

SÉANCE 2 GÉNOME

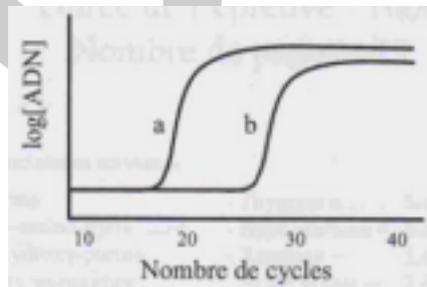
SUJET

I-TECHNIQUES ET RT-PCR

QCM 1 . TD 2022 : Concernant la RT-PCR quantitative, indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes : A,B,D

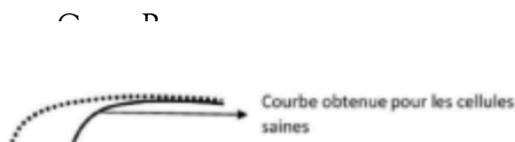
- C. Attention, on parle ici de RT-PCR quantitative ! (RT-qPCR), qui ne consiste qu'en la mesure de la fluorescence. A ne pas confondre avec la RT-PCR (non quantitative) où on analyse le produit de la RT-PCR (séquençage ou gel d'électrophorèse)
- E. PAS LES LIGASES !!!!!

QCM 2 (TD) . L'expression de l'ARNm du facteur de transcription F est étudiée par RT-PCR quantitative dans deux types de cellules a et b. Les résultats suivants sont obtenus. A,C



- B. Jamais proportionnelle !!!
- D. Attention ! L'amplification n'apparaît pas sur le graphique (non détectée), mais dès le premier cycle la quantité d'ADN est multipliée par 2. On a donc bien amplification au 10^e cycle de PCR.
- E. Faux, c'est l'inverse

QCM 3 (TD) : Mme X est atteinte d'un cancer du sein. Afin de mettre en place le traitement, les professionnels de santé ont évalué l'expression du gène codant erb2/neu par RT-PCR quantitative (temps réel) dans les cellules cancéreuses de la patiente. Les courbes de fluorescence sont représentées ci-dessous : B,C,D,E



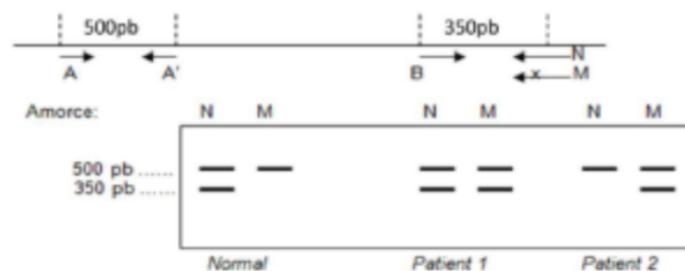
Indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes :

A. Non, attention ! L'expérience est réalisée sur l'ARNm, pas l'ADN génomique !!!

QCM 4 (TD) : Soit une mutation ponctuelle, sur un gène autosomal codant pour un enzyme, responsable d'un déficit de son activité enzymatique.

On se propose de dépister cette mutation par PCR en utilisant des amorces spécifiques de l'allèle normal (B et N) ou de l'allèle muté (B et M). Avec des amorces différentes (A et A'), on amplifie une autre région du gène, non impliquée dans la pathologie considérée. Ainsi, pour chaque patient étudié, on réalise deux PCR indépendantes :

une première qui utilise le couple AA' et le couple BN, et une deuxième PCR avec le couple AA' et le couple BM.

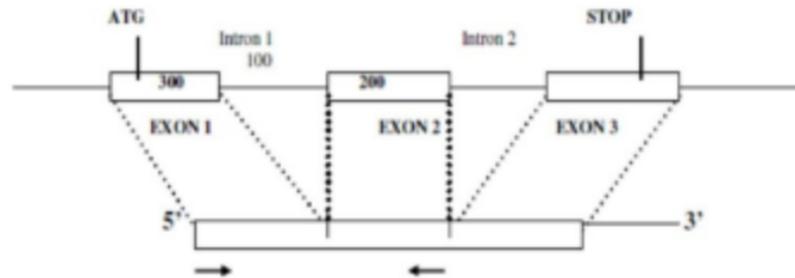


Au vu des résultats de l'électrophorèse présentés ci-dessous, vous concluez que : A,B,C

D. Faux, l'amplification a bien lieu

- E. Faux, il peut porter la mutation correspondant à l'amorce M sur un allèle, et porter une autre mutation inconnue ou une délétion sur l'autre allèle

QCM 5 . TD 2022 : La structure d'un gène et celle de son ARNm sont représentées ci-dessous :



Les amorces utilisées pour la réaction de PCR et la RT-PCR sont symbolisées par les flèches. Par ailleurs, on sait qu'une mutation ponctuelle dans l'intron 1 entraîne l'excision de l'exon 2. A,B,C,E

- D. Faux, la RT-PCR ne prend pas en compte les introns

QCM 6 (purpan 2019). Des expériences utilisant l'interférence à ARN sont réalisées pour étudier le rôle d'un facteur de transcription dénommé F sur le promoteur d'un gène cible. Deux ARNsi dirigés contre l'ARNm de F sont synthétisés :

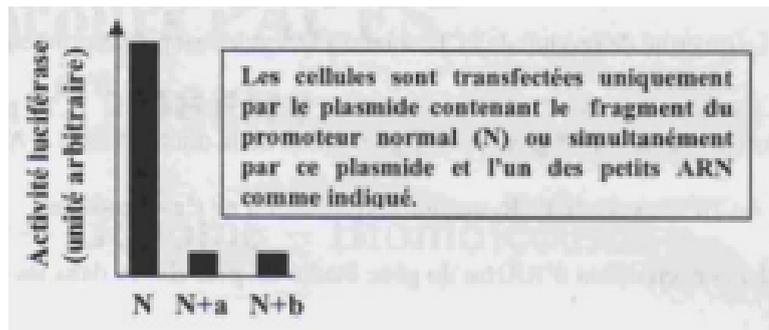


La séquence d'un des brins de A correspond à celle de l'ARNm du facteur de transcription.

