



## **UE2 – ED – BIOCHIMIE 2024-2025**

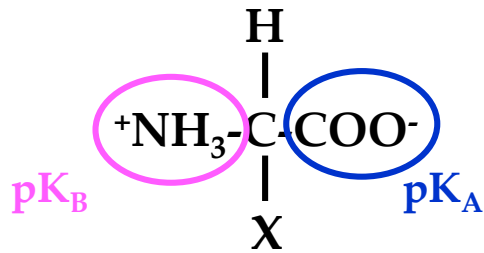
Acides aminés, peptides, protéines,  
enzymologie, et lipides

**QCM: 12, 14, 29, 33, 61, 105, 106, 116 à 121, 171, 175 et 181**

**Stéphanie Sentis & Clément Janot**

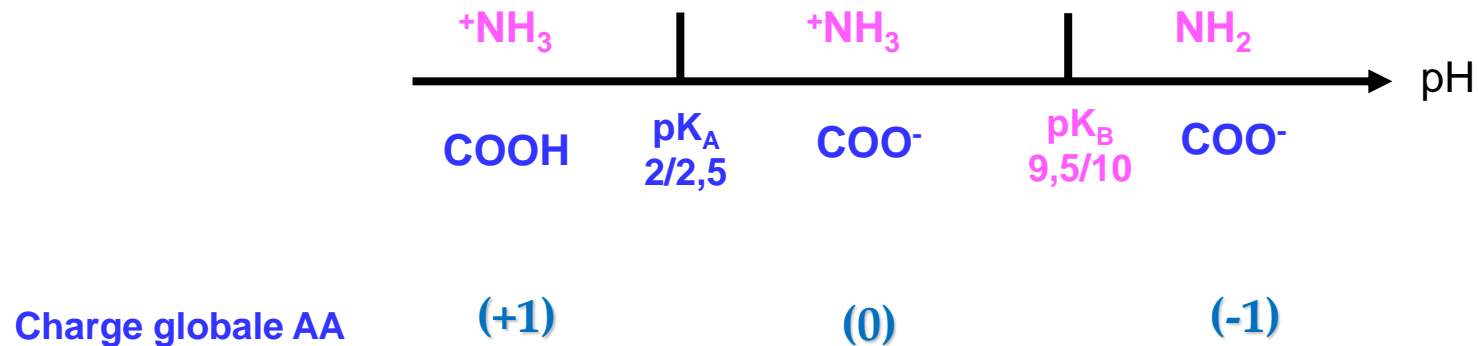


## Acides aminés à chaîne latérale non ionisable



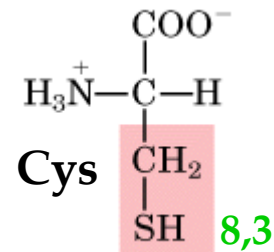
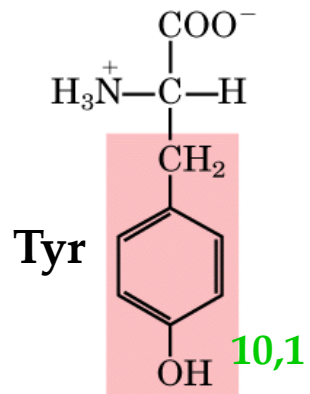
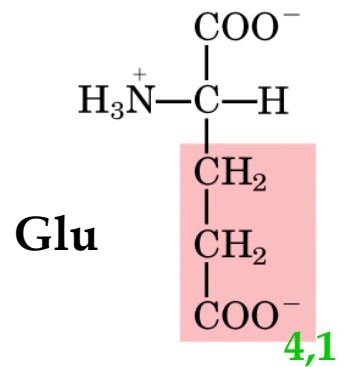
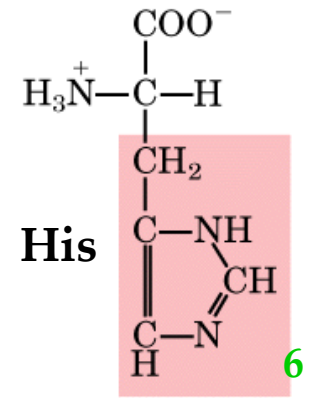
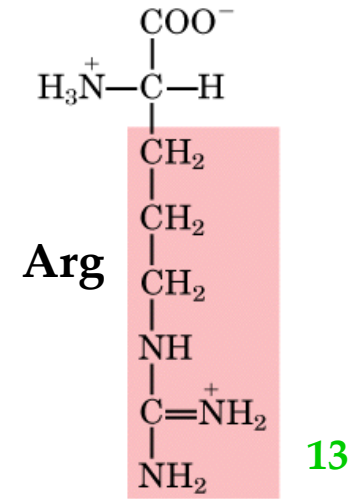
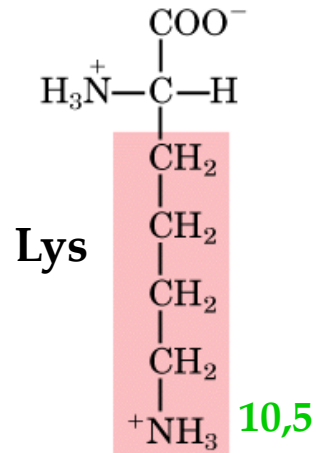
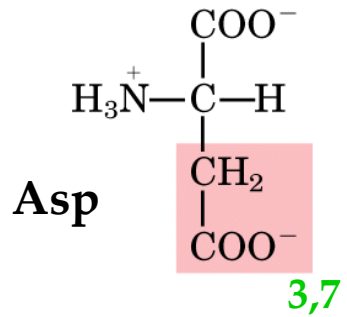
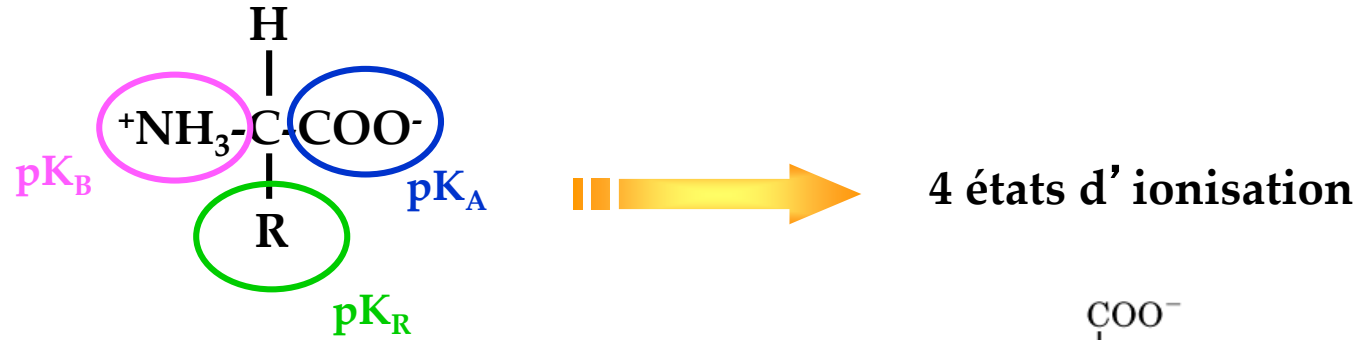
3 états d'ionisation

- ❑ Elimination 2 protons au cours des variations de pH
- ❑ Formes ioniques en équilibre
- ❑ A un pH donné: formes prédominantes ou majoritaires
- ❑ pHi = 100% forme charge (0)





## 7 Acides aminés à chaîne latérale ionisable



**QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK:  $pK_A = 1,9$  ;  $pK_B = 10,7$  et  $pK_R = 8,3$ , quelle est sa valeur de pHi ?**

A 6,5

B 5,1

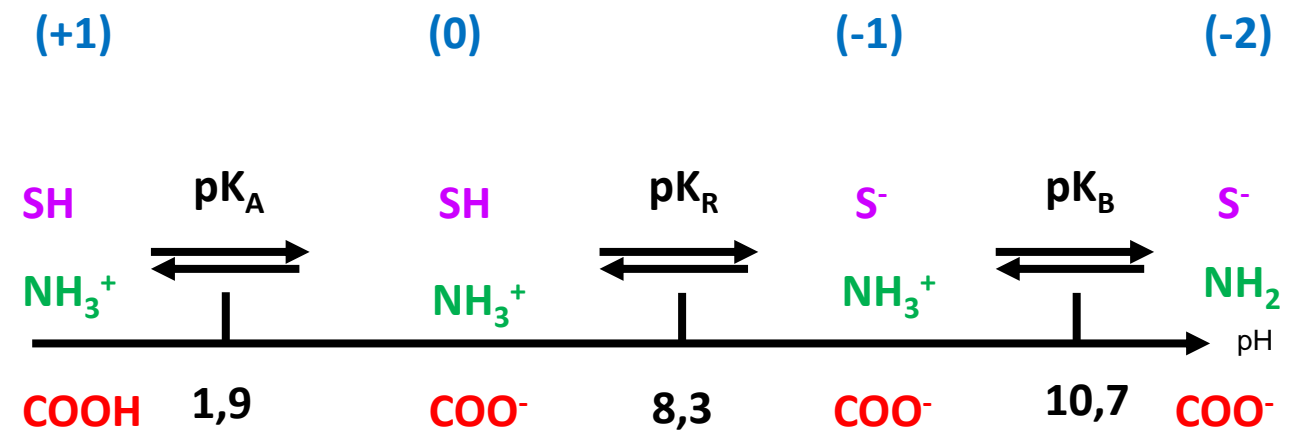
C 9,5

D 6,9

E 5,4

QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK:  $pK_A = 1,9$  ;  $pK_B = 10,7$  et  $pK_R = 8,3$ , quelle est sa valeur de pHi ?

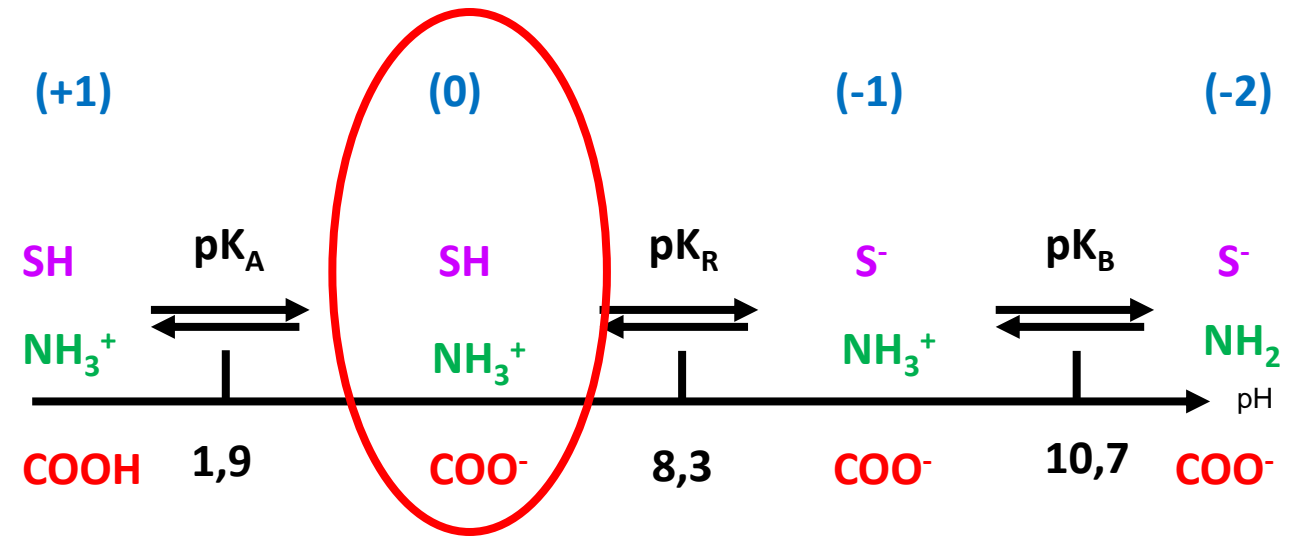
- A 6,5
- B 5,1
- C 9,5
- D 6,9
- E 5,4



COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7

QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK:  $pK_A = 1,9$  ;  $pK_B = 10,7$  et  $pK_R = 8,3$ , quelle est sa valeur de pHi ?

- A 6,5
- B 5,1
- C 9,5
- D 6,9
- E 5,4

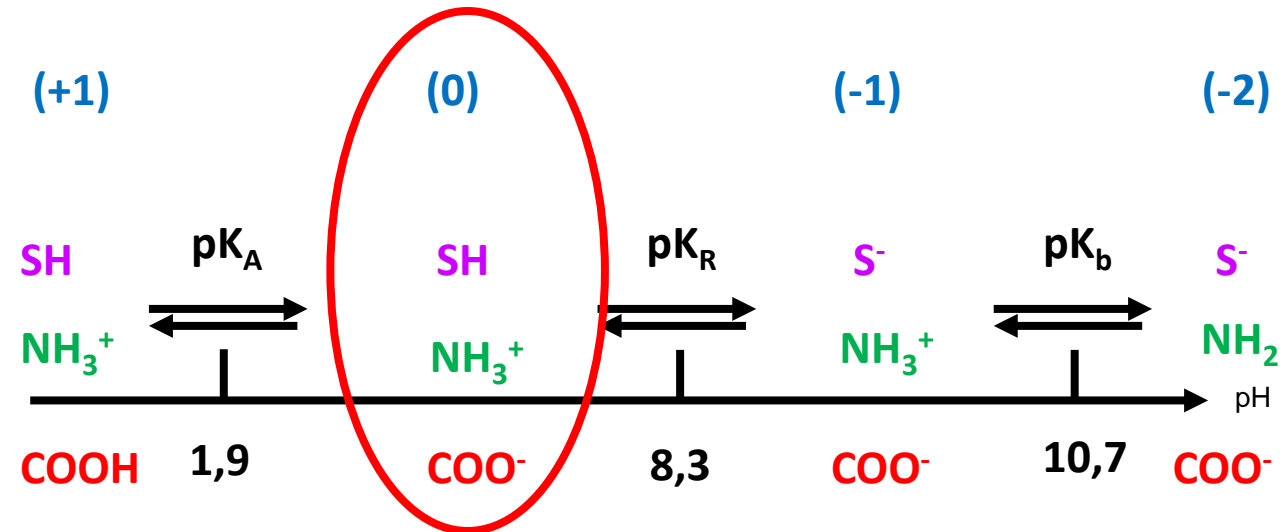


pHi = 100 % forme zwitterion (charge globale = 0)

COOH	$pK_A$	1,9
SH	$pK_R$	8,3
$NH_3^+$	$pK_B$	10,7

QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK:  $pK_A = 1,9$  ;  $pK_B = 10,7$  et  $pK_R = 8,3$ , quelle est sa valeur de pHi ?

- A 6,5
- B 5,1
- C 9,5
- D 6,9
- E 5,4



pHi = 100 % forme zwitterion (charge globale = 0)

Calcul pHi= demi  $\Sigma$  des 2 pKa qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion

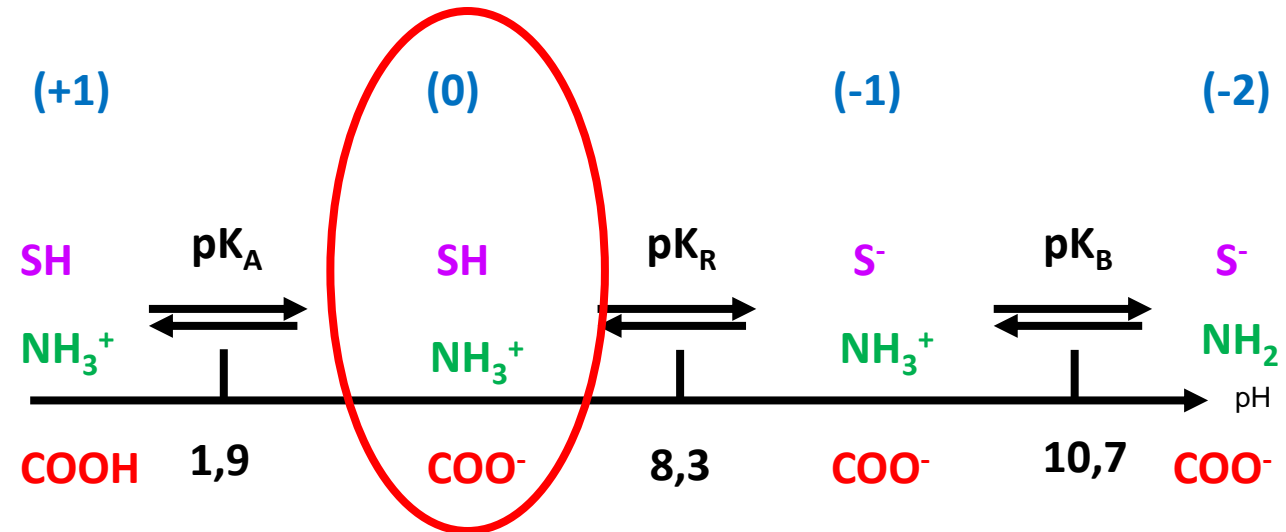
$$pHi = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

COOH	$pK_A$	1,9
SH	$pK_R$	8,3
$NH_3^+$	$pK_B$	10,7

QCM 12: Sachant que C a pour valeur de pK:  $pK_A = 1,9$  ;  $pK_B = 10,7$  et  $pK_R = 8,3$ , quelle est sa valeur de pHi ?

- A 6,5
- B 5,1**
- C 9,5
- D 6,9
- E 5,4

Réponse B



pHi = 100 % forme zwitterion (charge globale = 0)

Calcul pHi = demi  $\Sigma$  des 2 pKa qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion

$$pHi = (pK_A + pK_R) / 2 = (1,9 + 8,3) / 2 = 5,1$$

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7



**QCM 14: Concernant C et D**

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A pH physiologique, le groupement  $\alpha$ -aminé de D est ionisé

**QCM 14: Concernant C et D**

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

**ELECTROPHORESE**

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- pH = pHi: charge globale AA nulle, aucune migration
- pH > pHi: charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- pH < pHi: charge globale AA positive, migration cathode (borne -)

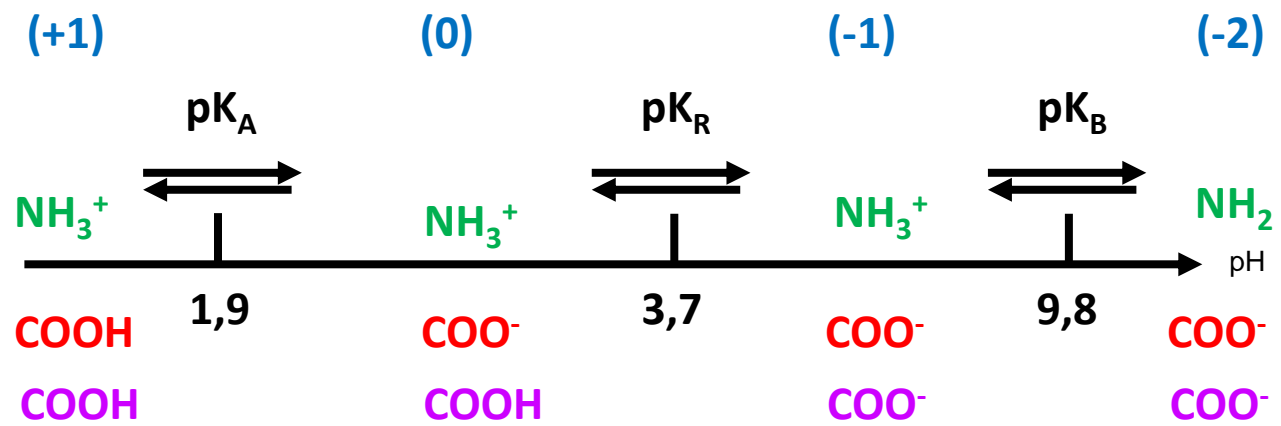


**Objectif: calculer pHi AA**

QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
COOH	pK <sub>R</sub>	3,7
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	9,8



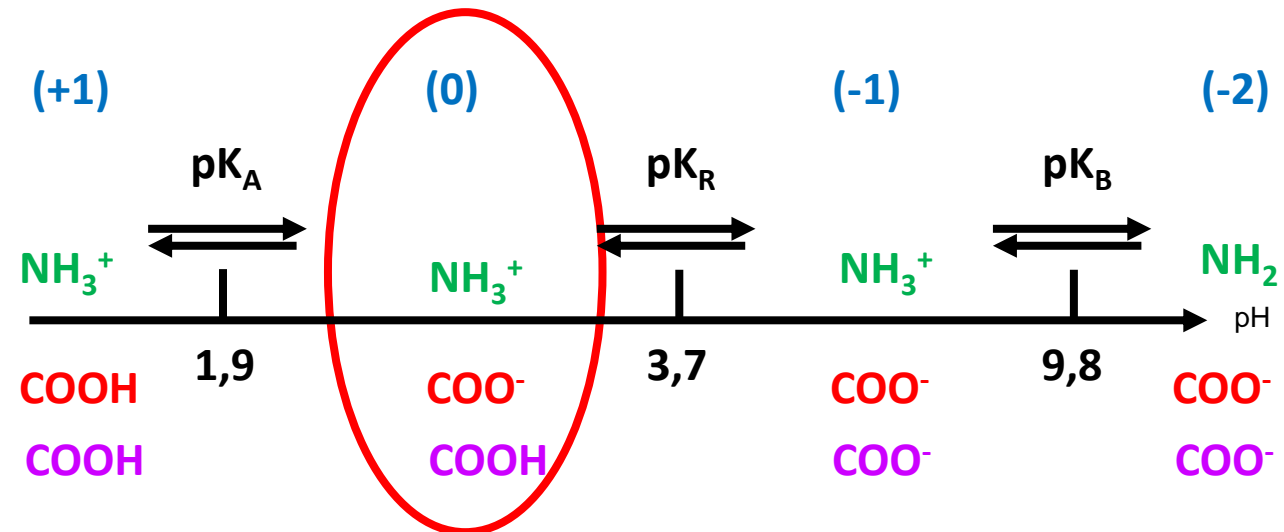
QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

Calcul pHi= demi  $\Sigma$  des 2 pKa qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion

$$pHi (D) = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 3,7)/2 = 2,8$$

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
COOH	pK <sub>R</sub>	3,7
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	9,8



QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

Calcul  $pH_i = \text{demi } \Sigma \text{ des 2 } pK_a \text{ qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion}$

$$pH_i (D) = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 3,7)/2 = 2,8$$

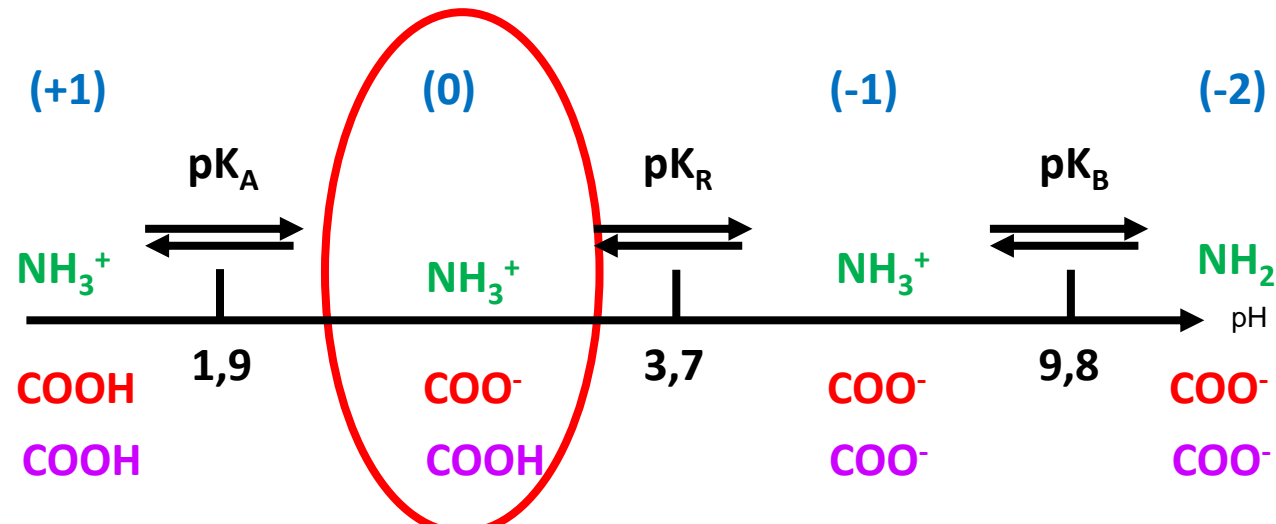
ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $pH = pH_i$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $pH > pH_i$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $pH < pH_i$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



$pH 6 > pH_i (D)$



QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

Calcul  $pH_i = \text{demi } \Sigma \text{ des 2 } pK_a \text{ qui sont de part et d'autre de la forme zwitterion}$

$$pH_i (D) = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 3,7)/2 = 2,8$$

ELECTROPHORESE

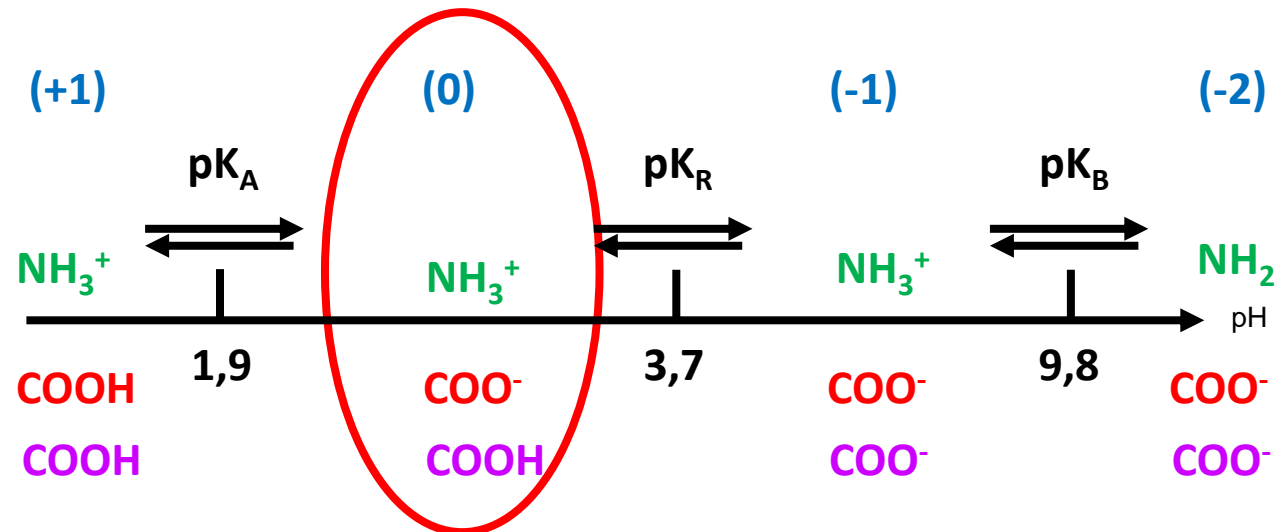
AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $pH = pH_i$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $pH > pH_i$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $pH < pH_i$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)

$pH\ 6 > pH_i\ (D)$



D chargé (-) pH 6 → migration anode



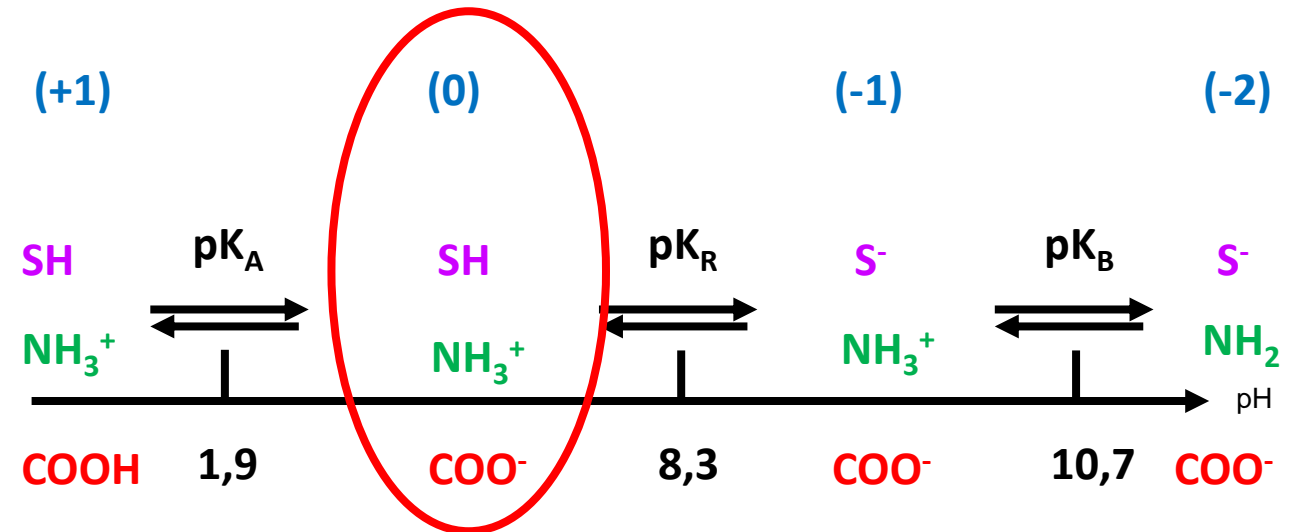
QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7



$$pHi (C) = (pK_A + pK_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

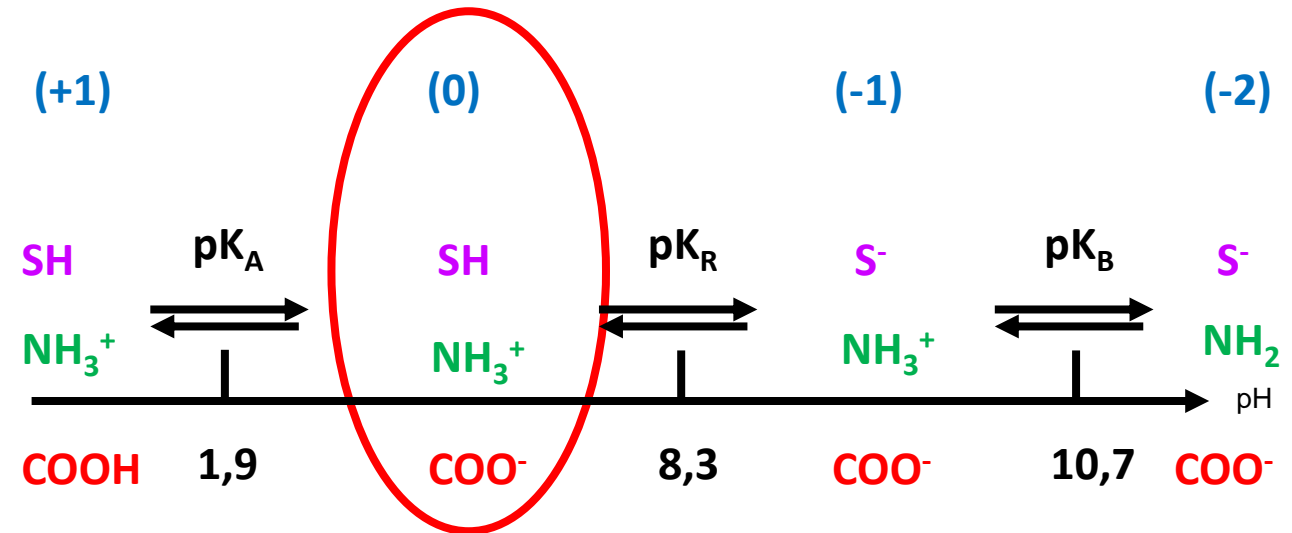


QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à **pH = 4**, C va migrer vers la cathode

pH 4 < pHi (C)

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7



$$\text{pHi (C)} = (\text{pK}_A + \text{pK}_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

QCM 14: Concernant C et D

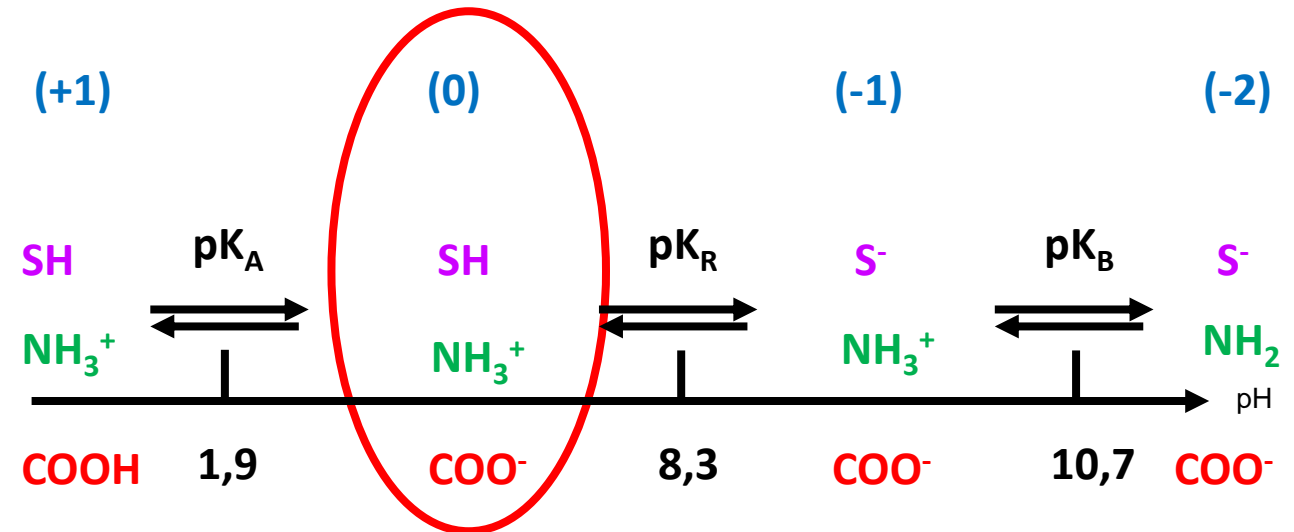
- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à **pH = 4**, C va migrer vers la cathode

pH 4 < pHi (C)



C chargé (+) pH 4

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7



$$\text{pHi (C)} = (\text{pK}_A + \text{pK}_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

QCM 14: Concernant C et D

A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6

B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode

pH 4 < pHi C

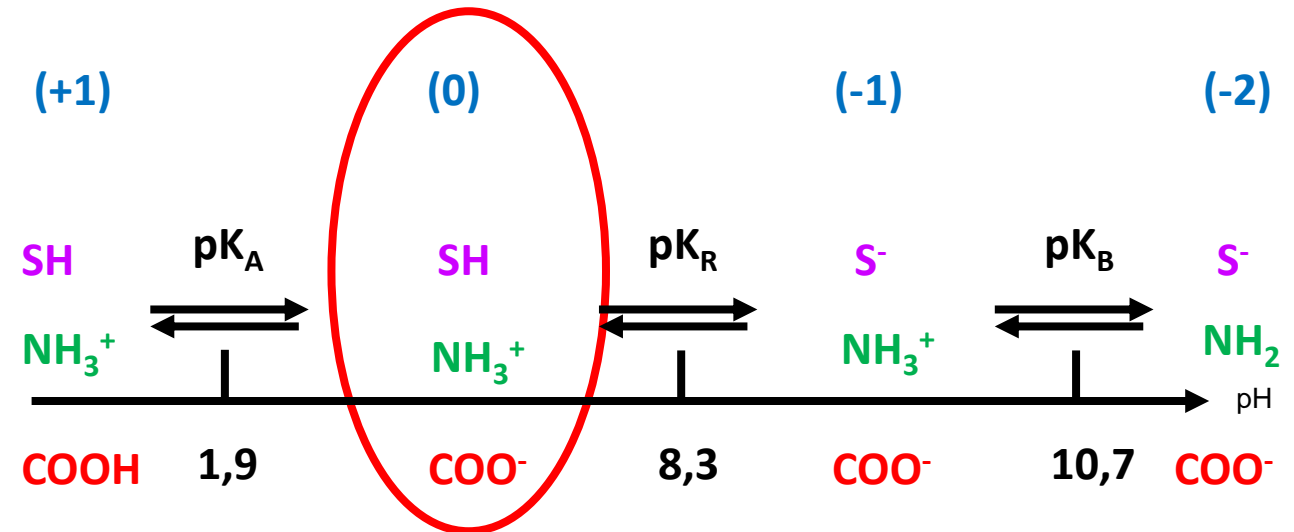


C chargé (+) pH 4



migration cathode

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7



$$\text{pHi (C)} = (\text{pK}_A + \text{pK}_R)/2 = (1,9 + 8,3)/2 = 5,1$$

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6

Colonne échangeuse de cations

AA retenus: chargés +

Colonne: chargée négativement

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6

Colonne échangeuse de cations

AA retenus: chargés +

Colonne: chargée négativement



Charge D pH 6 ?

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6

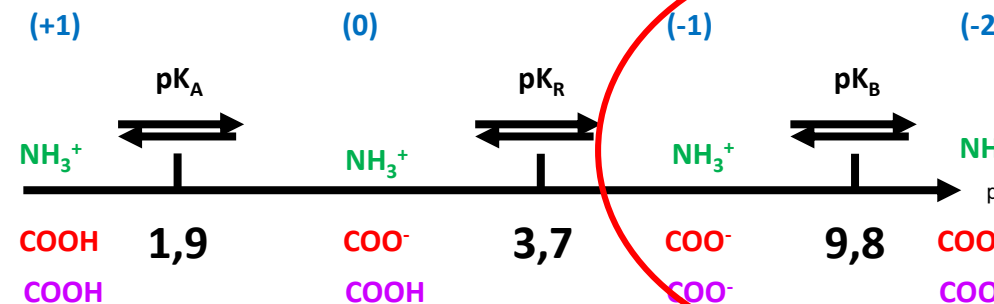
Colonne échangeuse de cations

Colonne: chargée négativement

AA retenus: chargés +



Charge D pH 6 ?



pHi D = 2,8 << pH 6

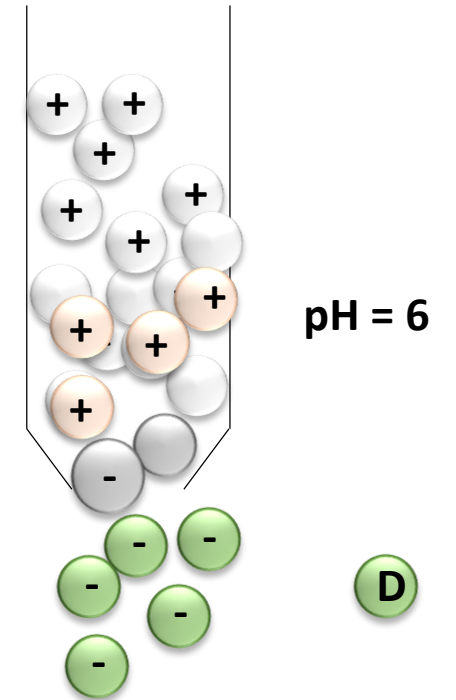


D chargé (-) pH 6

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C **D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6**

Chromatographie échangeuse de cations



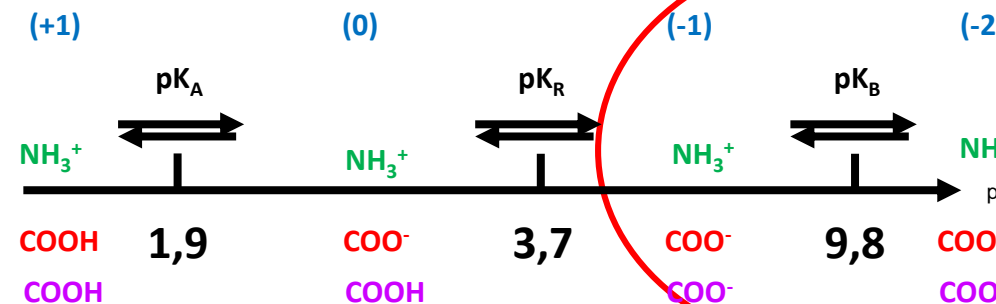
Colonne échangeuse de cations

Colonne: chargée négativement

AA retenus: chargés +



Charge D pH 6 ?



D chargé (-) pH 6

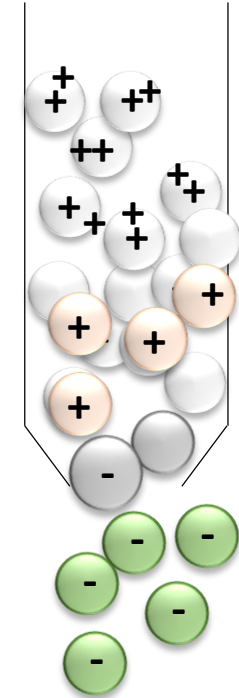


QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C **D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6**

PRINCIPE ELUTION SUR COLONNE  
ECHANGEUSE CATIONS ?

Chromatographie  
échangeuse de cations

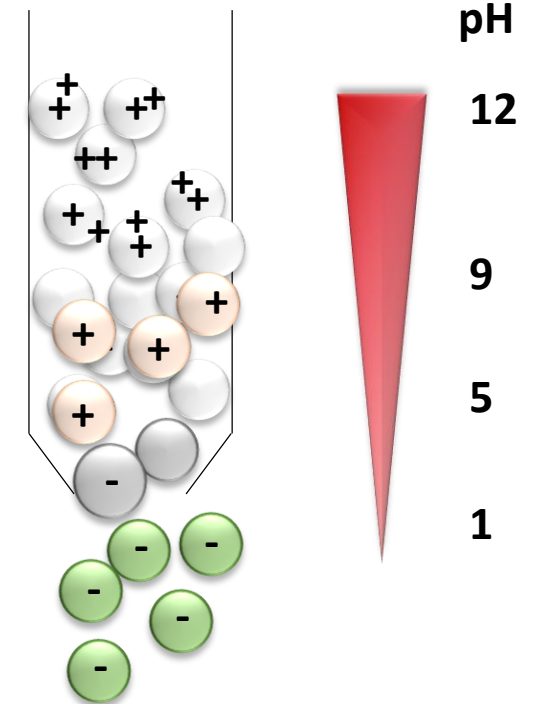




## PRINCIPE ELUTION SUR COLONNE ECHANGEUSE CATIONS

- AA retenus: chargés (+)
- Résine: chargée (-)
- Equilibre résine et préparation AA à pH défini → selon charge AA, retenu ou non lors dépôt sur colonne
- Elution avec gradient pH croissant
- Elution AA lorsque  $\text{pH} = \text{pH}_i \text{ AA}$  (100% charge (0))
- Ordre élution AA: ordre croissant  $\text{pH}_i$  → (AA acides, neutres puis basiques)

Chromatographie  
échangeuse de cations

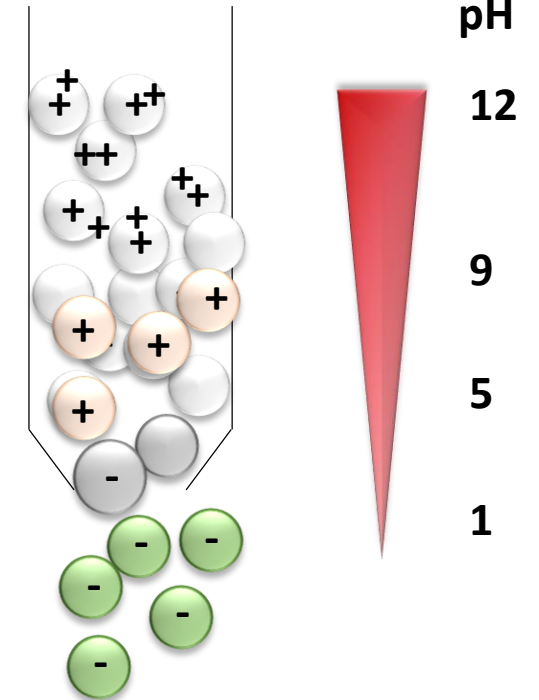




## PRINCIPE ELUTION SUR COLONNE ECHANGEUSE CATIONS

- AA retenus: chargés (+)
- Résine: chargée (-)
- Equilibre résine et préparation AA à pH défini → selon charge AA, retenu ou non lors dépôt sur colonne
- Elution avec gradient pH croissant
- Elution AA lorsque  $\text{pH} = \text{pHi AA}$  (100% charge (0))
- Ordre élution AA: ordre croissant  $\text{pHi}$  → (AA acides, neutres puis basiques)

Chromatographie  
échangeuse de cations



**C'est l'inverse pour une colonne échangeuse d'ANIONS:  
basiques, neutres, puis acides**

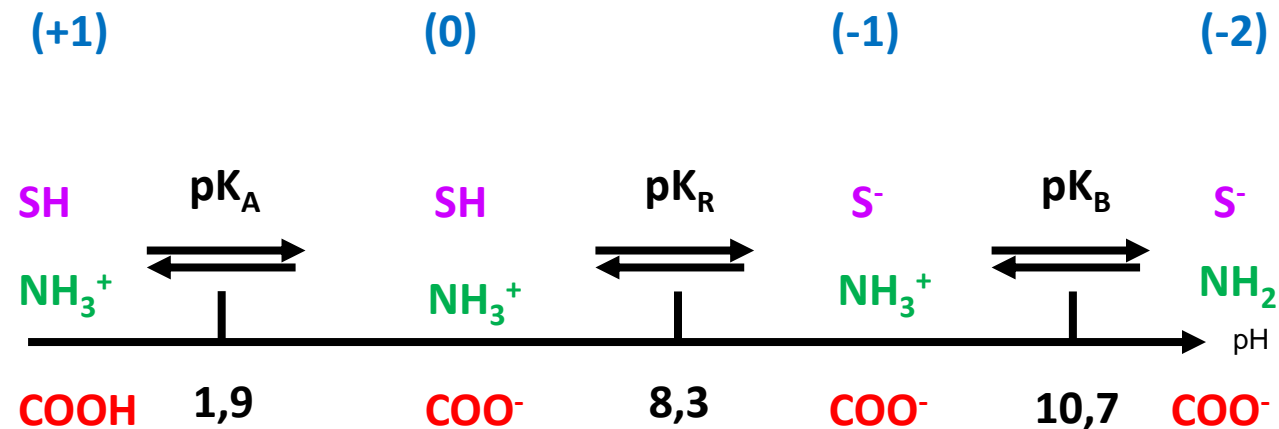
QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A **pH = 12**, **C** a une **charge globale** de (-2)

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)

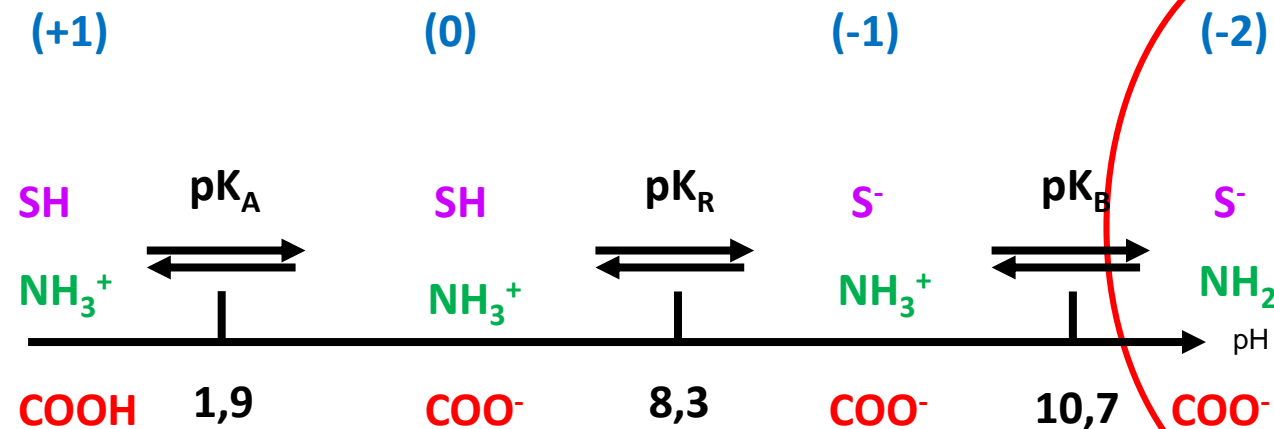
COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7



QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)

