

# Devoir Maison n° 4 : Biologie moléculaire

Tutorat 2014-2015

Annales concours : 2002 à 2006



**QCM19 : 2002 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Tous les substituants des bases azotées se trouvent sur le cycle pyrimidique
- B) Tous les ribonucléotides sauf un contiennent au moins une fonction « oxy »
- C) Tous les désoxyribonucléotides contiennent une fonction « amine »
- D) Toutes les bases azotées des désoxyribonucléotides s'associent au désoxyribose par un des atomes d'azote du cycle pyrimidique
- E) La polymérisation des désoxyribonucléotides au cours de la réplication de l'ADN se réalise par des liaisons phosphodiester 5'-3'

**QCM20 : 2002 / Concernant la réplication de l'ADN chez les eucaryotes, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'ADN polymérase delta n'intervient pas dans la synthèse des fragments d'Okazaki (HP)
- B) L'élongation de l'ADN par une ADN polymérase nécessite toujours la présence d'une extrémité 3'OH libre
- C) Une ADN polymérase possède une activité d'élongation dans le sens 3'-5'
- D) Au niveau de l'ADN des eucaryotes, il n'existe qu'une seule origine de réplication
- E) La réplication de l'ADN chez les eucaryotes est semi-conservative

**QCM21 : 2002 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) La traduction s'arrête toujours au premier codon non sens qui se présente
- B) La traduction démarre toujours au premier codon AUG qui se présente à l'extrémité 5' de l'ARN messager
- C) Les 2 ARN de transfert, porteurs de la méthionine, sont reconnus par un facteur d'initiation de la traduction (HP)
- D) La phosphorylation de eIF2 inhibe l'initiation de la traduction (HP)
- E) Six facteurs d'initiation sont requis pour l'association du complexe ternaire petite sous unité ribosomique + méthionyl-ARNt<sup>Met</sup> + ARN messager (HP)

**QCM22 : 2002 / Dans la reconnaissance codon-anticodon , indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'hypoxanthine en 5' de l'anticodon peut s'apparier avec les 2 bases pyrimidiques en 3' du codon (raisonner avec inosine cette année)
- B) L'uracil en 5' de l'anticodon peut d'apparier avec les 2 bases puriques en 3' du codon
- C) La guanine en 3' du codon peut s'apparier avec les 2 bases pyrimidiques en 5' de l'anticodon
- D) L'adénine en 3' du codon peut s'apparier avec une des 3 bases puriques ou une des 2 bases pyrimidiques en 5' de l'anticodon
- E) La cytosine en 5' de l'anticodon peut s'apparier avec les 2 bases puriques en 3' du codon (HP)

**QCM23 : 2002 / La réparation de l'ADN par excision de base (BER) après dépurination ne nécessite pas la présence :**

- A) D'une ADN glycosylase
- B) D'une ADN ligase
- C) D'une endonucléase
- D) D'une ADN polymérase
- E) D'une phosphodiesterase

**QCM24 : 2002 / Parmi les transcrits primaires des ARN suivants, lesquels ne contiennent jamais d'introns ? HP tu peux passer au 25 ;)**

- A) Transcrits des ARN ribosomiques synthétisés par l'ARN polymérase I
- B) Transcrits des ARN nucléaires hétérogènes
- C) Transcrits des petits ARN nucléaires
- D) Transcrits des ARN de transfert
- E) Transcrits de l'ARN ribosomique synthétisé par l'ARN polymérase III

**QCM25 : 2003 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'initiation de la réplication est déclenchée par la phosphorylation du complexe de pré-réplication (HP)
- B) Les ADN polymérases alpha et delta sont toutes deux impliqués dans la réparation de l'ADN par le système NER (Nucleotide Excision Repair) (HP)
- C) Les ribonucléotides de chaque amorces d'ARN sont éliminés l'un après l'autre lors de la réplication (HP)
- D) L'ADN polymérase alpha synthétise plus d'ADN dans la chaîne retardée que dans la chaîne de tête
- E) Les ADN polymérases alpha et delta possèdent une activité 3'->5' exonucléase

**QCM26 : 2003 / HP tu peux passer au 27 ;)**

**Les unités de transcription des ARN ribosomiques de la cellule eucaryote ne contiennent pas de séquences transcrites en ARN de transfert PARCE QUE tous les ARN ribosomiques eucaryotes sont synthétisés dans le nucléole.**

**QCM27 : 2003 / A propos des promoteurs de gènes eucaryotes, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) : HP tu peux passer au 28**

- A) Les séquences consensus des promoteurs sont toujours en amont du premier nucléotide transcrit (HP)
- B) Un seul facteur de nucléation est impliqué dans la reconnaissance du promoteur des gènes d'ARN transcrits par l'ARN polymérase I (HP)
- C) Un même facteur de nucléation peut reconnaître plus d'une séquence consensus d'un même promoteur (HP)
- D) Un même facteur de nucléation peut reconnaître les différents séquences consensus des promoteurs de gènes d'ARN transcrits par l'ARN polymérase III (HP)
- E) Un même promoteur peut servir à la transcription de plusieurs gènes d'ARN (HP)