Des cellules qui expriment F sont transfectées simultanément en présence d'un des deux petits ARN décrits ci-dessus et du plasmide contenant un fragment du promoteur normal (N) en amont du gène de la luciférase. La transfection permet de faire pénétrer dans les mêmes cellules le plasmide et les petits ARN.

Après 48 heures de culture, les cellules sont lysées et l'activité luciférase est mesurée.

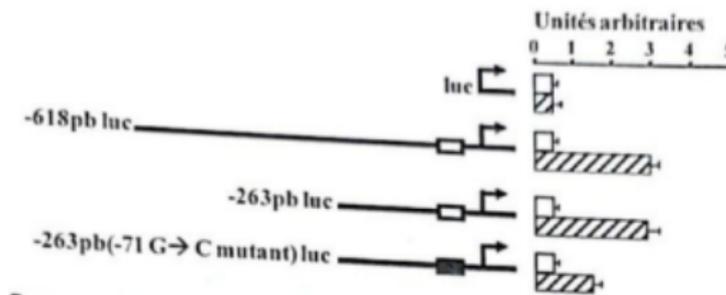
B,C,D,E



A. Faux, complexe RISC

QCM 7 (Ranguel 2020) : Le gène de la luciférase est un gène rapporteur. Il code pour une protéine facilement détectable qui n'est pas exprimée dans les cellules des mammifères. Sous contrôle du promoteur du gène d'intérêt :

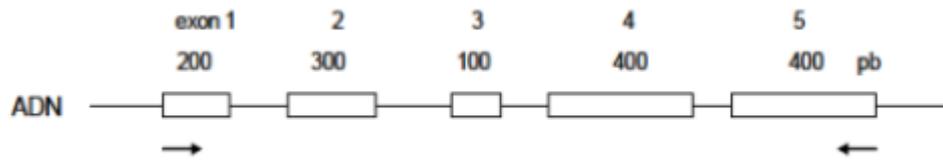
Deux portions de 618 et 263 pnb du promoteur d'un gène exprimé dans les cellules pancréatiques ont été clonées dans un vecteur en amont du gène codant pour la luciférase. D'autre part, la mutation G → C située dans le promoteur à la position -71 a été introduite dans la portion de 263 pnb. Les différents vecteurs ont été introduits dans des cellules hépatiques et pancréatiques. Après 48h de culture, les cellules sont lysées et l'activité luciférase est mesurée. Les résultats obtenus dans les deux types cellulaires sont représentés par les barres blanches ou hachurées. C



Indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes :

- A. Faux, promoteur pancréatique induit une expression, or ici barre blanche n'a pas d'expression
- B. Faux, voir item A
- D. Faux, la liaison entre le cofacteur de transcription et le promoteur est indirecte
- E. Faux, TATA est à -30, c'est CCAAT en position -70

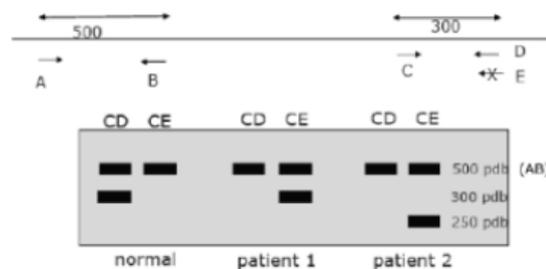
QCM 9. Soit un gène organisé de la façon suivante :



A partir d'une préparation d'ARN extraits de foie ou de moelle osseuse (d'un individu normal), on cherche à amplifier par RT-PCR un fragment grâce à un couple d'amorces tel qu'il est désigné par les flèches; puis une électrophorèse est effectuée pour analyser les produits d'amplification. A,C,D,E

- B. Faux, pas de réaction de RT-PCR si l'exon 1 est excisé, car il contient une des amorces : si épissage de l'exon 1, alors pas de fragment obtenu

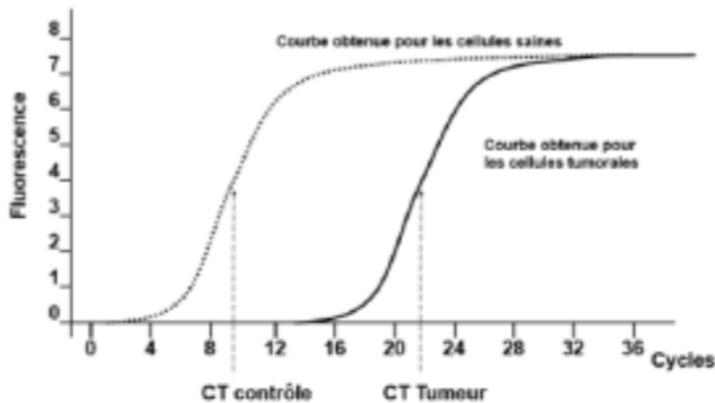
QCM 10. Soit une mutation ponctuelle, sur un gène autosomal codant pour une enzyme, responsable d'un déficit de son activité enzymatique. On se propose de dépister cette mutation par PCR, en conditions stringentes, en utilisant une amorce 5' (C) commune et une amorce 3' qui s'hybride soit sur l'allèle normal (D) soit sur l'allèle muté (E). Avec des amorces différentes (A et B) on amplifie une autre région du gène, non impliquée dans la pathologie considérée. Indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes : B



