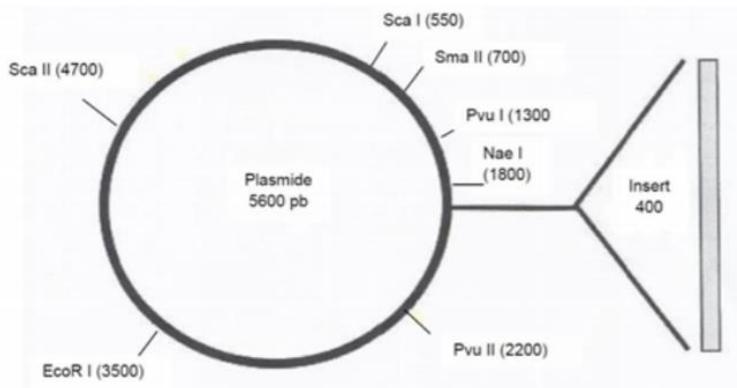


# DM : Carte de restrictions et schémas

Tutorat 2020-2021 : 8 QCMS

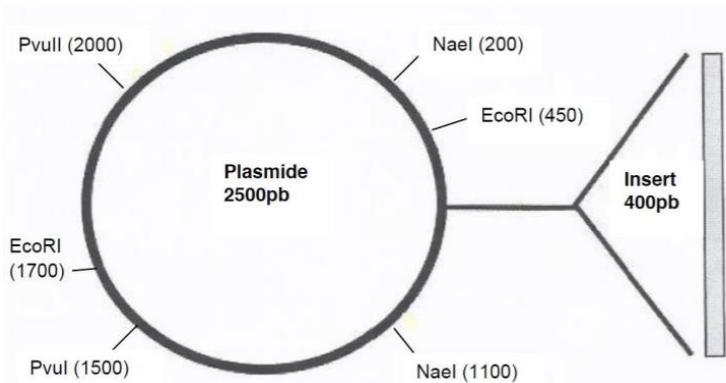


**QCM 1 :** Vous réalisez un clonage moléculaire suivi d'une carte de restriction afin de différencier les plasmides contenant un insert de ceux ne contenant pas d'insert. La carte de restriction est schématisée ci-dessous. Après digestion par les enzymes Sma II et Nae I, quels sont les fragments obtenus après migration électrophorétique sur gel d'agarose ? Donner la ou les réponse(s) exacte(s) :



- A) Plasmide sans insert : 700 pb + 1800 pb
- B) Plasmide sans insert : 1100 pb + 4500 pb
- C) Plasmide avec insert : 4900 pb + 1100 pb
- D) Plasmide avec insert : 5600 pb + 400 pb
- E) WTF IS THAT ?? (comptez FAUX)

**QCM 2 :** Après digestion enzymatique du plasmide suivant grâce aux enzymes de digestion NaeI et PvuI, quels sont les fragments obtenus après migration électrophorétique sur gel d'agarose ?



- A) Plasmide sans insert : 900 pb + 1600 pb
- B) Plasmide sans insert : 1200 pb + 900 pb + 400 pb
- C) Plasmide avec insert : 1300 pb + 1600 pb
- D) Plasmide avec insert : 400 pb + 1300 pb + 1200 pb
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

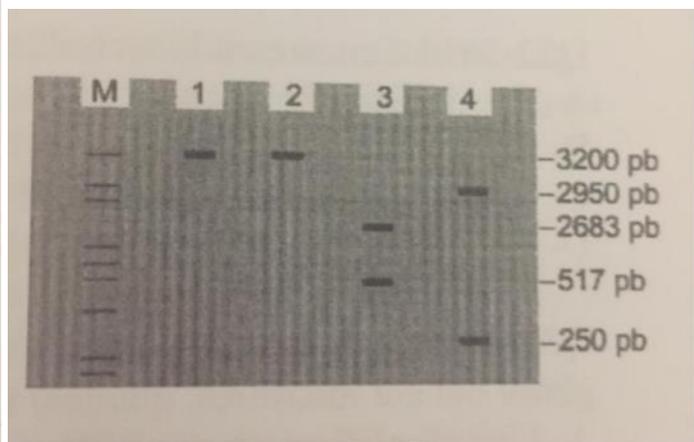
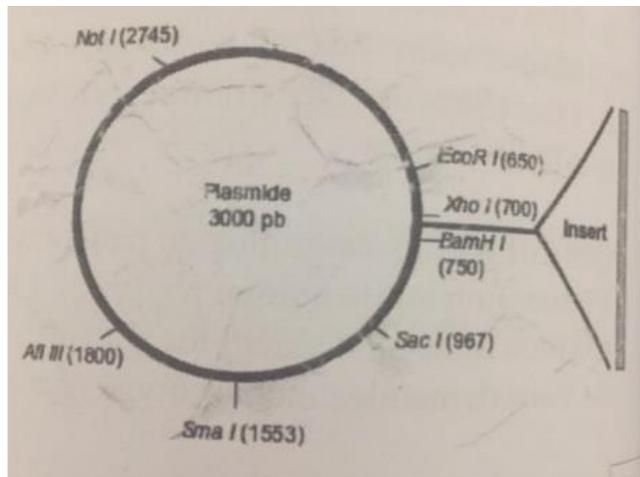
**QCM 3** : Vous réalisez un clonage suivi d'une carte de restriction pour vérifier l'ADN recombinant que vous avez obtenu. La carte de restriction est schématisée ci-dessous. Seules les positions des sites de coupures pour les enzymes de restriction ne coupant qu'une seule fois sont figurées. Les sites de restriction reconnus par les enzymes de restriction EcoRI, SacI, XhoI et BamHI ne sont pas présent dans l'insert. Les produits de digestion sont analysés sur un gel d'agarose après migration électrophorétique. M : marqueur de poids moléculaire

