

Université Claude Bernard



Lyon 1



# Tutorat Lyon Est

Année Universitaire 2022 – 2023

## Unité d'Enseignement 2

Annale de rattrapage

Correction détaillée

**Yveline CHEN  
Antoine GARCIN  
Emma GOSTOMSKI  
Nathan GUYS  
Nina PALADE  
Nils PERREY  
Thomas PORTUGAL  
Alexandra TRAN  
Pauline VINCENT**

## Correction rapide

<u>Questions</u>	<u>Réponses</u>
<b><u>QI</u></b>	
1	ADE
2	BD
3	ADE
4	AE
5	ABCDE
6	BCDE
7	BCDE
8	BCD
9	CE
10	BD
11	BCDE
12	DE
13	BDE
14	ACE
15	CE
16	A
17	D
18	CD
19	CE
20	BDE
21	ACDE
22	A
23	ABC
24	ABDE
25	ABE
26	ABCDE
27	BCDE
<b><u>DL1</u></b>	
1	ADE
2	ADE

### Question 1 : ADE

Concernant l'hydrogène et les hydrogénoïdes, quelle est(ont) la (les) proposition(s) exacte(s) ?

On donne  $e = 1,60 \cdot 10^{-19} \text{ C}$  ;  $h = 6,63 \cdot 10^{-34} \text{ J.s}$  ;  $c = 2,99 \cdot 10^8 \text{ ms}^{-1}$

On arrondira à deux chiffres après la virgule :

- A. La plus petite quantité d'énergie absorbée par H initialement à l'état fondamental est de 10,20 eV.
- B. La plus petite quantité d'énergie absorbée par H initialement à l'état fondamental est de 17eV.
- C. Pour ioniser H initialement à l'état fondamental, il faut utiliser une longueur d'onde supérieure ou égale à 91,10 nm.
- D. La transition permettant de passer du niveau  $n=4$  au niveau  $n=2$  pour l'ion  $3\text{Li}^{2+}$  correspond à 22,95 eV.
- E. Pour ioniser un ion  $3\text{Li}^{2+}$  initialement au niveau  $n=4$ , il faut utiliser une longueur d'onde inférieure ou égale à 161,96 nm.

**A VRAI** En traduisant les 2 questions on retrouve : « quelle est l'énergie seuil maximum recevable par un atome d'hydrogène lui permettant de conserver son état fondamental (que son électron reste dans la couche 1 et n'aille pas dans les couches supérieures) ? »

On calcule donc l'énergie nécessaire pour faire passer l'électron de la couche «  $n = 1$  » à «  $n = 2$  » soit :

$$13,6 \cdot (1/1) - 13,6 \cdot (1/4) = 13,6 - 3,4 = 10,2 \text{ eV}$$

L'énergie maximale absorbable par un atome d'Hydrogène à l'état fondamental (donc sans que celui-ci passe à un état excité, donc que l'électron passe à la couche  $n = 2$  voir plus haut) est donc de 10,2 eV → réponse A juste et B fausse.

**B FAUX** Cf A.

**C FAUX** On reprend la méthode détaillée plus loin (cf. item E) sauf qu'ici on considère que la couche équivaut à «  $n = 1$  » comme l'atome est à l'état fondamental (non excité) avec  $Z = 1$  :

$$\text{Énergie d'ionisation} = 13,6 \cdot (1/1) = 13,6 \text{ eV}$$

On trouve la longueur d'onde correspondante avec : «  $\lambda = (h \cdot c)/E$  » en ayant au préalable convertit E (l'énergie d'ionisation) en Joules → «  $13,6 \cdot 1,6 \cdot 10^{-19} = 2,17 \cdot 10^{-18}$  »

On remplace par les valeurs :  $\lambda = (6,63 \cdot 10^{-34} \cdot 2,99 \cdot 10^8) / 2,17 \cdot 10^{-18}$

$$\lambda = 9,11 \cdot 10^{-8} \text{ ce qui correspond en effet à } 91,10 \text{ nm}$$

**Le piège ici est qu'afin d'ioniser un atome une longueur d'onde doit être égale ou inférieure à un seuil**, de manière à pouvoir induire un transfert d'énergie plus important (et non pas une longueur d'onde supérieure à la longueur d'onde seuil qui ne permettrait pas un transfert d'énergie suffisant)

**D VRAI** Pour trouver l'énergie nécessaire à apporter à un hydrogénoïde pour que son unique électron passe d'une couche à une autre il suffit de calculer les énergies d'ionisation respective des deux couches concernées et de les soustraire l'une à l'autre :

$$13,6 \cdot (Z^2/n_1^2) - 13,6 \cdot (Z^2/n_2^2)$$

Ici on a du Lithium avec  $Z = 3$  avec une transition de la couche  $n = 2$  à  $n = 4$ , soit donc :

$$13,6 \cdot (9/4) - 13,6 \cdot (9/16) = 30,6 - 7,65 \text{ eV} = 22,95 \text{ eV}$$

La transition implique donc un apport d'énergie de 22,95 eV.

**E VRAI** On a affaire à un hydrogéoïde, le Li a 3 protons pour une charge positive  $2+$  donc 2 électrons enlevés par rapport à l'état neutre, soit  $3-2 = 1$  électron. C'est donc un hydrogéoïde.

Pour calculer l'énergie d'ionisation d'un hydrogéoïde on prend la formule du cours :  $E_n = -13,6 * (Z^2/n^2)$  avec « Z » le nombre de protons et « n » la couche sur laquelle est située l'unique électron de l'atome.

On a ainsi  $Z = 3$  pour le lithium et l'électron est située sur la couche «  $n = 4$  » :

$$-13,6 * (9/16) = \mathbf{7,65 \text{ eV}}$$

On trouve ensuite la longueur d'onde associée à une telle énergie avec la formule suivante :

$$E = h\nu = \frac{hc}{\lambda} \quad \rightarrow \Delta E \text{ proportionnel à } 1/\lambda$$

On isole la longueur d'onde : «  $\lambda = (h*c)/E$  », sauf que la formule nécessite d'avoir une valeur d'énergie « E » en Joules (J) et non en eV. On a donc :  $1\text{J} = 1\text{eV} * 1,6*10^{*-19}$ . L'énergie minimum en Joule est donc de  $7,65 * 1,6*10^{*-19} = \mathbf{1,22*10^{*-18} \text{ J}}$

On remplace par les valeurs :

$$\lambda = (6,63*10^{*-34} * 2,99*10^{*8}) / 1,2*10^{*-18}$$

$\lambda = 1,62*10^{*-7}$  mètres, on convertit en nm (multiplication par 10 exposant 9) et on trouve donc bien «  $\lambda = \mathbf{161.96 \text{ nm}}$  », et comme on parle d'ionisation l'énergie utilisée peut être soit égale soit supérieure à celle calculée, donc la longueur d'onde du rayonnement associé peut être soit égale soit **inférieure** à celle calculée (comme la longueur d'onde  $\lambda$  d'un rayonnement est inversement proportionnelle à son énergie E).

## **Question 2 : BD**

Concernant l'élément 15P, quelle est(sont) la (les) proposition(s) exacte(s) ?

- A.  $1s^2 2s^2 2p^6 3s^2 3p^2$  est une configuration électronique excitée.
- B. Sa configuration électronique s'écrit  $1s^2 2s^2 2p^6 3s^2 3p^3$ .
- C. Il possède 6 électrons de nombre quantique  $l = 1$ .
- D. Il possède 5 électrons de valence.
- E. Il possède 5 électrons célibataires.

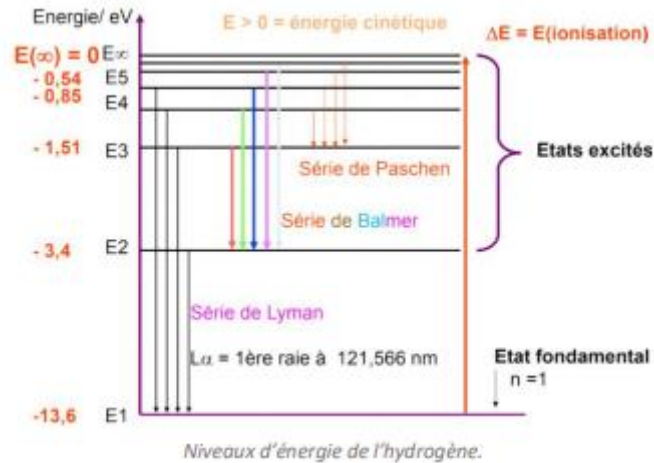
**A FAUX** Une configuration électronique excitée implique la présence d'électrons dans des cases quantiques d'un niveau d'énergie supérieur au leur (plus superficielles), hors ici on n'a que  $2+2+6+2+2 = 14$  et non pas 15 électrons. On n'est donc pas dans un état d'excitation mais dans un état ionisé.

En fait l'état d'excitation dont parle l'item sert d'intermédiaire entre l'état normal et ionisé : un électron a une énergie négative, et plus il se rapproche du centre, plus l'énergie négative grandit (et donc l'énergie réelle diminue, en passant par exemple d'une énergie de «  $-3,4 \text{ eV}$  » à «  $-13,6 \text{ eV}$  »). Par conséquent, plus on s'éloigne du noyau et plus l'énergie augmente jusqu'à s'approcher de 0 à des distances importantes du noyau.

Un apport d'énergie de  $10,2 \text{ eV}$  à un atome va donc entraîner le passage d'un électron dans une sous couche à  $-13,6 \text{ eV}$  à une autre sous-couche plus superficielle à  $-3,4 \text{ eV}$  car «  $-13,6 + 10,2 = -3,4$  ». **On a donc un électron passé de sa couche habituelle à une couche plus excitée, l'énergie de l'atome est donc augmentée** (car on a enlevé de l'énergie négative ce qui revient à ajouter de l'énergie positive) → **atome excité**

Si on veut aller plus loin, l'ionisation pourrait être originaire d'un apport d'énergie de 20 eV sur ce même électron, on aurait donc «  $-13,6 + 20 = 6,4$  » or  $6,4 > 0$  et l'énergie d'un électron est toujours négative, **cela signifie donc que l'électron est expulsé de l'atome, ce dernier est donc ionisé.**

En conclusion de ce long baratin, l'excitation est originaire d'un apport d'énergie externe mais non suffisant pour entraîner l'ionisation de celui-ci et se manifeste donc par un changement de sous-couche/couche électronique d'un électron. Hors ici, l'apport d'énergie a été trop important et l'atome a été ionisé et pas excité. Item faux.



**B VRAI** On remplit les couches dans l'ordre avec les 15 électrons.

**C FAUX** Le nombre quantique secondaire « l » réfère aux sous-couches, un nombre quantique secondaire de 1 réfère donc aux sous-couches « s ». Le piège ici est que l'on constate bien la présence de 6 électrons dans toutes les sous-couches « s » combinées mais l'item parle d'électrons de valence. Les électrons de la sous-couche « 3s » sont donc les seuls concernés et au nombre de 2 et pas 6.

**D VRAI** Les électrons de valence sont ceux de la couche (n) la plus superficielle, ici la 3<sup>e</sup>. On a donc 2 électrons dans la sous-couche « s » et 3 dans la « p » soit 5 électrons de valence.

Remarque : pour les atomes ayant des couches 4, 5 et plus on prend aussi les électrons de la sous-couche « d » de la couche « n-1 ». Par exemple, un atome dont la CE se finit par « 4s2 3d2 » aura 4 et non pas 2 électrons de valence car on prend aussi ceux de la sous-couche 3d !

**E FAUX** Les électrons célibataires sont seuls dans leur case quantique (abritant au maximum 2 électrons). Or, les cases quantiques d'une sous-couche doivent toutes être remplies avant de passer à la suivante, il n'y a donc pas d'électrons célibataires dans des sous-couches et couches entièrement remplies (Xs2 Xp6 Xd10 typiquement).

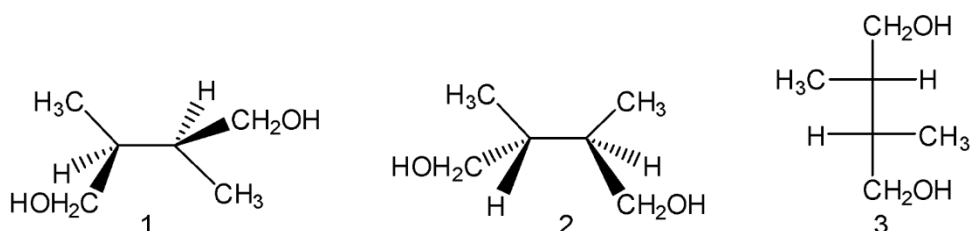
On regarde donc la seule sous-couche incomplète de l'atome : la 3p3, la sous-couche « p » possède 3 cases quantiques (car 6 électrons au maximum, donc  $6/2 = 3$  cases quantiques comme chacune peut prendre 3 électrons) + selon la **règle de Hund** les électrons ne se mettent dans la même case quantique qu'en cas de nécessité

➔ Ici on a 3 électrons pour 3 cases quantiques, ils se mettent donc tous dans une case quantique différente et sont donc tous les 3 célibataires !

On a ainsi 3 électrons célibataires et pas 5, les deux électrons de la sous-couche « s » sont dans la même case quantique (et unique case quantique de la SC « s ») par conséquent non célibataires (ils sont en couple c'est mignon).

