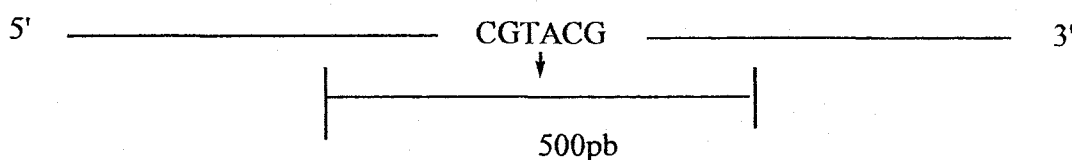


Cours Privés

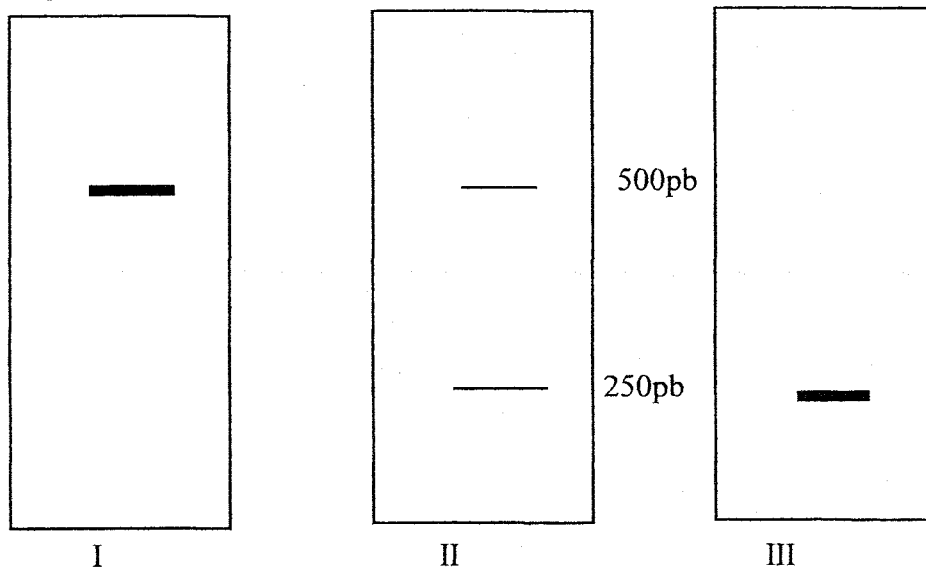
Espace Pitot - 15, place Jacques Mirouze
34000 MONTPELLIER
Tél. 04 67 41 33 11
www.supexam.fr

QCM-3 (BADIA) BIOLOGIE MOLECULAIRE MEDECINE 1^{ère} ANNEE 2008

QCM 1. Supposons qu'une maladie génétique autosomique récessive soit due à une mutation ponctuelle $A \rightarrow G$ dans la séquence suivante qui constitue chez les sujets normaux (N) un site de restriction pour BsiW1.



Chez différents membres de la famille d'un sujet malade (M) on réalise une amplification par PCR d'un segment d'ADN dont cette séquence occupe le milieu. On réalise ensuite une électrophorèse des fragments obtenus après coupure par l'enzyme de restriction sur gel d'agarose.



Associez chacun des schémas de migration (I, II, III) à un état homozygote ou hétérozygote.

REPRONDRE

- A : NN → I NM → II MM → III
 B : NN → III NM → II MM → I
 C : NN → II NM → III MM → I
 D : NN → I NM → I MM → II
 E : autre choix

QCM-2. La méthylation chez les procaryotes concerne :

- 1 : seulement les bases comme adénine et cytosine
- 2 : empêche les endonucléases de restriction de dégrader leur propre ADN.
- 3 : les DAM méthylases, méthylient les résidus adénosine dans toutes les séquences GATC.
- 4 : est une modification post réplivative
- 5 : la méthylation permet aux enzymes de réparation de repérer le mésappariement et de le corriger.

Quelles de propositions sont exactes ?