Piste 1 : ADN recombinant digéré par l'enzyme de restriction EcoRI

Piste 2 : ADN recombinant digéré par l'enzyme de restriction SacI

Piste 3 : ADN recombinant digéré par les enzymes de restriction EcoRI et SacI

Piste 4 : ADN recombinant digéré par les enzymes de restriction XhoI et BamHI



Suite à l'interprétation du gel, indiquez la ou les proposition(s) exacte(s) concernant l'ADN recombinant analysé :

(tombé au concours en 2014)

Note : pb = paires de bases

- A) Plasmide sans insert
- B) Plasmide avec insert de 250 pb
- C) Plasmide avec insert de 517 pb
- D) Plasmide avec insert de 200 pb
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

**QCM 4 :** Vous réalisez un clonage moléculaire suivi d'une carte de restriction pour vérifier l'ADN recombinant que vous avez obtenu. Le fragment est inséré en position 700 sur le plasmide. La carte de restriction est schématisée ci-dessous. Les positions des sites de coupures sur le plasmide pour les enzymes de restriction (EcoRI, SmaI, NotI, SacI, XhoI, BamHI) y sont figurées. Vous ne connaissez pas la séquence exacte de l'insert de 100 paires de bases ou pb. Après digestion par différents enzymes de restrictions, les produits de digestion sont analysés sur un gel d'agarose après migration électrophorétique.

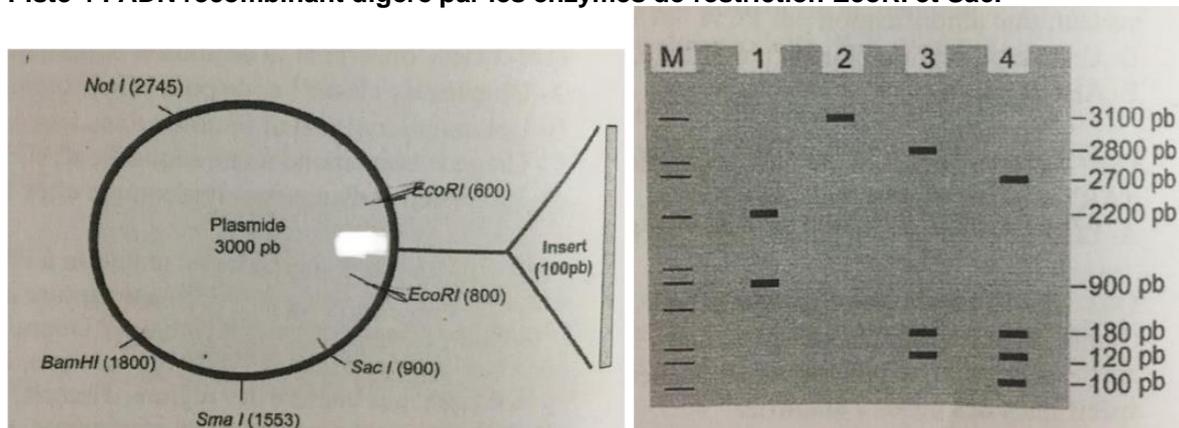
M : marqueur de poids moléculaire

Piste 1 : ADN recombinant digéré par les enzymes de restriction SacI et BamHI

Piste 2 : ADN recombinant digéré par l'enzyme de restriction SmaI

Piste 3 : ADN recombinant digéré par l'enzyme de restriction EcoRI

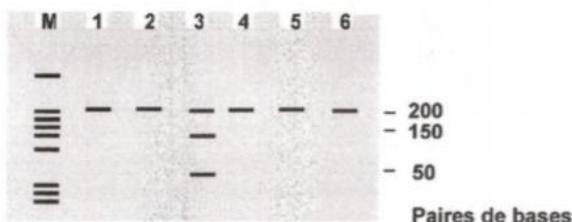
Piste 4 : ADN recombinant digéré par les enzymes de restriction EcoRI et SacI