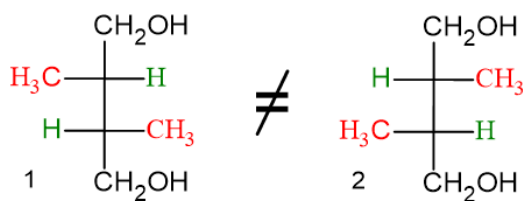
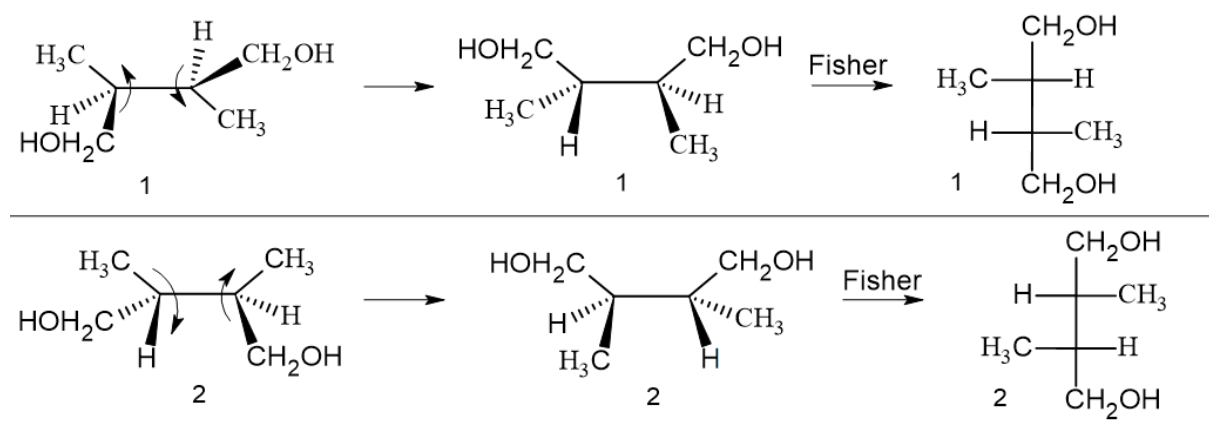
### Question 3 : ADE

Cette question est relative aux structures 1 à 3 suivantes. Quelle(s) est (sont) la (les) proposition(s) exacte(s) :



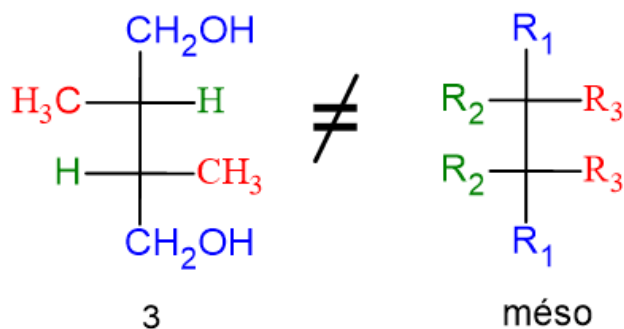
- A. 1 et 2 sont énantiomères.
- B. 3 est de configuration méso.
- C. 1 et 3 sont diastéréoisomères.
- D. 2 et 3 sont énantiomères.
- E. Elles possèdent toutes la même formule brute.

**A VRAI** Les molécules 1 et 2 diffèrent par le changement de configuration de tous les carbones asymétriques : ce sont donc des énantiomères.



énantiomères

**B FAUX** En effet, on observe facilement que le composé 3 ne correspond pas à un composé méso.



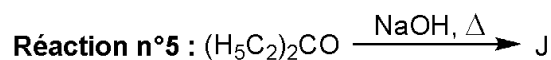
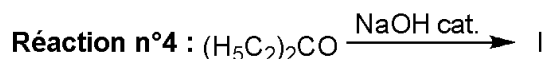
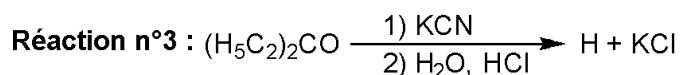
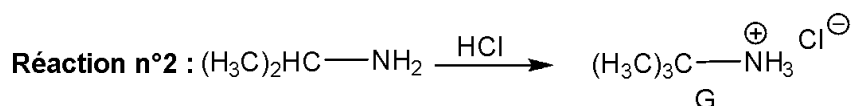
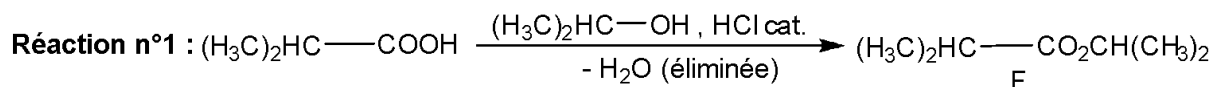
**C FAUX** On a représenté 1 en Fisher (voir item A) et on a pu donc remarquer que 1 et 3 sont en fait la même molécule : elles ne sont donc pas des isomères donc ne peuvent être des diastéréoisomères.

**D VRAI** Comme 1 et 2 sont énantiomères et que 1 et 3 représentent la même molécule, 2 et 3 sont énantiomères.

**E VRAI** En effet, on remarque rapidement que les 2 C\* de ces 3 molécules sont liés aux mêmes groupements : -CH<sub>2</sub>OH ; -CH<sub>3</sub> ; H. On en déduit donc que ces 3 molécules possèdent la même formule brute (pour les plus curieux, C<sub>6</sub>H<sub>14</sub>O<sub>2</sub>).

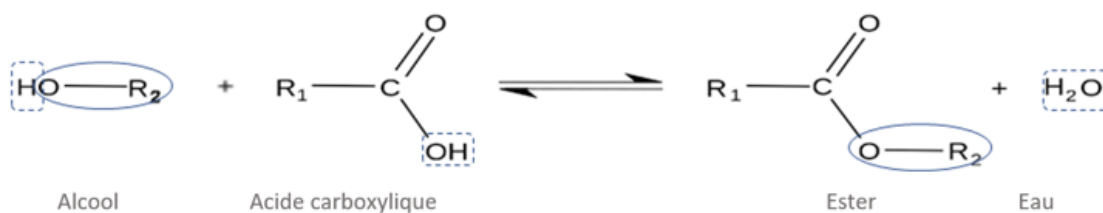
#### Question 4 : AE

Concernant les réactions 1 à 5 suivantes, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

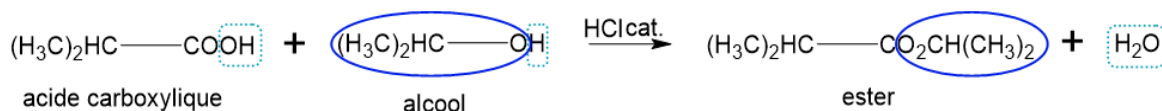


- A. Dans la Réaction n°1, la structure proposée pour le composé F est correcte.
- B. Dans la Réaction n°2, la structure proposée pour le composé G est correcte.
- C. Dans la Réaction n°3, le composé H est chiral.
- D. Dans la Réaction n°4, le composé I est un aldol.
- E. Dans la Réaction n°5, le composé J est une cétone insaturée.

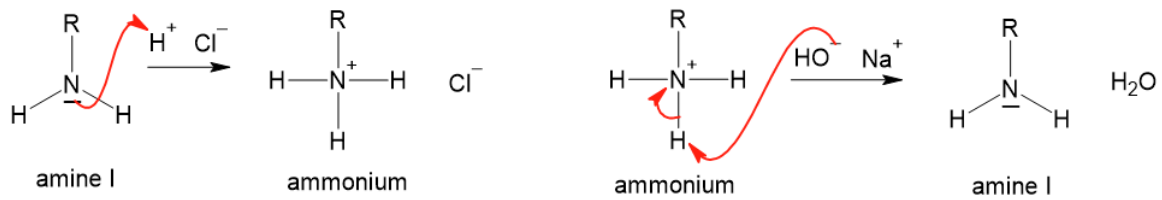
**A VRAI** La réaction 1 est une réaction d'estérification, le composé F est en effet correct.



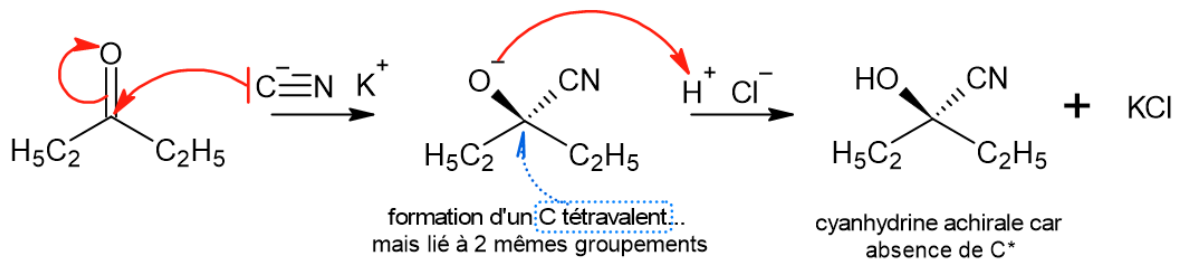
Réaction d'estérification.



**B FAUX** Attention au groupement à gauche ! La réaction 2 correspond à une formation d'ammonium, cependant l'ammonium G est incorrect car il n'aurait dû différer avec l'amine qui réagit que par l'ajout d'un H sur le N. Cependant, le groupement radical a également changé : passant de  $(\text{H}_3\text{C})_2\text{HC}-$  à  $(\text{H}_3\text{C})_3\text{C}-$  le composé G est donc incorrect.



**C FAUX** Le C trivalent doublement lié à l'O de la cétone qui réagit est lié à 2 mêmes groupements :  $-\text{C}_2\text{H}_5$ . Cela signifie qu'au cours de la réaction lorsque ce C trivalent deviendra un C tétravalent, il ne deviendra pas un  $\text{C}^*$  car il ne sera pas lié à 4 groupements tous différents : il sera toujours lié à 2 groupements  $-\text{C}_2\text{H}_5$ . Ainsi, comme la cyanhydrine finale ne possédera pas de  $\text{C}^*$ , elle ne sera pas chirale.



**D FAUX** Le composé qui réagit est une cétone, le composé I sera donc une cétole.

**E VRAI** Oui, la cétone qui réagit est doublement énolisable et est en présence de NaOH et de chaleur. Tous les réactifs sont bons pour former une cétone énolisable.

### Question 5 : ABCDE

A propos des ARN longs non codants chez les Eucaryotes, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Ils jouent un rôle important dans la régulation de l'expression des gènes.
- B. En recrutant des protéines modificatrices de la chromatine, ils participent à la modulation de l'état de condensation de la chromatine.
- C. Ils peuvent être précurseurs de microARN.
- D. Ils peuvent servir « d'éponge » à microARN.
- E. Comme les ARNm, ils sont synthétisés par l'ARN polymérase II.

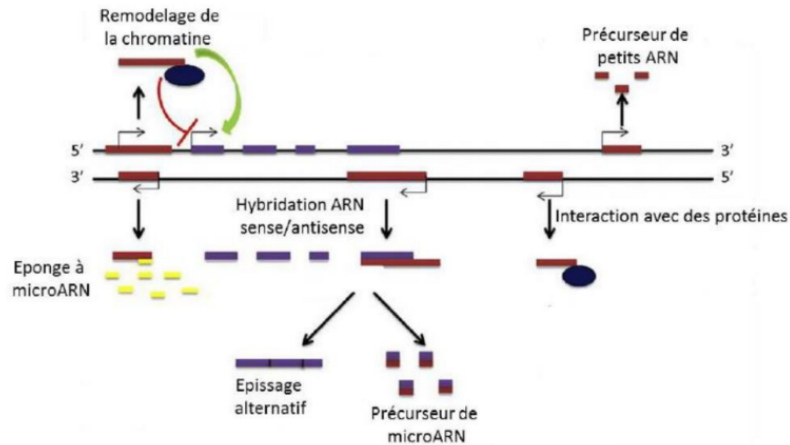
**A VRAI** Au sens large car ils interviennent de plusieurs façons.

**B VRAI** Ils recrutent des histones désacétylases (entraînant une forte compaction de l'ADN) notamment dans l'inactivation d'un chromosome X.



**C VRAI**

## Long non coding RNA (taille 1-10 kb)



**D VRAI** De cette façon ils inhibent la dégradation de certains ARNm par les microARN.

**E VRAI** Avec les ARNsn et ARNsno également.

### **Question 6 : BCDE**

A propos de la traduction, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Tous les amino-acyl ARNt (sauf l'ARNt initiateur) rentrent dans le ribosome au niveau du site P.
- B. Les tétracyclines sont des antibiotiques qui inhibent la traduction procaryote.
- C. Un codon AUG code systématiquement pour une méthionine chez les Eucaryotes.
- D. Une erreur de type insertion d'un nucléotide induit un décalage du cadre de lecture lors de la traduction si elle est située dans un cistron.
- E. Un codon sens dans le code génétique universel peut représenter un codon non-sens dans le code génétique mitochondrial.

**A FAUX** Tous les amino-acyl-ARNt rentrent dans le ribosome au niveau du site A sauf l'ARNt initiateur qui se positionne directement au niveau du site P.