REPONDRE

A : toutes B : 1-2-3 C : 1-2-3-5 D : 1-3-5 E : autre

QCM-3. Les propositions suivantes :

1. La désamination oxydative d'une guanosine au niveau de l'ADN sera probablement corrigée par les systèmes de réparation
2. La désamination oxydative d'une 5- méthyl-cytosine au niveau de l'ADN donnera une thymine.
- 3 : la méthylation de l'oxygène en C6 de la guanine peut s'apparier anormalement avec la thymine.
- 4 : chez les eucaryotes la méthylation a lieu sur les cytosines des motifs CpG
- 5 : chez les eucaryotes les îlots CGCG méthylés indiquent souvent une fermeture de l'expression de gènes.
- 6 : chez les eucaryotes la méthylation joue un rôle dans l'empreinte parentale.(épigénétique)

REPONDRE

A: toutes V B : une F C : deux F D : trois F E : quatre F

QCM-4. Soient les propositions concernant l'étape d'activation des acides aminés lors de la traduction ?

- 1 : cette étape consomme deux molécules d'ATP
- 2 : après réaction avec ATP, l'acide aminé forme une liaison ester qui rend le carbonyle très réactif
- 3 : l'ARNt fixe l'acide aminé « activé » par une liaison anhydride d'acide
- 4 : l'enzyme amino acylARNt synthétase peut accrocher l'acide aminé seulement en position 3'OH de l'extrémité CCA.
- 5 : l'enzyme amino acylARNt synthétase contrôle le bon accord entre acide aminé et le codon.

REPONDRE

A : toutes V B : une F C : deux F D : trois F E : autre choix

QCM-5. Mettez en ordre les événements de l'étape d'élongation de la traduction chez les procaryotes.

- 1 : formation du complexe ARNt-aa et EF-Tu-GTP
- 2 : formation de la liaison peptidique dans le site P
- 3 : formation de la liaison peptidique dans le site A
- 4 : hydrolyse du GTP en GDP.
- 5 : arrivée de ARNt-aa dans le site A
- 6 : arrivée de ARNt-aa dans le site P
- 7 : arrivée de GTP fixé sur le facteur EF-G

REPONDRE :

A : 1-4-6-3 B : 1-4-5-2 C : 1-5-4-2 D : 1-4-5-3 E : autre choix.

QCM-6. Les propositions exactes au cours de la traduction chez les procaryotes sont:

- 1: les ribosomes se déplacent vers l'extrémité 3' du mARN.
- 2: une liaison peptidique s'établit entre la fonction amine du $n^{\text{ème}}$ acide aminé dont le tARN occupe le site A du ribosome et le carboxyl du $n-1^{\text{ème}}$ acide aminé de la chaîne peptidique en formation.
- 3: plusieurs ribosomes, séparés les uns des autres par une distance d'environ 100 nucléotides, se déplacent sur le même mARN.
- 4: une liaison peptidique(excepté la première et la dernière) a besoin de quatre liaisons riches en énergie.
- 5 : la vitesse de la synthèse est 15 acide aminés par seconde.

REPONDRE:

A: 1-3-4-5 B : 1-2-3-4-5 C : 1-4 D : 1-2-3 E : autre

QCM-7. Au cours de la synthèse d'un peptide de 100 (met incluse) acides aminés , le nombre de molécules de ATP hydrolysées est :

REPONDRE :

A : 200 B : 2 C : 100 D : 99 E : autre

QCM-8. Au cours de la synthèse d'un peptide de 100 acides aminés(met incluse) , le nombre de GTP utilisé est :

REPONDRE

A : 200 B : 100 C : 99 D : 102 E : autre

QCM-9. Les antibiotiques suivants ils sont spécialisés dans l'inhibition de la traduction chez les procaryotes. Donnez ceux ou celui qui bloque l'initiation de la traduction ?

REPONDRE

A : streptomycine B: tetracycline et chloramphénicol
C : chloramphénicol D : érythromycine E : autre choix

QCM-10. Concernant les éléments transposables, quelle est la réponse qui regroupe le maximum de propositions exactes et seulement des propositions exactes ;

1 : Les transposons ADN représentent 3% du génome .

2 : les rétrotransposons Alu contiennent toujours un LTR.

3 : Certains éléments transposables peuvent de disséminer en passant par un intermédiaire d'un ARN.

4 : les séquences LINE contiennent un gène qui code pour une transcriptase réverse

5 : Les séquences SINE ont une forte homologie avec une séquence ARN 7 LS.

REPONDRE

A : 1-3-5 B : 1-3-4-5 C : 4-5 D : 4 E : Autre choix

QCM-11

1 : Un satellite est une répétition de très nombreuses copies d'une même séquence courte.

2 : Un microsatellite est une répétition d'une même séquence de 1 à 4 bases.

3 : Un minisatellite est une répétition d'une même séquence de plus de 10pb.

4 : Un microsatellite est détecté par amplification par PCR puis une électrophorèse sur gel de polyacrylamide.