- A. Faux, il peut être hétérozygote mais pour des mutations inconnues, pour être hétérozygote pour la mutation étudiée il faudrait 4 bandes
- C. Faux, il faut 4 bandes
- D. Faux, il présente une excision sur ce gène, car le fragment (250pb) est plus court que chez le patient normal (300pb)
- E. Faux, car pas de fixation de l'amorce spécifique de l'allèle normal

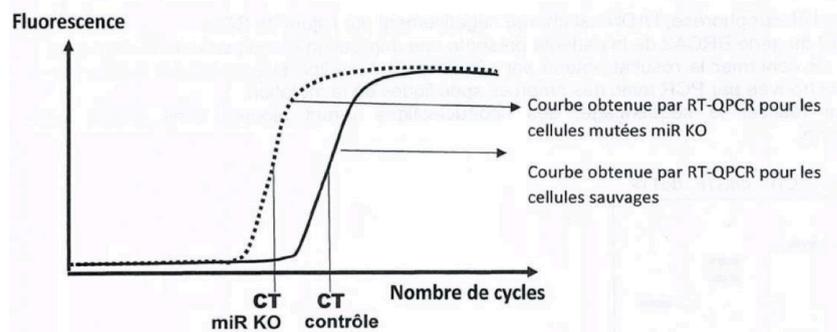
QCM 11 (Maraîchers 2020). Des chercheurs étudient par RT-PCR quantitative (temps réel) l'expression du miRNA -129 dans les cellules cancéreuses d'une patiente ou des cellules saines (contrôle). Les courbes de fluorescence sont représentées ci-dessous. Indiquez le caractère vrai ou

faux des affirmations suivantes : C,D,E



- A. Faux : on a moins d'ARNmi dans les cellules tumorales, donc le gène de l'ARNmi n'est pas amplifié dans ces cellules
- B. inverse

QCM 12 (Maraîchers 2017) : Concernant le gène codant la protéine TIPTOP, un chercheur pense avoir identifié un site reconnu par un microARN (miR-AG2000). Il souhaite évaluer l'expression du gène TIPTOP par RT-PCR quantitative (temps réel) dans les cellules sauvages (contrôle) ou des cellules mutantes délétées pour le gène codant le miR-AG2000 (miR KO). Les courbes de fluorescence sont représentées ci-dessous :



Indiquez le caractère

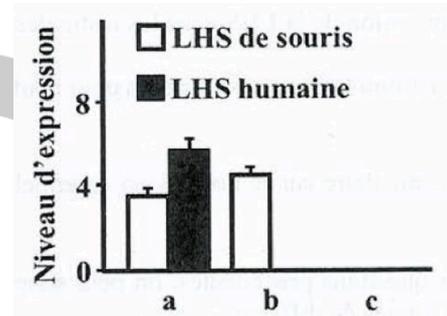
vrai ou

faux des affirmations suivantes : E

- A. Cette expérience est réalisée avec une reverse transcriptase
- B. Au contraire, il est moins exprimé car l'expression du gène TIPTOP est augmentée donc il y a moins de miR-AG2000.
- C. Non car la courbe de fluorescence des cellules mutées est plus à droite.
- D. On utilise plutôt un agent intercalant pour la RT-PCR

QCM 13 (Purpan 2017) : A propos d'un modèle de souris transgéniques exprimant la LHS humaine dans le tissu adipeux . Deux couples d'amorces sont dessinés à partir des séquences des

exons 4 et 5 dans les gènes de la LHS de souris et d'homme mais de façon à amplifier sélectivement l'ADN de chaque espèce. Le niveau d'expression des ARNm humain ou murin de la LHS est déterminé par RT-PCR quantitative dans différents tissus de souris transgénique ou non transgénique. Les résultats suivants sont obtenus : E

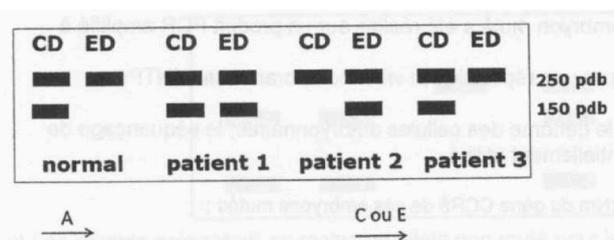


Il est précisé que la structure exon-intron est identique dans les gènes humain et murin de la LHS.

- A. La mesure de la fluorescence se fait au cours de l'élongation lors de la PCR
- B. Les souris non transgéniques n'exprimeraient pas la LHS humaine au niveau du tissu adipeux
- C. Les souris transgéniques exprimeraient la LHS humaine au niveau du tissu adipeux
- D. La LHS n'est pas directement produite par les testicules (elle y arrive par le sang : hormone), ainsi l'ARNm codant pour la LHS n'est pas présente dans les testicules et ne peut donc pas être la cible d'une RT-PCR

QCM 14 (Purpan 2020) : Afin de proposer un protocole de thérapie génique, il est nécessaire de pouvoir déterminer si les enfants sont porteurs d'une mutation ponctuelle connue sur le gène codant l'adénine désaminase. Les cliniciens se proposent d'utiliser une PCR nichée. Ils ont donc amplifié le fragment correspondant à l'exon 3 par PCR (obtention d'un fragment de 460 pdb) puis ils ont réalisé une PCR avec des amorces s'hybrident au niveau de la zone mutée (aucune délétion dans la région concernée). Ils ont utilisé soit des amorces spécifiques de l'allèle normal (C et D, puits CD) ou de l'allèle muté (E et D, puits ED). Avec des amorces différentes (A et B) On amplifie une autre région du gène, non impliquée dans la pathologie considérée. Vous concluez : A,D

