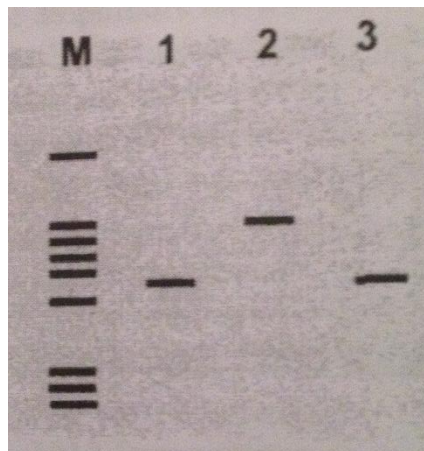


ANNALES CONCOURS 2010/2011

2011/ QCM 1 : Concernant la technique PCR (Amplification en chaîne par la polymérase), donnez les vraies,

- A) est basée sur l'utilisation d'une ADN polymérase qui fonctionne dans des organismes bactériens vivants dans des eaux froides
- B) permet d'amplifier des fragments d'ADN dont la taille moyenne varie de 150 à 3000 paires de bases
- C) nécessite de connaître la séquence nucléotidique de la totalité de la région d'ADN à amplifier
- D) est une technique très sensible qui possède un risque majeur de contamination
- E) repose sur 3 étapes successives incluant dénaturation de l'ADN, hybridation des amorces et élongation par la DNA polymérase

2011/ QCM 2 : Le gel ci-contre correspond à l'analyse d'un produit d'amplification obtenue à partir de l'ADN de 2 patients différents. M : marqueur de poids moléculaire ; 1 = patient A ; 2 = patient B ; 3 = témoin négatifs d'amplification. Donnez les vraies



- A) La taille du produit d'amplification obtenu à partir du patient A est supérieure à celle du produit d'amplification obtenu à partir du patient B
- B) La taille du produit d'amplification obtenu à partir du patient A est inférieure à celle du produit d'amplification obtenu à partir du patient B
- C) La taille du produit d'amplification attendue correspondant à celle du patient A, le patient B peut-être porteur d'une insertion
- D) Le résultat de cette migration électrophorétique permet d'affirmer l'absence de contamination
- E) La migration électrophorétique permet une séparation des fragments d'ADN en fonction de leur séquence nucléotidique

2011/ QCM 3 : Concernant les enzymes de restrictions de type II, donnez les vraies,

- A) reconnaît et coupe une structure particulière de l'ADN double brin
- B) reconnaît et coupe une séquence nucléotidique palindromique spécifique
- C) reconnaît et coupe une séquence nucléotidique aléatoire
- D) peut être utilisée pour détecter une mutation ponctuelle
- E) possède une activité exonucléasique

2011/ QCM 4 : Concernant le clonage d'un fragment d'ADN dans un plasmide, donnez les vraies

- A) ne permet pas de différencier un allèle sauvage et un allèle muté à partir d'un même produit d'amplification PCR
- B) nécessite la présence, au sein du plasmide, d'une origine de répllication bactérienne
- C) nécessite la présence, au sein du plasmide, d'un gène de résistance à un antibiotique
- D) nécessite une étape de ligation par une enzyme de restriction
- E) permet l'obtention d'un ADN pur en grande quantité

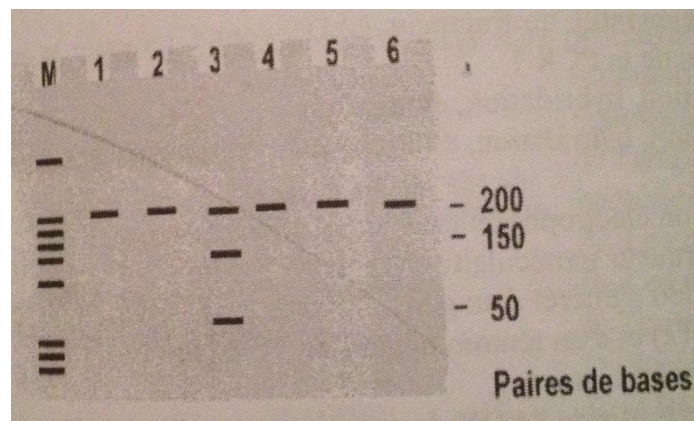
2011/ QCM 5 : Vous êtes sollicité pour réaliser un diagnostic prénatal moléculaire car une achondroplasie a été suspectée sur signe d'appel échographique au cours d'une grossesse, donnez la ou les vraie(s),

