

# **Devoir Maison n° 3 : Biologie moléculaire**

**Tutorat 2014-2015**

**Annales concours : 1995 à 2001**



**QCM1 : 1995 / Parmi les réactions suivantes, susceptibles de léser la structure primaire des ADN, quelle est celle qui ne peut pas se produire :**

- A) Une dépurination
- B) Une dimérisation de résidus thymine
- C) Une méthylation de la guanine
- D) Une désamination hydrolytique de la thymine
- E) Une rupture de liaisons phosphodiester

**QCM2 : 1995 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'ADN des cellules procaryotes et eucaryotes possède un nombre de bases puriques égal au nombre de bases pyrimidiques
- B) L'ADN de conformation B présente une structure en hélice à double brins de pas gauche
- C) En milieu alcalin, l'ADN est moins stable que l'ARN
- D) Le rapport (A+T)/(G+C) de l'ADN varie d'une espèce à l'autre
- E) L'ADN des cellules procaryotes est une molécule circulaire

**QCM3 : 1998 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'adénosine monophosphate a pour précurseur l'inosine monophosphate
- B) La guanine est un dérivé aminé de l'hypoxanthine
- C) Le désoxyuridine monophosphate est méthylé en désoxythymidine monophosphate
- D) L'uridine triphosphate est aminé pour donner la cytosine triphosphate
- E) Dans un nucléotide seul l'hydroxyle 5' du ribose peut-être estérifié par un groupement phosphate

**QCM4 : 1999 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Dans le catabolisme des nucléotides puriques, la désamination de l'adénine peut se réaliser aussi bien sur l'adénosine que sur l'adénosine monophosphate (HP)
- B) La synthèse des désoxyribonucléotides puriques se réalise à partir de leurs ribonucléosides diphosphates correspondants (HP)
- C) Le syndrome de Lesh-Nyhan est dû à l'absence d'hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransférase (HP)
- D) L'inosine monophosphate est absent de tout acide nucléique

**QCM5 : 1999 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Au cours de la réplication, la chaîne retardée (= brin tardif) est synthétisée dans le sens 5'→3'
- B) Au cours de la transcription, la matrice d'ADN est lue dans le sens 3'→5'
- C) Au cours de la transcription, la chaîne d'ARN messager est synthétisée dans le sens 5'→3'
- D) Au cours de la traduction, la chaîne d'ARN messager est lue dans le sens 5'→3'
- E) Au cours de la traduction, la protéine est synthétisée à partir de son extrémité N terminale (HP)

**QCM6 : 1999 / Chez les procaryotes, indiquez parmi les propositions suivantes, celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'aminoacyl-ARNt synthétase est une enzyme impliquée dans la synthèse de l'ARNt
- B) Une aminoacyl-ARNt synthétase donnée est spécifique d'un seul acide aminé
- C) La structure quaternaire de toutes les aminoacyl-ARNt synthétases est identique (HP)
- D) L'aminoacyl-ARNt synthétase se lie à l'aminoacyladénylate de façon non covalente
- E) Il y a deux aminoacyl-ARNt synthétases différentes pour la méthionine

**QCM7 : 2000 / Concernant les bases nucléiques contenues dans l'ADN bicaténaire, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'adénine est une base purique
- B) Les bases puriques forment entre elles 3 liaisons hydrogène
- C) Le sucre de l'ADN est le 2-désoxyribose
- D) Deux nucléotides consécutifs sur une même chaîne sont liés entre eux par une liaison phosphodiester

E) L'ARN peut intervenir lors de la synthèse de l'ADN

**QCM8 : 2000 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Deux hélicases sont indispensables au fonctionnement du réplisome (HP)
- B) Une hélicase est impliquée dans la réparation de l'ADN par le complexe Uvr ABC (HP)
- C) L'hélicase rompt des liaisons phosphodiester
- D) L'action de l'hélicase nécessite une source d'énergie (HP)
- E) Le facteur rho est une hélicase de l'hybride ADN/ARN (HP)

