



1/	BCD	2/	AD	3/	ABCD	4/	D	5/	E
6/	A	7/	BC	8/	E	9/	D	10/	ABC
11/	ACD	12/	BC	13/	AB	14/	BD	15/	C

QCM 1 : BCD

- A) Faux : C'est Erwind Chargaff en 1950, et pas Rosalind Francklin en 1952 : elle c'ets diffraction des rayons X par l'ADN
B) Vrai : Texto cours
C) Vrai : Texto cours
D) Vrai : Texto cours
E) Faux

QCM 2 : AD

- A) Vrai
B) Faux : Transmission verticale
C) Faux : Il existe aussi le cas du saut de génération
D) Vrai
E) Faux

QCM 3 : ABCD

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

QCM 4 : D

- A) Faux : définition d'une mutation faux-sens
B) Faux : 3 boucles : D, anticodon et TψC
C) Faux : au niveau du codon START, c'est chez les eucaryotes que c'est en amont
D) Vrai
E) Faux

QCM 5 : E

- A) Faux : chaque gène à une combinaison unique ++++
B) Faux : si on ajoute un **silencer**
C) Faux : coiffe en 5' et queue en 3'
D) Faux : la régulation se fait par une protéine qui modifie la structure de l'ARNm
E) Vrai

QCM 6 : A

- A) Vrai
B) Faux : elle n'en nécessite pas
C) Faux : années 2000
D) Faux : 10 à 100 fois plus
E) Faux

QCM 7 : BC

- A) Faux : Très sensible
B) Vrai
C) Vrai
D) Faux : Taq DNA polymérase
E) Faux

QCM 8 : E

- A) Faux : la plus fréquente
- B) Faux : la seule manière est le diagnostic par biologie moléculaire
- C) Faux : il y en a peu
- D) Faux : le gène FGFR3
- E) Faux

QCM 9 : D

- A) Faux
- B) Faux
- C) Vrai : on lit de bas en haut et on fait la complémentarité. Ah et j'en profite pour vous dire que Séquençage Sanger ça désigne aussi bien l'ancienne méthode
- D) Faux
- E) Faux

QCM 10 : ABC

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Faux : laboratoires agréés
- E) Faux

QCM 11 : ACD

La mutation a pour effet de retirer l'exon n°2 après maturation de l'ARNpré-m
Par conséquence, les primers censés se trouver sur l'exon n°2 ne pourront pas « s'accrocher » si la mutation est présente, et donc on ne peut pas réaliser de PCR.

PCR 1

Piste 1 : Sans mutation : Il comprend l'exon 1 et 2 donc : $150 + 50 = 200$

Piste 2 : Avec mutation : le primer reverse se trouve sur l'exon 2, **pas de PCR possible**

PCR 2

Piste 3 : Sans mutation : Il comprend l'exon 2, 3 et 4 donc : $50 + 100 + 200 = 350$

Piste 4 : Avec mutation : le primer sens se trouve sur l'exon 2, **pas de PCR possible**

PCR 3

Piste 5 : Sans mutation : Il comprend l'exon 1, 2, 3 et 4 donc : $150 + 50 + 100 + 200 = 500$

Piste 6 : Avec mutation : Il n'y a pas de primer sur l'exon 2 donc on peut réaliser une PCR. On a la même chose que la piste 5 sauf que la mutation induit la perte de l'exon 2. On a donc l'exon 1, 3 et 4 : $150 + 100 + 200 = 450$

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

QCM 12 : BC

- A) Vrai : = indique l'intensité de la fluorescence, c'est pareil, c'est le but de la PCR quantitative ;)
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Faux : Le fonctionnement de la PCR quantitative repose sur la mesure de la fluorescence. Attention à ne pas mélanger le chapitre sur PCR en temps réel et clonage d'expression
- E) Faux

QCM 13 : AB

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Faux : TOUJOURS RÉALISER UN CARYOTYPE AVANT UNE PMA ++
- D) Faux
- E) Faux

QCM 14 : BD

- A) Faux : autosomique => probabilité de transmettre la maladie non liée au sexe
- B) Vrai
- C) Faux : c'est le phénotype
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 15 : C

- A) Faux : pas autosomique ! On remarque bien que la transmission est dépendante du sexe alors que dans les maladies autosomiques le sexe n'influe pas sur la transmission de la maladie
- B) Faux
- C) Vrai : On voit que c'est récessif car il y a des porteurs sains et on voit que c'est lié à l'X car on a des hommes malades et les femmes porteuses
- D) Faux : si, il existe il est même dans le cours
- E) Faux