DM n° 3 : Séquençage et NGS

Tutorat 2026-2027 : **15 QCMS – Durée : 15 min**

QCM 1 : À propos du séquençage de l'ADN, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) L'intérêt du séquençage d'un fragment d'ADN est de déterminer la succession de nucléotides qui le compose
B) Le séquençage Sanger est une méthode enzymatique, c'était la méthode de référence jusqu'à ce que le séquençage haut débit la remplace
C) Les étapes du séquençage sont très proches de celles de la PCR
D) Dans le tube à séquencer, on met : la Taq polymérase, l'amorce, les nucléotides, les tampons et les ddNTPs (liste exhaustive)
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 2 : À propos du séquençage de l'ADN, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Lors des cycles successifs, l'introduction de dNTPs ou de ddNTPs se fait au hasard, ainsi on se retrouve avec pleins de fragments d'ADN de tailles identiques
B) Historiquement, il fallait faire 4 réactions distinctes, chacune avec un seul type de ddNTP
C) L'incorporation de dNTPs et de ddNTPs permet la poursuite de la synthèse
D) Tous les fragments produits sont séparés par électrophorèse, en lisant de bas en haut, on reconstitue la séquence du brin séquencé
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 3 : À propos de la méthode Sanger automatisée, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) On utilise des didésoxyribonucléotides fluorescents, c'est-à-dire des ddNTPs couplés à des fluorochromes
B) Les fragments sont séparés par électrophorèse capillaire en allant de l'anode vers la cathode
C) Lors de la migration, les fluorochromes des ddNTPs sont lus par une caméra laser
D) Le signal obtenu est converti en électrophorégramme : la position indique l'ordre des bases et la couleur indique l'identité de la base
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 4 : À propos du syndrome de Wolfram, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Il s'agit toujours du même gène qui est muté, mais ce n'est pas toujours les mêmes variants qui sont présents, on séquence donc le gène entier pour identifier le variant pathogène
B) D'un point de vu clinique, le syndrome de Wolfram correspond à : un diabète, une surdité, une atrophie optique et des troubles neurologiques
C) Il s'agit d'une maladie autosomique dominante
D) Le gène WFS1 et constitué de 13 exons, l'ATG se trouve sur le deuxième exon, ainsi le premier exon est non-codant
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 5 : À propos de l'organisation est de l'expression des gènes, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) La traduction commence toujours au premier nucléotide du premier exon
B) Un exon présent sur l'ARNm n'est pas forcément codant pour la protéine
C) La région en amont du codon ATG est appelée 3' UTR (non-codante)
D) Les régions 5' UTR et 3' UTR sont des régions traduites mais pas transcrites
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 6 : À propos du NGS, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Aujourd'hui, le NGS est de plus en plus utilisé car c'est une techniques extrêmement puissante qui coûte de moins en moins cher et qui est de plus en plus accessible
B) Le génome humain à environ 6 milliards de paires de bases
C) Le génome est constitué d'environ 60 000 gènes et seulement quelques pourcents sont codants
D) Les régions non-codantes n'ont aucun rôle dans l'expression des gènes
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 7 : À propos du séquençage haut débit, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Le séquençage haut débit est un séquençage massif en parallèle de molécules d'ADN individuellement séparées et amplifiées sous forme de clones ou de molécules uniques
B) Il n'est pas possible de diagnostiquer l'achondroplasie avec le NGS
C) Ce qui a permis l'arrivée du séquençage massif c'est l'amélioration des technologies, la miniaturisation des systèmes, et la bio-informatique
D) Il existe 2 plateformes qui font du NGS : Illumina (la plus utilisée) et ThermoFisher
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

QCM 8 : À propos du séquençage haut débit, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Les étapes du NGS diffèrent selon la plateforme utilisée
B) Lors de la préparation des échantillons, on : fragment l'ADN, on ajoute des primers et des BC
C) Les barrecodes permettent l'amplification PCR alors que les adaptateurs permettent l'identification des patients
D) Les adaptateurs permettent que les extrémités 5' soit identiques et que les extrémités 3' soit identiques mais les extrémités 5' et 3' sont différentes
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 9 : À propos du séquençage haut débit, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) La première étape du NGS est l'amplification des fragments d'ADN par PCR clonale
B) Pour cette étape de fixation et d'amplification, les deux plateformes utilisent le même support solide
C) Par la suite chaque support solide va être séquencer individuellement : Illumina : détection de fluorescence ; ThermoFischer : détection des variations de pH
D) Le séquençage est l'étape la plus compliquée du séquençage haut débit
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 10 : À propos de l'étape de préparation des échantillons pour le NGS, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Ce sont des endonucléases qui fragment l'ADN génomique de manière spécifique
B) Les ADN polymérase préparent les extrémités des fragments pour que les ADN ligase puissent ajouter les adaptateurs et les barrecodes
C) On peut extraire seulement les fragments d'ADN qui nous intéresse en utilisante une sonde de capture (ADN simple brin)
D) On utilise l'intéraction biotine-streptavidine pour purifier les fragments d'ADN qui nous intéresse
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 11 : À propos de l'enrichissement par PCR clonale avec la plateforme Illumina, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Sur la lame de verre, on retrouve deux types d'oligonoclléotides fixés : ceux spécifiques aux adaptateurs en 5' et ceux spécifiques aux adaptateurs en 3'
B) Lors de l'étape de dénaturation et de lavage, la séquence nouvellement synthétisée est éliminée
C) Lors de l'étape de réamplification, il y a une formation de ponts, on parle de PCR bridge ou PCR en ponts
D) Les étapes d'amplification et de dénaturation se répètent jusqu'à la formation d'un cluster d'amplification
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 12 : À propos de l'enrichissement par PCR clonale avec la plateforme ThermoFisher, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Sur chaques sphères métalliques se forme un cluster d'amplification
B) Une sphère contient de multiples copies d'un seul fragment d'ADN
C) Grâce à l'intéraction biotine-streptavidine, on peut purifier seulement les sphères qui nous intéressent
D) Le séquençage est ensuite fait dans une petite puce contenant des millions de puits, avec dans chacun une seule sphère
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 13 : À propos du séquençage haut débit, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Avec Illumina, lors du séquençage, la séquence de nucléotide est lues grâce à des variation pH
B) Lors de la lecture par variation de pH, le nombre de bases est proportionnel au signal
C) Les données de fluorescence et de pH sont convertes en données de séquence lors de l'analyse bioinformatique
D) Les étapes de l'analyse informatique sont dans l'ordre : Détermination des bases > Contrôle qualité > Alignement au génome de référence > Détermination des variants > Annotation > Interprétation
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

QCM 14 : À propos de l'étape d'analyse bioinformatique, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) La couverture correspond au nombre de « reads » indépendants d'une base
B) On considère un séquençage de bonne qualité lorsque chacune des bases de l'ensemble des exons a été lue au moins 20 à 30 fois
C) Chaque variant trouvé est classé parmi 7 classes possibles
D) Les variants les plus problématiques sont les variants probablement pathogènes
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.

<u>QCM 15</u> : À propos du séquençage haut débit, indiquez-la ou les proposition(s) exacte(s) :

A) Le NGS est une des briques du multi-omic avec la génomique et la transciptomique
B) Aujourd'hui on connaît le génome entier ainsi que la signification de tous les gènes
C) Le NGS peut être utilisé pour faire du dépistage pré-natal non-invasif
D) L'approche multi-omic permet de combiner la génomique et la protéomique seulement
E) Les propositions A, B, C et D sont fausses

Le tutorat est gratuit. Toute reproduction ou vente est interdite.