**B VRAI** Les tétracyclines bloquent la liaison des amino-acyl-ARNt (qui correspondent à la forme des ARNt quand ils sont liés à leur acide aminé) au niveau du site A du ribosome, ce qui va bloquer la traduction.

**C VRAI** C'est chez les procaryotes qu'elle peut coder pour une N-formyl-méthionine.

**D VRAI** Un cistron est une unité codante pour une protéine. Il commence par un codon AUG et termine par un codon STOP. Si une insertion ou une délétion d'un nucléotide se produit au sein du cistron, alors on aura un décalage du cadre de lecture (aussi appelé frameshift).

**E VRAI** Le code génétique mitochondrial est différent du code génétique universel.

### **Question 7 : BCDE**

A propos de la transcription, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. L'ARN polymérase cœur procaryote est capable de reconnaître et de se fixer sur la région promotrice du gène.
- B. L'ARN polymérase II doit s'associer à de nombreux facteurs généraux de la transcription (dont TFIID) pour former un complexe multimérique qui sera capable de se fixer sur la région promotrice du gène.
- C. Le facteur général de la transcription TFIID possède une activité hélicase et une activité kinase.
- D. L'avancée de la boucle de transcription induit des surenroulements positifs de l'ADN.
- E. La rifampicine est un antibiotique qui bloque la transcription et qui est utilisé dans le traitement de la tuberculose.

**A FAUX** Chez les procaryotes (dont E. coli), l'ARN pol sous sa **forme holoenzyme** (lié au facteur sigma) peut reconnaître directement le promoteur et initier la transcription sans avoir besoin de cofacteur (contrairement aux ARN pol eucaryotes).

**B VRAI** L'ARN polymérase II n'est pas capable, seule, de reconnaître la TATA box (région promotrice), de réaliser l'ouverture des deux brins et d'initier la transcription. Pour faire ça, l'ARN pol II doit être former un complexe multimérique en s'associant à des facteurs généraux de transcription (TFII), dont TFIID. TFIID reconnaît et se fixe sur la boîte TATA, ce qui induit une distorsion de l'ADN et un signal de recrutement d'autres facteurs généraux de la transcription TFII et de l'ARN pol II.

**C VRAI** TFIID permet l'ouverture de l'ADN sur une courte distance (activité hélicase) et la phosphorylation de l'ARN pol II (activité kinase), ce qui induit un changement de conformation de cette dernière.

**D VRAI** La boucle de transcription est la zone où est synthétisée l'ARN. Celle-ci induit des surenroulements positifs.

**E VRAI** La rifampicine est utilisée dans cette indication : suivant sa concentration, elle bloque l'initiation de la traduction ou induit des anomalies de lecture du code génétique.

### **Question 8 : BCD**

A propos de la réparation de l'ADN chez l'Homme, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. La photolyase permet de réparer des dimères de thymine par retour à l'état antérieur.
- B. Lors de la recombinaison homologe, il y a formation d'une lacune post-répllicative sur le brin d'ADN fils synthétisé à partir du brin de l'ADN parental contenant la lésion.
- C. La réparation d'une désamination spontanée fait intervenir une ADN glycosylase spécifique.
- D. Les réparations de type BER ou NER font intervenir dans les dernières étapes une ADN polymérase et une ADN ligase.
- E. Un agent alkylant induira la déméthylation de certaines bases.

**A FAUX** Piège classique : elle n'existe pas chez l'Homme !! Elle possède bien cette fonction mais chez la bactérie et chez des eucaryotes inférieurs.

**B VRAI** L'ADN pol va commencer la réplication, sauter l'endroit où se situe la lésion et reprendre juste après. Ensuite, le système de réparation va prélever le fragment correspondant à la brèche sur le brin parent opposé et va l'associer à la brèche pour avoir un fragment continu.

**C VRAI** Elle est spécifique de la base à réparer.

**D VRAI** Après excision de la base ou des quelques bases, on passe par une étape de polymérisation pour combler, puis la ligase intervient pour créer les liaisons manquantes.

**E FAUX** Au contraire il provoque l'ajoute des groupements alkyles ou méthyles (et non leur retrait : déméthylation).

### **Question 9 : CE**

A propos de la réplication, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. L'allongement des télomères humains induit la sénescence répliative.
- B. Si l'activité cellulaire de la primase est faible ou nulle, on observe après chaque division cellulaire un raccourcissement des chromosomes humains de la taille des amorces d'ARNm.
- C. Les séquences répétées présentes au niveau des télomères humains sont des séquences répétées en file indienne.
- D. La réplication des chromosomes humains s'initie et s'effectue par petites portions et de manière synchrone.
- E. Les séquences répétées présentes au niveau des télomères humains résultent de l'activité d'une ribonucléoprotéine possédant une activité reverse transcriptase.

**A FAUX** C'est le raccourcissement des télomères qui induit la sénescence répliative. Les télomères sont la partie de l'ADN qui permet de voir si la cellule s'est trop divisée. A chaque division, elle perd un petit bout de ses télomères (partiellement compensé par la télomérase) et une fois qu'elles sont trop petites la cellule entre en sénescence. Le raccourcissement des télomères permet l'entrée de la cellule en sénescence et l'allongement des télomères permet de lutter contre !

**B FAUX** L'activité de la primase n'est pas corrélable à la taille des chromosomes. C'est si l'activité des télomérases est faible que l'on voit un raccourcissement des chromosomes humains. Si on a des primases qui fonctionnent mal alors il y aura des problèmes de réplication et donc pas de division cellulaire.

**C VRAI** En effet, on aura bien une séquence en file indienne (à la suite) qui va se répéter, c'est le motif qui est dans la matrice d'ARN de la télomérase.

**D FAUX** En effet la réplication des chromosomes humains se fait bien par portions mais qui s'initient les uns après les autres, de manière **asynchrone**. Toutes les origines de réplication ne sont pas activées en même temps. Elles sont activées par groupes de 20 à 80, c'est ce que l'on nomme des unités de répliations.

**E VRAI** C'est bien la télomérase qui va permettre de polymériser les séquences répétées présentes au niveau des télomères. La télomérase est une polymérase (donc une protéine avec une activité polymérase) avec une matrice d'ARN (on a donc de l'ARN en plus des protéines donc ribonucléoprotéine) qui polymérise de l'ADN on appelle cela une reverse transcriptase (ARN vers ADN). Tout est donc bien vrai dans cet item.

### **Question 10 : BD**

A propos de la réplication de l'ADN, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Un polysome permet la synthèse par polymérisation de l'ADN.
- B. La fidélité de l'ADN polymérase permet un taux d'erreur d'environ une erreur toutes les  $10^7$  paires de bases.
- C. La primase synthétise les amorces d'ADN nécessaires à l'initiation de la réplication.
- D. L'ADN polymérase  $\alpha$  initie la réplication sur le brin tardif chez les Eucaryotes.
- E. Les surenroulements négatifs de l'ADN induits par la gyrase résultent de la diminution de contraintes physiques sur la molécule d'ADN.

**A FAUX** La traduction peut s'effectuer de manière simultanée par plusieurs ribosomes (qui synthétisent en même temps) : ils forment alors un ensemble nommé **polysome** ou polyribosome, permet une accélération de la synthèse protéique donc ça ne concerne pas la réplication (polymérisation de l'ADN).

**B VRAI** On a *in fine* un nucléotide incorrectement apparié toutes les  $10^9$  bases. Mais seulement un sur  $10^7$  avec l'action de l'ADN polymérase :

- Polymérisation 5'-3' :  $10^5$
- Correction exonucléolytique 3'-5' :  $10^2$

Les une sur  $10^2$  erreurs suivantes sont liées à la correction des mésappariements contrôlée par les CH<sub>3</sub> ! C'est différent de l'action de l'ADN polymérase (cette information est présente sur la diapositive de conclusion, il faut bien connaître ces chiffres).

**C FAUX** Lisez bien ! Ce sont des amorces d'ARN qui sont synthétisées par la primase.

**D VRAI** L'ADN polymérase alpha ( $\alpha$ ) initie la réplication sur les deux brins fils (donc brin tardif inclus), et ensuite l'ADN polymérase epsilon ( $\epsilon$ ) réalise l'élongation sur le brin avancé, tandis que l'ADN polymérase delta ( $\delta$ ) réalise l'élongation du brin retardé.

**E FAUX** Que ce soit pour des surenroulements négatifs ou positifs, les deux résultent d'une augmentation des contraintes physiques sur la molécule d'ADN. A une tension minimale, la configuration de la molécule d'ADN est stable, c'est-à-dire sans surenroulement.

### **Question 11 : BCDE**

A propos de la structure des protéines, quelle(s) est (sont) la (les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Les hélices alpha et feuillets bêta sont des éléments de structure tertiaire.
- B. L'arrangement spatial de plusieurs chaînes polypeptidiques dans une protéine définit sa structure quaternaire.
- C. L'ordre des acides aminés dans la chaîne polypeptidique correspond à la structure primaire.
- D. La structure tertiaire est stabilisée par des liaisons hydrogène et/ou ioniques.
- E. La structure tertiaire peut être stabilisée par des liaisons covalentes.

**A FAUX** Ce sont des éléments de la **structure secondaire**, qui correspond à la manière dont se replie certaines parties de la protéine, pour adopter une conformation de plus faible énergie.

La **structure tertiaire** quant à elle correspond à l'établissement de **domaines protéiques** grâce à différentes liaisons intracaténales.

**B VRAI** En effet, la **structure quaternaire** (qui ne concerne pas toutes les protéines) correspond à l'association et à l'arrangement dans l'espace de plusieurs chaînes protéiques appelées **monomères**. L'association des monomères constitue la **protéine fonctionnelle** qui est un **oligomère**.

**C VRAI** C'est tout à fait ça ! Les AA, en fonction de leurs caractéristiques physiques et chimiques, vont imposer une certaine structure à la chaîne protéique.

**D VRAI** Comme dit en A, la structure tertiaire correspond aux chaînes intracaténares qui s'établissent entre les chaînes latérales des AA. Ces liaisons peuvent être **hydrogènes**, **hydrophobes**, **ioniques** mais aussi **covalentes**, comme les ponts disulfures.

**E VRAI** cf. D 😊

### Question 12 : DE

A propos de la technique de western blot, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

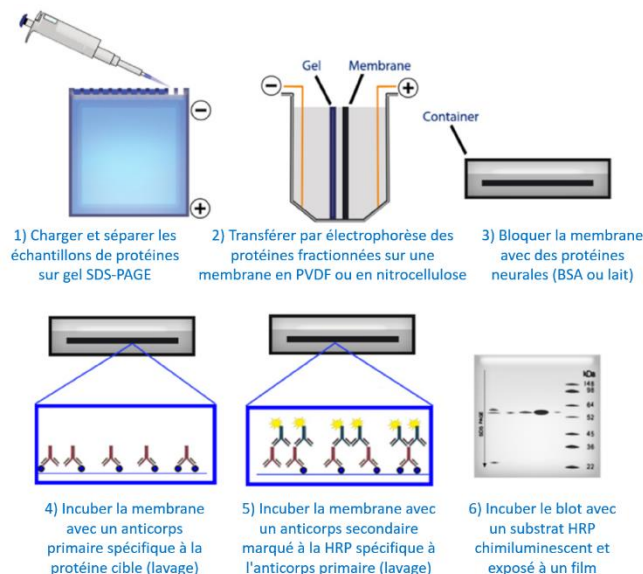
- A. Elle permet de purifier des protéines à partir d'un échantillon.
- B. Elle nécessite une étape d'amplification de l'ADN présent dans l'échantillon étudié.
- C. Elle débute par un transfert des protéines sur une membrane.
- D. Elle comprend une étape de séparation électrophorétique sur gel de polyacrylamide.
- E. Elle utilise un marqueur de poids moléculaire pour aider à identifier la taille des protéines détectées.

**A FAUX** Le Western Blot permet de **détecter**, et non purifier, les protéines d'un échantillon à l'aide d'anticorps.

**B FAUX** On ne s'intéresse pas à l'ADN ici, simplement aux protéines.

**C FAUX** La **première étape** consiste à charger toutes les protéines négativement et à casser les liaisons intraprotéiques faibles grâce au **SDS**, et casser les ponts disulfures grâce au **DTT**.

Le **transfert des protéines sur une membrane** grâce à l'application d'un courant électrique correspond à la **deuxième étape**.



Etapes du Western-blot.

**D VRAI** C'est ce qu'on appelle le **PAGE** : *PolyAcrylamide Gel Electrophoresis*. Le gel de polyacrylamide constitue un filet de plus en plus serré qui permet de séparer les protéines selon leur **taille**. La migration se fait par l'application d'un **courant électrique** : les protéines étant chargées négativement par le SDS, elles migreront vers la borne +.

**E VRAI** Le **marqueur de poids moléculaire** correspond à des **protéines** dont on connaît le poids moléculaire qu'on fait migrer sur le gel. Elles sont ensuite colorées et constituent ainsi une **échelle de poids moléculaires** qui permet de déterminer le poids moléculaires des protéines d'intérêt.

### **Question 13** : BDE

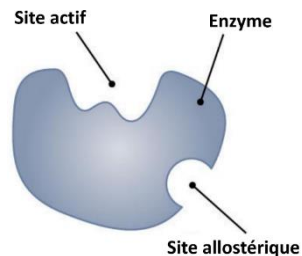
A propos des enzymes, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Elles transportent des ions à travers la membrane cellulaire.
- B. Elles stabilisent l'état de transition d'une réaction chimique.
- C. Elles fixent leurs substrats au niveau du site allostérique.
- D. Elles peuvent être dénaturées par la chaleur.
- E. Elles peuvent être inhibées pharmacologiquement.