COOH	pK <sub>A</sub>	1,9
SH	pK <sub>R</sub>	8,3
NH <sub>3</sub> <sup>+</sup>	pK <sub>B</sub>	10,7

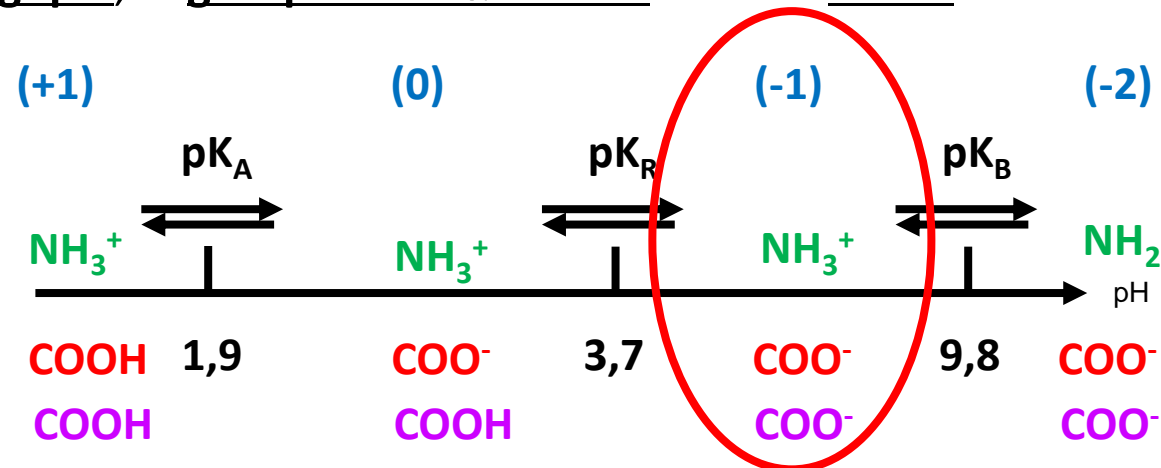


**QCM 14: Concernant C et D**

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A pH physiologique, le groupement  $\alpha$ -aminé de D est ionisé

QCM 14: Concernant C et D

- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A pH physiologique, le groupement  $\alpha$ -aminé de D est ionisé



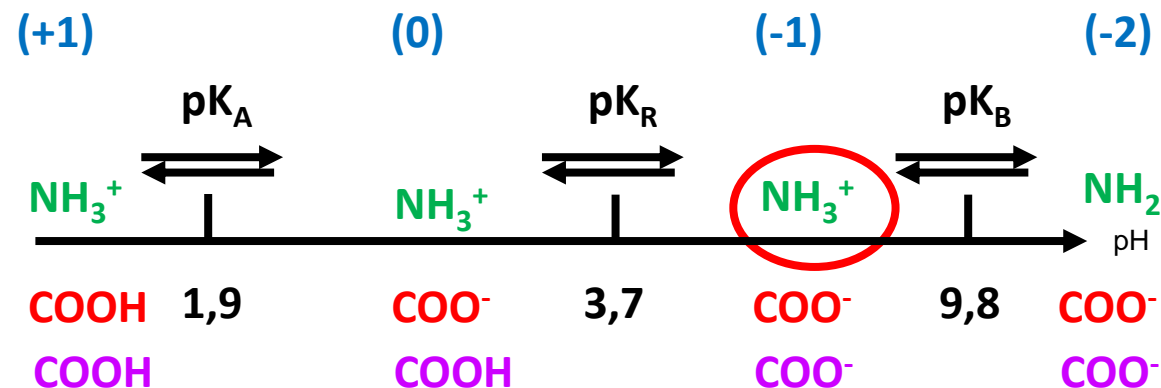
pH physiologique = 7,4



QCM 14: Concernant C et D

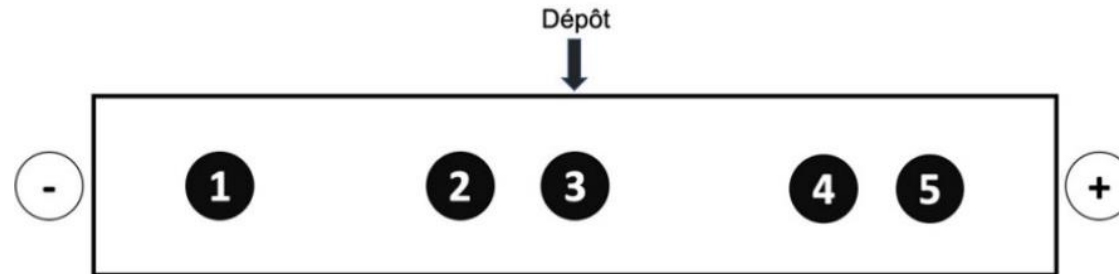
- A D migre vers l'anode au cours d'une électrophorèse à pH 6
- B Lors d'une électrophorèse à pH = 4, C va migrer vers la cathode
- C D se fixe sur une colonne échangeuse de cations à pH 6
- D A pH = 12, C a une charge globale de (-2)
- E A pH physiologique, le groupement  $\alpha$ -aminé de D est ionisé

Réponses A, B, D et E



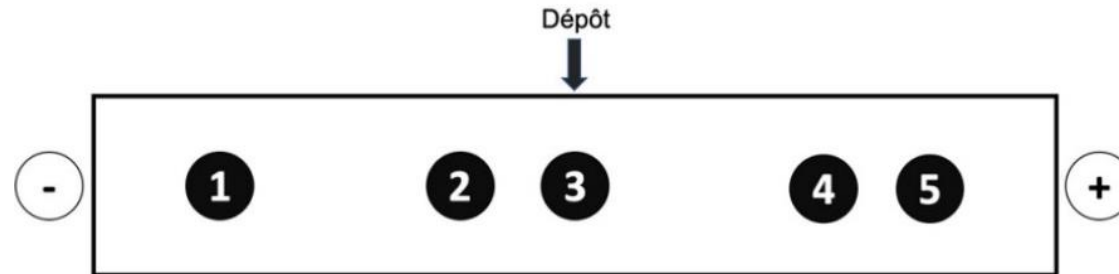
pH physiologique = 7,4

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à pH = 6. Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



- A Le spot 1 correspond à l'acide glutamique
- B Le spot 2 correspond à la leucine
- C Le spot 3 correspond à l'histidine
- D Le spot 4 correspond à l'arginine
- E Le spot 5 correspond à l'acide aspartique

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



- A Le spot 1 correspond à l'acide glutamique
- B Le spot 2 correspond à la leucine
- C Le spot 3 correspond à l'histidine
- D Le spot 4 correspond à l'arginine
- E Le spot 5 correspond à l'acide aspartique

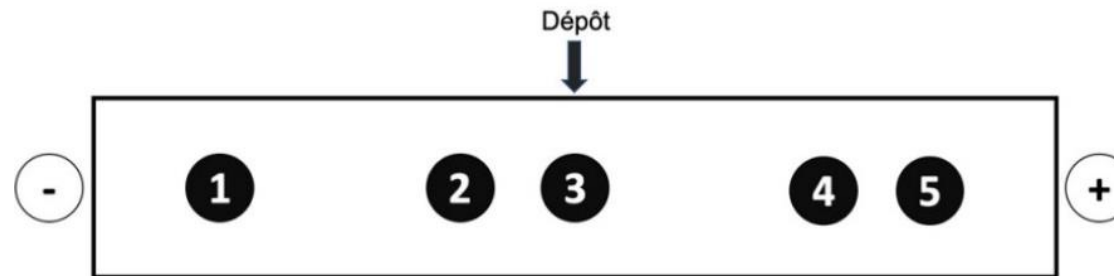
## ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- pH = pHi: charge globale AA nulle, aucune migration
- pH > pHi: charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- pH < pHi: charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



### Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi}$  Leu (5,98)  $\rightarrow$  Leu (0)

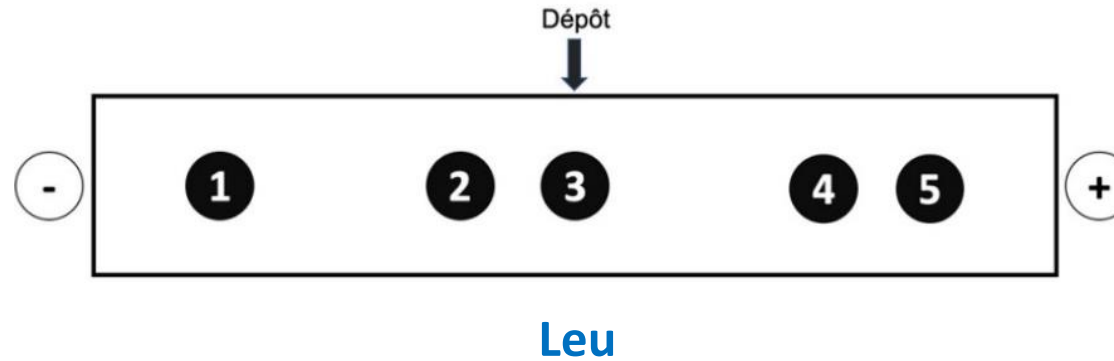
### ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- pH  $\approx$  pHi Leu (5,98)  $\rightarrow$  Leu (0)  $\rightarrow$  aucune migration



Dépôt

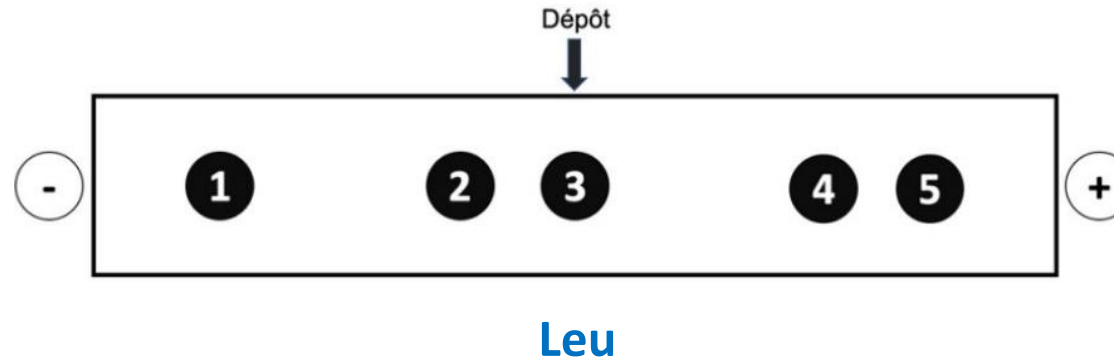
## ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- pH = pHi: charge globale AA nulle, aucune migration
- pH > pHi: charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- pH < pHi: charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



### Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77) et pHi Glu (3,22)}$

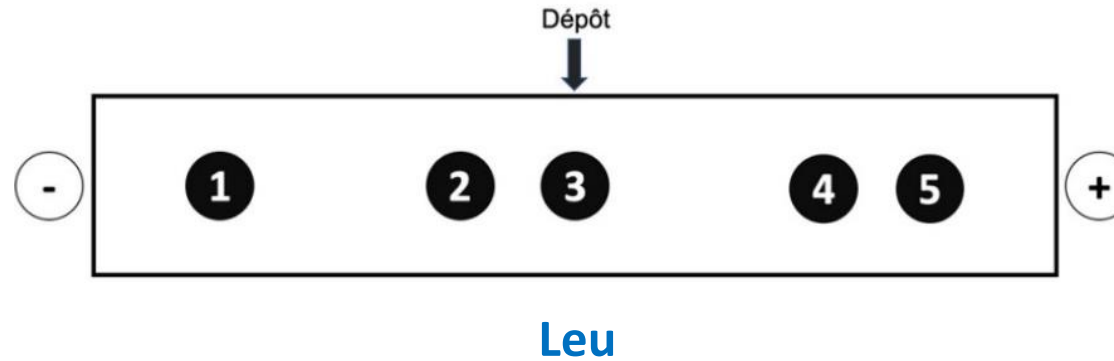
### ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



### Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77) et pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-) et Glu (-)} \rightarrow \text{migration vers anode (borne +)}$

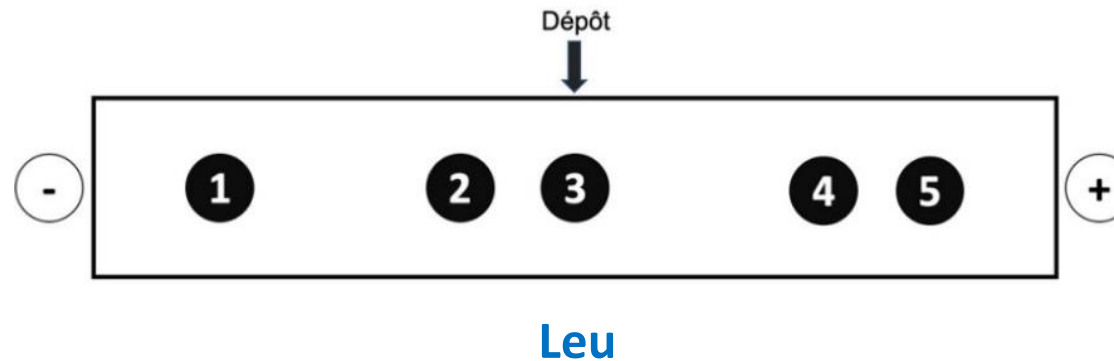
### ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77) et pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-) et Glu (-)} \rightarrow \text{migration vers anode (borne +)}$

4 ou 5 ?

## ELECTROPHORESE

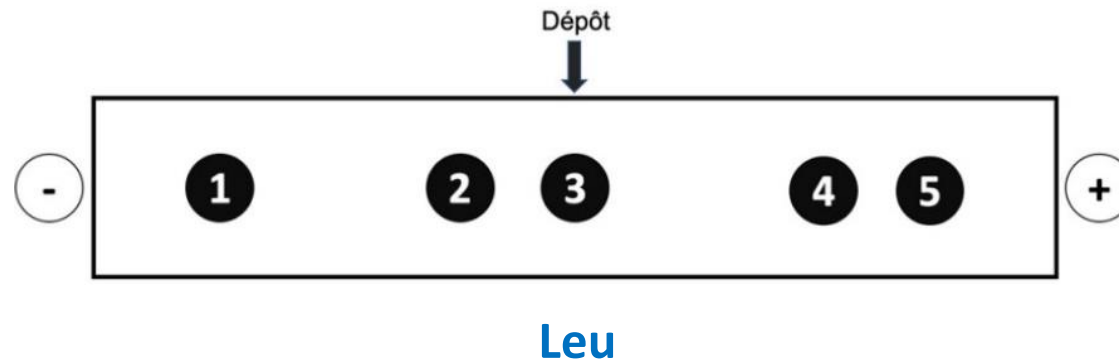
AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)





QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77)} \text{ et } \text{pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-)}$   
et  $\text{Glu (-)} \rightarrow \text{migration vers anode (borne +)}$

4 ou 5 ?

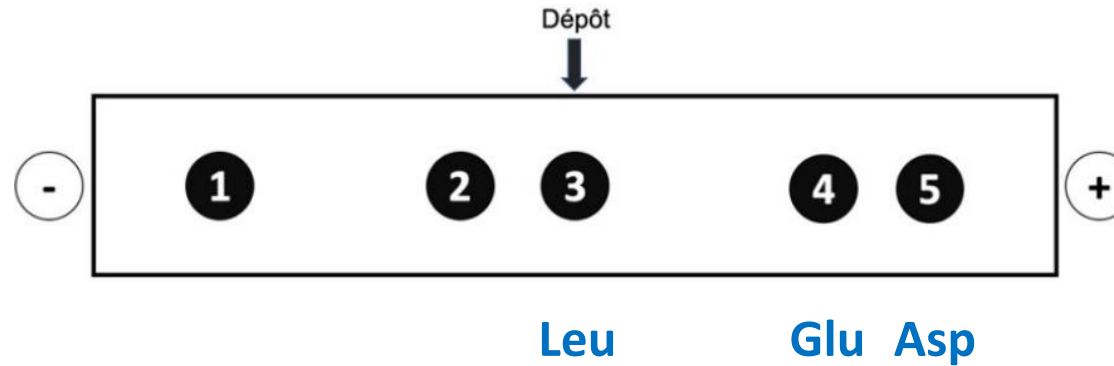


$\text{pHi Asp} < \text{pHi Glu}$



$\text{charge (-) Asp} > \text{charge (-) Glu}$

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77)} \text{ et } \text{pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-)} \text{ et } \text{Glu (-)} \rightarrow \text{migration vers anode (borne +)}$

Asp migre le plus loin vers l'anode

4 ou 5 ?



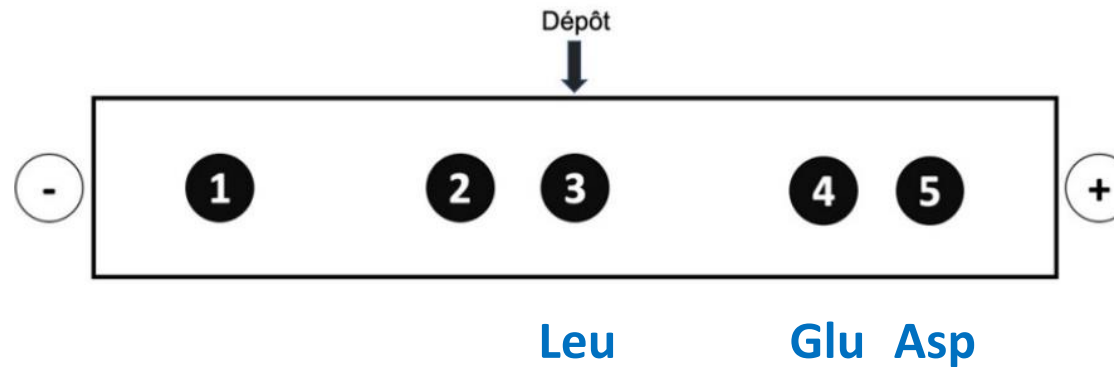
$\text{pHi Asp} < \text{pHi Glu}$



charge (-) Asp > charge (-) Glu



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi}$  Leu (5,98)  $\rightarrow$  Leu (0)  $\rightarrow$  aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$  Asp (2,77) et pHi Glu (3,22)  $\rightarrow$  Asp (-) et Glu (-)  $\rightarrow$  migration vers anode
- $\text{pH} < \text{pHi}$  His (7,59) et pHi Arg (10,76)

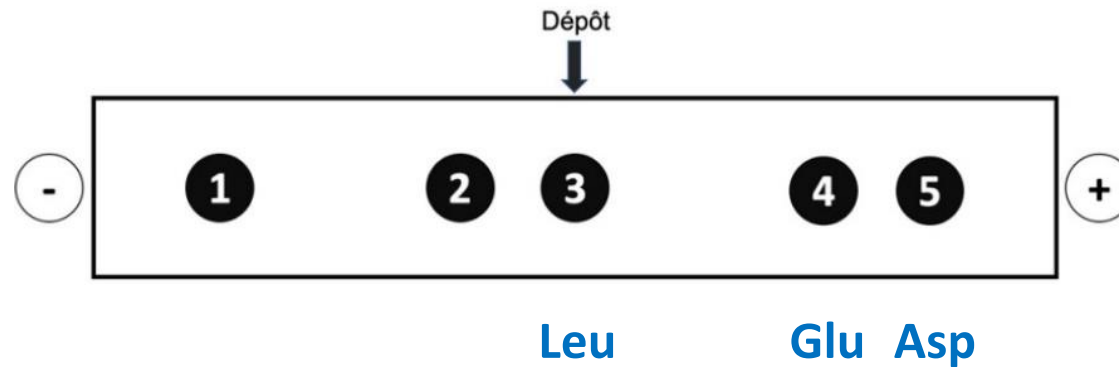
## ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi}$  Leu (5,98)  $\rightarrow$  Leu (0)  $\rightarrow$  aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$  Asp (2,77) et pHi Glu (3,22)  $\rightarrow$  Asp (-) et Glu (-)  $\rightarrow$  migration vers anode
- $\text{pH} < \text{pHi}$  His (7,59) et pHi Arg (10,76)  $\rightarrow$  His (+) et Arg (+)  $\rightarrow$  migration vers cathode

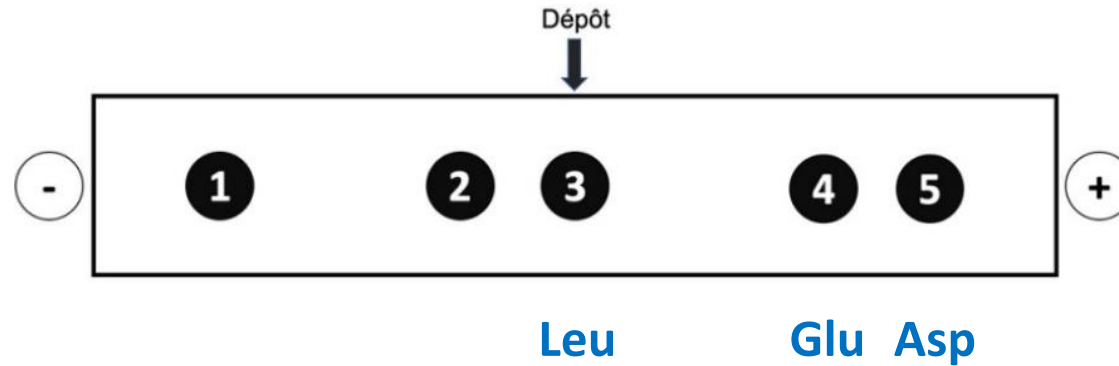
## ELECTROPHORESE

AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi}$  Leu (5,98)  $\rightarrow$  Leu (0)  $\rightarrow$  aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$  Asp (2,77) et pHi Glu (3,22)  $\rightarrow$  Asp (-) et Glu (-)  $\rightarrow$  migration vers anode
- $\text{pH} < \text{pHi}$  His (7,59) et pHi Arg (10,76)  $\rightarrow$  His (+) et Arg (+)  $\rightarrow$  migration vers cathode

## ELECTROPHORESE

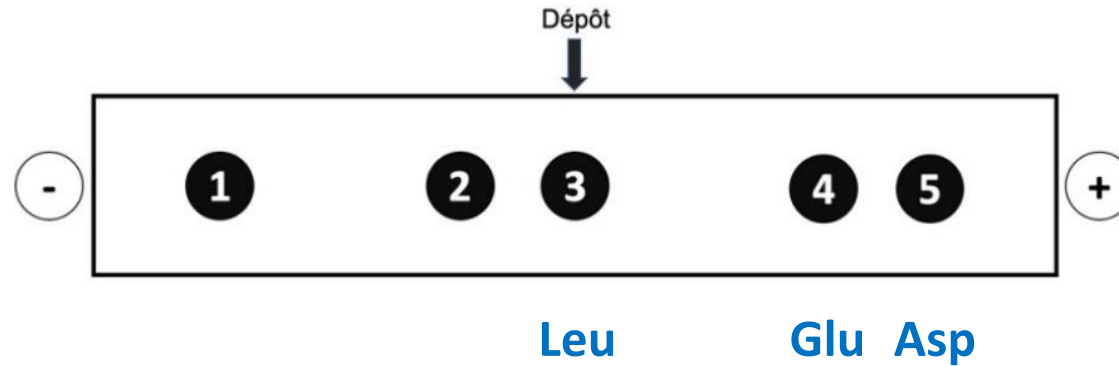
AA migrent vers électrode de polarité opposée à leur charge

- $\text{pH} = \text{pHi}$ : charge globale AA nulle, aucune migration
- $\text{pH} > \text{pHi}$ : charge globale AA négative, migration anode (borne +)
- $\text{pH} < \text{pHi}$ : charge globale AA positive, migration cathode (borne -)



1 ou 2 ?

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :

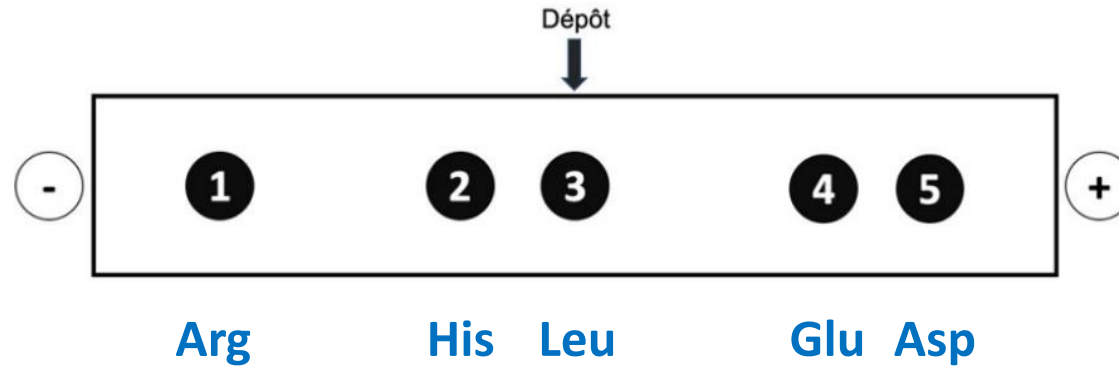


Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77)} \text{ et } \text{pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-)} \text{ et } \text{Glu (-)} \rightarrow \text{migration vers anode}$
- $\text{pH} < \text{pHi His (7,59)} \text{ et } \text{pHi Arg (10,76)} \rightarrow \text{His (+)} \text{ et } \text{Arg (+)} \rightarrow \text{migration vers cathode}$

1 ou 2 ?  $\rightarrow$  pHi Arg > pHi His  $\rightarrow$  Charge (+) Arg > Charge (+) His

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



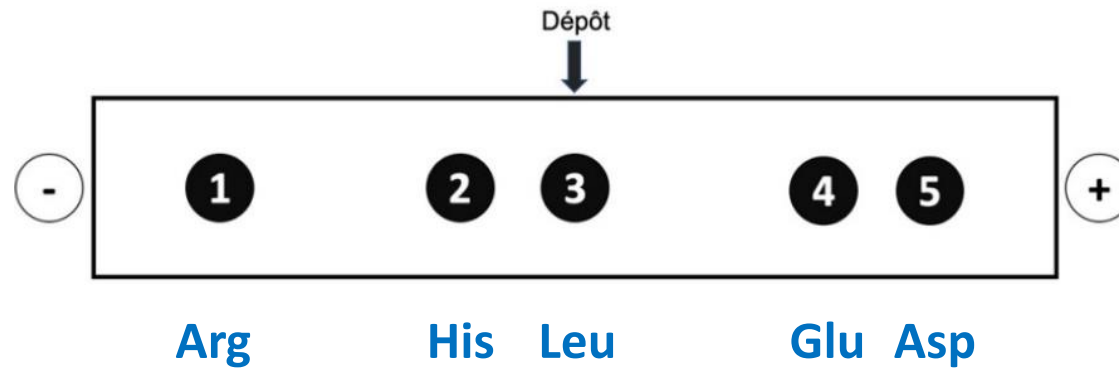
Electrophorèse à pH = 6

- $\text{pH} \approx \text{pHi Leu (5,98)} \rightarrow \text{Leu (0)} \rightarrow \text{aucune migration}$
- $\text{pH} > \text{pHi Asp (2,77)} \text{ et } \text{pHi Glu (3,22)} \rightarrow \text{Asp (-)} \text{ et } \text{Glu (-)} \rightarrow \text{migration vers anode}$
- $\text{pH} < \text{pHi His (7,59)} \text{ et } \text{pHi Arg (10,76)} \rightarrow \text{His (+)} \text{ et } \text{Arg (+)} \rightarrow \text{migration vers cathode}$

Arg migre le plus loin vers la cathode

1 ou 2 ?  $\rightarrow$  pHi Arg > pHi His  $\rightarrow$  Charge (+) Arg > Charge (+) His

QCM 29: Sujet Contrôle Intermédiaire 2020 : Cinq acides aminés sont séparés par électrophorèse à **pH = 6**.  
Données: Leu pHi = 5,98 ; Glu, pHi = 3,22 ; Arg, pHi = 10,76 ; His, pHi = 7,59 ; Asp, pHi = 2,77 On obtient le résultat ci-dessous :



- A Le spot 1 correspond à l'acide glutamique
- B Le spot 2 correspond à la leucine
- C Le spot 3 correspond à l'histidine
- D Le spot 4 correspond à l'arginine
- E **Le spot 5 correspond à l'acide aspartique**

**Réponse E**



**QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).**

- A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique
- B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique
- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5

**QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).**

- A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique
- B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique
- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5

### CHARGE NETTE PEPTIDE

- Identification des groupements ionisables
- Association valeurs pK aux groupements ionisables
- Etat ionisation de chaque groupement ionisable au cours variations pH
- Comptabilisation globale des charges

**A - R - V - H - D - Q**

## **CHARGE NETTE PEPTIDE**

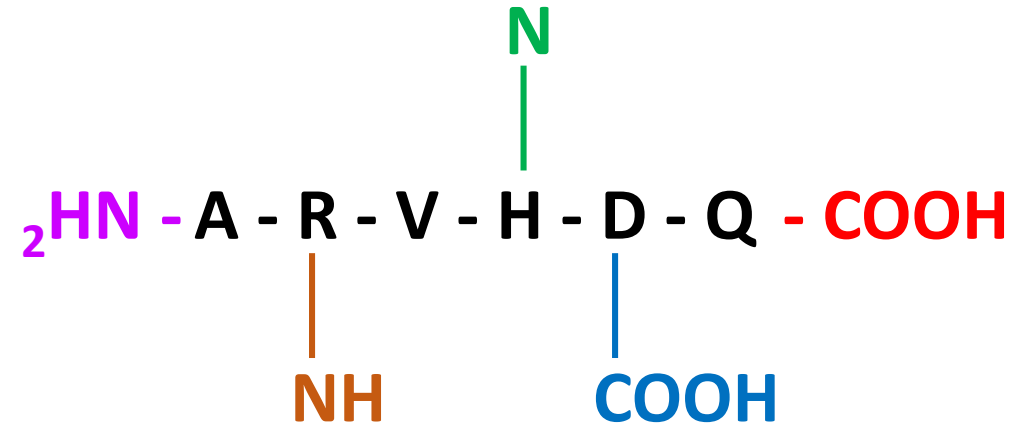
- Identification des groupements ionisables**



## CHARGE NETTE PEPTIDE

### ☐ Identification des groupements ionisables

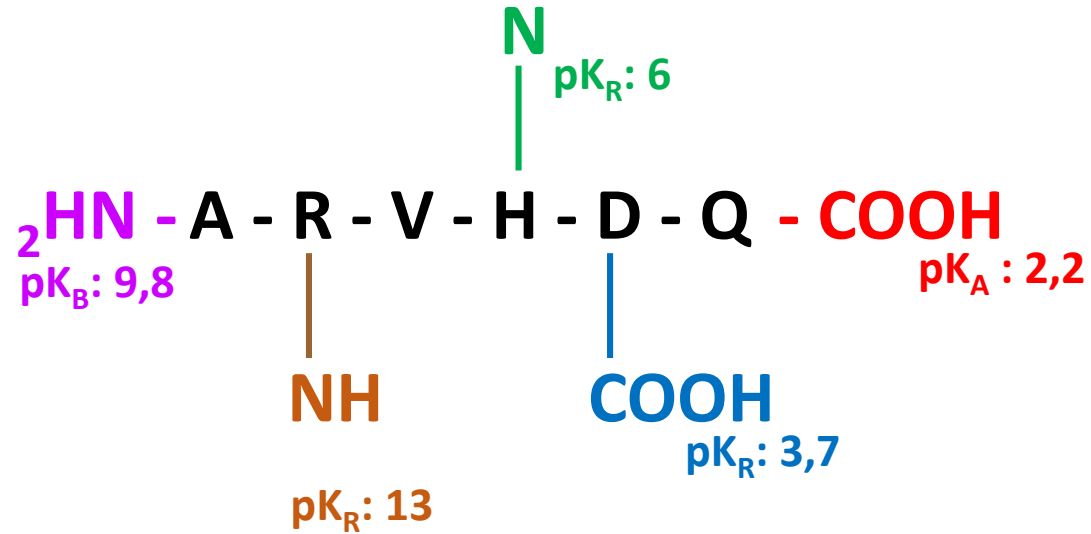
- Groupements extrémités N-Ter et C-Ter



## CHARGE NETTE PEPTIDE

### ☐ Identification des groupements ionisables

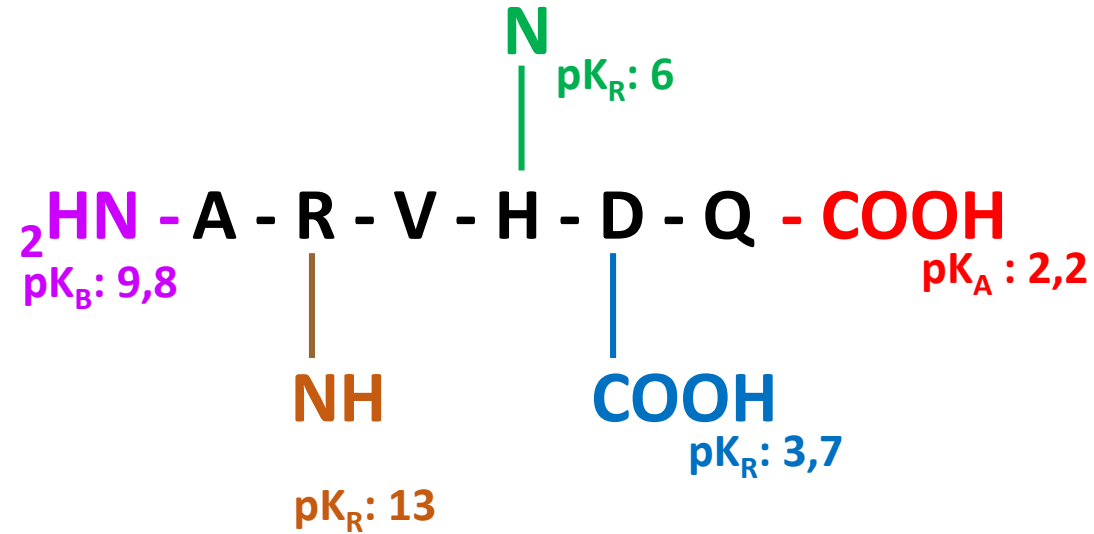
- Groupements extrémités N-Ter et C-Ter
- Groupements chaînes latérales



	$\text{pK}_A$	$\text{pK}_B$	$\text{pK}_R$
A	2,3	9,8	
R	2	9	13
V	2,3	9,8	
H	1,8	9,2	6
D	1,9	9,8	3,7
Q	2,2	9,1	

### CHARGE NETTE PEPTIDE

- ☐ Identification des groupements ionisables
- ☐ Association valeurs pK aux groupements ionisables



## CHARGE NETTE PEPTIDE

- Identification des groupements ionisables
- Association valeurs pKa aux groupements ionisables
- Etat ionisation de chaque groupement ionisable au cours variations pH

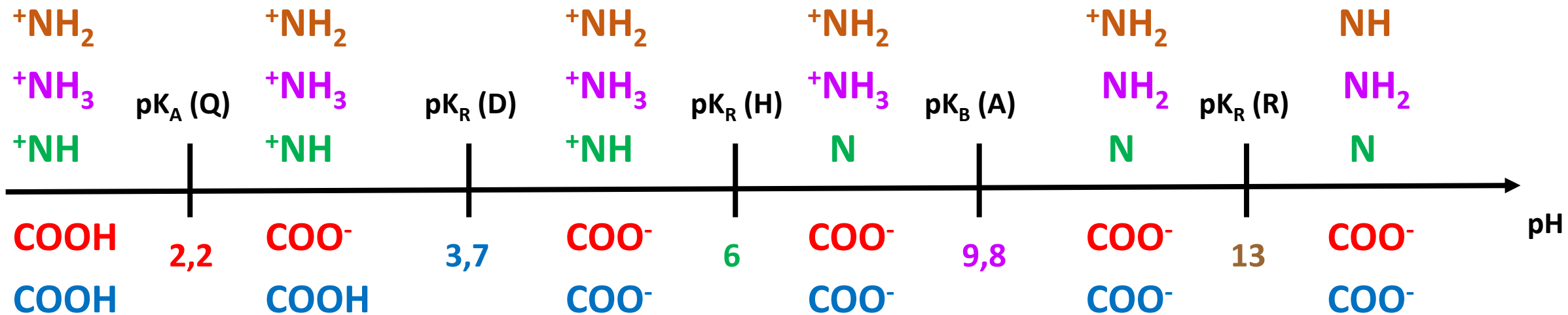
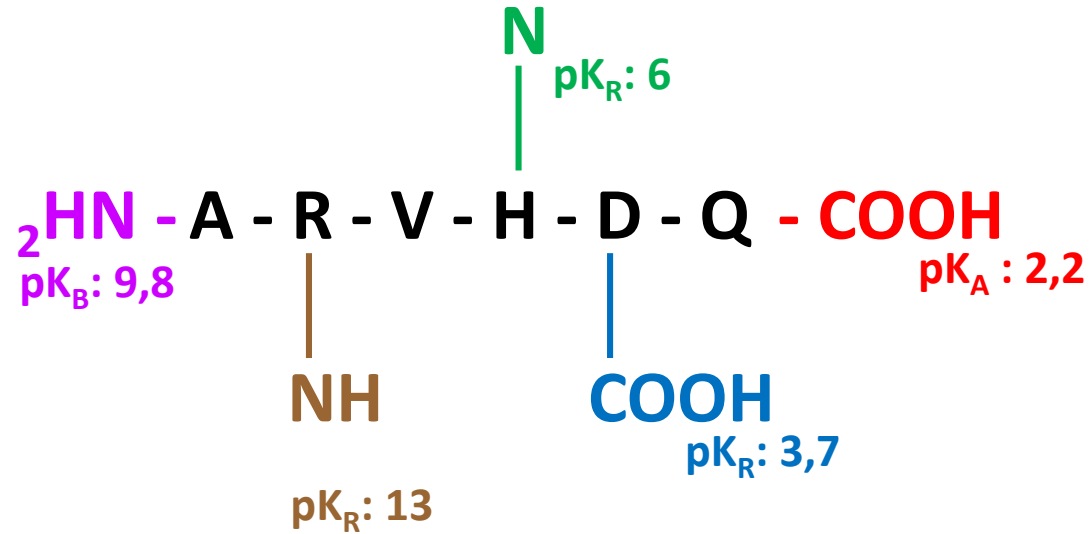
I-ACIDES  
AMINES

II-PEPTIDES

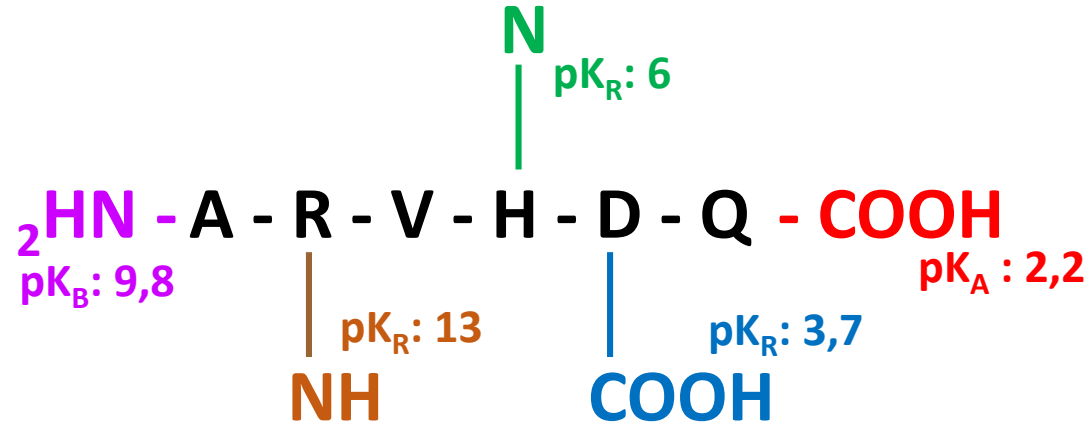
III- PROTEINES

IV- ENZYMOLOGIE

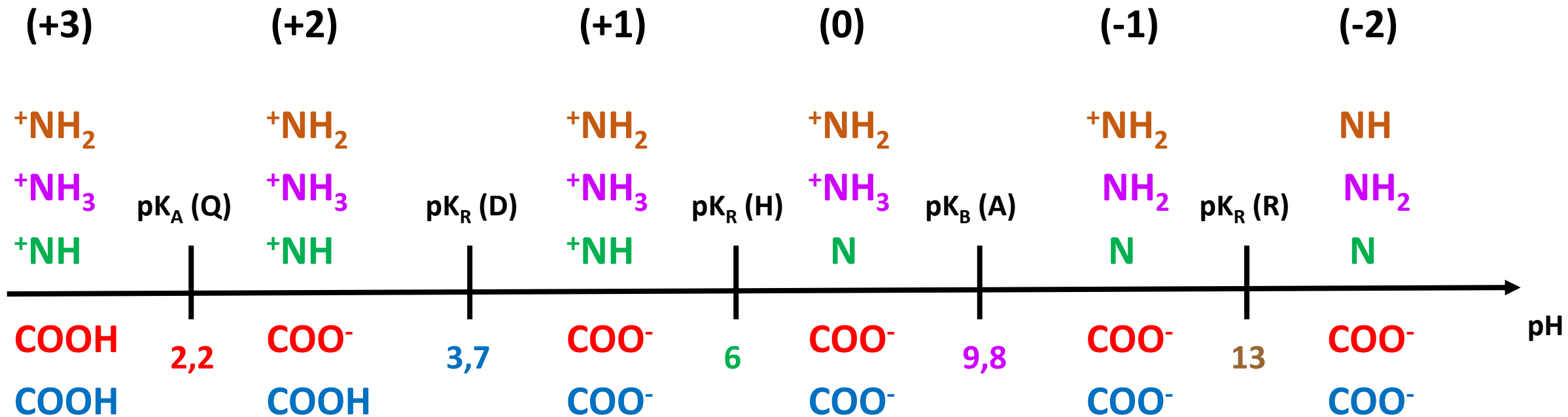
V-LIPIDES







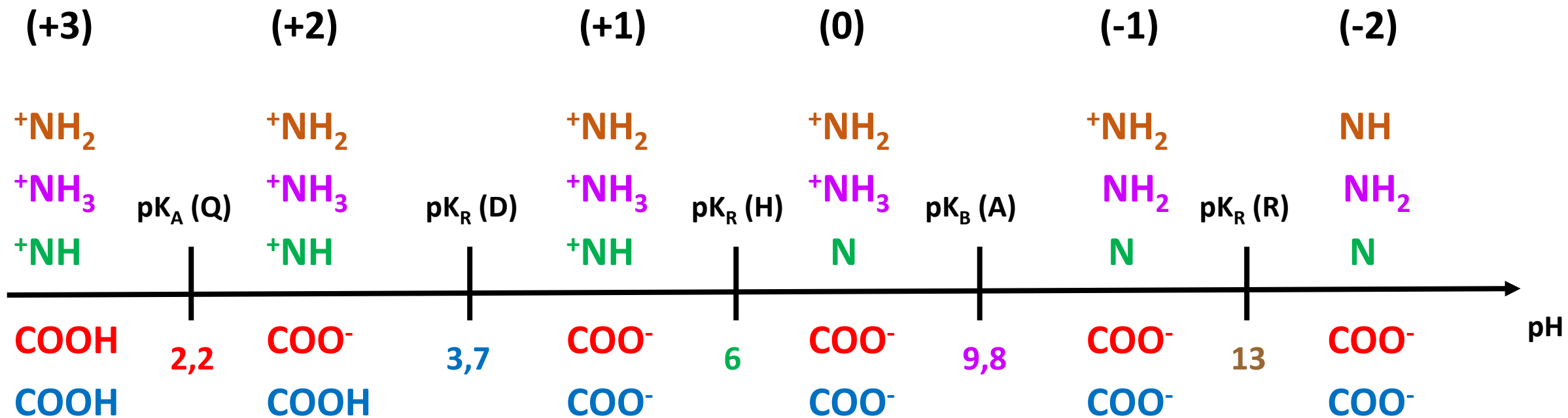
☐ Comptabilisation globale des charges



QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique

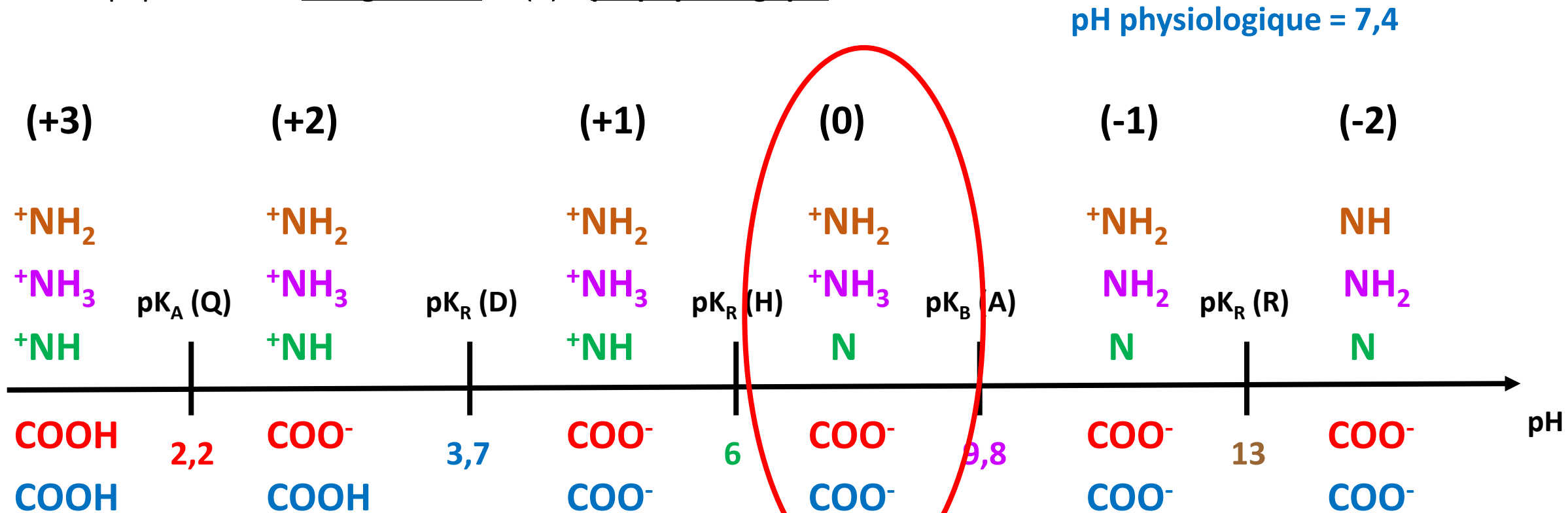
B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique



QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique

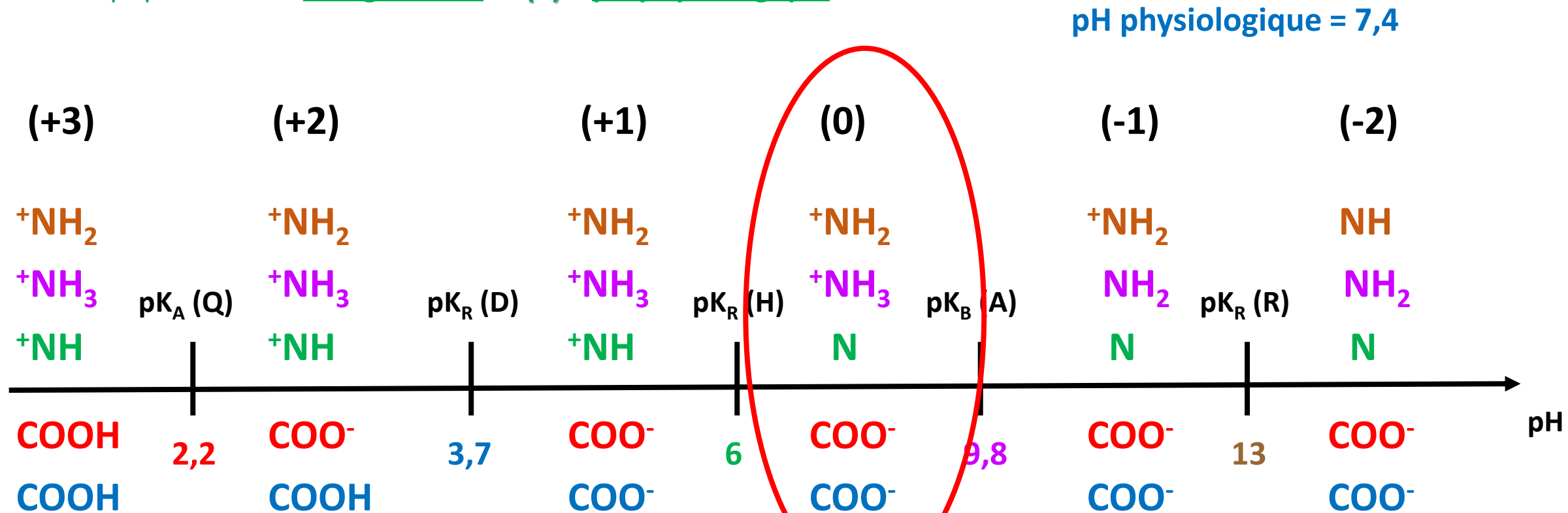
B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique



QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

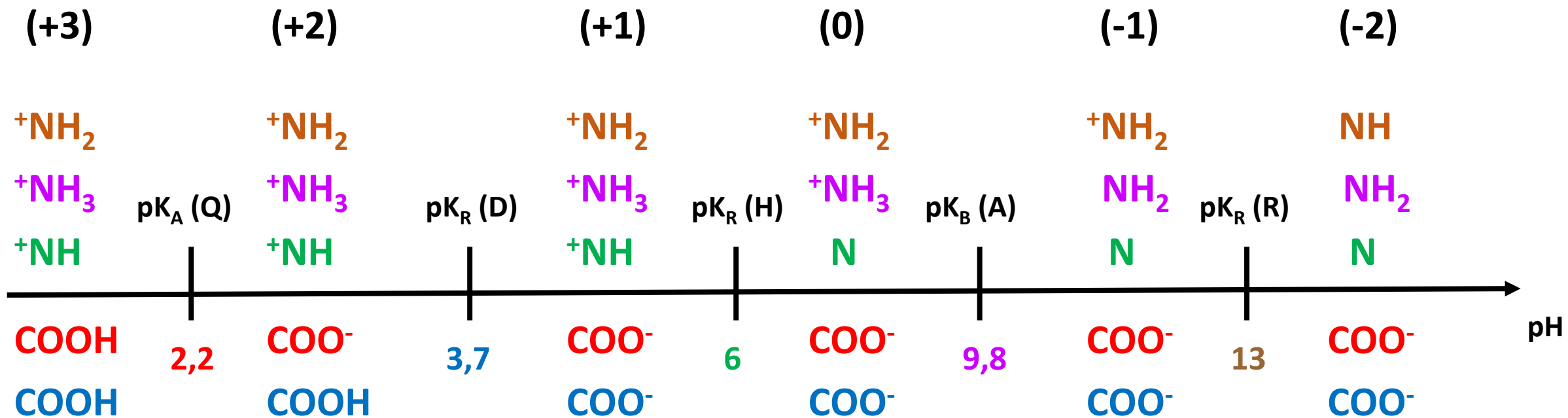
A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique

B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique



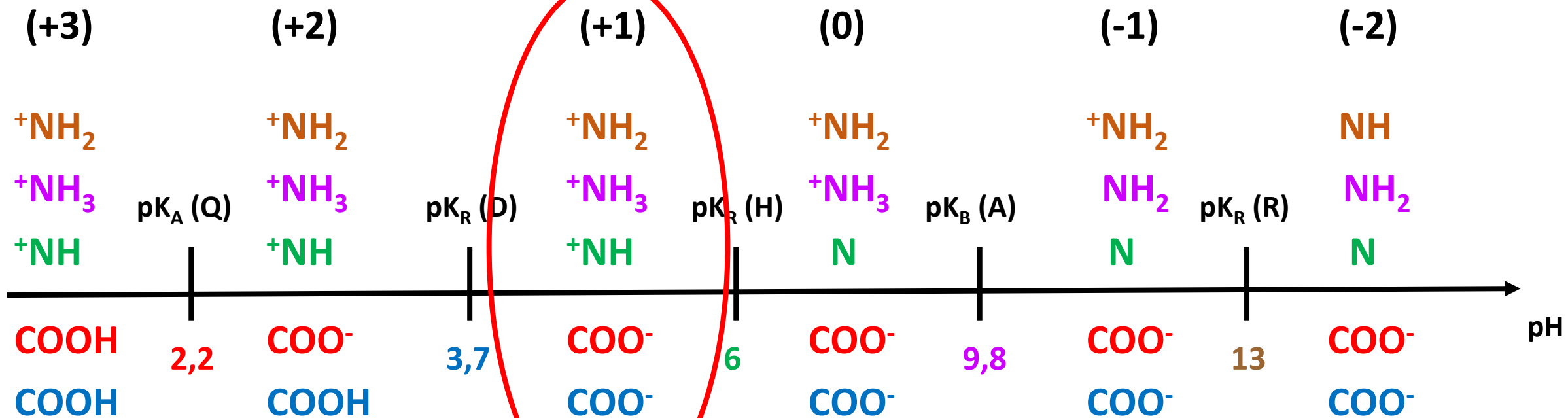
QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5



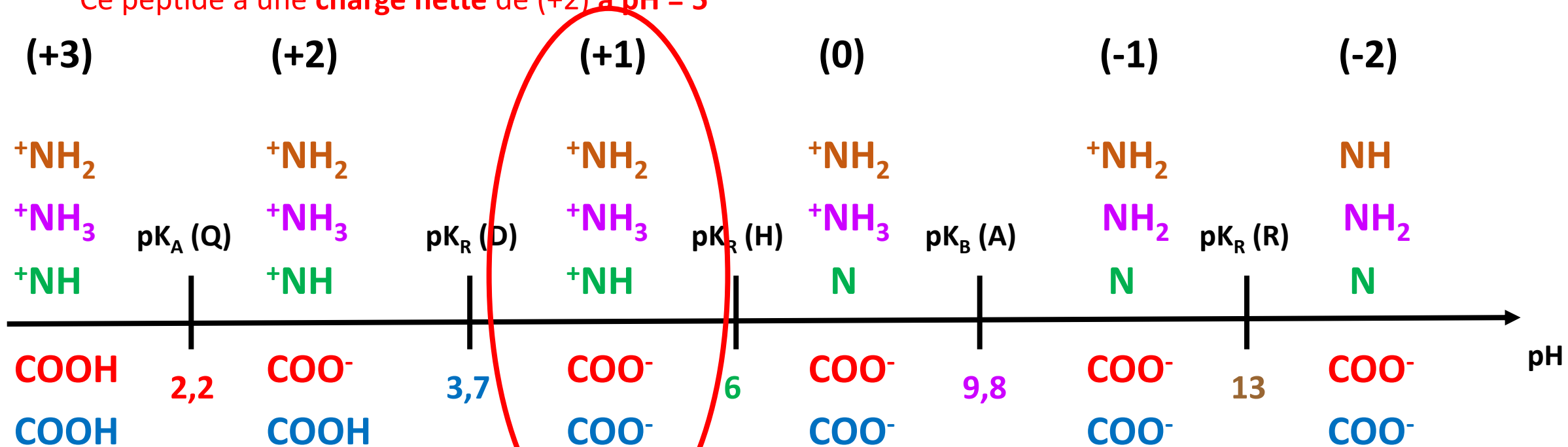
QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5



QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).

- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5



**QCM 33: soit le peptide suivant: A-R-V-H-D-Q. Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) vraie(s).**

- A Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH physiologique
- B Ce peptide a une charge nette de (0) à pH physiologique**
- C Ce peptide a une charge nette de (0) à pH = 5
- D Ce peptide a une charge nette de (+1) à pH = 5**
- E Ce peptide a une charge nette de (+2) à pH = 5

**Réponses: B, D**



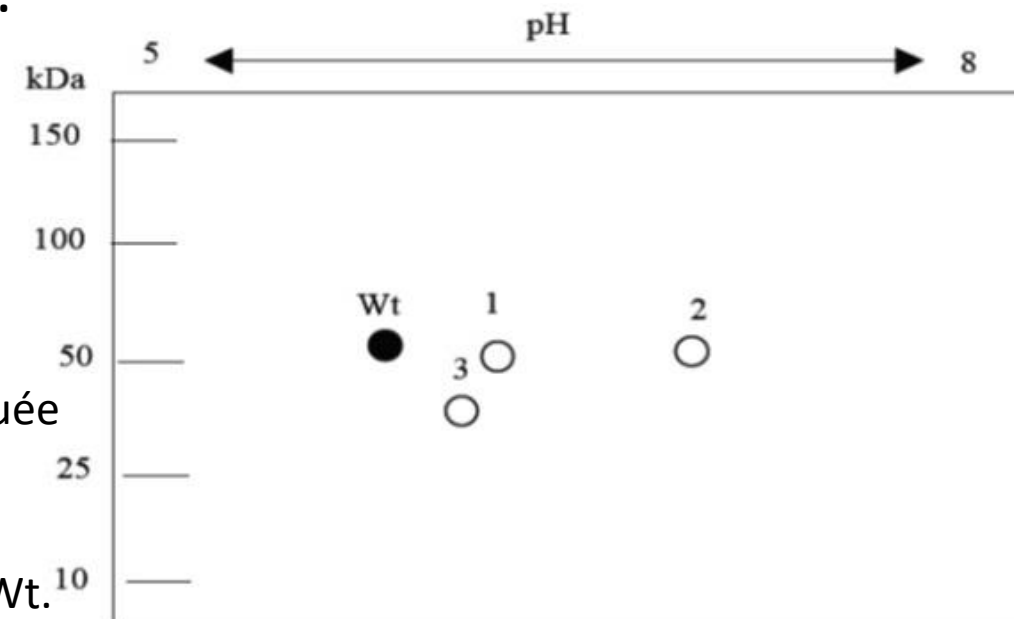
61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Il faut **localiser la migration des différents mutants sur l'électrophorèse**

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

- A La tache 1 indique la présence du mutant A
- B La tache 2 indique la présence du mutant B
- C La tache 3 indique la présence du mutant C
- D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal
- E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



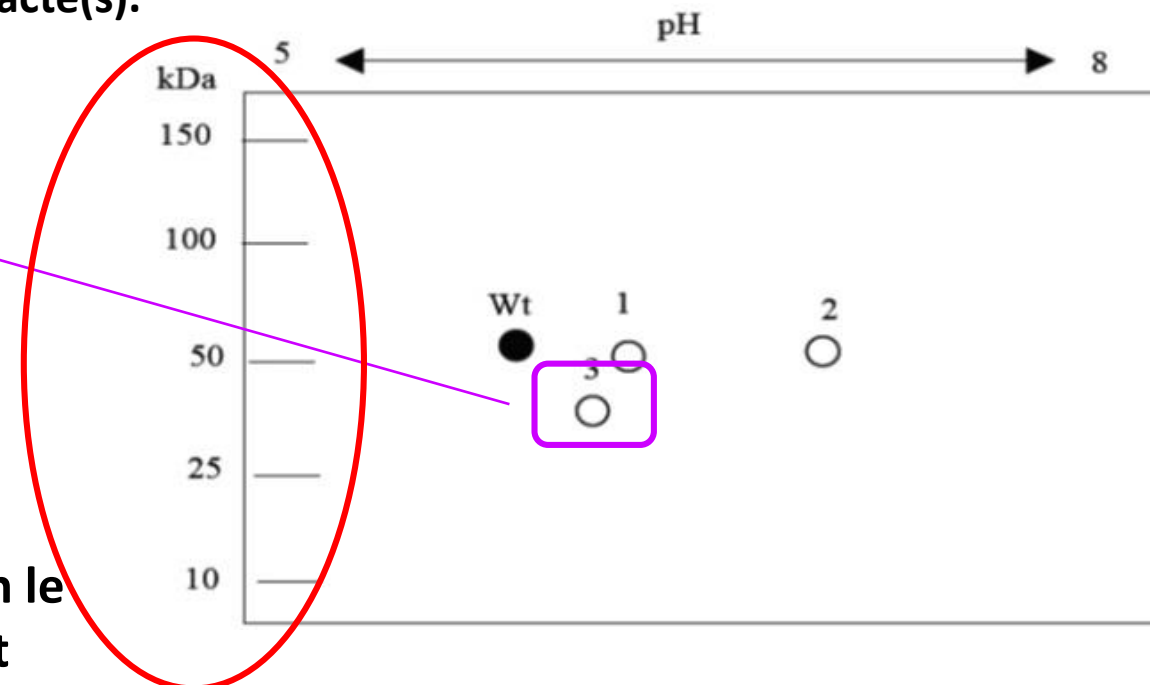
61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Migration à un poids  
moléculaire inférieur à la  
protéine Wt

SDS-PAGE: séparation selon le  
poids moléculaire apparent



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

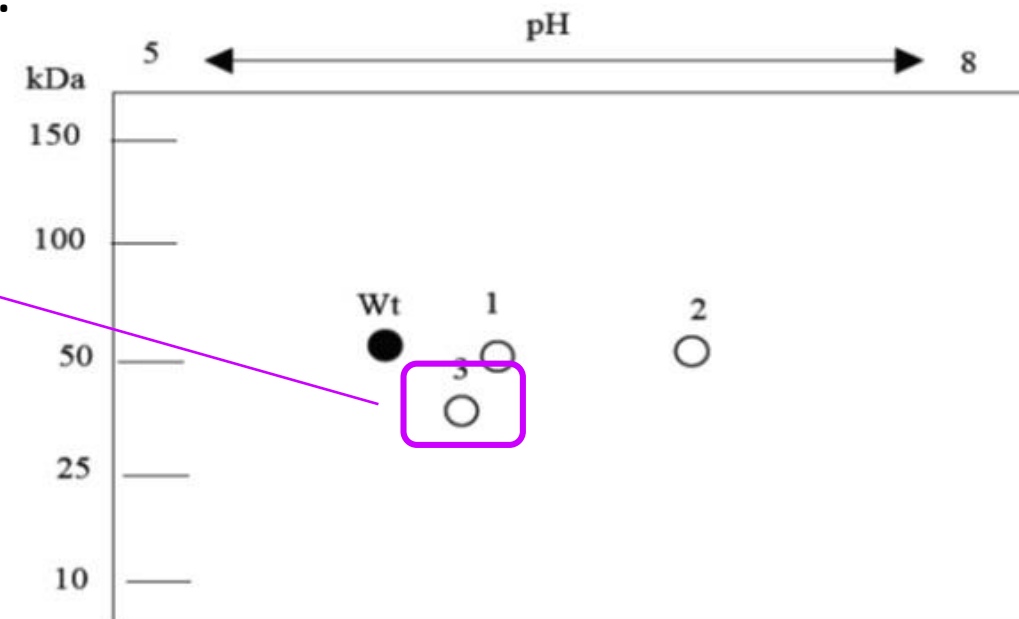
- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Migration à un poids  
moléculaire inférieur à la  
protéine Wt



Mutant de délétion (D)



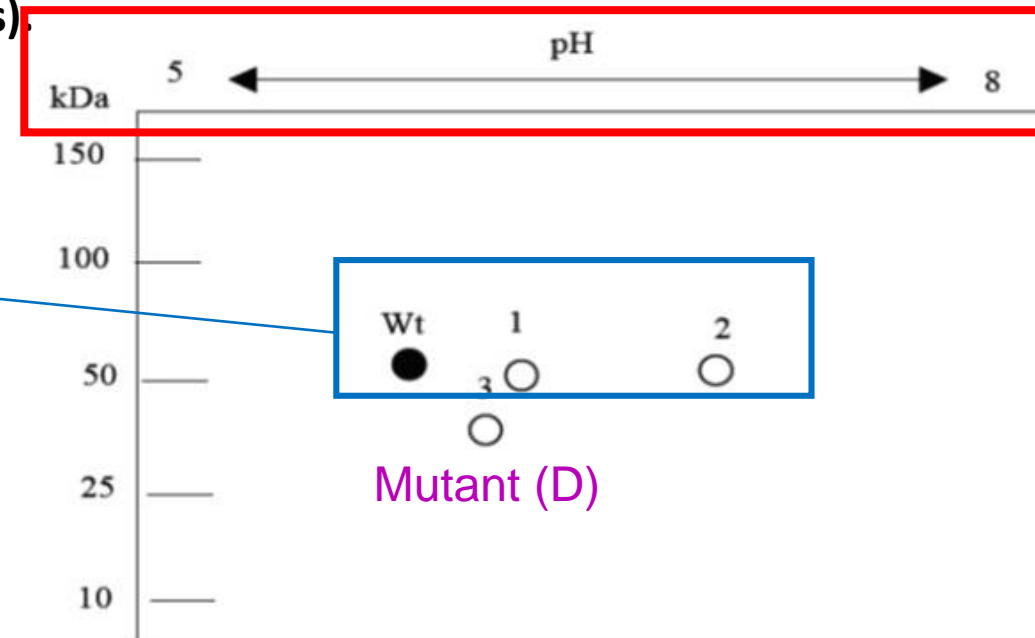
61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

IEF: séparation selon le pHi

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Même poids moléculaire  
que Wt mais arrêt de  
migration à des pH  
différents



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmaticque de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

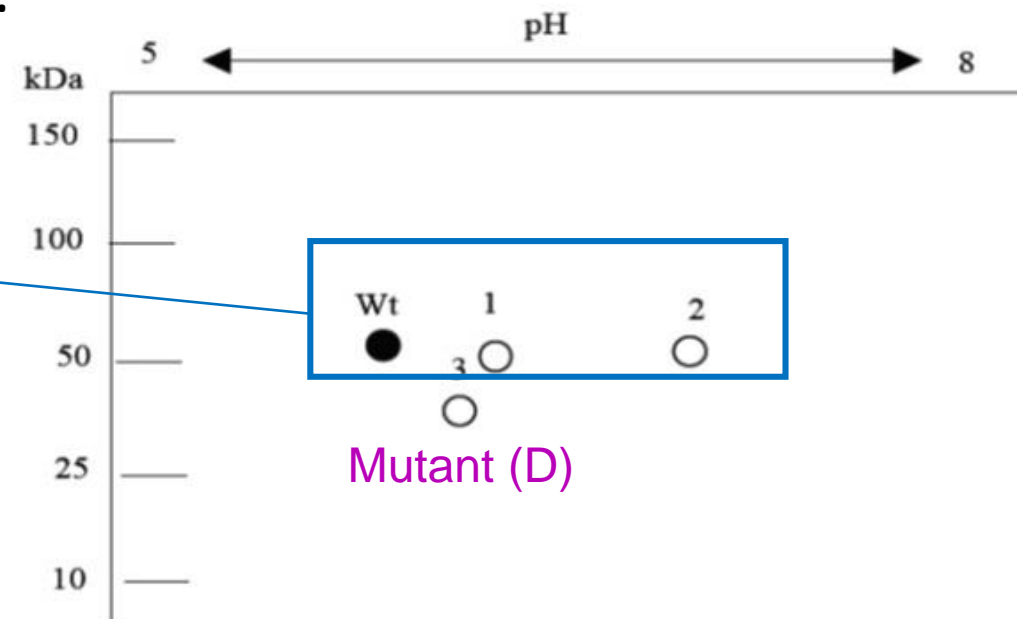
- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

Même poids moléculaire  
que Wt mais arrêt de  
migration à des pH  
différents



Mutants ponctuels



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

### Mutants ponctuels

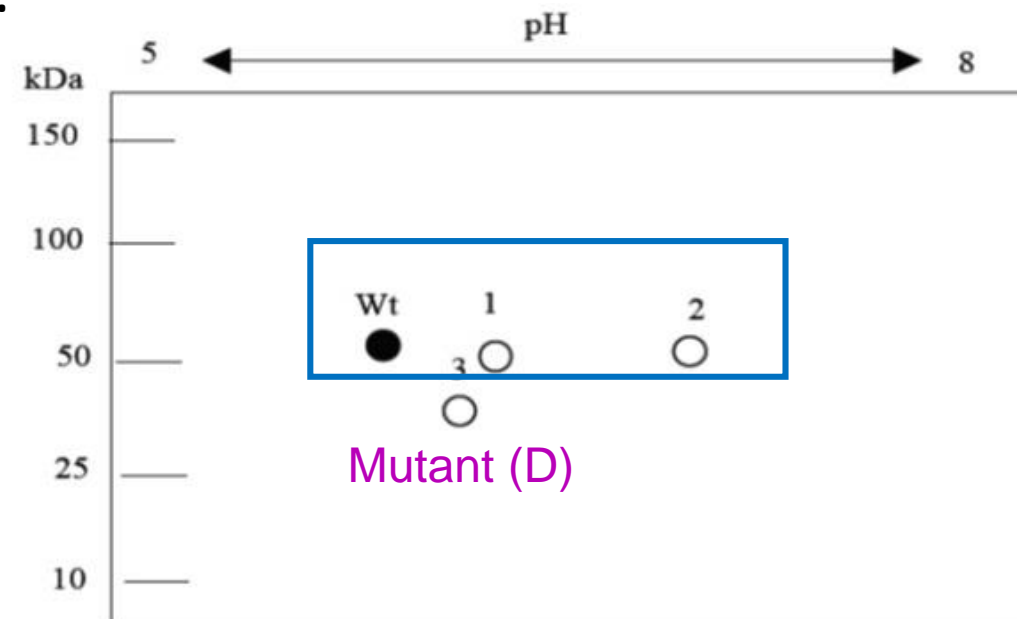
(A): V213 → A

(C): E264 → V

(B): E342 → K

a.a. neutre → a.a.  
neutre

pHi inchangé



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

### Mutants ponctuels

(A): V213 → A

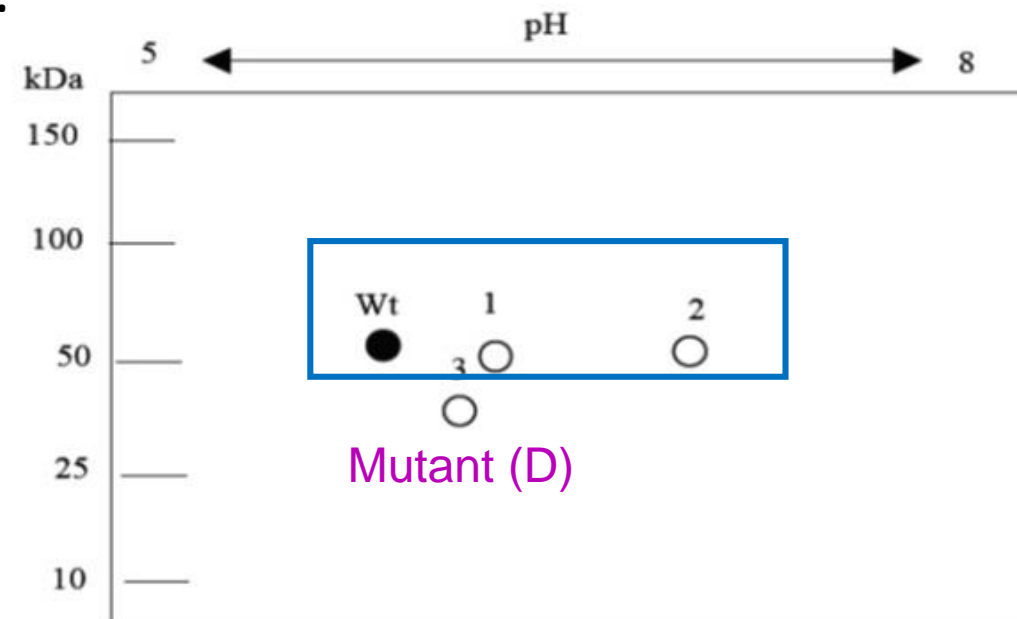
(C): E264 → V

(B): E342 → K

a.a. neutre → a.a.  
neutre

pHi inchangé

Migration mutant (A)?



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

### Mutants ponctuels

(A): V213 → A

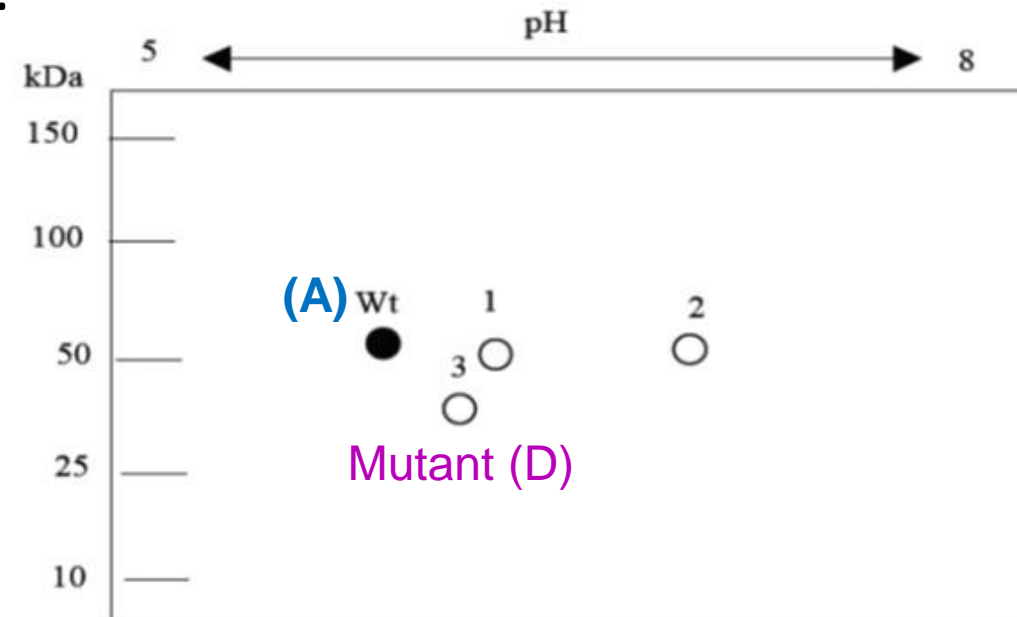
(C): E264 → V

(B): E342 → K

a.a. neutre → a.a.  
neutre

pHi inchangé

Migration mutant (A)?





61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

### Mutants ponctuels

(A): V213 → A



a.a. neutre → a.a.  
neutre



pHi inchangé

(C): E264 → V



a.a. acide → a.a.  
neutre



pHi augmenté

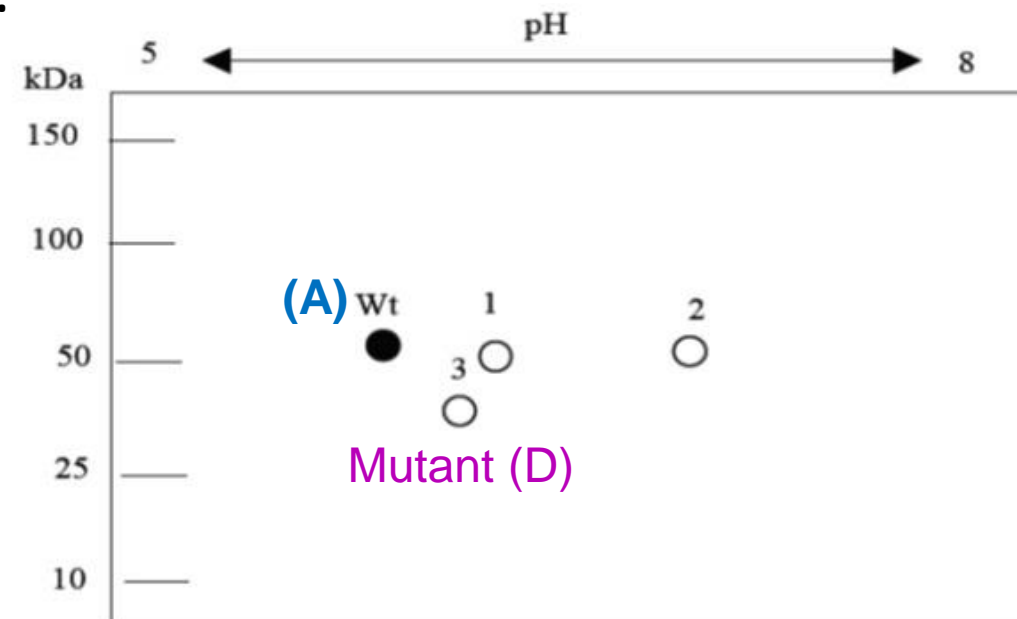
(B): E342 → K



a.a. acide → a.a.  
basique



pHi d'autant plus  
augmenté



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

### Mutants ponctuels

(A): V213 → A  
pHi inchangé



Migration  
inchangée / Wt

(C): E264 → V  
pHi augmenté / Wt

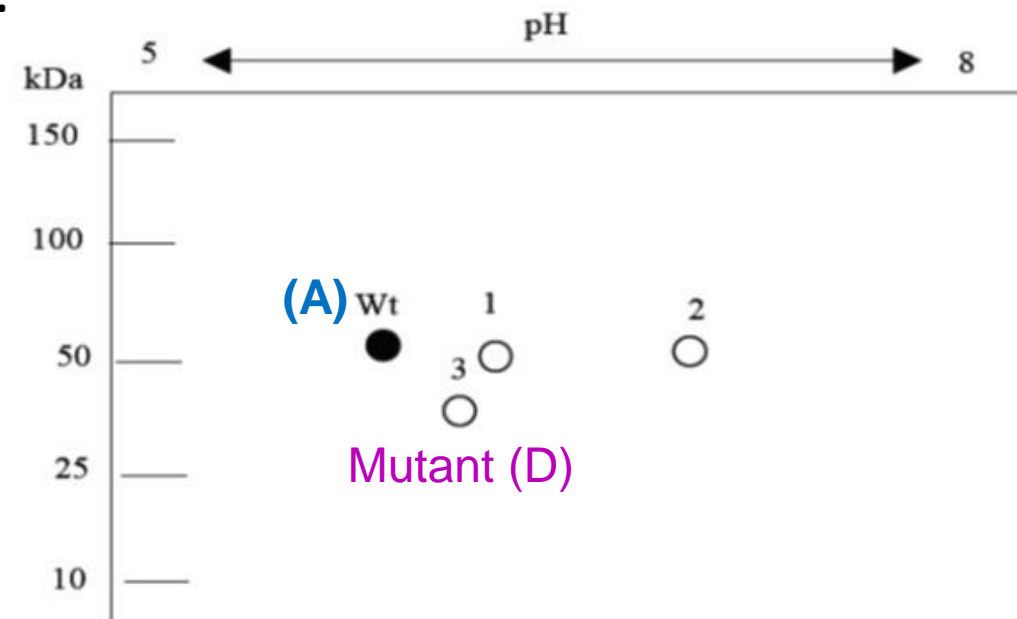


Migration ?      1 ? 2 ?



↑ pHi → Migration vers droite / Wt

(B): E342 → K  
pHi d'autant plus  
augmenté / Wt



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

### Mutants ponctuels

(A): V213 → A  
pHi inchangé



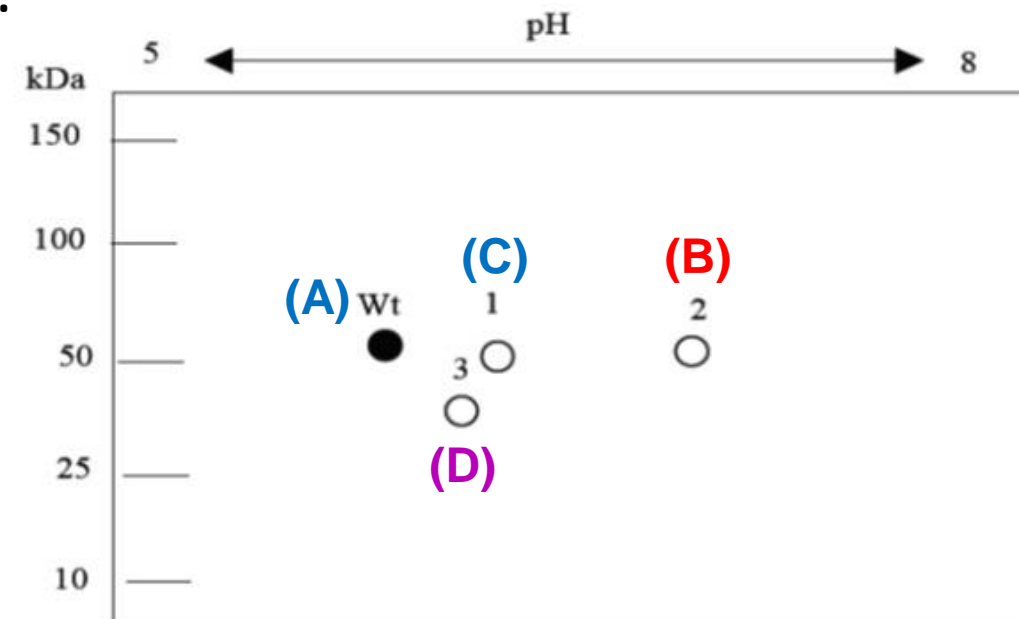
Migration  
inchangée / Wt

(C): E264 → V  
pHi augmenté / Wt



(B): point 2  
(C): point 1.

(B): E342 → K  
pHi d'autant plus  
augmenté / Wt

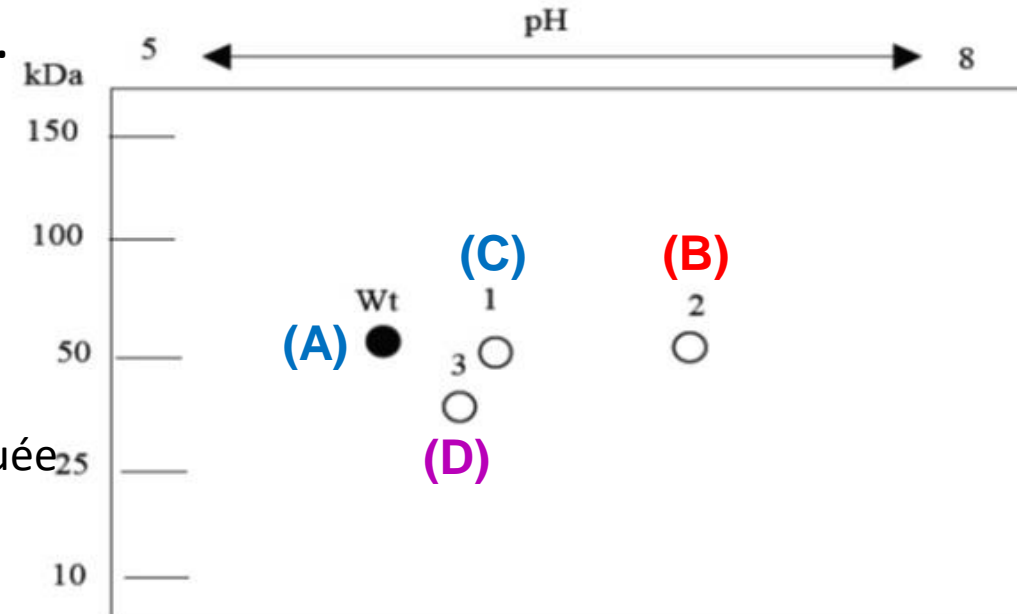


61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

- A La tache 1 indique la présence du mutant A
- B La tache 2 indique la présence du mutant B
- C La tache 3 indique la présence du mutant C
- D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal
- E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

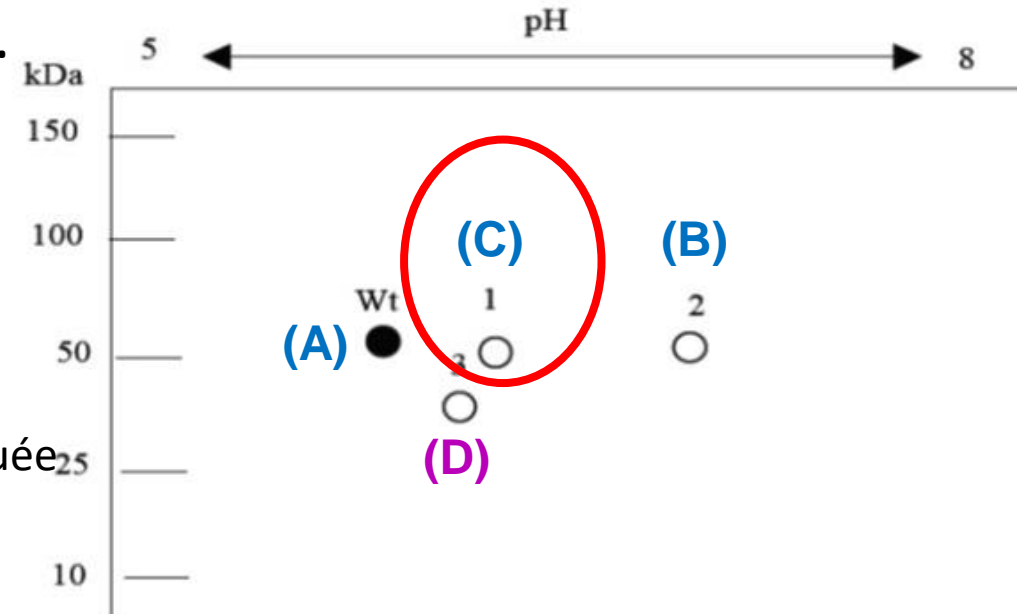
**A** La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

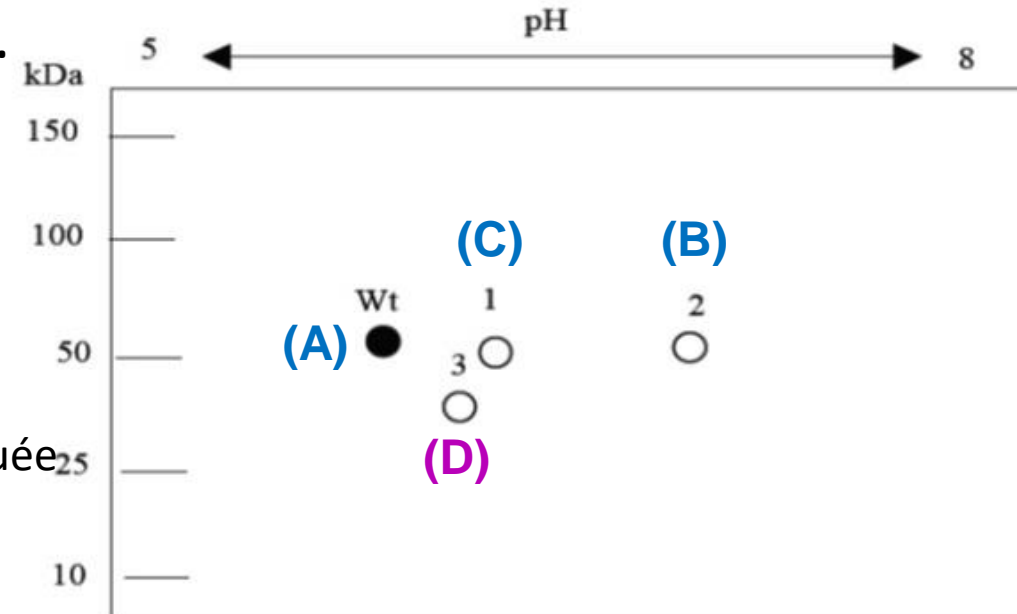
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E. Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

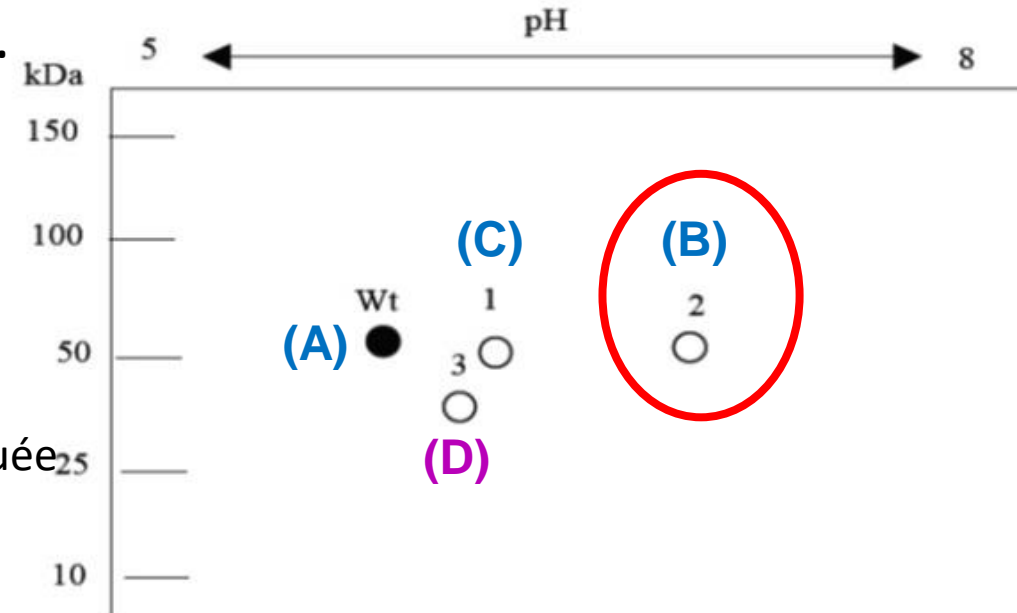
**A** La tache 1 indique la présence du mutant A

**B** La tache 2 indique la présence du mutant B

**C** La tache 3 indique la présence du mutant C

**D** La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

**E** Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

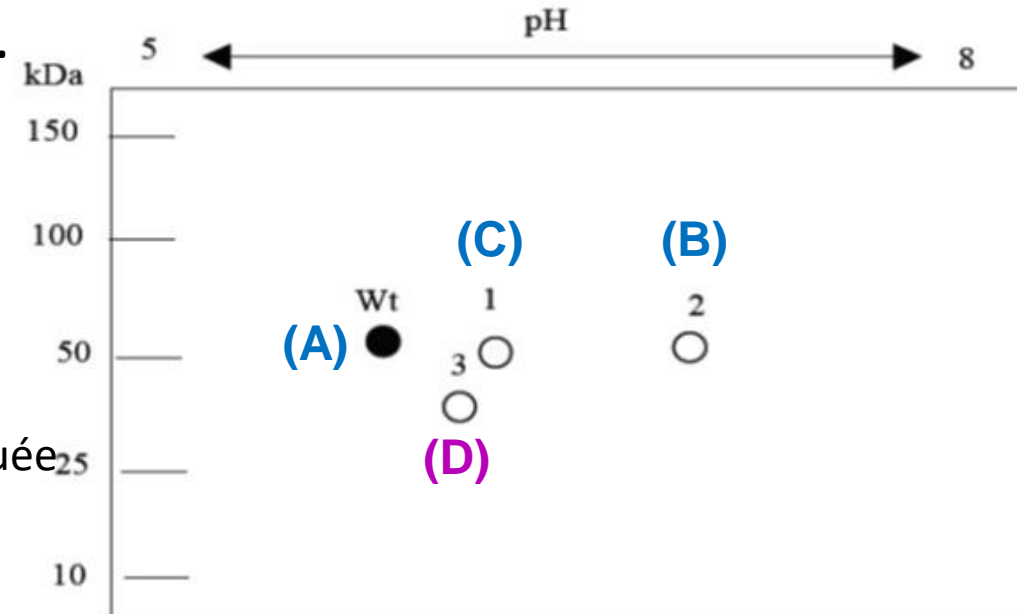
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E. Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.





