

# GÉNOME SÉANCE 1

## CORRECTION

### QCM 1. ABD

- A. Vrai
- B. Vrai
- 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)
- D. Vrai
- E. PAS LES LIGASES !!!!!

### QCM 2. ACD

- A. Vrai
- B. Faux, l'ADN est décondensé donc plus sensible à l'action des enzymes, dont les DNases
- C. Vrai
- D. Vrai
- E. Faux, Z représente l'histone H1

### QCM 3. AE

### QCM 4. ADE

- A. Vrai
- B. Faux, ARN pol II et III
- C. Faux ! DICER produit les ARNm<sub>i</sub>, RISC les achemine vers les ARNm cibles
- D. Vrai
- E. Vrai

### QCM 5. BCDE

- A. Non, attention ! L'expérience est réalisée sur l'ARNm, pas l'ADN génomique !!!
- B. Vrai
- C. Vrai
- D. Vrai
- E. Vrai, comme pour n'importe quelle PCR

### QCM 6. ABC

- A. Vrai, l'amorce N ne se fixe que sur l'allèle normal.
- B. Vrai, sert de témoin
- C. Vrai, les amorces N et M se sont fixées, donc il y a un allèle normal et un allèle muté
- 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 7. BCDE

- A. Faux, complexe RISC  
B. Vrai, la séquence de A correspond à celle de l'ARNm -> appariement parfait -> dégradation  
C. Vrai, les ARNm et les ARNs fonctionnent de la même manière  
D. Vrai : A et B sont différents, donc B ne s'apparie pas parfaitement à l'ARNm -> blocage traduction  
E. Vrai, l'activité luciférase diminue quand F est bloqué

QCM 8. AC

- A. Vrai  
B. NON !!!! La proportionnalité n'existe que pendant la phase d'amplification, pas de proportionnalité au bout de 40 cycles  
C. Vrai  
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 1<sup>er</sup> cycle de PCR.  
E. Faux, c'est l'inverse

QCM 9. BCE

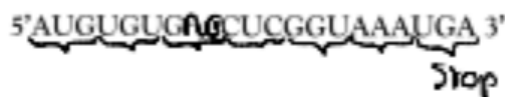
- A. Faux, ADN pol III  
B. Vrai, c'est une polymérase translesionnelle  
C. Vrai  
D. Faux. C'est bien une activité polymérase, mais c'est de l'ARN (on voit la barre représentant le OH). C'est une ARN polymérase  
E. Vrai, l'ADN pol III a bien une activité 3' -> 5' exonucléase

QCM 10. ABCE

- A. Vrai, la RT-PCR prend en compte l'ARNm (que les exons)  
B. Vrai aussi, la PCR sur l'ADN génomique prend en compte introns et exons  
C. Vrai, le produit de PCR de l'ADN génomique contient l'intron 1 (donc la mutation)  
D. Faux, la RT-PCR ne prend pas en compte les introns  
E. Vrai

QCM 11. B

- A. Faux <sup>4</sup> 5'AUGUGUGCUCGGUAAAUGA 3'  
Met Cys Ala Arg Stop
- B. Vrai, si l'anticodon est 5'GCG<sub>3</sub>', le codon correspondant est 5'CGC<sub>3</sub>', qui code bien pour l'arginine
- C. Faux, 6 aa



- D. Faux, méthionine
- E. Faux, pas du tout complémentaire

QCM 12. ABCDE

QCM 13. C

- A. Faux, promoteur pancréatique induit une expression, or ici barre blanche n'a pas d'expression
- B. Faux, voir item A
- C. Vrai, diminution de l'expression quand la mutation a lieu
- 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 14. BCDE

QCM 15. AC

- 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 16. ADE

- Barres I et III : soit pas de promoteur soit promoteur muté, car pas d'expression
- Barre II : construction promoteur/luciférase, car expression

QCM 17. ABE

- 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
- E. Vrai, on a deux histidines et deux cystéines dans la séquence des acides aminés

QCM 18. ACDE

- A. Vrai
- 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
- C. Vrai, voir B
- D. Vrai
- E. Vrai, pour vérifier que le gène est bien présent, on a besoin d'un témoin

QCM 19. B

- A. Faux, il peut être hétérozygote mais pour des mutations inconnues, pour être hétérozygote pour la mutation étudiée il faudrait 4 bandes
- B. Vrai, ils ont tous les deux la mutation dont l'amorce E est spécifique
- 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 20. CDE

- 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
- C. vrai, méthylation -> inhibition de l'expression
- D. vrai, moins d'ARNmi = moins de régulation des ARNm = plus de traduction
- E. vrai

QCM 21. CDE

- A. Faux, 5' doit être phosphate et 3' OH
- B. Idem
- C. Vrai
- D. Vrai -> oui on peut trouver de la thymine dans les ARNt
- E. Vrai -> lettre grecque psi pour pseudouridine -> ARNt

QCM 22. BDE

QCM 23. CDE

- A. PAS D'AMORCES POUR ARN POL
- B. Faux pas de su  $^{23}\text{S}$  chez les eucaryotes
- C. Vrai
- D. Vrai
- E. wvrai

QCM 24. ABDE

- A. Vrai
- B. Oui !! Les trois phases de la traduction (initiation, élongation, terminaison) nécessitent l'hydrolyse du GTP
- C. Faux, au niveau du site A
- D. Vrai
- E. Vrai, c'est un codon stop

QCM 25. BD

- A. Faux
- C. ARNt

QCM 26. CD

- A. faux, pol III
- B. 2 étapes
- C. Vrai
- D. Vrai
- E. Attention à ne pas confondre pseudouridine et dihydrouridine

QCM 27. CDE

QCM 28. BDE

- B. Vrai, protéine tronquée ou autre -> diminution expression protéine

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