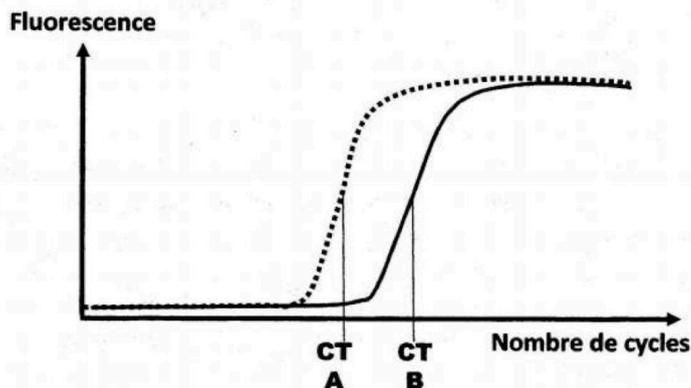
- B. Le patient 2 est homozygote pour la mutation étudiée
- C. Faux : ici la PCR nichée est spécifique d'une mutation ponctuelle, on ne peut donc pas savoir si le patient 3 possède ou non d'autres mutations
- E. Si la mutation ponctuelle se trouvait dans la zone reconnue par l'amorce, alors celle ci ne s'hybriderait pas et il n'y aurait pas de PCR ce qui n'est pas le cas ici !



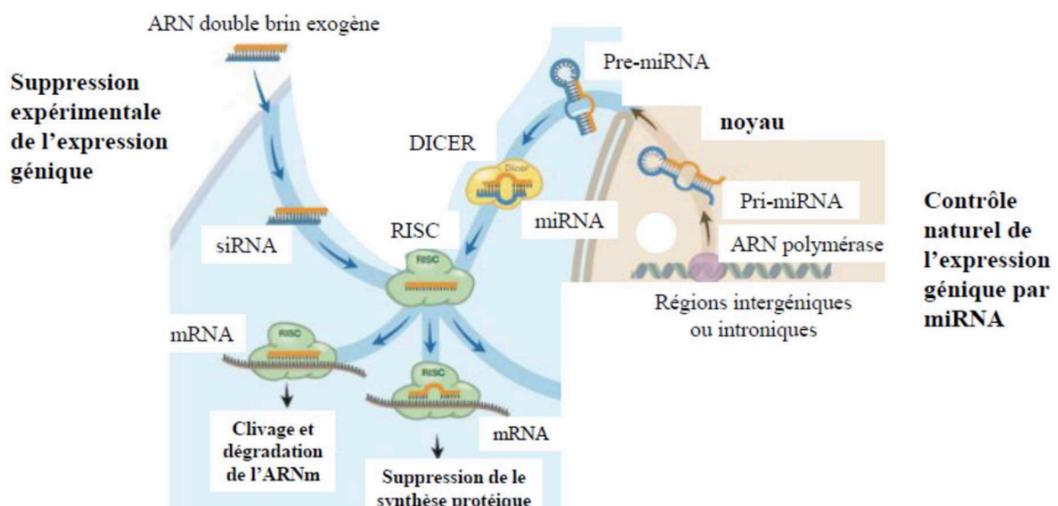
QCM 15 (Maraîchers 2014) : Des cliniciens veulent connaître la charge virale d'un patient. Ils réalisent une RT-PCR en temps réel pour amplifier l'ARN du virus. Indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes : A,C,D

B. Cf C

E. La RT-PCR en temps réel fait intervenir la reverse transcriptase



QCM 16 (TD) : Concernant le schéma de l'interférence à l'ARNm : A,C,D,E



B. On ne peut pas savoir



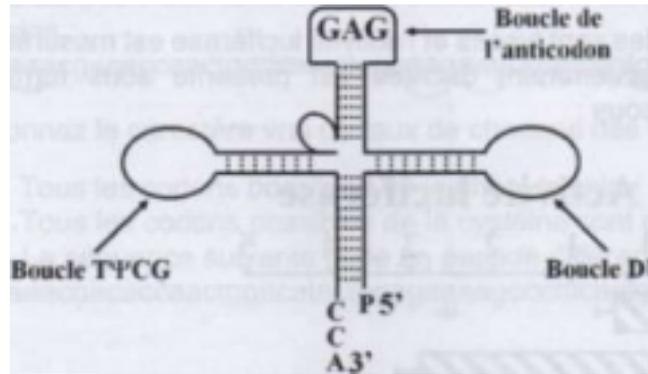
2-TRANSCRIPTION ET TRADUCTION

QCM 1 (session 1 2020/2021) Mme X est atteinte d'un cancer du sein. Une exérèse chirurgicale de la tumeur a été faite et ses cellules cancéreuses ont été analysées. Après analyse par immunohistochimie, il s'avère qu'une protéine Y n'est pas exprimée dans ces cellules alors qu'elle est exprimée dans les cellules normales. Une analyse des caractéristiques génétiques est proposée à cette patiente.

Donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : B,D,E

C. Faux, si je sors l'adn des cellules, aucune analyse de condensation n'est utile

QCM 2. (session 1 2020/2021) : La représentation schématique d'un ARNt de procaryote est présentée ci-dessous : A,C



- B. Faux, il reconnaît la petite sous-unité
- D. Faux, CCA
- E. Faux, c'est la première étape qui consomme l'ATP (accrochage de l'aa sur l'AMP)

QCM 3 . (session 1 2020/2021) : A propos des ARN de transfert de procaryotes, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : B,C,D,E

- A. Non d'autres nucléotides peuvent également s'apparier avec une base non complémentaires dans le phénomène Wobble.

