

1/	BCD	2/	BD	3/	ABCD	4/	BD	5/	BD
6/	AD	7/	E	8/	BC				

**QCM 1 : BCD**

- A) Faux : uniquement les cellules nucléées
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Vrai
- E) Faux

**QCM 2 : BD**

- A) Faux : uniquement une séquence spécifique d'ADN
- B) Vrai
- C) Faux : il est indispensable
- D) Vrai
- E) Faux

**QCM 3 : ABCD**

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

**QCM 4 : BD**

- A) Faux
- B) Vrai : la quantité de fluorescence au cycle seuil Ct dépend de la quantité d'ADN de base
- C) Faux
- D) Vrai : utilisé pour le dépistage pré-natal non invasif
- E) Faux

**QCM 5 : BD**

- A) Faux
- B) Vrai
- C) Faux : à l'étape des microréacteurs, l'ADN a déjà été rendu auparavant simple brin ++
- D) Vrai
- E) Faux

**QCM 6 : AD**

- A) Vrai
- B) Faux : c'est un signe d'achondroplasie
- C) Faux cf.B
- D) Vrai
- E) Faux : ET SURTOUT PAS UN SIGNE D'ACHONDROPLASIE

**QCM 7 : E (inspiré des annales)**

- A) Faux : cf. B
- B) Faux : HpaI reconnaît la séquence mutée : il coupe s'il voit GCATCC donc si au lieu de GAATCC (sain) on a eu la mutation et donc un C au lieu du A -> HpaI marche pour reconnaître la mutation. Par contre BamHI, coupe une séquence saine ! Nous on cherche à sélectionner une enzyme qui détecte la présence de la mutation.
- C) Faux : il est hétérozygote et donc comme c'est une mutation récessive, il est sain
- D) Faux : la mère est elle aussi hétérozygote : il a très bien pu recevoir son allèle sain de sa mère et l'allèle muté de son père (on ne sait pas on n'a pas les résultats du père on ne peut pas conclure avec certitude !)
- E) Vrai 😊

**QCM 8 : BC**

A) Faux

B) Vrai : pour le fragment entre Sma II et Nae II, on fait :  $1800 - 700 = 1100$

Et pour l'autre fragment, on fait  $5600 - 1100 = 4500$

C) Vrai : on ajoute l'insert de 400 pb au fragment de 4500 pb :  $4500 + 400 = 4900$

D) Faux

E) Faux