**QCM28 : 2003 / A propos des facteurs de traduction suivants, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) : HP rebelotte passe au 29**

- A) Le facteur eIF<sub>2</sub>-GTP reconnaît le méthionyl-ARNt<sup>Met</sup>
- B) Le facteur eIF3 favorise la liaison de la sous unité ribosomique 40 S avec le méthionyl-ARNt<sup>Met</sup>
- C) Le facteur eIF<sub>4</sub>E reconnaît la coiffe de l'ARNm
- D) Le facteur eIF<sub>4</sub>E est une hélicase
- E) Le facteur eIF5 déclenche l'hydrolyse du GTP associé au facteur eIF2

**QCM29 : 2004 / Du fait de la complémentarité entre les bases des nucléotides, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s):**

- A) Tout l'ADN contient autant de bases puriques que de bases pyrimidiques
- B) La réparation d'un ADN nécessite l'intervention d'une ADN polymérase ayant pour matrice la chaîne d'ADN non endommagée
- C) Tout ADN dénaturé peut être renaturé dans son état initial si l'abaissement de température est rapide (HP)
- D) Tout ADN contient le même nombre de paires de bases complémentaires
- E) Les processus de réplication et de transcription nécessitent la présence d'une matrice d'ADN

**QCM30 : 2004 / L'ADN polymérase delta intervient (raisonner avec delta/epsilon vu cette année):**

- A) Dans la réparation par le système NER
- B) Dans la correction des erreurs de lecture lors de la réplication
- C) Dans l'initiation de la réplication
- D) Dans l'élongation de la réplication
- E) Dans la correction des mauvais appariements par le système MMR

**QCM31 : 2004 / Concernant le processus de transcription, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) (seul l'item D est faisable cette année) :**

- A) Les facteurs généraux de transcription sont au nombre de 2 pour tous les ARN ribosomiques (HP)
- B) Les facteurs de régulation de la transcription des ARN ne interagissent avec des protéines associées à la TATA Binding Protein (TBP) (HP)
- C) Le facteur SL est le facteur médiateur pour la fixation de l'ARN polymérase I (HP)
- D) Un seul des facteurs généraux de transcription de l'ARN polymérase II reconnaît la TATA box
- E) Le facteur TF III C reconnaît des domaines des ARN de transfert correspondant à deux des 3 boucles de l'ARN de transfert (HP)

**QCM32 : 2004 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Un seul acide aminé peut être positionné en l'absence de la grande sous-unité ribosomique lors de la traduction de l'ARN messager
- B) La méthionine ne possède qu'un seul codon
- C) Chaque codon sens correspond à un seul acide aminé
- D) Tous les codons stop possèdent 2 bases puriques
- E) L'anticodon ACC ne peut reconnaître qu'un seul codon

**QCM33 : 2005 / Chez les eucaryotes, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s):**

- A) Toutes les ADN polymérases ont une activité exonucléase 3'→5'
- B) Il y a autant de fourches de réplication que d'origines de réplication
- C) Lors de la réplication, l'ADN polymérase delta démarre la synthèse d'une chaîne d'ADN à partir de l'extrémité 3' d'une amorce d'ARN
- D) Lors de la réplication, les fragments d'OKAZAKI sont espacés sur le brin tardif par des intervalles correspondant aux nucléosomes
- E) L'extrémité 3' de l'ADN de la chaîne parentale est légèrement plus longue que l'extrémité 5' de la chaîne néosynthétisée avec laquelle elle est appariée

**QCM34 : 2005 / Dans la structure du fragment d'ADN représenté par la séquence : 5'-AGGA-3', il y a :**

- A) 4 bases puriques
- B) 4 désoxyriboses
- C) 4 liaisons N-hétérosidiques
- D) 4 liaisons phosphodiesters
- E) 4 fonctions amines primaires libres

**QCM35 : 2005 / Concernant la transcription eucaryote, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'unité de transcription possède la même longueur que l'ARN mature fonctionnel
- B) Tous les transcrits primaires d'ARN sont modifiés
- C) Les promoteurs de toutes les ARN polymérases nucléaires sont situés en dehors de la portion transcrite des gènes
- D) L'extrémité 3' de l'ARNm mature n'est pas transcrite à partir du gène
- E) Le démarrage de la transcription par l'ARN polymérase II nécessite sa phosphorylation
- F) L'épissage est un processus qui se déroule pendant l'élongation de la transcription d'un ARN nucléaire hétérogène (L'ARN nucléaire hétérogène (ARNnh) est un ARN pré-messager et appelé comme ça car il se retrouve strictement dans le noyau et est encore composé d'introns et d'exons. Raisonner donc avec pré-ARNm qui est un « synonyme »).

