

5.00 crédits

30.0 h + 30.0 h

Q1


**Cette unité d'enseignement n'est pas dispensée cette année académique !**

Langue d'enseignement	Français
Lieu du cours	Charleroi
Préalables	<p>Les prérequis sont les suivants :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• En génétique (génétique et biotechnologies) : génétique classique, notion de liaison génétique, théorie chromosomique, mitose et méiose, expression génique (transcription et traduction avec leur mécanisme moléculaire), réparation de l'ADN (tout sauf réparation des cassures double brin)</li> <li>• En biostat (proba et stat) : notion de fréquence relative, de moyenne et d'écart-type, probabilités et événements indépendants, intervalle de confiance à la moyenne</li> <li>• En biochimie (chimie du vivant) : structure des protéines, effets des solvants, catalyse enzymatique</li> <li>• En chimie (générale et) organique : acides et bases, attaques nucléophiles/électrophiles et stéréochimie</li> <li>• En biologie générale : structure générale des cellules (procaryotes et eucaryotes, évolution, évolution moléculaire, interactions trophiques, symbiotiques et parasitaires)</li> </ul>
Thèmes abordés	<ul style="list-style-type: none"> <li>• La plasticité de l'information génétique</li> <li>• Le génie génétique : biologie moléculaire, transgénèse et séquençage des génomes</li> <li>• Logique génétique et interactions génétiques</li> <li>• Etude du polymorphisme pour la découverte des associations entre génotype et phénotype</li> </ul>
Acquis d'apprentissage	<p><b>A la fin de cette unité d'enseignement, l'étudiant est capable de :</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) Maîtriser des processus moléculaires qui stimulent la plasticité génomique à l'échelle générationnelle d'une part et évolutive d'autre part</li> <li>2) Comprendre les outils de la biologie moléculaire et leurs limites</li> <li>3) Comprendre la génération de séquences d'ADN de grande taille et leurs contraintes</li> <li>4) Intégrer la logique génétique et les concepts d'interactions génétiques</li> <li>5) Comprendre la logique d'association génétique à partir de données génomiques</li> </ol>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants	<p>L'évaluation se fera sous forme d'un examen oral, tant que le nombre d'étudiants est compatible avec ce type d'évaluation. L'examen commence par une période de 45 à 60 minutes durant laquelle l'étudiant(e) rassemble ces idées et réalise des schémas qui pourront l'aider à présenter ensuite oralement (environ 15 minutes) une réponse aux questions posées. La discussion est l'occasion de parcourir des matières non-couvertes par les questions posées initialement. Le but de l'évaluation est bien sûr d'évaluer l'intégration des acquis d'apprentissage.</p>
Méthodes d'enseignement	<p>Chaque chapitre fait l'objet d'une ou plusieurs vidéos successives. Les vidéos sont mises en ligne dès le début du cours. L'étudiant regarde ces vidéos à un moment où il/elle est réceptif(ve), en tentant de comprendre les mécanismes complexes présentés dans le cours. A intervalles réguliers, des séances de questions réponses, centrées chacune sur un ou plusieurs chapitres, se font en présentiel, dans une salle équipée d'un tableau et d'un vidéoprojecteur séparés. Les séances de questions-réponses ne sont pas obligatoires pour l'étudiant. A chaque séance questions-réponses, une première partie consiste en une discussion par groupe de 4-5 étudiants, d'abord sur des questions qui semblent simples, typiquement des mots de vocabulaires ou des détails de mécanismes. Les questions plus larges et les détails non-résolus dans la première partie font l'objet de questions posées directement à l'enseignant dans la seconde partie, où tout le groupe est réuni.</p>
Contenu	<p><b>Introduction</b> Chapitre d'introduction revoyant les bases acquises lors des années précédentes</p> <p><b>Chapitre 1 – Transactions d'ADN</b></p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1.1. La recombinaison homologue :             <ol style="list-style-type: none"> <li>1.1.1. Le modèle original de Holliday</li> <li>1.1.2. <i>Double strand break repair</i></li> </ol> </li> <li>1.2. La conversion génique</li> <li>1.3. La recombinaison site-spécifique             <ol style="list-style-type: none"> <li>1.3.1. Mécanisme des recombinases à sérine</li> <li>1.3.2. Mécanisme des recombinases à tyrosine</li> </ol> </li> </ol>

