

TUTORAT SANTÉ BORDEAUX

Préparation aux examens Médicaux et Paramédicaux



Médecine



Pharmacie



Maïeutique



Odontologie



Filières
Paramédicales

Kinésithérapie
Ergothérapie
Psychomotricité
Podologie

CORRECTION - COLLE n°1 - UE7

03 Novembre - Fait par la séance mardi enzymologie.

Relu par le Pr Richard

QCM 1 : ABE

QCM 2 : CD

QCM 3 : ABCD

QCM 4 : CDE

QCM 5 : E

QCM 6 : E

QCM 7 : BCE

QCM 8 : DE

QCM 9 : CD

QCM 10 : AD

QCM 11 : AC

QCM 12 : B

QCM 13 : CDE

QCM 14 : CE

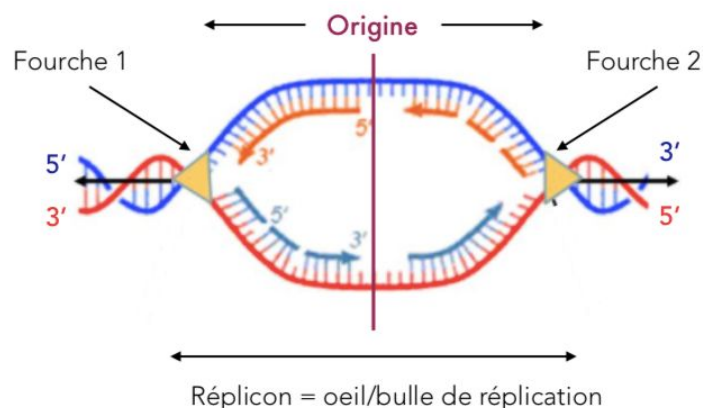
QCM 1 : ABE Dans le Périgord passer la torche = passer la serpillère (personne le sait à Bdx snif)

- A. **VRAI**, l'enveloppe nucléaire agit comme une plateforme qui aide les chromosomes à s'organiser en domaines fonctionnels.
- B. **VRAI**, les filaments intermédiaires de type V, aussi appelés **lamines**, forment un fin réseau appelé **lamina nucléaire**. La lamina nucléaire et les protéines qui lui sont associées servent de **support structural** à l'enveloppe nucléaire.
- C. **FAUX**
- C'est l'hétérochromatine **constitutive** qui correspond à des **régions compactées en permanence** durant le cycle cellulaire, quel que soit le type cellulaire et le stade de développement (comme les centromères ou les télomères).
 - L'hétérochromatine **facultative** correspond quant à elle à des régions qui ne doivent **pas être réprimées de manière définitive**. La compaction et la répression transcriptionnelle de l'hétérochromatine facultative sont différentes selon le **contexte spatio-temporel** et le **type cellulaire**.
- D. **FAUX**, c'est au stade de **métaphase**, stade succédant à la prophase, que la chromatine est sous sa forme la **plus condensée** et devient observable au microscope.
- E. **VRAI**, les histones particulières **CENP-A** participent à l'**élaboration des nucléosomes** autour desquels s'enroule l'ADN. Il est aussi associé à des protéines non histones, les **protéines du kinétochore** qui sont impliquées dans le complexe du kinétochore qui s'assemble sur le centromère et sert de **lien entre les microtubules du fuseau mitotique et le chromosome**.