**QCM9 : 2000 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Dans la cellule eucaryote l'ARNr 5 S est synthétisé par l'ARN polymérase III (HP)
- B) Dans la cellule eucaryote l'ARNr 5 S est synthétisé à partir du même transcrit primaire que les autres ARN ribosomiques
- C) L'ARNr 5 S n'est présent que dans la cellule eucaryote
- D) Dans la cellule eucaryote, l'ARNs 5 S fait partie de la sous-unité 60 S
- E) Les séquences promotrices des gènes d'ARNr 5 S sont placées au sein des régions transcrites (HP)

**QCM10 : 2000 / Concernant la biosynthèse des protéines chez les eucaryotes, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) 64 triplets codent les 20 acides aminés naturels
- B) Le code génétique est dégénéré car un codon donné peut spécifier plusieurs acides aminés
- C) La réaction d'activation des acides aminés a lieu sur les ribosomes
- D) A chaque cycle d'élongation d'un résidu d'acide aminé d'une chaîne peptidique, 4 liaisons à haut potentiel énergétique sont consommées
- E) L'étape de terminaison fait intervenir l'hydrolyse d'une molécule de GTP

**QCM11 : 2000 / L'aminacyl ARNt synthétase :**

- A) Catalyse la formation d'une liaison peptidique
- B) Est spécifique d'un acide aminé
- C) Utilise l'ATP dans la réaction qu'elle catalyse
- D) Reconnaît un seul ARNt par acide aminé
- E) Est codé par l'ADN

**QCM12 : 2000 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) La traduction chez les procaryotes met en jeu 3 types d'ARN
- B) La terminaison de la traduction chez les procaryotes nécessite un ARNt spécifique (HP)
- C) Chez les procaryotes, le codon initiateur est précédé d'une courte séquence intervenant dans l'attachement de l'ARN messager à l'ARN ribosomique de la petite sous-unité ribosomique
- D) Une inosine située en position 5' d'un anticodon peut s'apparier à A, U ou C en position 3' d'un codon
- E) L'ARN de transfert initiateur n'intervient qu'à l'étape d'initiation de la synthèse protéique

**QCM13 : 2000 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'ADN polymérase I procaryote intervient dans la réparation des lésions de l'ADN (HP mais même raisonnement avec l'ADN pol delta/epsilon)
- B) L'exactitude de la réplication par l'ADN polymérase III bactérienne est assurée par une activité 5'→3' exonucléasique (HP mais même raisonnement qu'avec ADNpol delta/epsilon)
- C) Chez la bactérie Escherichia Coli la réplication débute au niveau d'une origine unique et se déplace d'une manière monodirectionnelle
- D) Les hélicases sont des topoisomérases (HP)
- E) Les amorces ARN synthétisées par la primase sur le brin retardé (tardif) sont éliminées par l'action exonucléasique 5'→3' de l'ADN polymérase I (HP)

**QCM14 : 2001 / Parmi les processus enzymatiques suivants, lesquels sont susceptibles de relecture (HP) :**

- A) Polymérisation des désoxyribonucléotides par l'ADN polymérase III (HP mais même raisonnement avec la delta/epsilon)
- B) Comblement des brèches dans l'ADN par l'ADN polymérase I (HP)
- C) Polymérisation des ribonucléotides par l'ADN polymérase
- D) Synthèse d'isoleucyl-ARNt par l'isoleucyl-ARNt synthase (HP)
- E) Polymérisation des acides aminés en protéine par la peptidyltransférase (HP)

**QCM15 : 2001 / Des analogies existent entre réplication et transcription, lesquels ? :**

- A) Mode semi-conservatif de synthèse
- B) Polarité de synthèse
- C) Intervention de topoisomérases (HP)
- D) Conformation des duplex ADN-ADN et ADN-ARN
- E) Correction des erreurs de lecture par les polymérases
- F) Nécessité d'une matrice d'ADN

**QCM16 : 2001 / Concernant les ARNt, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) La fixation de l'acide aminé a lieu à l'extrémité 3'
- B) Il existe qu'un seul ARNt pour chaque acide aminé
- C) L'extrémité 3' est identique d'un ARN de transfert à l'autre
- D) A une aminoacyl ARNt synthétase correspond toujours un seul ARN de transfert
- E) Tous les ARNt ont la même séquence dans la boucle anticodon

