

## CT-TAM 2024-205

### Exercice 1/

#### Description : 1,5

- Il s'agit de la technique REMSA (0,5)
- 3'UTR Akt (0,25) + \* (DNTP-U P32) (0,25) + la protéine recombinante Hur (0,5)

#### Interprétation : 1,5

- Fixation de la protéine Hur sur le 3'UTR-AKT (0,5)
- Diminution de la fraction non fixé avec l'augmentation de la quantité de 3'UTR AKT(0,5)
- Régulation post-transitionnelle -AKT et la protéine RNA binding protéine Hur (0,5)

### Exercice 2/

Le témoin de charge correspond à la protéine actine Première chose à faire : identifier et analyser le témoin de charge. Le témoin de charge correspond à une protéine accumulée de façon identique quelles que soient les conditions analysées et qui va nous permettre de normaliser les dépôts. En effet l'accumulation de cette protéine étant constante, toute différence entre les pistes au niveau de l'intensité des signaux pour cette protéine, traduira une différence de quantité de protéines totales (ensemble des protéines présentes dans l'extrait) déposée (0,5).

#### 1- Protéine HO1

On observe un signal pour la protéine HO1 d'intensité quasiment identique dans les différentes conditions avec toutefois un niveau très supérieur dans la condition NIC+Coke (0,25).

Conclusion : l'accumulation (l'expression) de la protéine HO1 est affectée par l'association NIC+Coke (0,75).

#### 2- Protéine SOD2

On observe un signal pour la protéine SOD2 d'intensité quasiment identique dans les différentes conditions avec toutefois une diminution de l'intensité de signal dans la condition NIC+Coke (0,25).

Conclusion : Diminution de l'expression de la protéine SOD2 est affectée par l'association NIC+Coke (0,75).

#### 3- Il est effectivement impossible de conclure directement à une régulation traductionnelle (variation du taux de traduction) avec un simple résultat de western-blot et ceci pour deux raisons (0,5).

a) Comme signalé précédemment, cette technique donne accès à l'accumulation des protéines et non uniquement à la synthèse de cette protéine. On peut néanmoins effectuer par western-blot un suivi de la cinétique de dégradation de la protéine, afin d'en déterminer la demi-vie, mais cela nécessite de bloquer toute nouvelle initiation de la traduction in vivo en cultivant l'organisme étudié en présence d'un inhibiteur de la traduction ayant cette action (0,5).

B) Il ne faut pas oublier que la variation du taux de traduction n'est pas le seul moyen de faire varier le taux de synthèse d'une protéine. En effet, si le taux d'accumulation d'un ARNm augmente, soit en augmentant son taux de transcription et/ou sa demi-vie, alors à



541 AGACTCCTACAACAGTGTTTTGTGCAAATCCTGAGACTCATCAAACCTATGAAAGACGGTA

601 CAAGGTATACTGGAATCCGATCTCTGAAACTTGACATGAACCCAGGCACT

**1- OLIGO**      [start](#) [len](#) [tm](#) [gc%](#) [any th](#) [3' th](#) [hairpin seq](#)  
LEFT PRIMER      156 20 58.97 55.00 0.00 0.00 0.00  
GAGGGGCTGTGTAATGCATG **(0,5)**  
RIGHT PRIMER      311 20 58.72 55.00 0.00 0.00 0.00  
GAGTGGAGGAGCTTTGGGTA **(0,5)**

PRODUCT SIZE: 156, PAIR ANY\_TH COMPL: 0.00, PAIR 3'\_TH COMPL: 0.00

- 2- 1- DNTP + ADNc + MgCl<sub>2</sub> + E (T-polymérase) + **primers (0,5)**  
2- DNTP + ADNc + MgCl<sub>2</sub> + E (T-polymérase)+ Sybr green + **primers (1)**
- 3- Dénaturation :95 °C**(0,5)**  
Hybridation :50 °C**(1,5)**  
Elongation :72 °C**(0,5)**
- 4- PCR Classique/ électrophorèse gel agarose + BET **(0,5)**  
qRT-PCR/ Sybr green **(0,5)**
- 5- 156 pb **(1)**