QCM 2 : CD

- A. **FAUX**, le nucléole est un sous-domaine nucléaire **non** délimité par une membrane.
- B. **FAUX**, la mitose est une période **d'inactivation/de délocalisation** des machineries nucléaires. En effet, le nucléole est assemblé **en fin de mitose**, actif durant l'**interphase** puis désassemblé en **début de mitose**.
- C. **VRAI**, l'ARN **5s** est synthétisé dans le **nucléoplasme** par l'ARN polymérase **III**. À l'inverse, les ARN **28s**, **18s** et **5,8s** sont synthétisés dans le **nucléole** par l'ARN polymérase **I**.
- D. **VRAI**, l'histone H1 se fixe sur l'ADN qui relie 2 nucléosomes pour enrouler davantage l'ADN et former une **fibre de chromatine de 30 nm** de diamètre appelée **solénoïde**.
Rappel : le premier degré de repliement correspond au nucléofilament de 11nm, le second au solénoïde de 30 nm.
- E. **FAUX**, le repliement de la molécule d'ADN doit être compatible avec **l'accessibilité rapide** aux machineries protéiques (réplication, transcription, réparation et recombinaison) grâce aux **modifications chimiques, post-traductionnelles des histones** comme la phosphorylation, l'acétylation ou la méthylation. Ces modifications régulent le degré de compaction de la chromatine et par conséquent modulent la structure de cette dernière.

QCM 3 : ABCD (Dans le dossier du patient !)

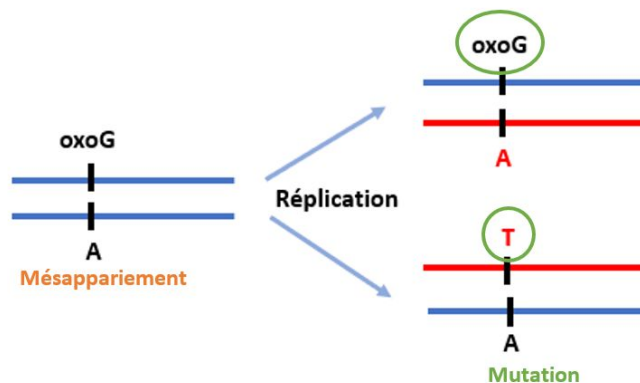


- A. **VRAI**, en effet, **une origine de réplication** est à l'origine d'**un réplicon** et donc de **deux fourches** de réplication.
- B. **VRAI**, au sein d'un réplicon (= oeil de réplication), il y a deux fourches avançant chacune dans un sens opposé.
- C. **VRAI**, une des caractéristiques des brins directs (= brins continus) est que les polymérases y avancent dans le même sens que la fourche sur laquelle elles sont, c'est-à-dire dans le sens **3' → 5' du brin parental**.
- D. **VRAI**, la réplication est bidirectionnelle car chaque fourche va dans un sens opposé. C'est la polymérisation qui est unidirectionnelle car elle progresse uniquement dans le sens 5' → 3'
- E. **FAUX**, **la réplication est asynchrone** car, au sein de la fourche, on retrouve un brin direct et un brin indirect. Le brin indirect met plus de temps à se répliquer car à chaque fragment d'Okasaki il faut à nouveau l'intervention d'une primase puis d'une polymérase. Le brin continu peut prendre le nom de brin précoce tandis que le brin discontinu peut prendre le nom de brin tardif.

Rappel : La réplication est également asynchrone entre les différentes origines de réplifications.

QCM 4 : CDE Aucune : chez les 2, les boules servent de déco

- A. **FAUX**, l'oxydation de la guanine l'empêche de s'apparier avec la cytosine, mais lui permet de se **lier à une adénine** (la 8-oxoguanine est reconnue comme étant une thymine). À ce stade, on ne parle pas de mutation mais de **mésappariement** car on a une liaison entre la 8-oxo-guanine et une adénine. La mutation vient au **cycle de réplication suivant**, lorsque l'adénine (qui a remplacé la cytosine habituelle) s'apparie à la thymine (au lieu de la guanine habituelle). La mutation provoquée est donc une transversion notée **G>T**.



Rappel : $G > T$ est une **transversion** car une base purique (G) est remplacée par une base pyrimidique (T). Lorsqu'une base purique est remplacée par une autre base purique (ou une pyrimidine par une autre pyrimidine), on parle de **transition**.

