

1/	BC	2/	BD	3/	D	4/	A	5/	E
6/	B	7/	CD	8/	D	9/		10/	
11/		12/		13/		14/		15/	
16/		17/		18/		19/		20/	

**QCM 1 : BC**

- A) Faux : si on additionne 700 + 1800 on est à 2500 or le plasmide fait à lui seul 5600pb
- B) Vrai : Small coupe en position 700 et NaeI coupe en position 1800 donc deux fragments : un de 1800 - 700 = **1100 pb** et un de 5600 - 1100 = **4500 pb**
- C) Vrai : l'insert s'insère dans le fragment de 4500 pb. Donc le nouveau fragment fait 4500+400 = 4900pb
- D) Faux : y a pas eu de digestion là
- E) Faux

**QCM 2 : BD**

- A) Faux : si on a 3 coupures on ne peut pas avoir deux termes dans l'addition
- B) Vrai : NaeI coupe en position 200 et 1100 et SvuI coupe en position 1500 donc 3 fragment : un de 1100 - 200 = **900pb**, un autre de 1500-1100 = 400pb et un dernier de 2500-(900 + 400) soit 2500 - 1300 = **1200pb**
- C) Faux : voir A)
- D) Vrai : l'insert s'insère dans le fragment de 900pb. Donc le nouveau fragment fait 900+400 = **1300pb**
- E) Faux

**QCM 3 : D**

- A) Faux
- B) Faux
- C) Faux
- D) Vrai : Ici on cherche à savoir la **taille de l'insert**. On remarque sur la carte que **EcoRI n'a qu'un seul site de reconnaissance**. Donc l'ADN recombinant restera **entier** malgré la digestion. Sur le gel, la piste révélant la digestion par EcoRI montre un fragment de **3200pb**. Or **notre plasmide seul fait 3000pb**. Donc les **200** restant appartiennent à l'insert
- E) Faux

**QCM 4 : A**

**Analysons l'énoncé.** Ici on a une carte de restriction dont l'insert faisant **100 pb s'insère en position 700**. On ne connaît pas la séquence de notre insert. Les items nous demandent de savoir si notre insert peut posséder un site de reconnaissance pour quelle enzyme et où.

- A) Vrai : pourquoi ? Pour le savoir on applique une **digestion par EcoRI seulement**. On remarque que sur le **plasmide seul sans l'insert** on a **2 sites de reconnaissances** soit 2 coupures. Ces 2 coupures donneront 2 fragments. Or l'image de droite nous confirme le contraire. En effet sur **la piste 3** représentant cette digestion montre **3 fragments 2800 pb + 180 pb + 120 pb**. Pour qu'il y ait 3 fragments il faut donc un **3<sup>e</sup> site de reconnaissance**. **Il ne peut donc se situer que sur l'insert**. Pour trouver la position il faut calculer. On sait que l'enzyme **EcoRI coupe en position 600 et 800** et l'insert s'insère en position **700** d'après l'énoncé. Admettons que le site recherché se situe en position 80 sur l'insert il serait donc partagé en **deux coupes** dont une de **20 pb** et une autre de **80 pb**. Ce qui donnerait d'une part un **fragment de 100 pb de plasmide + 80 pb d'insert** soit un fragment entier de **180 pb** et un autre de **100 pb de plasmide + 20 pb d'insert** soit un autre fragment de **120 pb**. Enfin on peut déduire que **le nombre de pb entier du plasmide contenant l'insert fait 3000 + 100 soit 3100 pb**. Notre dernier fragment fait donc **3100-(180+120) soit 3100-300=2800 pb**. La piste 3 est en accord avec ce résultat
- B) Faux : vu qu'on sait que notre insert possède déjà un site de reconnaissance pour EcoRI si on a en plus un site de reconnaissance pour SaeI on aurait alors un morceau d'insert seul de moins de 100 pb. Or la piste 4 représentant la digestion par ces deux enzymes ne signale aucun fragment en dessous de 100 pb. Donc il n'y a pas de site de reconnaissance pour SaeI sur l'insert.
- C) Faux : voir A)
- D) Faux : **attention piège !!!!** Si on fait le calcul on retrouve le même résultat que l'item A) cependant on ne peut pas être sûr que le site de reconnaissance soit en position 20 car **on ne connaît pas la séquence de notre insert ++++** Donc la position 20 est une possibilité comme la position 80 de la A) mais n'est pas une certitude.
- E) Faux

**QCM 5 : E**

- A) Faux
- B) Faux
- C) Faux
- D) Faux
- E) Vrai : le témoin négatif représenté par la piste 6 est contaminé donc résultats ininterprétables

**QCM 6 : B**

- A) Faux
- B) Vrai : on peut utiliser l'enzyme lorsque son site de reconnaissance est présent dans la séquence en question **ET** que la position soulignée est présente dans le site. Là c'est le cas : on a le site GCATCC qui est présent dans la séquence lorsqu'elle est mutée TATGCTGCATCCCGGG
- C) Faux : la transmission est autosomique récessive donc s'il est hétérozygote il ne peut pas être malade
- D) Faux : on voit que la piste de la mère ne présente **aucune coupure** donc pas de mutation donc celle n'a pas pu transmettre l'allèle muté
- E) Faux

**QCM 7 : CD**

**Enoncé ; on cherche à identifier l'effet d'une mutation sur l'épissage de notre ARNm pour cela on a effectué différentes PCR sur différentes régions de l'ADNc. L'étoile indique la position de la mutation**

- A) Faux
- B) Faux : la PCR en question n'inclut pas la mutation, elle se fait au niveau de l'intron 2 donc ne permet pas de déterminer l'effet
- C) Vrai : sur les pistes 1 et 2 on a la taille de la PCR 1 avec ou sans mutation. Sur la piste 1 on voit un seul fragment alors que sur la piste 2 où il y a la mutation on a 2 fragments de taille différente. Pourtant on a amplifié la même région donc on a eu un effet. Plus précisément on voit qu'on a un fragment trop grand car migre moins loin. Donc un bout d'intron s'est rajouté.
- D) Vrai : La PCR 3 comme la PCR 1 inclut la mutation dans sa région d'amplification donc permet d'évaluer son effet. On le voit très bien sur le gel.
- E) Faux

**QCM 8 : D**

- A) Faux
- B) Faux
- C) Faux
- D) Vrai : les enzymes qu'on peut utiliser sont celles dont le site est présent sur la séquence en question **et** que la position soulignée est incluse c'est le cas pour BamHI lorsque la séquence est mutée : TATGCTGGATCCCGGG
- E) Faux