**A FAUX** Une enzyme est un **catalyseur de réactions chimiques**. Elles ne transportent pas d'ions à travers la membrane, c'est le rôle des canaux ioniques de transporter des ions à travers la membrane.

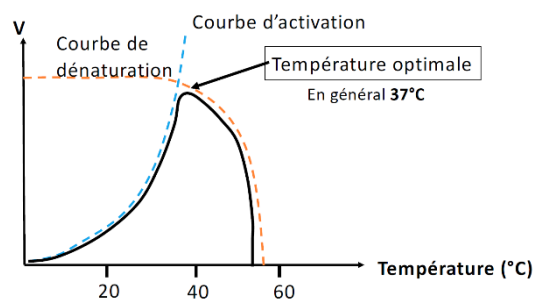
**B VRAI** Les enzymes permettent de maintenir une bonne orientation spatiale entre les substrats, stabilisant ainsi l'état de transition d'une réaction chimique.

**C FAUX** Les **enzymes** fixent leurs **substrats** au niveau du **site ACTIF**.



Les **inhibiteurs non compétitifs** (inhibiteurs pharmacologiques) se fixent en dehors du site actif, sur le **site allostérique**.

**D VRAI** Les **enzymes** sont majoritairement des **protéines** et plus rarement des **ARN**. Si les protéines (ou les ARN) sont trop chauffées, cela dissocie les liaisons internes et **dénature** la protéine.



Le **pH** a également une influence sur le repliement des protéines.



**E VRAI** Les enzymes peuvent être inhibées pharmacologiquement par des inhibiteurs réversibles ou irréversibles.

### **Question 14 : ACE**

A propos du peptide S-E-L-E-C-T-I-F, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

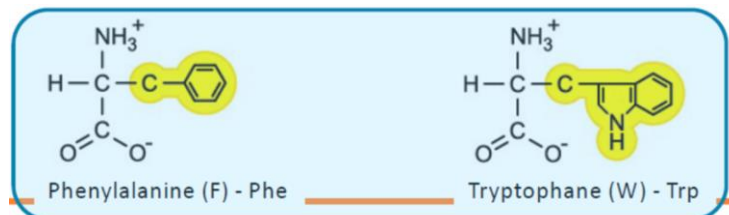
- A. Tous ses acides aminés contiennent un carbone alpha asymétrique.
- B. Il contient deux acides aminés essentiels.
- C. Il contient un acide aminé aromatique.
- D. Il est ionisé positivement au pH physiologique.
- E. Il peut être phosphorylé.

**A VRAI** Le seul AA qui n'a **pas de carbone alpha asymétrique** est la **glycine G**. Sinon, tous les autres AA en ont : ils en ont tous un (le carbone central) sauf **l'isoleucine I** et la **thréonine T** qui en ont **deux**. Il n'y a pas de glycine G ici, donc c'est vrai !

**B FAUX** Le goat des moyens mnémotechniques est de retour 😊 : **HoT MILK FoR VW** pour les **AA essentiels**. Il y en a donc 4 ici : la leucine L, l'isoleucine I, la phénylalanine F et la thréonine T.

**C VRAI** Il existe deux AA aromatiques : le **tryptophane W** et la **phénylalanine F**.

Pour rappel, ils absorbent dans l'UV à **280nm** et voici leur structure :



**AROMATIQUE** ⇒ Absorption dans l'UV

*Structure des AA aromatiques.*

**D FAUX** Le pH physiologique est 7,4.

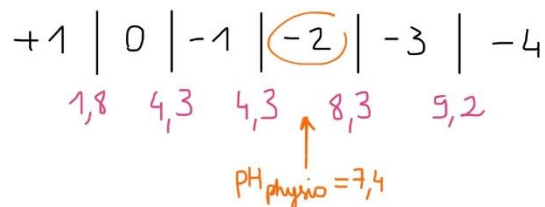
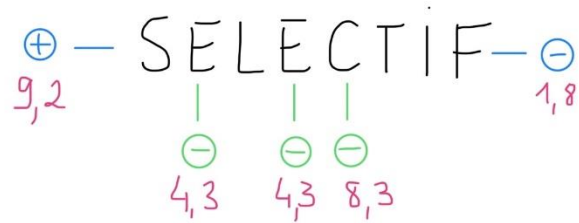
Pour répondre à cette question, il faut réaliser l'échelle de charges du peptide en fonction du pH, qui dépend des groupements ionisables situés aux extrémités du peptide et portés par les chaînes latérales des AA.

Voici le bilan des charges que peut porter le peptide SELECTIF :

- + en N-term avec le groupement  $\text{NH}_3^+$  libre de la serine ;
- en C-term avec le groupement  $\text{COO}^-$  libre de la phénylalanine ;
- 2- avec les chaînes latérales de l'acide glutamique ;
- avec la chaîne latérale de la cystéine.

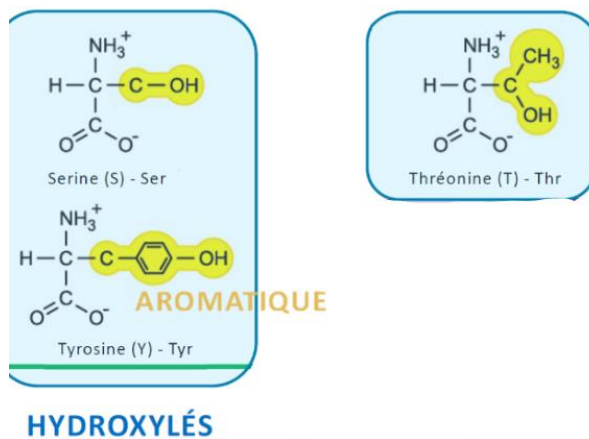
On cherche dans la table les **valeurs de pKa** correspondantes : le pKa 2 de la serine (9,2), le pKa1 de la phénylalanine (1,8) et le pKaR de l'acide glutamique (4,3) et de la cystéine(8,3).

Ensuite, on réalise l'échelle de **charge par ordre décroissant** : du maximum de charges + (1) jusqu'au maximum de charges - (4), et on associe à chaque intervalle les 5 valeurs de **pKa par ordre croissant**.



Le pH physiologique se situe dans l'intervalle compris entre 4,3 et 8,3 où le peptide a une charge de -2, donc négative.

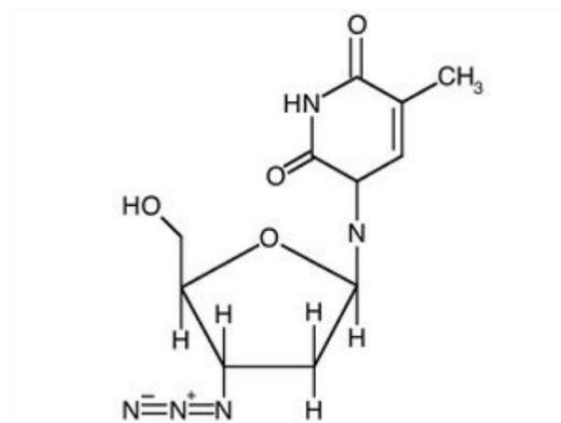
**E VRAI** Les acides aminés phosphorylables sont ceux qui portent une fonction alcool OH : la sérine S, la tyrosine Y et la thréonine T. Donc le peptide SELECTIF peut effectivement être phosphorylé, et ce sur 2 sites différents !



Structure des AA hydroxylés et phosphorylables.

**Question 15 : CE**

A propos de la structure suivante, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?





- A. Il s'agit d'un analogue de désoxycytidine.
- B. Il empêche la fusion du VIH avec la cellule hôte.
- C. Il agit comme un inhibiteur compétitif de la reverse transcriptase virale.
- D. Il est extrait à partir d'un champignon.
- E. Il peut s'apparier avec une désoxyadénosine.

**Hors programme pour l'année 2023-2024**

**A FAUX** Il s'agit de l'AZT, un analogue de la **désoxythymidine**.

**B FAUX** L'AZT est un médicament utilisé pour traiter les rétrovirus comme le VIH. L'AZT va **bloquer la réplication mais pas la fusion**.

**C VRAI** L'AZT est un **inhibiteur compétitif de la reverse transcriptase**.

**D FAUX** Il n'existe aucun médicament anti-VIH à base de champignons médicinaux.

**E VRAI** La désoxyadénosine d'apparie avec la désoxythymidine. Or l'AZT est un analogue de la désoxythymidine donc l'AZT peut s'apparier avec la désoxyadénosine.

### **Question 16 : A**

A propos des ARN messagers eucaryotes, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Leur queue poly(A) les protège de l'action des exonucléases cytoplasmiques
- B. Leur région 5' UTR permet leur exportation du noyau vers le cytoplasme
- C. Ils sont constitués d'une seule chaîne d'acides aminés
- D. Ils sont synthétisés par une transcriptase inverse
- E. Ils transportent les acides aminés au niveau du site de synthèse des ribosomes

**A VRAI** Pour commencer on va bien différencier :

- Les endonucléases, qui coupent à l'intérieur de l'ARNm
- Les exonucléases (qui ici nous intéressent) qui coupent aux extrémités 5' et 3' de l'ADN

La queue poly(A) va donner de quoi « grignoter » aux exonucléases cytoplasmiques du côté 3' de l'ARN, ce qui va permettre de protéger la séquence d'ARNm.

**B FAUX** Item noté faux par le professeur. La nuance s'est probablement faite entre « région 5' UTR entière » (sous-entendue par l'item) et « 5' Cap » pour laquelle l'item serait vrai.

On retrouve à l'extrémité 5' une coiffe (« Cap »), c'est-à-dire une 5-méthyl-guanosine. Elle possède différentes fonctions :

- Distinction des différents types d'ARN (pas tous ne possèdent une coiffe)
- **Exportation des ARNm du noyau vers le cytoplasme**
- Fixation de la petite SU du ribosome

**C FAUX** Les ARN messagers sont constitués de nucléotides (identiques à l'ADN à l'exception près que l'on remplace les thymines par les uraciles, le désoxyribose par du ribose et que l'on passe d'une structure double brin à simple brin) et non pas d'acides aminés.

**D FAUX** Ils sont synthétisés par une transcriptase (tout court) ! La transcriptase inverse intervient dans les cycles des rétrotransposons, où l'ADN est transcrit en ARN par une transcriptase puis **rétrotranscrit en ADN par une transcriptase inverse**.

**E FAUX** Le transport des acides aminés jusqu'au site de synthèse des ribosomes (grande SU) correspond au rôle des ARN de transfert (ARNt en forme de trèfle). Les ARNm sont en quelque sorte une version intermédiaire du contenu génétique qui sera littéralement traduite en protéines/succession d'acides aminés grâce aux ribosomes et aux ARNt.

### **Question 17 : D**

A propos du génome mitochondrial, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Il se présente sous forme d'un chromosome linéaire d'ADN double brin.
- B. Il code pour l'ensemble des protéines mitochondriales.
- C. Il contient environ 1 million de paires de bases.
- D. Ses mutations peuvent être responsables de maladies neuromusculaires sévères.
- E. Il est transmis à parts égales par les 2 parents.

**A FAUX** Il se présente sous forme d'un chromosome **circulaire** double brin. On peut aussi remarquer que son code génétique est différent de celui de l'humain.

**B FAUX** Le génome mitochondrial n'est constitué que de 16 500 paires de bases, il ne peut pas coder pour l'ensemble des protéines impliquées dans toutes les réactions chimiques ayant lieu en son sein. La majorité des protéines mitochondriales (ou plutôt présentes dans la mitochondrie) sont synthétisées par les cellules hôtes.

**C FAUX** Environ 16 000 paires de bases, on est loin du compte dans l'item.

**D VRAI** On peut prendre l'exemple du cours : la sclérose latérale amyotrophique (maladie de Stephen Hawking, aussi appelée maladie de Charcot) dans laquelle un dysfonctionnement des mitochondries provoque une destruction des motoneurones. Le sarcomère innervé ne reçoit plus d'influx nerveux et ne peut donc plus se contracter → amyotrophie, perte de capacité de mouvement/respiration → mort.

**E FAUX** Il est transmis exclusivement par la mère, les mitochondries paternelles étant détruites lorsque le spermatozoïde rentre dans l'ovule.

### **Question 18 : CD**

A propos de la loi de Hardy-Weinberg, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Elle permet d'estimer la probabilité de l'apparition de mutations.
- B. Elle permet d'estimer les fréquences phénotypiques dans une population.
- C. Elle est valide en l'absence de sélection naturelle.
- D. Elle postule que les fréquences alléliques au sein d'une population restent constantes au fil du temps.
- E. Elle s'applique aux populations qui subissent une forte dérive génétique.

**A FAUX** La **loi d'Hardy-Weinberg** permet d'estimer la fréquence des allèles et des génotypes présents dans une population. Pour que la loi d'Hardy-Weinberg s'applique, l'une des conditions est qu'il ne faut pas qu'il y ait de mutations.