**QCM36 : 2005 / Concernant la traduction eucaryote, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Les acides aminés sont ajoutés à l'extrémité C-terminale de la chaîne peptidique en voie de croissance
- B) L'extrémité carboxyle de la chaîne polypeptidique en croissance reste activée (HP)
- C) La terminaison d'une synthèse protéique requiert la liaison d'un ARNt à un codon stop de l'ARNm
- D) La phase d'élongation de la synthèse protéique nécessite plus de facteurs protéiques liant le GTP que la phase d'initiation (HP)
- E) Le déplacement du peptidyl-ARNt du site A au site P sur le ribosome est rendu possible par l'hydrolyse de l'ATP

**QCM37 : 2005 / La séquence nucléotidique de l'anticodon d'un ARNt est 5'-CCU-3'. Quel est, dans la séquence suivante d'un ARN messager, le triplet nucléotidique qui pourra s'apparier à l'anticodon ?**

- A) 5'-AGCAGGACUA-3'
- B) 5'-AGCAGGACUA-3'
- C) 5'-AGCAGGACUA-3'
- D) 5'-AGCAGGACUA-3'
- E) 5'-AGCAGGACUA-3'

**QCM38 : 2006 / Chez l'Homme, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) L'ADN nucléaire possède un nombre de bases puriques égal au nombre de bases pyrimidiques
- B) Tous les gènes transcrits en ARN messagers sont des gènes en copie unique sur les chromosomes
- C) Un gène en copie unique peut avoir de fortes homologies avec un autre gène en copie unique (HP)
- D) Un même gène peut coder deux ou plusieurs protéines apparentées
- E) Les séquences d'ADN utilisées pour la recherche des empreintes génétiques sont dépourvues de fonctions codantes (HP)

**QCM39 : 2006 / Dans la réplication de l'ADN des eucaryotes, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Le complexe de reconnaissance de l'origine se positionne à la fin de la mitose (HP)
- B) La protéine CDC recrute des hélicases (HP)
- C) La protéine RFC place le facteur PCNA sur l'ADN (HP)
- D) L'ADN polymérase alpha ne sert qu'au brin d'ADN qui se synthétise de manière discontinue
- E) L'établissement de la continuité entre 2 fragments d'Okasaki successifs nécessite l'intervention de 4 activités enzymatiques

**QCM40 : 2006 / Concernant le code génétique, indiquez parmi les propositions suivantes celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) La cellule humaine n'utilise pas les 61 codons sens pour assembler ses protéines
- B) Seul 3 acides aminés ont un nombre impair de codons
- C) Un seul des acides aminés possède 2 ARNt pour un même codon (HP)
- D) Les codons stop ont un nucléotide purique en position 3'
- E) Les anticodons contenant une base purique à leur extrémité 5' peuvent s'associer à 2 codons différents

**QCM41 : 2006 / Parmi les propositions suivantes, indiquez celle(s) qui est (sont) exacte(s) :**

- A) Les réparations de l'ADN par le système d'excision de bases et par le système d'excision de nucléotides ne font pas intervenir la même ADN polymérase (HP)
- B) Une activité hélicase est nécessaire dans le processus de réparation de l'ADN par le système d'excision de bases et par le système d'excision de nucléotides (HP)
- C) Une kinase est nécessaire pour le déclenchement de l'élongation de la transcription
- D) Dans la transcription des ARNnh(=pré-ARNm) par l'ARN polymérase II, un seul facteur général de transcription possède des activités enzymatiques
- E) Un des facteurs généraux de transcription est lié en permanence à l'ARN polymérase II (HP)

# CORRECTION :

## QCM19 : 2002 / ABC

- A) Vrai : purine = 2 cycles et pyrimidines = 1 seul cycle, regardez diapo 13, poly 1 les substituants sont toujours sur le cycle pyrimidique (si on considère le 2<sup>ème</sup> cycle des purines comme l'équivalent de 2 substituants)
- B) Vrai : « oxy » = préfixe des fonctions cétones, les ribonucléotides = A+G+C+U, l'adénine ne possède pas de fonction cétone

### Petit récap' des fonctions en fonction du nucléotide ->

- A** : une fonction amine primaire -NH<sub>2</sub> libre  
**G** : une fonction amine primaire -NH<sub>2</sub> libre + une fonction cétone C=O  
**T** : 2 fonctions cétones C=O et une fonction méthyle -CH<sub>3</sub>  
**C** : une fonction cétone C=O et une fonction amine primaire -NH<sub>2</sub> libre  
**U** : 2 fonctions cétones C=O

C) Vrai : on retrouve l'atome d'azote à l'intérieur des cycles puriques et pyrimidiques. Ça forme ce qu'on appelle des hétérocycles qui englobe cette fonction amine. Donc tous les nucléotides contiennent bien une fonction amine. En revanche, pas tous ne possèdent une fonction amine **libre** (= non inclus dans un cycle), c'est le cas seulement pour A, G, C.