- B. **FAUX**, on parle dans l'énoncé de l'ADNc (**ADN complémentaire**) et non de l'ADNg (ADN génomique). L'ADN complémentaire ne contient que les **exons** d'un gène : la numérotation se fait à partir du A de l'**ATG** au **dernier nucléotide du codon stop**. On notera ici **c.32G>T**.
- C. **VRAI**, cette mutation est appelée "**lésion secondaire**" parce que la mutation est induite par des agents mutagènes. L'oxydation de la guanine provient généralement du **métabolisme oxydatif des mitochondries** : la cause est alors dite **endogène**. Cette oxydation peut également être due à des **radiations ionisantes** : la cause est dite **exogène**.
- D. **VRAI**, un dimère de thymine est reconnu comme une seule base par l'ADN polymérase, ainsi il entraîne une délétion d'une base, cela induit bien un décalage du cadre de lecture.
Attention : lorsque le nombre de nucléotides inséré ou délété n'est pas un multiple de 3 il y a **décalage du cadre de lecture**.
- E. **VRAI**, les rayons UV et radiations ionisantes peuvent agir **directement** en cassant un ou deux brins d'ADN mais aussi **indirectement** par l'intermédiaire de radicaux oxygénés comme l'ion superoxyde.

QCM 5 : E (Une lecture en double aveugle)

- A. **FAUX**, cette mutation est bien une **substitution** d'une **adénine** par une **cytosine** sur de l'ADN **génomique**, mais elle ne se fait pas en position 64. En effet, ici **64 correspond au numéro du codon**. Or, pour nommer une mutation sur de l'ADN génomique, il faut **numéroter les nucléotides** du premier au dernier de la séquence de référence.
- Pour trouver en quelle position se trouve le nucléotide on fait : $63 \times 3 = 189$. Il y a donc 189 nucléotides avant le codon 64. La mutation se faisant au niveau du premier nucléotide du codon 64 il est donc à la $189 + 1 = 190^{\text{ème}}$ **position**. Ainsi la nomenclature de cette mutation est **g.190A>C**.
- B. **FAUX**, une transition correspond à la substitution d'une base par une autre de la même catégorie (purine-purine ou pyrimidine-pyrimidine), or ici **l'adénine** est une base **purique** et la **cytosine** est une base **pyrimidique**. Il s'agit donc d'une **transversion**.
- C. **FAUX**, une mutation faux sens est une mutation ponctuelle dans laquelle un nucléotide d'un codon est changé, induisant le changement de l'acide aminé associé. Ici, la mutation permet le passage d'un codon **AGG** codant pour **l'arginine** à un codon **CGG** codant lui aussi pour **l'arginine**. Il s'agit donc d'une **mutation iso-sémantique ou synonyme** n'ayant pas de conséquence sur la protéine formée lors de la traduction.
- D. **FAUX**, une protéine tronquée apparaît lors d'une mutation non sens avec l'apparition d'un codon STOP. Dans la séquence du patient pour cette mutation il n'y a pas apparition d'un codon STOP.
- E. **VRAI**, cf. C.

QCM 6 : E

- A. **FAUX**, attention à bien lire l'énoncé. Ici le brin à réparer est **non méthylé**, ce qui indique que la **phase S n'est pas finie, la réplication n'est pas terminée sur ce brin**. Or le complexe MMR n'intervient qu'en phase S, donc l'item est faux, car le MMR est un système de réparation répliatif.
- B. **FAUX**, **mut HLS** est le système MMR présent chez les cellules **procaryotes**. Chez les cellules **eucaryotes** ce sera le complexe **MSH / MLH** qui interviendra.
- C. **FAUX**, attention, le terme de mutation n'apparaît qu'après la réplication de la lésion si celle-ci n'est pas réparée. Pour le cas présenté dans l'énoncé, nous nous trouvons encore dans le cycle cellulaire durant lequel s'est produit le mésappariement (celui-ci n'a donc pas été répliqué). Le terme de mutation n'est donc pas approprié.
1. Réplication n°1 → formation du mésappariement (modification sur 1 seul brin)
 2. Réplication n°2 → réplication du mésappariement → mutation (modification sur le deuxième brin)
- D. **FAUX**, à ce stade, le dimère de thymine n'est encore qu'une **lésion simple brin**. Or le système de Recombinaison Homologue ne répare que les cassures double brin. Donc dans ce cas seul NER peut réparer le mésappariement.
- Si jamais l'erreur n'est pas corrigée, lors de la seconde réplication le dimère de thymine sera reconnu comme une délétion, créant ainsi une **lacune répliative** et donc un saut de réplication au niveau du dimère, ce qui créera une **lésion double brin**. À partir de ce moment là, la recombinaison homologue pourra avoir lieu.

