

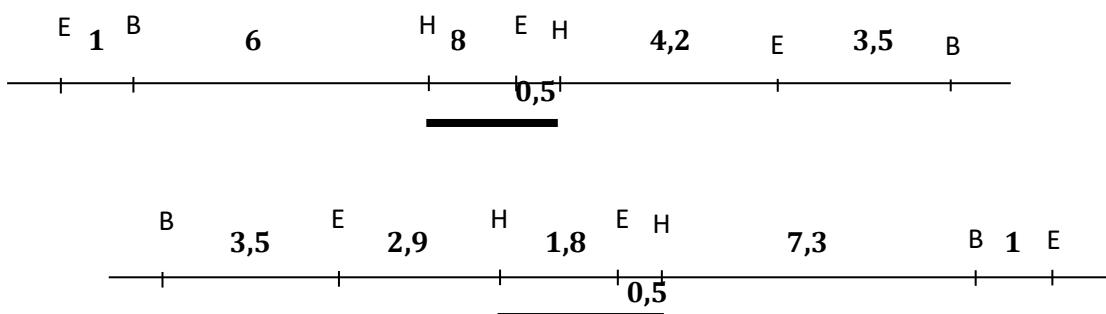
SOLUTION SERIE 2

EXERCICE N1 :

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

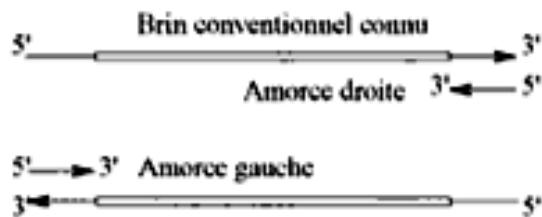
Génotype	Taille des fragments générés par digestion des produits d'amplification par <i>MstII</i>
AA	100, 130
AS	100, 130, 230
SS	230
CC	100, 130
Délétion codon 6/délétion codon 6	230

2.



EXERCICE N 2

- La taille du segment amplifié sans les amores est de $288 - 118 + 1 = 171$ bases. La taille du segment amplifié avec les amores 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'TCCAAGTGTCTCACGCTGAC3'
- séquence complémentaire : 3'AGGTTGACAGGAGTGCGACTG5'

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

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

- les Tm des deux amores :

Amorce droite : Tm= 66°C

Amorce gauche : Tm=68°C

Les deux Tm sont proches. Les deux amores sont compatibles. Mais ces deux amores risquent de former des dimères.