5 : Un minisatellite est détecté par un transfert SOUTHERN avec une sonde spécifique.

6 : Un SNP (single nucléotid polymorphism) est un polymorphisme dans le quel deux chromosomes différent sur une séquence donnée par **une paire** de bases.

7 : les SNP constituent la forme la plus abondante de variations génétiques dans le génome humain.

REPONDRE

A: toutes V B : une F C : deux F D : trois F E : quatre F

QCM-12. Parmi les propositions suivantes concernant le code génétique, quelle est la réponse qui regroupe le maximum de propositions exactes ?

1 : la délétion d'un seul nucléotide sur un gène ne peut, au maximum, modifier qu'un acide aminé dans la protéine correspondant à ce gène.

2 : les triplets codant pour un même acide aminé ont le plus souvent leurs deux premiers nucléotides identiques.

3 : la dégénérescence du code signifie qu'un même codon peut coder pour plusieurs acides aminés.

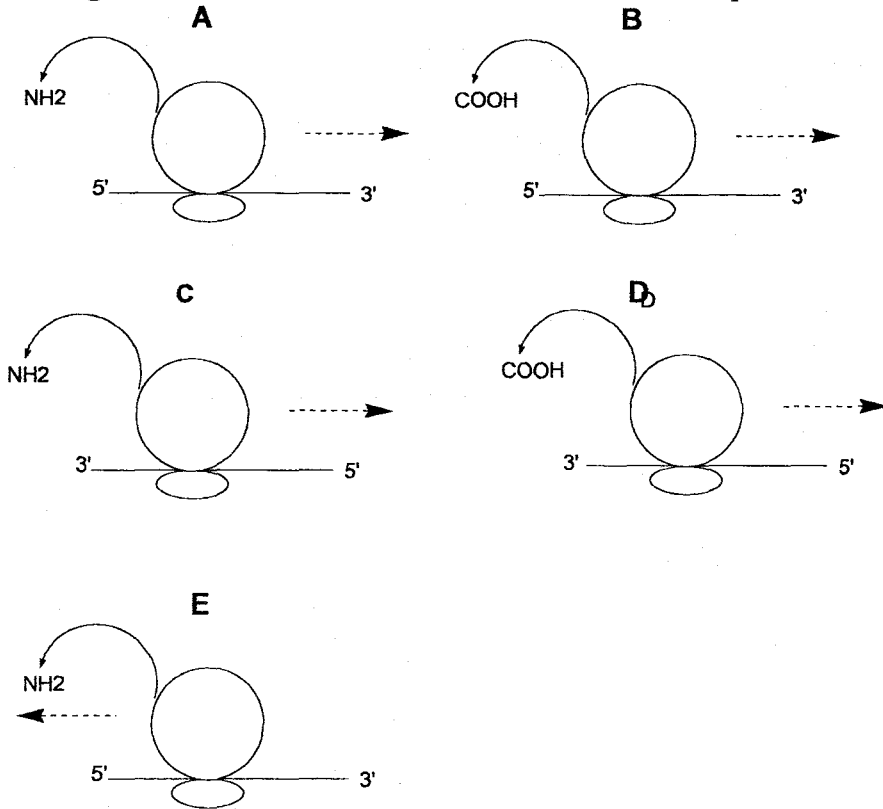
4 : la dégénérescence sur la 3^e base d'un codon est aléatoire.

5 : si le code était à 4 lettres, on aurait trouver 256 codons maximum.

