description de l'UE

La biologie moléculaire est à la fois un fascinant sujet d'étude en soi, mais elle fournit également aux autres disciplines de la biologie (biologie cellulaire, génétique, physiologie...) des outils fantastiques de modification et de quantification des gènes et de leurs produits.

L'UE approfondit la connaissance des mécanismes de l'organisation, du maintien, de la réplication et de l'expression (transcription, modifications post-transcriptionnelles, traduction) des génomes eucaryotes.

En particulier, seront explorées les propriétés des macromolécules porteuses d'information (ADN, ARN, protéines), et comment les transactions entre elles expliquent le fonctionnement des cellules eucaryotes et leur adaptation à l'environnement et au développement des organismes.

En parallèle, les principales techniques permettant de suivre ou modifier l'expression des gènes, ou d'étudier les mécanismes de cette expression, seront exposées en cours et approfondies en TD par l'analyse de résultats.

Ainsi, les TD abordent ces sujets sous forme (1) d'exercices amenant les étudiants à vérifier leur compréhension des savoirs décrits plus haut, et (2) d'expériences extraites d'articles scientifiques à analyser. Ainsi, les bases du raisonnement scientifique, et de l'analyse critique de résultats seront acquises et / ou approfondies.



Compétences visées par l'UE :

Savoirs:

- Comprendre les exceptions et subtilités des flux de l'information génétique, le « dogme » central chez les eucaryotes
- Connaître la structure des génomes eucaryotes, leurs composantes codantes et non-codantes, et comprendre comment leur séquence constitue un témoignage fossile des événements moléculaires passés (insertions virales, duplications et familles géniques,...).
- Connaître les principes de base des techniques d'isolation (clonage vs polony) et de séquençage d'ADN (Sanger, pyrophosphate, nanopore).
- Connaître les différents niveaux de compaction de la chromatine eucaryote, et leur impact sur l'expression génique
- Connaître les mécanismes et la machinerie minimale de la réplication des génomes eucaryotes.
- Comprendre les enjeux de la réplication fidèle, à chaque phase S, d'un génome étendu, fragmenté, linéaire, et ce qui advient quand ces régulations faillissent.
- Connaître les principales voies de réparation de l'ADN eucaryote, quels dommages elles réparent, quel en est le coût (fidélité...), et ce qui se passe quand elles sont défectueuses.
- Connaître les mécanismes et les acteurs de la transcription (initiation, élongation, terminaison) chez les eucaryotes
- Connaître les étapes et les acteurs de l'activation d'un promoteur eucaryote de classe I, II, III.
- Connaître les familles de facteurs de transcription eucaryotes généraux et spécifiques et leurs modes d'action, ainsi que les concepts de coactivateurs / corépresseurs et leur impact sur le remodelage de la chromatine.
- Connaître les mécanismes et les acteurs des modifications post-transcriptionnelles chez les eucaryotes, ainsi que les ARN régulateurs
- Connaître les mécanismes et les acteurs de la traduction chez les eucaryotes
- Comprendre et expliquer comment l'ensemble des étapes de l'expression génique eucaryote permettent un dosage fin quantitatif et qualitatif de la réponse à un stimulus.

Savoir-faire:

- Connaître les techniques basées sur l'immunoprécipitation, comment elles rendent compte des interactions protéine / protéine et protéine / acides nucléiques, et savoir en analyser les résultats
- Savoir reconnaître et lire un résultat de séquençage (Sanger, pyrophosphate, nanopore).
- Calculer la longueur d'une molécule d'acide nucléique de n nucléotides ; l'utiliser pour calculer des taux de compaction d'ADN, des vitesses de réplication, ...
- Savoir interpréter des techniques d'étude de la dynamique de réplication sur des fibres d'ADN individuelles ou des populations de cellules



UNIVERSITÉ
DE MONTPELLIER



- Savoir interpréter des expériences simples de digestion de chromatine par des nucléases et comprendre comment cela permet de déterminer l'état de la chromatine et l'état d'activation des gènes
- Savoir interpréter des techniques d'étude de la régulation de la transcription (mutagenèse de promoteurs, gènes rapporteurs, G-less cassette,...)
- Savoir choisir la technique d'électrophorèse à utiliser pour chaque type de macromolécule et analyser des résultats complexes
- Savoir interpréter des expériences d'épissage in vitro et d'autres expériences de suivi des modifications post-transcriptionnelles et de leurs régulations
- Savoir interpréter des expériences visant à suivre la traduction et ses régulations.
- Savoir décrire et interpréter une figure : comprendre le but de l'expérience et la technique utilisée, repérer les variables, comprendre à quoi sert un contrôle positif et un contrôle négatif, suivre la logique scientifique (description des résultats suivie de leur interprétation)

Prérequis (compétences et/ou UE) : Connaissances de base en biochimie des acides nucléiques et des protéines, en biologie moléculaire et en génétique.

Modalité des contrôles de connaissances :

Epreuve	Coefficient	Nb heures	Nb Sessions	Organisation (FDS ou local)
Ecrit	70%	1h30	2	FDS
Contrôle Continu	30%	1h	1	local
TP				
Oral				

Informations additionnelles :

Cadre réservé à l'administration :

Code UE : HAV509V