



Correction du DM n° 4 - Correction d'annales sur les cours n°2 et 3 – Séance Discord du 14/10

1/	BD	2/	B	3/	C	4/	CD	5/	BD
6/	ABC	7/	B	8/	E	9/	BC	10/	ABCD

QCM 1 : BD

Séquence sauvage : TCAATGGACCCTAG

Séquence mutée: TCAATGGGCCCCTAG Smal reconnaît la séquence mutée GGGCCC

Porteur Hétérozygote => 500pb (allèle sauvage) + 250pb (allèle muté)

Porteur Homozygote => 250pb (2 allèles mutées)

- A) Faux : Frère aîné = 1 bande à 500pb = pas de digestion par Smal = 2 allèles sauvages / Fille nouveau-née = 1 bande à 250pb = Digestion par Smal = 2 allèles mutés / Parents = hétérozygotes
- B) Vrai
- C) Faux : les parents sont hétérozygotes (fragment à 500 pb + fragment à 250pb)
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 2 : B

- A) Faux : le séquençage doit précéder l'analyse Bioinfo qui permet d'analyser les résultats du séquençage
- B) Vrai
- C) Faux : l'ADN doit être fragmenté avant l'ajout des adaptateurs et code-barres ET le séquençage doit précéder l'analyse Bioinfo qui permet d'analyser les résultats du séquençage
- D) Faux : la PCR ne se fera jamais avant la fragmentation de l'ADN génomique
- E) Faux

QCM 3 : C

Dessiner les 2 séquences:

Séquence sauvage : GGCTAACTGTGTCCGTGATCAC

Séquence mutée : GGCTAACTGTGGCCGTGATCAC

- A) Faux : le site EcoRI n'est présent ni sur la séquence sauvage, ni sur la séquence mutée
- B) Faux : BclI ne permet pas de discriminer les 2 séquences, son site de reconnaissance ne contient pas la mutation recherchée : GGCTAACTGTGTCCGTGATCAC / GGCTAACTGTGGCCGTGATCAC
- C) Vrai : HaeIII ne coupera que la séquence mutée
- D) Faux
- E) Faux

QCM 4 : CD

- A) Faux : l'héparine peut inhiber la Taq Polymérase, il faut utiliser uniquement des prélèvements sanguins sur tube EDTA
- B) Faux : la RNaseH hydrolyse l'ARN dans un hybride ARN/ADN, ce n'est pas une endonucléase qui nous permet de fragmenter l'ADN
- C) Vrai : c'est une des étapes de la purification d'ADN génomique
- D) Vrai
- E) Faux

QCM 5 : BD

- A) Faux : la PCR-RFLP est utilisée pour rechercher une mutation ciblée, ce n'est pas une technique de séquençage
- B) Vrai
- C) Faux : même si par NGS on peut détecter la mutation responsable d'achondroplasie, ce n'est pas la technique utilisée ; inutile de séquencer plusieurs gènes pour rechercher une mutation dans un gène
- D) Vrai : Cela permet de s'affranchir d'un éventuel problème technique (ex.: PCR-RFLP / PCR-Séquence)
- E) Faux

QCM 6 : ABC

- A) Vrai
- B) Vrai
- C) Vrai
- D) Faux : c'est l'ajout des ddNTP qui stoppent la synthèse en bloquant la liaison phosphodiester, c'est juste un peu n'importe quoi pour vous piéger, désolée :')
- E) Faux

QCM 7 : B

- A) Faux : le séquençage ne se fait pas directement à partir de l'ADN génomique mais à partir d'une PCR, l'ADN génomique n'est pas extrait à partir des globules rouges (il n'y a pas de noyau)
- B) Vrai
- C) Faux : les PCR correspondantes aux régions codantes ne sont pas réalisées à partir du plasma
- D) Faux : il s'agit des séquences codantes
- E) Faux

QCM 8 : E

- A) Faux : ce sont les endonucléases qui coupent d'ADN double brin, les ADN polymérase synthétisent
- B) Faux : ce sont les ADN polymérase (cf. explication A)
- C) Faux : les phosphatases retirent les groupements phosphate
- D) Faux : les ligases permettent de former les liaisons phosphodiester (=coller) entre les fragments d'ADN pas de les dégrader
- E) Vrai

QCM 9 : BC

- A) Faux : la PCR en temps réel est une technique quantitative, elle ne permet pas de faire du séquençage
- B) Vrai : le SYBR Green émet de la fluorescence quand il est intégré dans un double brin d'ADN c'est-à-dire dans les produits PCR synthétisés
- C) Vrai
- D) Faux : la fluorescence est émise quelle que soit la séquence de l'ADN double brin. Toujours la même couleur et complètement indépendante puisque là, on veut juste quantifier (attention c'est différent du séquençage par Illumina, c'est pas le même but !)
- E) Faux

QCM 10 : ABCD

- A) Vrai
- B) Vrai : ce sont des endonucléases
- C) Vrai
- D) Vrai
- E) Faux