D) Faux : soit par un atome d'azote du cycle pyrimidique soit du cycle purique : « liaison base + pentose (2'désoxy)ribose par une liaison N-glycosidique entre azote N9 (**purine**) ou N1 (**pyrimidine**) et C'1 du sucre) = NUCLÉOSIDE♥ » (diapo 15, poly 1)

E) Faux : **piège ++** c'est l'inverse la polymérisation des dNTPs se fait par des liaisons phosphodiester **3'-5'**. En effet la polymérase relie un à un les dNTPs à l'extrémité 3'-OH de l'amorce et des nucléotides en amont. **A retenir : elle ne synthétise donc les brins fils que dans le sens 5'- 3', mais avec des liaisons 3'-5' phosphodiester !** (diapo 43, poly 1)

## QCM20 : 2002 / BE

- A) Faux : c'est compté vrai dans les annathèmes mais la seule nuance qu'il faut faire à ce sujet = on a l'ADN polymérase delta-epsilon qui synthétise tout le brin fils que ce soit les brins directs ou les brins tardifs = fragments d'Okazaki et la polymérase alpha qui synthétise les amorces.
- B) Vrai : « L'ADN polymérase relie un à un les dNTPs à l'extrémité 3'-OH de l'amorce » et du coup aussi des nucléotides en amont (diapo 43, poly 1)
- C) Faux : « Elle ne synthétise donc les brins fils que dans le sens 5'- 3' » (diapo 43, poly 1)
- D) Faux : concernant la réplication : « Elle se fait en de nombreux points (ou origines) sur un chromosome » (diapo 45, poly 1)
- E) Vrai : La réplication suit bien le modèle semi-conservatif = « 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 = chaque brin parent sert de modèle à la synthèse d'un brin fils » (diapo 42, poly 1)

## QCM21 : 2002 / ADE

- A) Vrai : codon non-sens = **codon stop UAA, UAG, UGA** « L'étape de terminaison de la traduction, elle s'achève lorsque le ribosome rencontre un codon Stop » (diapo 25, poly 2)
- B) Faux : **piège bien vicieux ++ La traduction démarre à partir du codon AUG inclus dans la séquence Kozak** (=séquence qui permet de repérer le bon cadre de lecture sur les 3 théoriques = cadre ouvert de lecture ou ORF = seul aboutissant à la synthèse de la protéine) donc pas forcément le premier codon AUG !
- C) Faux : HP cette année : un seul ARNt pour la méthionine
- D) Vrai : HP
- E) Vrai : HP

## QCM22 : 2002 / ABCD

- A) Vrai : hypoxanthine = base azotée formant le nucléoside INOSINE : « Inosine, obtenue par désamination de l'adénine en hypoxanthine » (diapo 13, poly 2) « L'inosine (I), base modifiée, s'apparie avec toutes les bases sauf G ». Donc I s'apparie avec ACU et CU sont 2 bases pyrimidiques.
- B) Vrai : « De façon habituelle, U s'apparie avec A mais inhabituelle avec G » (diapo 15, poly 2) **AG = bases puriques + inosine aussi qui est une base modifiée dérivée de l'adénine !**
- C) Vrai : la guanine en 3' du codon peut s'apparier à C et aussi à U de manière inhabituelle **CU = bases pyrimidiques + T (la thymine est une base pyrimidique de l'ADN et non de l'ARN, en revanche on retrouve un T au niveau de la boucle TψC de l'ARN de transfert = piège ++).**
- D) Vrai : l'adénine peut s'apparier avec U et grâce au Wobble avec I : **I = une des 3 bases puriques AGI + U = une des 2 bases puriques CU**
- E) Faux : C'est en 3' du codon ! G en 5' de l'anticodon peut s'apparier avec C en 3' du codon, jusque-là normal et I aussi car I s'apparie avec tout sauf G.

### Récap' :

- ✓ U en 5' de l'anticodon avec AG en 3' du codon
- ✓ G en 5' de l'anticodon avec CU en 3' du codon
- ✓ I en 5' de l'anticodon avec CAU en 3' du codon

### QCM23 : 2002 / A

A) Vrai : Un peu HP mais « Le système BER excise diverses bases modifiées (uracile, hypoxanthine...), chaque anomalie est reconnue par une ADN-glycosylase spécifique. » (diapo 54, poly 3) On voit sur cette diapo que cette ADN glycosylase vient juste exciser la base modifiée sans toucher au squelette sucre-phosphate. Rappel : « La dépurination, fréquente, est la rupture d'une liaison désoxyribose-base : elle aboutit à la perte d'une adénine ou guanine, remplacée au hasard. » (diapo 50, poly 3) Or, là après dépurination la base a déjà été excisée, donc l'action de l'ADN glycosylase n'est plus nécessaire.

- B) Faux
- C) Faux
- D) Faux
- E) Faux

### QCM24 : 2002 / AB

A) Vrai : concernant les introns cette année ce qui est à savoir c'est qu'ils sont absents des gènes procaryotes = gènes compacts.

