



## Correction du DM Annales de Biomol 2019-2020

### 2018 – QCM 1 : ACD

- A) Vrai
- B) Faux : Non pas un désoxyribonucléotide mais un désoxyribonucléotide on l'a répété tellement de fois de faire attention à ce piège ... Il a déjà fait tomber un item QUASI-ressemblant en 2010
- C) Vrai : item qui est tombé déjà 3 fois au CC en 2014 2013 et 2012
- D) Vrai : C'est ce qui permet le repliement intra-chaine de l'ARN
- E) Faux

### 2018 – QCM 2 : ABD

- A) Vrai : item déjà tombé en 2010
- B) Vrai : notion déjà évoqués dans les annales
- C) Faux : SEMI-conservatif item tombé en 2002
- D) Vrai
- E) Faux

### 2018 – QCM 3 : ACD

- A) Vrai : item tombé en 2015
- B) Faux : Chez les Eucaryotes item tombé en 2016
- C) Vrai : ce sont des séquences qui se situent en amont et en aval de la séquence codante donc qui ne sont pas traduites item un peu méchant car il ne figure pas dans les phrases du diapo mais dans les schémas MAIS il en avait parler dans les réponses du prof
- D) Vrai
- E) Faux

### 2018 – QCM 4 : BCD

- A) Faux : ça c'est la deuxième division méiotique rien qu'avec la BDR, l'item est torché
- B) Vrai
- C) Vrai : Un exemple du cours ...
- D) Vrai : Dans 96% des cas
- E) Faux

### 2017 – QCM 5 : E

- A) Faux : Les cellules somatiques sont diploïdes mais les cellules germinales sont **haploïdes**
- B) Faux : Les gamètes sont haploïdes.**
- C) Faux : Chaque mitochondrie contient de multiples molécules d'ADNmt**
- D) Faux : Le génome mitochondrial est uniquement transmis par la mère**
- E) Vrai

### 2017 – QCM 6 : ACD

- A) Vrai : C'est l'enchaînement variable des bases qui forme un message
- B) Faux : ARN et ADN diffèrent par le pentose et par une des bases utilisée (T vs U)
- C) Vrai : Oui car les brins sont complémentaires
- D) Vrai : Le squelette sucre-phosphate de l'ARN est dit collant
- E) Faux

### 2017 – QCM 7 : AC

- A) Vrai
- B) Faux : La télomérase est une reverse transcriptase qui produit de **l'ADN** à partir d'ARN
- C) Vrai
- D) Faux : La polymérase alpha n'a pas de correction d'épreuve et les amorces qu'elle synthétise peuvent contenir des erreurs
- E) Faux

## 2017 – QCM 8 : BCD

FAUX (cours 2 diapo 11 & 12) Un triplet de nucléotide inséré ne va pas décaler le cadre de lecture contrairement aux insertions/délétions non multiples de 3

- B) VRAI (cours 1 diapo 13)
- C) VRAI
- D) VRAI
- E) FAUX

## 2016 - QCM 9 : AB

- A) Vrai.
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 9*).
- C) Faux : le carbone 2' est orienté vers le plan de la base dans l'ADN (conformation **C2'-endo**), et le carbone 3' dans l'ARN (conformation **C3'-endo**) (*Cours 1, Diapo 15*).
- D) Faux : au sillon **mineur** (cours 1, diapo 26).
- E) Faux.

## 2016 - QCM 10 : ABD

- A) Vrai (*Cours 1, Diapo 29*).
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 36*).
- C) Faux : l'ADN est répliqué pendant la **phase S** du cycle cellulaire, lors de l'interphase, **avant la mitose**.
- D) Vrai : dans l'ADN, absolument tout est **antiparallèle** ! (*Cours 1, Diapo 47*).
- E) Faux.

## 2016-QCM 11 : D

- A) Faux : les gènes codants procaryotes sont regroupés en « paquets » et régulés par les mêmes séquences régulatrices, on parle d'**opéron** !
- B) Faux : l'ARNm des procaryotes n'a pas besoin d'épissage (il n'y a pas d'introns chez les procaryotes) ni d'ajout d'une coiffe ou d'une queue de polyadénylation, **il est directement mature** !
- C) Faux : une mutation silencieuse (neutre) **ne change pas l'acide aminé codé** (*Cours 2, Diapo 8*).
- D) Vrai.
- E) Faux.

