



# Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2022 – 2023

## Unité d'Enseignement spé MEAG

Épreuve de Rattrapage – Médecine

Correction détaillée

**Robin CHANEL**  
**Méline GIRARD**

## Correction rapide

<u>Questions</u>	<u>Réponses</u>
1	ABDE
2	BCE
3	ABC

### **Question 1 : ABDE**

A propos de la biologie moléculaire en infectiologie, quelle(s) proposition(s) est (sont) vraie(s) ?

- A. Elle permet de suivre des patients traités pour une infection virale.
- B. Elle permet de dépister des patients atteints d'une infection virale.
- C. Elle permet de suivre l'évolution d'une épidémie à l'échelle d'une population.
- D. Elle permet le diagnostic étiologique d'un syndrome méningé.
- E. Elle permet d'adapter les souches présentes dans un vaccin.

**A VRAI** Pour savoir quel est l'agent infectieux responsable des signes cliniques comme pour le syndrome méningé.

**B VRAI** On peut voir s'il y a toujours des virus grâce à la PCR multiplex.

**C FAUX** L'information n'est pas donnée.

**D VRAI** Tout à fait.

**E VRAI** En séquençant l'ADN des virus, il est possible de changer la composition des vaccins, comme pour les vaccins contre le Covid-19.

### **Question 2 :BCE**

S'agissant de la résolution des analyses cytogénétiques, quelle(s) proposition(s) est (sont) vraie(s) ?

- A. Elle est de l'ordre de 10 kilobases pour la FISH.
- B. Elle est d'environ 5 mégabases pour le caryotype.
- C. Elle définit la plus petite anomalie visible.
- D. Celle de la FISH varie avec le nombre de sondes utilisées.
- E. Elle peut atteindre la base unique par séquençage.

**A FAUX** La résolution de la FISH est d'environ 200kb.

**B VRAI** La résolution du caryotype se situe entre 5 et 10 mégabases.

**C VRAI** C'est la définition même de la résolution des analyses cytogénétiques.

**D FAUX** La FISH se base sur le fait de voir les chromosomes, la résolution est la même.

**E VRAI** Tout à fait.

### **Question 3 :ABC**

Concernant le séquençage du génome, quelle(s) proposition(s) est (sont) vraie(s) ?

- A. Il permet la détection de SNV ( single nucleotide variation ).
- B. Il permet la détection de délétion.
- C. Il permet la détection de duplication.
- D. Il permet la détection d'environ 40 000 variants chez un individu.
- E. Il permet l'étude des transcrits.

**A VRAI** Le séquençage du génome permet de lire la séquence de l'ADN et donc a une résolution à l'échelle de la base.

**B VRAI** En alignant sur le génome de référence après avoir séquencé on peut identifier une délétion ou une duplication de la base.

**C VRAI** Cf. b

**D FAUX** Il existe 3 à 4 millions de variations inter-individuelles entre deux génomes, on retrouve environ 40000 variants dans l'exome.

**E FAUX** Le séquençage du génome se fait à partir de l'ADN et non pas à partir de l'ARN et donc ne permet pas l'étude des transcrits.