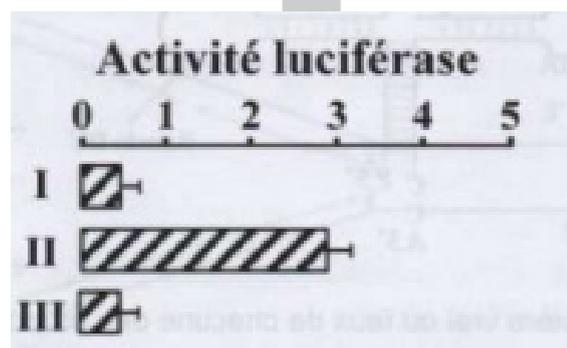
QCM 4 . (session 1 2020/2021) : Le gène de la luciférase est un gène rapporteur. Il code une protéine facilement détectable qui n'est pas exprimée dans les cellules des mammifères. Sous le contrôle du promoteur à étudier, la mesure de l'activité luciférase est un reflet de l'activité du promoteur et des séquences régulatrices du gène d'intérêt. Des cellules exprimant un facteur de transcription sont transfectées avec l'un des trois plasmides suivants :

- un plasmide ne contenant pas de construction promoteur-gène rapporteur
- un plasmide contenant une construction promoteur-gène rapporteur
- ou ce même plasmide contenant la construction promoteur-gène rapporteur avec mutation d'une séquence de fixation à un facteur activateur de la transcription (séquence SF).

La séquence mutée n'est pas capable de lier le facteur de transcription.

Après 48 heures de culture, les cellules sont lysées et l'activité luciférase est mesurée.

Le résultat des 3 conditions précédemment décrites est présenté sous forme d'histogramme dans la figure ci-dessous :

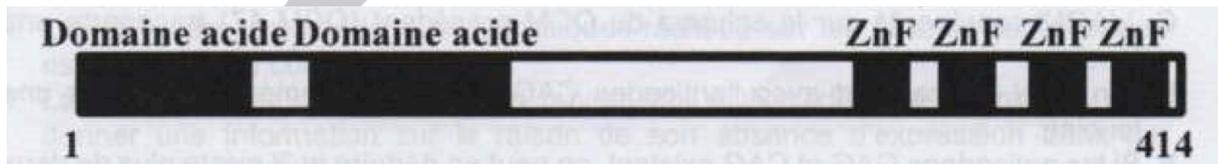


Indiquez le caractère vrai ou faux des propositions suivantes : A,D,E

Barres I et III : soit pas de promoteur soit promoteur muté, car pas d'expression

Barre II : construction promoteur/luciférase, car expression

QCM 5 (session 1 2020/2021) : La structure protéique simplifiée d'un facteur de transcription est représentée ci-dessous, les domaines acides étant des domaines impliqués dans l'activation transcriptionnelle, et « ZnF » indiquant des structures en doigt de zinc : A,D,E

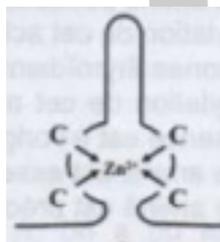


Donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes :

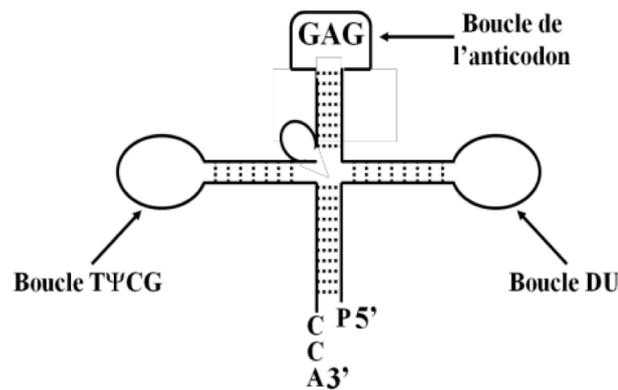
- B. Non
- C. Non ces ions interagissent avec les cystéines ou les histidines c'est le bout des doigts, chargés positivement qui interagissent avec l'ADN

QCM 6 . (session 1 2020/2021) : Le séquençage d'une région codant un doigt de zinc du facteur de transcription donne le résultat suivant, les trois premières bases, aaa, codant une lysine : 5'aaacgacaccaactgggttcatactggagagaagcccttcagtgacgttcgaaggctgtgggaaacgctttca 3' : A,B,E

- C. Faux, substitution d'un G par un A, GAG devient GAA, mais le peptide reste le même car GAG et GAA codent tous les deux pour le glutamate
- D. Faux, on n'a que deux histidines dans la suite d'acides aminés



QCM 7 (session 2 2020/2021) : La représentation schématique d'un ARNt de procaryotes est présentée ci-dessous :



Donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A,B,C,D

- E. Non car l'extrémité CCA est ajoutée lors de la maturation de l'ARNt elle n'est donc pas présente sur le gène.

QCM 8 (session 2 2020/2021) : A propos des ARN de transfert de procaryotes, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A,B,D,E

- C. Cf D

QCM 9 (session I 2021/2022) : Concernant les ribosomes, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A,B,D

- C. Les ARNt possèdent de nombreuses bases et nucléotides modifiés.
- E. Dans le cytosol

QCM 10 (session I 2021/2022) : Concernant les ARN de transfert (ARNt), donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : C

- A. Les ARNt sont synthétisés par l'ARN polymérase III.
- B. Le chargement de l'acide aminé sur l'ARNt se fait en deux étapes.
- D. Les nucléotides comportant les bases CCA sont présents à l'extrémité 3' des ARNt matures.
- E. L'inosine provient d'une modification de l'adénine.

QCM 11 (session I 2021/2022) : Concernant l'opéron lactose, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : E

- A. Les gènes codent des protéines qui participent à la même voie métabolique.
- B. La transcription de l'opéron lactose conduit à la synthèse d'un ARNm !!!
- C. Non

- D. Le lactose entraîne un changement de conformation du répresseur qui l'empêche de se fixer sur l'opérateur.