## 2016-QCM 12 : B

- A) Faux : pour certaines maladies dominantes, **il ne suffit pas d'être porteur pour exprimer les symptômes** car la pénétrance (= % d'hétérozygotes développant la maladie) et l'expressivité (intensité des symptômes) peut varier entre individus !
- B) Vrai (*Cours 3, Diapo 22*).
- C) Faux : les mitochondries (et l'ADNmt) se répartissent au hasard durant la mitose. A chaque division, la proportion d'ADNmt normal ou muté peut varier, d'où l'existence d'un seuil pathologique tissu-spécifique à partir duquel une mutation de l'ADNmt va pouvoir s'exprimer (**hérédité à seuil**).
- D) Faux : Les erreurs de réplication sont **instables** d'une génération à l'autre avec une tendance à l'augmentation du nombre de répétitions. La maladie sera de plus en plus précoce et sévère (phénomène d'anticipation).
- E) Faux.

## 2015-QCM 13 : E

- A) Faux : Il y a aussi de l'**ADN mitochondrial** qui est sous forme **circulaire**.
  - B) Faux (*Cours 1, Diapo 20*).
  - C) Faux : ce sont des **désoxyribonucléotides**.
  - D) Faux : Pas seulement, il y a d'autres différences comme le fait que l'ADN est **double brin** alors que l'ARN est **simple brin** par exemple !
  - E) Vrai.
-

### 2015 - QCM 14 : ACD

- A) Vrai (*Cours 1, Diapo 41*).
- B) Faux : lors de la réplication, il y a la séparation des **deux brins parents**. A la fin de la réplication, une molécule d'ADN est bien formée d'un **brin parent** et d'un **brin fils**. Mais à la réplication suivante, les brins fils sont renommés **brins parents** : ils vont servir de matrice et vont donner à leur tour **d'autres brins fils**.
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 48*).
- D) Vrai : c'est le principe de complémentarité des bases (*Cours 1, Diapo 22*).
- E) Faux.

### 2015 - QCM 15 : CD

- A) Faux : l'information des gènes non codants est uniquement transcrite dans le noyau (**non traduite**).
- B) Faux : Un polycistron (ARNm polycistronique) possède **plusieurs codons Start et codons Stop**, ce qui permet la synthèse de **plusieurs protéines** (*Cours 2, Diapo 43*).
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 61*).
- D) Vrai (*Cours 2, Diapo 49*).
- E) Faux.

### 2015 - QCM 16 : BD

- A) Faux : les substitutions **remplacent une base par une autre** ; le nombre de nucléotides ne changeant pas, il n'y a **pas de décalage** du cadre de lecture.
- B) Vrai : la présence d'une **séquence SECIS** située dans la région 3' non traduite de l'ARNm formant une structure en **épingle à cheveu** permet de **reprogrammer le codon Stop** pour la sélénocystéine (*Cours 2, Diapo 26*).
- C) Faux : le **complexe de préinitiation** se fixe au niveau de la coiffe et se déplace jusqu'au codon AUG.
- D) Vrai : c'est la séquence de **Shine-Dalgarno** à proximité du codon AUG.
- E) Faux.

### 2014-QCM9 17 : E

- A) Faux : L'ADN procaryote n'est pas associé à des protéines histones.
- B) Faux : Il n'y a pas de FTs généraux chez les procaryotes.
- C) Faux : Le génome mitochondrial eucaryote et le génome procaryote sont **tous les deux circulaires**.
- D) Faux : Les transcrits procaryotes ne nécessitent **pas de maturation**.
- E) Vrai.

### 2014 - QCM 18 : BC

- A) Faux : Acides nucléiques = ADN et ARN → **5 bases azotées** (A, T, G, C, U).
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 13 & 17*).
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 22*).
- D) Faux : Ils interviennent dans l'épissage des **pré-ARN messagers**.  
→ **Confirmation du Prof par mail pour cet item (qui avait posé problème) : « Cet item a été compté faux car il ne se produit pas d'épissage sur l'ARN messenger. »**
- E) Faux.

### 2014 - QCM 19 : D

- A) Faux : Le nombre de chromosomes reste identique, c'est le nombre de chromatides qui change (on passe d'un K à une chromatide à un K à deux chromatides).
- B) Faux : elles ne sont pas identiques, mais **complémentaires**.
- C) Faux : la réplication se fait toujours dans le **sens 5' → 3'**.
- D) Vrai.
- E) Faux.