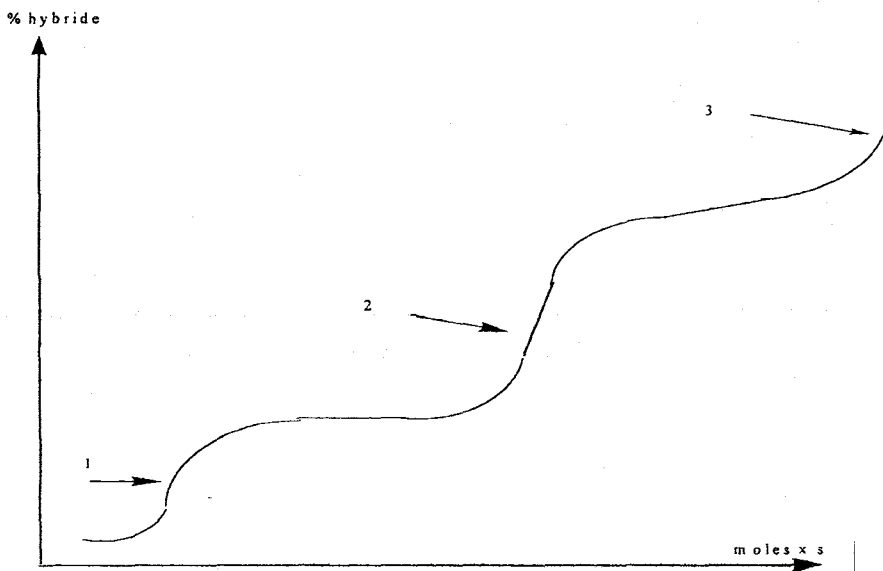
REPONDRE

A : 1-2-4-5 B : 1-2-3-5 C : 2-5 D : 2 E : autre choix

QCM-13. Parmi les schémas suivants, lequel indique le bon déplacement du ribosome avec l'émergence correcte des extrémités de l'ARNm et de la protéine ?



QCM-14. Le schéma suivant de réassociation du DNA de mammifère :



- 1 : le palier 1 correspond à l'ADN hautement répétitif
- 2 : le palier 2 correspond à l'ADN moyennement répétitif
- 3 : le palier 3 correspond à l'ADN à des séquences uniques.
- 4 : l'ADN hautement répétitif est localisé : aux centromères, télomères, minisatellites
- 5 : le palier 2 correspond aux séquences LINE, SINE, rRNA, tRNA, et 5S RNA
- 6 : 45% de l'ADN répétitif extragénique est transposé
- 7 : 8% de l'ADN répétitif extragénique est non transposé.

REPONDRE

A : toutes V B : une f C : deux F D : trois F E : quatre F

QCM-15. Soit la séquence suivante contenant la partie codante d'un gène. Par l'analyse du cadre de lecture, déterminer combien d'aa constituent le polypeptide issu de la traduction de cette partie de gène (on supposera qu'aucun acide aminé n'est retiré du polypeptide après sa traduction).

ATTTAAAGATGTTTATATATATGGGCCGTAGCAGTTATAGTTTAAT

REPONDRE

A : 4 B : 5 C : 6 D : 10 E : autre

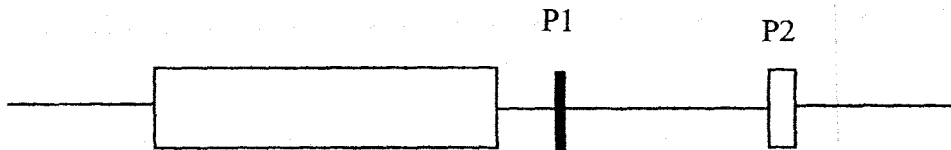
QCM-16. Concernant les séquences répétitives suivants du génome nucléaire humain quelle est la réponse qui regroupe le maximum de propositions exactes ?

- 1 : L'ADN répétitif représente une fraction négligeable de ce génome.
- 2 : l'ensemble de l'ADN microsatellite se trouve dans une zone proche des télomères.
- 3 : les séquences α satellites de 171 pb se trouvent dans une zone proche des centromères
- 4 : les séquences « mini satellites hypervariables » sont constituées de motifs de 15 à 65 pb.

REPONDRE :

A : 2-3-4 B : 1- 2-3 C : toutes V D : 2-3 E : autre choix

QCM-17. Au cours d'une procédure dite de génétique inverse



le polymorphisme P2 est moins informatif sur la localisation du gène morbide que le polymorphisme P1

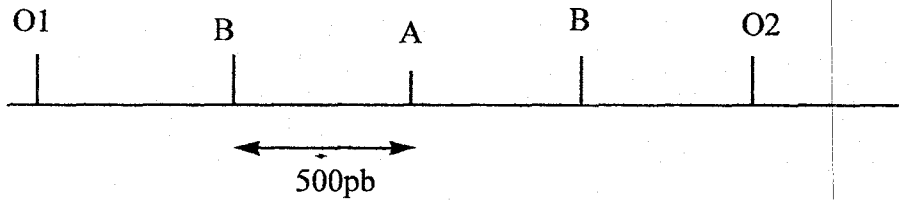
car

au cours de la méiose, la probabilité de recombinaison entre P2 et le gène morbide est plus grande qu'entre P1 et le gène morbide.