61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

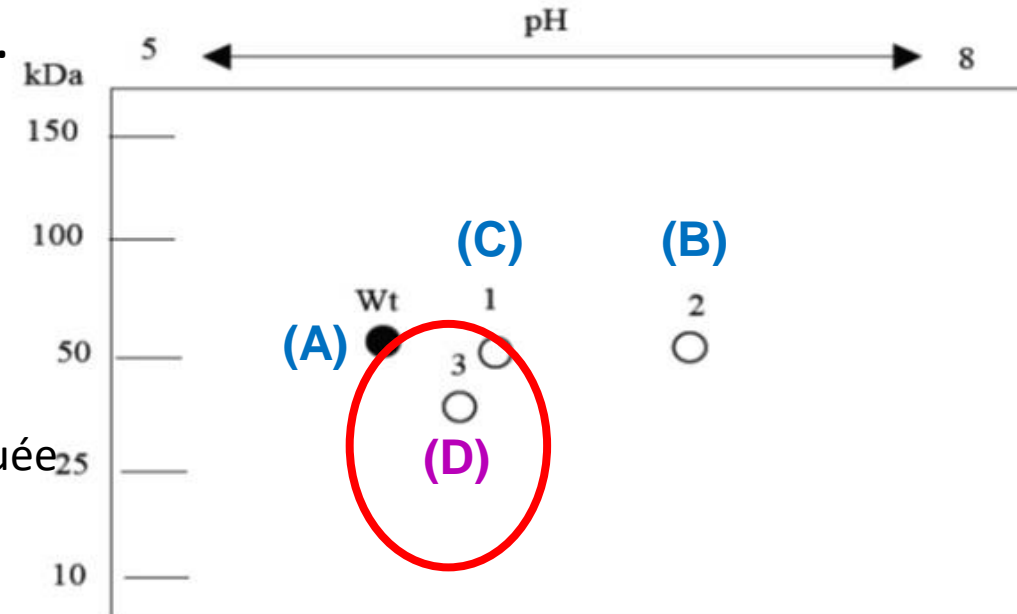
**A** La tache 1 indique la présence du mutant A

**B** La tache 2 indique la présence du mutant B

**C** La tache 3 indique la présence du mutant C

**D** La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

**E** Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

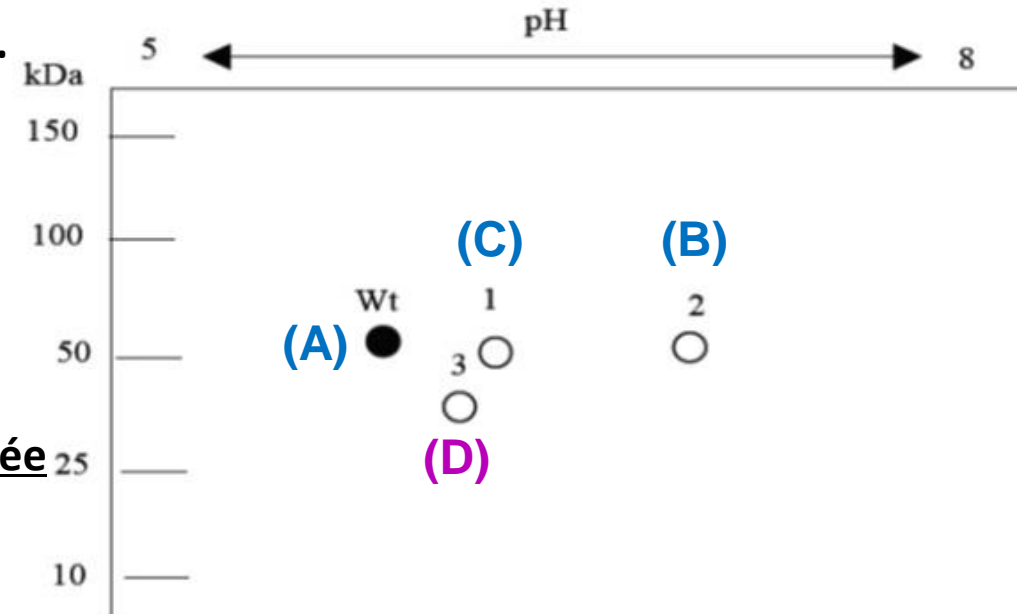
A La tache 1 indique la présence du mutant A

B La tache 2 indique la présence du mutant B

C La tache 3 indique la présence du mutant C

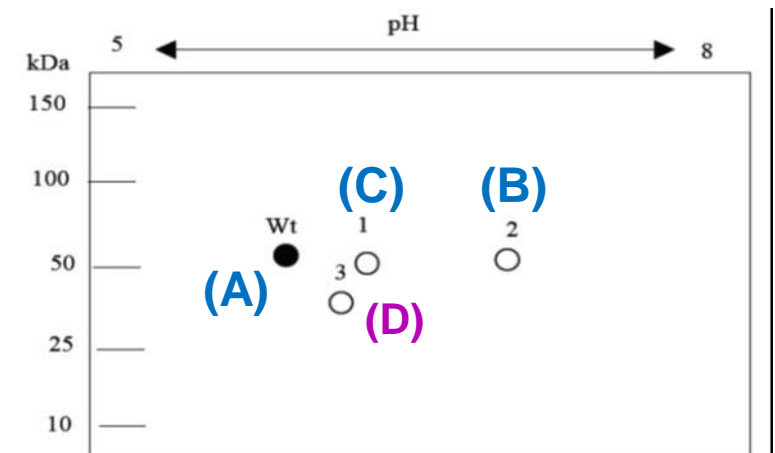
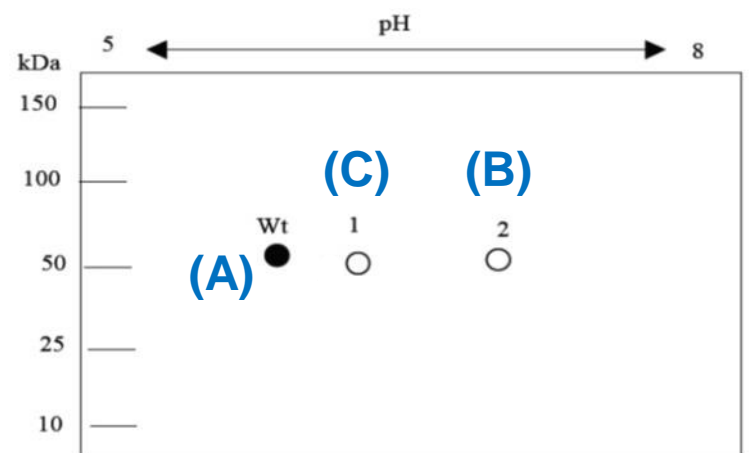
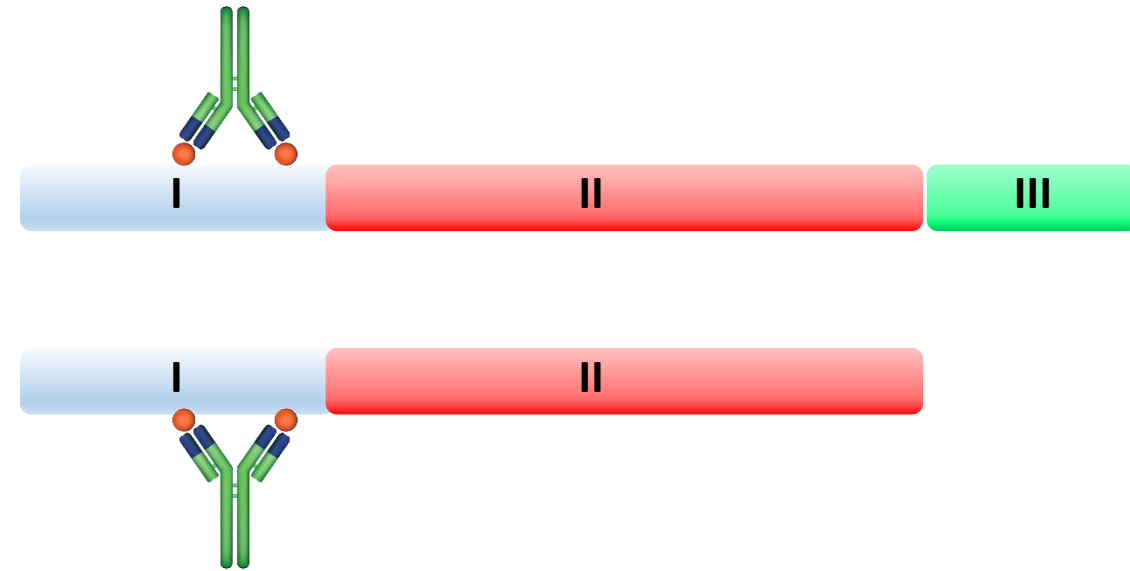
D La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

E Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



Épitope situé dans  
les 15 acides aminés  
C-terminaux

Épitope non situé  
dans les 15 acides  
aminés C-terminaux



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

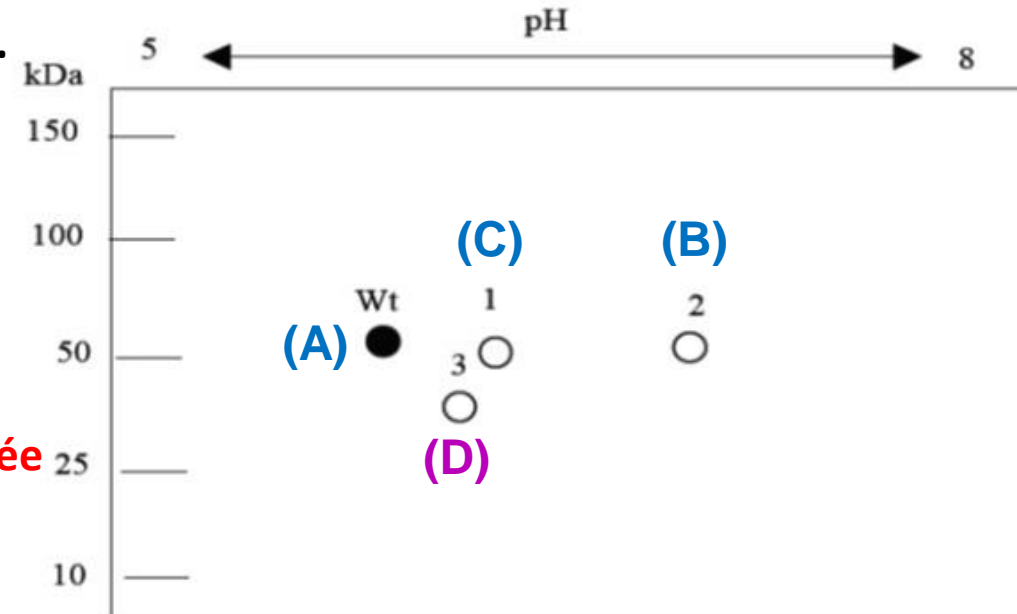
**A** La tache 1 indique la présence du mutant A

**B** La tache 2 indique la présence du mutant B

**C** La tache 3 indique la présence du mutant C

**D** La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

**E.** Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

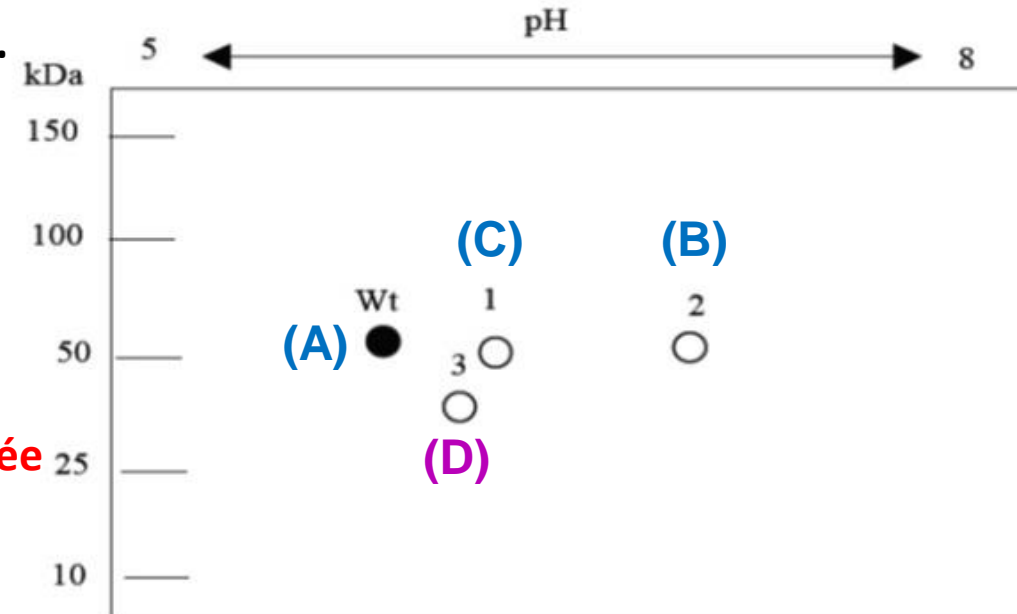
**A** La tache 1 indique la présence du mutant A

**B** La tache 2 indique la présence du mutant B

**C** La tache 3 indique la présence du mutant C

**D** La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal

**E.** Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



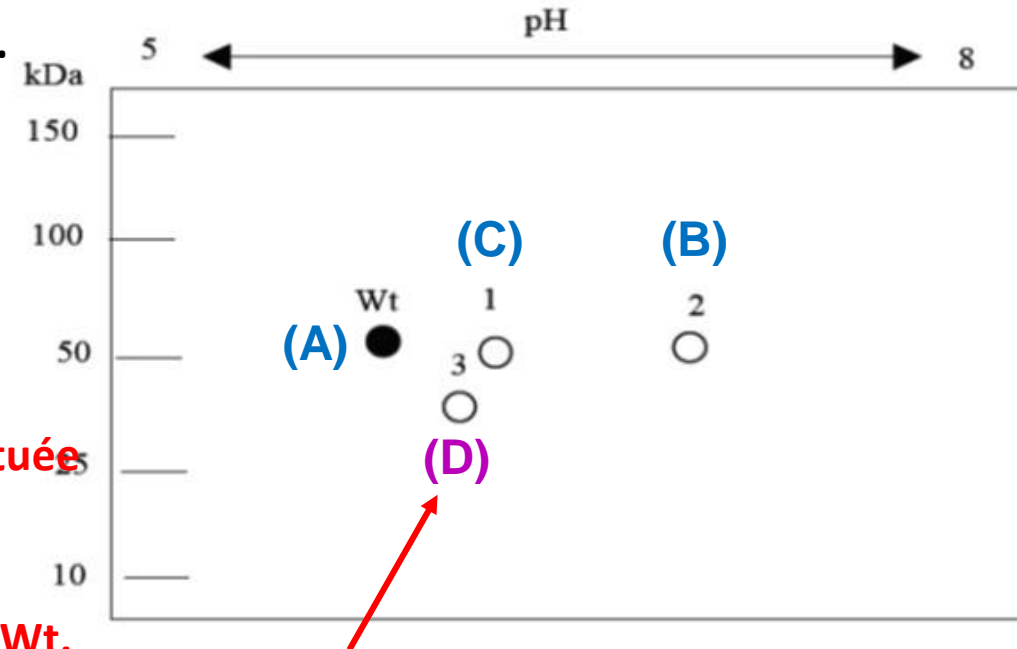
61/ Plusieurs formes anormales d'une enzyme plasmatique de 394 acides aminés ont été isolées et séquencées. La forme sauvage non mutée est appelée Wt. Quatre mutants ont été identifiés :

- Le mutant (A) comporte une mutation ponctuelle où V213 est remplacé par A
- Le mutant (B) comporte une mutation ponctuelle où E342 est remplacé par K
- Le mutant (C) comporte une mutation ponctuelle où E264 est remplacé par V
- Le mutant (D) comporte une délétion des 19 acides aminés C-terminaux

Réponse : B

Parmi les propositions suivantes, indiquer celle(s) qui est(sont) exacte(s).

- A** La tache 1 indique la présence du mutant A
- B** La tache 2 indique la présence du mutant B
- C** La tache 3 indique la présence du mutant C
- D** La partie de l'enzyme (épitope) reconnue par l'anticorps est située dans les quinze acides aminés incluant le COOH terminal
- E** Le mutant D n'est pas présent ou n'est pas séparé de l'enzyme Wt.



Énoncé commun aux QCM 105 et 106

Sujet Examen Terminal 2020 (aa/peptides/enzymo) : **L'angiotensine II** est un octapeptide **issu du clivage de l'angiotensine I** par l'enzyme de conversion (**ECA**). L'angiotensine II a un rôle fondamental dans le maintien de la pression artérielle en contrôlant la volémie plasmatique. Elle agit notamment en se liant sur les récepteurs AT1R dont l'activation provoque une vasoconstriction et une **élévation de la pression artérielle**. L'angiotensine II est la cible de plusieurs **antihypertenseurs** dont les **inhibiteurs de l'ECA** (le captopril par exemple) et les inhibiteurs d'AT1R (les sartans).

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- **Captopril: anti-hypertenseur, inhibiteur enzyme ECA**
- **ECA: enzyme de conversion permet générer angiotensine II (régulateur pression artérielle → augmentation)**



QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

#### Dosage Activité ECA

- **Substrat: FAPGG (absorbe à 340nm)**
- **Suivit Cinétique: mesure Absorbance 340 nm**

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

#### Dosage Activité ECA

- **Substrat:** FAPGG (absorbe à 340nm)
- **Suivit Cinétique:** mesure Absorbance 340 nm

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

Evolution Absorbance



- Le composé absorbant à 340 nm est le **substrat FAPGG**
- **L'absorbance diminue** au cours de la réaction ( $A_{T0} > A_{T2} > A_{T5}$ )
- La **diminution de  $A_{340}$**  est le **reflet de l'hydrolyse** de FAPGG

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

**A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG**

B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

Evolution Absorbance



- Le composé absorbant à 340 nm est **le substrat FAPGG**
- **L'absorbance diminue** au cours de la réaction ( $A_{T0} > A_{T2} > A_{T5}$ )
- La **diminution de  $A_{340}$  est le reflet de l'hydrolyse de FAPGG**

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- La Captopril est un **inhibiteur de l'enzyme de conversion de l'angiotensine I en angiotensine II**
- La mesure de l'évolution de l'absorbance au cours de la réaction enzymatique montre une **diminution plus lente en présence de Captopril (Cpos) qu'en absence (Cneg)**
- Le **substrat est moins rapidement hydrolysé** en présence de Captopril (Cpos)

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- La **Captopril** est un **inhibiteur de l'enzyme de conversion** de l'angiotensine I en angiotensine II
- La mesure de l'évolution de l'absorbance au cours de la réaction enzymatique montre une **diminution plus lente en présence de Captopril (Cpos) qu'en absence (Cneg)**
- Le **substrat est moins rapidement hydrolysé** en présence de Captopril (**Cpos**)

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- **Objectif:** doser l'activité de l'enzyme de conversion ECA
- **Conditions expérimentales:** le substrat FAPGG est mis en **excès** (substrat ne doit pas être limitant),  $[S]$  élevée
- **$V = V_{max}$**

**Cinétique d'ordre 0 et d'ordre 1 ?**



QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

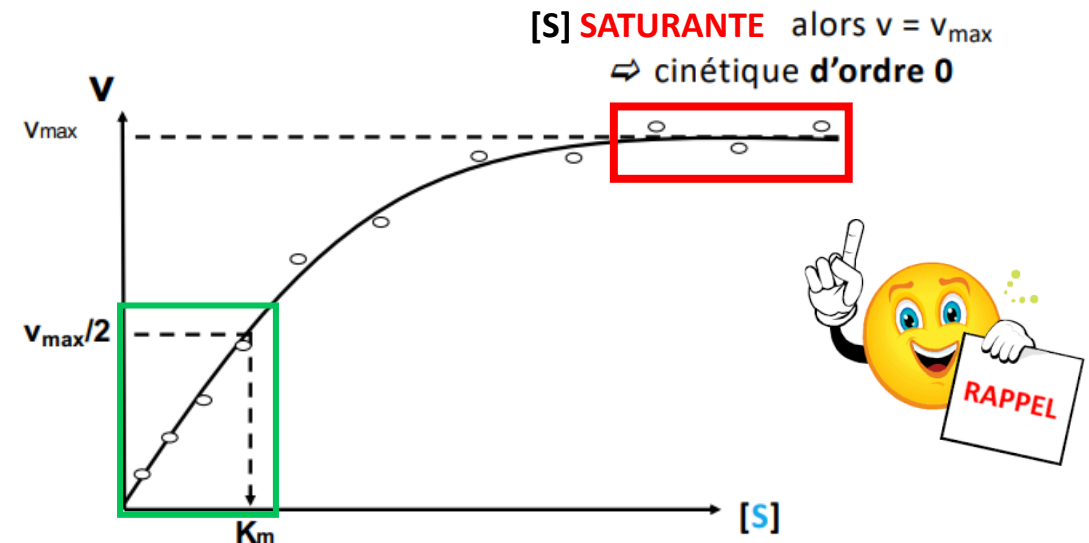
Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril



[S] **FAIBLE** =  $v_0$  est proportionnelle à [S]  $\Rightarrow$  cinétique **d'ordre 1**

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**

D. Le patient prend de manière régulière son traitement

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- **Objectif:** doser l'activité de l'enzyme de conversion ECA
- **Conditions expérimentales:** le substrat FAPGG est mis en **excès** (substrat ne doit pas être limitant),  $[S]$  élevée
- **$V = V_{max}$**
- Cinétique enzymatique **d'ordre 0**

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**

D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- **Comparaison évolution diminution de l'absorbance au cours de la réaction enzymatique entre Cpos et Patient**
- L'absorbance au cours de la réaction enzymatique **diminue plus rapidement** chez le **patient** (proche de Cneg) que dans le **Cpos**
- **A T5: 70%** du substrat est hydrolysé chez le **patient**, alors que seulement **20%** du substrat est hydrolysé dans le **Cpos**

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ )** suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**

D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**

E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

- L'absorbance au cours de la réaction enzymatique **diminue plus rapidement** chez le **patient** (proche de Cneg) que dans le **Cpos** –
- A T5: 70%** du substrat est hydrolysé chez le **patient**, alors que seulement **20%** du substrat est hydrolysé dans le **Cpos**



Le patient **ne prend pas de manière régulière** son traitement

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**
- D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**
- E. La **vitesse de la réaction** est **proche de  $V_{max}$**  en **absence de captopril**

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute. Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG

B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**

C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**

D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**

E. La **vitesse de la réaction** est **proche de  $V_{max}$**  en **absence de captopril**

- La réaction enzymatique est réalisée dans des conditions saturantes de substrat : réaction ordre 0
- $V = V_{max}$

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (**FAPGG**), **substrat qui absorbe à 340 nm**. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les **résultats d'absorbance à 340 nm** ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**
- D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**
- E. La **vitesse de la réaction** est **proche de  $V_{max}$**  en **absence de captopril**

- La réaction enzymatique est réalisée dans des conditions saturantes de substrat : réaction ordre 0
- $V = V_{max}$



En absence de l'inhibiteur Captopril, la vitesse de réaction mesurée est proche de  $V_{max}$

Réponses: A, E

QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le **captopril accélère** l'hydrolyse du FAPGG d'un **facteur 4**
- C. La **cinétique** de la réaction enzymatique est **d'ordre 1**
- D. Le patient prend de **manière régulière** son **traitement**
- E. La **vitesse de la réaction** est **proche de  $V_{max}$**  en **absence de captopril**

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Pourquoi on a la même valeur d'absorbance à T0 pour toutes les conditions expérimentales?

Réponses: A, E



QCM 105 : Quelques mois après introduction du captopril chez Mr Bill BOQUET, vous observez que son hypertension artérielle n'est pas contrôlée. Pour vérifier la compliance au traitement du patient, vous demandez au laboratoire de réaliser un dosage de l'activité de l'ECA. La détermination de l'activité s'effectue par l'hydrolyse du furylacryloyl-phenylalanyl-glycyl-glycine (FAPGG), substrat qui absorbe à 340 nm. L'activité est exprimée en unité ECA (UECA) qui correspond à l'hydrolyse d'une micromole de substrat par minute.

Le biologiste obtient les résultats d'absorbance à 340 nm ( $A_{340}$ ) suivants :

Cneg : contrôle en absence de captopril

Cpos : contrôle en présence de captopril

Temps (min)	T0	T2	T5
Cneg	10	6.5	2
Cpos	10	9.5	8
Patient	10	7	3

Cochez la ou les bonnes réponses parmi les propositions A à E suivantes :

- A. La diminution de  $A_{340}$  est proportionnelle à l'hydrolyse du FAPGG
- B. Le captopril accélère l'hydrolyse du FAPGG d'un facteur 4
- C. La cinétique de la réaction enzymatique est d'ordre 1
- D. Le patient prend de manière régulière son traitement
- E. La vitesse de la réaction est proche de  $V_{max}$  en absence de captopril

Pourquoi on a la même valeur d'absorbance à T0 pour toutes les conditions expérimentales?

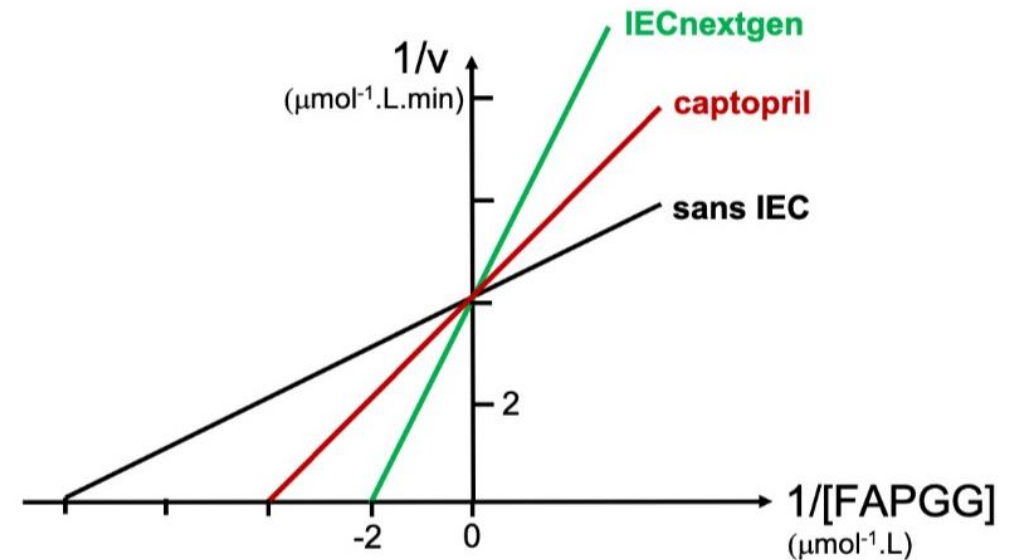


[ S ] saturante et identique

Réponses: A, E

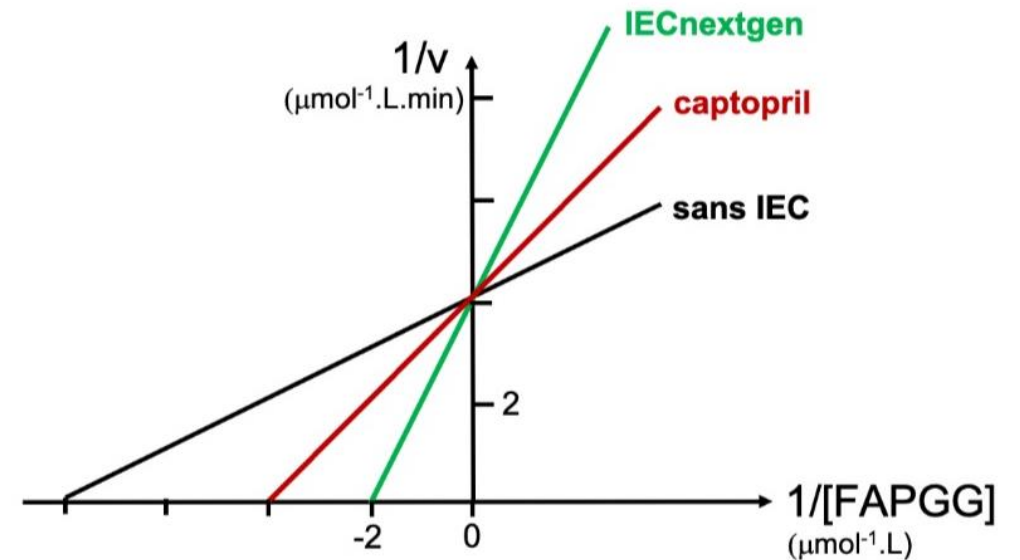
QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen). Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme **allostérique**
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\text{max}}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



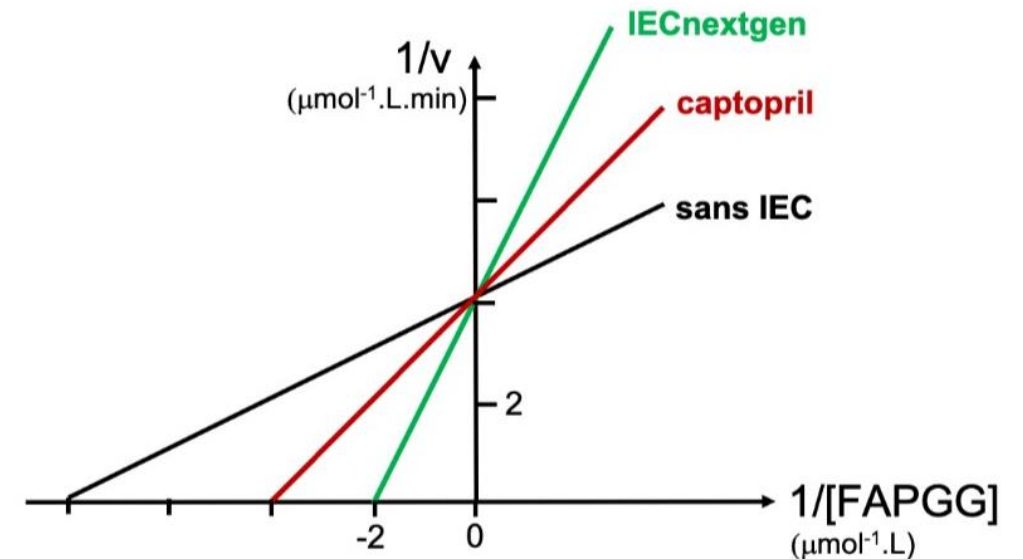
Représentation en double inverse : une droite



Enzyme Michaelienne

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

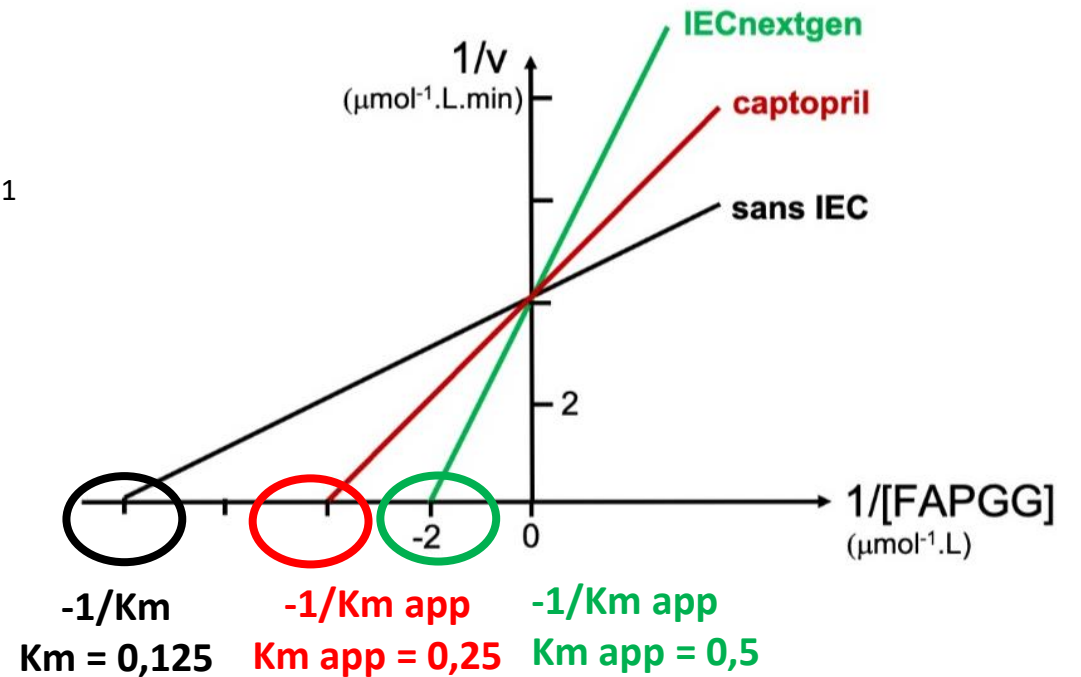
- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



- $K_m$  traduit l'affinité de l'enzyme pour son substrat
- Comparaison du  $K_m$  ECA et des  $K_m$  apparents en présence des IEC

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

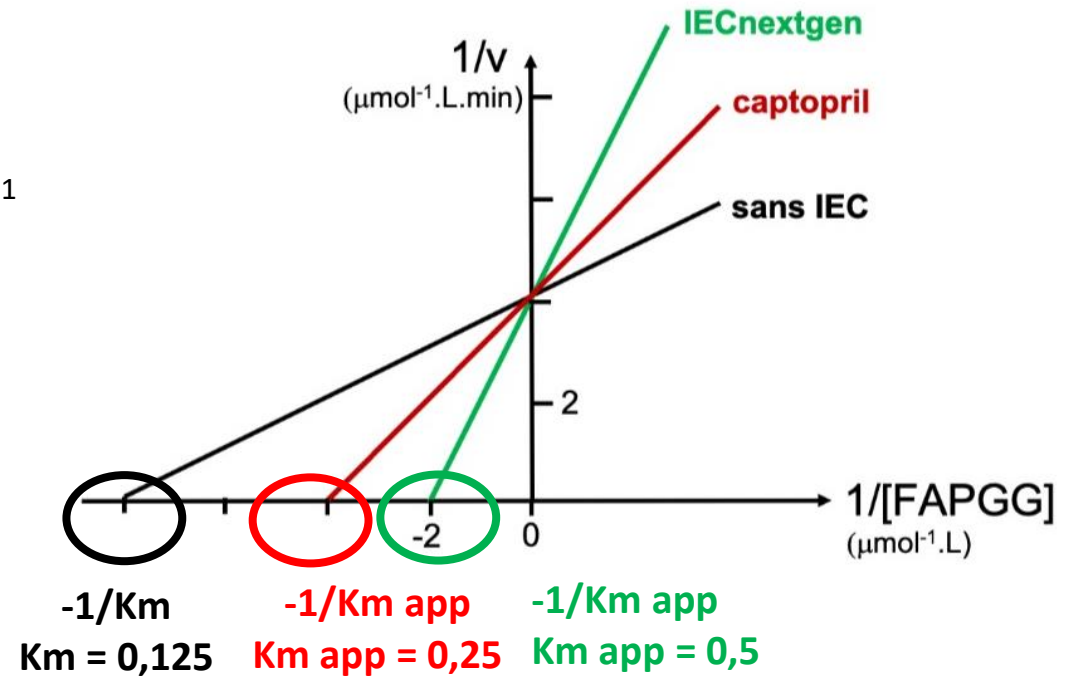
- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA

**$K_m$  augmenté en présence d'IEC**



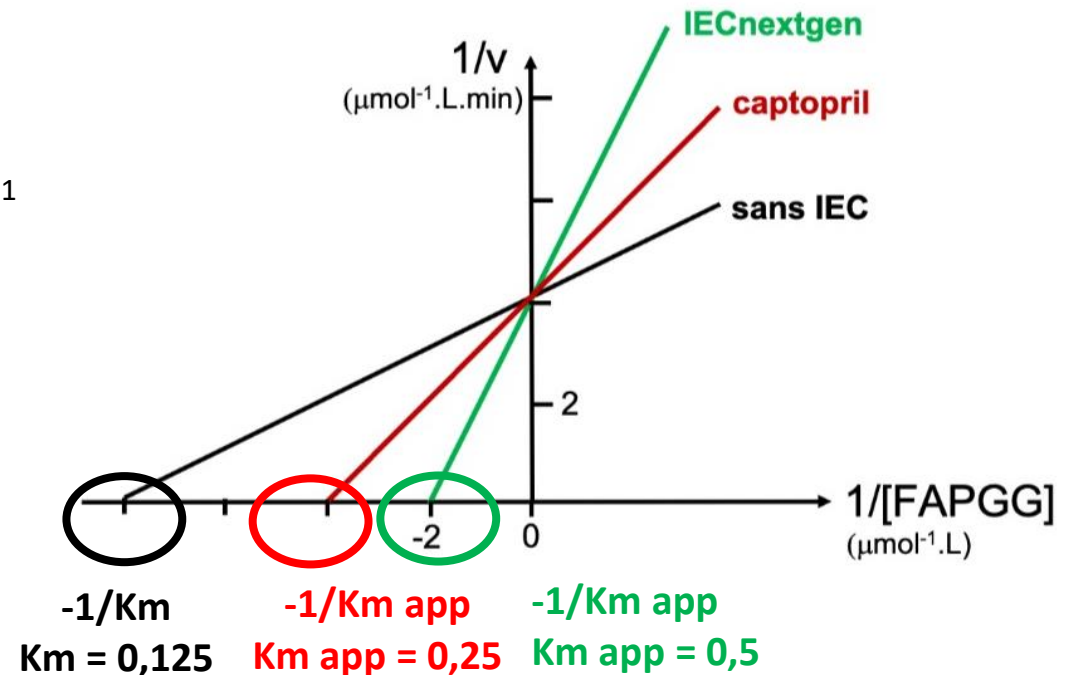
QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA

**$K_m$  augmenté en présence d'IEC**

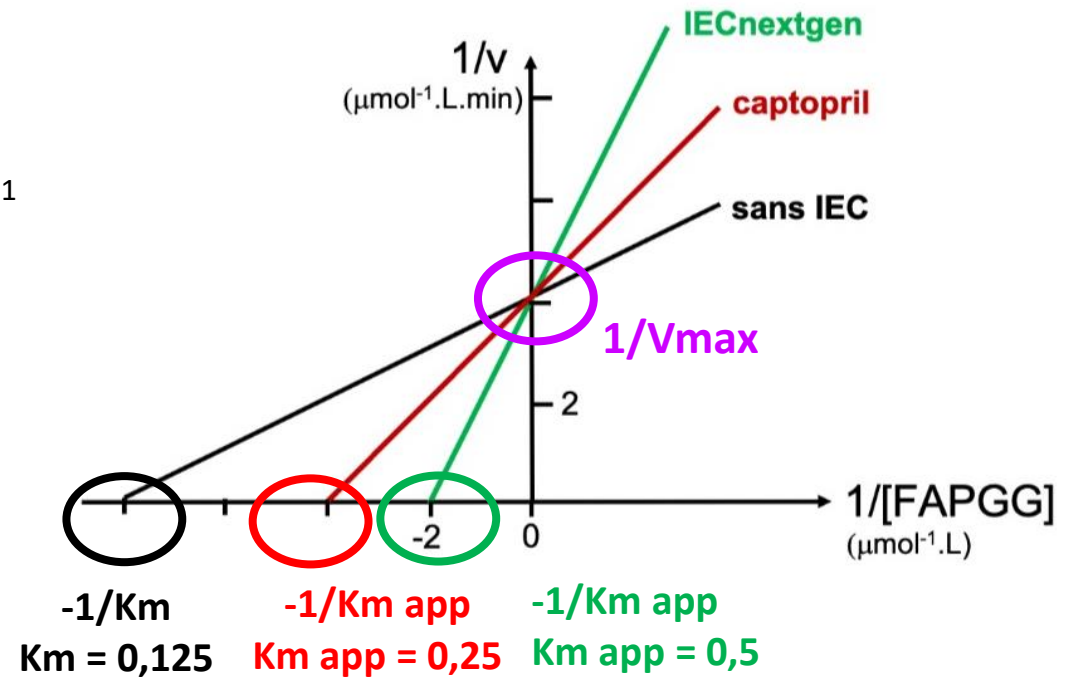


**Diminution de l'affinité de l'enzyme pour son substrat**



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



**Km augmenté et Vm inchangé en présence d'IEC**



**Quel type d'inhibiteur ?**

**INHIBITEUR COMPETITIF**

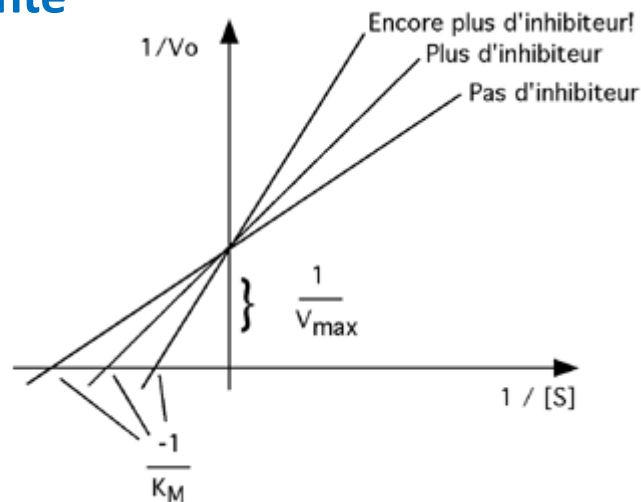


QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter **un nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

### INHIBITEUR COMPETITIF

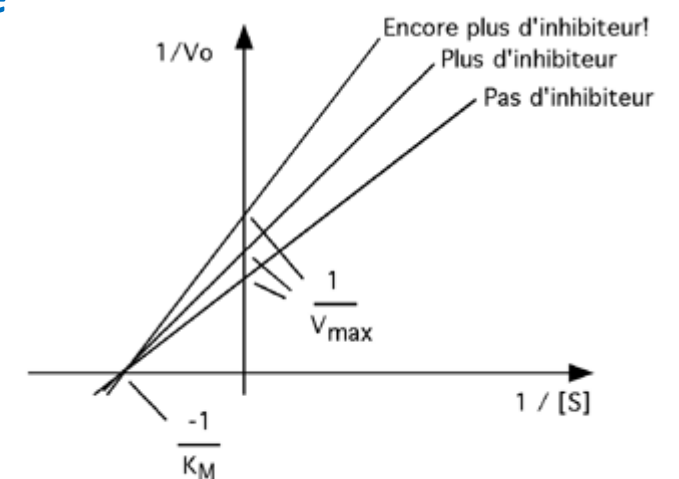


- Interagit avec l'enzyme uniquement si site actif libre
- $V_{\max}$  inchangé
- $K_M$  augmente



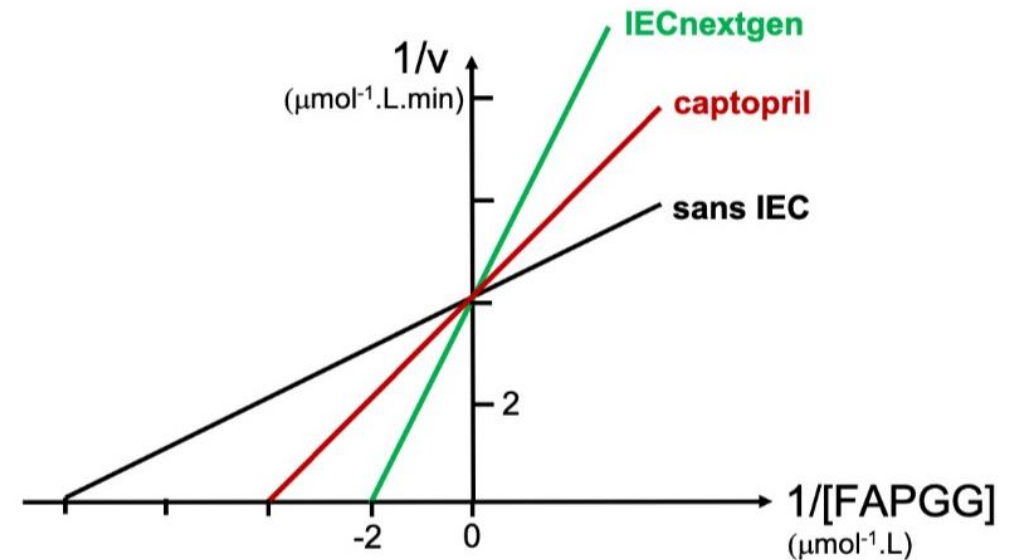
### INHIBITEUR NON COMPETITIF

- Interagit avec l'enzyme que son site actif soit libre ou non
- $V_{\max}$  diminue
- $K_M$  inchangé



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



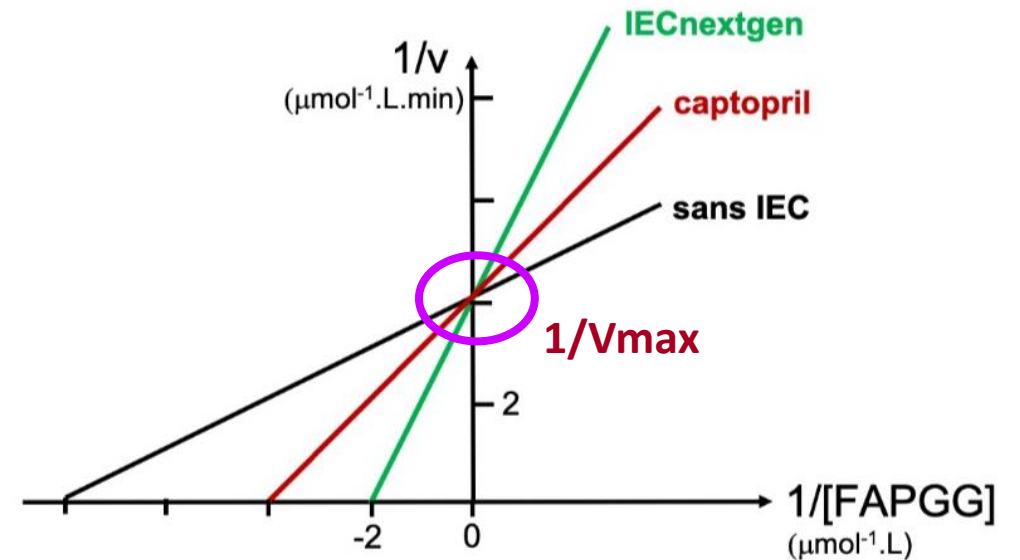
QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter **un nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA

$$1/ V_{\max} = 4 \text{ } \mu\text{mol}^{-1}.\text{L}.\text{min}$$

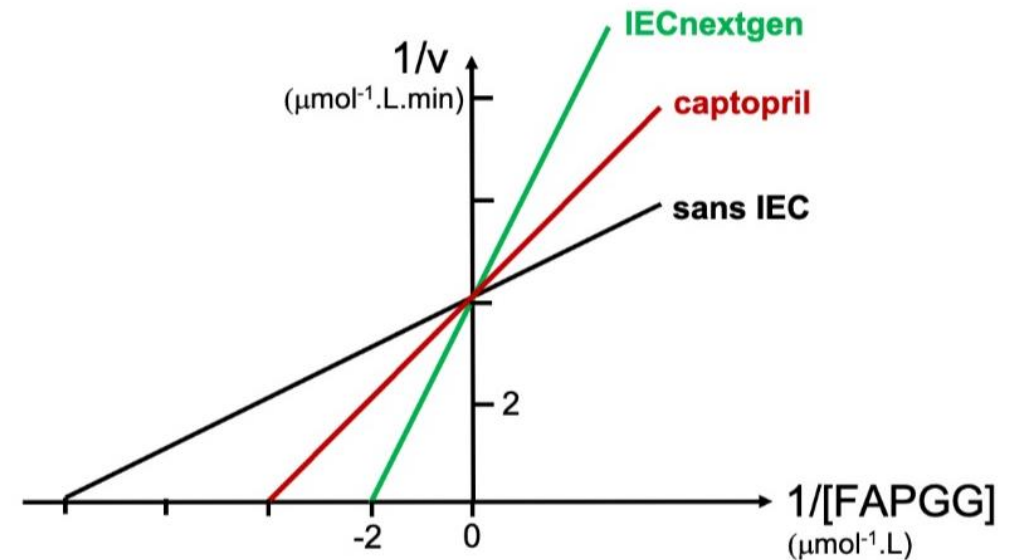


$$V_{\max} = 0,25 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$$



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\text{max}}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



Formule de cours à utiliser ?