### 2014 - QCM 20 : ABC

- A) Vrai (*Cours 2, Diapo 61*).
- B) Vrai (*Cours 3, Diapo 22*).
- C) Vrai (*Cours 3, Diapo 19*).
- D) Faux : Une conductrice peut présenter des symptômes **mineurs**.
- E) Faux.

### 2013 - QCM 21 : E

- A) Faux : Risque de **1/2**.
  - B) Faux : Risque de **1/4**.
  - C) Faux : Elles peuvent présenter des symptômes **mineurs**.
  - D) Faux : Il peut se transmettre **par le père ou par la mère** car la plupart des protéines de la CRM sont codés par l'ADN nucléaire (transmis par les deux parents).
  - E) Vrai.
-

**2013 - QCM 22 : AC**

- A) Vrai.
- B) Faux : C'est le pentose d'un ribonucléotide !
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 22*)
- D) Faux : C'est une base mineure de l'ARNt.
- E) Faux.

**2015 - QCM 23 : CD**

- A) Faux : De type 3'-5' exonucléasique.
- B) Faux : Elle se produit dans une cellule diploïde et permet de passer d'un chromosome simple (à une chromatide) à un chromosome double (à deux chromatides dites sœurs).
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 46*).
- D) Vrai (*Confirmé par le Prof*).
- E) Faux.

**2013 - QCM 24 : BC**

- A) Faux : c'est chez les eucaryotes.
- B) Vrai.
- C) Vrai.
- D) Faux : Elle modifie la séquence d'ARNm.
- E) Faux.

**2013 - QCM 25 : A**

- A) Vrai (*Cours 2, Diapo 32*).
- B) Faux : Une mutation conservative peut donner un **acide aminé différent** mais avec les mêmes propriétés physicochimiques, ce qui induit donc une modification du code génétique.
- C) Faux : C'est la base située en **5'** de l'anticodon d'un ARNt.
- D) Faux : C'est la **grosse** sous-unité qui en plus possède une activité **peptidyl-transférase**.
- E) Faux.

**2012 - QCM 26 : ABC**

- A) Vrai (*Confirmé par le Prof*).
- B) Vrai (*Cours 3, Diapo 5*).
- C) Vrai (*Cours 3, Diapo 7*).
- D) Faux : Pour le gène du groupe ABO par exemple, il y a **3** allèles possibles.
- E) Faux.

**2012 - QCM 27 : BC**

- A) Faux : C'est vrai pour l'ADN, mais faux pour l'ARN où on a un enchaînement polarisé de **ribonucléotides**.
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 22*).
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 20*).
- D) Faux : C'est aussi une **base mineure** de l'ARNt.
- E) Faux.

**2012 - QCM 28 : BCD**

- A) Faux : (*Hors Programme*) il y a formation d'hétérochromatine **facultative**.
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 27, 28, 29*).
- C) Vrai (*Hors Programme*).
- D) Vrai (*Hors Programme*).
- E) Faux.

**2012 - QCM 29 : C**

- A) Faux : (*Hors Programme*) après deux divisions cellulaires pour le modèle semi-conservatif.
  - B) Faux : pas d'amorces nécessaires pour la **transcription**.
  - C) Vrai : c'est la **téломérase**.
  - D) Faux : c'est une activité **3'-5'** exonucléasique.
  - E) Faux.
-

**2012 - QCM 30 : AC**

- A) Vrai (Cours 1, Diapo 71).
- B) Faux : elle débute par la fixation du complexe **TFIID** sur le promoteur.
- C) Vrai (Cours 1, Diapo 72).
- D) Faux : C'est la **traduction** qui démarre au signal **AUG**.
- E) Faux.

**2011 - QCM 31 : BD**

- A) Faux : il y a aussi l'**ADN mitochondrial** présent hors du noyau.
- B) Vrai.
- C) Faux : il existe beaucoup d'**exceptions**.
- D) Vrai (Cours 2, Diapo 68).
- E) Faux.

**2011 - QCM 32 : ABC**

- A) Vrai (Cours 1, Diapo 32).
- B) Vrai (Cours 1, Diapo 33).
- C) Vrai (Cours 2, Diapo 52)
- D) Faux : il est maintenu et peut être transmis.
- E) Faux.

**2011 - QCM 33 : BC**

- A) Faux : Le nombre de gènes est à **peu près similaire** donc sans rapport avec la complexité d'un organisme.
- B) Vrai (Cours 2, Diapo 67).
- C) Vrai (Cours 3, Diapo 64).
- D) Faux : La densité en gènes du génome eucaryote est plus **faible**.
- E) Faux.