QCM 7 : BCE Ça se voit à son accent gascon... <https://www.youtube.com/watch?v=vQwYbJw9RSA>

- A. **FAUX**, l'ARN polymérase **ne nécessite pas d'amorce**. Cependant, elle **nécessite une matrice**, qui est le brin anti-sens de l'ADN.
- Rappel: c'est l'ADN polymérase, lors de la réplication, qui nécessite une amorce.*
- B. **VRAI**, en effet l'ARN polymérase synthétise un ARNm simple brin qui est le **complémentaire** du bien **matrice** (ou brin antisens) et qui est **identique** au brin **codant** (ou brin sens).
- C. **VRAI**, les **histones acétyltransférases (HAT)** permettent de **décondenser la chromatine** et favorisent ainsi la transcription de l'ADN en ARN.

Récap :

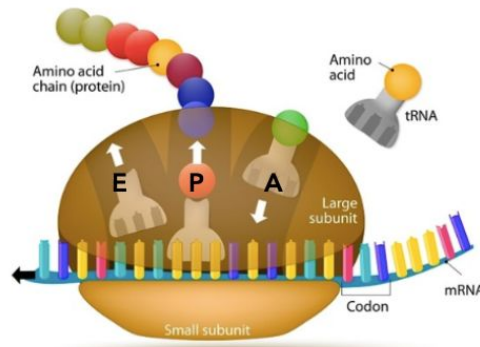
- L'**acétylation** des histones, catalysée par les **histones acétyltransférases** (HAT), favorise la transcription par décompaction de l'ADN (**acétylation = activation de la transcription**).
 - La **désacétylation** des histones, catalysée par les **histones déacétylases** (HDAC), permet au contraire d'inhiber la transcription en compactant l'ADN.
 - La **phosphorylation**, par les **histones kinases**, active la transcription.
 - La **méthylation** des cytosines par les **ADN méthyltransférases** inhibe la transcription.
- D. **FAUX**, la **pose de la coiffe** est bien une étape de maturation de l'ARNm mais elle a lieu à l'**extrémité 5'** de l'ARNm. Elle se met en place au **début de la transcription**. Cette étape a pour but de **protéger l'extrémité 5'** de la dégradation par les phosphatases et les exonucléases. Elle joue également un rôle dans l'**initiation de la traduction**.
- E. **VRAI**, l'épissage des pré-ARNm permet d'**éliminer les séquences introniques** afin de ne conserver que les **séquences exoniques**. C'est un mécanisme très précis ayant lieu dans le noyau par un complexe d'épissage appelé le **spliceosome**.
- Attention : des exons peuvent tout de même être épissés de manière physiologique.*