**QCM17 : 2001 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Le codon AUG est le seul codon initiateur
- B) Les ARN messagers débutent toujours par un triplet codant pour le tryptophane
- C) UAA, UGA, UAC sont les 3 codons non-sens
- D) A un acide aminé donné correspond un ou plusieurs codons
- E) Le tryptophane est codé par un seul triplet

**QCM18 : 2001 / Parmi ces protéines, laquelle n'est pas impliquée dans les processus de réparation de l'ADN ?**

- A) Uracyl ADN glycosylase
- B) ADN polymérase  $\beta$
- C) ADN polymérase  $\alpha$
- D) Facteur TF II H
- E) ADN ligase

# **CORRECTION :**

## **QCM1 : 1995 / D**

- A) Faux : « La dépurination, fréquente, est la rupture d'une liaison désoxyribose-base purique (= A ou G) Elle aboutit à la perte d'une adénine ou guanine, remplacée au hasard » (diapo 50, poly 3)
- B) Faux : « Les U.V entraînent la formation de dimères entre thymines adjacentes = Distorsion de l'ADN qui ralentit la polymérase et favorise les mutations » (diapo 52, poly 3)
- C) Faux : Un peu HP mais la méthylation de A, G et C est rapidement citée : « La désamination est la conversion d'un groupe amine en groupe cétone. Elle peut concerner l'adénine, la guanine et la cytosine, méthylée ou non : Adénine désaminée en Hypoxanthine, Guanine en Xanthine, Cytosine en Uracile (généralement détectées comme étrangères à l'ADN et remplacées) » (diapo 49, poly 3)
- D) Vrai : La désamination hydrolytique (= un des effets de la dégradation de l'ADN en présence d'eau : il s'agit d'une hydrolyse dans laquelle une base azotée perd son groupement amine) n'est possible que pour A, G et C (Cf : la réponse au-dessus) car la thymine ne possède pas de fonction amine ! **Très bon piège attention !**
- E) Faux : exemple = les cassures double brins ;)

## **QCM2 : 1995 / ADE**

- A) Vrai : « D'après le diamètre de l'hélice et sa constance, une purine (A ou G) doit s'associer à une pyrimidine (T ou C) » (diapo 22, poly 1) Donc on aura autant de purines que de pyrimidines, les 2 devant toujours être associés ensemble.
- B) Faux : Il y a 3 types d'hélices A, B et Z = HP La B c'est la plus fréquente, celle étudiée en biomol (2nm de diamètre + 0,34 nm entre 2 bases + 3,4 par tour d'hélice = 10 bases par tour d'hélice diapo 21, poly 1) et le pas est à DROITE, je crois que c'est précisé en BIOCH.
- C) Faux : HP ☹ l'ADN est plus stable en milieu alcalin que l'ARN, c'est l'inverse en milieu acide...
- D) Vrai : « Le rapport (A+T) / (G+C) est spécifique d'une espèce donnée » ♥ (diapo20, poly 1)
- E) Vrai : L'ADN des organismes procaryotes « forme un unique chromosome de forme circulaire. » (diapo 5, poly 1)

## **QCM3 : 1998 / ABCD**

- A) Vrai : HP mais cette année on a vu que : « Inosine, obtenue par désamination de l'adénine en hypoxanthine. » (diapo 13, poly 2) l'hypoxanthine = la base azotée adénine désaminée, hypoxanthine + ribose = inosine = nucléoside
- B) Vrai : HP mais on est censé savoir que la guanine ressemble beaucoup à l'adénine elle est aminée sur un autre carbone (diapo 13, poly 1). Sachant que hypoxanthine = adénine désaminée (diapo 49, poly3), la guanine est bien un dérivé aminé de l'hypoxanthine.
- C) Vrai : La thymine n'est autre qu'une uridine méthylée (comparer diapo 16 et 17, poly 1)
- D) Vrai : Cytosine désaminée -> uridine donc uridine aminée -> cytosine (diapo 49, poly 3)
- E) Faux : Toutes fonctions hydroxyles -OH du ribose peuvent être phosphorylées, il n'y a pas de raison. D'ailleurs dans la liaison entre 2 nucléotides, la fonction hydroxyle en 3' du nucléotide en aval de la liaison est estérifiée au phosphate lui-même déjà estérifié à la fonction hydroxyle en 5' du nucléotide en amont = liaison 3'-5' phosphodiester.