**2011 - QCM 34 : AC**

- A) Vrai (Cours 1, Diapo 42).
- B) Faux : la polymérase lit le brin dans le **sens 3' → 5'**.
- C) Vrai (Cours 1, Diapo 55).
- D) Faux : elle est liée à la **polymérase  $\delta/\epsilon$** .
- E) Faux.

**2011 - QCM 35 : E**

- A) Faux : les gènes **non codants** ne servent pas à la synthèse des protéines.
- B) Faux : c'est la **traduction** qui démarre au signal **AUG**.
- C) Faux : **plusieurs protéines** peuvent être produites à partir d'un seul gène.
- D) Faux : c'est au niveau **pré-translationnel**.
- E) Vrai.

**2010 - QCM 36 : ABC**

- A) Vrai (Cours 3, Diapo 5).
  - B) Vrai (Cours 1, Diapo 41).
  - C) Vrai : **crossing-over** en méiose I.
  - D) Faux : lors de la mitose, il y a une **séparation des chromatides sœurs**.
  - E) Faux : elle augmente avec l'âge **maternel**.
- **Confirmation du Prof** : « L'âge paternel n'augmente pas la fréquence des aneuploïdies mais plutôt la fréquence des mutations de novo, comme par exemple l'achondroplasie. ».

**2010 - QCM 37 : BC**

- A) Faux : majoritairement sous forme d'**euchromatine**.
  - B) Vrai.
  - C) Vrai (Cours 3, Diapo 63 & 64).
  - D) Faux : de nombreuses séquences **codantes**.
  - E) Faux : elle est **conservée** et peut être transmise (mitose).
-

**2010 - QCM 38 : AE**

- A) Vrai.
- B) Faux : ce n'est **pas une liaison directe** mais une liaison par l'intermédiaire de facteurs d'initiation (*confirmé par le Prof*).
- C) Faux : (*Hors Programme*) ils se lient indirectement à l'ADN par le biais des FTs spécifiques.
- D) Faux : c'est son activation qui favorise les cancers.
- E) Vrai (*Cours 3, Diapo 42*).

**2009 - QCM 39 : CD**

- A) Faux : Formation de cellules **haploïdes**.
- B) Faux : Au cours de la **méiose**.
- C) Vrai (*Cours 2, Diapo 66*).
- D) Vrai.
- E) Faux : lors de la mitose, il y a une **séparation des chromatides sœurs**.

**2009 - QCM 40 : ADE**

- A) Vrai.
- B) Faux : C'est un nucléotide.
- C) Faux : Les dNTPs sont ajoutés à l'extrémité 3' (- OH) des **brins fils**.
- D) Vrai.
- E) Vrai (*Cours 2, Diapo 39*).

**2009 - QCM 41 : ADE**

- A) Vrai : grâce au **Wobble**, il y a 48 ARNt pour 61 codons.
- B) Faux : car **plusieurs codons spécifient le même acide aminé**
- C) Faux : seule la **séquence codante** encadrée par les signaux Start / Stop est traduite.
- D) Vrai (*Cours 1, Diapo 71*).
- E) Vrai.

**2009 - QCM 42 : ABC**

- A) Vrai (*Cours 1, Diapo 54*).
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 54*).
- C) Vrai (*Cours 3, Diapo 46*).
- D) Faux : le système MMR détecte et permet la réparation d'**erreurs échappant à la polymérase**.
- E) Faux : c'est juste une substitution d'une base par une autre, entraînant un **codon Stop prématuré**.

**2008 - QCM 43 : AB**

- A) Vrai (*Cours 1, Diapo 26*).
- B) Vrai (*Cours 2, Diapo 52*).
- C) Faux : il y a une **expression sélective** de gènes spécifiques selon le type cellulaire.
- D) Faux : elles ont des **conséquences** sur la transcription.
- E) Faux : pas toujours il peut aussi être **répressif**.

**2008 - QCM 44 : ABC**

- A) Vrai (*Cours 2, Diapo 4*).
- B) Vrai : on parle ici de la **coiffe** (*le prof n'a juste pas précisé cette année que le nucléotide à guanine de la coiffe est une 7-méthyl-guanosine*).
- C) Vrai (*Cours 1, Diapo 75*).
- D) Faux : elle n'est **pas traduite** car elle se situe en amont de la séquence codante.
- E) Faux : pas les exons situés à une extrémité.

