

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**

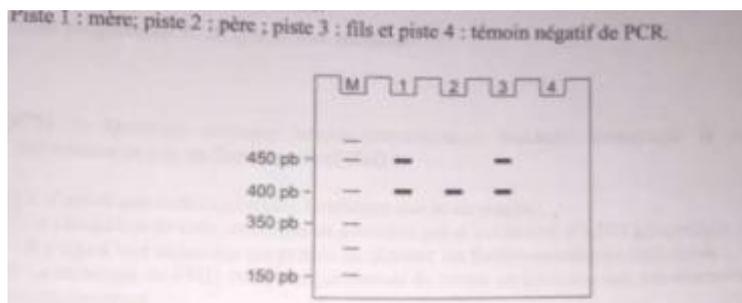
- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Faux : le NGS est plus puissant que le séquençage Sanger
- E) Faux

**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'abors par lire l'énoncé (*oui ça parait débile de dire ça mais négliger l'énoncé peut couter 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