QCM 12 (session 1 2021/2022) : Les jonctions entre deux exons et un intron d'un gène sont : 5' ..ATGCTGgtgagg.....cgcagGTGCAA.....3'. L'intron interrompt le codon GGT de la glycine. Donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : C,E

- A. Non aussi un codon stop
B. Non le T est remplacé par le U dans l'ARN



- D. Le dernier codon du premier exon est GCU qui code pour une Alanine.

QCM 13 (session 2 2021/2022) : Concernant les ribosomes, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A,C,

- B. Ces sous-unités n'existent pas chez les eucaryotes
D. Les ARN ribosomiques sont synthétisés par l'ARN polymérase I et III.
E. Les ribosomes sont impliqués dans la traduction des gènes.

QCM 14 (session 2 2021/2022) : Concernant les ARN de transfert (ARNt), donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : B,E

- A. Les ARNt sont synthétisés par l'ARN polymérase III
C. Le chargement de l'acide aminé entraîne l'hydrolyse du ATP.
D. Les nucléotides comportant les bases CCA sont présents à l'extrémité 3' des ARNt.

QCM 15 (session 2 2021/2022) : Concernant l'opéron lactose, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A,B,C

- D. Le changement de conformation du répresseur induit par le lactose l'empêche de se fixer sur l'opérateur.
E. Une élévation des concentrations d'AMPc active l'action de la protéine CAP (également

nommée CRP) sur la transcription de l'opéron lactose.

QCM 16 (session 1 2022/2023) à propos des ARN polymérase eucaryotes, donnez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes : C,D,E

- A. PAS D'AMORCES POUR ARN POL
- B. Faux pas de su 23S chez les eucaryotes

QCM 17 (session 1 2022/2023) : à propos de la traduction chez les procaryotes, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A,B,D,E

- C. Faux, au niveau du site A

QCM 18. (session 2022/2023) : Parmi les représentations schématiques suivantes, indiquez celles qui peuvent être observées dans un ARN : C,D,E

- A. Faux, 5' doit être phosphate et 3' OH
- B. Idem

QCM 19. (session 2022/2023) : La glucokinase est une enzyme exprimée dans le pancréas humain. Le début de la séquence codante est décrite ci-dessous (copie de l'ARNm en ADN complémentaire ou ADNc):

atgctggacgacagagccaggatggaggccccaagaaggagaaggttagagcagatcctggcagagttccagctgcaggaggaggacctga
agaaggtgatgagacggatgcagaaggagatggaccgcgctga

Donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : B,D,E

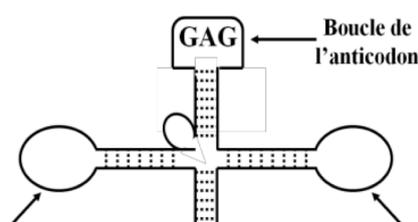
- A. Ici on est chez les eucaryotes
- C. Non au contraire !!!!

QCM 20 (session 2022/2023) : Parmi les représentations schématiques suivantes, indiquez celles qui peuvent être observées dans un ARN : B,D,E

QCM 21. A propos de la traduction chez les procaryotes, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : A

- B. La formation du complexe d'initiation requiert l'hydrolyse du GTP.
- C. Lors de l'élongation, les aminoacylARNt se fixent sur l'ARNm au niveau du site .
- D. Le centre de la peptidyltransférase est localisé dans la grande sous-unité du ribosome.
- E. Le codon UAG est reconnu par aucun ARNt car c'est un codon stop

QCM 22. La représentation schématique d'un ARNt de procaryotes est présentée ci-dessous :



Donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : B,C,D,E

- B. Les acides aminés sont fixés aux ARNt par l'extrémité CCA.
- C. Certains anticodons ne correspondent à aucun acide aminé.
- D. L'ARNt représenté sur le schéma transporte une leucine.
- E. Un ARN de transfert avec l'anticodon CAG pourrait transporter une leucine.

QCM 23. Concernant la séquence ci-dessous du second exon codant (lettres en majuscules) et des jonctions avec les introns (lettres en minuscules), donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes :

5'.....agAAGTCGGGGACTTCCTCTCCCTGGACCTGGGTGGCACTAACTTCAGGGT
GATGCTGGTGAAGGTGGGAGAAGGTGAGGAGGGGCAGTGGAGCGTGAAGACC
AAACACCAGATGTACTCCATCCCGAGGACGCCATGACCGGCACTGCTGAGATG
gt.....3'

Le motif protéique VGDFLSL est codé par cet exon. A,C,E

- B. Le cinquième codon de cet exon correspond à une leucine.
- D. La séquence comporte quatre codons correspondant à une méthionine.

QCM 24 (CCB 2022) Concernant les ribosomes : B,D

- A. Faux
- C. ARNt
- E. Les spliceosomes sont impliqués dans l'épissage des introns !!

QCM 25 (CCB 2022) Concernant les ARN de transfert (ARNt), donnez le caractère vrai ou faux de chacune des affirmations suivantes : C,D,

- A. Les ARNt sont synthétisés par l'ARN pol III
- B. Le chargement de l'acide aminé sur l'ARNt se fait en 2 étapes
- E. La dihydrouridine résulte de la saturation d'une double liaison dans l'uracile

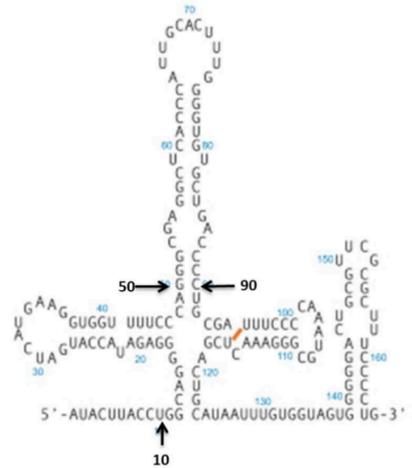
QCM 26 (CCB 2022) Concernant l'opéron lactose, donnez le caractère vrai ou faux de chacune des propositions suivantes : C,D,E