## **QCM4: 1999 / ABC**

- A) Vrai : HP
- B) Vrai : HP
- C) Vrai : HP
- D) Faux : L'ARN de transfert mature contient des bases mineures dont l'inosine, des dérivés d'uridine et une thymine au niveau de la boucle TψC (diapo13, poly2). PS : acide nucléique (polymère de nucléotides) = ADN (polymères de désoxyribonucléotides) + ARN (polymère de ribonucléotides)

## **QCM5: 1999 / ABCDE**

- A) Vrai : « Le brin appelé tardif est synthétisé par fragments qui seront ensuite réunis. » d'où le terme retardée car il faudra éliminer les amorces d'ARN puis rejoindre bout à bout les fragments d'OKAZAKI (diapo 43, poly 1) La synthèse des brins fils lors de la réplication ne se fait que dans le sens 5' - 3' (diapo 43, poly1)
- B) Vrai : Le brin non codant sert de matrice pour la transcription, on « le lit » dans le sens 3' -> 5' de manière à pouvoir synthétiser un ARN qui contiendra l'information du brin codant dans le sens 5' -> 3' (diapo 58, poly 1). En effet, brin parent et brin fils = qui vient d'être répliqué doit rester ANTI-PARALLELES.
- PS : Cependant vous avez cette phrase dans les cours de cette année « La séquence nucléotidique de chaque brin est lue dans le sens 5' -> 3' » (diapo 19, poly 1) Mais là, on parle au cours de la transcription l'ADN polymérase progresse et lit bien le brin matrice dans le sens 3' -> 5'.
- C) Vrai : La synthèse de l'ARNm se fait dans le sens 5' → 3' (diapo 43, poly 1)
- D) Vrai : Le ribosome se déplace sur l'ARNm dans le sens 5' - 3', c'est logique l'ARNm contient la même information que le brin codant et ceux en lisant dans le sens 5' -> 3'.
- E) Vrai : HP mais je crois que vous voyez en BIOCH qu'on lit une protéine de l'extrémité Nterm vers la Cterm.

### QCM6: 1999 / BDE

- A) Faux : N'importe quoi : cette enzyme « active l'acide aminé grâce à l'ATP puis le fixe à ses ARNt isoaccepteurs et les libèrent. » (diapo 16, poly 2)
- B) Vrai : « Chaque aminoacyl-ARNt synthétase est spécifique d'un seul acide aminé.♥ » (diapo 14, poly 2) Mais attention ces aaRs ne sont pas spécifiques d'un ARNt ! « Elle fixe son acide aminé spécifique sur un ou plusieurs ARNt qui sont appelés ARNt isoaccepteurs qui reconnaissent un ensemble de codons différents mais qui codent pour le même acide aminé (codons synonymes). » (diapo 14, poly2)
- C) Faux : HP
- D) Vrai : Aminoacyl = acide aminé, adénylate = activé par l'AMP = adénosine + P (diapo16, poly 2) La liaison d'un substrat et d'une enzyme n'est pas de type covalente, Cf BIOCH : complexe enzyme substrat : spécifique, réversible et transitoire.
- E) Vrai : c'était vrai à l'époque, mais cette année le prof a simplifié le cours, ça devient FAUX. Il y a une seule aaRs pour la méthionine, ceux qui donne 20 aaRs au total pour les 20 acides aminés codés génétiquement. PS : en revanche, il y a 22 acides aminés protéinogènes si on rajoute la sélénocystéine et un autre non cité en cours.