INHIBITEUR COMPETITIF



$$K_m \text{ apparent} = K_m \cdot (1 + [I] / K_i)$$

$$K_m \text{ app} = K_m + (([I] \times K_m) / K_i)$$

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA

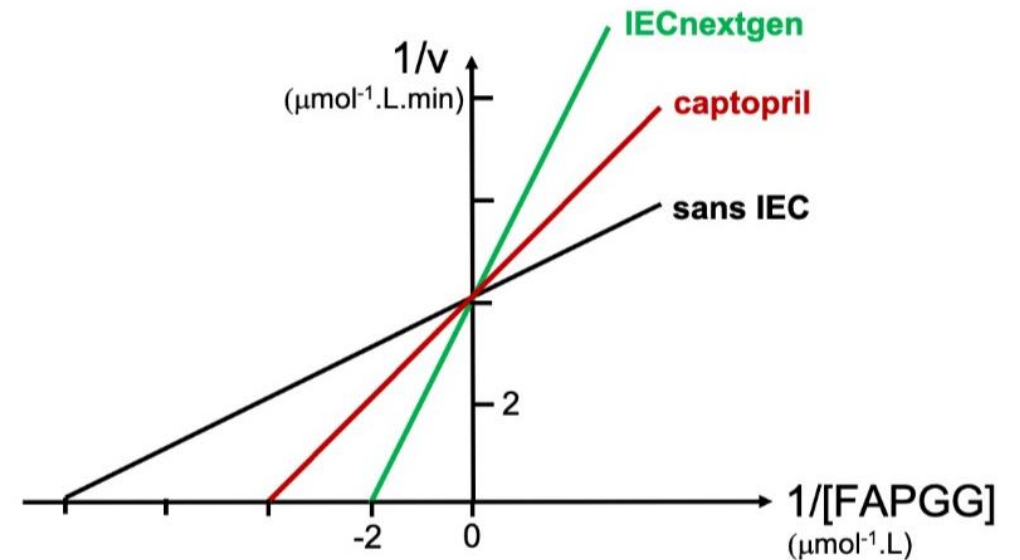
**$K_m$  apparent en présence inhibiteur compétitif:**

*Formule vue en CM*

$$K_m \text{ app} = K_m + \left( \frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

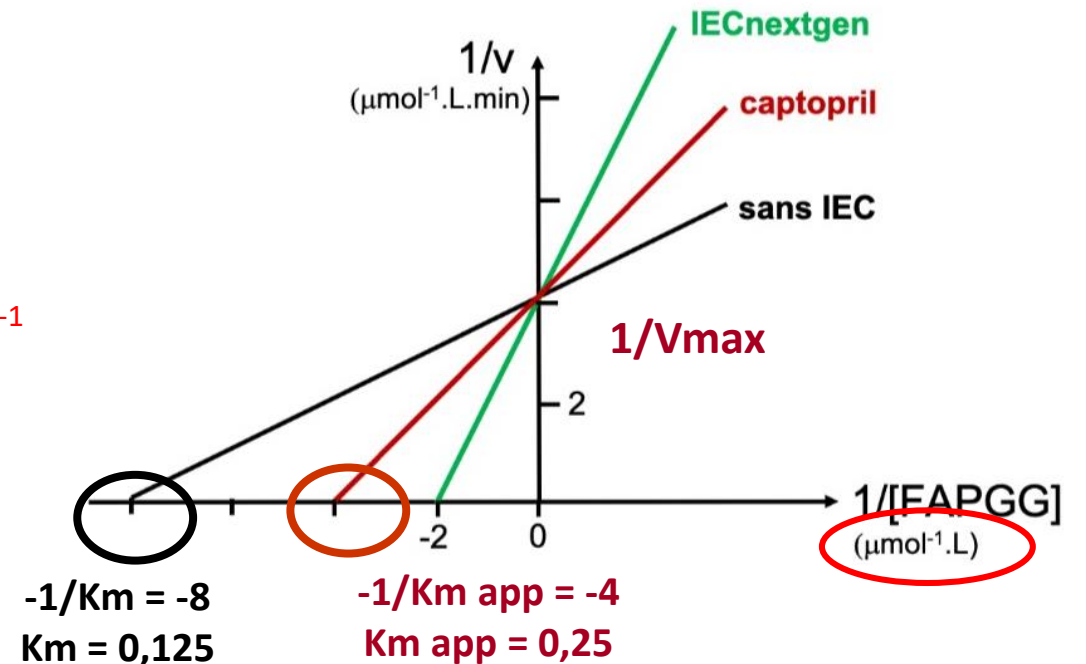
$$\frac{1}{K_i} = \frac{(K_m \text{ app} - K_m)}{([I] \times K_m)}$$

$$K_i = \frac{([I] \times K_m)}{(K_m \text{ app} - K_m)}$$



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



**$K_m$  apparent en présence inhibiteur compétitif:**

$$K_m \text{ app} = K_m + \left( \frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

$$1/K_i = (K_m \text{ app} - K_m) / ([I] \times K_m)$$

$$K_i = ([I] \times K_m) / (K_m \text{ app} - K_m)$$

$$K_i \text{ captopril} = (1000 \times 0,125) / (0,25 - 0,125)$$

$$= 125 / 0,125$$

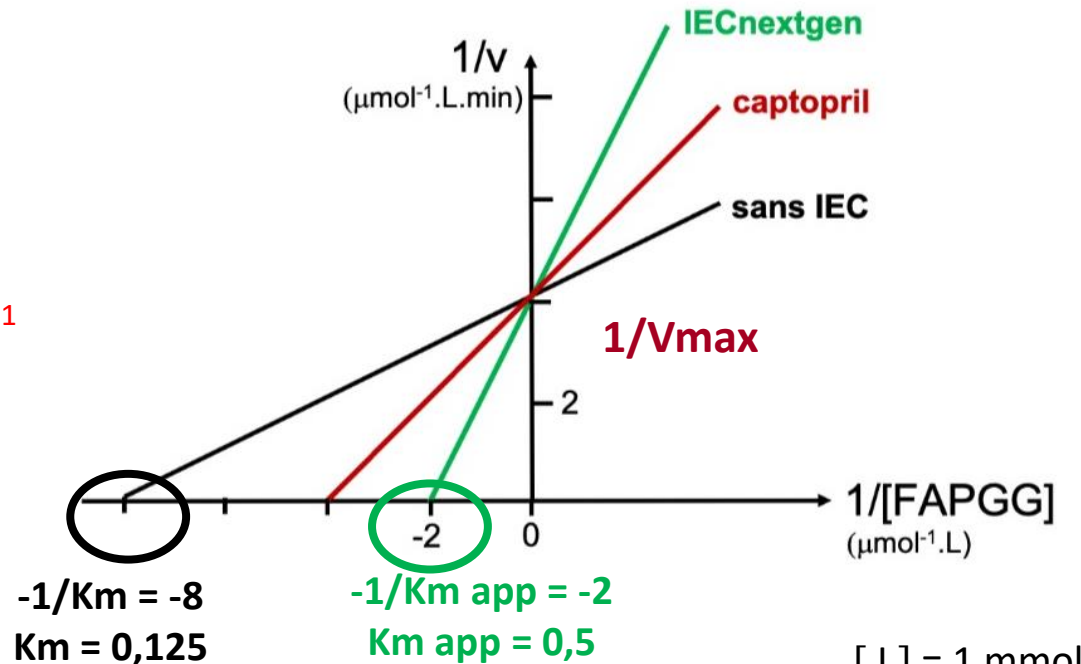
$$= 1000 \mu\text{mol.L}^{-1}$$

$$[I] = 1 \text{ mmol.L}^{-1}$$

$$= 1000 \mu\text{mol.L}^{-1}$$

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



$$[I] = 1 \text{ mmol.L}^{-1} \\ = 1000 \mu\text{mol.L}^{-1}$$

**$K_m$  apparent en présence inhibiteur compétitif:**

$$K_m \text{ app} = K_m + \left( \frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

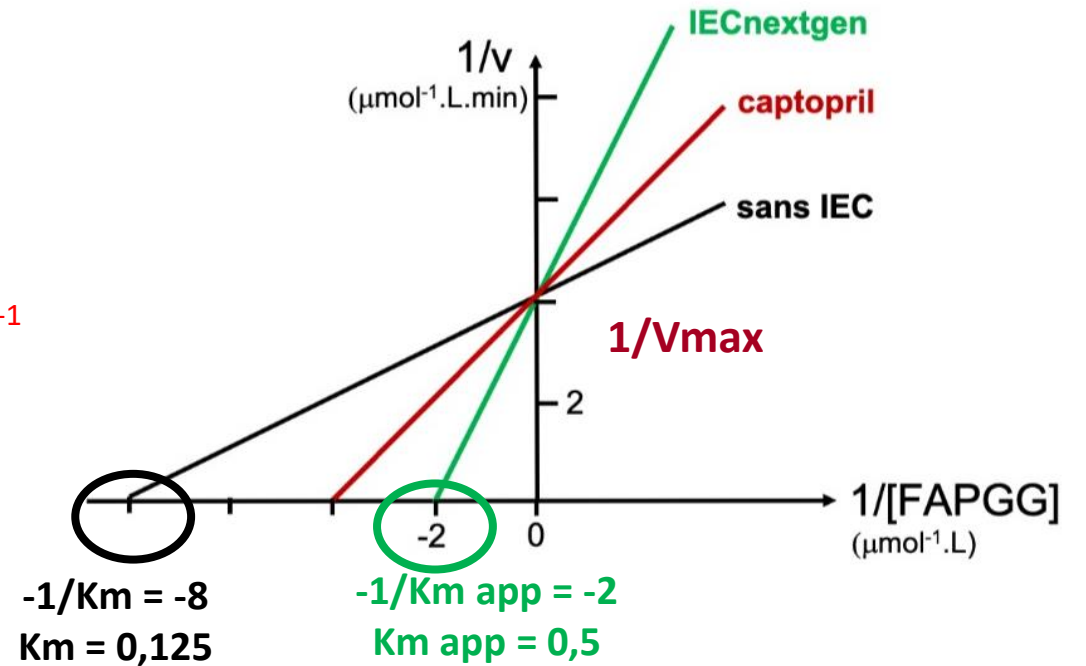
$$1/K_i = (K_m \text{ app} - K_m) / ([I] \times K_m)$$

$$K_i = ([I] \times K_m) / (K_m \text{ app} - K_m)$$

$$K_i \text{ IECnextgen} = (1000 \times 0,125) / (0,5 - 0,125) \\ = 125 / 0,375 \\ = 333,333 \mu\text{mol.L}^{-1}$$

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\text{max}}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



**$K_m$  apparent en présence inhibiteur compétitif:**

$$K_m \text{ app} = K_m + \left( \frac{[I] \times K_m}{K_i} \right)$$

$$\frac{1}{K_i} = \frac{K_m \text{ app} - K_m}{[I] \times K_m}$$

$$K_i = \frac{[I] \times K_m}{K_m \text{ app} - K_m}$$

$$K_i \text{ captopril} = 1000 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$$

$$K_i \text{ IECnextgen} = 333,333 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$$

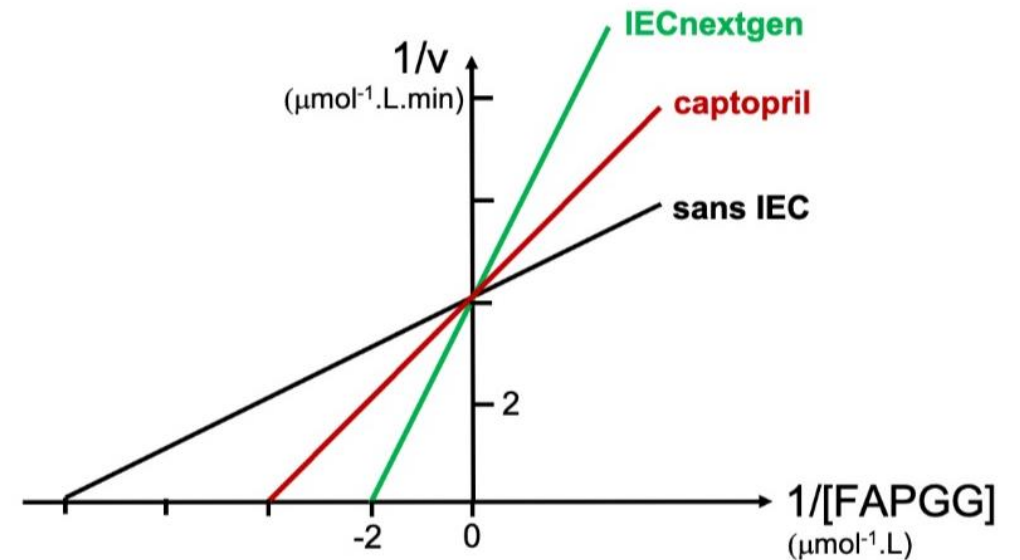


$$K_i \text{ IECnextgen} = K_i \text{ captopril} / 3$$



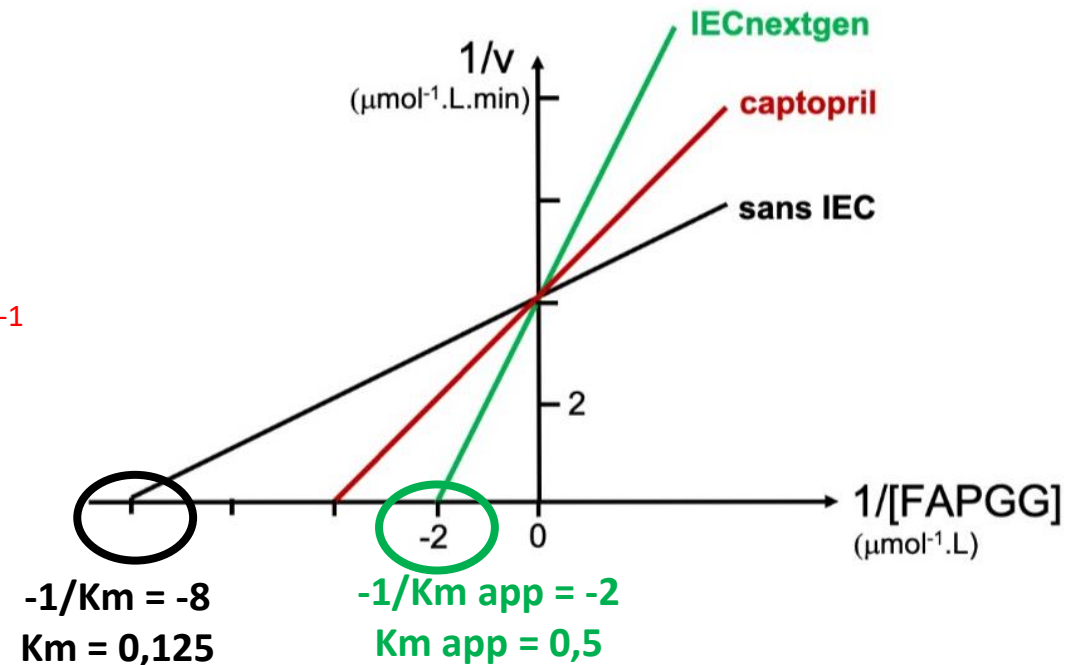
QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\text{max}}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\text{max}}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA

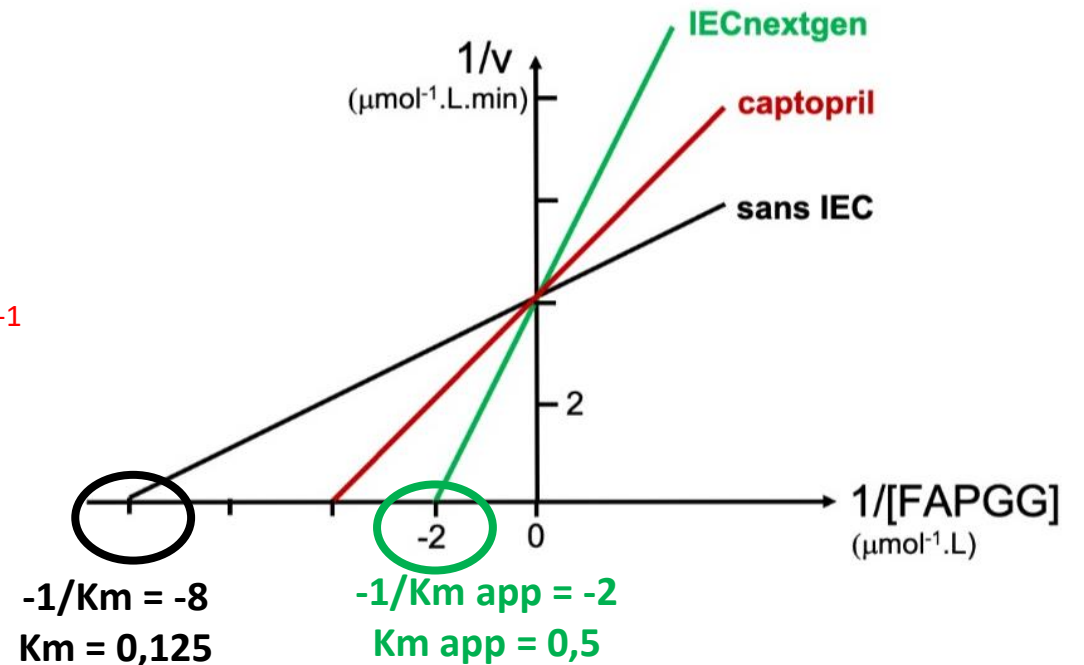


$K_m$  sans inhibiteur =  $0,125 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$

$K_m \text{ app avec IECnextgen} = 0,5 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\text{max}}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



$K_m$  sans inhibiteur =  $0,125 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$

$K_m$  avec IECnextgen =  $0,5 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}$



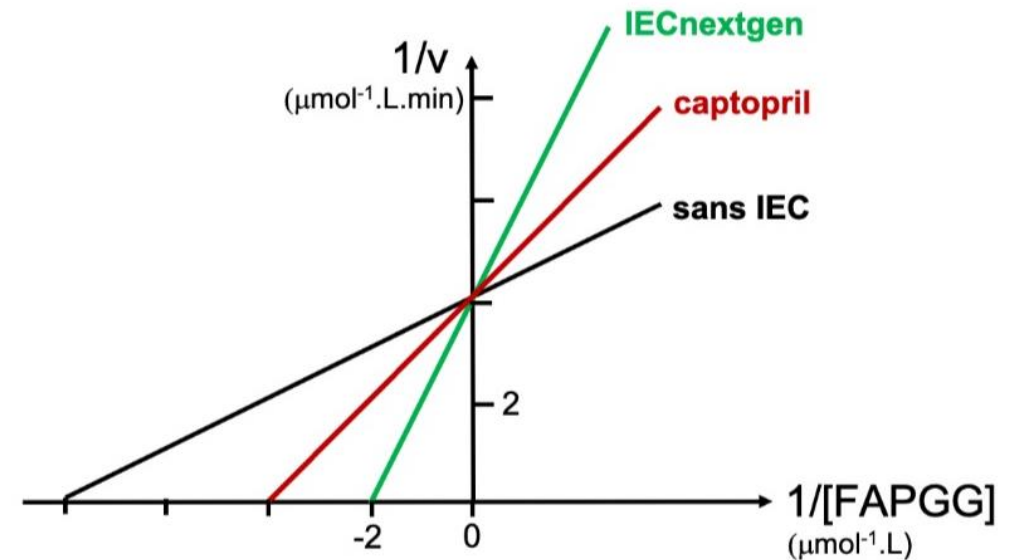
L'IECnextgen augmente le  $K_m$  de l'ECA de 4 fois.



L'enzyme ECA a moins d'affinité pour son substrat en présence d'IECnextgen

QCM 106 : Un visiteur médical vient vous présenter un **nouvel inhibiteur de l'ECA (IECnextgen)**. Il vous présente une comparaison de cinétiques enzymatiques pour des concentrations de captopril et d'IECnextgen de  $1 \text{ mmol.L}^{-1}$  :

- A L'ECA est une enzyme allostérique
- B Les IEC diminuent l'affinité de l'ECA
- C Le  $V_{\max}$  en présence de captopril est de  $4 \text{ } \mu\text{mol.L}^{-1}.\text{min}^{-1}$
- D Le  $K_i$  de l'IECnextgen est le tiers de celui du captopril
- E L'IECnextgen diminue de moitié le  $K_m$  de l'ECA



Réponses: B, D

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (**PC1**) et de type 2 (**PC2**) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la **POMC** (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : **l'ACTH** (produit par le **clivage seul de la PC1**), et **l' $\alpha$ -MSH** (produit par le **clivage de l'ACTH par la PC2**). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Séquence primaire de la POMC :

MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
HFRWDRFGRR	NSSSSGSSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
PNGAEDESAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

**QCM 116. Concernant l'action de la PC1 sur POMC,**

- Elle clive POMC en deux fragments
- Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Séquence primaire POMC:

10	20	30	40	50	60	70	80
MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
90	100	110	120	130	140	150	160
HFRWDRFGRR	NSSSSGSSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
170	180	190	200	210	220	230	240
PNGAEDESAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
250	260						
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

Site de clivage de la PC1 = Motifs E-X-K|R

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Séquence primaire POMC:

10	20	30	40	50	60	70	80
MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
90	100	110	120	130	140	150	160
HFRWDRFGRR	NSSSSGSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPFEGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
170	180	190	200	210	220	230	240
PNGAEDESAAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
250	260						
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

coupure entre les résidus 136 et 137 et entre les résidus 177 et 178

Site de clivage de la PC1 = Motifs E-X-K|R

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

### Fragments obtenus suite à action PC1

Fragment **N-Ter**

a.a. 1 à 136

= **136 résidus**

10	20	30	40	50	60	70	80
MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIRAC	KPDLSAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
90	100	110	120	130	140	150	160
HFRWDRFGRR	NSSSSGSGA	GQKREDVSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVY
170	180	190	200	210	220	230	240
PNGAEDESAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSL	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
250	260						
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

coupure entre les résidus **136 et 137** et entre les résidus **177 et 178**



**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

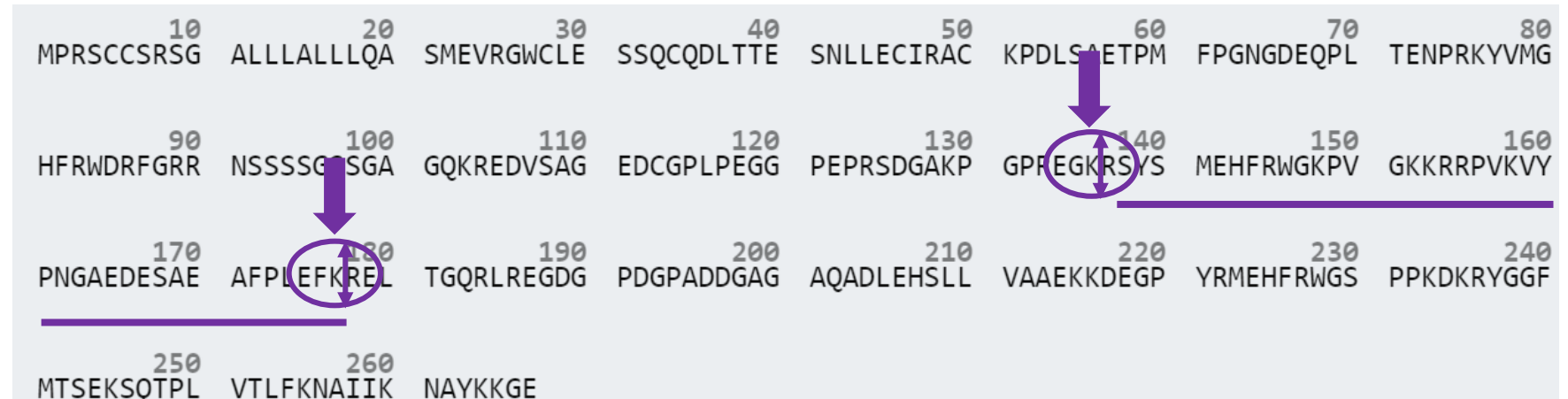
### Fragments obtenus suite à action PC1

#### Fragment N-Ter

a.a. 1 à 136  
= **136 résidus**

#### Fragment central

a.a. 137 à 177  
= **41 résidus**



coupure entre les résidus **136 et 137** et entre les résidus **177 et 178**

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

### Fragments obtenus suite à action PC1

#### Fragment N-Ter

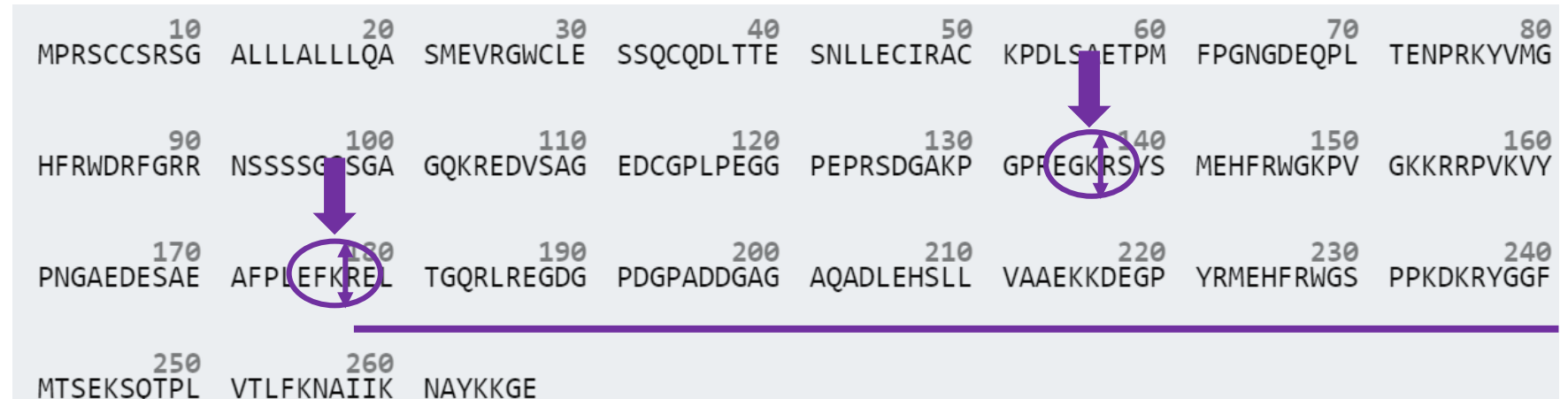
a.a. 1 à 136  
= **136 résidus**

#### Fragment central

a.a. 137 à 177  
= **41 résidus**

#### Fragment C-Ter

a.a. 178 à 267  
= **90 résidus**



coupe entre les résidus **136 et 137** et entre les résidus **177 et 178**

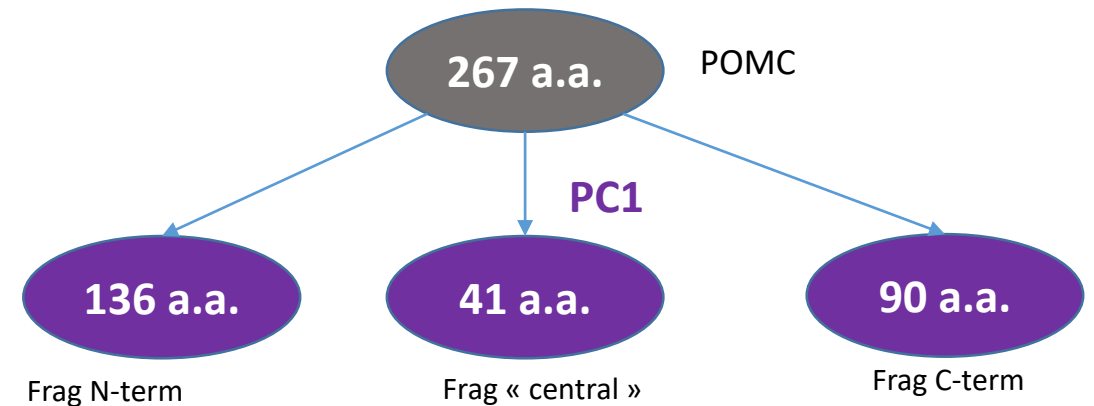
**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



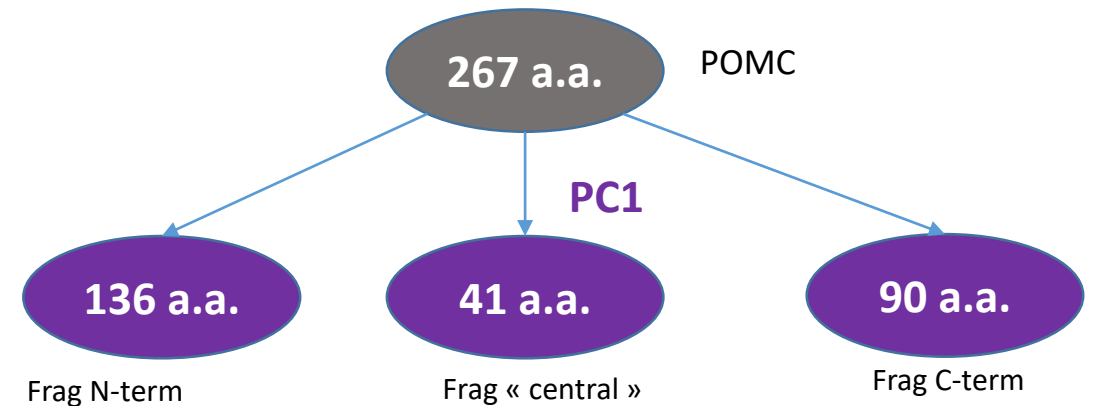
**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



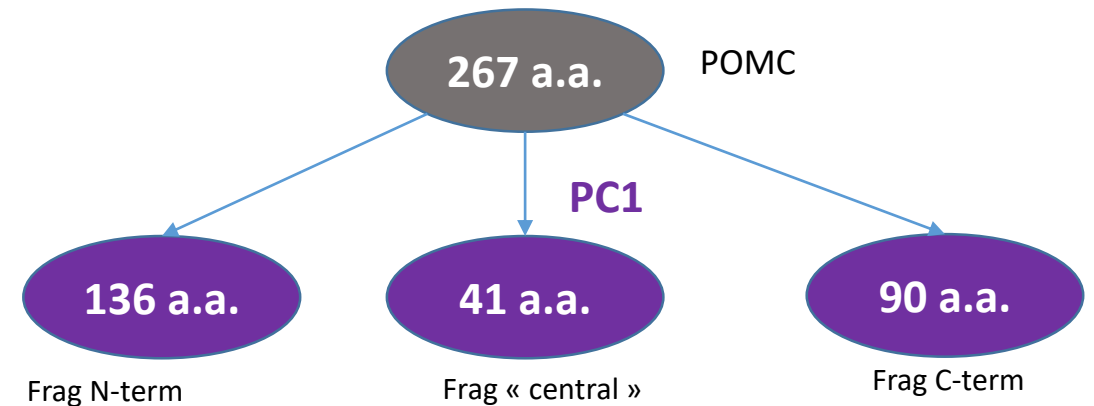
**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



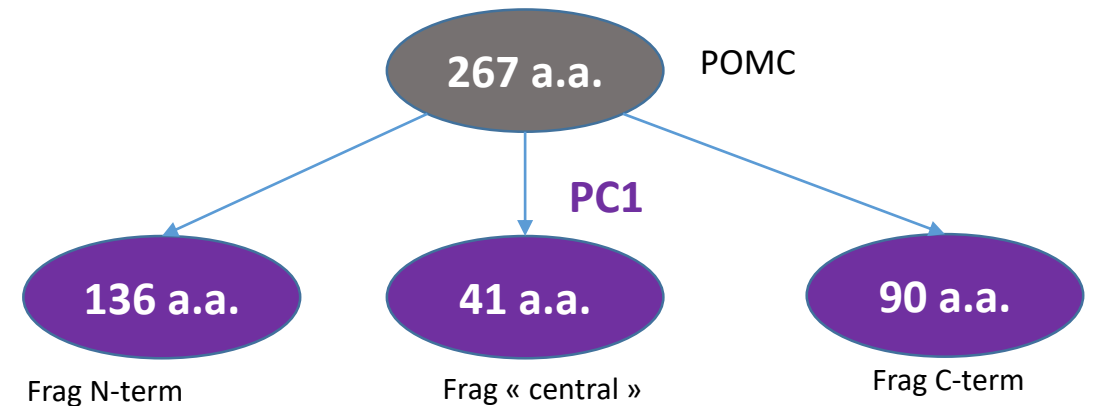
**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Action de la **PC1** sur POMC :

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

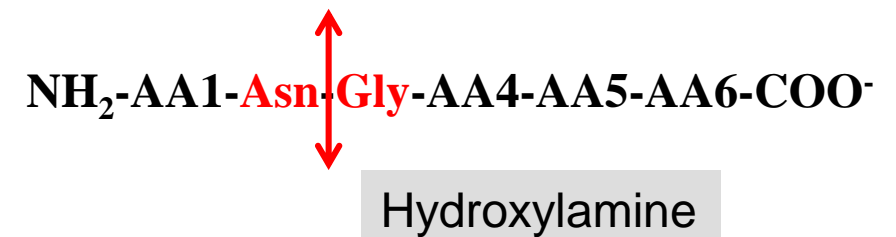


**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque



Motif « **NG** »

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

N-Ter:

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGFHFRWDRFRNRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPRE**EGK**<sub>136</sub>

Central

<sup>137</sup> **R**SYSTEMHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAFAF**PLEFK**<sub>177</sub>

C-Ter:

<sup>178</sup> **R**ELTGQRLREGDGPDPADDGAGAQAADLEHSLLVAAEKKDEGPYR  
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIKNAYKKGE<sub>267</sub>



**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

N-Ter:

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPG **NG**DEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGP**REGK**  
136

Central

<sup>137</sup> **R**SYSTEMHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAAEF**P**LE**FK**  
177

C-Ter:

<sup>178</sup> **R**ELTGQRLREGDGPDPADDGAGAQAADLEHSLLVAAEKKDEGPYR  
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIIKNAYKKGE  
267

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

N-Ter:

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPG **NG**DEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPRE**EGK**  
136

Central

<sup>137</sup> **R**YSMEHFRWGKPVGKKRRPVKVYP **NG**AEDESA EAFPLE**FK**  
177

C-Ter:

<sup>178</sup> **R**ELTGQRLREGDGPDPADDGAGA QADLEHSLLVAAEKKDEGPYR  
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAI IKNAYKKGE  
267

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par l'**hydroxylamine**
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

N-Ter:

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPG **NG**DEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPRE**EGK**  
136

Central

<sup>137</sup> **R**SYSMEHFRWGKPVGKKRRPVKVYP **NG**AEDESA EAFPLE**FK**  
177

C-Ter:

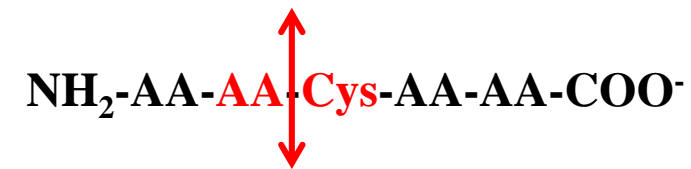
<sup>178</sup> **R**ELTGQRLREGDGPDPADDGAGA QADLEHSLLVAAEKKDEGPYR  
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAI IKNAYKKGE  
267

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'hydroxylamine**
- E. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque**



acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

Avant une **cystéine**

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la **PC1** sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'hydroxylamine**
- E. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque**

N-Ter:

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGFHFRWDRFGRRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPRE**EGK**  
136

Central

<sup>137</sup> **R**SYSTEMHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAAEF**PLEFK**  
177

C-Ter:

<sup>178</sup> **R**ELTGQRLREGDGPDPADDGAGAQAADLEHSLLVAAEKKDEGPYR  
MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIKNAYKKGE  
267

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'hydroxylamine**
- E. Elle libère **deux fragments** sensibles à la restriction chimique par **l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque**

N-Ter:

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLEC  
 RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGFHFRWDRFGRRN  
 SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPREEGK  
 136

Central

<sup>137</sup> RSYSTEMHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAAEFPLEEFK  
 177

C-Ter:

<sup>178</sup> RELTGQRLREGDGPDPADDGAGAQAADLEHSLLVAAEKKDEGPYR  
 MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIKNAYKKGE  
 267

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 116.** Concernant l'action de la PC1 sur POMC,

- A. Elle clive POMC en deux fragments
- B. Elle libère un fragment N-terminal de 90 a.a.
- C. Elle libère entre autre un fragment de 33 a.a.
- D. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'hydroxylamine
- E. Elle libère deux fragments sensibles à la restriction chimique par l'acide-2-nitro-5-thiocyanobenzoïque

Réponse : D

**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1),  
et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2).

**1. Identifier quel fragment de POMC correspond à l'ACTH**

136 a.a.

41 a.a.

90 a.a.

Lequel est sensible à l'action de la **PC2** ?

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la PC2 ? = Motifs K-K-R-R

136 a.a.

?

1 MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGFHFRWDRFGRRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPREGK<sub>136</sub>

Frag N-term

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la **PC2** ? = Motifs K-K|R-R

~~136 a.a.~~

Frag N-term

<sup>1</sup> MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI  
RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN  
SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPREGK<sub>136</sub>

41 a.a. ?

Frag Central

<sup>137</sup> RSYSMEHFRWGKPVGKKRRPVKVYPNGAEDESAFAFPLEFK<sub>177</sub>

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

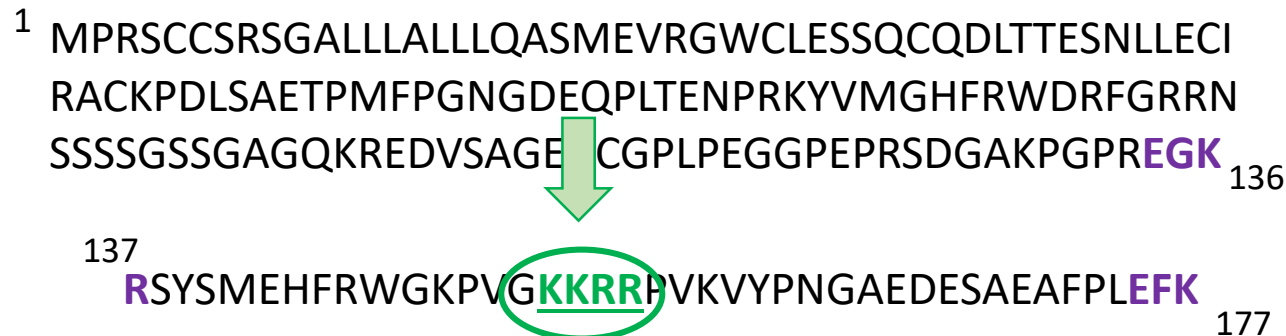
Lequel est sensible à l'action de la **PC2** ? = Motifs K-K-R-R

~~136 a.a.~~

Frag N-term

41 a.a. ?

Frag Central



**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la **PC2** ? = Motifs K-K-R-R

N-term	<del>136 a.a.</del>		1 MPRSCCSRSGALLLALLLQASMEVRGWCLESSQCQDLTTESNLLECI RACKPDLAETPMFPGNGDEQPLTENPRKYVMGHFRWDRFGRRN SSSSGSSGAGQKREDVSAGEDCGPLPEGGPEPRSDGAKPGPREGK <sub>136</sub>
Central	41 a.a.	oui	137 RSYSMEHFRWGKPVG <u>KKRR</u> PVKVYPNGAEDESAEAFPLEFK <sub>177</sub>
C-term	90 a.a.	?	178 RELTGQRLREGDGPDPADDGAGAQADLEHSLLVAAEKKDEGPYR MEHFRWGSPPKDKRYGGFMTSEKSQTPLVTLFKNAIKNAYKKGE <sub>267</sub>

**Enoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la PC2 ? = Motifs K-K-R-R

~~136 a.a.~~

N-term

41 a.a.

Central

oui

137

RSYSMEHFRWGKPVGKKRRPKVYPNGAEDESAEAFPLEFK<sub>177</sub> = ACTH

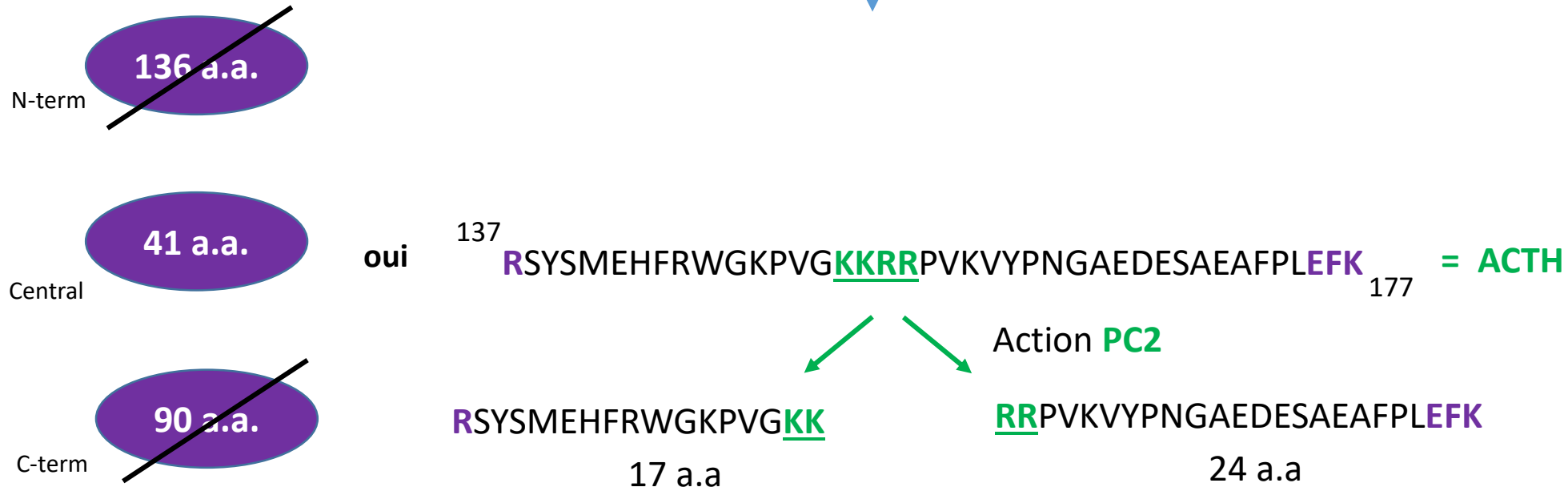
~~90 a.a.~~

C-term

Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

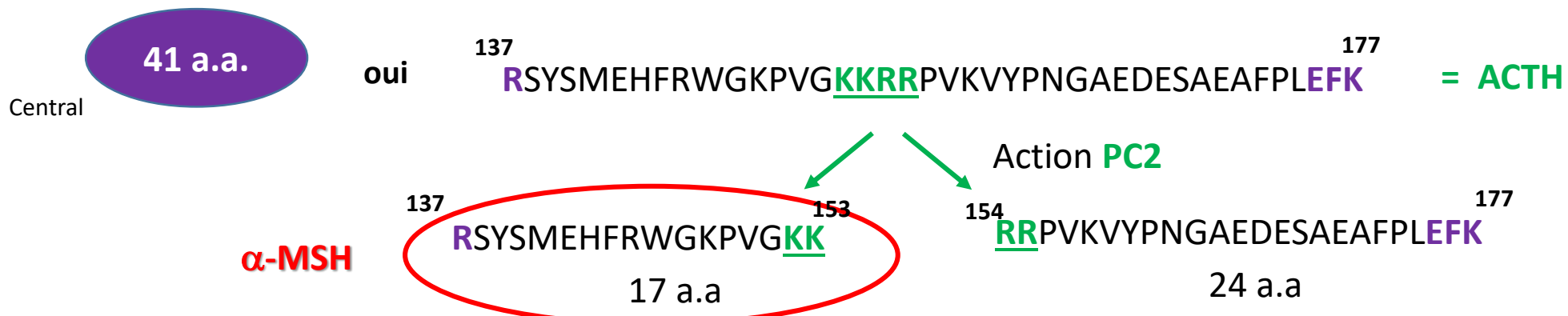
Lequel est sensible à l'action de la **PC2** ? = Motifs K-K-R-R



Enoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

Lequel est sensible à l'action de la PC2 ? = Motifs K-K-R-R



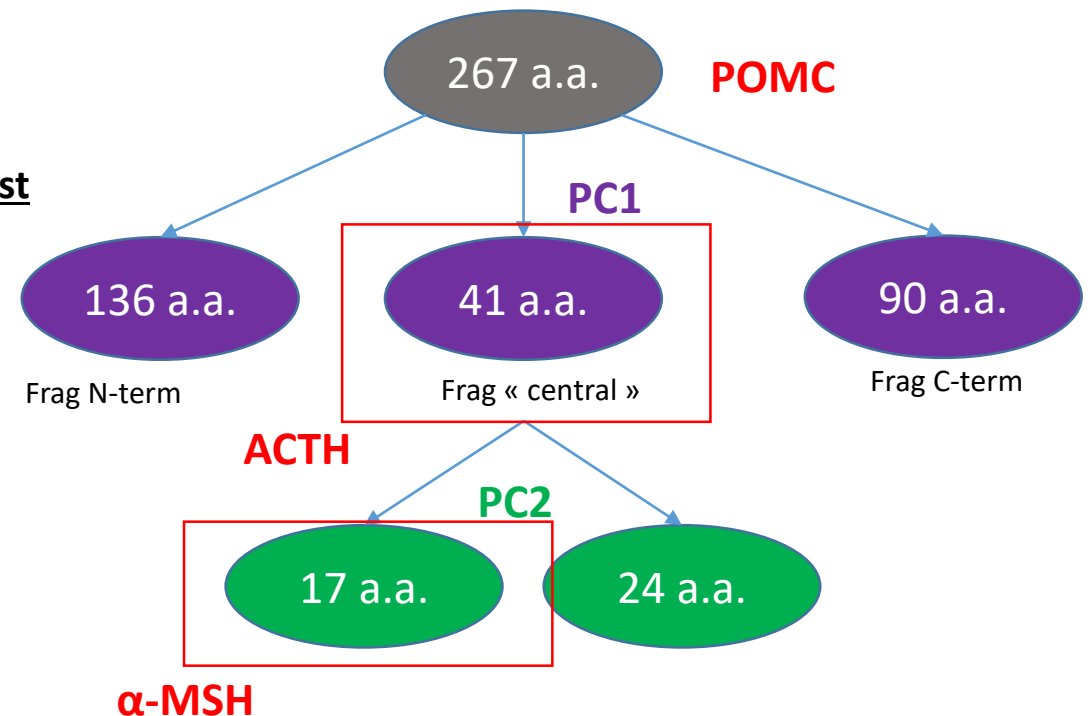


**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

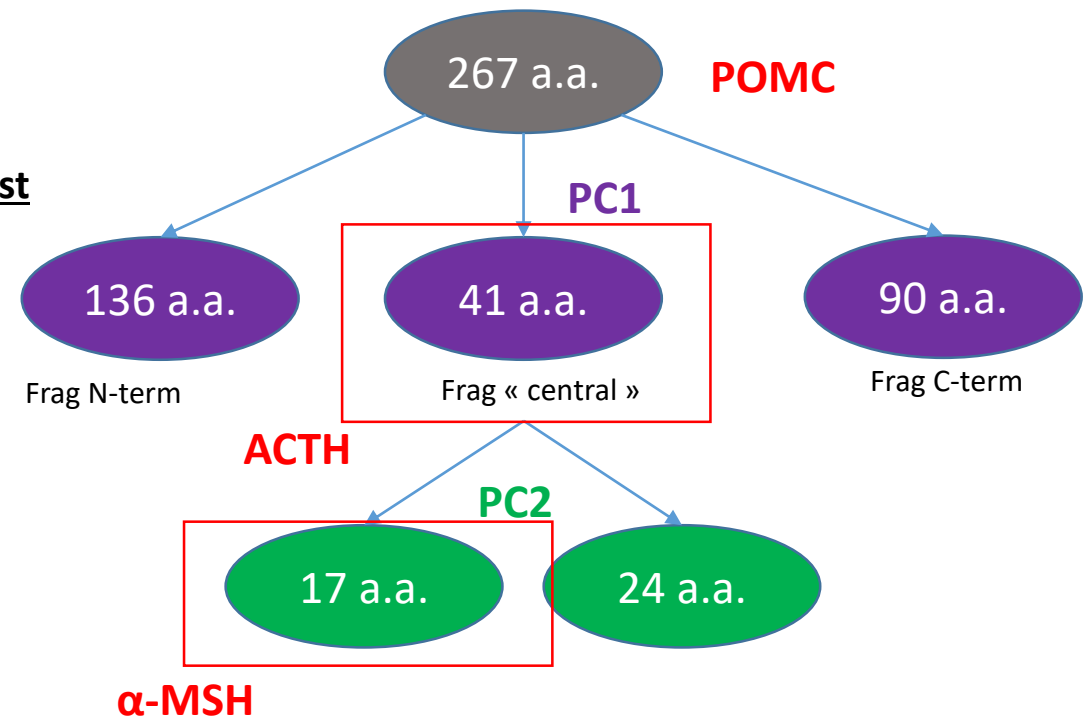


**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

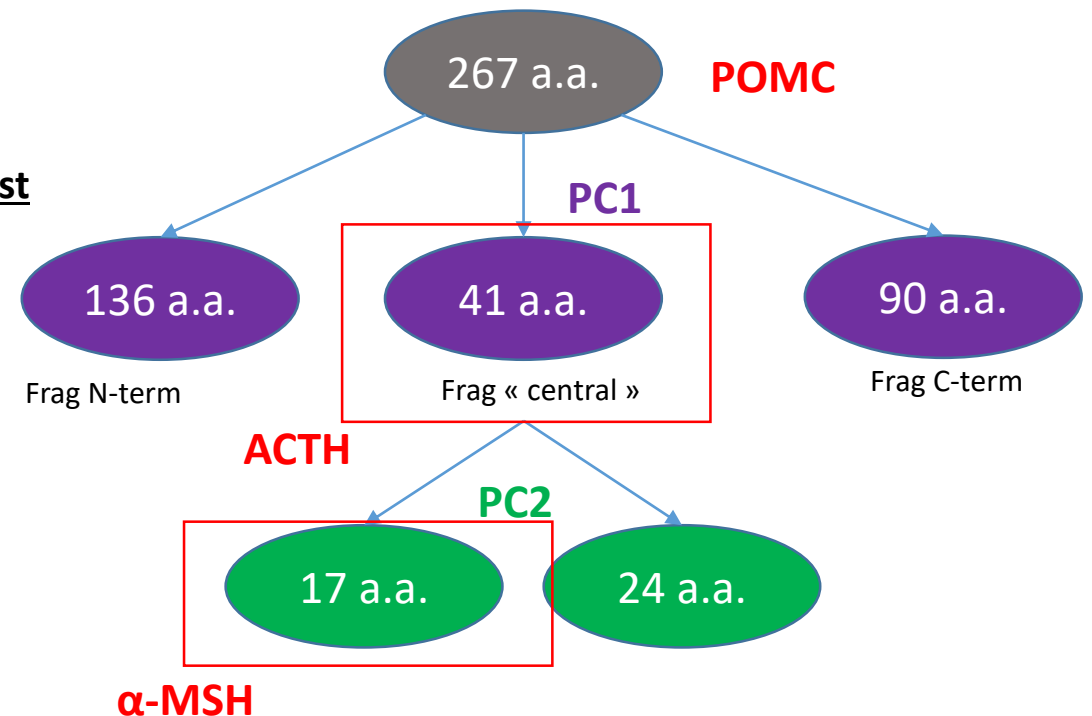


**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

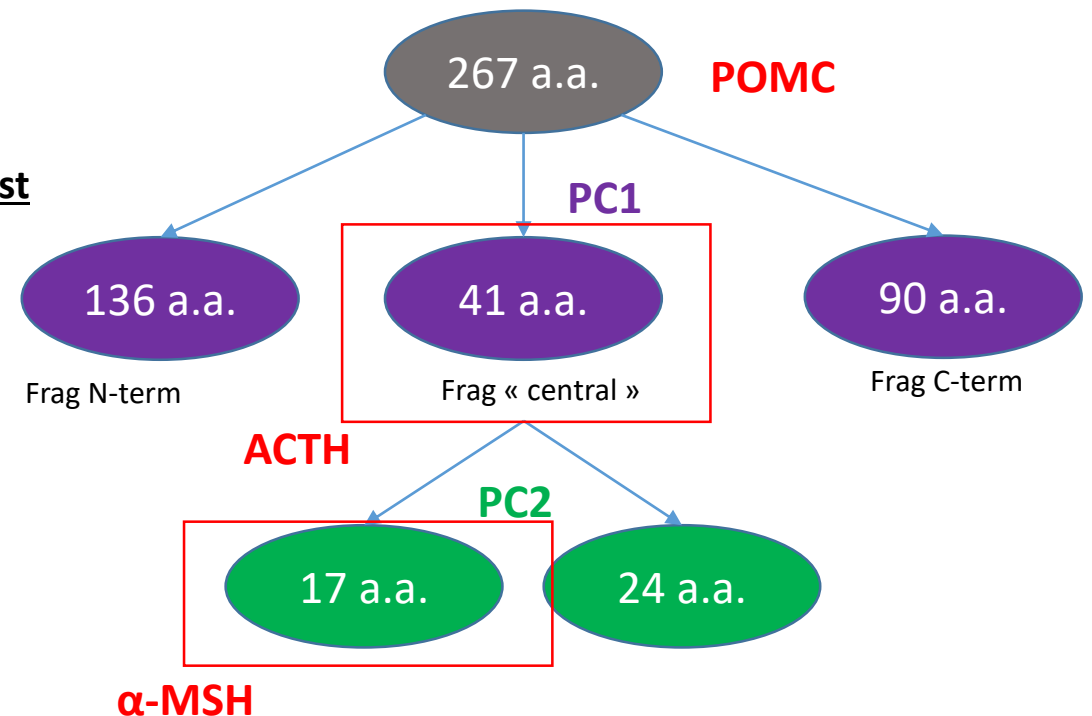


**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. l' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. l' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