**B FAUX** La **loi d'Hardy-Weinberg** permet de déterminer mathématiquement la relation entre les **fréquences alléliques** et les **fréquences génotypiques**. Néanmoins, la loi d'Hardy Weinberg ne permet pas d'estimer les fréquences phénotypiques dans une population.

**C VRAI** Cette loi s'applique avec des conditions de validité très strictes :

- Population de **taille infinie** :
- **Panmixie** : les couples d'allèles se forment au hasard.

- **Pangamie** : les gamètes parentaux se rencontrent au hasard
- Pas de chevauchements entre les générations
- **Pas de sélection naturelle, de mutations, de migration ou de dérive génétique.**

**D VRAI** Cette loi illustre le maintien de la stabilité génétique (des fréquences alléliques) au cours des générations.

**E FAUX** Elle ne s'applique pas aux populations qui subissent une forte dérive génétique. Voir la correction de l'item C pour connaître les conditions de validité de la loi d'Hardy-Weinberg.

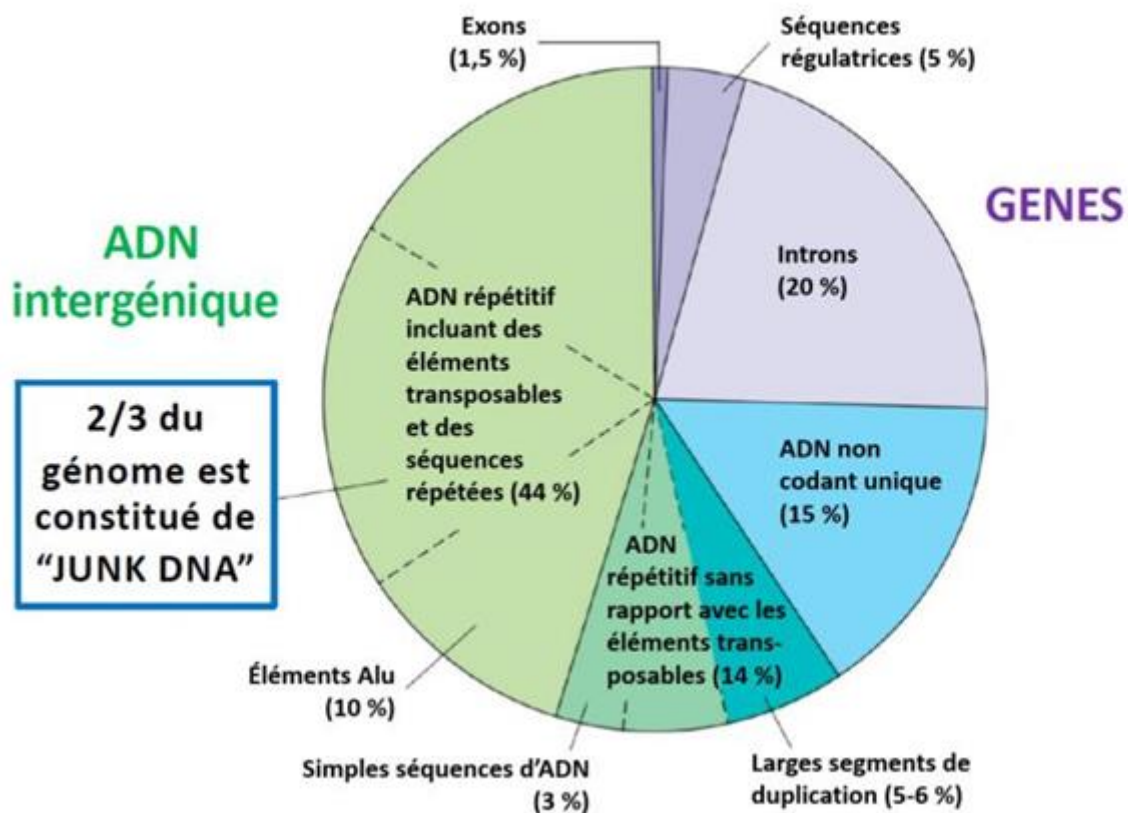
### Question 19 : CE

A propos du génome humain, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- Il contient environ 10 milliards de paires de bases.
- 20% de l'ADN génomique code pour des protéines.
- Il est présent dans les cellules germinales sous forme haploïde.
- Il contient environ 100.000 gènes.
- Il contient une majorité d'éléments répétés sans fonction connue.

**A FAUX** Il contient 3 milliards de paires de bases.

**B FAUX** Seuls les exons (codants) codent pour des protéines, en ne prenant que ceux-ci en compte on tombe plutôt sur du 1,5%.



**C VRAI** Une cellule somatique n'aura pas à fusionner avec une autre (fécondation), elle est donc diploïde (2 lots de chromosomes, soit deux fois chaque chromosome → 2n). En

revanche une cellule germinale sera haploïde puisqu'elle devra fusionner avec une autre cellule germinale, la somme de leur deux génome permettra d'obtenir deux lots de chromosomes ( $2n$ ) ce qui nécessite que des cellules germinales soient dès le début haploïde ( $n$ ).

**D FAUX** Le génome humain contient 21 000 gènes.

**E VRAI** L'item me semble un peu étrange, il est totalement vrai dans sa première partie (« composé d'une majorité d'éléments répétés) mais la fin semble litigieuse. On ne connaît pas exactement ses fonctions mais on sait qu'il en a (qu'on suppose être de régulation).

On considère cependant qu'il est vrai, comme on ne connaît pas réellement ses fonctions.

### **Question 20 : BDE**

A propos des variations génétiques, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Elles sont majoritairement associées à des pathologies.
- B. Elles sont pour la majorité causées par des mutations spontanées se produisant au hasard.
- C. Une insertion de 12 paires de bases dans un exon codant peut entraîner un décalage du cadre de lecture.
- D. Une mutation faux-sens peut changer la structure d'une protéine.
- E. Une amplification consiste en une augmentation du nombre de copies d'un gène.

**A FAUX** Elles ont beaucoup plus de chances de tomber sur une région non-codante (ou non impliquée dans la régulation) qu'une région codante du génome. Et même lorsqu'elles atteignent des régions codantes, ce n'est pas pour autant que la protéine (et l'action physiologique y étant liée) sera atteinte.

**B VRAI** Ça arrive souvent lors de la réplication. Mais différents systèmes existent pour réparer si besoin.

**C FAUX** Le cadre de lecture lit toujours les nucléotides par groupes de 3 (aussi appelés codons), ce qui signifie que pour avoir un décalage du cadre de lecture, l'insertion ou la délétion associée ne doit pas entraîner une différence du nombre de nucléotides non multiple de 3 ! Or,  $12 = 3 * 4$  donc on aura seulement 4 nouveaux acides aminés dans la protéine, mais tous les autres acides aminés seront conservés, sans décalage du cadre de lecture.

**D VRAI** La conformation d'une protéine est dépendante de la nature et de l'enchaînement des AA la composant (avec les glycines responsables de « coudes » par exemple), une mutation faux-sens provoque un changement d'acide aminé (on passe d'une lysine à une asparagine par exemple), on peut donc assister à un changement de conformation de la protéine.

Techniquement, l'item serait aussi correct pour une mutation non-sens (apparition inopinée d'un codon STOP).

**E VRAI** L'item parle de lui-même. Cette augmentation du nombre de copies d'un gène (pour une même régulation dudit gène) permettra une augmentation proportionnelle de la protéine/des protéines pour la(les)quelle(s) il code.

### **Question 21 : ACDE**

A propos de la régulation de l'expression des gènes chez l'Homme, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?

- A. L'épissage alternatif est régulé par des facteurs de splicing qui contrôlent les sites d'épissage des pré-ARN messagers.
- B. Les facteurs de transcription se lient aux ARNm et bloquent leur traduction.
- C. Un promoteur est une région de l'ADN située en amont du gène régulé et sur laquelle se fixent des facteurs de transcription.
- D. L'ubiquitination permet de marquer les protéines pour leur dégradation par le protéasome.
- E. Les micro-ARN bloquent la traduction des ARN messagers en entraînant leur dégradation.

**A VRAI** L'épissage alternatif permet de faire varier les exons épissés (=éjectés) du transcrit et pouvoir ainsi obtenir plusieurs protéines (de fonction et de structure différente) à partir d'un même gène et d'un même pré-ARN messenger initial.

**B FAUX** Au contraire, les facteurs de transcription permettent l'expression des gènes en se fixant sur leur promoteur (ADN) et en attirant des protéines de polymérisation. En revanche l'item aurait été juste si on remplaçait « facteurs de transcription » par « ARN interférents ».

**C VRAI** « Il fait la promotion du gène auprès de la polymérase ».

**D VRAI** Cela permet un adressage de la protéine à lyser vers son lieu de destruction, au passage le protéasome est un **complexe protéique** et **pas un organite** (au contraire du lysosome).

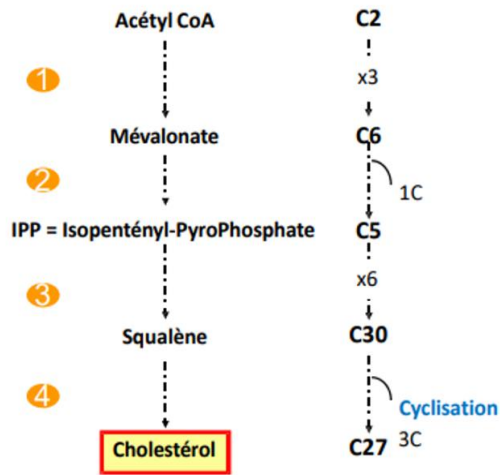
**E VRAI**

### **Question 22 : A**

Concernant le cholestérol, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. La première étape de sa biosynthèse est la formation du mévalonate à partir de trois acétyl-CoA.
- B. Il s'agit d'un composé à 28 atomes de carbones.
- C. La chaîne carbonée ramifiée en C17 confère un caractère polaire à la molécule.
- D. Le clivage de sa chaîne carbonée ramifiée par l'enzyme CYP11A1 donne la progestérone.
- E. Son clivage par les UV permet à terme la synthèse de vitamine D.

**A VRAI** Tout est vrai. Pour former du mévalonate, on a une thiolase qui va d'abord condenser deux acétyl-CoA, puis on a une HMG-Coa synthase qui condense une troisième et dernière molécule d'acétyl-CoA. Nous avons donc bien 3 acétyl-CoA condensés. (Nous avons ensuite l'intervention d'une HMG-Coa réductase, dans un dernier temps, cette enzyme termine la formation du mévalonate.) Le schéma de biosynthèse du cholestérol est à connaître par cœur :



Étapes pour la formation du cholestérol.

**B FAUX** Attention à ne pas lier trop vite, il en a 27. Il est nécessaire de bien connaître la structure et la numérotation du cholestérol !

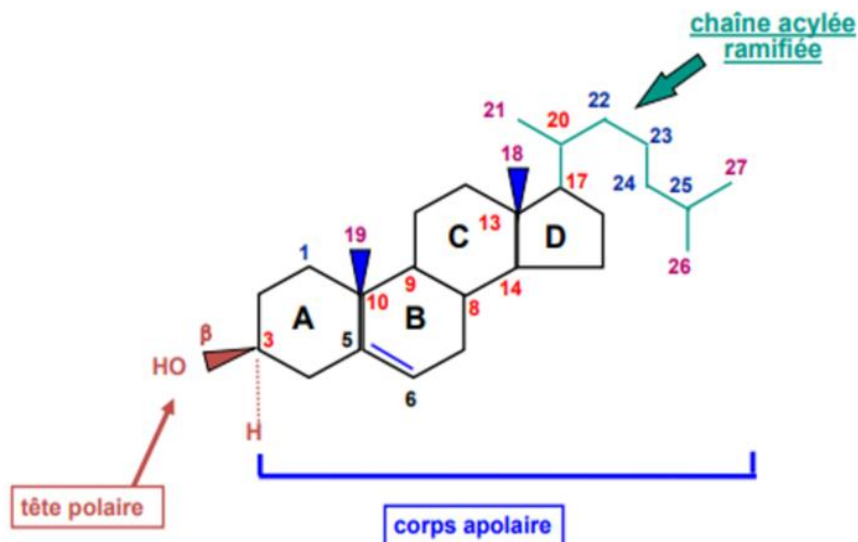


Schéma du cholestérol, avec la numérotation.

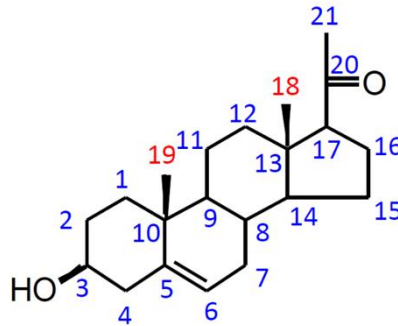
**C FAUX** Je vous renvoie au schéma de la correction de l'item B et à vos cours de chimie. En effet, le groupement hydroxyle -OH est le seul à porter un caractère polaire dans la molécule. Cela est expliqué par la grande différence d'électronégativité entre l'atome d'hydrogène et celui d'oxygène.

**D FAUX** L'enzyme mitochondriale CYP11A1, situé au début de la chaîne de biosynthèse des stéroïdes, permet bien le clivage d'une partie de la chaîne carbonée en C17. Cependant, son action permet d'obtenir de la prégnénolone, et non de la progestérone qui est son dérivé.