- 1.3.3. Variation de phase dépendante de recombinaison
- 1.3.4. Résolution des dimères de chromosomes par recombinaison site-spécifique
- 1.4. La transposition
  - 1.4.1. Les transposons à ADN
    - 1.4.1.1. Séquences d'insertions et origine évolutive des transposons
    - 1.4.1.2. Transposition conservative
    - 1.4.1.3. Transposition répllicative
  - 1.4.2. Les rétrotransposons
    - 1.4.2.1. Réplication des rétrovirus et des rétrotransposons
    - 1.4.2.2. Rétrotransposons à poly-A
    - 1.4.2.3. Origine des rétropseudogènes
  - 1.4.3. La transposition domestiquée : la recombinaison V(D)J
- 1.5. Transferts d'ADN interspécifiques
  - 1.5.1. Les plasmides conjugatifs
  - 1.5.2. Les ICEs
  - 1.5.3. Les bactériophages
    - 1.5.3.1. Le phage M13
    - 1.5.3.2. Le phage  $\lambda$
    - 1.5.3.3. La transduction généralisée
  - 1.5.4. Transfert horizontal et résistance aux antibiotiques
- 1.6. Mécanismes de défense contre les envahisseurs génétiques
  - 1.6.1. Procaryotes
  - 1.6.2. Eucaryotes

## Chapitre 2 – Introduction au génie génétique

- 2.1. La bactérie *E. coli*
- 2.2. Les levures de laboratoire
- 2.3. Les plasmides
  - 2.3.1. Origines de répllication : diversité et mécanisme moléculaire
  - 2.3.2. Mécanismes de l'incompatibilité plasmidique
  - 2.3.3. Les plasmides mobilisables
  - 2.3.4. Les plasmides navette *E. coli* – levure
- 2.4. Les marqueurs de sélection
- 2.5. Les marqueurs de contre-sélection
- 2.6. Manipulation du bactériophage M13
- 2.7. Les phagemides
- 2.8. Les enzymes de restriction et de ligation
- 2.9. Les vecteurs de ménage
- 2.10. La transformation bactérienne
- 2.11. La préparation d'ADN plasmidique
- 2.12. L'électrophorèse en gel d'agarose
- 2.13. La PCR
- 2.14. La PCR quantitative

## Chapitre 3 – Plasmides recombinants

- 3.1. Identification de clones porteurs de plasmides recombinants
  - 3.1.1. Restriction diagnostique
  - 3.1.2. Criblage par PCR
  - 3.1.3. L'a-complémentation
  - 3.1.4. La disruption de *ccdB*
- 3.2. Les enzymes de modification
  - 3.2.1. L'ADN polymérase de Klenow
  - 3.2.2. La phosphatase alcaline
  - 3.2.3. La transcriptase inverse
- 3.3. Clonage des produits PCR
  - 3.3.1. Ligation
  - 3.3.2. *Repair* par une ADN polymérase virale
  - 3.3.3. Remplacement des produits PCR par des gBlocks
- 3.4. Surproduction de protéines recombinantes

Ouvrage de référence :

« Molecular Biology of the Gene » (Watson et al.) Pearson Eds. (2014), 7th Edition

<https://www.pearson.com/us/higher-education/product/Watson-Molecular-Biology-of-the-Gene-7th-Edition/9780321762436.html>

Faculté ou entité en charge:

EPL

<b>Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)</b>				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Bachelier en sciences informatiques	SINC1BA	5		