QCM 8 : DE

- A. **FAUX**, la traduction se déroule dans le **cytosol** pour les ARN nucléaires, mais dans la **mitochondrie** pour les ARN **mitochondriaux** (seule exception du cours). La traduction des ARN nucléaires a lieu dans le cytosol grâce aux ribosomes libres, ou liés au REG.
- B. **FAUX**, il ne faut pas confondre :
- **L'anticodon** qui porte la séquence complémentaire d'un ARNm et lie donc un **ARNm**
 - **L'extrémité 3'** de l'**ARNt** qui porte la séquence 5'-CCA-3' et qui se lie à l'**acide aminé** (codé par l'ARNm).
- C. **FAUX**, comme dit à l'item B, l'acide aminé se lie à l'ARNt par l'extrémité 3', on ne parle pas d'anticodon ici. L'aminocyl-ARNt correspond bien à l'**association entre un ARNt et un acide aminé**.
- D. **VRAI**, même s'il existe de rares exceptions concernant l'universalité du code génétique notamment au niveau du génome mitochondrial, on peut affirmer que **le code génétique est universel**. De plus il est **non ambigu** car 1 codon ne peut signifier qu'un seul acide aminé. Le fait qu'un acide aminé puisse être codé par différents codons ne rend pas le code génétique ambigu puisque dans une cellule, on cherche à lire un codon pour obtenir un acide aminé et jamais l'inverse. Le fait qu'un acide aminé puisse être codé par différents codons rend le code génétique **redondant (= dégénéré)**.
- E. **VRAI**, ces régions sont d'ailleurs appelées "**régions glissantes**". Le fait que les ARNt nécessaires soient très présents rend la lecture et la synthèse protéique très rapide, ce qui peut conduire à un glissement trop rapide du ribosome, qui va trop vite et saute des nucléotides (ce qui peut entraîner un **décalage du cadre de lecture**). À l'inverse, les zones dont la traduction nécessite des ARNt rares sont appelées **points d'étranglement** (comme le péage sur une autoroute).

QCM 9 : CD Le rappeur nique ta mère et le campeur monte sa tente

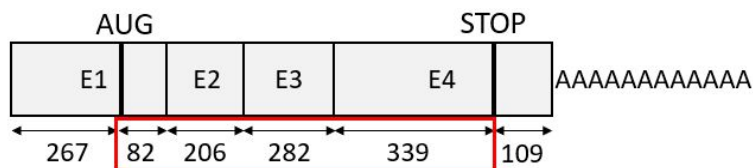
- A. **FAUX**, c'est le **repliement circulaire de l'ARNm** dans l'espace qui favorise l'initiation de sa traduction. Ce repliement permet en effet de rapprocher les protéines liées à la coiffe (5') aux protéines liées à la queue polyA (3'). Ces zones sont normalement éloignées l'une de l'autre, mais la cyclisation de l'ARNm permet de les rapprocher physiquement.
- B. **FAUX**, **l'initiation de la traduction a lieu en amont de la région à traduire**. En effet, la traduction se déroule dans le sens 5'3', et la région 5' est en amont de la région à traduire.
Imaginez que notre corps est pragmatique, s'il a le choix, il va se débrouiller pour faire le moins d'efforts possible. Il va donc commencer la polymérisation à partir du point le plus haut (= amont en 5') pour glisser vers le point le plus bas tel Victor Muffat-Jeandet ou Perrine Laffont (= aval en 3'). Et oui ! Descendre une pente demande moins d'énergie que de la remonter (même si ça casse les cuisses bien comme il faut quand même).
- C. **VRAI**, en effet l'**ARNt initiateur** se fixe directement sur le **site P** (de polymérisation) du ribosome pour entamer la synthèse.



- D. **VRAI**, le complexe d'initiation de la traduction reconnaît une **séquence nucléotidique consensus** qui entoure le codon initiateur. La reconnaissance de cette séquence permet la fixation de la petite sous-unité ribosomique sur l'ARNm, et l'initiation de la traduction. On dit que cette séquence est consensus parce qu'elle est la **même chez tous les ARNm eucaryotes**.
- E. **FAUX**, l'hydrolyse du GTP (guanosine triphosphate) donne du **GDP** (guanosine diphosphate) et non pas de l'ADP. Une **hydrolyse** est la rupture d'une liaison avec intervention d'une molécule d'eau. L'hydrolyse du GTP coupe une liaison phosphate, et on passe donc de **3** (GTP) à **2** phosphates (GDP). En aucun cas une hydrolyse ne provoque de changement de nucléoside (donc pas de transfert de guanosine vers adénosine).