### QCM7 : 2000 / ACDE

- A) Vrai : A et G sont des bases puriques, T et C des bases pyrimidiques
- B) Faux : Les bases puriques ne s'associent pas entre elles. De plus, le nombre de liaisons hydrogènes est différent selon le couple de bases : tu auras 2 liaisons H entre A et T, contre 3 liaisons H entre C et G (voir schéma diapo 22, poly 1)
- C) Vrai : celui de l'ARN le ribose
- D) Vrai : liaison 3'-5' phosphodiester
- E) Vrai : « la reverse transcriptase permet de synthétiser de l'ARN à partir d'ADN » (diapo 49, poly 1)

### QCM8 : 2000 / ABDE

- A) Vrai : HP
- B) Vrai : HP
- C) Faux : « TFIIH possède une activité hélicase séparant les brins d'ADN et une activité kinase phosphorylant l'extrémité C-terminale ce qui active l'ARN Pol II. » (diapo 69, poly1) Donc ce facteur général de transcription va ouvrir la double hélice d'ADN et on sait que les 2 brins sont liés par des liaisons hydrogènes et non phosphodiester (=entre 2 nucléotides adjacent et non pas complémentaires).
- D) Vrai : HP
- E) Vrai : HP

### QCM9 : 2000 / ADE

- A) Vrai : Cette année le prof précise juste que les **gènes CODANTS** (donnant des ARNm) sont transcrits par l'**ARN polymérase II**. (Il précisait l'année dernière que la I et la III c'était pour les gènes non codants, bref HP)
- B) Faux : C'est « le gène 45S qui code pour les ARNs 28S, 18S et 5,8S. » Ces 3 ARNr sont synthétisés à partir du même transcrit primaire qui sera ensuite mûré (=coupé en 3). Contrairement à l'ARNr 5S qui est codé tout seul par le gène 5S. (diapo18, poly 2)
- C) Faux : L'ARNr 5s est présent dans la grosse sous-unité procaryote = 50S, ainsi qu'eucaryote = 60S
- D) Vrai : La grosse sous-unité 60s est composée des ARNr 5s + 28s + 5,8s
- E) Vrai : C'est une caractéristique HP de ce type de gènes NON CODANTS (= dont l'information sert à la synthèse des autres ARN, type ARNr 5S). Dans le cours, le prof ne parle que du promoteur des gènes CODANTS (= dont l'information sert à la synthèse des protéines via l'ARNmessenger). Il est dans la région non transcrite du gène avec les séquences régulatrices proximales et distales, la région transcrite étant composée de l'unité de transcription (succession exons-introns + signal poly-A)

### QCM10 : 2000 / DE

- A) Faux : « **Il y a 61 codons pour 20 acides aminés** » (diapo 6, poly 2). Il y a bien  $4^3 = 64$  combinaisons de nucléotides pour former un codon, mais 3 sont **des codons stop UAA + UAG + UGA**
- B) Faux : Archi faux car c'est l'inverse dégénéré = pour un même acide aminé correspondent plusieurs codons, de plus le code génétique est aussi non ambiguë = « un codon donné correspond toujours au même acide aminé » ♥**code génétique = quasi-universel + non chevauchant + non ambigu + dégénéré**
- C) Faux : Ce sont les aminoacyl ARNt synthétases qui « activent l'acide aminé grâce à l'ATP puis le fixe à ses ARNt et les libèrent » (diapo 16, poly 2)
- D) Vrai : 4 liaisons à HPE : 2 de l'ATP pour activer l'acide aminé (diapo 16, poly2) + 2 GTP à chaque cycle d'élongation (diapo 24, poly2).
- E) Vrai : HP

### QCM11 : 2000 / BCE

- A) Faux : C'est le rôle du ribosome via son site P !  
B) Vrai ++  
C) Vrai ++ : ça lui permet d'activer l'acide aminé avant de le fixer à ses ARNt correspondants  
D) Faux : L'enzyme aaRs fixe son acide aminé spécifique « **sur un ou plusieurs ARNt isoaccepteurs**. Ces ARNt isoaccepteurs reconnaissent un ensemble de codons différents mais qui codent pour le même acide aminé (codons synonymes) » (diapo 14, poly 2)  
E) Vrai : dans les annathèmes, c'est compté faux ☹ Mais les aaRs étant des enzymes, donc des protéines, elles sont obligatoirement codées par l'ADN, j'ai même retrouvé la liste des gènes codants pour chacune d'entre elles sur internet. Je vais essayer d'avoir la réponse du prof...