- A) Il n'y a pas d'indication à réaliser cet examen car les 2 parents sont de taille normale
- B) L'absence de la mutation responsable dans le sang maternelle élimine ce diagnostic chez le fœtus
- C) L'existence d'un premier enfant normal chez le couple élimine ce diagnostic chez le fœtus
- D) Il n'y a pas d'indication à réaliser cet examen car le fœtus est de sexe masculin
- E) La majorité des enfants atteints naissent de parents non atteints suite à une mutation de novo

2011/ QCM 6 : Pour réaliser une protéine de fusion, avec une étiquette (Tag) en NH₂-Terminal, à partir d'un ADN complémentaire codant pour la protéine X, donnez les vraies,

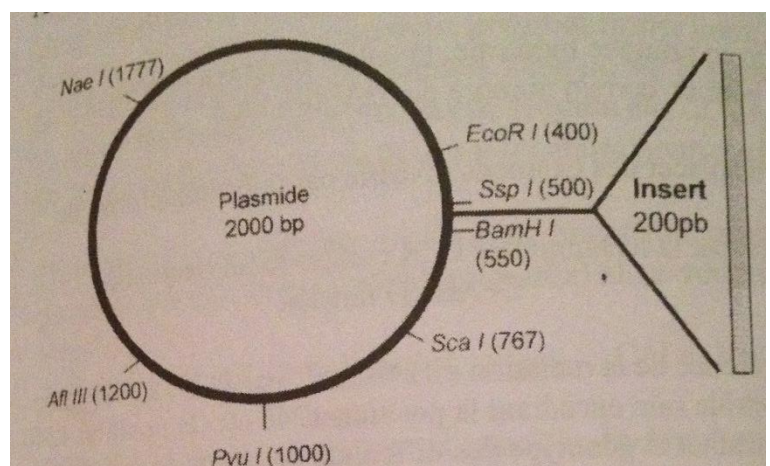
- A) l'ADN complémentaire codant pour la protéine X doit posséder son propre ATG et son propre codon stop
- B) l'ADN complémentaire codant pour la protéine X ne doit pas posséder son propre ATG mais doit posséder son propre codon stop
- C) l'ADN complémentaire codant pour la protéine X doit être inséré en 5T de l'étiquette
- D) l'ADN complémentaire codant pour la protéine doit être inséré en 3' de l'étiquette
- E) la traduction débutera à l'ATG de l'étiquette et se terminera au codon stop de l'ADN complémentaire codant pour la protéine X

2011/ QCM 7 : Vous avez amplifié un fragment du gène FGFR3 à partir d'ADN extrait des leucocytes des 2 parents et d'un liquide amniotique, prélevé suite à une suspicion d'achondroplasie sur l'échographie foetale. Le fragment amplifié a une taille de 200 paires de bases et comporte le nucléotide qui s'avère être muté (en position c.1138) en cas d'achondroplasie. En l'absence de mutation, le fragment amplifié n'est pas digéré par l'enzyme de restriction utilisée. La présence de la mutation c.1138G>A entraîne la coupure de l'amplicon par Bfml en 2 fragments de 50 et 150 paires de bases. La présence de la mutation c.1138G>C entraine la coupure de l'amplicon par HpaII en 2 fragments de 50 et 150 paires de bases. Le gel ci-dessous est obtenu après digestion des produits d'amplification par Bfml (piste 1 à 3) ou HpaII (piste 4 à 6) et migration électrophorétique. M : marqueur de poids moléculaire, piste 1 et 4 : mère, piste 2 et 5 : père, piste 3 et 6 : foetus