QCM 10 : AD <https://www.youtube.com/watch?v=Y03xrawkull> (ptite dédi aux A6 et PASS de Pau du jeudi)

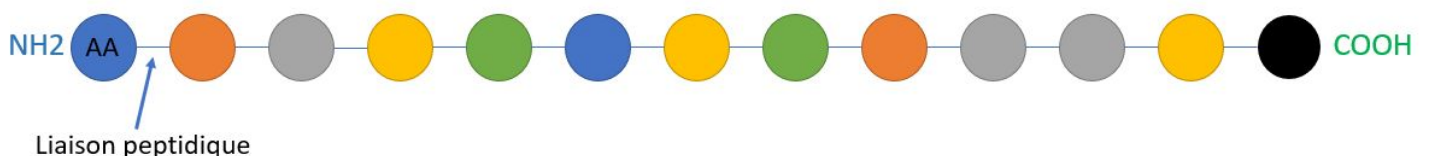
- A. **VRAI**, la région traduite est située **entre le codon initiateur de la traduction AUG et le codon STOP de terminaison de la traduction**. On additionne alors le nombre de nucléotides présents dans cet intervalle. Pour le transcrit 2, on fait donc : **82 + 206 + 282 + 339 = 909 nucléotides**.



- B. **FAUX**, les acides aminés ou résidus insérés dans la séquence protéique sont déterminés par **l'enchaînement de 3 nucléotides = codon**. Pour trouver le nombre de résidus présents dans la protéine, il faut donc diviser le nombre de nucléotides présents dans la région codante par 3. Ici, on fait alors **909/3 = 303**.

Cependant, **le codon STOP ne correspond à aucun acide aminé** : lorsqu'un codon STOP est lu par le ribosome, un **facteur de relargage** se fixe au niveau du site A et la traduction s'arrête (= il n'y a pas incorporation d'un AA). Il faut donc **soustraire 1 acide aminé au total trouvé précédemment**. La protéine issue du transcrit 2 est donc composée de **303 - 1 = 302 résidus**.

- C. **FAUX**, les protéines sont synthétisées de l'extrémité N-terminale vers l'extrémité C-terminale. En effet, l'ARNm est lu dans le sens 5'-3' : **l'extrémité 5' du transcrit correspond à l'extrémité N-terminale** de la protéine et **l'extrémité 3' correspond à l'extrémité C-terminale**.



Ici, les transcrits ont la même extrémité 5' (= même AUG initiateur) mais des extrémités 3' différentes (= codons STOP différents) : cela signifie que les protéines synthétisées à partir de ces ARNm auront la **même extrémité N-terminale** et des **extrémités C-terminales différentes**.

- D. **VRAI**, en effet, dans le cadre de lecture, il y a toujours un **multiple de 3 nucléotides**. Si on enlève 8 nucléotides à la séquence traduite, **le nombre de nucléotides ne sera plus multiple de 3**. Dans ce cas là, il

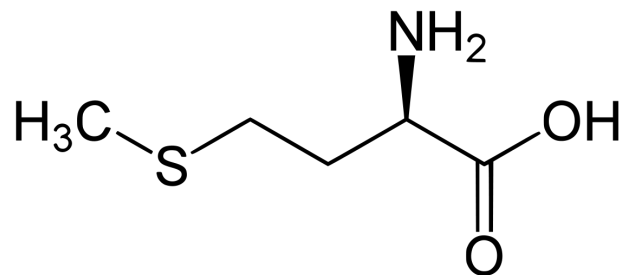
va y avoir un **décalage d'une base** et la séquence lue ne sera donc plus la même : il y a un **décalage du cadre de lecture**.

Si on avait enlevé un multiple de 3 nucléotides (3, 6 ou 9, par exemple) il n'y aurait pas eu de décalage du cadre de lecture. En effet, on aurait **perdu un ou des acides aminés** dans la protéine mais la séquence lue n'aurait pas changé.