- C. Le répresseur qui se fixe sur l'opérateur est codé par un gène distinct de l'opéron lactose

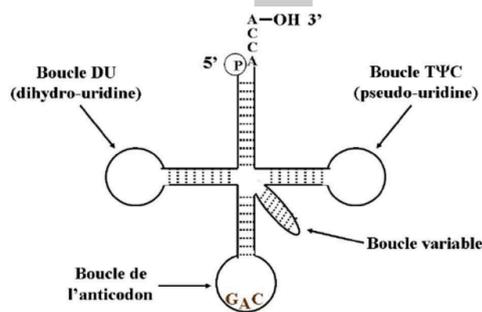
- D. Le changement de conformation du répresseur induit par le lactose l'empêche de se fixer sur le répresseur
- E. Une élévation des concentrations d'AMPc favorise la transcription de l'opéron lactose.

QCM 27 (TD) : A propos de la molécule ci-dessous, indiquez le caractère vrai ou faux des propositions suivantes : A,D,E

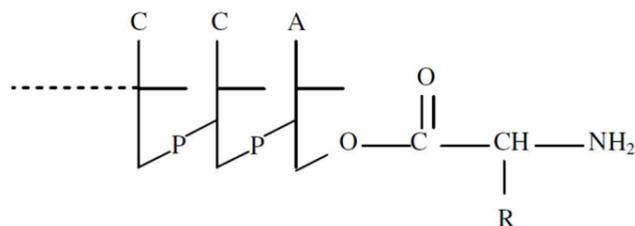
- B. Non c'est un ARNt
- C. Non il n'en possède qu'un engagé dans la liaison phosphodiester



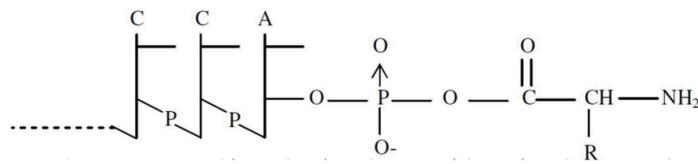
QCM 28 (TD) : Soit la structure secondaire d'un ARNt, indiquez le caractère vrai ou faux des propositions suivantes : A,D



- B. Cf A (les phosphates ne sont pas orientés comme il faut)

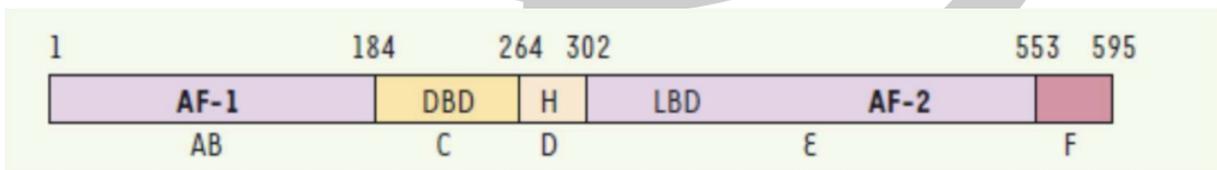


C. Cf A (il n'existe pas de groupement phosphate entre l'ARNt et l'AA

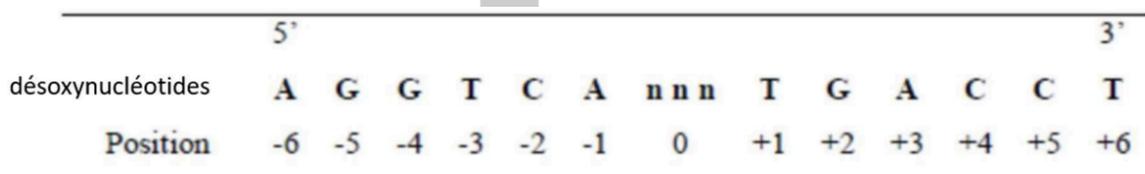


E. Cf D

QCM 29 (TD) La structure protéique simplifiée d'un récepteur nucléaire aux œstrogènes (de structure similaire au récepteur aux glucocorticoïdes) est représentée ci-dessous : B,C



La séquence de l'élément de réponse à ce récepteur est représentée ci-dessous :



- A. Non, le domaine de liaison à l'ADN est le domaine C
- D. L'élément de réponse est composée d'une répétition inversée d'un motif de 6 bases.
- E. Non la présence du zinc est obligatoire

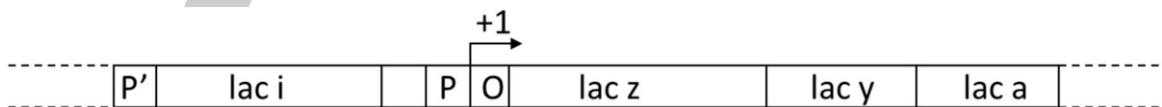
QCM 30 (TD) Concernant la transcription du gène Besylau décrit ci-dessous et qui subit, dans

certaines tissus, un épissage alternatif, indiquez le caractère vrai ou faux des propositions suivantes : B,C,D



- A. Non car la passésine inhibe le gène Beyslau
- E. La traduction de l'ARNm mature obtenu après épissage classique du gène Besylau commence à 'AUG de l'exon 1 et finit au codon STOP de l'exon 4.

QCM 31 (TD) A propos de l'opéron lactose d'E. coli représenté ci-dessous, indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes : B,C,E



- A. Pas de noyau chez les procaryotes
- D. Le gène lac i code pour un répresseur inactif en présence de lactose.

