

# Correction Annales

## UE9 Sujet 2012

---

### QCM 1 : E

- A. FAUX : ADN polymérase ARN dépendante.
- B. FAUX, 5' -> 3'
- C. FAUX, ARN en ADNc
- D. FAUX, amorce polydT

### QCM 2 : AB

C. FAUX, le Northern Blot ne nécessite pas d'endonucléase de restriction car les ARN sont déjà suffisamment petits pour migrer lors de l'électrophorèse.

### QCM 3 : BC

- A. FAUX, on parle des transcrits, il faut donc utiliser la retrotranscriptase inverse, c'est la technique de RT-PCRq (PCR Quantitative avec RT).
- D. FAUX, cette technique sert à étudier la liaison ADN/protéine en mettant en évidence un temps de migration électrophorétique plus important en cas de liaison.
- E. FAUX, cette technique permet de connaître la séquence précise de l'extrémité 5' d'un ARNm afin d'en étudier le site d'initiation de la transcription.

### QCM 4 : BDE

- A. FAUX, c'est le complexe nucléoprotéique qui est retardé.
- C. FAUX, ces sites seront justement protégés de la nucléase.

### QCM 5 : AC

- B. FAUX : Justement c'est l'un des inconvénients, ils ont besoin d'une division cellulaire pour rentrer dans la cellule.
- D. FAUX : Les gènes viraux ont été enlevés et remplacés par le transgène.
- E. FAUX : Les inconvénients majeurs sont :
  - Capacité d'insertion du transgène limitée à 7000 bases.
  - Vecteur incapable d'infecter une cellule quiescente.

### QCM 6 : ABCDE

### QCM 7 : B

- A. FAUX : Le séquençage enzymatique par terminaison de chaînes avec incorporation de didesoxynucléotides correspond à la méthode de Sanger. Le pyroséquençage quant à lui, ne nécessite pas de didesoxynucléotides marqués (ajout de luciférine, de sulfurylase pour émission de lumière)
- B. VRAI : grâce à la polymérase
- C. FAUX : Les couples d'amorces sont utilisés pour la PCR
- D. FAUX : Les didesoxynucléotides sont en faible proportion dans le milieu (de l'ordre de 1%) par rapport aux desoxynucléotides
- E. FAUX : Pour le séquençage à très haut débit, on utilise le pyroséquençage et la PCR

**QCM 8 : ABC**

D. FAUX. Lors de l'étape d'élongation la sonde est détruite et le fluorophore et le quencher sont éloignés ce qui permet l'émission de la fluorescence.

E. FAUX. Associée à une étape préliminaire de reverse transcriptase.

**QCM 9 : BDE**

A. FAUX : Les techniques de référence pour la détection des mutations ponctuelles de l'ADN sont la dHPLC et l'HRM.

C. FAUX : Cette technique met en évidence tout gain ou perte de matériel chromosomique, ainsi elle ne permet pas de détecter les anomalies chromosomiques équilibrées.

**QCM 10 : ACE**

B. FAUX : c'est l'inverse, on a une perte d'ADN de référence.

D. FAUX : on établit avec cette technique un profil génomique de l'échantillon car on travaille sur de l'ADN.

E. VRAI : cf petit encadrement sur la diapo 18 du premier cours de Sevenet !

**QCM 11 : CDE**

A. FAUX : Quand on étudie le transcriptome on étudie la transcription d'un tissu, les cibles à hybrider proviennent donc d'ARNm.

B. FAUX : Bien que le transcriptome soit l'étude des ARNm, on est bien obligé si on veut une hybridation de travailler avec de l'ADN. Donc les cibles à hybrider proviennent bien d'ARNm mais avant l'hybridation (et même avant le marquage aux fluorochromes) il est nécessaire de faire une transcription inverse. Ce sont donc des spots d'ADN qui sont fixés sur la lame de biopuce.

C. VRAI : C'est ce qui a été fait dans l'étude de cancer du sein.

**QCM 12 : BCE**

A. FAUX, la technique TMN étudie les tissus, c'est donc des morceaux de tissu que l'on étale sur lame de verre et non de l'ADN.

C. VRAI, même si dans mon cour il ne dit pas clairement que pour la TMN on utilise des logiciels pour l'emplacement et les coordonnées des spots, dans sa conclusion il parle des logiciels servant à repérer les spots qui ont réagi. De plus il me semble que cela est nécessaire car on analyse en même temps 500 spots différents de 500 patients différents, donc pour savoir quel spot correspond à quel patient, un logiciel est fortement recommandé.

D. FAUX, un des désavantages de la TMN est que les disques (spot) peuvent être imparfaits.

**QCM 13 : BE**

A. FAUX : Les deux sites de bioinformatique les plus importants au monde, tels que présentés dans le cours, sont EBI à Cambridge, en Angleterre, et le NCBI à Bethesda, aux Etats-Unis.

B. VRAI : Avec le développement des techniques globales d'analyse génétique, le généticien n'est plus capable d'interpréter seul le résultat de ses expériences. Il doit se faire aider d'un informaticien.

C. FAUX : Le site Genecards n'est pas un site spécialisé, c'est une (méta) banque de données, dans laquelle on peut trouver un gène, ses transcrits, protéines, fonctions, pathologies...

D. FAUX : Ce sont les publications les plus récentes qui sont en tête, sur la première page.

E. VRAI : Le site UCSC Genome Browser est une (méta) banque de données (cf réponse B)

**QCM 14 : ABCE**

D. FAUX, C'est le programme informatique « Primer 3 » qui est le plus utilisé pour le choix d'amorces de PCR. « OMIM » est utile pour savoir si un gène est muté dans certaines pathologies.

**QCM 15 : B**

A. FAUX, Le Dovitinib n'est pas un anticorps monoclonal. C'est une molécule anti FGFR1 qui diffuse à travers la membrane plasmique et se fixe sur la partie intracellulaire du récepteur.

C. FAUX, il constitue un biomarqueur pronostic.

D. FAUX, elle repose en première intention sur une technique d'immunohistochimie (IHC).

E. FAUX, HER2 est un récepteur membranaire.

**QCM 16 : ABD**

C. FAUX, gène et pas protéine.

E. FAUX, gène et pas protéine.

Le prof le jour du concours n'a pas fait de distinction entre gène et protéine. Nous lui avons posé la question et de ce fait, je pense que le qcm a été annulé. Mais si nous voulons être précis C, D sont faux.