NB : on suit le même raisonnement lorsqu'il y a un gain de nucléotides.

E. **FAUX**, en cas de mauvais repliement c'est le protéasome qui va éliminer les protéines polyubiquitylées.

QCM 11 : AC Bisous les A1/A11 et les palois du jeudi <3 <3.



C'est la **méthionine**.

B. **FAUX**, il possède une fonction sulfure (R-S-R'), seule la cystéine a une fonction thiol.

Rappel : fonction thiol : R-SH

C. **VRAI**, Mnémo pour les acides aminés essentiels: **Le Très Lyrique Tristan Fait Vachement Méditer Iséult. Leucine-Thréonine-Lysine-Tryptophane-Phénylalanine-Valine-Méthionine-Isoleucine.**

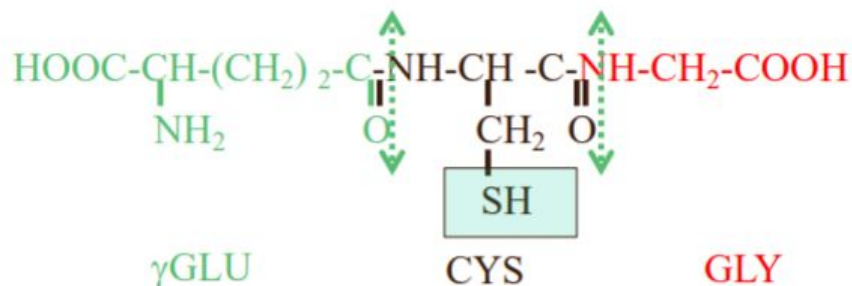
D. **FAUX**, la méthionine est un acide aminé apolaire.

E. **FAUX**, seule la **cystéine** peut faire des **ponts disulfures** grâce à sa fonction thiol. En revanche la **méthionine** est **donneuse de son radical méthyle** (-CH₃).

QCM 12 : B

A. **FAUX**, le **glucagon** a un rôle dans la **régulation de la glycémie**. C'est l'**hepcidine** qui régule l'**homéostasie du fer**.

B. **VRAI**, le glutathion est bien composé d'acide glutamique. On l'appelle γ GLU puisque la liaison peptidique avec la cystéine se réalise entre le carbone gamma du GLU et la fonction amine de la cystéine.



C. **FAUX**, les peptides ont un poids moléculaire **inférieur à 10 000 Da ou 10 kDa**. De ce fait, ils sont dialysable, c'est-à-dire qu'ils peuvent être filtrés par le rein.

D. **FAUX**, la charge d'un peptide dépend de sa **composition en acide aminé** mais également du **pH du milieu**.

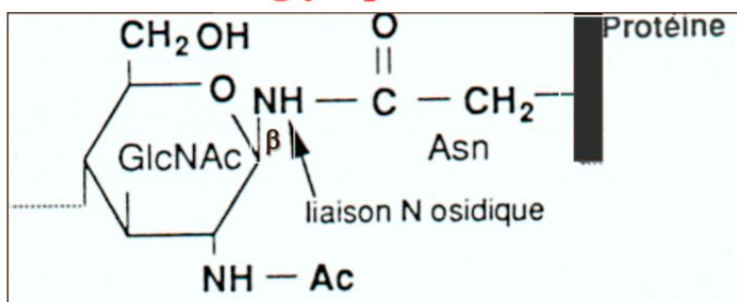
E. **FAUX**, la réaction à la ninhydrine colore tous les acides aminés en pourpre **SAUF** la **proline (PRO)** et l'**hydroxyproline (OH-PRO)** qui sont colorées en **jaune**. Cette réaction ne fonctionne que sur les peptides **inférieurs à 5 résidus**.