### P450 side chain cleavage ou CYP11A1

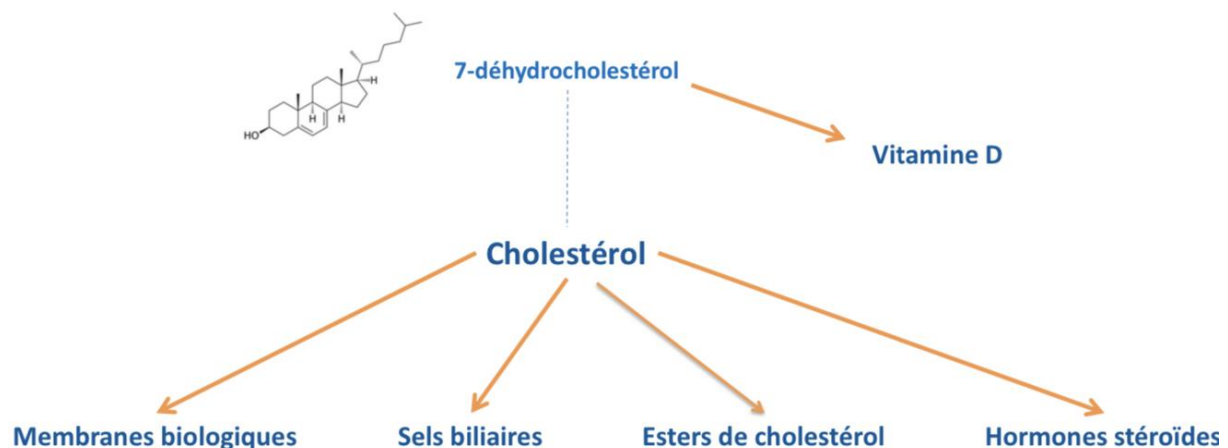
20 hydroxylase, 22 hydroxylase, 20-22 desmolase



Structure chimique suite à l'action de CYP11A1

**E FAUX** Item noté vrai dans la correction du professeur mais passé faux après qu'on lui ait posé la question.

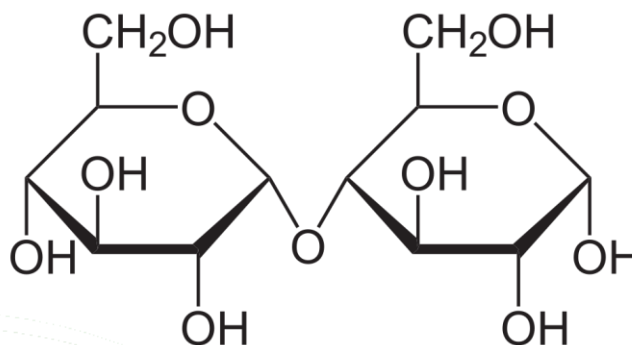
Attention au piège ! La vitamine D ne dérive pas directement du cholestérol mais d'un précurseur de cholestérol qui est le 7-déhydrocholestérol !!! Les UV clivent cette molécule en cholécalférol qui sera hydroxylé pour obtenir de la vitamine D.



Ne stressiez pas trop face à ce type d'item litigieux, en général ils sont annulés. Si la question était par contre « Le clivage par les UV de son précurseur, le 7 déhydrocholestérol, permet à terme la synthèse de vitamine D » là il n'y a pas de doute il faut bien cocher vrai ☺

### Question 23 : ABC

Concernant le disaccharide suivant, quelle(s) est (sont) la(les) proposition(s) exacte(s) ?



- A. C'est un composé de l'amidon.
- B. C'est un composé du glycogène.
- C. Il s'agit du maltose.
- D. C'est un composé de la cellulose.
- E. Il ne contient aucune extrémité réductrice.

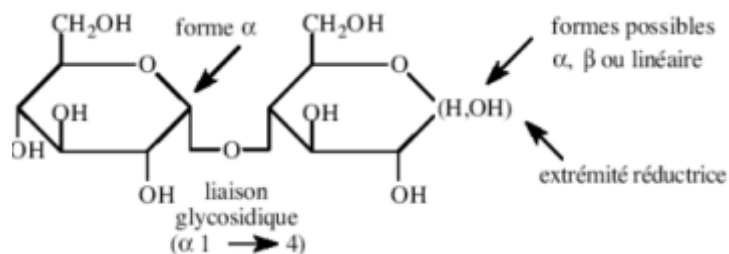
**A VRAI** Il s'agit du maltose ou Glc  $\alpha$ 1,4 Glc, qui est donc composé de deux molécules de glucose relié par une liaison alpha 1-4 et le maltose est bien un composant de l'amidon et du glycogène.

**B VRAI** Cf A.

**C VRAI** Cf A.

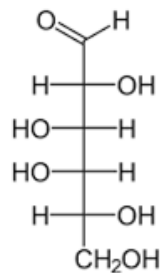
**D FAUX** Dans la cellulose les deux molécules de glucose sont lié par une liaison  $\beta$ 1-4, ce n'est donc pas du maltose.

**E FAUX** Il contient bien une extrémité réductrice comme montré sur ce schéma.



### Question 24 : ABDE

Concernant le composé suivant, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?



- A. C'est un hexose.
- B. C'est un aldose.
- C. Il présente un cycle furane.
- D. C'est un constituant du lactose.
- E. C'est un épimère du glucose.

**A VRAI** Cette molécule possède 6 carbones c'est donc bien un hexose.

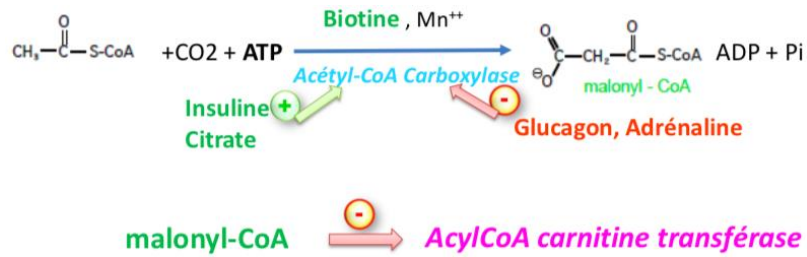
**B VRAI** Le groupement carbonyle ( $O=C$ ) est porté par le carbone en extrémité de la molécule donc le premier carbone. C'est donc bien un aldose.

**C FAUX** La molécule est représentée en forme Fischer, il ne présente pas de cycle furane.

**D VRAI** Il s'agit du galactose qui est représenté et en effet il est bien un constituant du lactose lorsqu'il est lié à une molécule de glucose.



**E VRAI** Le galactose et le glucose diffèrent à cause d'un seul C\* en 5<sup>ème</sup> position et qui peut être modifié par une épimérase.



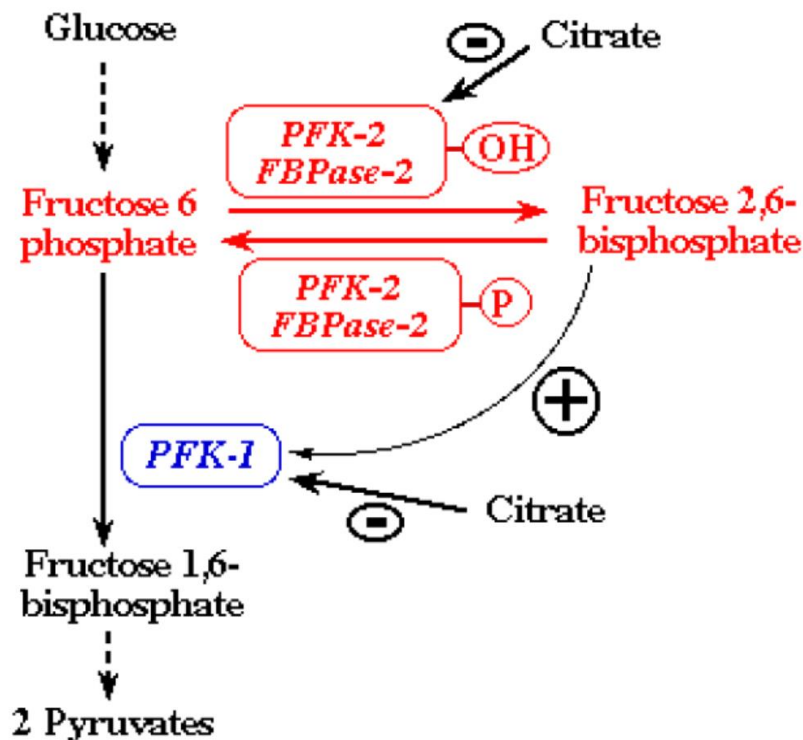
### Question 25 : ABE

Lors de la glycolyse, concernant la réaction catalysée par la phospho fructokinase 1 (PFK1), quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. C'est une réaction irréversible.
- B. Le fructose-2,6-bisphosphate est un activateur allostérique de cette étape.
- C. La PFK1 peut-être activée par une phosphorylation.
- D. Le citrate est un activateur allostérique de cette étape.
- E. La PFK1 est une protéine avec une structure quaternaire.

**A VRAI** Promis, à force de le répéter ça entre dans la tête. Il y a trois réactions irréversibles dans la glycolyse : celle de l'hexokinase/ glucokinase, celle qui fait intervenir la PFK1 et celle catalysée par la pyruvate kinase. (Petit tips : les réactions irréversibles sont souvent les plus régulées).

**B VRAI** Le fructose-2,6-bisphosphate est le produit de l'action de la PFK2 (enzyme bidirectionnelle) qui est déphosphorylée par l'insuline. Elle est régulée bien de façon allostérique le PFK1. Servez-vous des schémas pour raisonner plus facilement ;)



Régulation de PFK1 par le F 2,6-bisP.

**C FAUX** Attention à ne pas lire trop vite et confondre PFK1 et PFK2. C'est la PFK2 qui est régulée par phosphorylation : déphosphorylée sous l'action de l'insuline, elle permet l'obtention de fructose-6-P, et phosphorylée par le glucagon, elle donne du fructose-2,6-bisphosphate. (Cf schéma ci-dessus).

**D FAUX** Le pyruvate est le produit de la glycolyse. C'est une molécule qui entre dans le cycle de Krebs par condensation avec de l'acétyl-CoA. Or le cycle de Krebs produit du citrate, si nous avons une concentration importante de citrate, c'est que le cycle tourne bien et que nous avons assez d'énergie. C'est pourquoi le citrate freine la glycolyse, en ayant notamment une action sur la PFK1 et la PFK2 déphosphorylée, il inhibe la glycolyse afin de ne pas puiser inutilement dans nos réserves pour faire tourner un cycle de Krebs qui tourne déjà assez. Pensez à bien relier les voies entre elles ;)

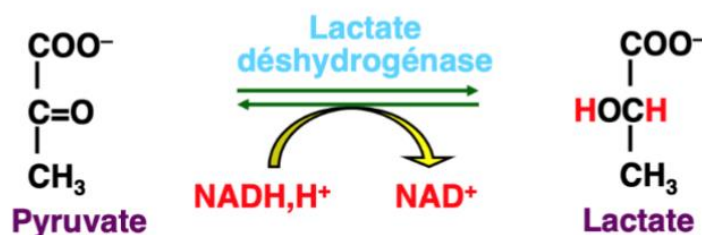
**E VRAI** La PFK1 est une enzyme qui est régulée de façon allostérique, ce qui veut dire que certaines molécules vont plutôt l'orienter vers un état relâché et d'autres vers un état tendu. Je vous renvoie à votre cours d'enzymologie avec le Pr. Lopez, la régulation par allostérie passe par le fait que les enzymes sont des protéines à structure quaternaire, et qu'il est donc possible d'influencer l'espace entre les monomères (état tendu ou relâché pour la catalyse des réactions).

### **Question 26 : ABCDE**

A propos du pyruvate, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. Il pourrait être obtenu par oxydation du lactate.
- B. Il pourrait être obtenu par transamination de l'alanine.
- C. Il peut par action d'une carboxylase donner de l'oxaloacétate lors d'une réaction anaplérotique.
- D. Il pourrait être obtenu par métabolisation du phospho-énol-pyruvate (PEP) par la pyruvate kinase.
- E. La transcription de la pyruvate kinase est augmentée par l'insuline.

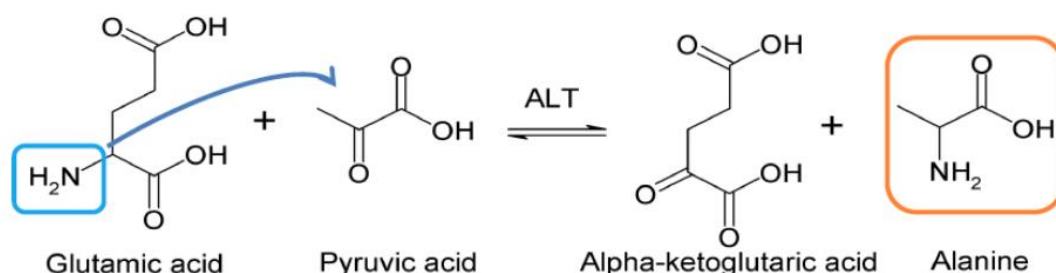
**A VRAI** La lactate déshydrogénase est une enzyme mitochondriale qui catalyse la réaction permettant d'obtenir du lactate à partir du pyruvate en condition anaérobie mais elle catalyse également la réaction inverse.