- A) Le foetus n'est pas atteint d'achondroplasie
- B) Le foetus est atteint d'achondroplasie par mutation C.1138G>A dans le gène FGFR3 à l'état hétérozygote
- C) Le foetus est atteint d'achondroplasie par mutation C.1138G>C dans le gène FGFR3 à l'état hétérozygote
- D) Les parents sont porteurs de la mutation c.1138G>A dans le gène FGFR3 à l'état hétérozygote
- E) Les parents sont porteurs de la mutation c.1138G>C dans le gène FGFR3 à l'état hétérozygote

2011/ QCM 8 : Sur la carte de restriction du plasmide ci-contre, seuls figurent les sites pour des enzymes de restrictions ne coupant qu'une seule fois. La position nucléotidique est indiquée par les nombres entre parenthèses. Il n'y a pas de site EcoRI ou PvuI dans l'insert. En présence de l'insert après double digestion enzymatique avec les enzymes EcoRI et PvuI, les tailles attendues après migration sur gel sont :



- A) 800 paires de bases + 1600 paires de bases
- B) 600 paires de bases + 1600 paires de bases
- C) 400 paires de bases + 1000 paires de bases + 1400 paires de bases
- D) 800 paires de bases + 1400 paires de bases
- E) 600 paires de bases + 200 paires de bases + 1400 paires de bases

CORRECTION 2010

2011/ QCM 1 : BDE

- A) Faux : « La Taq polymérase est une bactérie vivant dans les geysers d'eau chaude donc résistante aux hautes températures. » Ronéo 1, p3
- B) Vrai : « amplification d'un fragment d'ADN double brin de 150pb à 3kb » poly 1, diapo 9
- C) Faux : « Pour effectuer une PCR, on a juste besoin de connaître une séquence d'une vingtaine de nucléotides en amont de la région d'intérêt (=borne d'amont) et de même en aval (=borne d'aval) » Ronéo 1, p3
- D) Vrai : « Risque de contamination qui nécessite un circuit monodirectionnel, indispensable pour l'agrément » poly 1, diapo 13
- E) Vrai : 1) dénaturation de l'ADN à 95° 2) hybridation des amorces à 55°/50° 3) élongation par l'ADN polymérase à 72°/60°, à la même température pour amplification et séquençage sauf pour l'étape 2 et 3, car ce n'est pas la même Taq polymérase utilisée pour ces 2 techniques ronéo 1, page 6

2011/ QCM 2 : BC

- A) Faux :
- B) Vrai : le fragment A migre + loin que le B, donc est + léger
- C) Vrai : si le fragment A est le fragment attendu, le B étant + lourd il contient peut-être une insertion nucléotidique (ex : variant d'épissage dans le syndrome de Wolfram = insertion de 16 nucléotides)
- D) Faux : il y a une bande au niveau du témoin négatif = contamination
- E) Faux : en fonction de leur TAILLE -> 2 fragments totalement différents au niveau de la séquence mais tout 2 d'une taille de 10 nucléotides migreront jusqu'au même niveau.

2011/ QCM 3 : BD

- A) Faux : les enzymes de restriction de type II reconnaissent et coupent une SEQUENCE particulière de l'ADN double brin, et non pas une structure d'ADN particulière.
- B) Vrai
- C) Faux : reconnaissent et coupent une
- D) Vrai : cf détection mutation ponctuelle achondroplasie → HpaII détecte G>C Bfml détecte G>A
- E) Faux : les enzymes de restrictions sont des ENDOnucléases bactériennes qui coupent l'ADN DOUBLE brin et non pas des exonucléases

