

1/	ABD	2/	ABD	3/	AB	4/	ABCD	5/	B
6/	E	7/	A	8/	ABC	9/	C	10/	AD
11/	BD	12/		13/		14/		15/	
16/		17/		18/		19/		20/	

QCM 1 : ABD

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Faux : au contraire elle a permis la progression de la médecine dans les 30 dernières années
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 2 : ABD

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Faux : **pas le génome mitochondrial +++**
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 3 : AB

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Faux : au contraire, elle **favorise** l'apparition si le X muté n'est pas celui qui sera compacté
- D) Faux : elle est **récessive**
- E) Faux

QCM 4 : ABCD

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 5 : B

On recherche la technique la plus judicieuse pour rechercher une mutation où **plusieurs gènes sont impliqués**.

- A) Faux : cette technique est utile pour rechercher une mutation ciblée. Ce n'est pas le cas ici
- B) Vrai
- C) Faux : aucune utilité ici car plusieurs gènes impliqués
- D) Faux : elle permet une analyse quantitative comme son nom l'indique. Ici ce n'est pas le but
- E) Faux

QCM 6 : E

- A) Faux
- B) Faux
- C) Faux
- D) Faux
- E) Vrai : ce sont les **polymérases**

QCM 7 : A

Analysons l'énoncé. Ici on a une carte de restriction dont l'insert faisant **100 pb s'insère en position 700**. On ne connaît pas la séquence de notre insert. Les items nous demandent de savoir si notre insert peut posséder un site de reconnaissance pour quelle enzyme et où.

A) Vrai : pourquoi ? Pour le savoir on applique **une digestion par *EcoRI* seulement**. On remarque que sur le **plasmide seul sans l'insert** on a **2 sites** de reconnaissances soit 2 coupures. Ces 2 coupures donneront 2 fragments. Or l'image de droite nous confirme le contraire. En effet sur la **piste 3** représentant cette digestion montre **3 fragments 2800 pb + 180 pb + 120 pb**. Pour qu'il y ait 3 fragments il faut donc un **3^e site** de reconnaissance. **Il ne peut donc se situer que sur l'insert**. Pour trouver la position il faut calculer. On sait que l'enzyme ***EcoRI* coupe en position 600 et 800** et l'insert s'insère en position 700 d'après l'énoncé. Admettons que le site recherché se situe en position 80 sur l'insert il serait donc partagé en deux coupes dont une de **20 pb** et une autre de **80 pb**. Ce qui donnerait d'une part un **fragment de 100 pb de plasmide + 80 pb d'insert** soit un fragment entier de 180 pb et un autre de **100 pb de plasmide + 20 pb d'insert** soit un autre fragment de 120 pb. Enfin on peut déduire que le **nombre de pb entier du plasmide contenant l'insert fait 3000 + 100 soit 3100 pb**. Notre **dernier fragment** fait donc $3100 - (180 + 120)$ soit $3100 - 300 = 2800$ pb. La piste 3 est en accord avec ce résultat.

B) Faux : vu qu'on sait que notre insert possède déjà un site de reconnaissance pour *EcoRI* si on a en plus un site de reconnaissance pour *SacI* on aurait alors un **morceau d'insert seul de moins de 100 pb**. Or la **piste 4** représentant la digestion par ces deux enzymes ne signale **aucun fragment en dessous de 100 pb**. Donc il n'y a **pas de site** de reconnaissance pour *SacI* sur l'insert.

C) Faux : voir A)

D) Faux : attention piège !!!! Si on fait le calcul on retrouve le même résultat que l'item A) cependant on ne peut pas être sûr que le site de reconnaissance soit en position 20 car **on ne connaît pas la séquence de notre insert ++++** Donc la position 20 est une possibilité comme la position 80 de la A) mais n'est pas une certitude.

E) Faux

QCM 8 : ABC

A) Vrai

B) Vrai

C) Vrai

D) Faux : la kinase permet la **phosphorylation**. Ici il faut une **phosphatase**.

E) Faux

QCM 9 : C

A) Faux : des bactéries **compétentes**

B) Faux : **UN SEUL !! +++**

C) Vrai

D) Faux : la sélection blanc/bleu permet de sélectionner les bactéries ayant un plasmide **avec insert** de ceux n'ayant **pas d'insert**

E) Faux

QCM 10 : AD

A) Vrai : comment on fait ? Ici on cherche à étudier l'effet de la mutation situé en fin d'intron 2. On va donc s'intéresser aux PCR amplifiant cette région contenant la mutation et comparer avec la même région amplifiée sans la mutation.

La piste 3 et 4 nous sont donc très utiles car la même région est amplifiée mais la piste 3 contient l'ADN d'une personne saine alors que la piste 4 contient l'ADN d'une personne possédant la mutation. La figure de droite nous montre que sur la **piste 3** on trouve un fragment de **450 pb** alors que sur la **piste 4** on trouve un fragment de **350 pb**. Ce n'est pas logique, si la même région a été amplifiée sur ces 2 pistes on devrait avoir le même résultat. Mais non, ici la piste 4 où on analyse le fragment muté possède 100 pb de moins. Cette mutation a donc eu un effet sur l'épissage de l'ARNm et plus précisément **l'exon 4 a sauté**.

B) Faux : on a pu conclure à l'effet de la mutation en se servant seulement de la piste 3 et 4

C) Faux : voir A)

D) Vrai : le séquençage nous permettra de confirmer la présence de la mutation

E) Faux : ce type de QCM tombe très rarement (2 fois à l'examen) mais tout est possible. D'ailleurs celui-là est tombé il y a presque 2 ans

QCM 11 : BD

- A) Faux : regardez la piste 3 ! On ne visualise **qu'un fragment de 500 pb** soit la taille de l'allèle **sain**. Donc les 2 allèles sont sains ainsi **le fils n'est pas porteur**
- B) Vrai : pour le fils voir A). Pour la fille on visualise sur la piste 4 **un seul fragment à 250 pb**. Pourquoi ? La digestion par SmaI c'est fait sur les **2 allèles** ce qui a coupé ces 2 fragments de 500 pb en fragments de 250 pb. **Ces 4 fragments sont donc à la même hauteur sur le gel d'agarose** du coup on n'en visualise qu'un. Ainsi ses **2 allèles sont mutés** donc elle est **homozygote**
- C) Faux : Sur la piste 1 et 2 on visualise **2 fragments** : un à **500 pb** et un autre à **250 pb**. **Le fragment à 500 pb représente l'allèle sain** qui est resté intact alors que le **fragment à 250 pb représente l'allèle muté** qui a été coupé. Donc les parents ont **un allèle sain et l'autre muté**. Ils sont donc **hétérozygotes**
- D) Vrai : voir C)
- E) Faux