**2008 - QCM 45 : ABE**

- A) Vrai : c'est le caractère **non ambigu** du code génétique.
  - B) Vrai : grâce au **Wobble**, il y a 48 ARNt pour 61 codons.
  - C) Faux : il est fixé à l'extrémité **3'** (- OH).
  - D) Faux : chacune de ces enzymes est **spécifique** d'un seul acide aminé.
  - E) Vrai : c'est le caractère **dégénéré** du code génétique.
-

### 2008 - QCM 46 : ADE

- A) Vrai.
- B) Faux : il peut y avoir des **mutations silencieuses**.
- C) Faux : c'est la **désamination**.
- D) Vrai (*Cours 3, Diapo 45*).
- E) Vrai (*Hors Programme*).

### 2007 - QCM 47 : ABC

- A) Vrai.
- B) Vrai (*Cours 1, Diapo 51*).
- C) Vrai : on parle du **brin parent**.
- D) Faux : C'est une matrice d'**ARN**.
- E) Faux.

### 2007 - QCM 48 : ABC

- A) Vrai (*Cours 2, Diapo 20*).
- B) Vrai (*Cours 2, Diapo 20*).
- C) Vrai : (*Hors Programme*) le triplet de nucléotides qui code pour le Tryptophane est 5'-**UGG**-3' d'après le tableau du cours 2 diapo 5, donc la séquence de l'anticodon correspondant est bien CCA (la séquence complémentaire est inversée car l'anticodon et le codon sont antiparallèles).  
*Vous n'étiez pas censés savoir ça. Chaque année le prof précise bien à propos du tableau du code génétique (correspondance codon / AA) : « Ce n'est absolument pas à connaître. »*
- D) Faux : L'activation se fait grâce à l'**ATP** et c'est à l'extrémité **3'** (– OH) de l'ARNt qu'il est fixé.
- E) Faux : Elle permet de fixer le tryptophane **sur son ARNt isoaccepteur**.

### 2007 - QCM 49 : BCD

- A) Faux.
- B) Vrai (*confirmé par le Prof*).
- C) Vrai : Grâce à l'**épissage alternatif**.
- D) Vrai : C'est la **queue Poly-A**.
- E) Faux : la séquence d'un ARNm mûre peut encore être modifiée par le phénomène d'**édition**, qui peut induire un **codon stop prématuré** empêchant ainsi la traduction complète de l'ARNm (c'est ce qui arrive avec l'ARNm de l'apolipoprotéine dans l'intestin par exemple).

### 2005 - QCM 50 : BCD

- 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.
- C) Faux.
- D) Faux.
- E) Faux.

### 2005 – QCM 51 : CE

- A) Faux : la **polymérase alpha** en est dénuée : les amorces qu'elle synthétise peuvent contenir des erreurs.
- B) Faux : chaque bulle de réplication comprend **deux fourches de réplication**. Donc il y a deux 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 !
- D) Faux : par des intervalles correspondants aux amorces !
- E) Vrai : à l'extrémité 5' du brin fils de chaque chromatide, la dégradation de l'amorce la plus distale laisse persister une brèche. 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 parent qui est plus longue !

### 2004 – QCM 52 : BCDE

- A) Faux : ce n'est pas l'acide aminé mais l'ARN de transfert portant la méthionine qui peut être positionné en l'absence de la grande 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.
  - C) Vrai : car le code génétique est non ambigu = un codon donné correspond toujours au même acide aminé !
  - 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 : 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 !
-

### **2004 - QCM 53 : ABDE**

- A) Vrai : le système NER (Nucleotide Excision Repair) répare la plupart des anomalies dont les dimères de thymine. Par exemple, un fragment du brin contenant le dimère est excisé par le système NER puis resynthétisé par l'**ADN polymérase** puis action de la ligase.
- B) Vrai : la **polymérase  $\delta/\epsilon$**  détecte et répare aussitôt les erreurs qu'elle fait lors de la réplication. Elle possède une activité 3'-5' exonucléasique. Cette activité lui permet d'exciser un nucléotide incorporé par erreur = activité de correction d'épreuve (proofreading).
- C) Faux : c'est la polymérase alpha qui initie la réplication en synthétisant les amorces (court fragment hybride ARN/ADN).
- D) Vrai : la **polymérase  $\delta-\epsilon$**  ajoute les dNTPs aux amorces.
- E) Vrai : le système MMR (Mutation Mismatch Repair) détecte et répare substitutions/insertions échappant à la polymérase.