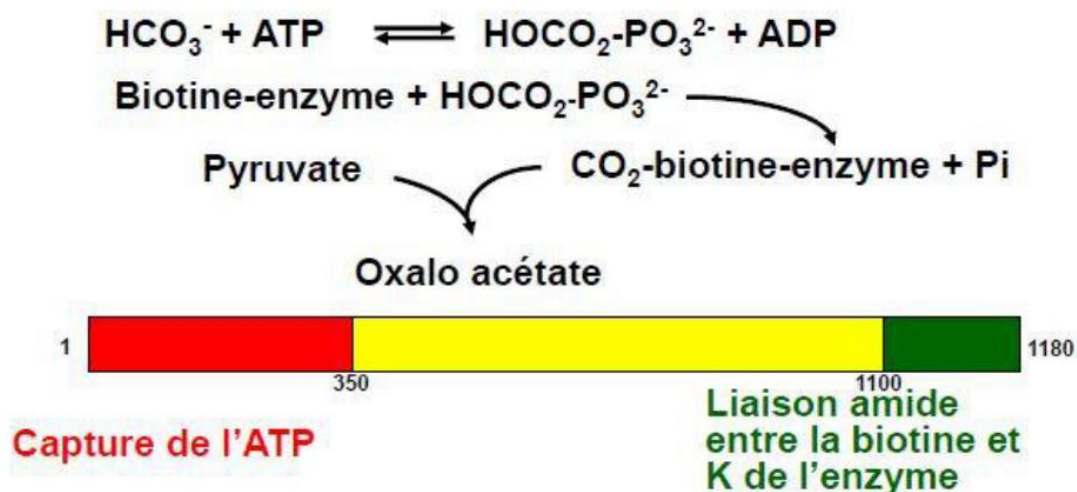
Formation de lactate.

**B VRAI** L'utilisation de la voie de la néoglucogénèse a pour objectif de reconstituer du glucose à partir de pyruvate. Il existe plusieurs précurseurs du pyruvate : nous avons le lactate, comme abordé plus tôt, le glycérol, le propionyl-CoA et les AA comme l'alanine. Ce dernier subit une transamination (transfert du groupement NH<sub>2</sub>) par l'alanine aminotransférase. Le NH<sub>2</sub> de l'alanine sur l'acide alpha-cétoglutarate permet l'obtention de pyruvate et de glutamate.

### Transaminase Glutamate-pyruvate (TGP) = Alanine aminotransférase (ALAT)



**C VRAI** C'est bien vrai, la réaction anaplérotique (= réaction qui régénère des intermédiaires du cycle de Krebs pour qu'il ne s'arrête jamais) en question est la suivante:

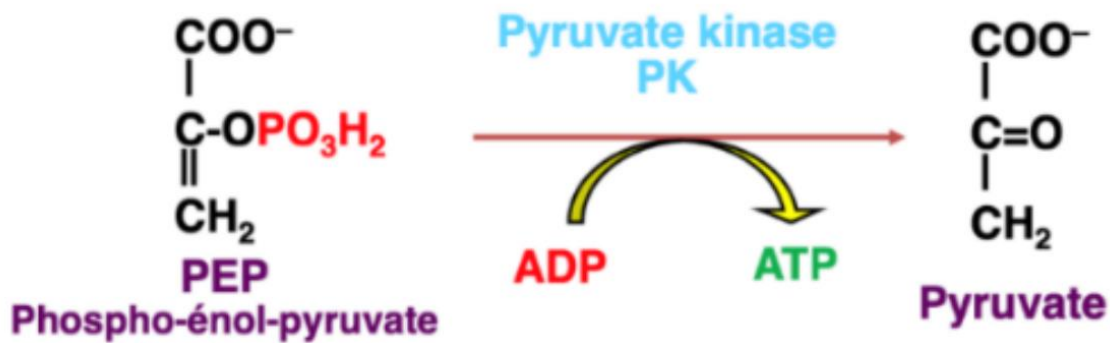


*La pyruvate carboxylase.*

Elle permet bien la génération d'OAA à partir du pyruvate par l'action de la pyruvate carboxylase dans la néoglucogénèse.

**D VRAI** Item noté faux dans la correction du professeur mais passé vrai après qu'on lui ait posé la question.

Effectivement, lors de la glycolyse, la dernière étape menant au pyruvate, qui est d'ailleurs une réaction irréversible, est catalysée par la pyruvate kinase et utilisé comme substrat le PEP.



### Action de la PK.

**E VRAI** Et oui, tous les items étaient vrais ! La pyruvate kinase est, comme son nom l'indique, une kinase. Souvent (mais pas toujours) les kinases sont actives lorsqu'elles sont déphosphorylées, et en règle générale, c'est l'insuline qui déphosphoryle les enzymes et le glucagon qui les phosphoryle. Ainsi, l'insuline active bien la pyruvate kinase.

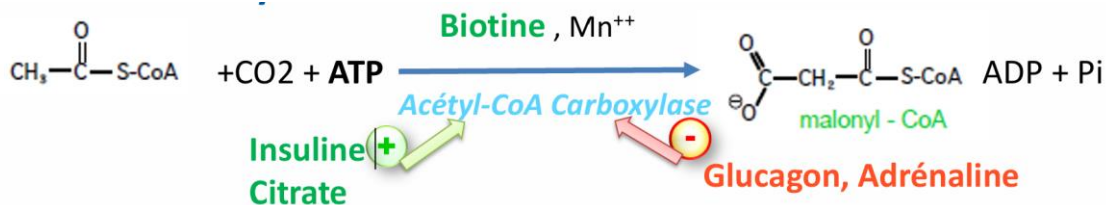
(NB : les régulations par le glucagon et l'insuline sont des régulations par phosphorylation et non par allostérie !)

#### Question 27 : BCDE

Concernant la biosynthèse des acides gras, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

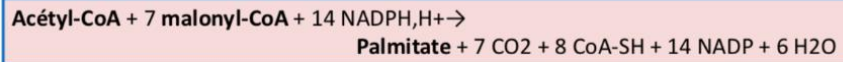
- A. L'acétyl-CoA carboxylase est activée par phosphorylation par l'adrénaline ou le glucagon.
- B. Elle a besoin de la disponibilité en NADPH, H<sup>+</sup>.
- C. L'acétyl-CoA carboxylase est une enzyme à biotine.
- D. Elle fait intervenir l'acide gras synthase, complexe multienzymatique.
- E. L'acide gras synthase à chaque tour de cycle, ajoute deux carbones à la chaîne d'acide gras en cours de synthèse.

**A FAUX** L'adrénaline et le glucagon effectuent bien une phosphorylation de l'acétyl-CoA carboxylase, mais ce pour la rendre inactive.



*Etape de formation du malonyl-CoA par l'acétyl-CoA carboxylase dans la biosynthèse des AG.*

**B VRAI** Le bilan de la réaction le montre très bien.



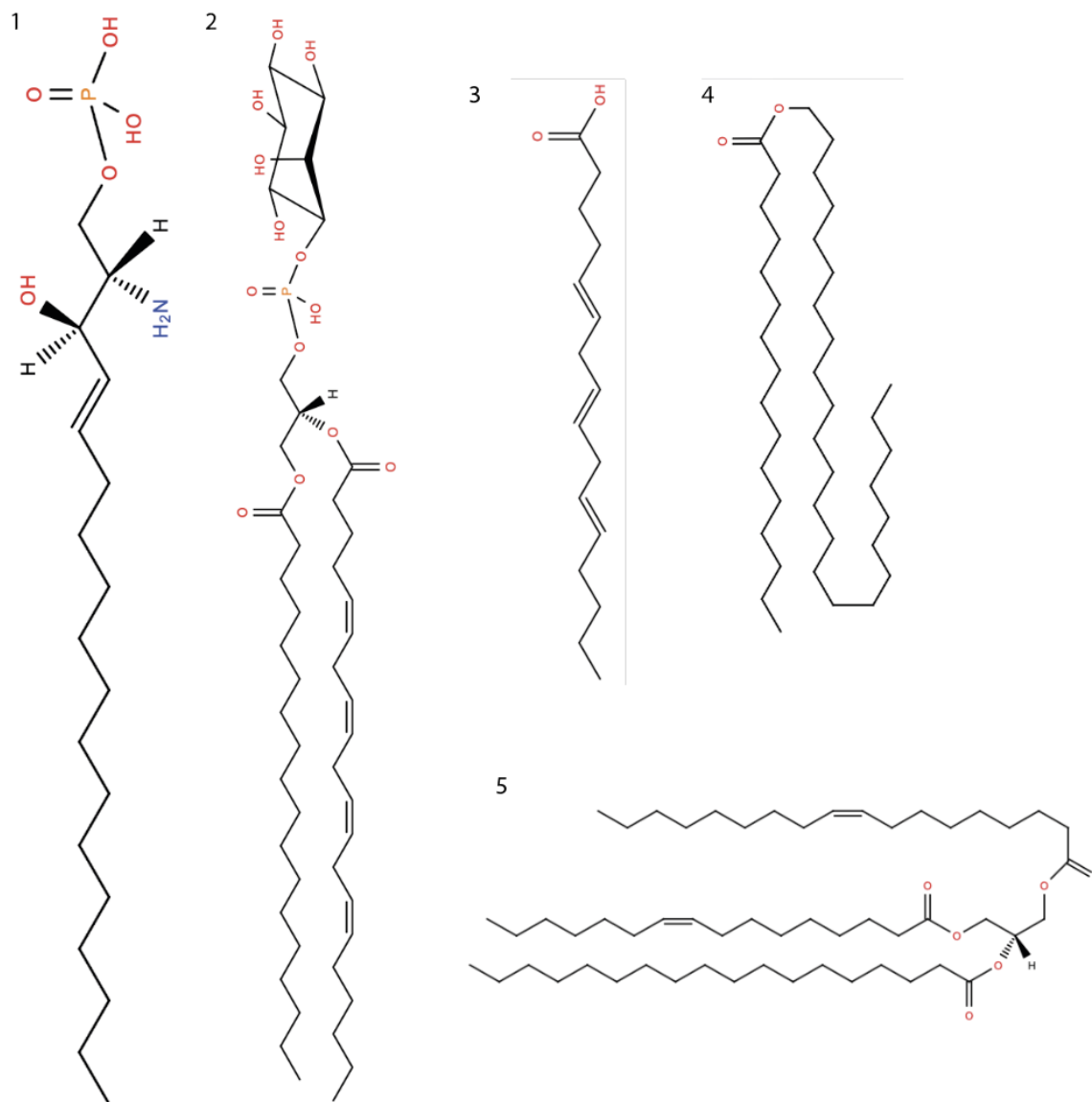
*Synthèse des AG et bilan des réactions.*

**C VRAI** A savoir, elle fait partie de la famille des enzymes à biotine, tout comme la pyruvate carboxylase (*cf néoglucogenèse*).

**D VRAI** Le nom de l'enzyme est assez transparent sur sa fonction ☺. A partir du malonyl-CoA, on va progressivement arriver à la formation d'un palmitate à 16C via l'action de l'acide gras synthase, qui va ajouter 2C à chaque tour de l'hélice de Wakil. L'acide gras synthase est bien multienzymatique.

**E VRAI** *Cf item D*

**Énoncé commun aux deux questions suivantes.**



Cinq lipides numérotés de 1 à 5 sont représentés sur cette figure. On nommera 6, le lipide produit par l'action d'une phospholipase A1 sur le lipide 2 et le lipide 7, produit de l'action d'une phospholipase A2 sur le lipide 2.

On sait aussi qu'un acide arachidonique a un temps de rétention inférieur à celui d'un acide oléique en chromatographie liquide haute pression (HPLC). On note les temps de rétention des lipides «3, 6 et 7 :  $T_3$ ,  $T_6$ ,  $T_7$ .

Par ailleurs, sont données les masses molaires des lipides 4 et 5 :  $M_4=593\text{g/mol}$  et  $M_5=859\text{g/mol}$ .

### Question 1: ADE

A propos des lipides représentés et décrits sur la figure 1, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Les lipides 1 et 2 sont impliqués dans les voies de signalisation cellulaire.
- B. Le lipide 3 est un acide essentiel.
- C. Le lipide 2 est enrichi sur le feuillet externe des membranes biologiques.
- D. Dans les chylomicrons, on retrouve une majorité de lipide de la famille du lipide 5.
- E. Le lipide 4 est un ester d'alcool gras et d'acide gras.

