



TUTORAT TIG 2014-2015

CORRECTION Séance n°2 – Semaine du 09/03/2015

Génétique - Epigénétique Pr Toutou et Pr Galas

QCM n°1 : B, C, D, E

- A. Faux. L'hérédité mendélienne correspond à l'hérédité monofactorielle.
- B. **Vrai.** L'environnement a toujours un rôle dans l'hérédité, aussi minime soit-il.
- C. **Vrai.** La proportion de chaque phénotype qualitatif dépend de la fréquence des allèles.
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°2 : A, B, C, E

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.** Le modèle mixte est un intermédiaire entre l'hérédité monogénique et l'hérédité multifactorielle car il y a la présence d'un gène majeur et plusieurs facteurs de susceptibilité.
- D. Faux. Il y a un seul gène majeur et plusieurs gènes de susceptibilité.
- E. **Vrai.**

QCM n°3 : B, C, D, E

- A. Faux. L'hérédité multifactorielle fait intervenir un très grand nombre de gènes en même temps.
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°4 : A, B, C, E

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. Faux. Au sein d'une population en équilibre Hardy Weinberg, les unions sont dites aléatoires.
- E. **Vrai.**

QCM n°5 : A, B, E

- A. **Vrai.**
- B. **Vrai.**
- C. Faux. $F = 1 \times (1/2)^{0+2+1} = 1/8$.
- D. Faux. $F = 2 \times (1/2)^{2+2+1} = 1/16$.
- E. **Vrai.**

QCM n°6 : B, D, E

- A. Faux. Union non aléatoire.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. C'est dans une petite population.

- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°7 : A, C, D, E

- A. **Vrai.**
- B. Faux. Prévalence = $q^2 = 1/30\ 000$ donc $q = 5,8.10^{-3}$. Probabilité d'être malade pour un enfant issu de l'union de cousins germains : Fq , avec $F = 1/16$. Donc ici la probabilité que l'enfant soit atteint est de $(1/16) \times (5,8.10^{-3}) = 29/80\ 000$.
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°8 : A, C

- A. **Vrai.**
- B. Faux. C'est le cas pour les allèles dominants.
- C. **Vrai.**
- D. Faux. C'est l'inverse, des populations variées se mélangent.
- E. Faux. Attention, les unions consanguines n'existent pas.

QCM n°9 : A, C, D, E

- A. **Vrai.**
- B. Faux. $N = 1 ; i = 2 ; j = 4$. $F = 1/128$
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. **Vrai.**

QCM n°10 : A, C, D

- A. **Vrai.**
- B. Faux. C'est l'inverse, il y a une baisse de diversité.
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. Faux. Il existe également des facteurs culturels.

QCM n°11 : B, C, D

- A. Faux. Elle affirme que l'embryon est déjà formé dans le spermatozoïde.
- B. **Vrai.**
- C. **Vrai.**
- D. **Vrai.**
- E. Faux. Au contraire, c'est ainsi que les étiquettes épigénétiques modifient la structure de la chromatine et son accessibilité à la machinerie de transcription.

QCM n°12 : A, E

- A. **Vrai.** Leur état de méthylation est donc un élément régulateur majeur de l'expression génique.
- B. Faux. Ce sont des séquences de taille supérieure à 500 paires de bases.
- C. Faux. Seulement près de la moitié des gènes de l'Homme en contiennent.
- D. Faux. Leur contenu en CG est seulement de 55% ou plus.
- E. **Vrai.**

QCM n°13 : B, D

- A. Faux. Epigénome = génome + modifications épigénétiques.
- B. **Vrai.** Par exemple, si on méthyle la cytosine en 5-méthyl-cytosine, elle peut se désaminer spontanément en thymine. Or, la thymine est une base normale, donc non reconnue par les systèmes de réparation.
- C. Faux. Les mécanismes épigénétiques inactivent certains gènes dans les gamètes de manière très sélective.
- D. **Vrai.** D'un type cellulaire à l'autre, ils vont activer ou réprimer certains gènes.

- E. Faux. La quantité de gènes n'est pas la seule chose importante. Il y a aussi besoin de 'ce qui est marqué dessus' (les empreintes épigénétiques), qui dépendent du sexe.
Rq : androgénote = formé par deux gamètes mâles ; gynogénote = formé par deux gamètes femelles.