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

### QCM25 : 2003 / ABC

- A) Vrai : HP
- B) Vrai : HP
- C) Vrai : HP

D) Faux : piège ++ L'ADN polymérase alpha ne synthétise pas de l'ADN mais de l'ARN car les amorces (=court fragment hybride ARN/ADN)

E) Faux : Attention piège ++ « La polymérase alpha est dénuée d'activité 3'-5' exonucléasique. » Donc « les amorces qu'elle synthétise peuvent contenir des erreurs ++ ». (diapo 51, poly1)

### QCM26 : 2003 / VF (HP)

### QCM27 : 2003 / BC (HP)

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

### QCM28 : 2003 / ACDE (HP)

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

### QCM29 : 2004 / ABE

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) Une purine s'associant toujours avec une pyrimidine, il y a autant de l'un que de l'autre ♥

B) Vrai : en 2004 oui notamment pour

-> les systèmes de réparation BER + NER + MMR (= action indirecte via réparation par excision d'une base ou région d'ADN et sa resynthèse) +

-> la recombinaison homologue (utilisant le chromosome homologue en guise de matrice pour réparer intégralement la lésion).

Or cette année, c'est plus détaillé. Il existe d'autres systèmes de réparation ne faisant pas intervenir l'ADN polymérase et donc pas d'ADN matrice.

-> **Ex d'un des systèmes réparant les dimères de thymine (= action directe les bases modifiées étant réparées directement sans excision) +**

-> **le système NHEJ qui recolle les cassures double brins.**

Donc faux cette année, ce serait compté FAUX ! (diapo 53 à 55, poly 3)

C) Faux : HP

D) Faux : le nombre de paires de bases complémentaire dépend de l'espèce car « **le rapport (A+T) / (G+C) est spécifique d'une espèce donnée** » (diapo 20, poly 1)

E) Vrai : Dans la **réplication**, ce sont **les 2 brins parents** qui servent de matrice à la synthèse des 2 brins fils. Dans la **transcription**, c'est **le brin non-codant** qui sert de matrice à la synthèse de l'ARN messager.

### **QCM30 : 2004 / ABDE**

A) Vrai : « Le système NER (Nucleotide Excision Repair) répare la plupart des anomalies dont les dimères de thymine. Ex: Un fragment du brin contenant le dimère est excisé par le système NER puis resynthétisé par **l'ADN polymérase** puis action de la ligase » (diapo 54, poly 3)

B) Vrai : « La **polymérase  $\delta/\epsilon$**  détecte et répare aussitôt les erreurs qu'elle fait lors de la réplication. Elle possède un second site actif à activité 3'-5' exonucléasique. Cette activité lui permet d'exciser un nucléotide incorporé par erreur = activité de correction d'épreuve (proofreading).

Et attention : **La polymérase  $\alpha$  en est dénuée**, donc les amorces qu'elle synthétise peuvent contenir des erreurs

C) Faux : C'est la polymérase alpha qui initie la réplication en synthétisant les amorces (court fragment hybride ARN/ADN) (diapo 43, poly 1)

D) Vrai : « **La polymérase  $\delta-\epsilon$**  ajoute les dNTPs aux amorces » (diapo 47, poly 1)

E) Vrai : Le système MMR (Mutation Mismatch Repair) détecte et répare substitutions/insertions échappant à la polymérase.

1) Il reconnaît le brin fils erroné avec par exemple un mésappariement

2) il excise et dégrade le fragment contenant l'erreur

3) Resynthèse par **l'ADN polymérase** et ligation

### **QCM31 : 2004 / BCDE**

A) Faux :

B) Vrai :

C) Vrai ;

D) Vrai : C'est le facteur général de transcription D qui reconnaît la TATA box. « L'initiation débute par la fixation du complexe TFIID sur la boîte TATA. TFIID s'y fixe par sa sous-unité TBP (TATA Binding Protein) » qui recrute ensuite TFIIA et TFIIIB ainsi de suite jusqu'à l'assemblage complet de la machinerie basale de transcription active. (diapo 68, poly 1)

E) Vrai : **Cette année, on décrit seulement l'ARN polymérase 2 qui permet la transcription des gènes codants aboutissant à un ARN messager.** Donc on oublie la 1 et la 3 qui permettent elles la transcription des gènes non codants (ARNr, ARNsn, ARNt ...).

### **QCM32 : 2004 / BCDE**

A) Faux : ce n'est pas l'acide aminé mais l'ARN de transfert portant la méthionine = ARN<sup>t</sup><sup>Mét</sup> qui peut être positionné en l'absence de la grande sous-unité.

*Rappel* : L'initiation de la traduction se fait en 2 étapes et correspond à l'assemblage COMPLET du ribosome.

**#première étape = assemblage du complexe de pré-initiation sur l'ARNm :**

-> **la petite sous-unité + l'ARNt initiateur chargé + les facteurs d'initiation**

(la petite sous-unité permet de sélectionner les ARNt)

**#seconde étape = quand l'ARN de transfert initiateur portant la méthionine reconnaît le codon AUG**, tu as la grosse unité (qui assure l'activité peptidyl-transférase) qui vient se fixer au complexe de pré-initiation.