### **2004 - QCM 54 : 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). Une purine s'associe toujours avec une pyrimidine, il y a autant de l'un que de l'autre.
- B) Vrai (*Non détaillé dans le programme cette année*).
- C) Faux (*Hors Programme*).
- D) Faux : le nombre de paires de bases complémentaires dépend de l'espèce car **le rapport (A+T) / (G+C) est spécifique d'une espèce donnée**.
- 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.

### **2002 - QCM 55 : BE**

- A) Faux : l'ADN polymérase delta-epsilon synthétise tout le brin fils que ce soit les brins directs ou les brins tardifs (fragments d'Okazaki) et la polymérase alpha synthétise les amorces.
- B) Vrai : l'ADN polymérase relie un à un les dNTPs à l'extrémité 3'-OH de l'amorce.
- C) Faux : elle ne synthétise donc les brins fils que dans le sens 5' - 3'.
- D) Faux : elle se fait en de nombreux points (ou origines) sur un chromosome.
- 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.

### **2001 - QCM 56 : ADE**

- 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 codons non-sens (faux-sens) = codons ne codant pas pour un acide aminé = **les 3 codons STOP = UAA + UGA + UAG**
- D) Vrai : le code génétique étant dégénéré.
- E) Vrai (*Non-dit cette année*).

### **2001 - QCM 57 : AC**

- A) Vrai.
- B) 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).
- 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. Ce sont 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. A chaque codon, un ARNt différent chargé se fixe via son anticodon complémentaire = **Spécificité de l'appariement codon-anticodon**.

### **2001 - QCM 58 : B**

- 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) Faux : dans la réplication, on retrouve les configurations ADN-ARN (amorces) + ADN-ADN (brins parent-brin fils) alors que dans la transcription on a uniquement la configuration ADN-ARN.
- D) Faux : l'ARN polymérase II utilisée pour la transcription ne possède pas d'activité de proofreading.
- E) Faux : Il n'y a que la réplication qui nécessite une matrice qui est en plus composée d'ARN et non d'ADN.
-

**2000 – QCM 59 : BCE**

- A) Faux : C'est le rôle du ribosome via son site P !  
 B) Vrai.  
 C) Vrai : c'est ce qui lui permet d'activer l'acide aminé avant de le fixer à ses ARNt correspondants (dits isoaccepteurs).  
 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).  
 E) Vrai : les aaRs étant des enzymes, donc des protéines, elles sont obligatoirement codées par l'ADN.

**2000 – QCM 60 : DE**

- A) Faux : **Il y a 61 codons pour 20 acides aminés.** Il y a bien 64 combinaisons de nucléotides pour former un codon, mais 3 sont **des codons stop UAA + UAG + UGA.**  
 B) Faux : c'est l'inverse dégénéré = pour un même acide aminé correspondent plusieurs codons, de plus le code génétique est aussi non ambigu = un codon donné correspond toujours au même acide aminé.  
 C) Faux : ce sont les aminoacyl ARNt synthétases qui activent l'acide aminé grâce à l'ATP puis le fixent à ses ARNt et les libèrent.  
 D) Vrai : (*item difficile qui ne devrait pas tomber au CC*) 4 liaisons à HPE : **2 de l'ATP** pour activer l'acide aminé + **2 GTP** à chaque cycle d'élongation.  
 E) Vrai (*Hors Programme*).

**2000 - QCM 61 : 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 : 2 liaisons H entre A et T, contre 3 liaisons H entre C et G.  
 C) Vrai : celui de l'ARN le ribose.  
 D) Vrai : liaison 3'-5' phosphodiester.  
 E) Vrai : l'activité reverse transcriptase de la télomérase permet de synthétiser de l'ARN à partir d'ADN.

**1999 - QCM 62 : 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.  
 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'. En effet, brin parent et brin fils = qui vient d'être répliqué doivent rester ANTI-PARALLELES !  
 C) Vrai.  
 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, or la séquence nucléotidique de l'ADN est toujours lue dans le sens 5'→3'.  
 E) Vrai (*Hors Programme*) même si vous voyez en biochimie qu'on lit une protéine de l'extrémité N-term vers l'extrémité C-term.

**1995 - QCM 63 : 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.  
 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.  
 C) Faux : la méthylation des dinucléotides CpG favorise les mutations.  
 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 car **la thymine ne possède pas de fonction amine !**  
 E) Faux : c'est le cas par exemple pour les **cassures double brins**.