Suite à l'interprétation du gel d'agarose, indiquez la (les) proposition(s) exacte(s) : (annales)

- A) L'insert peut posséder un site de reconnaissance pour l'enzyme EcoRI en position 80 sur l'insert
- B) L'insert peut posséder un site de reconnaissance pour l'enzyme SacI en position 50 sur l'insert
- C) L'insert ne possède pas de site de reconnaissance pour les enzymes EcoRI, SmaI, SacI ou BamHI
- D) L'insert possède forcément un site de reconnaissance pour l'enzyme EcoRI en position 20 sur l'insert
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

**QCM 5 :** Un neurologue du service de Neurologie de Pasteur 2 vous envoie plusieurs patients suspectés d'être atteint d'une maladie génétique autosomique dominante rare. Leur ADN est extrait et soumis à une amplification par PCR. Les séquences obtenues sont digérées par une enzyme de restriction, donnant des fragments séparés par une migration par électrophorèse sur gel acrylamide. Que pouvez déduire du résultat suivant ?



M : Marqueur de poids moléculaire

Piste 1 : Patient 1

Piste 2 : Patient 2

Piste 3 : Patient 3

Piste 4 : Patient 4

Piste 5 : Patient 5

Piste 6 : Témoin négatif

- A) Les patients 4, 5 et 6 sont sains
- B) Ce résultat montre que le patient 1 n'est pas atteint par la mutation
- C) Le patient 3 est atteint de façon certaine de la mutation à l'état hétérozygote
- D) Le patient 3 est atteint de façon certaine de la mutation à l'état homozygote
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

**QCM 6** : La maladie de Wilson est liée à une mutation autosomique récessive du gène ATPB7 sur le chromosome 13, une mutation est décrite : c. 1069 A->C. Le fils présente les signes cliniques de la maladie mais comme vous êtes des pros et qu'on n'est pas à la foire vous lâchez pas un diagnostic comme ça. Vous réalisez alors une PCR suivie d'un séquençage. (Inspiré des annales)

La séquence nucléotidique qui encadre cette mutation sur un allèle sain est la suivante : TATGCTGAATCCCGGG (la position 1069 est soulignée).

Vous disposez des enzymes de restriction suivantes :

EcoRI, site de restriction : GAATTC

BamHI, site de restriction : GCTGAA

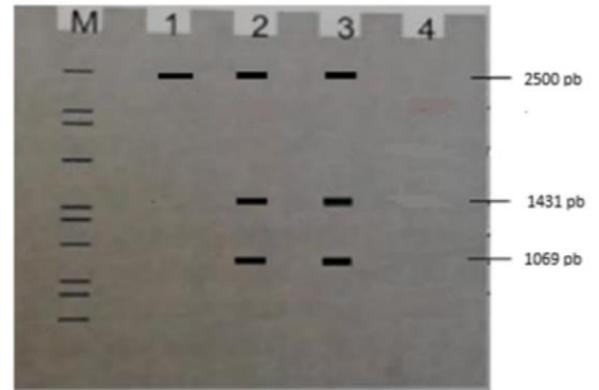
HpaI, site de restriction : GCATCC

SmaI, site de restriction : CCCGGG

Piste 1 : Mère ; Piste 2 : Fils ; Piste 3 : fille ; Piste 4 : témoin négatif ; Piste M : marqueur de PM

Indiquez la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A) Vous pouvez utiliser EcoRI et SmaI
- B) Vous pouvez utiliser HpaI
- C) D'après le gel d'électrophorèse ci-dessous, le fils est porteur hétérozygote donc il est malade
- D) Le fils a forcément reçu son allèle muté de sa mère
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses



**QCM 7 :** Vous avez identifié une nouvelle mutation présente à l'état hétérozygote dans l'intron 3 de votre gène d'intérêt. Pour vérifier l'effet de ce variant sur l'épissage de votre ARNm d'intérêt vous effectuez une extraction d'ARN suivie de la synthèse de ADN complémentaire (ADNc) correspondant. Vous avez ensuite amplifié, par PCR, cet ADNc en utilisant différents couples de primers (3 stratégies différentes) : les produits PCR obtenus sont analysés sur un gel d'agarose par migration électrophorétique.