Le ribosome est alors complet, le complexe est donc activé (il va pouvoir se déplacer de codons en codons et assurer la traduction de la séquence codante de l'ARNm)

**DONC ribosome complet = la petite sous-unité + l'ARNt initiateur chargé + les facteurs d'initiation + la grosse sous-unité.**

B) Vrai : Un seul codon code pour **la méthionine = AUG** et un seul également pour **le tryptophane = UGG** ! Donc « le code génétique est dégénéré = plusieurs codons spécifient le même acide aminé sauf pour la méthionine et le tryptophane » (diapo 6, poly 2) **Piège ++**

C) Vrai : car il est « **non ambigu** = un codon donné correspond toujours au même acide aminé ! » (diapo 6, poly 2)

D) Vrai : Les codons stop étant UAA/UAG/UGA et AG étant des bases puriques, les codons stop possèdent bien tous 2 bases puriques.

E) Vrai : **Petite gymnastique mentale ♥♥**, L'anticodon ACC au niveau de l'ARN de transfert va reconnaître le codon UGG au niveau de l'ARN messager. Or UGG est l'unique codon codant pour le tryptophane. Il ne reconnaît donc bien qu'un seul codon !

### QCM33 : 2005 / CE

- A) Faux : « La polymérase alpha en est dénuée : les amorces qu'elle synthétise peuvent contenir des erreurs. » (diapo 51, poly 1)
- B) Faux : « **Chaque bulle de réplication comprend deux fourches de réplication.** » (diapo 45, poly 1) Donc il y a 2 fois plus de fourches que d'origines de réplication, une origine formant une bulle de réplication ;)
- C) Vrai : Lors de l'élongation de la réplication « **La polymérase relie un à un les dNTPs à l'extrémité 3'-OH de l'amorce.** » **Elle ne synthétise donc les brins fils que dans le sens 5'- 3' mais par des liaisons 3'-5' phosphodiester** ♥ (diapo 16, poly 1)
- D) Faux : dans les anathèmes c'est compté Vrai mais j'aurais dit plutôt par des intervalles correspondants aux amorces ! Surtout que les 2 propositions exactes de sûre sont C et E ...
- E) Vrai : compté Faux dans les anathèmes, mais c'est ARCHI vrai ! « A l'extrémité 5' du brin fils de chaque chromatide, la dégradation de l'amorce la plus distale laisse persister une brèche. » (diapo 48, poly 1) Le brin fils est donc plus court à cette extrémité et comme les brins complémentaires d'ADN sont **ANTIPARALLELES**, c'est bien l'extrémité 3' du brin parents qui est plus longue ☺ **Attention** ♥ « La réplication est donc incomplète dans la plupart des cellules (-> vieillissement cellulaire » (diapo 55, poly 1) car la réplication de l'extrémité des chromosomes (=télomères) est incomplète ! Sauf dans les cellules souches, germinales, cancéreuses qui possèdent la TELOMERASE

### QCM34 : 2005 / ABCE

- A) Vrai : **AG = bases puriques** (mnémo = AG comme les personnes âgées qui sont plus petites car courbées en avant, donc purique car le mot purique est plus petite que pyrimidique)
- B) Vrai : **le désoxyribose** est le sucre, plus précisément **le pentose constituant les nucléotides de l'ADN = ATGC**. En revanche **le sucre des nucléotides constituant l'ARN = le ribose = AUGC**. Là on est bien en présence d'une séquence d'ADN d'après l'énoncé, ça aurait bien pu être de l'ARN...Donc il y a bien 4 désoxyriboses !
- C) Vrai : Une liaison hétérosidique est une liaison d'un ose avec un aglycone (=un non sucre : une base azotée ici). On a 4 nucléotides, ce qui fait 4 bases azotée liées à un sucre -> ça fait donc 4 liaisons N-hétérosidiques. Dans le cours, il est même précisé le nom exacte de ces liaisons : liaison N-glycosidique entre azote N9 (purine le cas ici car AG = purine) ou N1 (pyrimidine) et C'1 formant le NUCLÉOSIDE = liaison base sucre (= pentose = 2'désoxyribose ici car ADN). On se souvient après que **nucléoSide + phosphate(s)** via une liaison phosphoester avec le C'5 = **nucléotiDe**.
- D) Faux : il y en a une entre A et G, puis entre G et G, puis entre G et A -> ça fait 3 liaisons phosphodiesters
- E) Vrai : les nucléotides possédant **une fonction amine libre = A G C** ♥ (mnémo nul ++ = ah je sais) ^^ *Récap' des fonctions plus complet correction qcms 19*