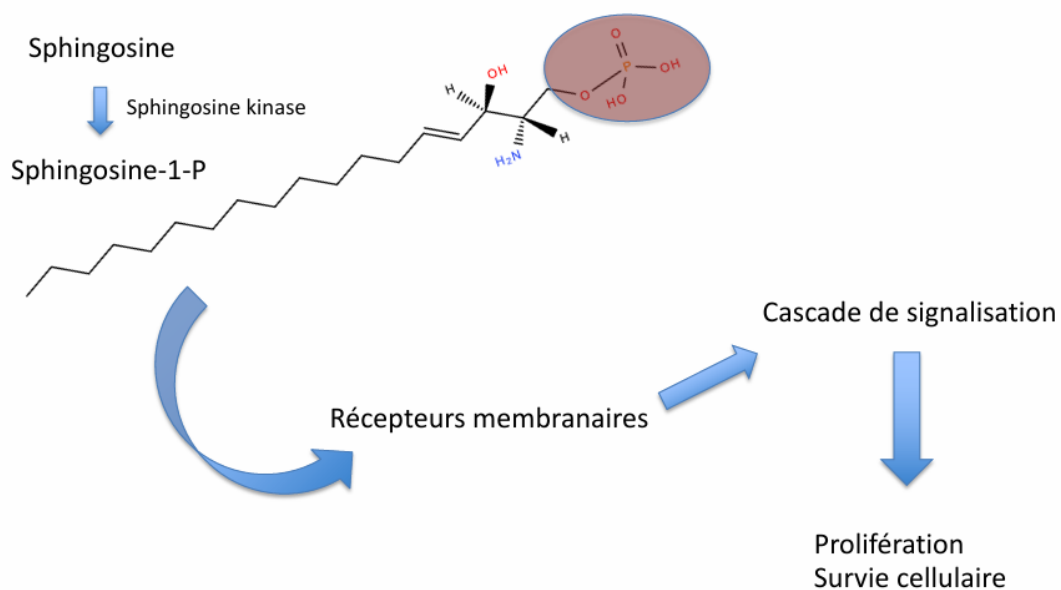
Commençons par nommer / identifier les différents lipides de l'exercice :

1. Sphingosine-1-phosphate
2. Phosphatidylinositol
3. Acide gras 16:3(5E,8E,11E) = 16C, 3 insaturations trans en position 5, 8 et 11, **attention ce n'est pas un acide  $\gamma$  linoléique !**
4. Cériide, dont on sait  $M_4=593\text{g/mol}$
5. TAG avec 16:1(9Z), 18:0 et 18:1(9Z), dont on sait  $M_5=859\text{g/mol}$ .
6. 18:0 : acide stéarique
7. 20:4 : acide arachidonique, dont l'énoncé rappelle a un temps de rétention inférieur à celui d'un acide oléique en chromatographie liquide haute pression (HPLC)

**A VRAI** Le lipide 1 est une sphingosine-1-phosphate et le lipide 2 est un phosphatidylinositol. Ces deux catégories de lipides ont un rôle majeur dans la formation des membranes cellulaires et vont donc avoir un rôle dans la transmission de message et donc dans les voies de signalisation cellulaire. Je vous remets ci-dessous les diapos correspondantes.

## VI. Rôles biologiques des lipides Signalisation

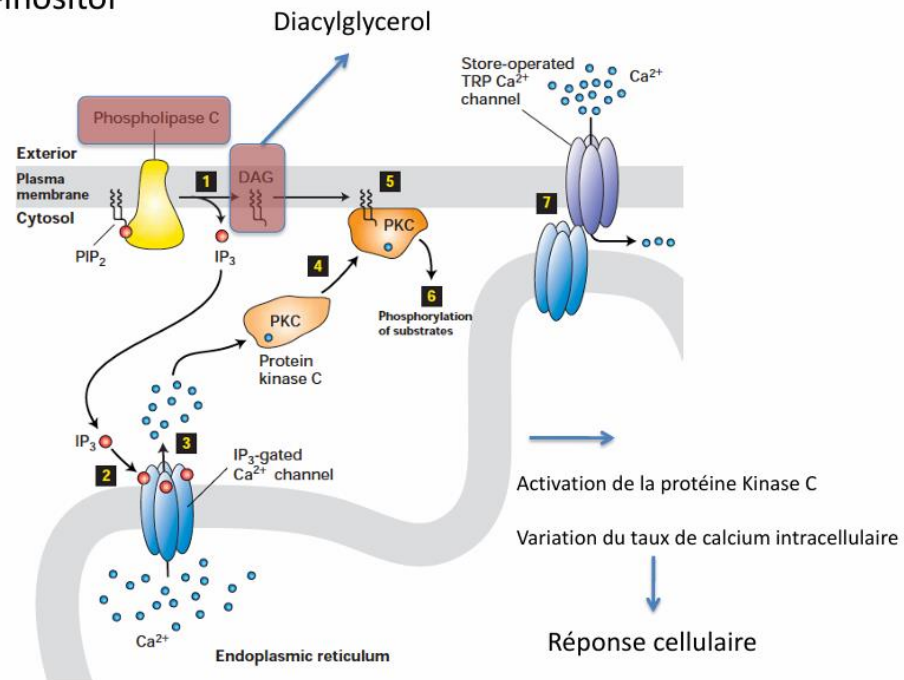
### Rôle de signalisation des sphingolipides





## VI\_Rôles biologiques des lipides Signalisation

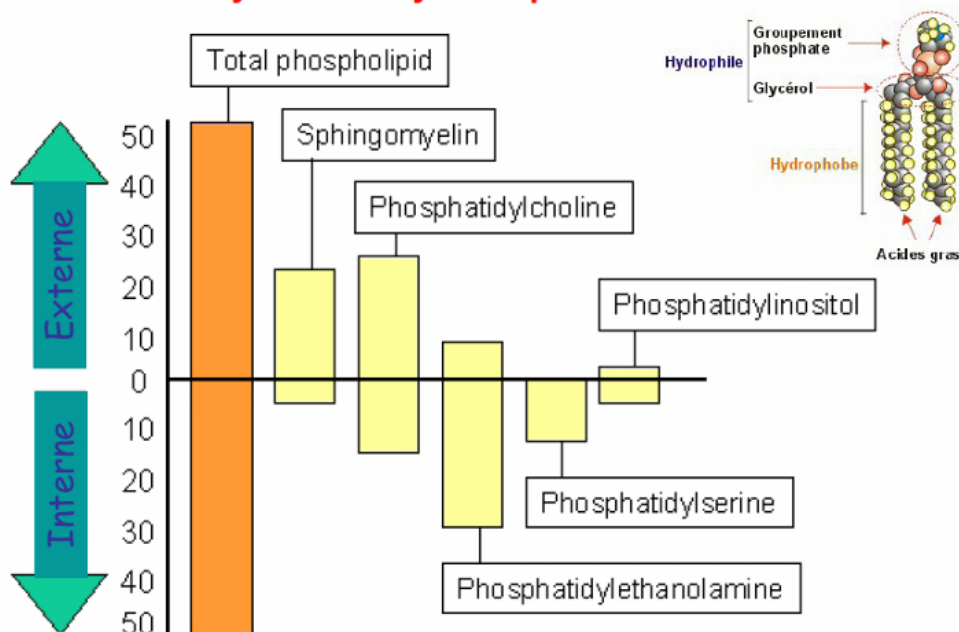
### Phosphatidyl-inositol



**B FAUX** Les lipides essentiels (= non synthétisables par l'organisme pour rappel) sont l'acide alpha-linolénique et l'acide linoléique et possèdent tous deux 18C or le lipide 3 en possède 16.

**C FAUX** C'est un phosphatidylinositol, il va être enrichi sur le feuillet interne tout comme les phosphatidyléthanolamine et phosphatidylsérine. Pour rappel, ce sont les phosphatidylcholines et sphingomyélines (=sphingophosphocholines) qui sont enrichies sur le feuillet externe.

### Membrane = système disymétrique





**D VRAI** Le lipide 5 est un TAG et ils sont retrouvés majoritairement dans les chylomicrons et dans les VLDL.

**E VRAI** Le lipide 4 est un céride, c'est bien un alcool et un acide gras relié par une liaison ester.

### **Question 2 (\*\*): ADE**

A propos des lipides représentés et décrits sur la figure 1, quelle(s) est (sont) la(es) proposition(s) exacte(s) ?

- A. Le lipide 3 a une température de fusion inférieure à celle de l'acide palmitique.
- B. En HPLC, les temps de rétention des lipides 3,6 et 7 sont classés par ordre croissant comme cela: T3, T6 et T7.
- C. Les triglycérides ont un indice de saponification toujours supérieur à ceux des cérides.
- D. L'indice de saponification du lipide 5 est supérieur à celui du lipide 4.
- E. L'indice d'iode du lipide 6 est nul.

Pour éviter que vous ne remontiez à la correction d'avant, je vous remets l'identification des différents lipides ☺

1. Sphingosine-1-phosphate
2. Phosphatidylinositol
- 3. Acide gras 16:3(5E,8E,11E) = 16C, 3 insaturations trans en position 5, 8 et 11, attention ce n'est pas un acide  $\gamma$  linoléique !**
4. Céride, dont on sait  $M_4=593\text{g/mol}$
5. TAG avec 16:1(9Z), 18:0 et 18:1(9Z), dont on sait  $M_5 = 859\text{g/mol}$
6. 18:0 : acide stéarique
7. 20:4 : acide arachidonique, dont l'énoncé rappel a un temps de rétention inférieur à celui d'un acide oléique en chromatographie liquide haute pression (HPLC)

**A VRAI** La température de fusion augmente avec le nombre de carbone mais diminue avec le nombre d'insaturations, les insaturations cis faisant encore plus diminuer que les trans. Le lipide 3 et l'acide palmitique ont tous deux 16C, il faut donc regarder les insaturations. Notre lipide comporte 3 insaturations trans, contre 0 chez l'acide palmitique. Il a donc bien une température de fusion inférieure.

**B FAUX** Analysons la question :

Méthode : HPLC = temps de rétention augmente avec le nombre de carbone mais diminue avec le nombre d'insaturations

Lipides en jeu :

- Le lipide 3 : 16:3(5E,8E,11E) = 16C, 3 insaturations trans en position 5, 8 et 11
- Le lipide 6 : 18:0 : acide stéarique
- Le lipide 7 : 20:4 : acide arachidonique, dont l'énoncé rappel a un temps de rétention inférieur à celui d'un acide oléique en chromatographie liquide haute pression (HPLC)

Je vois la question venir : on a des insaturations trans (qui agissent moins efficacement que les cis = les cis ont un temps de rétention plus court que les trans) et cis, comment savoir qui sort avant qui entre le lipide 3 et 7 ?

Pas de panique, ici on vous demandait simplement de dire si l'ordre T3, T6 puis T7 était correcte.

Or, le lipide 6 a 18C et 0 insaturation, tandis que le lipide 7 a 20C et 4 insaturations, il n'est donc pas logique que T7 soit plus long que T6. *De plus, l'énoncé nous signalait que le temps de rétention en HPLC d'un acide arachidonique (lipide 7) était inférieur à celui d'un acide oléique (18:1), qui lui-même a un temps de rétention inférieur à celui de l'acide stéarique (lipide 6).*

**C FAUX** L'indice de saponification correspond à la quantité de potasse en mg nécessaire pour saponifier 1g de matière grasse (ester d'AG). Par définition un TAG possède trois liaisons ester tandis qu'une céride n'en possède qu'une seule donc à première vue, on penserait que l'item serait juste (la réponse D ne facilite pas les choses).

Cependant, il faut se dire que dans la formule de l'indice de saponification (*cf début correction item D*), le nombre d'estérifications est une variable certes, mais la masse du corps gras également ! Un TAG « gagnera » certes toujours sur le nombre d'estérifications (3 pour TAG, 1 pour céride), mais il suffit que la masse du céride soit suffisamment petite au dénominateur pour que l'indice de saponification de ce dernier soit finalement supérieure à celui d'un TAG !

**D VRAI** Pour rappel :

$$I_s = (M(\text{KOH}) * \text{nombre d'estérifications} * 1000) / M(\text{corps gras})$$

Comme c'est une comparaison, il y a deux manières de raisonner ici :

### **1. Vous appliquez la formule telle quelle pour les deux situations**

#### **Lipide 4 : céride**

- M(KOH) : 56g/mol
- Nb d'estérifications : 1
- $M_4=593\text{g/mol}$

$$\begin{aligned} \rightarrow I_s &= (M(\text{KOH}) * \text{nombre d'estérifications} * 1000) / M(\text{corps gras}) \\ &= (56 * 1 * 1000)/593 \\ &= 94.44\text{mg} \end{aligned}$$

#### **Lipide 5 : TAG**

- M(KOH) : 56g/mol
- Nb d'estérifications : 3
- $M_5=859\text{g/mol}$

$$\begin{aligned} \rightarrow I_s &= (M(\text{KOH}) * \text{nombre d'estérifications} * 1000) / M(\text{corps gras}) \\ &= (56 * 3 * 1000)/859 \\ &= 195.58\text{mg} \end{aligned}$$

$195.58 > 94.44$  donc  $I_s(\text{lipide 5}) > I_s(\text{lipide 4}) \rightarrow$  item vrai

### **2. Vous faites abstraction des constantes**

#### **Lipide 4 : céride**

$$\begin{aligned} \rightarrow I_s &= \frac{M(\text{KOH}) * \text{nombre d'estérifications} * 1000}{M(\text{corps gras})} \\ &= 1 / 593 \\ &= 0.002 \end{aligned}$$

### Lipide 5 : TAG

$$\begin{aligned} \rightarrow I_s &= \frac{M(\text{KOH}) * \text{nombre d'estérifications} * 1000}{M(\text{corps gras})} \\ &= 3 / 859 \\ &= 0.003 \end{aligned}$$

0.003 > 0.002 donc  $I_s(\text{lipide 5}) > I_s(\text{lipide 4}) \rightarrow$  item vrai

**E VRAI** L'indice d'iode permet de calculer le nombre d'insaturations d'un acide gras. Le lipide 6 est l'acide stéarique et ne possède aucune insaturation, son indice d'iode est donc bien nul.