### QCM12 : 2000 / ACDE

- A) Vrai : ARNm + ARNribosomiaux composant le ribosome + ARNt apportant les acides aminés  
B) Faux : HP  
C) Vrai : « La petite s.u 16S chez les procaryotes s'apparie à une séquence spécifique à proximité appelée séquence de Shine-Dalgarno ou Ribosome Binding Site (RBS). Cette liaison à l'ARNm se fait à proximité du codon AUG chez les procaryotes » alors que chez les eucaryotes elle se fait à distance. (diapo 22, poly 2)  
D) Vrai : « **L'inosine (I), base modifiée, s'apparie avec toutes les bases de l'ARNm sauf G** » ♥ (diapo 15, poly 2) DONC avec A, U et C. Pourquoi pas T ? Car au niveau de l'ARN la thymine est remplacée par l'uridine.  
E) Vrai : ARNt initiateur = ARNt fixant la méthionine, à l'époque le prof différenciait l'ARNt de la méthionine du codon initiateur = codon START et l'ARNt de la méthionine intervenant dans l'élongation de la protéine. Or maintenant, le prof ne compte qu'un seul ARNt pour toutes méthionines confondues. Donc cette année l'item serait FAUX ^^

### QCM13 : 2000 / AE

- A) Vrai : HP Nous on étudie cette année que les ADN polymérases eucaryotes = delta/epsilon pour la réplication + alpha pour les amorces nécessaire à l'initiation de la réplication. Seule la delta/epsilon intervient dans la détection + **réparation des lésions de l'ADN via son 2nd site actif à activité 3'-5'exonucléasique** = activité de correction d'épreuve (proofreading). L'ADN polymérase alpha en est dénuée = donc les amorces contiennent ++ erreurs  
B) Faux : c'est une activité 3'-5'exonucléasique  
C) Faux : HP vous le verrez au S2 en UE11 L'origine de réplication de l'unique Krs circulaire des procaryotes et bien UNIQUE **mais la réplication est comme chez les eucaryotes BIDIRECTIONNELLE** ♥ (diapo 45, poly 1)  
D) Faux : HP  
E) Vrai : HP Retenir juste que l'ADN polymérase alpha synthétise les amorces d'ARN qui sont ensuite dégradées par une enzyme (le prof ne précise pas le nom de son activité, ni même le nom de l'enzyme). Ces amorces sont remplacées puis une ligase vient relier les différents fragments d'OKAZAKI entre eux. (diapo 47, poly 1)

### QCM14 : 2001 / AB

- A) Vrai : HP mais cette année on a vu que « la polymérase  $\delta/\epsilon$  des eucaryotes détecte (grâce à la relecture) et répare aussitôt les erreurs qu'elle fait » (diapo 51, poly 1)  
B) Vrai : HP  
C) Faux : C'est **l'ARN** polymérase et non **l'ADN** polymérase qui polymérise les ribonucléotides (= nucléotides constituant l'ARN) **Bon piège !**  
D) Faux : HP pas de relecture à ce niveau  
E) Faux : HP pas de relecture à ce niveau

### QCM15 : 2001 / BC

- A) Faux : mode semi-conservatif = modèle de réplication = chaque brin de l'ADN parental sert de matrice pour synthétiser un brin fils = chaque nouvelle molécule comprend un brin parental et un brin fils.  
B) Vrai : L'ADN polymérase lors de la réplication synthétise le brin fils que dans le sens 5'→3', pareil pour l'ARN polymérase lors de la transcription = synthèse d'ARN  
C) Vrai : HP  
D) Faux : dans la réplication, on a ADN-ARN (amorces) + ADN-ADN (brins parent-brin fils) / dans la transcription que ADN-ARN  
E) Faux : Il n'y a que la réplication qui nécessite une matrice qui est en plus composée d'ARN et non d'ADN

### QCM16 : 2001 / AC

- A) Vrai : ARNt = une tige acceptrice + 3 boucles « **La tige acceptrice fixe l'acide aminé spécifique de l'ARNt (extrémité 3'-OH)** » (diapo 12, poly 2)  
B) Faux : Archi faux il existe **une seule enzyme aminoacyl ARNt synthétase par acide aminé, mais plusieurs ARNt dit isoaccepteurs par acide aminé qui reconnaissent** un ensemble de codons différents mais qui codent pour le même acide aminé (codons synonymes) (diapo14, poly 2)