QCM 32 (TD) Soit la séquence suivante de l'extrémité 5' d'un ARNm :

1 ugcucugugu cacuguggau uggaguugaa aaagcuugac uggcgucuu caggagcugg
6r uggcguggg acaugugcaa ccaggacucu gagucuguau ggagugacau cgagugugcu : E

- A. Les trois premiers acides aminés codés sont : Met Cys Asn
- B. Les trois premiers acides aminés codés sont : Met Cys Asn.
- C. Si Cf A/B
- D. Faux

QCM 33 (TD). La chaîne de la globine humaine (qui a 141 acides aminés) est codée par un ARNm mature dont une partie de la séquence est indiquée ci-dessous. Une délétion correspondant à la perte d'un U (le U délété est souligné), 3ème base du codon de la Ser(138), induit la formation d'une chaîne mutante (dans l'hémoglobine dite "Wayne") : A,C,D,E

Chaîne alpha

HbA normale : ...UCU AAA UAC CGU UAA GCU CGA GCC UCG GUA GCA

... Ser - Lys - Tyr - Arg (stop)

... 138 - 139 - 140 - 141

HbA Wayne ... UCA AAU ACC GUU AAG CUC GAG CCU CGG UAG CA...

A. La délétion "Wayne" induit un allongement de la chaîne

QCM 34 (Maraîchers 2013) : Concernant la transcription chez les eucaryotes, indiquez le caractère vrai ou faux des affirmations suivantes : B,D,E

- A. La transcription des ARN messagers est réalisée par l'ARN polymérase II mais celle des ARN ribosomique par pol I et III
- C. Le promoteur de l'ARN polymérase III peut être à l'intérieur de la séquence transcrite.

QCM 35 (Ranguel 2013) : Concernant les ARNt et amino acyl-ARNt synthétases cytoplasmiques chez l'homme : A,C,E

- A. La maturation des transcrits primaires des ARNt est réalisée par la RNase P, par épissage par le spliceosome, et par ajout de l'extrémité CCA terminale par la peptidyl transférase.
- B. Cf D
- C. Il existe autant d'aminoacyl-ARNt synthétases différentes que d'acides aminés.

QCM 36 (Ranguel 2013) : Traduction chez l'homme : A,C,D

- A. La traduction d'un ARNm débute en général au niveau d'un codon initiateur AUG.
- B. HP
- C. Les ARNt 'chargés' (portant leur acide aminé, ARNt 3-AA) permettent de faire correspondre à chaque codon du ARNm l'acide aminé correspondant de la chaîne polypeptidique en cours de synthèse, en accord avec le code génétique.
- D. Chaque étape d'élongation de la synthèse de la chaîne polypeptidique consomme 2 molécules de GTP.
- E. Faux

QCM 37 (Ranguel 2014) : RNA polymérases : A,B,C

- D. Chez l'homme, la RNA polymérase IV fait la transcription du génome mitochondrial.
- E. HP

QCM 38 (Ranguel 2014) : tRNA et aminoacyl-tRNA synthétases. A,B,D,E

- C. Il existe une aminoacyl-tRNA synthétase pour chaque AA.

QCM 39 (Ranguel 2014) : Code génétique, traduction, wobble, mutations. C

- A. Pas en cas de splicing alternatif
- B. Faux

- D. Une mutation d'une base qui modifie un codon UUU en codon UUC est une mutation muette
- E. Une mutation non sens est une mutation faisant apparaître un codon stop

QCM 40 (Ranguel 2014) : Régulation de l'opéron lactose.

Des bactéries (*E. coli*) possédant un opéron lactose classique sont cultivées dans divers milieux de culture contenant (ou non) du glucose et du lactose, dans des conditions où l'un de ces sucres est la source d'énergie nécessaire pour la bactérie. L'opéron est transcrit efficacement dans un milieu :

C

- A. Cf C
- B. Cf C
- D. Cf C
- E. Cf C

QCM 41 (Ranguel 2015) : RNA et ribosomes, chez l'homme B,E

- A. Si au contraire !
- C. Seulement 13 sont codés par la mitochondrie
- D. Seulement l'ARN 5S

QCM 42 (Ranguel 2016) : Code génétique standard (aussi dit "universel") et ses variantes. C,D

- A. Non pas du tout !
- E. Faux c'est le même mais le premier est amené par un ARNt initiateur

QCM 43 (Ranguel 2020) : A propos des structures en doigts de zinc dans les facteurs de transcription : A,D,E

- B. Attention, ce n'est pas dans la région C-terminale mais dans le domaine C de liaison à l'ADN de ces facteurs de transcription (qui se trouve au centre de la structure du récepteur nucléaire)
- C. Attention ce sont les AA chargés positivement qui se trouvent au bout du doigt de zinc qui interagissent avec l'ADN

QCM 44 . à propos des ARNmi et de l'interférence à ARN :A,D,E

- B. Faux, ARN pol II et III
- C. Faux ! DICER produit les ARNmi, RISC les achemine vers les ARNm cibles

QCM 45 : Les miARN: A,B,C,D,E

Le code génétique universel

Première lettre (extrémité 5')	Deuxième lettre				Troisième lettre (extrémité 3')
	U	C	A	G	
U	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	<u>Stop</u>	<u>Stop</u>	A
	Leu	Ser	<u>Stop</u>	Trp	G
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Pro	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile	Thr	Lys	Arg	A
	Met	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G

Abréviations : Ala (A), alanine ; Arg (R), arginine ; Asn (N), asparagine ; Asp (D), acide aspartique; Cys (C), cystéine ; Gln (Q), glutamine ; Glu (E), acide glutamique ; Gly (G), glycine; His (H), histidine ; Ile (I), isoleucine ; Leu (L), leucine ; Lys (K), Lysine; Met (M), méthionine ; Phe (F), phenylalanine ; Pro (P), proline ; Ser (S), sérine ; Thr (T), thréonine ; Trp (W), tryptophane ; Tyr (Y), tyrosine ; Val (V), valine.