QCM 13 : CDE (Dieu ne se prend pas pour un cardiologue)

A. **FAUX**, la N-glycoprotéine possède une **liaison β -N-osidique** entre :

- Un **N-acétyl glucosamine** (GlcNAc).
- Et la **fonction amide de l'asparagine**.

N-glycoprotéines



- B. **FAUX**, dans une hétéroprotéine (= protéine conjuguée) on a deux parties : la partie **protéique** se nomme **apoprotéine**, la partie **non** protéique prend le nom de **groupement prosthétique**.
- C. **VRAI**, les glycoprotéines peuvent avoir plusieurs rôles :
- **Physico-chimique** : plus les protéines sont glycosylées, plus la viscosité est élevée.
 - De **reconnaissance** : les glycosylations entraînent une grande diversité et donc permettent de distinguer différentes protéines (notamment l'érythropoïétine de synthèse qui n'est glycosylée qu'à 10% contre 40% pour l'EPO naturelle).
 - De **protection** : les glycosylations protègent de la protéolyse.
- D. **VRAI**, une structure **supersecondaire** est un élément stable donnant naissance à des motifs structuraux. Cette structure se fixe dans le sillon principal de l'ADN et permet donc la **modification de la transcription** (les facteurs de transcription comportent souvent des structures supersecondaires), c'est le cas notamment de la **structure en doigt de zinc**.
- E. **VRAI**, la protéine normale du prion (PrP^c) est présente dans les neurones avec une forte proportion **d'hélices α** et **peu de feuillets β** . La forme pathogène (PrP^{sc}), quant à elle, possède la **même structure primaire** (donc le même enchaînement d'acides aminés) que la forme physiologique, mais le nombre de **feuillets β est beaucoup plus élevé** que dans la protéine physiologique. Cela entraîne un **mauvais repliement de la protéine** et aboutit à une destruction progressive du système nerveux central (encéphalopathie spongiforme bovine).

QCM 14 : CE

- A. **FAUX**, le SDS (dodécylsulfate de sodium) charge toutes les protéines de manière **négative**. **Lorsqu'on étudie des protéines en présence de SDS, on n'étudie que la taille de leurs sous-unités** (car le SDS est dénaturant), et non pas leur charge puisque toutes les protéines sont chargées négativement.
- B. **FAUX**, l'électrophorèse bidimensionnelle permet de séparer les protéines en fonction de leur **taille** et de leur **charge** selon leur pHi. Cela permet d'être très discriminant, car il est très rare que 2 protéines aient la même masse et le même point de focalisation isoélectrique.
- C. **VRAI**, **un composé amphotère est un composé qui comporte à la fois un groupement acide et un groupement basique**. Les protéines sont des enchaînements d'acides aminés qui portent tous au moins un groupement **COOH** (acide) et un groupement **NH₂** (basique). Il y a donc plusieurs groupements acides et basiques dans une protéine, qui a donc un caractère amphotère.
- D. **FAUX**, le **couplage anticorps-antigène** est une méthode **spécifique** de dosage des protéines. La **spectrométrie** est une méthode de dosage **globale** des protéines basée sur la quantité d'acides aminés aromatiques qui constituent la protéine. En effet, ces **acides aminés aromatiques absorbent à 280 nm**, ce qui permet de les différencier des autres constituants des protéines.
Les méthodes de dosage spécifique sont plus précises que les méthodes de dosage global.
- E. **VRAI**, le pH influence la solubilité des protéines, qui est **minimale au pHi**. De plus, si une molécule comporte des groupements **polaires**, elle peut facilement former des liaisons hydrogène avec les molécules d'eau, ce qui augmente sa solubilité.

Rappel : la fréquence de sérine, la structure spatiale de la protéine et la présence de sel influent également sur la solubilité.

QCM 15 Agen le sang de la veine cave supérieure

- A. VRAI
- B. VRAI
- C. VRAI
- D. VRAI
- E. VRAI, Agen est une belle ville dont l'université est située à côté de la gare SNCF (et du McDo).