- C) Vrai : Un peu HP mais sachez que ce n'est pas la tige acceptrice qui reconnaît spécifiquement l'acide aminé correspondant à un ARNt, en effet elle est identique d'un ARNt à l'autre. C'est les aaRs qui associent spécifiquement un AA à ses ARNt isoaccepteurs.
- D) Faux : Une aminoacyl ARNt synthétase est spécifique d'un seul acide aminé, mais elle le fixe sur un ou plusieurs ARNt qui sont appelés ARNt isoaccepteurs !
- E) Faux : La séquence dans la boucle de l'anticodon diffère selon l'ARNt, car il s'apparie par complémentarité avec un codon de l'ARNm. Et on sait qu'il existe 64 codons possibles, mais 61 seulement codants pour 20 acides aminés car il y a 3 codons stop. « A chaque codon, un ARNt différent chargé se fixe via son anticodon complémentaire » (diapo 24, poly2) = **Spécificité de l'appariement codon-anticodon**. En revanche, il n'y a pas 64 ARNt différents grâce au WOUBLE = appariement flexible = baisse le nombre d'ARNt

#### **QCM17 : 2001 / AD**

- A) Vrai : 1 seul codon initiateur = codon START = AUG
- B) Faux : les ARNm commencent toujours par AUG qui code pour la méthionine et non le tryptophane
- C) Faux : Les 3 codons non-sens = ne codant pas pour un acide aminé = **les codons STOP = UAA + UGA + UAG**
- D) Vrai : le code génétique étant **dégénéré** ♥
- E) Faux : il n'y a qu'un seul acide aminé qui est **codé par un seul triplet = la méthionine** ♥ Mettre tjrs FAUX sauf pour la Méthionine ;).

#### **QCM18 : 2001 / C**

- A) Faux
- B) Faux
- C) Vrai : On pouvait répondre à ce QCM sans connaître toutes ces protéines car le prof a BIEN précisé en cours que ♥ **La polymérase α est dénuée d'activité de correction d'épreuve qui détecte et répare** aussitôt les erreurs qu'elle fait = les amorces qu'elle synthétise peuvent contenir des erreurs ++ alors que la delta/epsilon est bien impliquée dans les processus de réparation de l'ADN via cette activité.
- D) Faux : « La transcription débute grâce à TFIIH dont l'activité hélicase sépare les 2 brins et l'activité kinase qui phosphoryle l'extrémité C-term ce qui active l'ARN Pol II. » (diapo 69, poly1) -> donc pas d'activité de réparation de l'ADN
- E) Faux

*The End*

PS : J'ai reformulé les énoncés des qcms de manière à ce qu'ils aient la forme actuelle, soit celle que vous aurez au concours, c'est-à-dire :

- l'énoncé demande toujours d'indiquer quelles sont la ou les vraie(s) (normalement plus de pièges sur donner les fausses ...)
- il n'y a plus de possibilités de répondre par élimination avec les réponses uniques type : A) 1-2, ce qui rend les annales d'avant la réforme plus difficiles. Donc ne vous inquiétez pas, c'est normal si vous faites des erreurs le plus intéressant ici étant de lire la correction. Depuis, les profs ont revus leur manière de formuler les items qui sont devenus vous le remarquerez en faisant les derniers annales (DM2 de Gollum ☺) plus généralistes.
- La réponse E) = normalement « ABCD sont fausses » mais là c'était impossible, donc j'ai laissé les items

Malgrès quelques items Hors-Programme, il reste de bon exemples de pièges toujours d'actualités à noter et à retenir !

Dans la correction, lorsque nécessaire je vous ai mis les versions à retenir pour cette année.

La correction est très détaillée et fait office un peu de révision pour votre plus grand plaisir ☺

Voilà la suite arrive très vite ! Ne lâchez rien les chatons, le travail paye TOUJOURS !!!! ♥♥

Azula