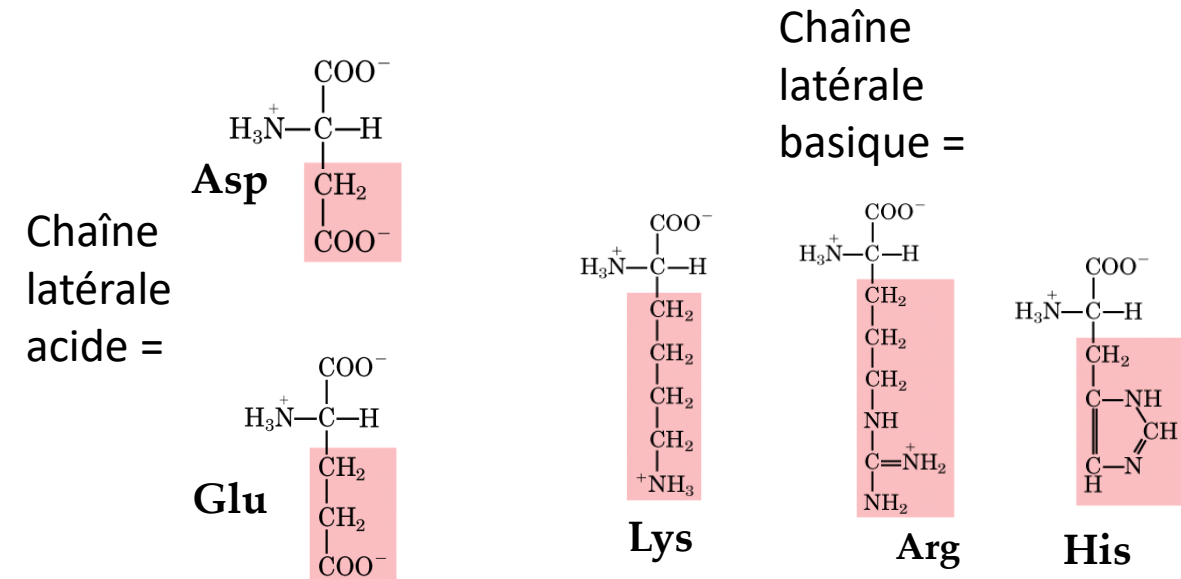


Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



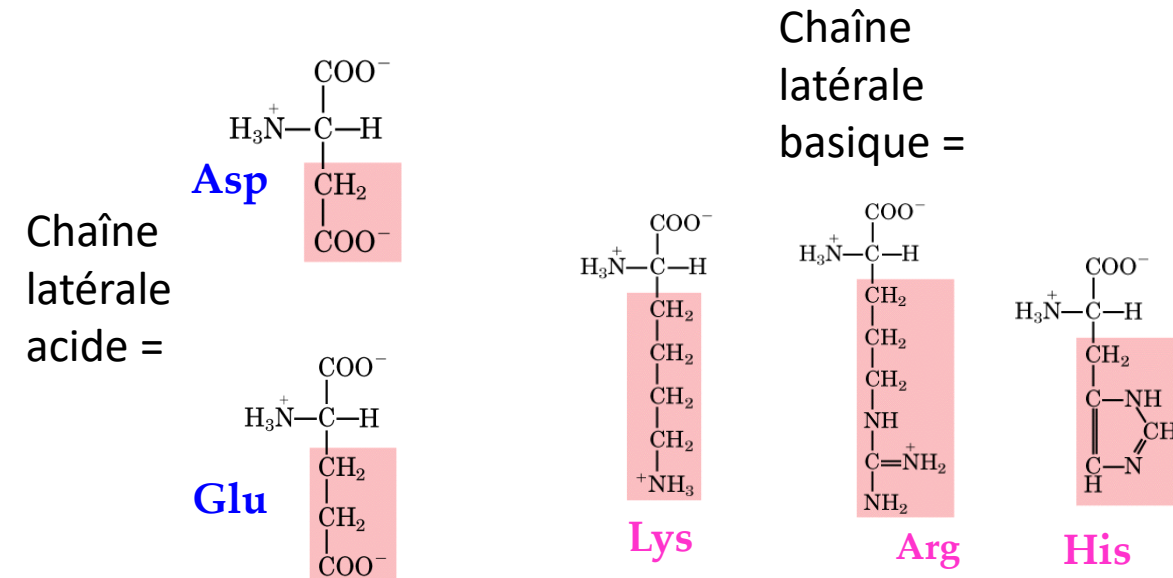
**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

$\alpha$ -MSH = RSYSMEHFRWGKPVGKK

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



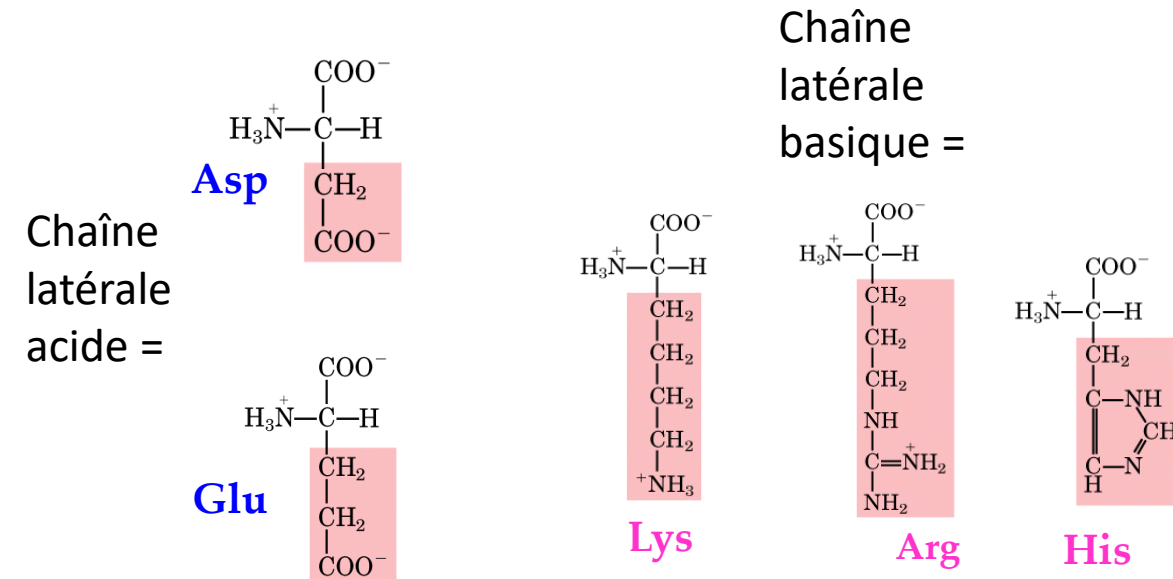
Énoncé commun QCMs 116 à 121: La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].



**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.



**Énoncé commun QCMs 116 à 121:** La prohormone convertase de type 1 (PC1) et de type 2 (PC2) sont deux enzymes impliquées dans le clivage de certaines pro-hormones. Elles réalisent notamment une cascade de protéolyse de la POMC (pro-opiomélanocortine), un pro-peptide commun dont les fragments issus de ce clivage sont des composés biologiquement actifs : l'ACTH (produit par le clivage seul de la PC1), et l' $\alpha$ -MSH (produit par le clivage de l'ACTH par la PC2). La POMC a une séquence polypeptidique primaire de 267 acides aminés donnée ci-dessous.

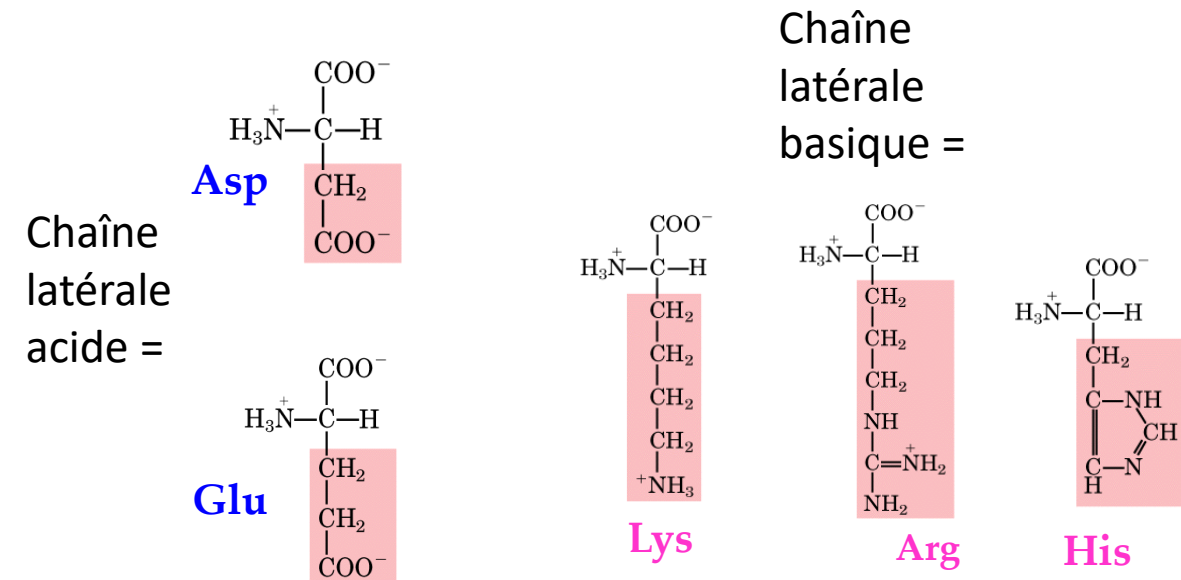
La PC1 a pour propriété spécifique de couper entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [acide glutamique – X – lysine – arginine] où X est un résidu acide aminé quelconque. La PC2 coupe entre une lysine et une arginine au sein d'un motif [lysine-lysine-arginine-arginine].

$\alpha$ -MSH = RSYSMEHFRWGKPVGKK

**QCM 117 :** Grace aux données de l'énoncé et sachant que l' $\alpha$ -MSH est le plus petit fragment obtenu par la PC2, vous pouvez dire que

- A. L'ACTH est un peptide de 136 acides aminés
- B. L'action de la PC2 sur l'ACTH libère deux fragments
- C. L' $\alpha$ -MSH est un peptide de 17 acides aminés
- D. L' $\alpha$ -MSH comporte un résidu à chaîne latérale acide
- E. L' $\alpha$ -MSH comporte six résidus à chaîne latérale basiques.

Réponse : BCDE



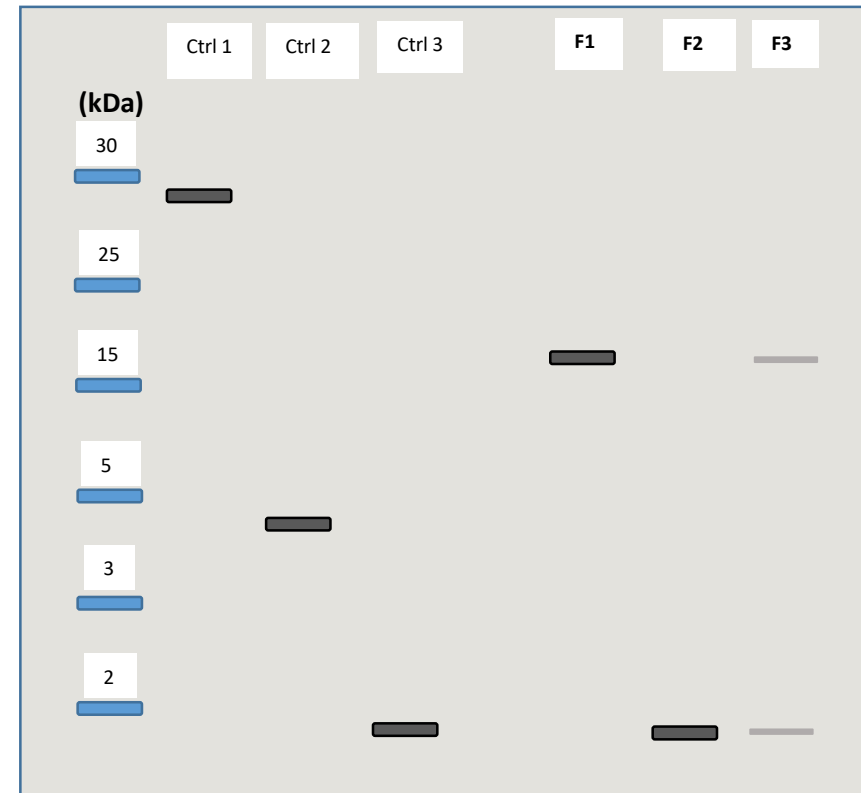


Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### QCM 118

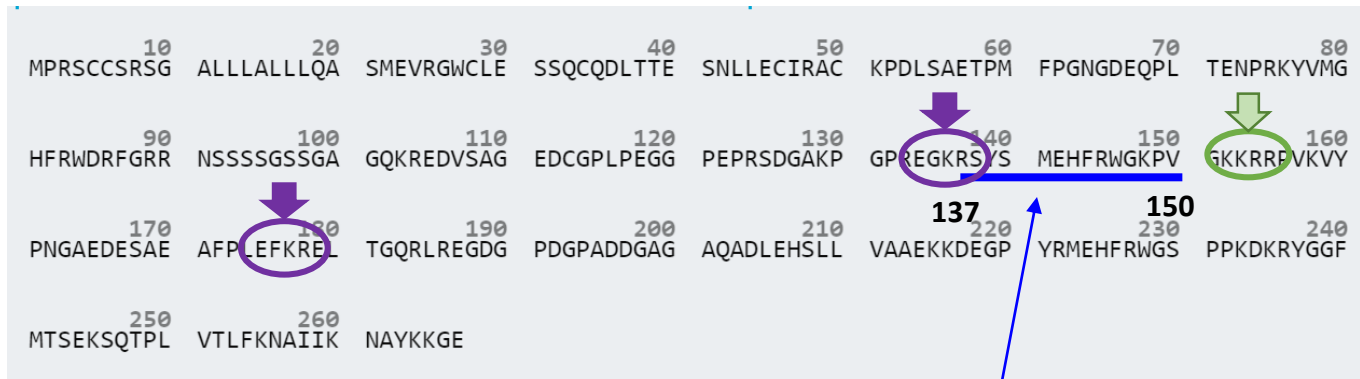
- La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

- Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?
- Quels sont leur poids moléculaire approximatif ?



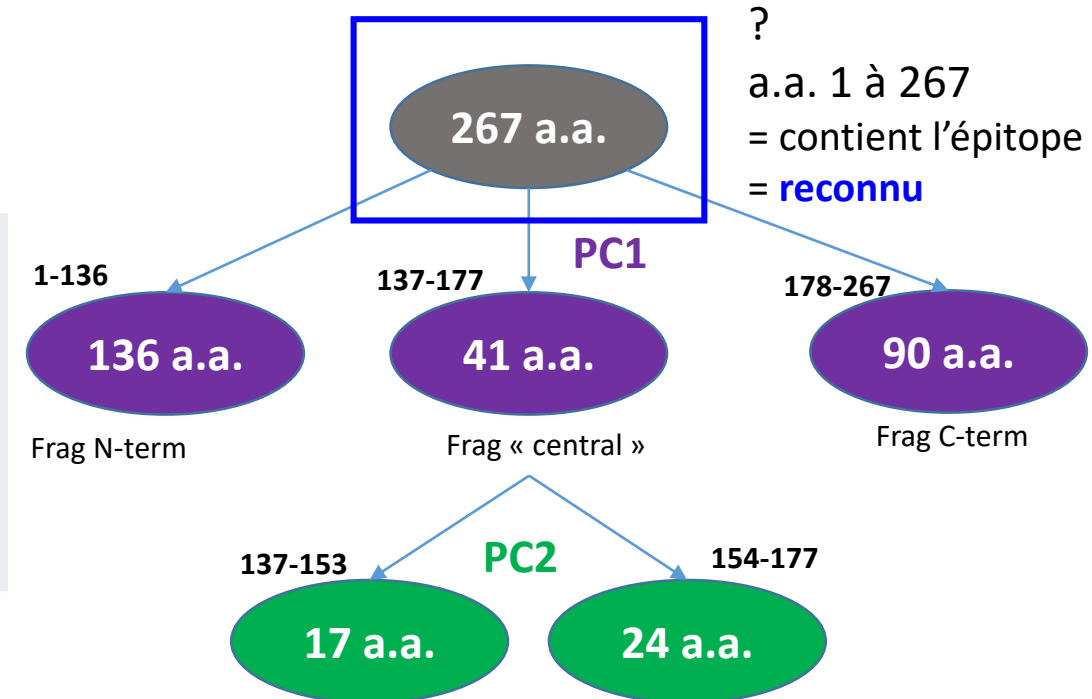
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### 1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



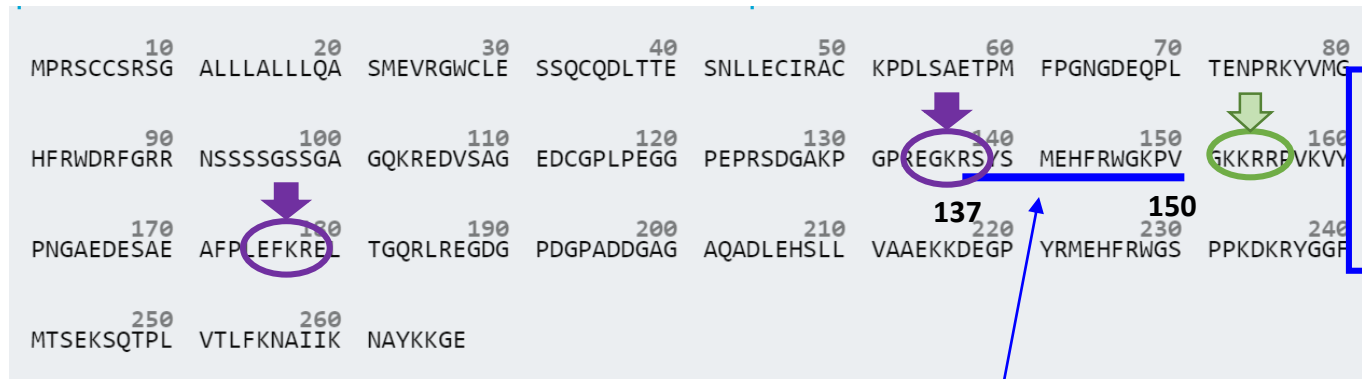
Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



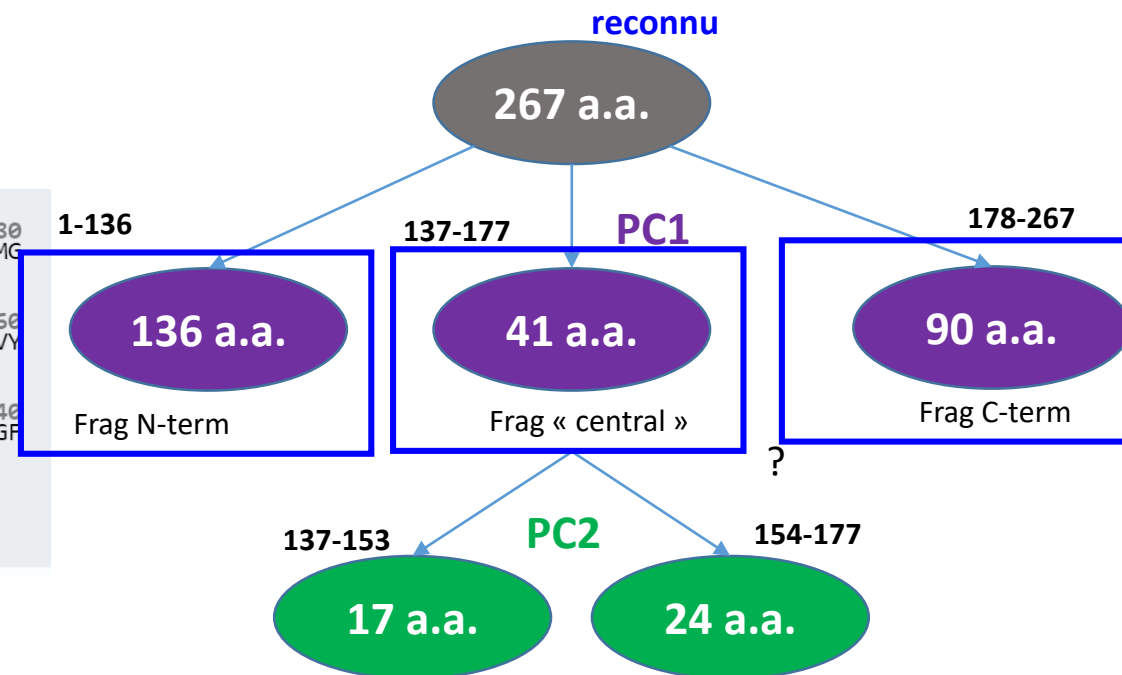
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### 1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



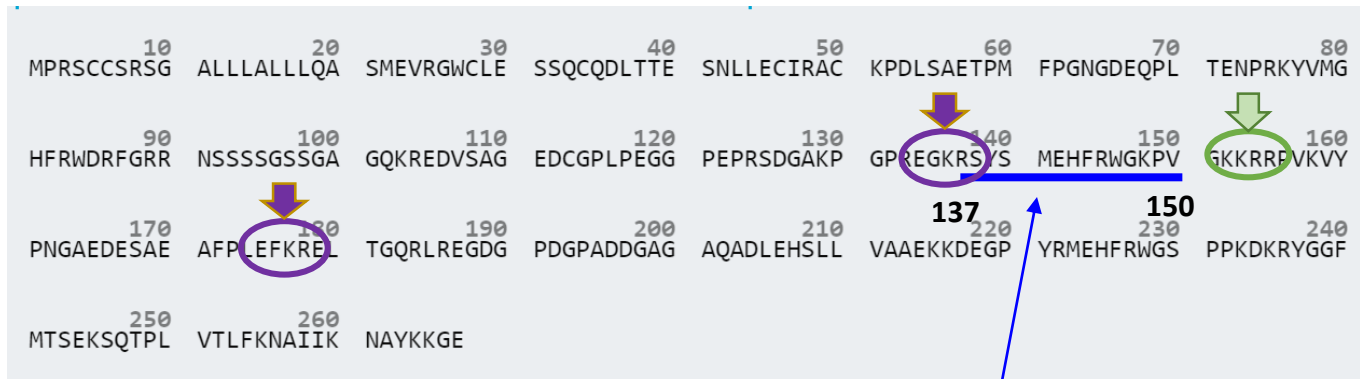
Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



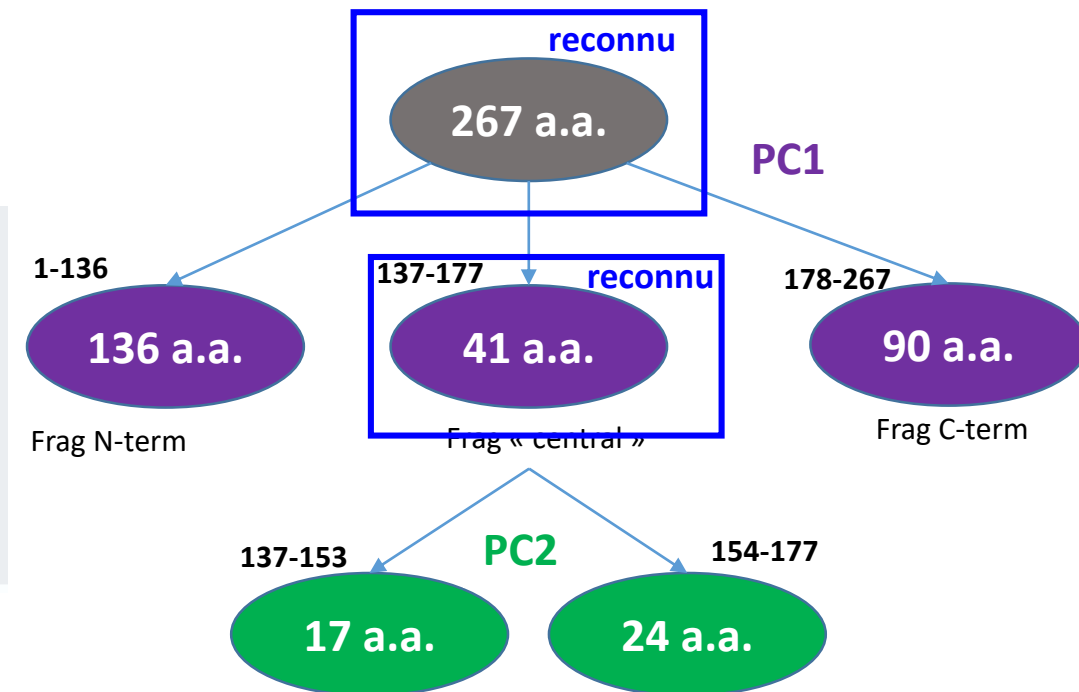
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### 1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



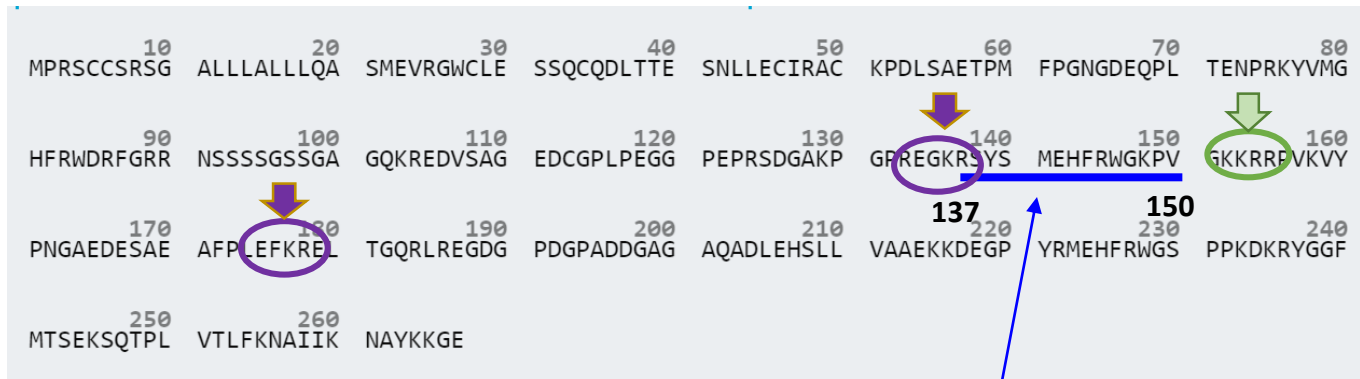
Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



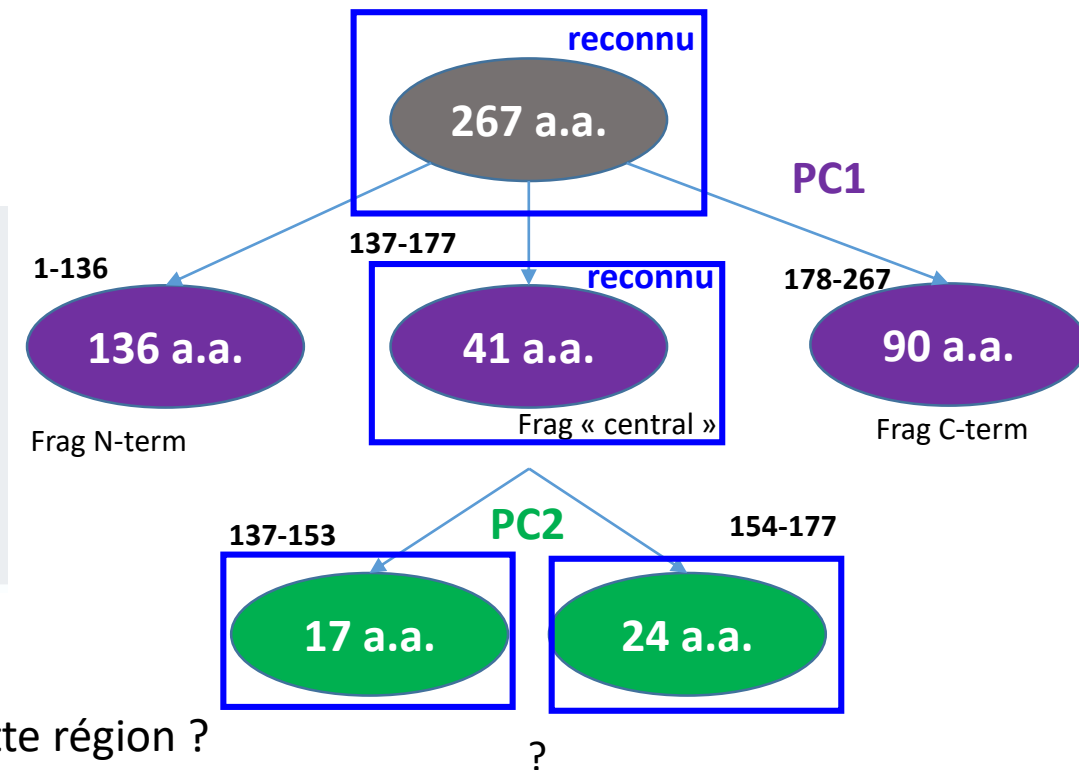
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### 1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



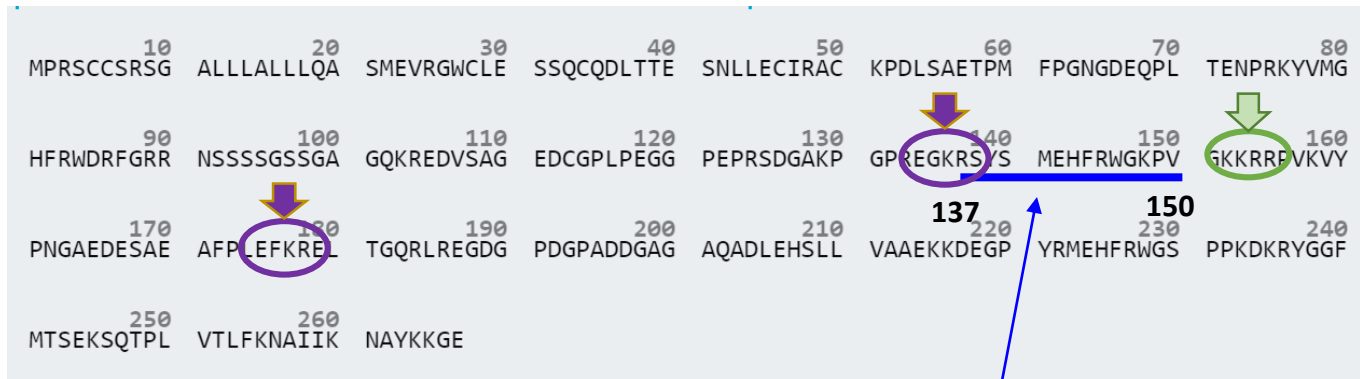
Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?



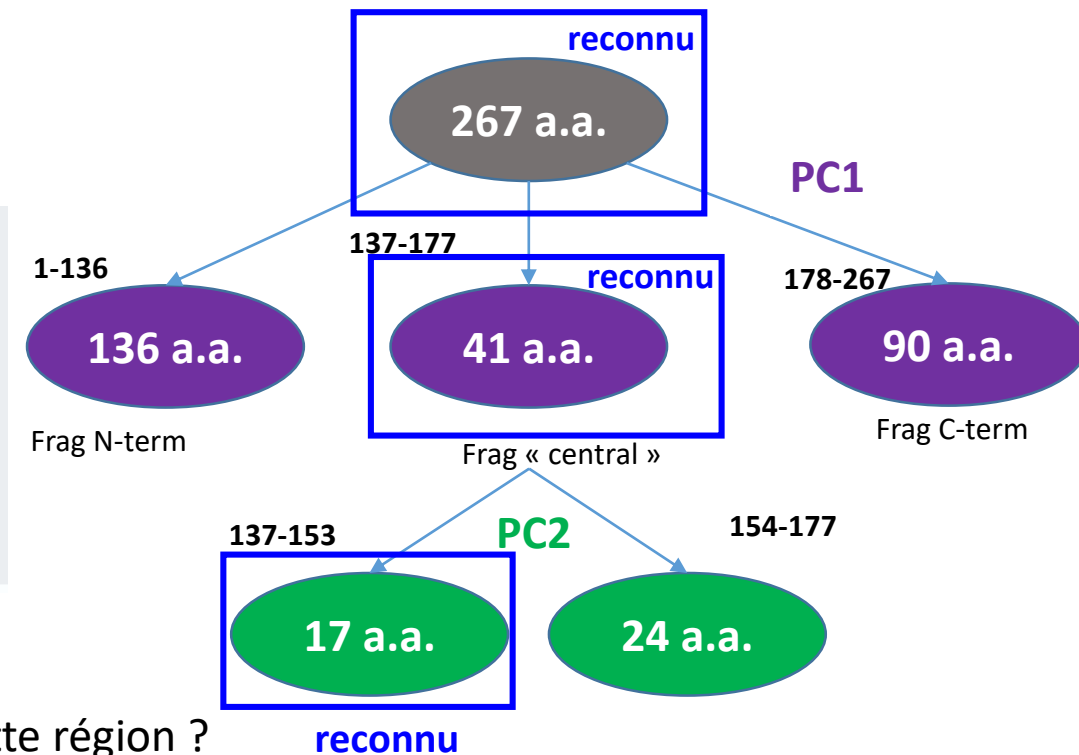
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### 1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?



Épitope antigénique reconnu

Sur quels fragments retrouve-t-on cette région ?

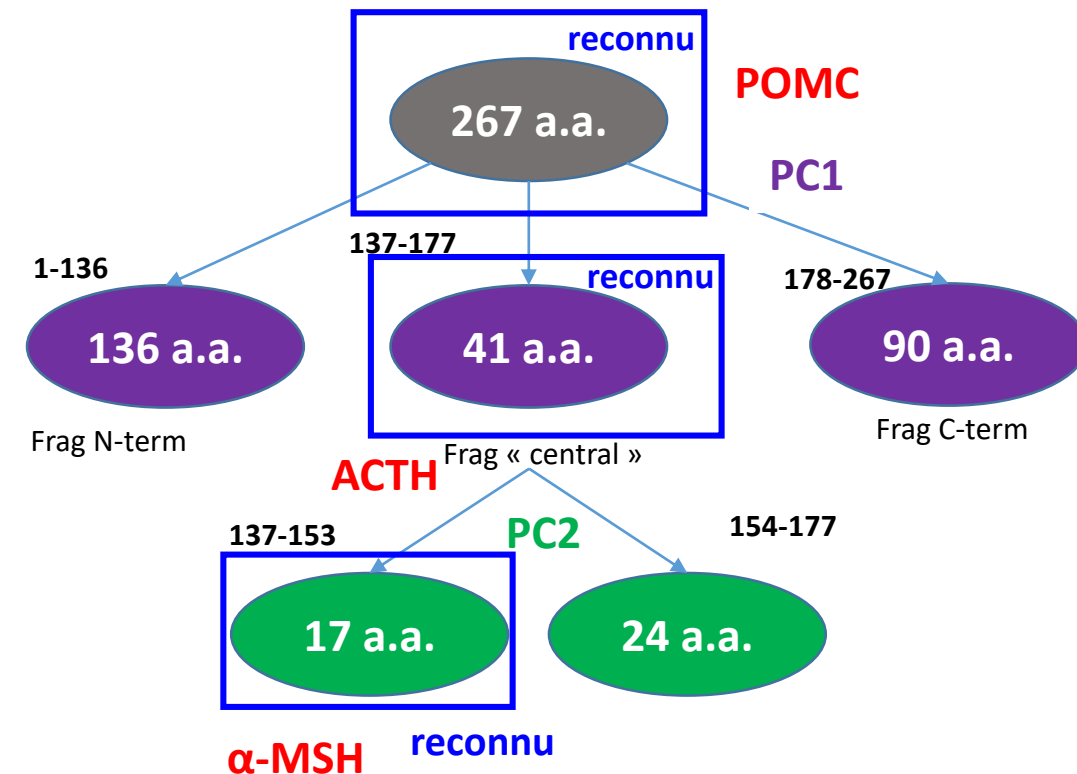


Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

### 1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?

L'anticorps de détection est capable de reconnaître:

- La **POMC**
- L'**ACTH**
- Et l' **$\alpha$ -MSH**

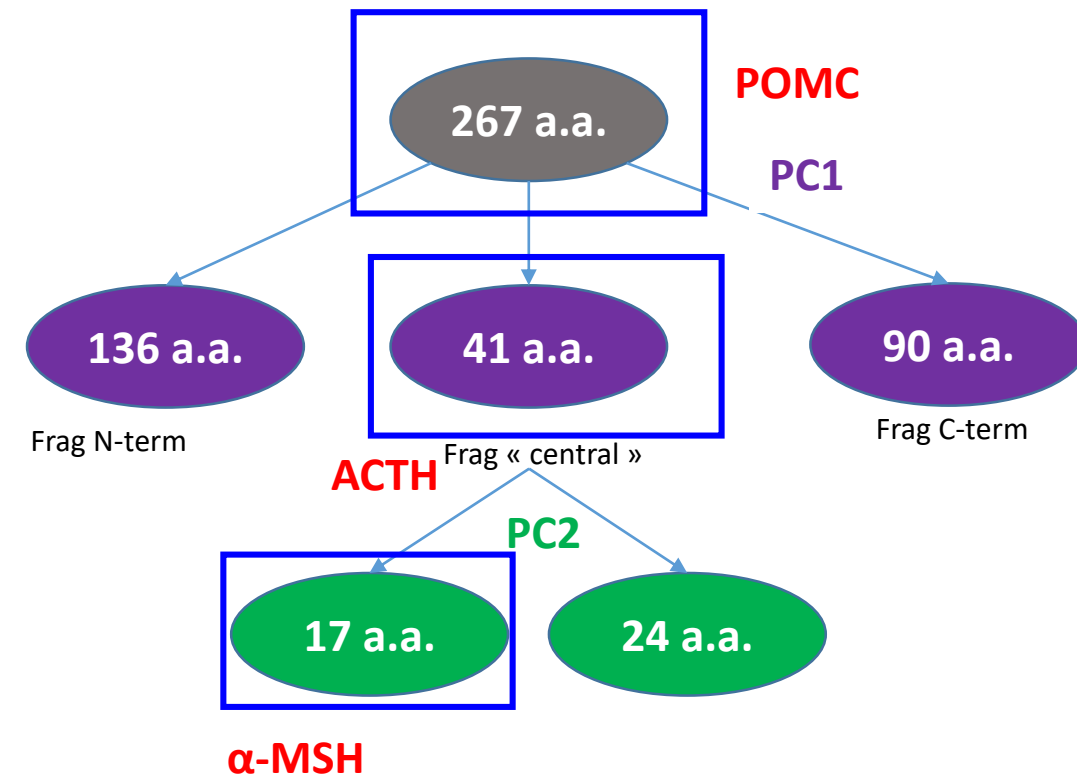


Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?
2. Quels sont leur poids moléculaire approximatifs ?

Poids moléculaire approximatif  
d'un peptide/d'une protéine:

$$M_{Da} = \text{Nb(a.a.)} \times 110 \text{ Da}$$





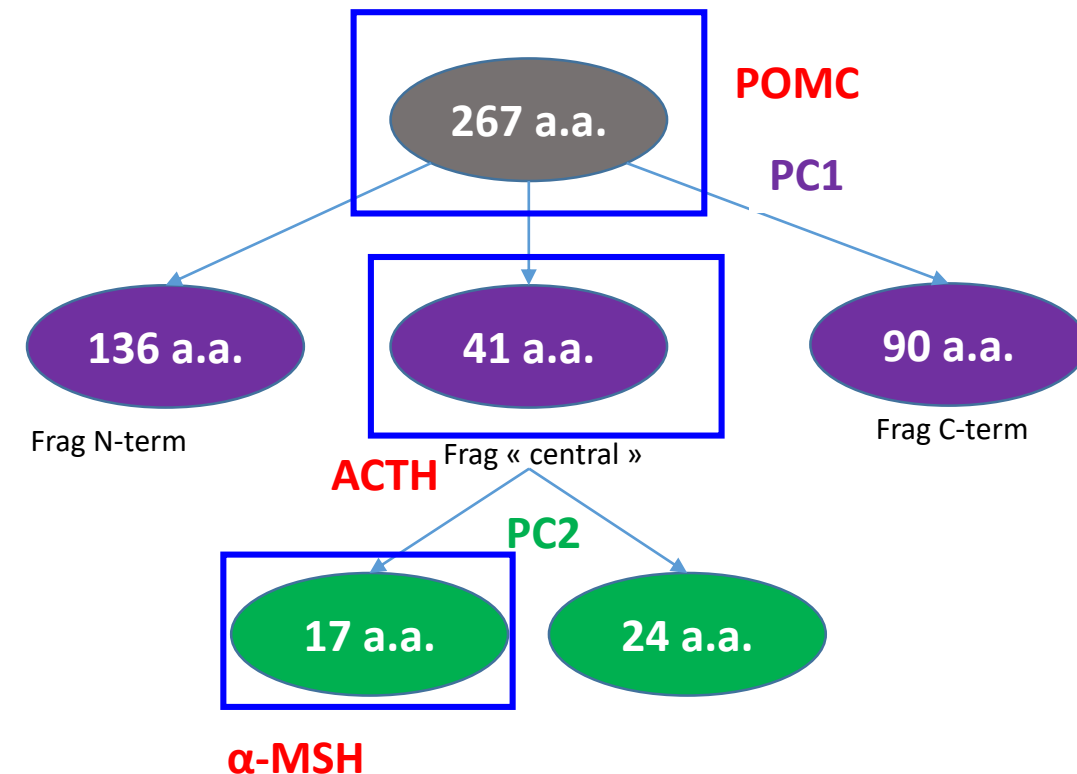
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant [un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :

1. Quels sont les fragments reconnus par l'anticorps ?
2. Quels sont leur poids moléculaire approximatifs ?

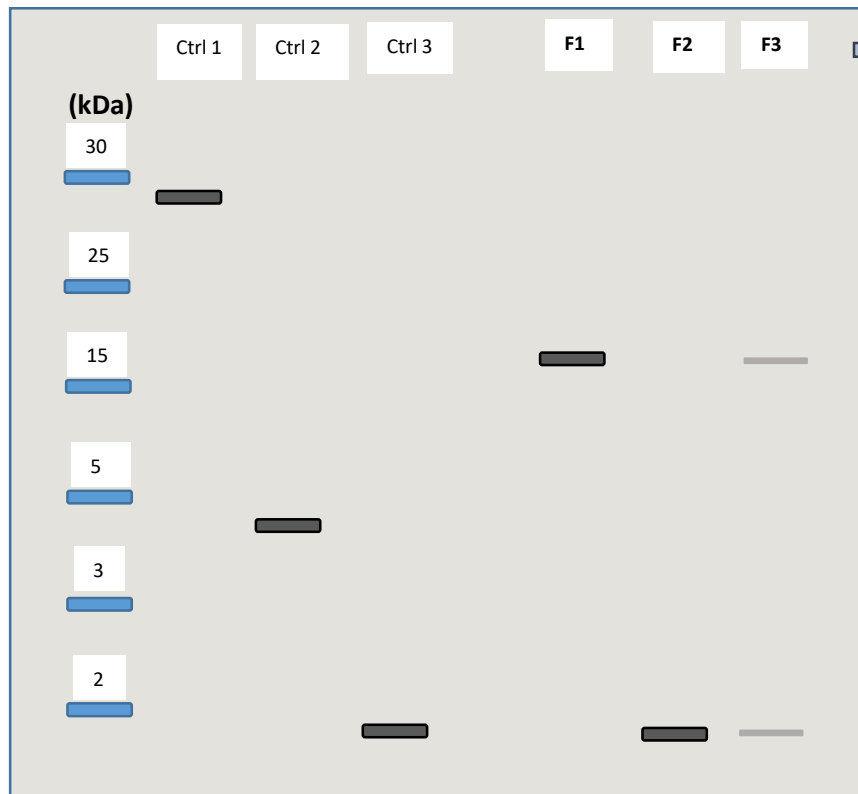
POMC: 267 a.a  $\rightarrow$   $\sim$  29 kDa

ACTH: 41 a.a  $\rightarrow$   $\sim$  4,5 kDa

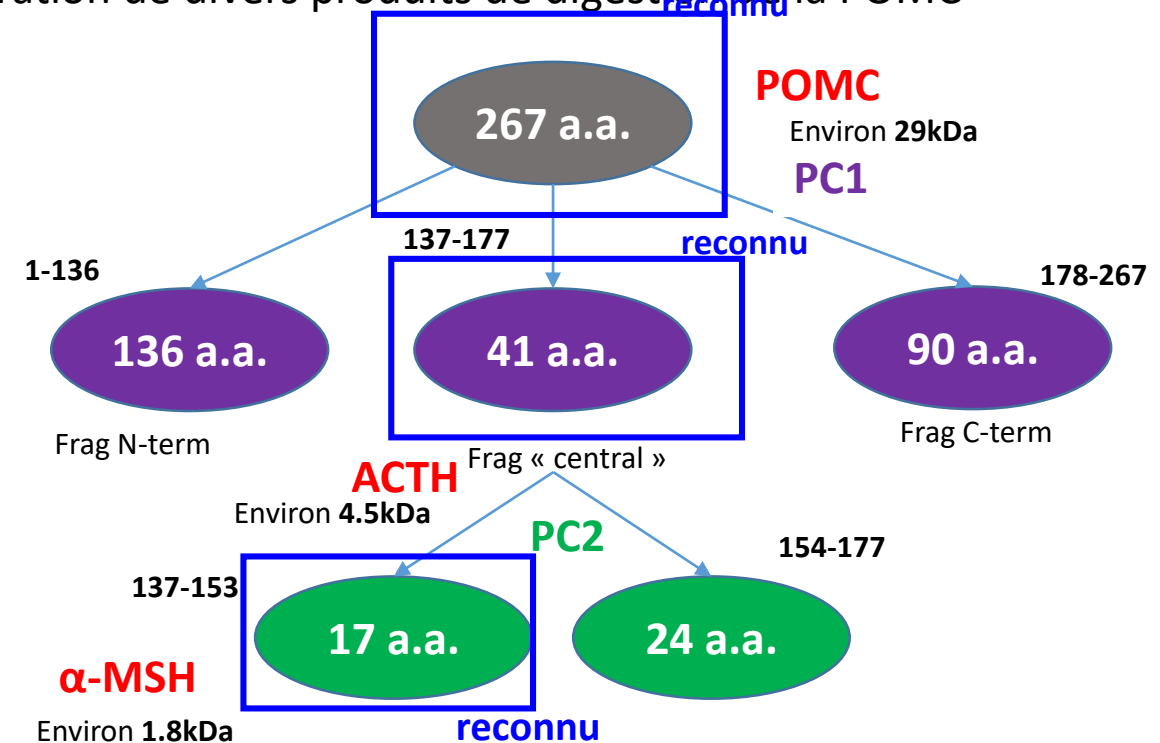
$\alpha$ -MSH: 17 a.a  $\rightarrow$   $\sim$  1,8 kDa



Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



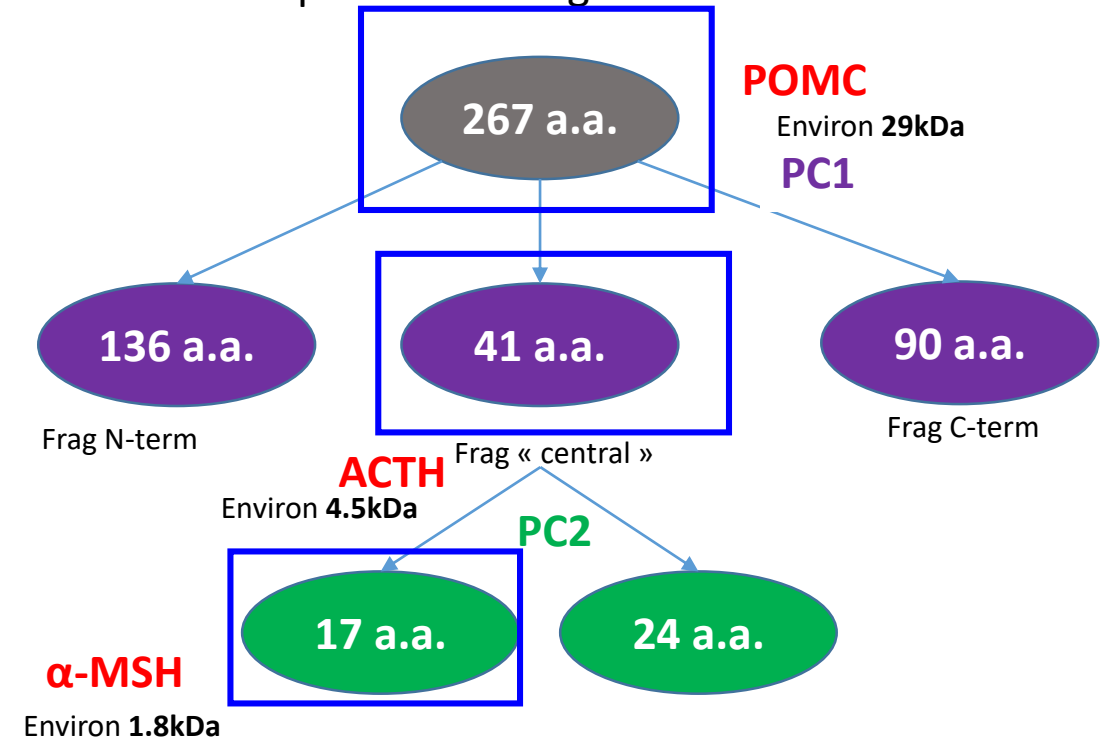
Migration de divers produits de digestion de la POMC



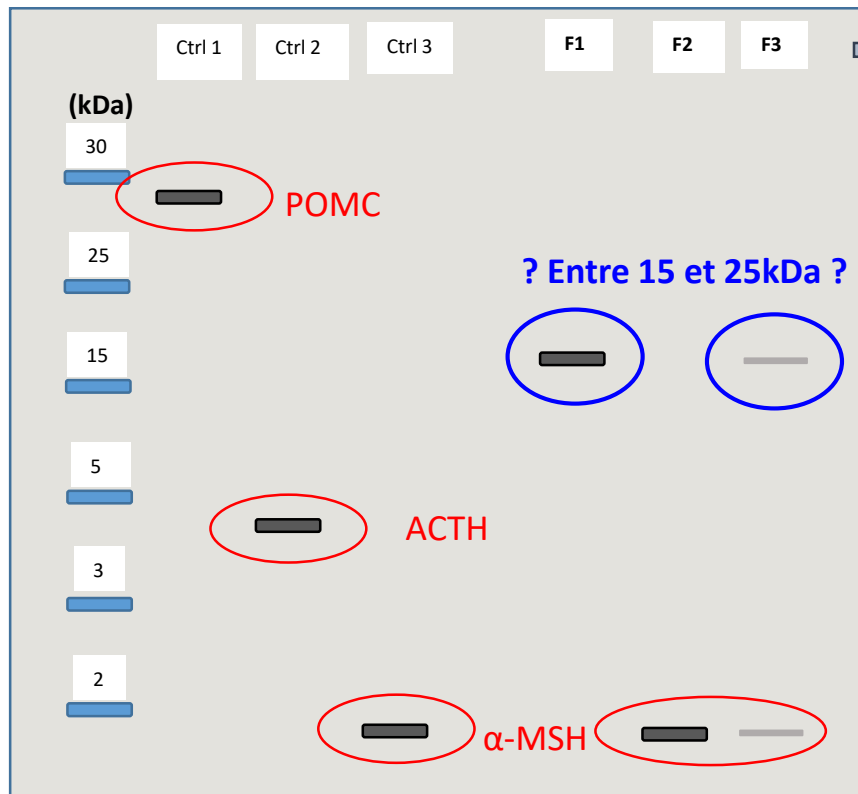
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

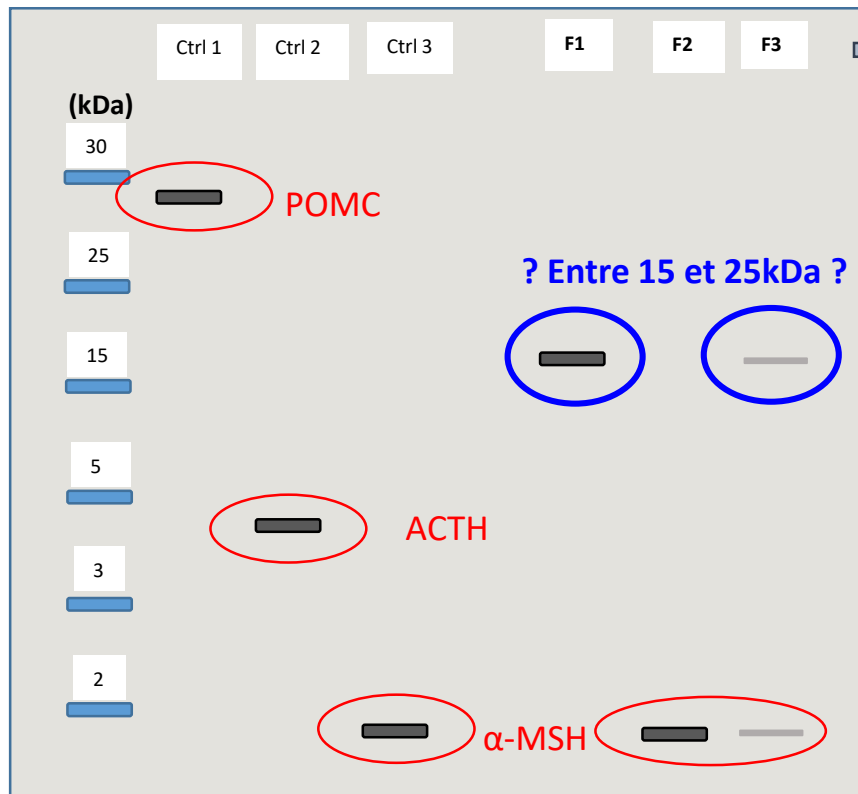


Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

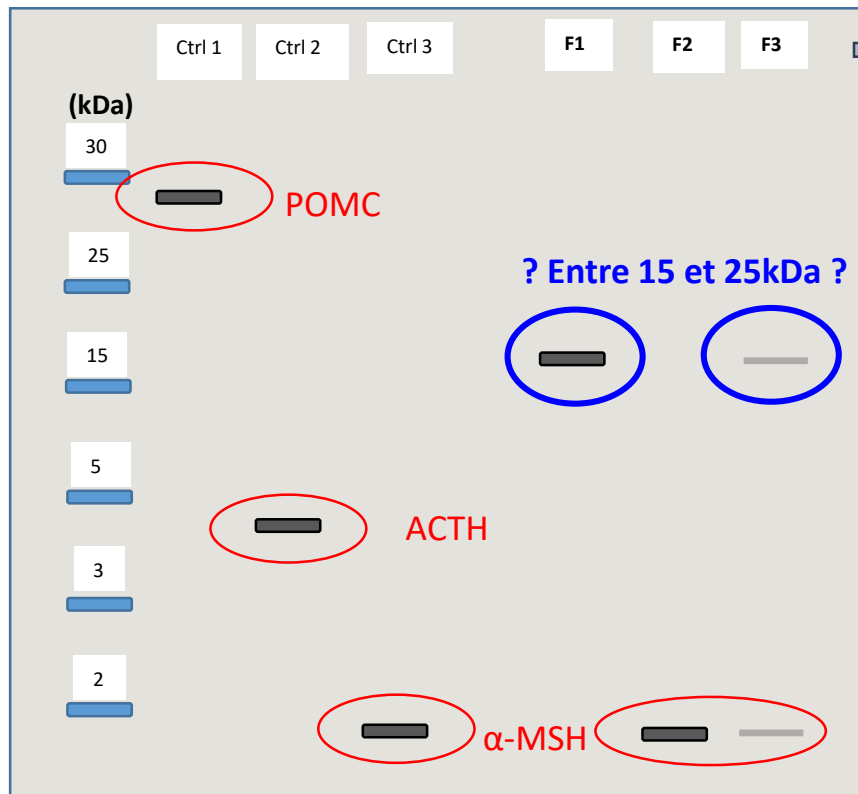


Migration de divers produits de digestion de la POMC

Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée **est totalement inactive ?**

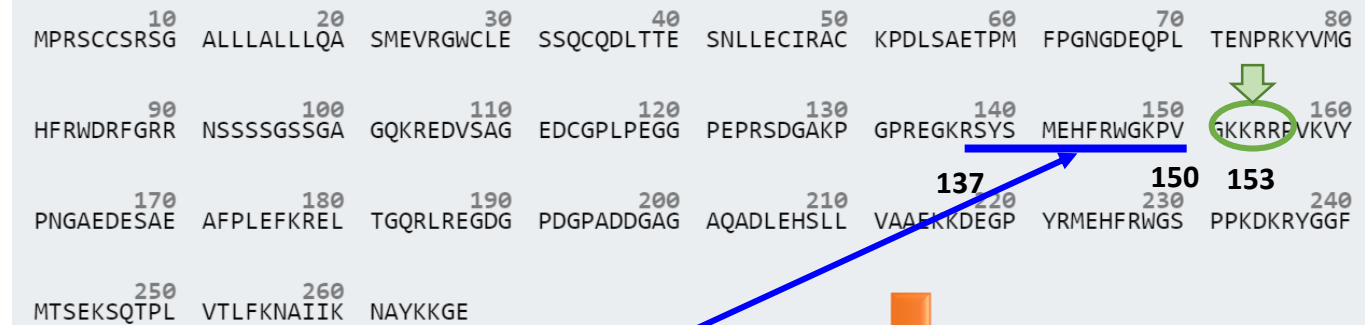
10	20	30	40	50	60	70	80
MPRSCCSRSG	ALLLALLLQA	SMEVRGWCLE	SSQCQDLTTE	SNLLECIKAC	KPDLAETPM	FPGNGDEQPL	TENPRKYVMG
90	100	110	120	130	140	150	160
HFRWDRFGRR	NSSSSGSSGA	GQKREDSAG	EDCGPLPEGG	PEPRSDGAKP	GPREGKRSYS	MEHFRWGKPV	GKKRRPVKVV
170	180	190	200	210	137	150	240
PNGAEDESAAE	AFPLEFKREL	TGQRLREGDG	PDGPADDGAG	AQADLEHSLI	VAAEKKDEGP	YRMEHFRWGS	PPKDKRYGGF
250	260				220	230	
MTSEKSQTPL	VTLFKNAIIK	NAYKKGE					

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

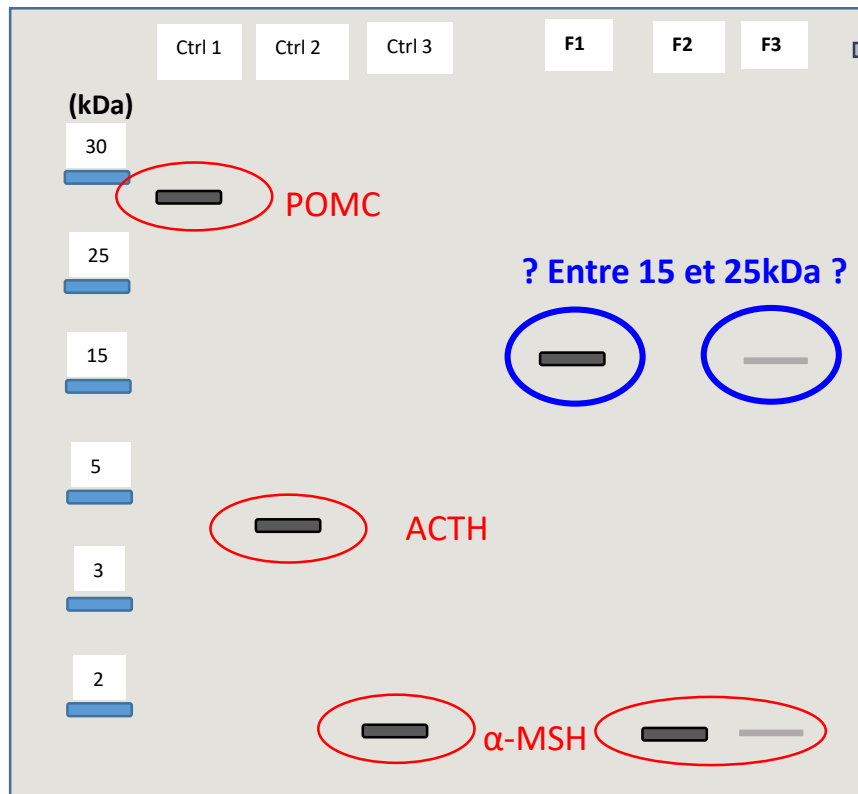
Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée est **totale**ment inactive ?



a.a reconnus par l'anticorps

PC2 est capable de cliver la POMC en **deux** fragments

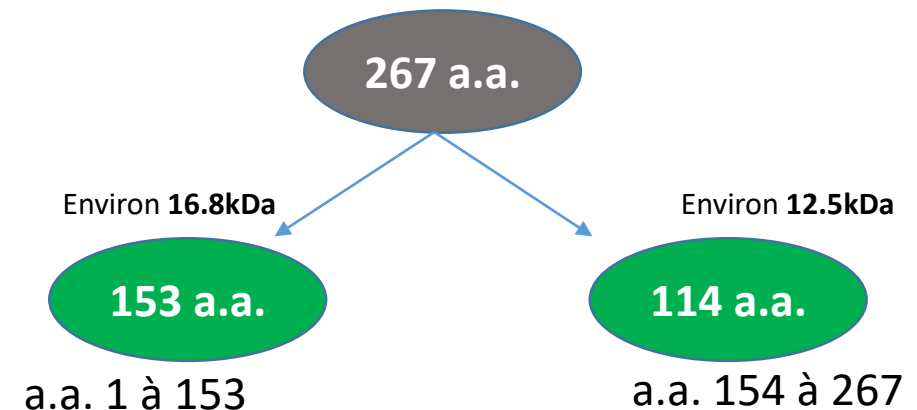
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la [région des a.a. 137 à 150](#), et vous obtenez le profil suivant après révélation :



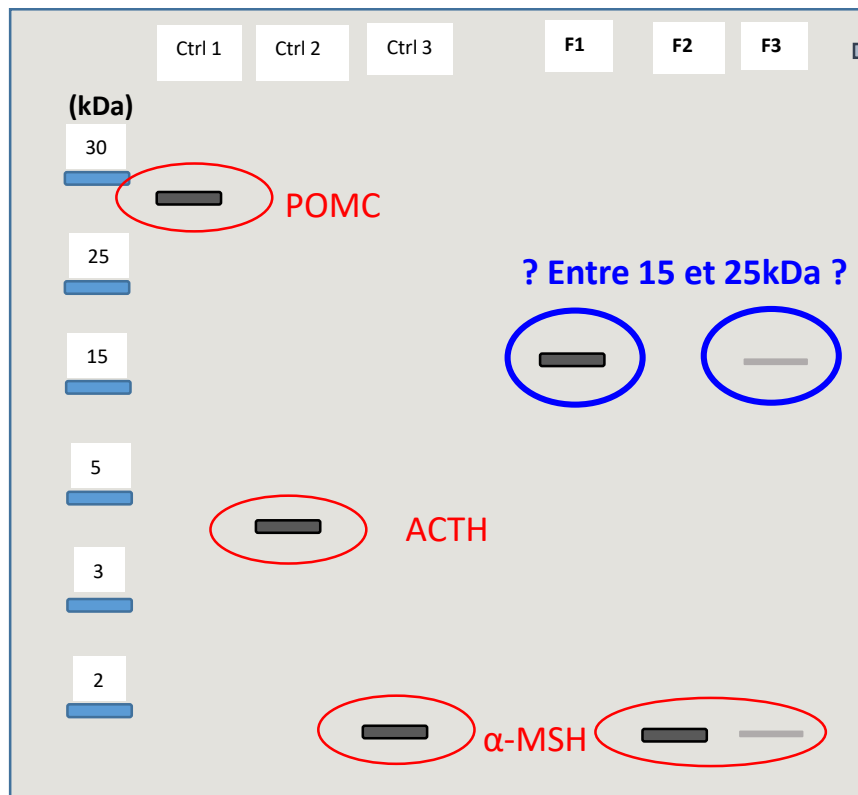
Migration de divers produits de digestion de la POMC

Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée est **totalemment inactive** ?

PC2 est capable de cliver la POMC en **deux fragments**



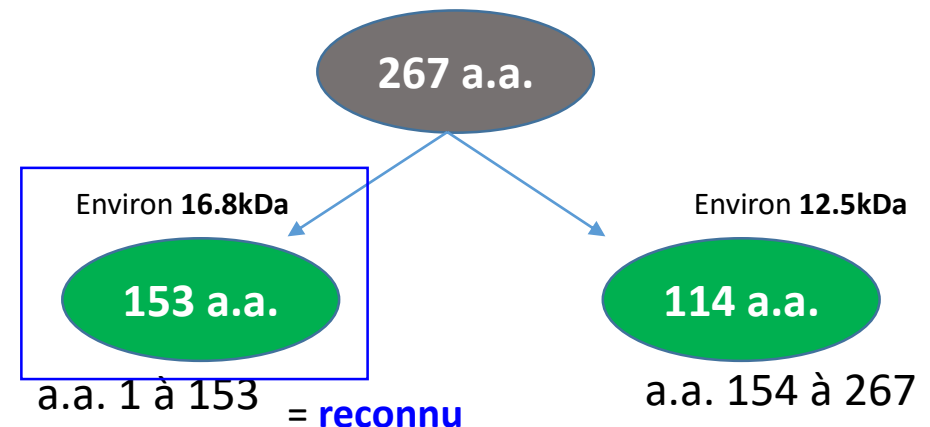
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la **région des a.a. 137 à 150**, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

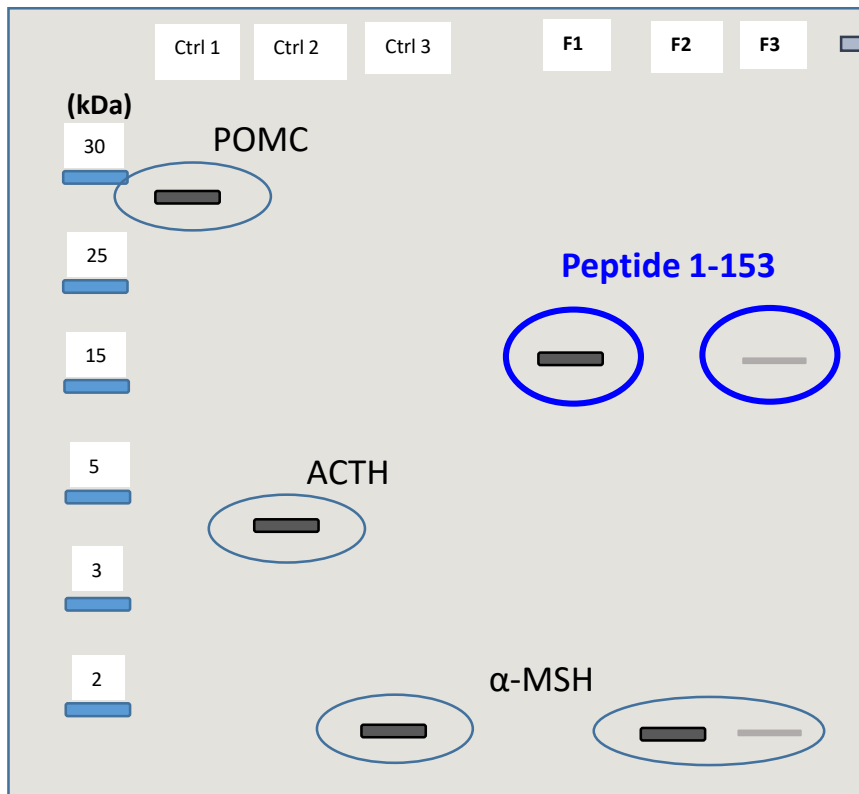
Quel clivage opère PC2 si la forme de PC1 étudiée est **totale**ment inactive ?

PC2 est capable de cliver la POMC en **deux fragments**





Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

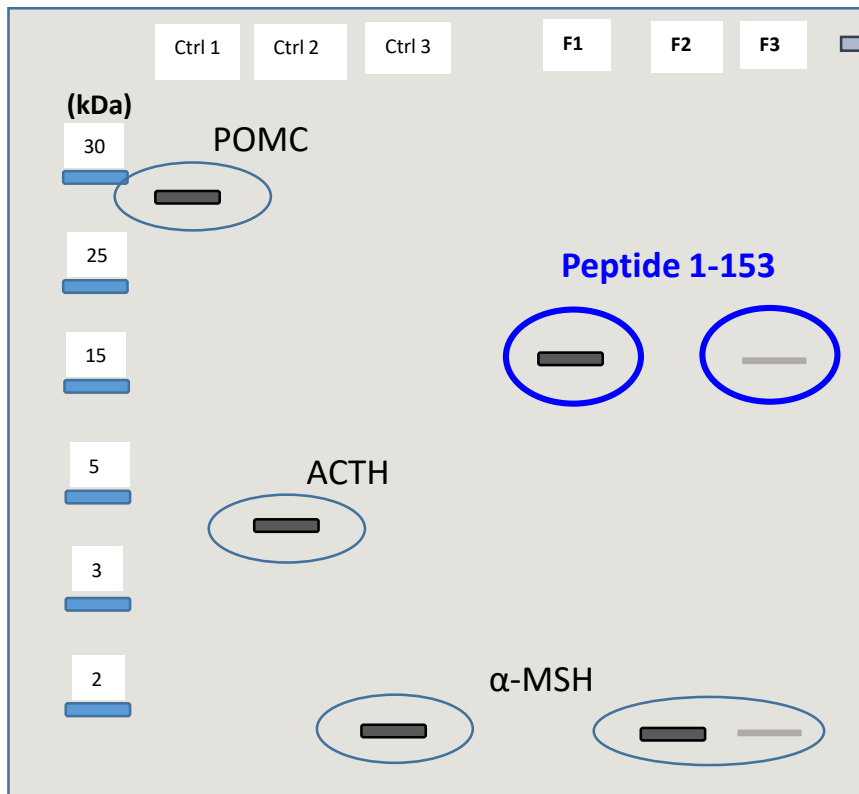


Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 118

- La situation contrôle 1 correspond à un peptide **POMC non clivé**
- La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

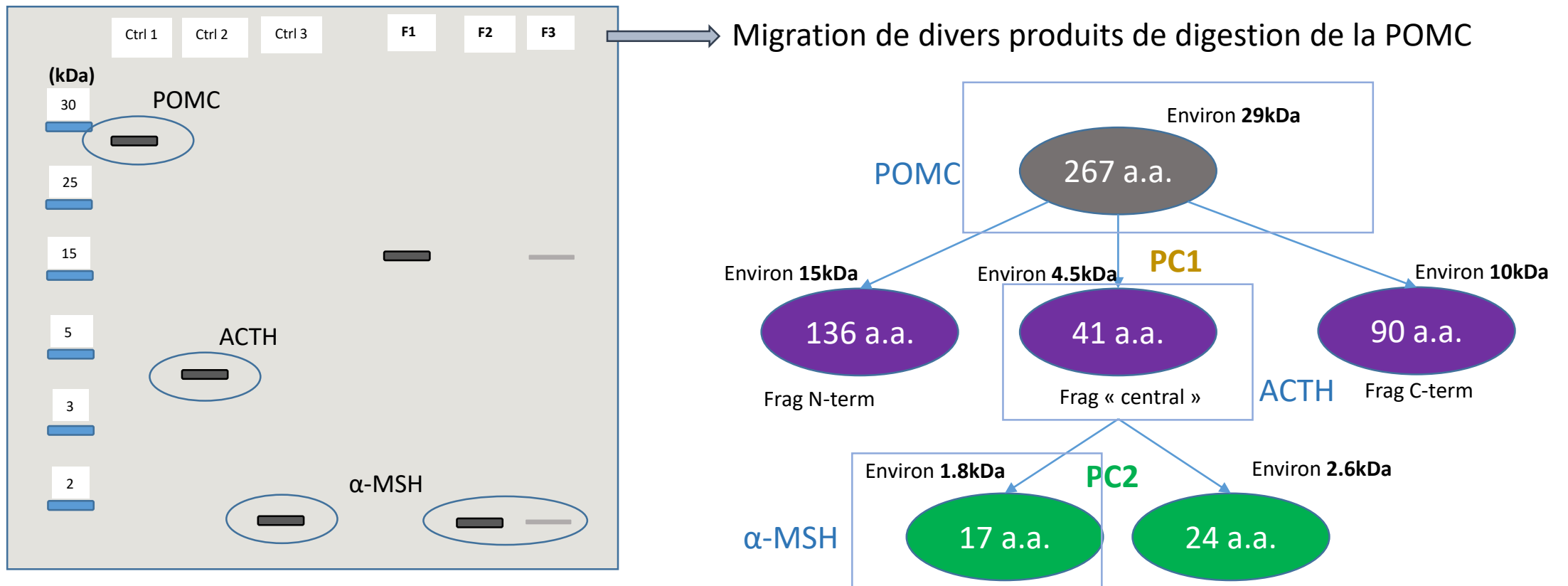


Migration de divers produits de digestion de la POMC

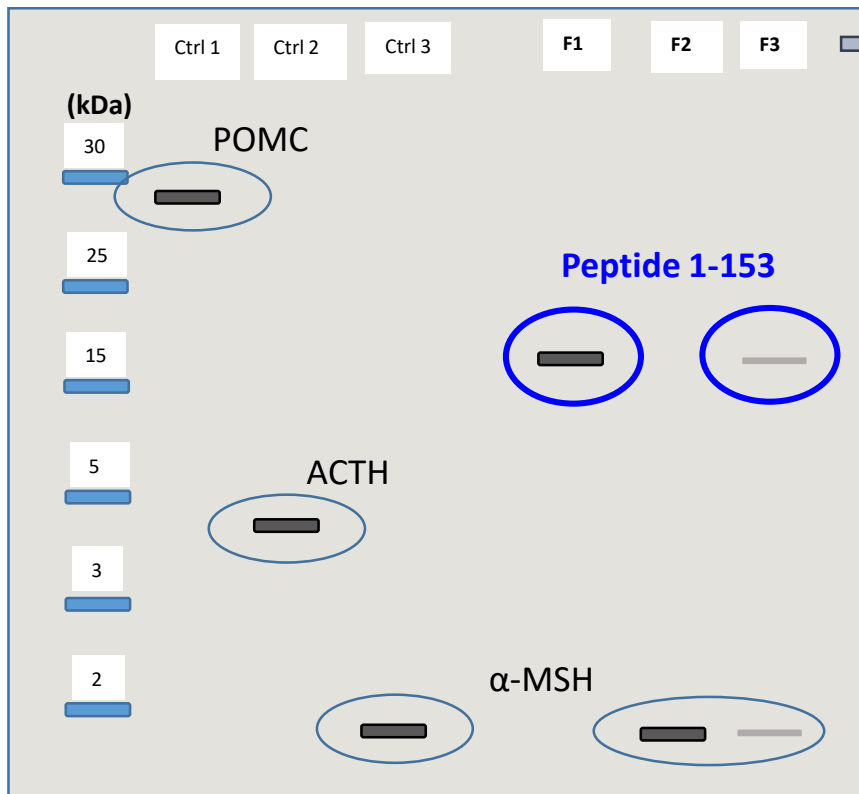
### QCM 118

- La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- La situation contrôle 2 correspond à une **absence d'activité de la PC1**
- L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

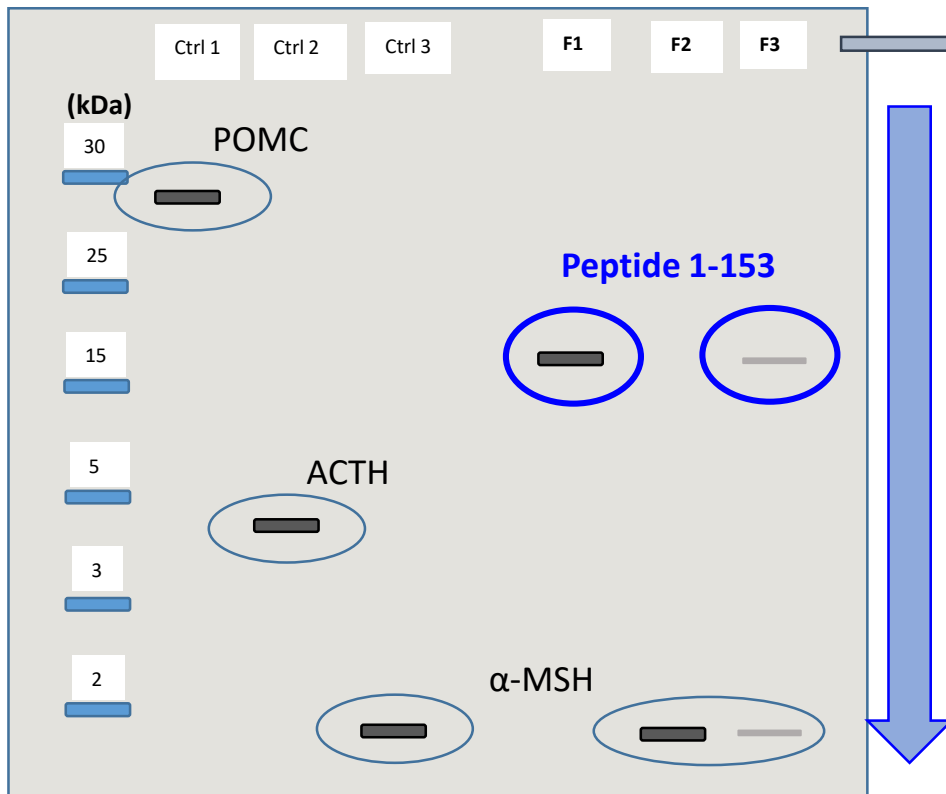


Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 118

- La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



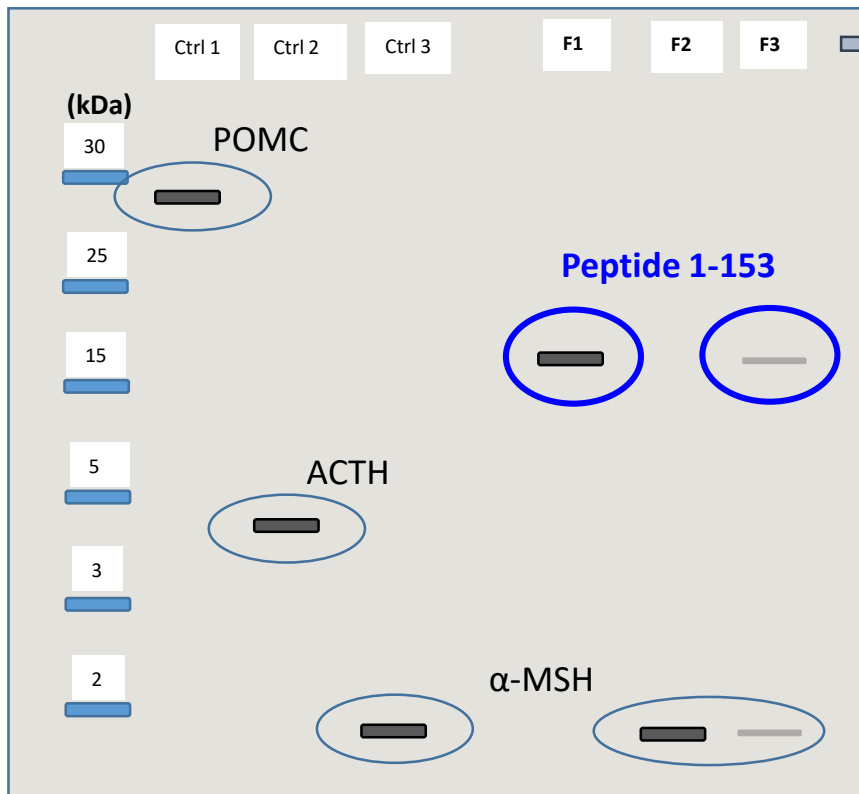
Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 118

- La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

= migration au travers d'un **gel de polyacrylamide (SDS-PAGE)**  
 = plus le poids moléculaire est **faible**, plus le **composé migre loin**

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

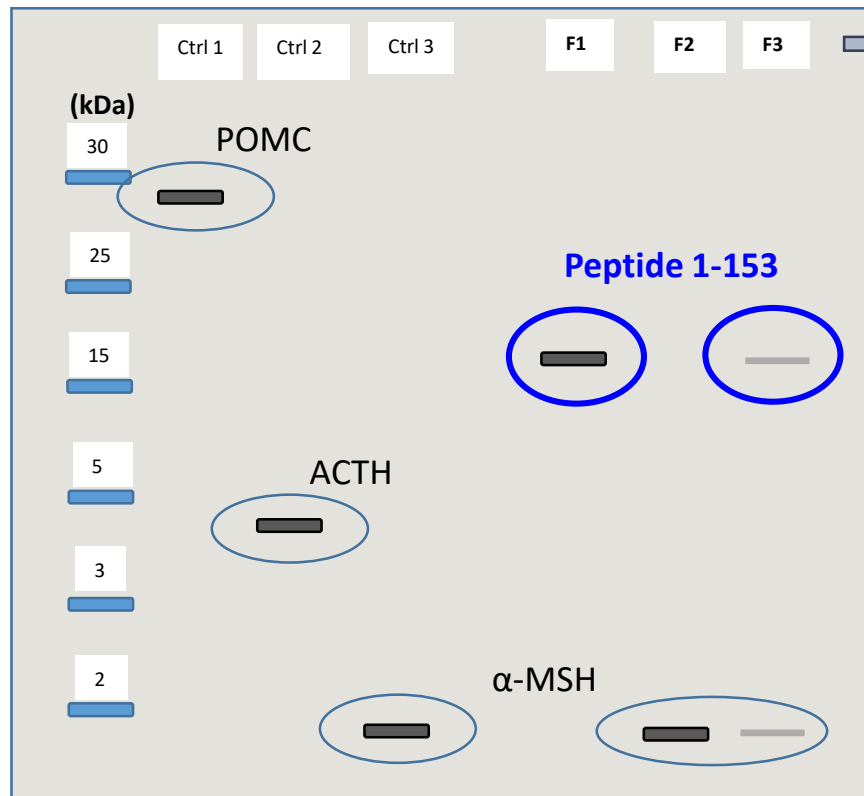


Migration de divers produits de digestion de la POMC

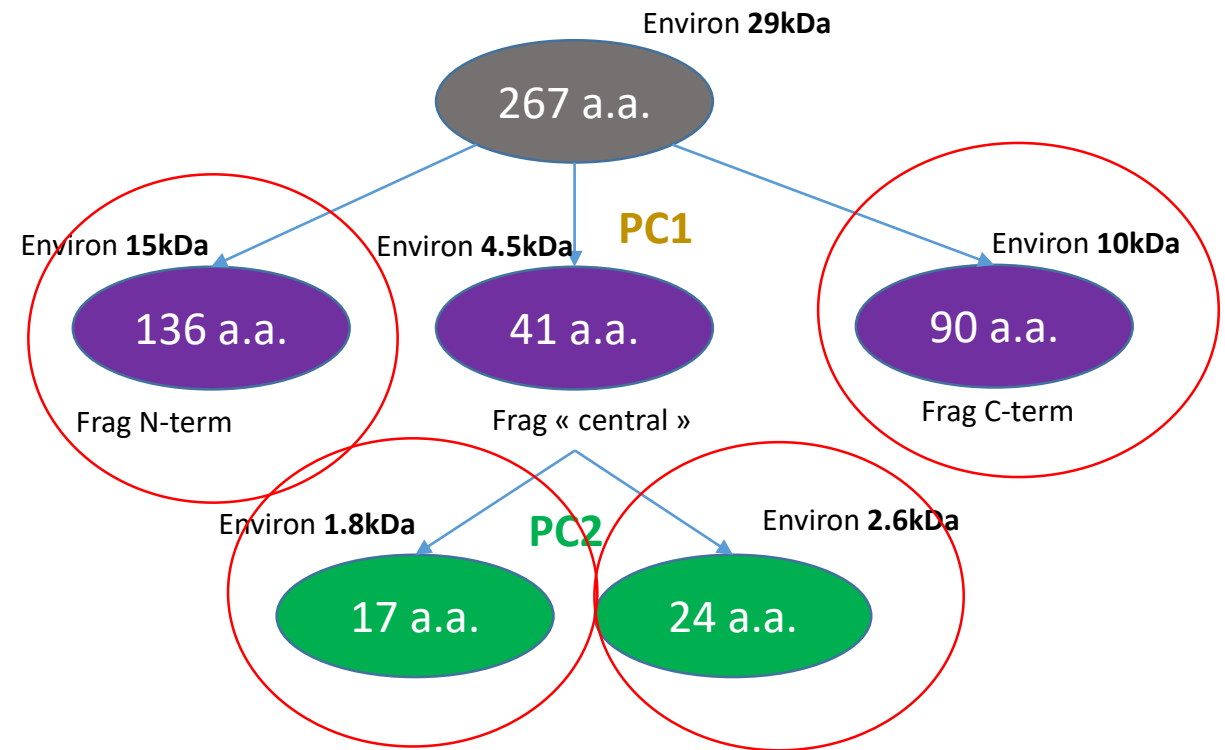
### QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- D. L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

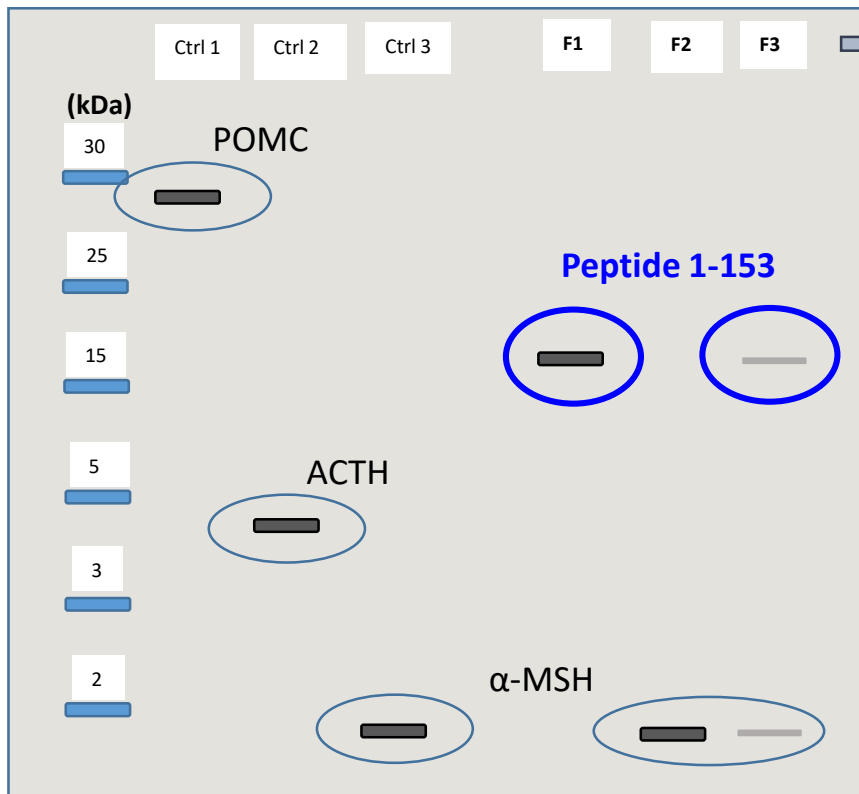
Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC



Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



Migration de divers produits de digestion de la POMC

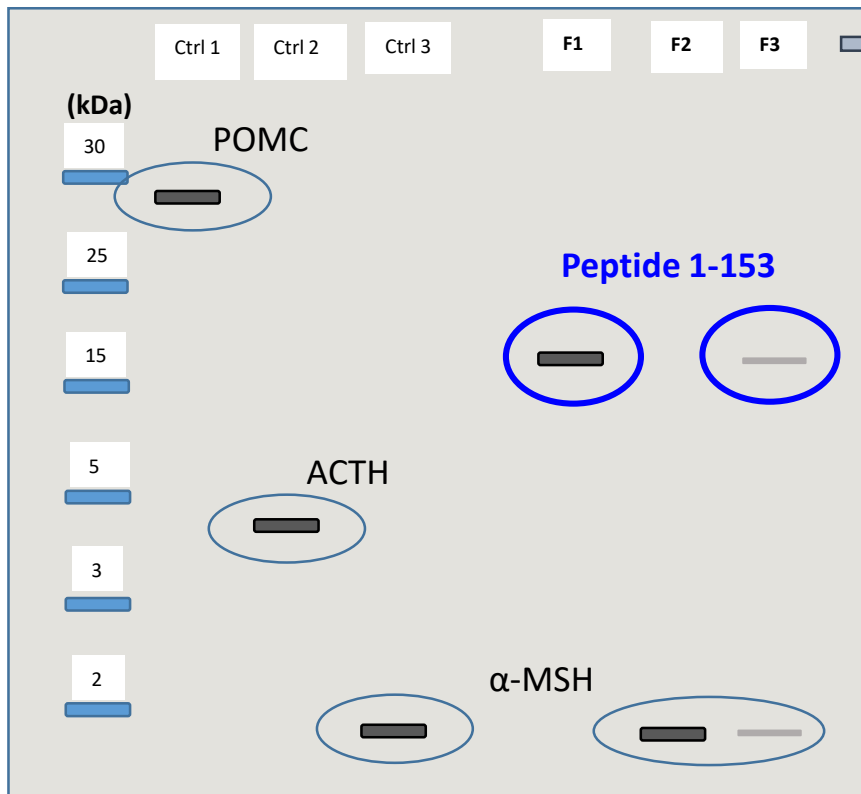
### QCM 118

- A. La situation contrôle 1 correspond à un peptide POMC non clivé
- B. La situation contrôle 2 correspond à une absence d'activité de la PC1
- C. L'anticorps de révélation est capable de reconnaître la POMC, l'ACTH, et l' $\alpha$ -MSH
- D. L' $\alpha$ -MSH est le fragment de POMC qui a migré le plus loin
- E. La situation contrôle 3 a donné 4 fragments dont un seul est révélé par la technique

Réponse : ACDE



Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :

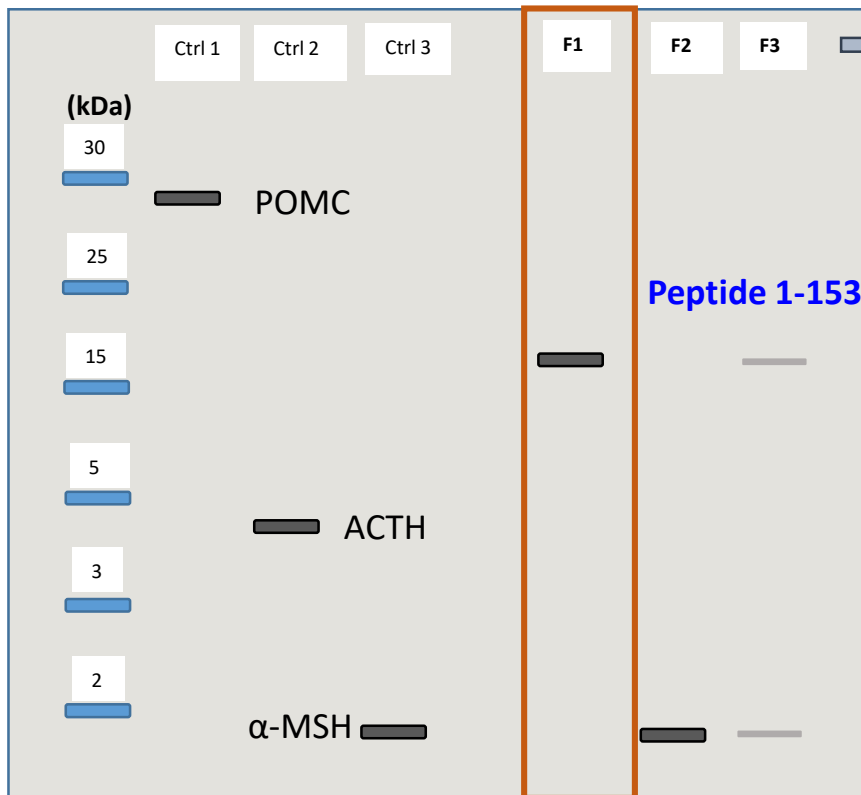


Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



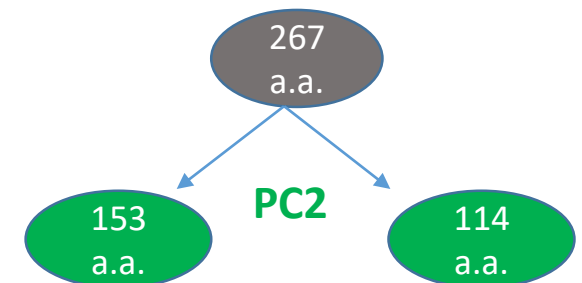
Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 119

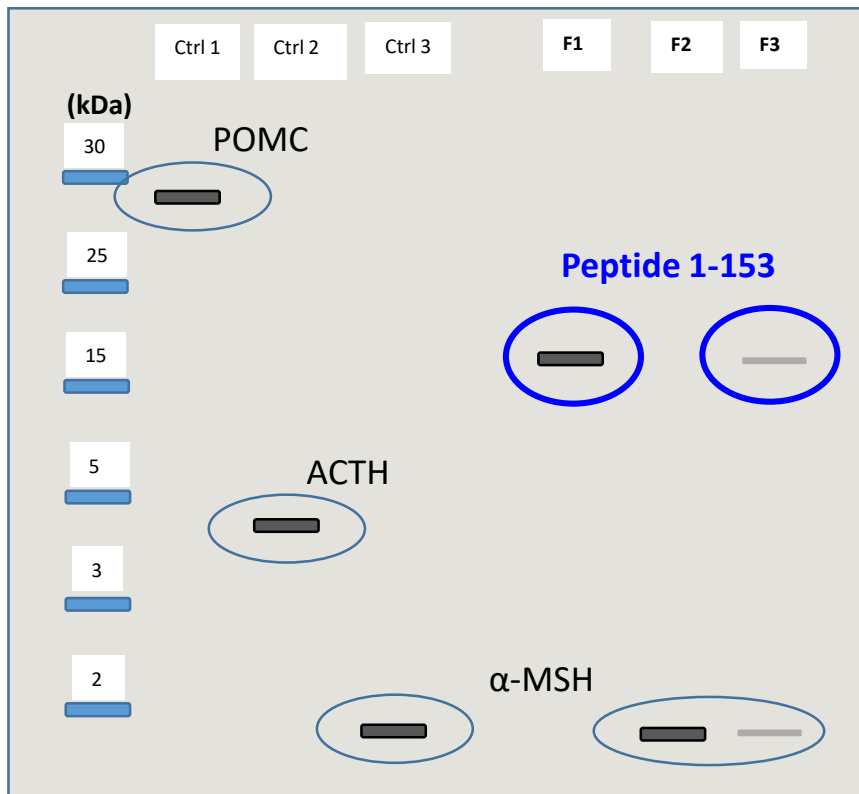
- Le **variant F1** de la PC1 a **perdu toute activité**
- Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- Aucune des propositions n'est exacte