**M :** marqueur de poids moléculaire

**Piste 1 :** Produit PCR obtenu, avec la stratégie PCR n°1, à partir d'un individu contrôlé non muté

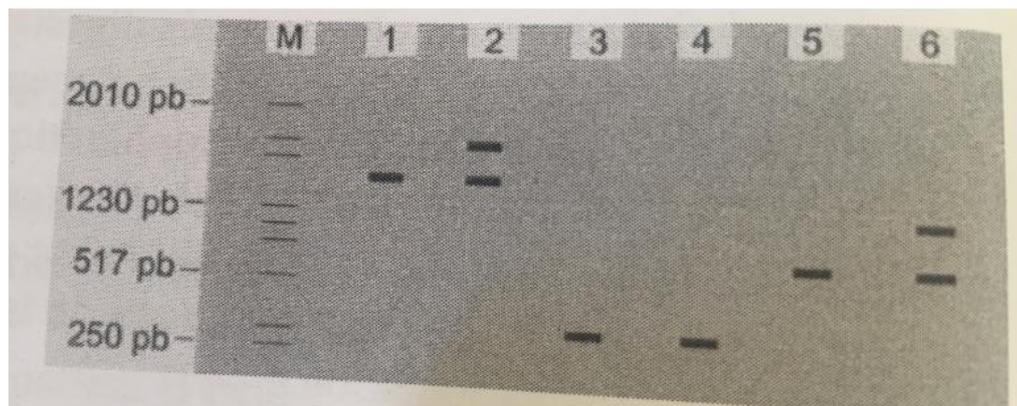
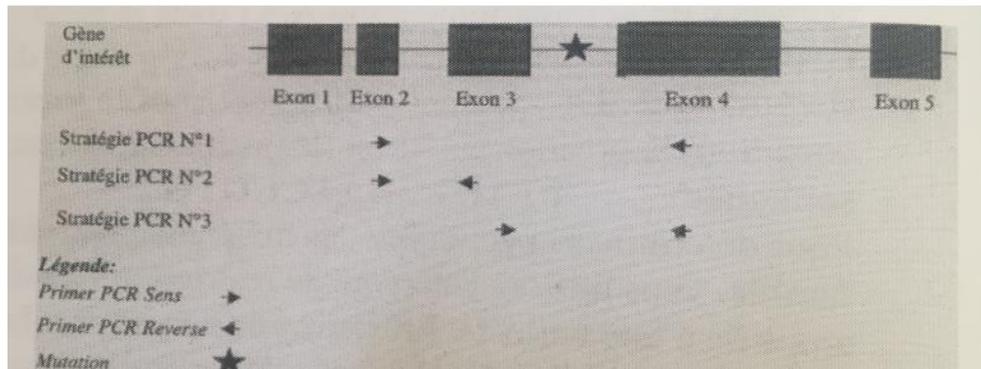
**Piste 2 :** Produit PCR obtenu, avec la stratégie PCR n°1, à partir d'un individu porteur de la mutation

**Piste 3 :** Produit PCR obtenu, avec la stratégie PCR n°2, à partir d'un individu contrôlé non muté

**Piste 4 :** Produit PCR obtenu, avec la stratégie PCR n°2, à partir d'un individu porteur de la mutation

**Piste 5 :** Produit PCR obtenu, avec la stratégie PCR n°3, à partir d'un individu contrôlé non muté

**Piste 6 :** Produit PCR obtenu, avec la stratégie PCR n°3, à partir d'un individu porteur de la mutation



**Concernant l'interprétation du gel, indiquer la ou les réponse(s) exacte(s) :**

- A) La mutation identifiée n'a pas d'effet sur l'épissage de l'ARNm d'intérêt
- B) La stratégie PCR n°2 utilisée permet de déterminer l'effet de la mutation sur l'épissage de l'ARNm d'intérêt
- C) La mutation identifiée a un effet sur l'épissage de l'ARNm d'intérêt
- D) La stratégie PCR n°3 utilisée permet de déterminer l'effet de la mutation sur l'épissage de l'ARNm d'intérêt
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

**QCM 8** : Vous suspectez la présence de la mutation c.323 A>G du gène XYZ dans une famille. La séquence nucléotidique qui encadre cette mutation sur un allèle sain est la suivante :

TATGCTGAATCCCGGG (la position 323 est soulignée)

Vous voulez réaliser une PCR qui encadre cette mutation, suivie d'une digestion enzymatique pour la rechercher. Vous disposez des enzymes de restriction suivantes :

EcoRI, site de restriction : GAATTC

HpaI, site de restriction : GTTAAC

BamHI, site de restriction : GGATCC

SmaI, site de restriction : GGGCCC

Quelle(s) enzyme(s) sera(ont) informative(s) pour détecter la présence de mutation :

- A) BamHI et EcoRI
- B) HpaI uniquement
- C) SmaI uniquement
- D) BamHI uniquement
- E) Les propositions A, B, C et D sont fausses