

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

QCM 1 : B

- A) Faux : voir B
- B) Vrai
- C) Faux : les ARNm sont plus instables
- D) Faux : le séquençage Sanger ne se fait qu'avec de l'**ADN**
- E) Faux

QCM 2 : ABC

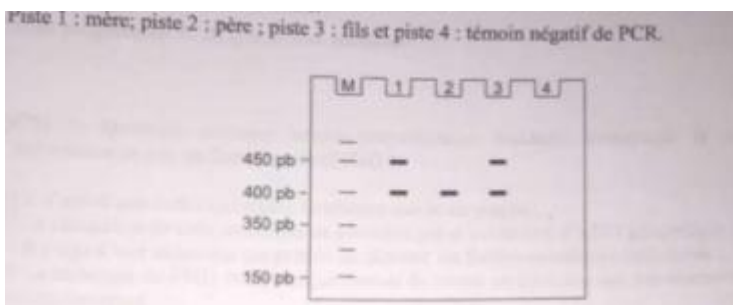
- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Faux : le NGS est plus puissant que le séquençage Sanger
- E) Faux

QCM 3 : ABD

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Faux : on ajoute les barres codes **avant** de mélanger les fragments
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 4 : B

Voilà notre schéma adorée. Alors commençons d'abords par **lire l'énoncé** (*oui ça paraît débile de dire ça mais négliger l'énoncé peut coûter cher ;*). Ici **l'allèle non muté fait 400 pb** et **l'allèle muté a une insertion de 50 nucléotides supplémentaire**. Donc **l'allèle muté fait 450pb**. Il est plus **lourd**, donc il migre **moins loin**. Avec ces informations on peut répondre.



- A) Faux : le témoin **négatif** représenté par la piste **4** ne montre **rien**. Il n'y a pas de marque donc **pas de contaminations**, donc résultats **interprétables**
- B) Vrai : sur la piste **1** qui représente la **mère** on aperçoit **2 fragments** : 1 de **450pb** et un autre de **400pb**. Donc on a **un allèle muté et un autre sain**. La mère est donc **hétérozygote** pour cette maladie.
- C) Faux : voir B
- D) Faux : le **père** est représenté sur la piste **2**. Ici on aperçoit **1 seul** fragment de **400pb**. Il y a donc **aucune** insertion de nucléotides. Les 2 allèles sont sains, le père ne porte **aucune mutation**
- E) Faux

QCM 5 : ABC

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Faux : **une seule** couleur fluorescente contrairement au séquençage
- E) Faux

QCM 6 : C

- A) Faux : la kanamicine n'est pas utilisée lors d'un clonage moléculaire
- B) Faux : au contraire, les colonies bleues sont celles qui n'ont **PAS** intégré l'insert
- C) Vrai
- D) Faux
- E) Faux

QCM 7 : C

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