### QCM35 : 2005 / BDEF (trop bizarre le F :P)

- A) Faux : L'unité de transcription est plus long que l'ARNm mature car il contient en plus les introns ... Rappel : **unité de transcription** = succession de séquences codantes (Exons) et non codantes (Introns) + signal poly-A. Or sa transcription du nucléotide (+1) au signal de terminaison (=signal Poly-A) aboutit d'abord à un transcrit primaire ou pré-ARN messager qui va subir des étapes de **maturation CO-transcriptionnelle** aboutissant à un ARNm mature : **ajout de la coiffe en 5' + épissage (= excision des introns) + ajout queue polyA en 3'**. Au final, l'ARNm est constitué d'une séquence codante ininterrompue encadrée / signaux Start/Stop pouvant désormais subir l'étape de traduction en protéine dans le cytoplasme. **Piège ++** TRANSCRIPTION + MATURATION ont lieu dans le noyau !
- B) Vrai : Tous les transcrits primaires d'ARN subissent les modifications co-transcriptionnelles cités. Il existe une autre modification quant à elle **POST-transcriptionnelle = l'édition** qui se fait sur l'ARNm mature et non le transcrit primaires comme les 3 autres ! **piège ++**
- C) Faux : c'est vrai dans la structure simplifiée d'un gène codant (diapo 60, poly 1), mais il existe des promoteurs alternatifs situés à l'intérieur de la portion transcrite des gènes = unité de transcription ce qui permet de générer des pré-ARNm variables à partir d'un même gène (diapo 77, poly 1).
- D) Vrai : l'extrémité 3' de l'ARNm mature = la queue poly-A = succession de nombreux ribonucléotides de type Adénosine (A) à l'extrémité 3' des ARNm. Ce n'est pas le produit de la transcription à partir du gène mais des modifications co-transcriptionnelles du transcrit primaire.
- E) Vrai : « TFIIF 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, poly 1) et permet ainsi le démarrage de la transcription. Le recrutement successif des enzymes de maturation du pré-ARN nécessite aussi la phosphorylation de l'ARNpolymérase « **Des modifications de phosphorylation de l'extrémité C-terminale de l'ARN Pol II recrutent successivement les enzymes de maturation du pré-ARNm.** » (diapo70, poly 1)
- F) Vrai : Car il y a « **un couplage élongation-maturation** les 2 débutant simultanément. » (diapo 70, poly 1) et l'épissage est une des modifications **CO-transcriptionnelles** du pré-ARN.

### QCM36 : 2005 / AB

- A) Vrai : Lorsqu'une protéine est traduite depuis l'ARN messager, elle est créée depuis la terminaison N à la terminaison C = notion de biochimie. On lit une protéine de N-term vers C-term.

B) Vrai : HP

C) Faux : « **Il n'existe pas d'ARNt correspondant aux codons Stop.** Une protéine appelée facteur de terminaison se fixe à la place d'un ARNt. La protéine est libérée et le ribosome se dissocie. » (diapo 25, poly2)

D) Faux : HP

E) Faux : à la limite du programme ... On a le déplacement du ribosome d'un codon et éjection de l'ARNt déchargé qui passe alors de P à E + le peptidyl-ARNt qui passe lui de A à P qui nécessite l'hydrolyse d'un GTP et non d'un ATP. Au cours d'un cycle de traduction, les 2 étapes qui hydrolysent un GTP sont :

> Le déplacement du peptidyl-ARNt du site A au site P sur le ribosome

> Appariement codon-anticodon (schéma diapo 24, poly 2)

### **QCM37 : 2005 / B**

A) Faux

B) Vrai : C en 5' de l'anticodon peut s'apparier avec G en 3' du codon de l'ARNm. Et ensuite par simple complémentarité C de l'anticodon avec G du codon et U de l'anticodon avec A du codon = AGG. Les appariements flexibles du Wobble (= appariement flottant) se font uniquement sur la 1ère base de l'anticodon = base en 5' de l'anticodon. Cette base s'apparie avec la 3ème base du codon (brins antiparallèles). Donc pour la 2ème et 3ème base, on applique juste le principe de complémentarité des bases en faisant attention pas de thymine dans les codons de l'ARNm, ni dans les anticodons des ARNt. Le seul T que l'on retrouve au niveau d'un ARN est au niveau de la boucle T $\psi$ C de l'ARN de transfert = **exception piège ++**

Rappel : il existe trois types d'appariements flexibles sur cette position :

- ✓ **U en 5' de l'anticodon avec AG en 3' du codon**
- ✓ **G en 5' de l'anticodon avec CU en 3' du codon**
- ✓ **I en 5' de l'anticodon avec CAU en 3' du codon**

C) Faux

D) Faux

E) Faux

### **QCM38 : 2006 / ACDE**

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) Une purine s'associant toujours avec une pyrimidine, il y a autant de l'un que de l'autre ♥

B) Faux : « Chaque caractère ou trait dépend de « particules » (= les gènes) dont il existe deux versions (allèles), héritées chacune de l'un des parents. » (diapo 4, poly3) **Il existe donc 2 copies(=allèles) de chaque gène**, une copie sur le chromosome maternel et une copie sur le chromosome paternel.

