

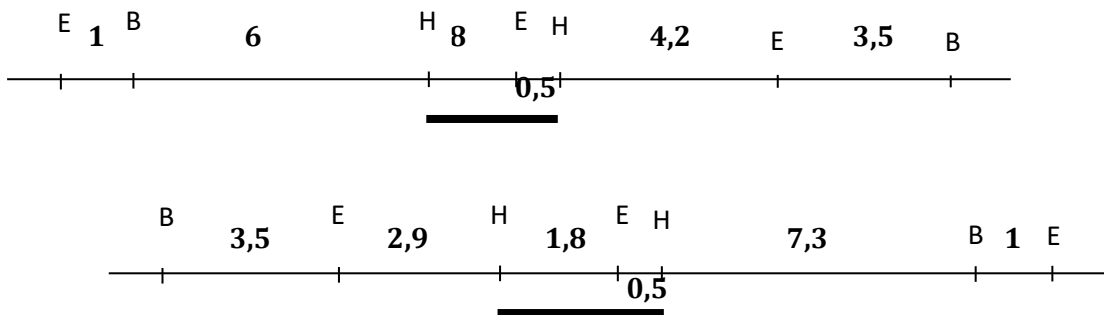
SOLUTION SERIE 2

EXERCICE N1 :

1. On utilisant les amorces A et B, on s'attend à obtenir les résultats suivants :

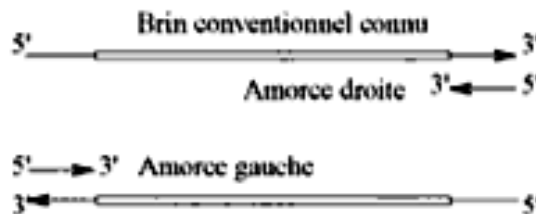
Génotype	Taille des fragments générés par digestion des produits d'amplification par <i>MstII</i>
AA	100, 130
AS	100, 130, 230
SS	230
CC	100, 130
Délétion codon 6/délétion codon 6	230

2.



EXERCICE N 2

- La taille du segment amplifié sans les amorces est de $288 - 118 + 1 = 171$ bases. La taille du segment amplifié avec les amorces est de $171 + 2 \times 21 = 213$ bases.
- Si on souhaite l'amplification de ce segment allant de 118 à 288, on doit encadrer ce segment avec une amorce droite (reverse) et une amorce gauche (forward), selon le schéma suivant :



L'amorce droite est complémentaire à la séquence du brin connu de 289 à 309 inclus :

-brin connu : 5'TCCAAGTGCCTCAGCTGAC3'

-séquence complémentaire : 3'AGGTTGACAGGAGTGC GACTG5'

Le même type de raisonnement permet d'affirmer que l'amorce gauche est identique au brin donné soit : 5'ACCGACTTGCACGCTTGGCAC3'

3. Critères de choix des amorces :

- taille : 17 à 30 nucléotides
- contenu GC : 50% et T_m proche
- absence de répétition d'un même nucléotide
- absence de complémentarité de séquences entre les amorces (formation de dimères d'amorces)
- faible risque de formation de structure secondaire

4. les T_m des deux amorces :

Amorce droite : $T_m = 66^\circ\text{C}$

Amorce gauche : $T_m = 68^\circ\text{C}$

Les deux T_m sont proches. Les deux amorces sont compatibles. Mais ces deux amorces risquent de former des dimères.