2011/ QCM 4 : BCE

- A) Faux : C'est le but même du clonage moléculaire !! = permet de séparer 2 populations (sauvage et mutée par exemple) et d'obtenir en grand nombre des quantités identiques pures d'une séquence d'ADN donnée en vue d'un séquençage.
- B) Vrai : un plasmide = exemple de vecteur de clonage moléculaire possède une origine de réplication bactérienne + un gène de sélection (ex : résistance à un antibiotique) + un site de multiclonage = polylinker. Un vecteur d'expression eucaryote possède en plus : un promoteur eucaryote (ex : CMV) + une origine de réplication eucaryote SV40) + un gène de résistance eucaryote (ex : résistance à la néomycine)
- C) Vrai
- D) Faux : ligation par une ligase : la T4 DNA ligase / enzymes de restriction = endonucléase
- E) Vrai : car les bactéries ayant intégrées les plasmides prolifèrent ++

2011/ QCM 5 : E

- A) Faux : 90% des enfants atteints naissent de parents non atteints = de taille normale car mutation de novo ++ = néomutation = mutation non présente chez les parents mais survenant dans un gamète des parents ou plus rarement à un stade très précoce de l'œuf fécondé
- B) Faux : Cf > justification item A, de plus la transmission de cette maladie suit le mode autosomique dominant donc même si la mère ne possède pas la mutation, peut-être que le père la possède
- C) Faux : une mutation de novo est toujours possible même après la naissance d'un enfant sain
- D) Faux : qui dit autosomique (Krs autosomiques en opposition aux Krs sexuel X/Y) dit non liée à l'X, donc atteint indifféremment les hommes et les femmes
- E) Vrai

2011/ QCM 6 : BDE

- A) Faux : Cf correction item B
- B) Vrai : si on veut placer un Tag en N-term il ne faudra pas oublier de retirer le codon start ATG de la protéine X
- C) Faux
- D) Vrai : une protéine est orientée dans le sens N-term/C-term et l'ADN dans le sens 5'-3'. Si on veut placer un tag en Nterm de la protéine, il faut placer l'ADNc de la protéine X en 3' de l'étiquette = étiquette en 5' de l'ADNc
- E) Vrai

Ce qu'il faut retenir pour les étiquettes (Tag) :

- elles sont placées en 3' ou 5' des sites de multiclonage
- elles permettent de visualiser la protéine d'intérêt dans la cellule
- protéine de fusion = cDNA d'intérêt + étiquette (« Tag »)
- si le Tag est en C-term de la protéine X, il faudra pas oublier de retirer le codon STOP à l'ADNc d'intérêt de manière à ce que la traduction de la protéine ne s'arrête pas juste avant le tag, sinon comment suivre la protéine dans la cellule ?
= ADNc en 5' du Tag = Tag en 3' de l'ADNc
- pareil si le tag en N-term de la protéine X, retirer le codon START (ATG) de l'ADNc
= ADNc en 3' du Tag = Tag en 5' de l'ADNc

2011/ QCM 7 : B

- A) Faux : piste 3 = fœtus = 3 bandes : 200 + 150 + 50 pb = hétérozygotes = un allèle sauvage (fragment de 200pb) + un allèle muté qui a subi l'action de la Bfml (fragments de 150 + 50 pb). Or l'achondroplasie est autosomique dominante = il suffit d'un allèle muté pour être malade, donc le fœtus est atteint.
- B) Vrai : car c'est Bfml qui a coupé le fragment
- C) Faux :
- D) Faux : les parents sont homozygotes pour l'allèle sauvage (1 seule bande de 200pb) = non atteints
- E) Faux

2011/ QCM 8 : D

- A) Faux
- B) Faux
- C) Faux
- D) Vrai : le fragment entre le site de coupure EcoRI et Pvu I = $1000 - 400 = 600$ paires de bases
La taille du reste du plasmide = $2000 - 600 = 1400$ pb
Si le fragment entre EcoRI et Pvu I intègre l'insert de 200pb, il fera $600 + 200 = 800$ pb
Si le plasmide intègre l'insert, on a 2 fragments : $1400 + 800$ pb
Si le plasmide n'intègre pas l'insert, on 2 fragments : $1400 + 600$ pb
- E) Faux