C) Vrai : HP

D) Vrai : « **Plusieurs protéines différentes sont issues d'un seul gène.** Les différents ARNm issus d'un gène donnent des protéines différentes. Cela est permis grâce aux *promoteurs alternatifs + sites de polyadénylation alternatifs + sites donneurs/accepteurs alternatifs=saut d'exon + rétention d'intron*. Chaque exon code en général pour un domaine protéique. Cette diversité est à la base de la complexité des organismes. Le nombre de protéines plutôt que le nombre de gènes fait cette complexité ! » (diapo 77+78, poly1)

E) Vrai : HP Tout ce qui est dit sur l'empreinte = « Hérité lié à l'empreinte génétique = un gène va s'exprimer ou non selon le sexe du parent transmetteur. » (diapo 33, poly3)

### **QCM39 : 2006 / BC**

A) Faux : HP

B) Vrai : HP

C) Vrai : HP

D) Faux : l'ADN polymérase alpha synthétise les amorces nécessaires à l'initiation de la transcription que ce soit pour le brin direct ou les brins tardifs.

« ->**Le brin appelé direct est synthétisé en continu à partir d'une seule amorce.**

-> **Le brin appelé tardif est synthétisé de manière discontinue à partir de plusieurs amorces. Les fragments seront ensuite réunis** » (une amorce par fragment pour être précise) (diapo 46, poly 1)

E) Faux : 1) une enzyme dégrade les amorces 2) qui sont remplacées sûrement par une ADNpolymérase delta/epsilon 3) une ligase relie les fragments entre eux, 3 activités enzymatiques sont donc nécessaires à l'établissement de la continuité entre 2 fragments d'Okasaki successifs et non 4.

### **QCM40 : 2006 / BCD**

A) Faux : compté vrai dans les annathèmes mais je ne vois pas pourquoi... « Il existe  $4^3= 64$  combinaisons de nucléotides pour former un codon, parmi cela un codon Start (AUG) initie la traduction et code pour la méthionine et 3 codons Stop indiquent la fin de la traduction. Il n'existe pas d'ARNt correspondant aux codons Stop car il ne code pas pour des acides aminés. » (diapo 5 + 25, poly 2) On a bien 61 codons sens = codant pour un acide aminé, en enlevant les 3 codons stop = codons non-sens.

B) Vrai : la méthionine est codé uniquement par AUG / l'isoleucine est codé par 3 codons (AUU + AUC + AUA) / le tryptophane est codé uniquement par un codon UGG. *Au final retenir que : méthionine et tryptophane sont les seuls aa codés par un seul codon et si on rajoute l'isoleucine se sont les 3 aa codés par un nombre impair de codons.*

C) Vrai : c'était précisé à l'époque pour la méthionine avec un ARN<sup>t</sup><sub>Mét</sub> pour le codon AUG initiateur et un autre ARN<sup>t</sup><sub>Mét</sub> pour les AUG non-initiateurs : donc HP cette année. En revanche ce qui a changé cette année c'est qu'il y a une seule aaRs pour la méthionine, ceux qui donne 20 aaRs au total pour les 20 acides aminés codés génétiquement. *Rappel : « Les aminoacyl ARNt synthétases fixent les a.a aux ARNt et chacune est spécifique d'un des 20 acides aminés codés génétiquement. »* (diapo 16, poly2)

D) Vrai : UAA/UAG/UGA = les 3 codons stop et AG = les bases puriques **Attention bon piège** 🚫: si il y avait écrit en 5' ça aurait été faux car U = base pyrimidique comme T et C

E) Faux : un anticodon avec un base purique en 5' est de type 3'-\*\*A-5' ou 3'-\*\*G-5'. Seule G possède une possibilité d'appariement flexible sur cette position soit avec C (simple complémentarité), soit avec U (inhabituelle). Du coup seul un seul de ces 2 anticodons contenant une base purique en 5' peut s'associer avec 2 codons différents (terminant avec C ou U en 3' donc, antiparallélité des brins oblige)

#### QCM41 : 2006 / ACDE

A) Vrai : HP système d'excision de bases = BER / système d'excision de nucléotides = NER. « Ces 2 systèmes appartiennent aux systèmes détectant et réparant les mutations **de manière indirecte**, c'est-à-dire **par excision d'une base ou région d'ADN** et sa resynthèse avec le système MMR aussi. En opposition aux systèmes agissant de façon **directe** = les bases modifiées sont réparées **sans excision d'ADN**. » (diapo 53, poly3)

B) Faux : HP

C) Vrai : C'est «TFIIH qui 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**. » et permet à la transcription de s'initier.

D) Vrai : TFIIH

E) Vrai : HP

*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

Malgré 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 ☺

Bonne fin de révision ♥♥♥, ce DM arrive vraiment en guise de dernier entraînement type bachotage avant le concours.

Azula