REPONDRE

A : 1V, 2V avec R B : 1V, 2V sans R C : 1V, 2F D : 1F, 2V E : 1F, 2F

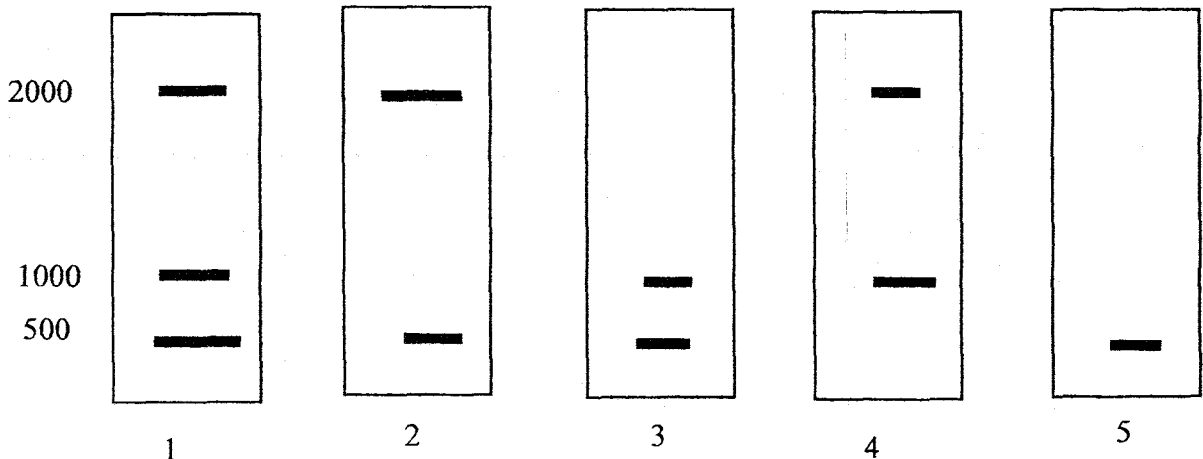
QCM-18



Soit le fragment d'ADN ci-dessus contenant trois sites de restriction correspondant aux enzymes A et B, et deux sites O1 et O2 d'appariement pour des amorces de PCR (la longueur du fragment amplifié étant égale à celle du fragment situé entre O1 et O2. Tous les segments délimités sur le schéma sont de longueur identique et égale à 500 pb.

On réalise une PCR restriction de ce fragment. Sachant que c'est le site muté qui ne pourra plus être coupé par l'enzyme correspondante, donner la réponse qui indique les bonnes associations entre les sujets porteurs ou non de mutations sur les sites de restriction, et les schémas représentant la révélation en bromure d'éthidium (BET) de la migration sur gel de la PCR après coupure (les tailles des fragments sont exprimées en pb).

- a) sujet homozygote pour tous les sites non mutés, et coupure par A et B du produit de la PCR.
- b) sujet hétérozygote pour la mutation du site A, et coupure par A seulement du produit de la PCR.
- c) sujet hétérozygote pour la mutation d'un seul des sites B et coupure par A et B du produit de la PCR.
- d) sujet hétérozygote pour la mutation simultanée des deux sites B et coupure par B seulement du produit de la PCR.



REPENDRE

A : a5-b4-c3-d2 B : a5-b3-c4-d1 C : a1-b4-c2-d3 D : a2-b3-c5-d4 E : autre

QCM-19. Soient les propositions :

- 1 : le codon 5'AGU 3' peut s'apparier avec un anticodon 5' GCU 3'
- 2 : l'anticodon 5' IAA 3' peut s'apparier avec un codon 5' AUU 3'
- 3 : il y a autant aminoacyl-ARN synthétases que de codons correspondants à un acide aminé
- 4 : le codon UGA code, soit pour le signal STOP, soit pour des acide aminés comme la sélénocystéine et la pyrrolysine.
- 5 : la dégénérescence du code est maximum 4.

REPONDRE

A : toutes V, B : une F C : deux F D : trois F E : quatre F

QCM-20. Donnez les propositions exactes :

- 1: le DNA mitochondrial est bicaténaire et circulaire
- 2: le code génétique appliqué au DNA mitochondrial est différent pour quelques acides aminés.
- 3: les gènes du DNA mitochondrial n'ont pas d'introns (eucaryotes)
- 4: le DNA mitochondrial est transmis par la mère
- 5: les gènes mitochondriaux sont au nombre de 37.

REPONDRE:

A: 1-5 B: 1-2-3-4 C : 2-3-5 D: 1-2-3-4-5 E: autre choix