QCM n°14 : B, D, E

- A. Faux. Les histones peuvent être méthylées aussi (donc la méthylation est possible sur un acide aminé lysine K ou arginine R, grâce à une Histone MéthylTransferase).
B. **Vrai.** Ces séquences promotrices s'appellent aussi les séquences 5' régulatrices des gènes.
C. Faux. La DNMT de maintenance est l'autre nom de la DNMT 1. Nb : Elle ne peut méthyler que l'ADN hémi-méthylé.
D. **Vrai.** Elles font des méthylations de novo (hors d'une division cellulaire), c'est-à-dire qu'elles n'ont pas besoin de copier des méthylations pré-existantes.
E. **Vrai.** La citrullinisation peut se faire sur une arginine méthylée ou non.

QCM n°15 : C, D, E

- A. Faux. Il ne suffit pas.
B. Faux. Elles conservent une grande partie de leurs étiquettes épigénétiques, elles restent donc « typiques » d'un tissu.
C. **Vrai.** Cela permet notamment l'activation des proto-oncogènes.
D. **Vrai.**
E. **Vrai.** C'est aussi un facteur théranostique.

QCM n°16 : B, C, D

- A. Faux. Il y a peu d'étiquettes mais il y en a quand même.
B. **Vrai.**
C. **Vrai.**
D. **Vrai.**
E. Faux. Lors de la puberté pour l'homme, mais c'est vrai pour la femme.

QCM n°17 : C, D, E

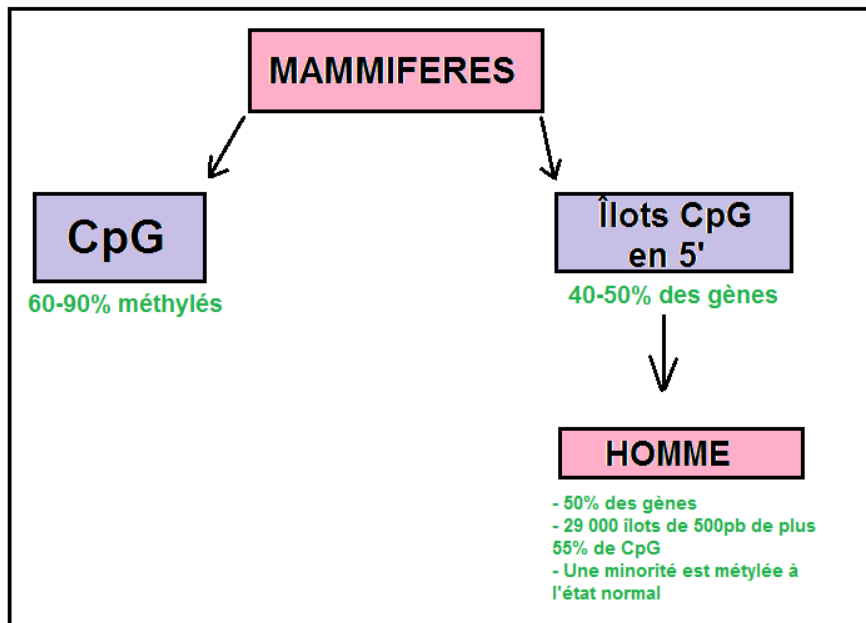
- A. Faux. Elle a une très haute affinité pour les histones méthylées.
B. Faux. HP1 peut s'associer avec HDAC et HMT par homopolymérisation, conduisant à la répression des gènes.
C. **Vrai.** C'est un indicateur dans le pronostic et l'évolution d'un cancer.
D. **Vrai.**
E. **Vrai.**

QCM n°18 : D

- A. Faux. Chromatine = nucléosome = ADN + histones.
B. Faux. Ce sont les nucléosomes qui sont formés d'octamères d'histones.
C. Faux. Cela se trouve au niveau N-terminal.
D. **Vrai.**
E. Faux. L'acétylation de la lysine permet seulement de favoriser l'expression des gènes.

QCM n°19 : A, C, D, E

- A. **Vrai.**
B. Faux. Ce sont 60 à 90% des motifs CpG qui sont méthylés chez les mammifères et non pas des îlots CpG.
C. **Vrai.**
D. **Vrai.**
E. **Vrai.**



QCM n°20 : **B, D**

- A. Faux. L'ADN n'a pas de lysine.
- B. **Vrai.**
- C. Faux. A la naissance oui, mais en vieillissant selon leur mode de vie respectif, leur épigénome va évoluer différemment.
- D. **Vrai.**
- E. Faux. Sérine/tyrosine.