On étudie le profil au niveau du puits F1 :  
Présence de la bande correspondant au **peptide 1-153**

**Absence d'ACTH, absence d' $\alpha$ -MSH**  
= clivage seul de la PC2 = **PC1 inactive**



Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



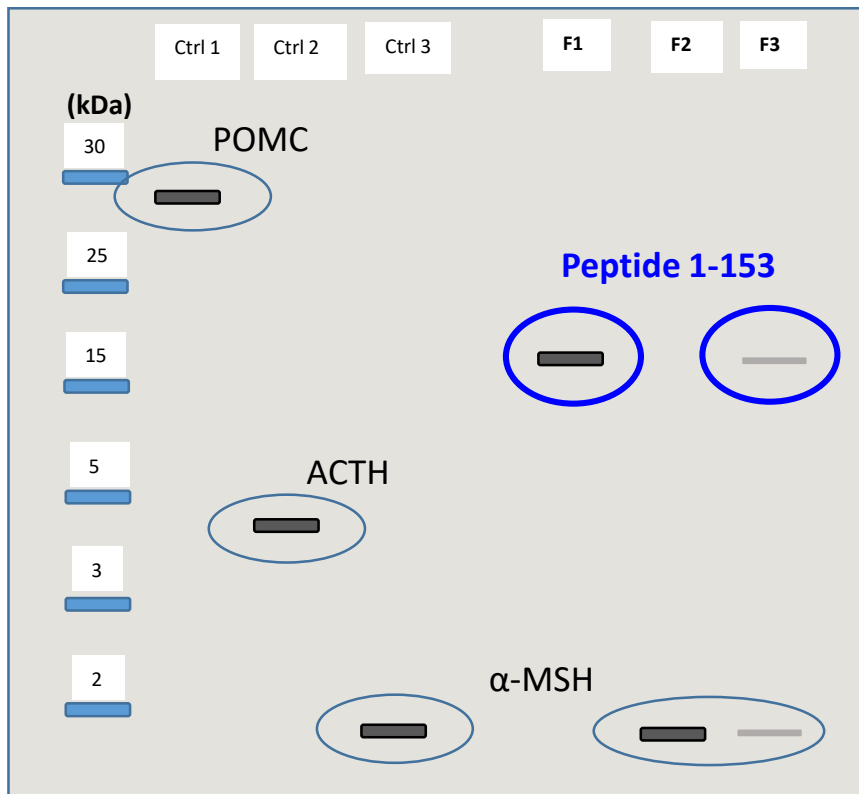
Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

F2 = contrôle 3 = obtention d' $\alpha$ -MSH uniquement  
= clivage complet PC1 + PC2 = **la PC1 est active**

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



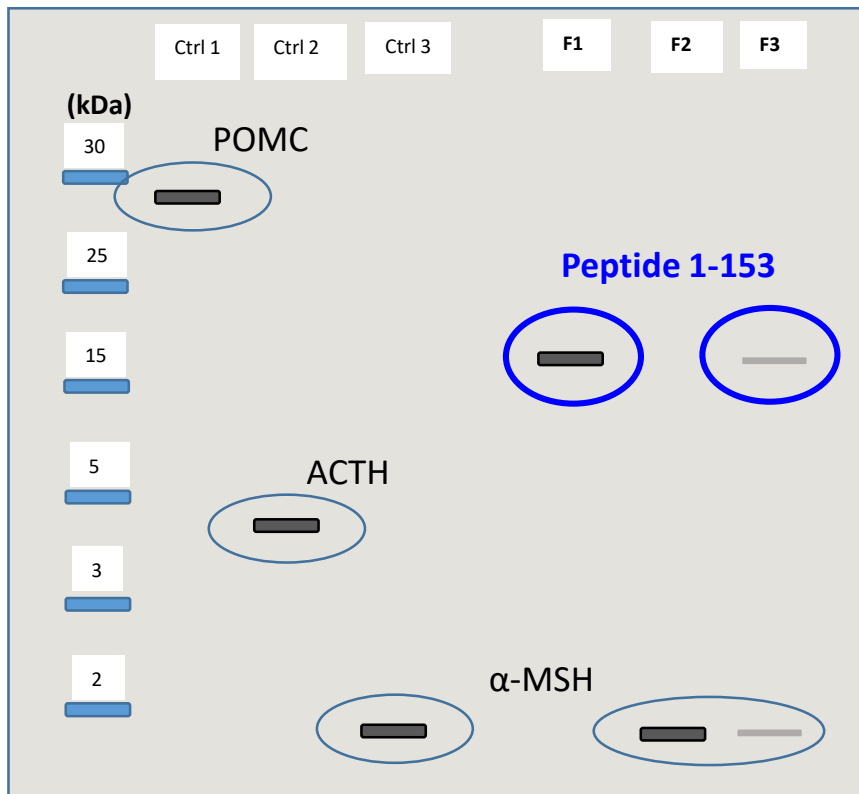
Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

F3 = situation mixte avec du peptide 1-153 et de l' $\alpha$ -MSH  
= il existe un **clivage par la PC1 de moindre intensité.**

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



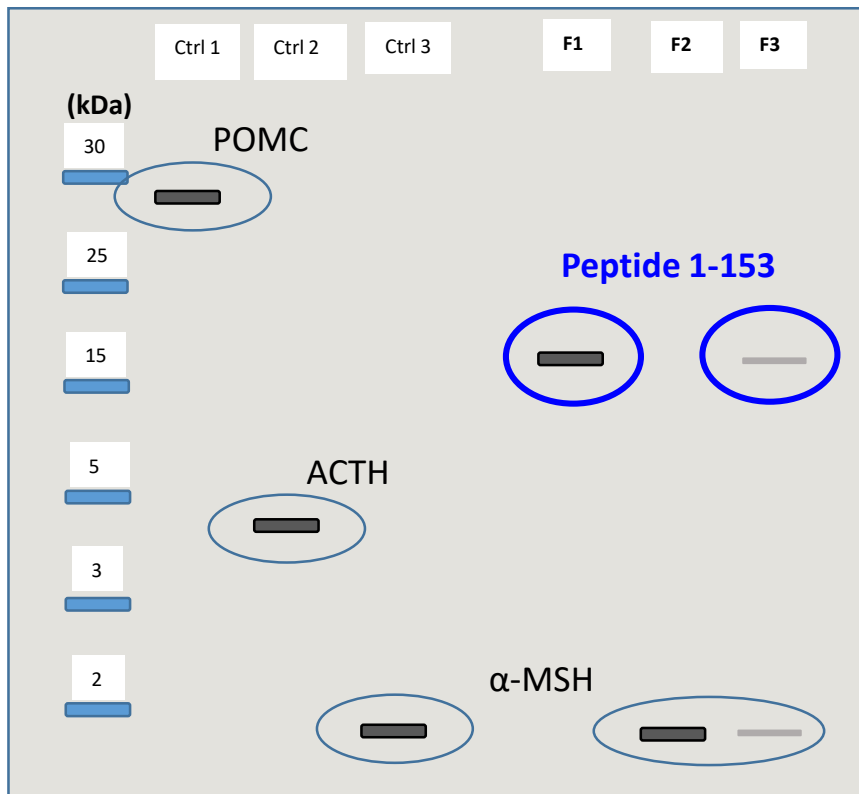
Migration de divers produits de digestion de la POMC

### QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

F2 = forme pleinement active  
 F3 = forme moindrement active  
 = **c'est l'inverse**

Le gène *PCSK1* code pour l'enzyme PC1, et des variants génétiques ont été rapportés chez des patients souffrant d'obésité hyperphagique, due à un déficit de production de l' $\alpha$ -MSH, impliquée dans la régulation de la satiété. Vous étudiez 3 variants génétiques du gène *PCSK1*, donnant à lieu à trois formes mutées de l'enzyme PC1 : formes F1, F2 et F3. Après avoir réalisé une double digestion complète (PC1 + PC2) sur la POMC avec les différentes formes mutées, vous déposez sur un gel SDS-PAGE les produits de digestion obtenus ainsi que 3 points de contrôle. Vous réalisez un western-blot en utilisant un anticorps reconnaissant la région des a.a. 137 à 150, et vous obtenez le profil suivant après révélation :



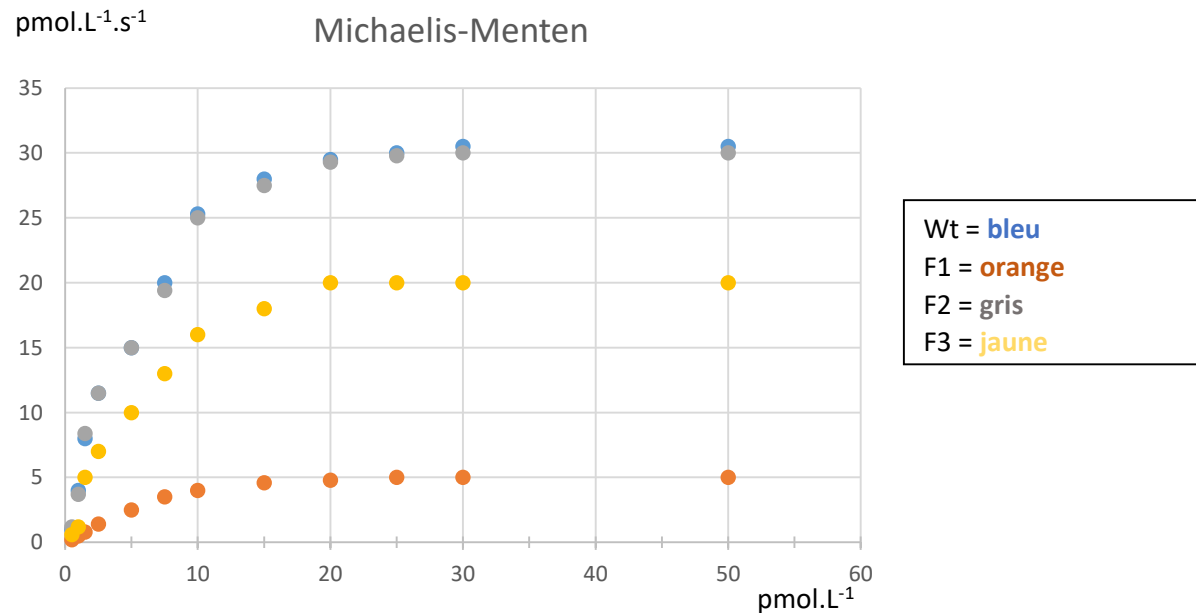
Migration de divers produits de digestion de la POMC

#### QCM 119

- A. Le variant F1 de la PC1 a perdu toute activité
- B. Le variant F2 de la PC1 a une activité conservée
- C. Le variant F3 de la PC1 a probablement une activité amoindrie non nulle
- D. L'appréciation semi-quantitative permet de dire que le variant F3 a une meilleure activité que le variant F2
- E. Aucune des propositions n'est exacte

Réponse : ABC

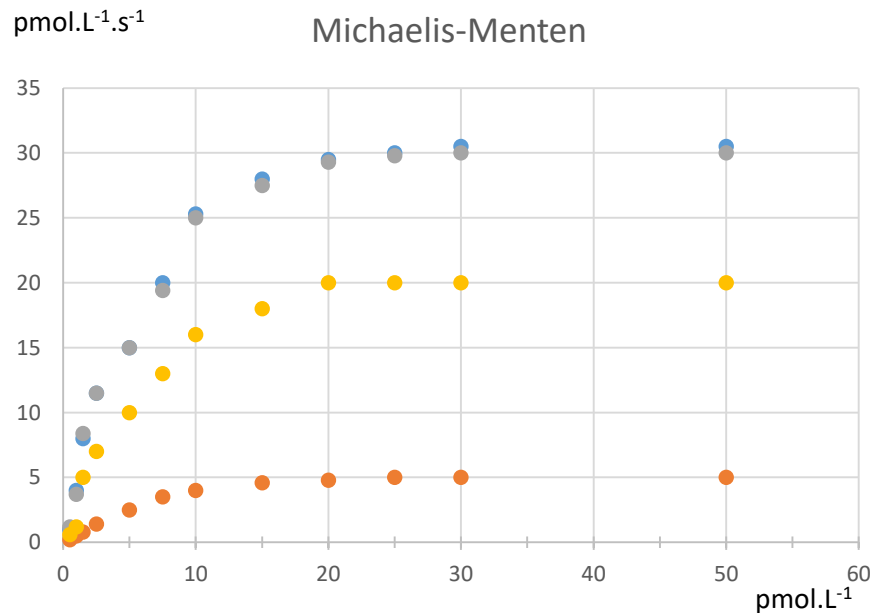
Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des **études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH** par les différentes formes de PC1, **enzyme michaelienne**. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



### QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, la relation  $y=f(x)$  est une relation linéaire.

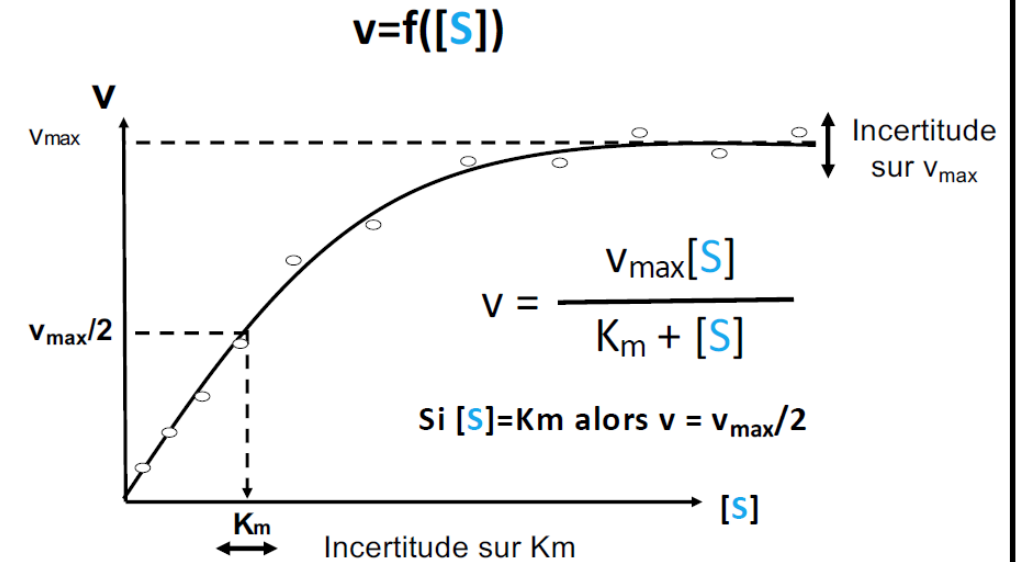
Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



Wt = bleu  
F1 = orange  
F2 = gris  
F3 = jaune



## 2 Représentation de Michaelis-Menten

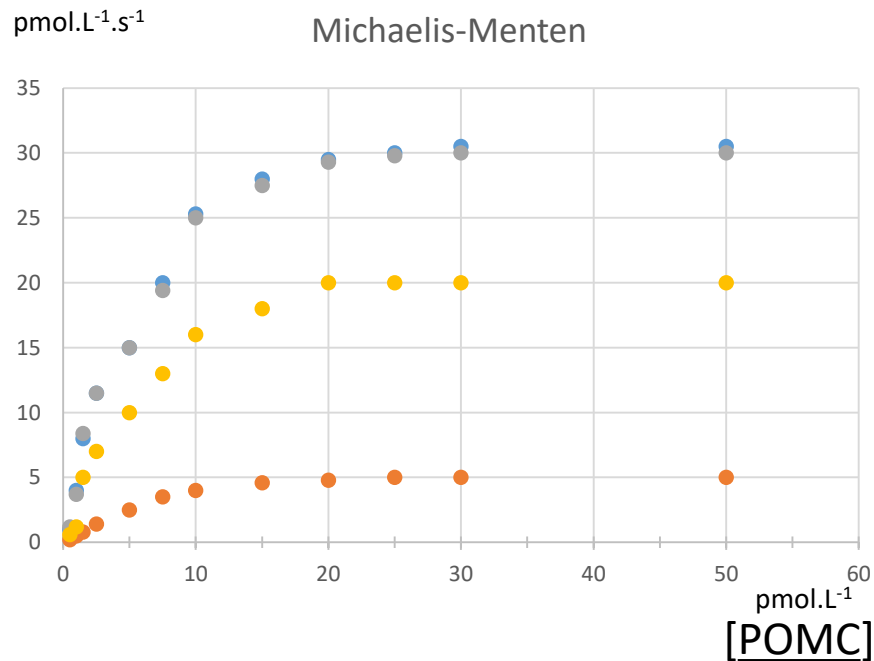


$v_{\max}$  et  $K_m$  ne sont pas déterminés avec précision

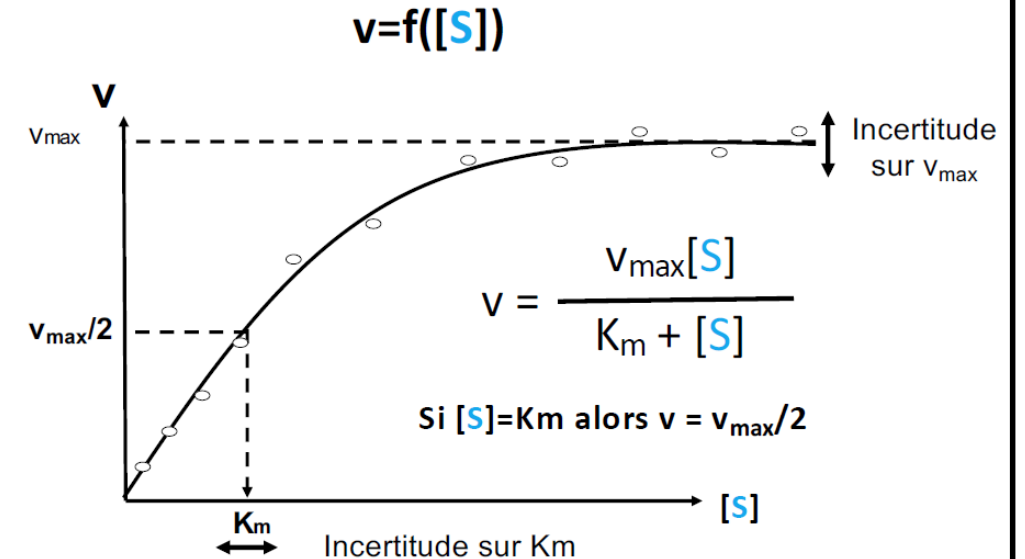


Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



### 2 Représentation de Michaelis-Menten

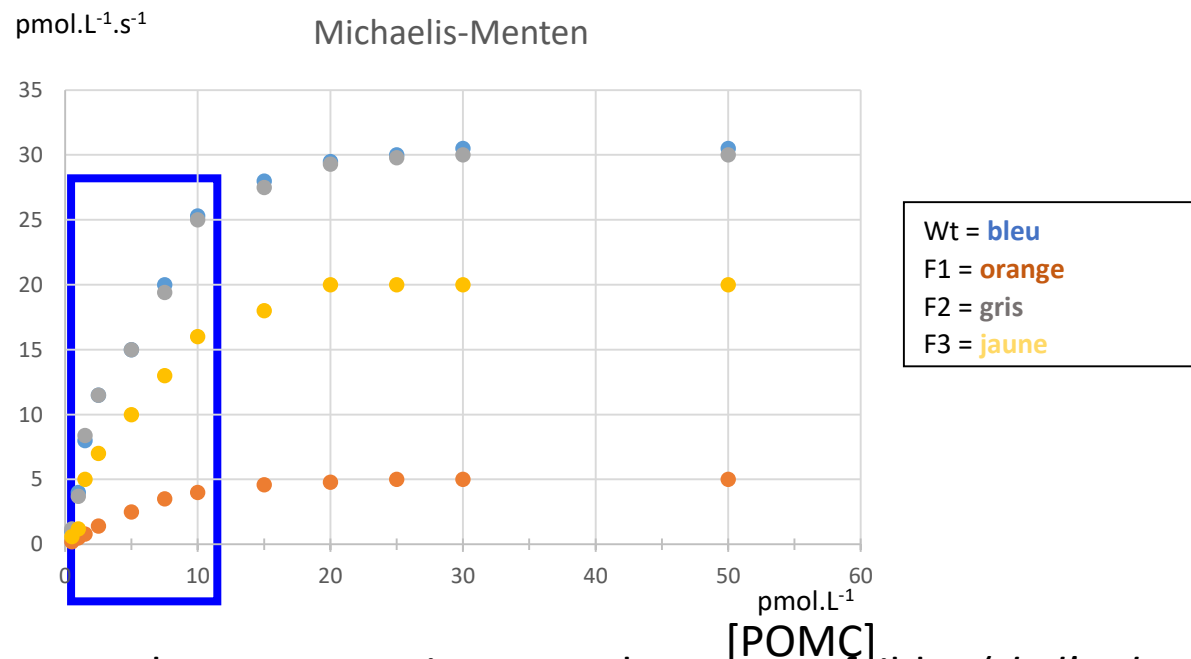


$V_{max}$  et  $K_m$  ne sont pas déterminés avec précision

Axe des abscisses = S = concentration en substrat ? → Concentration de POMC en pmol.L<sup>-1</sup>  
Axe des ordonnées = v = vitesse réactionnelle ? → vitesse de formation d'ACTH en pmol.L<sup>-1</sup>.s<sup>-1</sup>

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



= les concentrations en substrat sont faibles (de l'ordre ou inférieur au  $K_m$ )  
 = la vitesse de formation évolue de façon proportionnelle avec la concentration en substrat = relation **linéaire**

### QCM 120

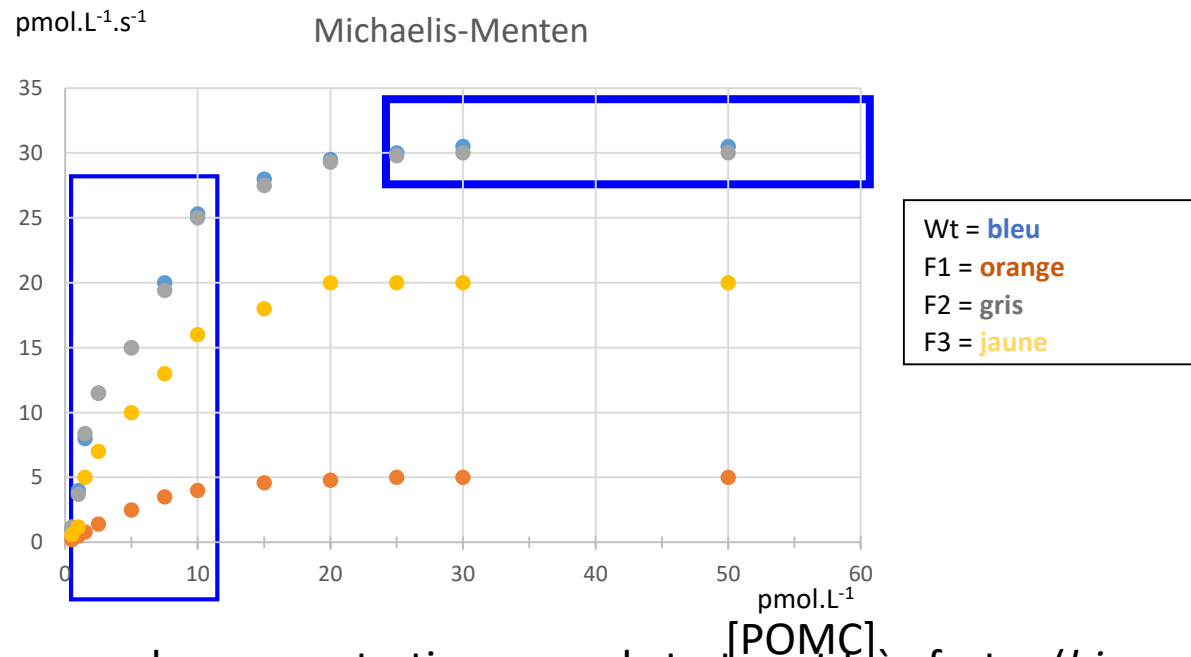
- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, la relation  $y=f(x)$  est une relation linéaire.

$$v = \frac{v_{\max}[S]}{K_m + [S]}$$

⇒ cinétique d'ordre 1

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



= les concentrations en substrat sont très fortes (*bien supérieures au Km*)  
 = enzyme saturée par son substrat = sites catalytiques 100% occupés  
 La Km devient négligeable par rapport à [S] = **V devient environ égale à Vmax**

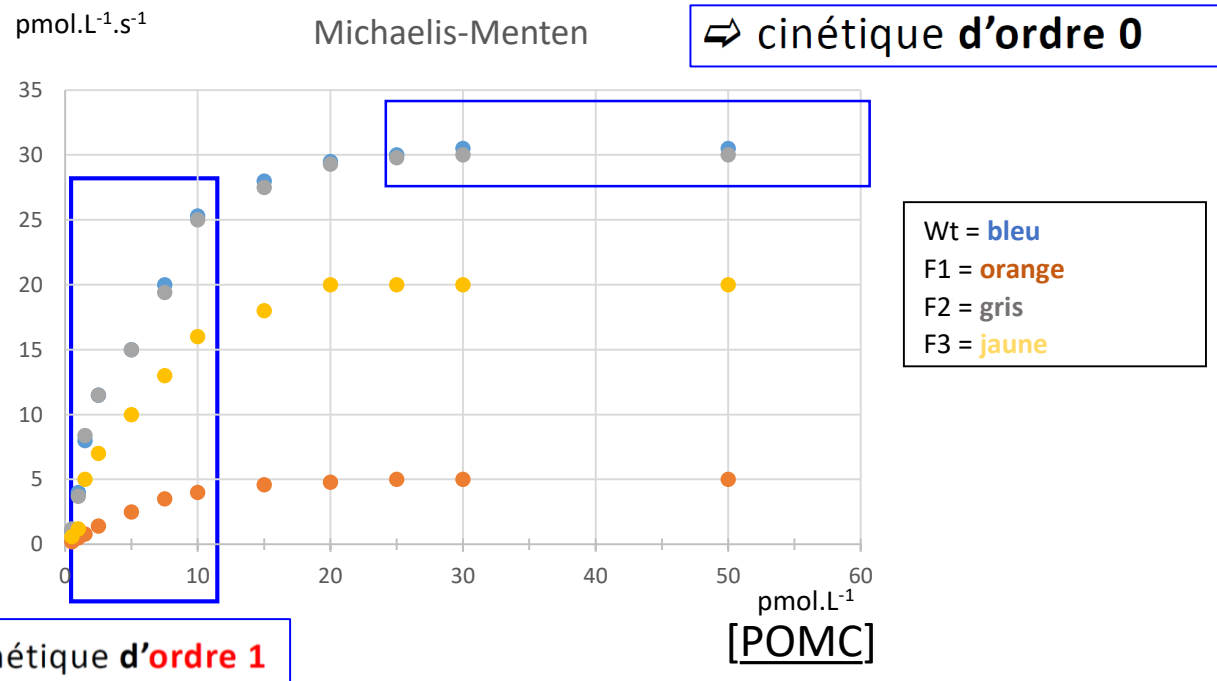
### QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH**
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH**
- C- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, on est en cinétique **d'ordre 1**
- E- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, la relation  $y=f(x)$  est une relation **linéaire**.

Si **[S] >> Km** alors **v = v<sub>max</sub>**  
 ⇒ cinétique **d'ordre 0**

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



### QCM 120

**A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH**

**B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH**

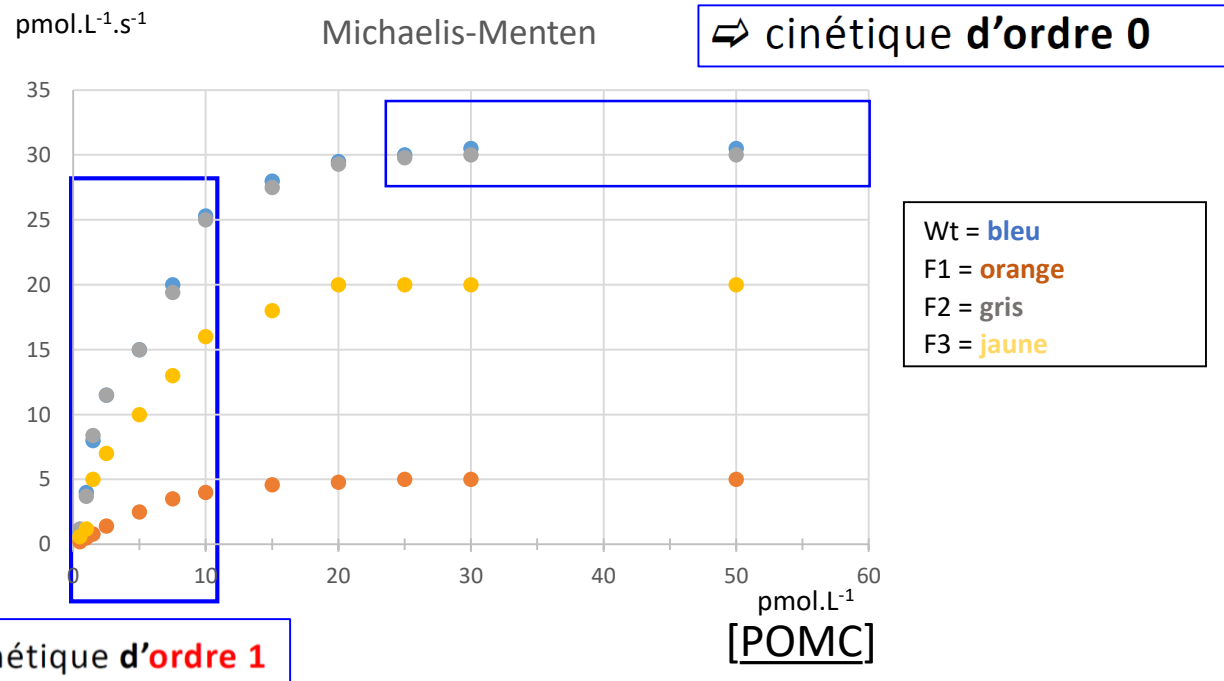
C- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés

D- Au-delà de 25 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, on est en cinétique d'ordre 1

E- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, la relation  $y=f(x)$  est une relation linéaire.

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



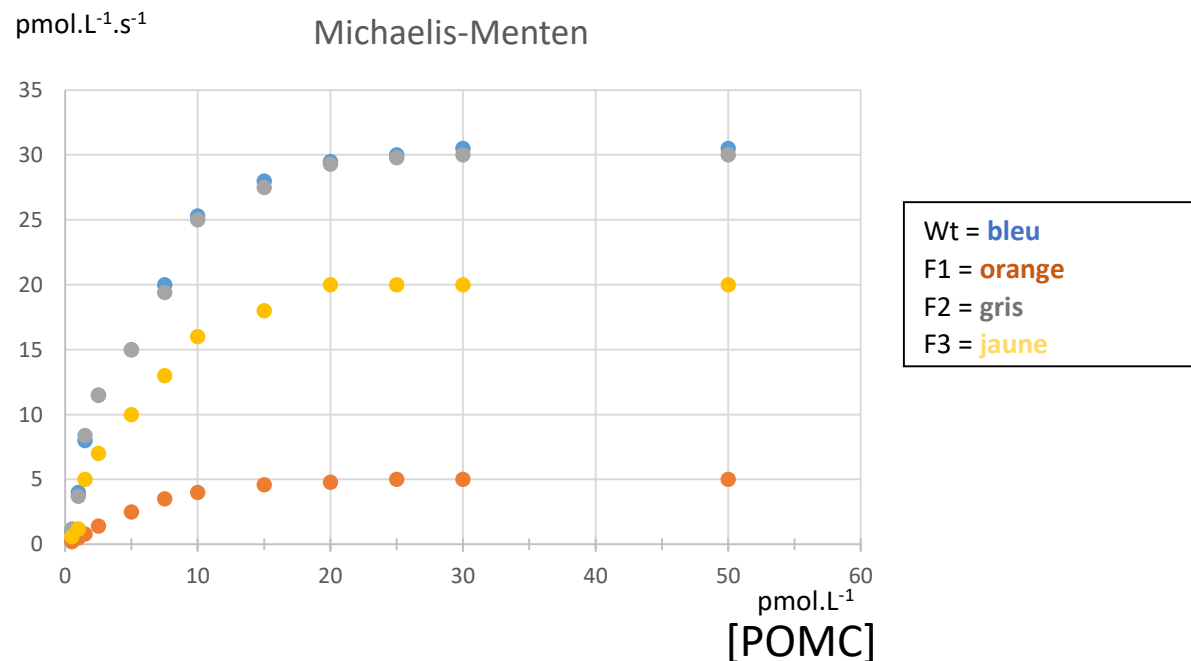
### QCM 120

- A- L'axe des abscisses exprime une concentration d'ACTH
- B- L'axe des ordonnées exprime une vitesse de formation d'ACTH
- C- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, les sites catalytiques de PC1 sont saturés
- D- Au-delà de 25 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, on est en cinétique d'ordre 1
- E- Entre 0 et 10 pmol.L<sup>-1</sup> de substrat, la relation  $y=f(x)$  est une relation linéaire.

Réponse : BE

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH

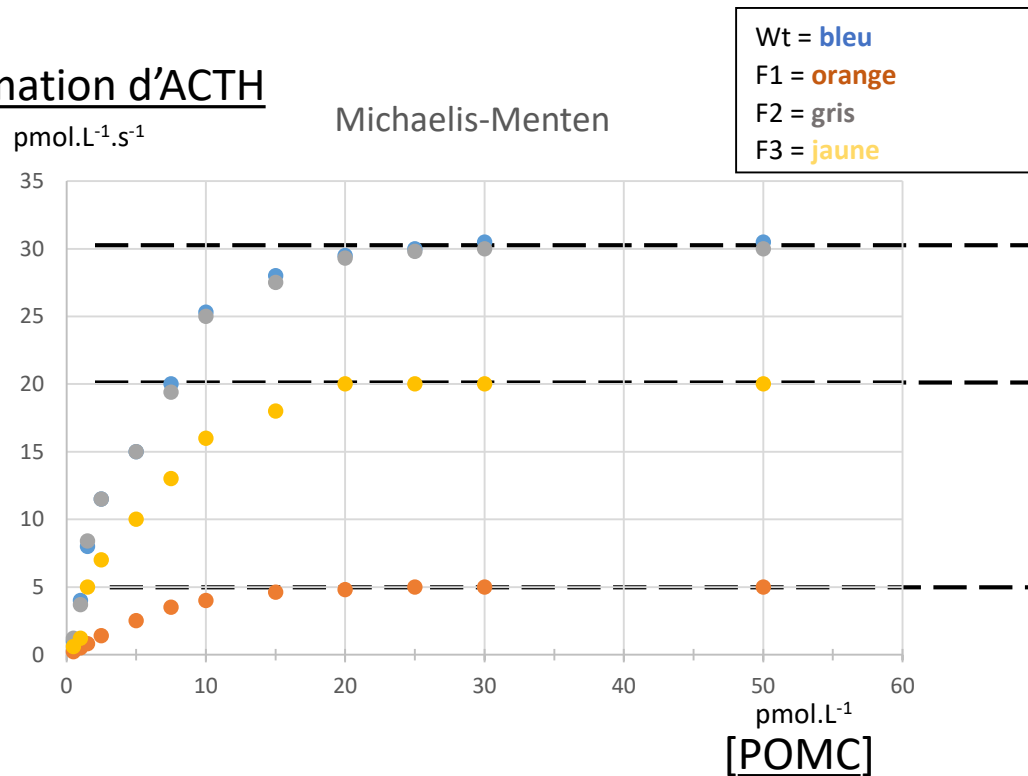


### QCM 121

- A- La forme F3 a une vitesse maximale supérieure à la forme F2
- B- La forme sauvage et F1 ont des propriétés michaeliennes équivalentes
- C- La forme F3 a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage
- D- La forme F2 a une  $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$
- E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1.  $V_{max}$
2.  $K_m$

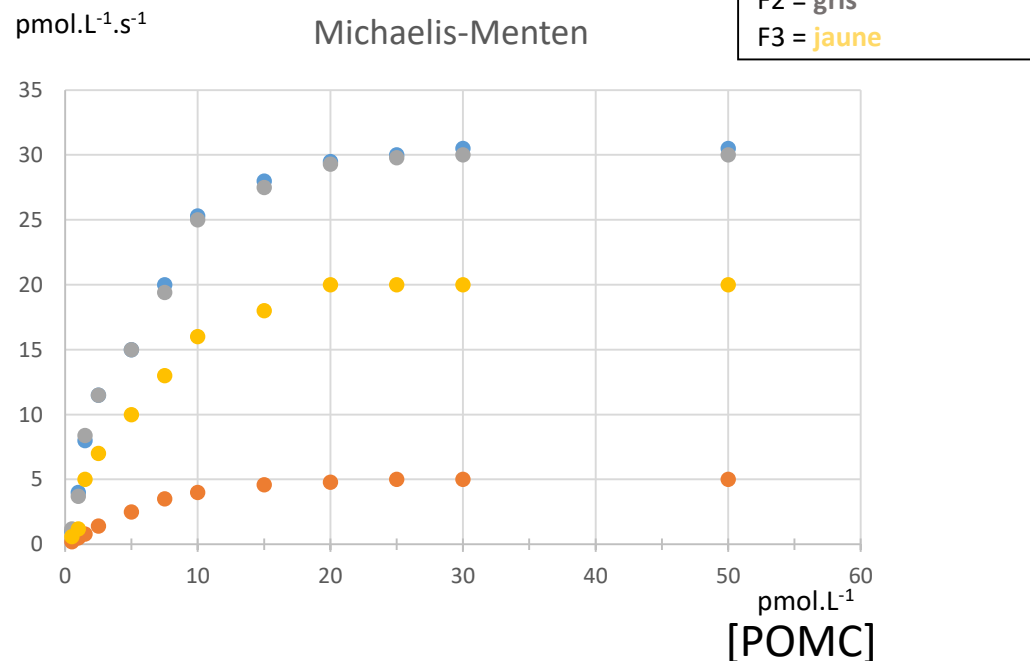
$$V_{max_{wt}} = V_{max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{\max_{wt}} = V_{\max_{F2}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F3}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{F1}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

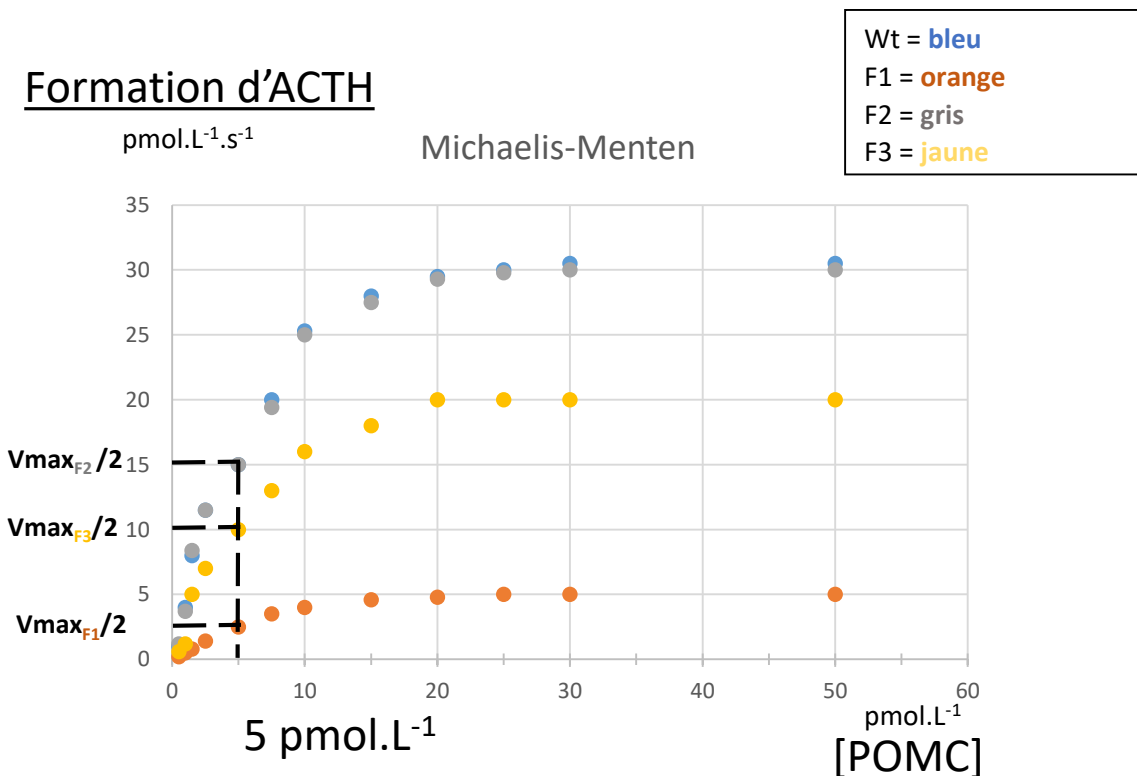
Km = concentration en substrat pour laquelle

$$v = V_{\max} / 2$$

Si  $[S] = K_m$  alors  $v = v_{\max} / 2$



Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{\max_{\text{wt}}} = V_{\max_{\text{F2}}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

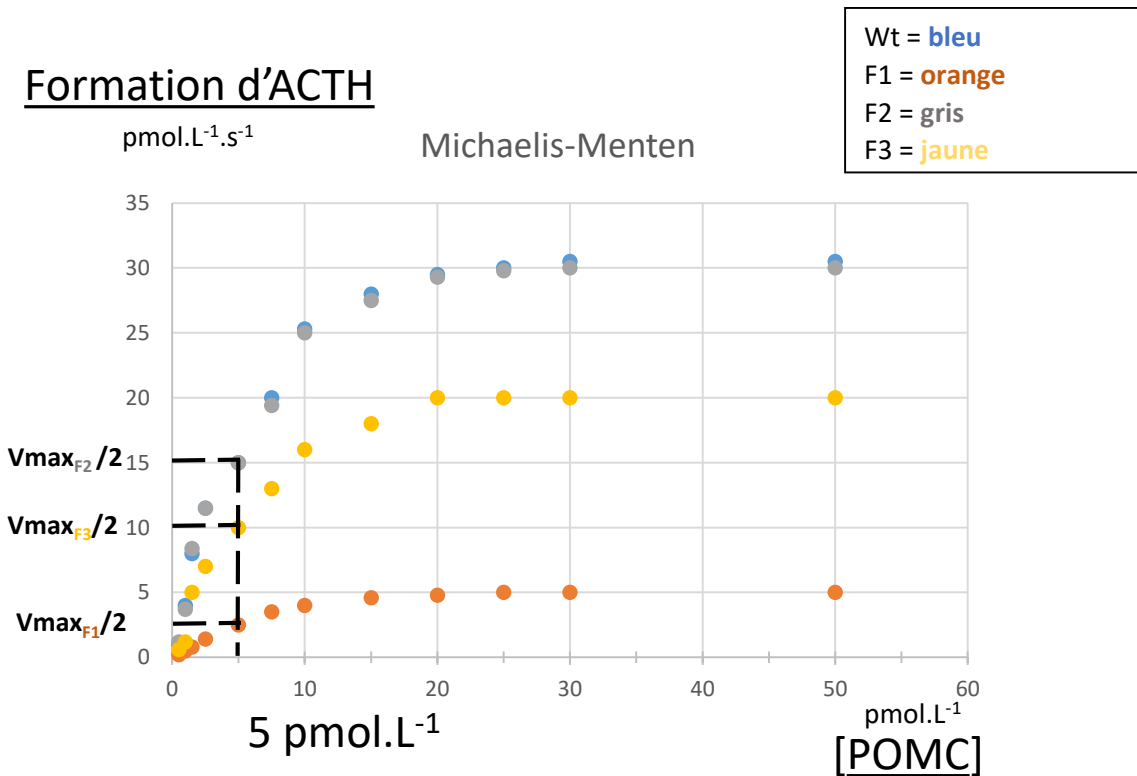
$$V_{\max_{\text{F3}}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

Km = concentration en substrat pour laquelle

$$v = V_{\max} / 2$$

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{\max_{\text{wt}}} = V_{\max_{\text{F2}}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F3}}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$K_{\text{m}_{\text{wt}}} = K_{\text{m}_{\text{F2}}} = K_{\text{m}_{\text{F3}}} = K_{\text{m}_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$

### QCM 121

A- La forme **F3** a une vitesse maximale **supérieure** à la forme **F2**

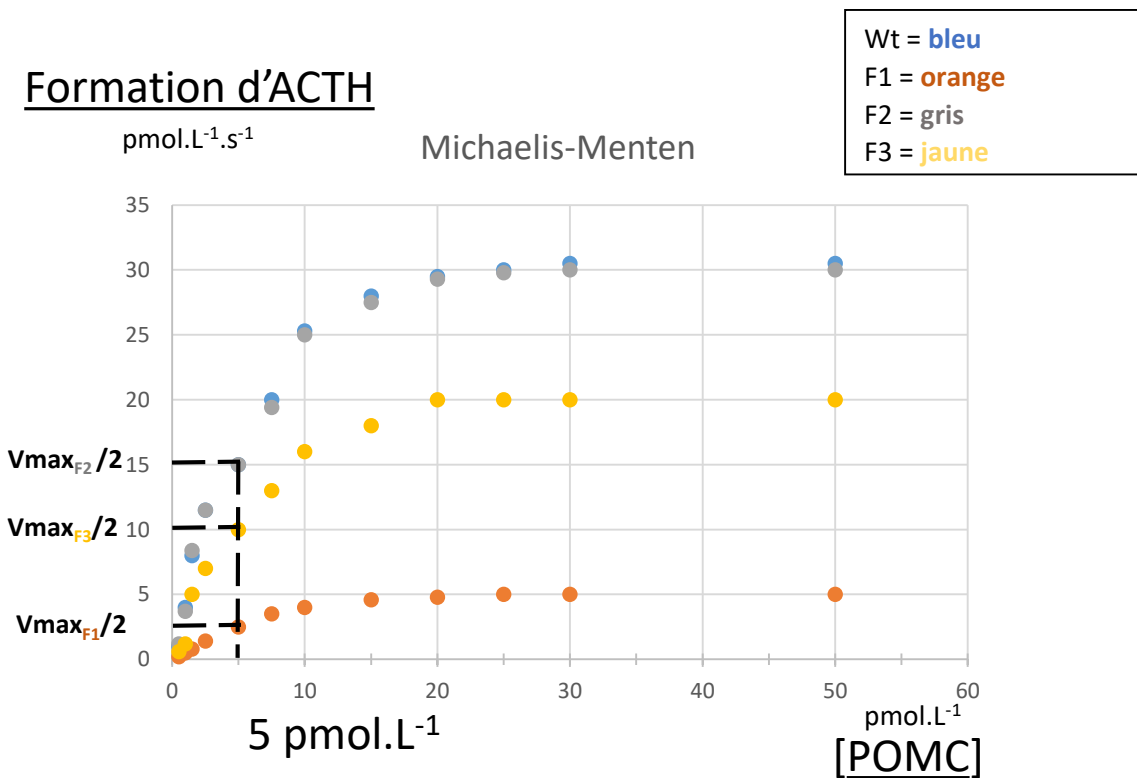
B- La forme **sauvage** et **F1** ont des **propriétés michaeliennes équivalentes**

C- La forme **F3** a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage

D- La forme **F2** a une  $V_{\max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$

E- L'affinité des formes sauvage, **F2** et **F3** pour la POMC est identique

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{\max_{\text{wt}}} = V_{\max_{\text{F2}}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F3}}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$K_{\text{m}_{\text{wt}}} = K_{\text{m}_{\text{F2}}} = K_{\text{m}_{\text{F3}}} = K_{\text{m}_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$

QCM 121

A- La forme F3 a une vitesse maximale supérieure à la forme F2

B- La forme sauvage et F1 ont des propriétés michaeliennes équivalentes

C- La forme F3 a une **affinité pour la POMC** inférieure à la forme sauvage

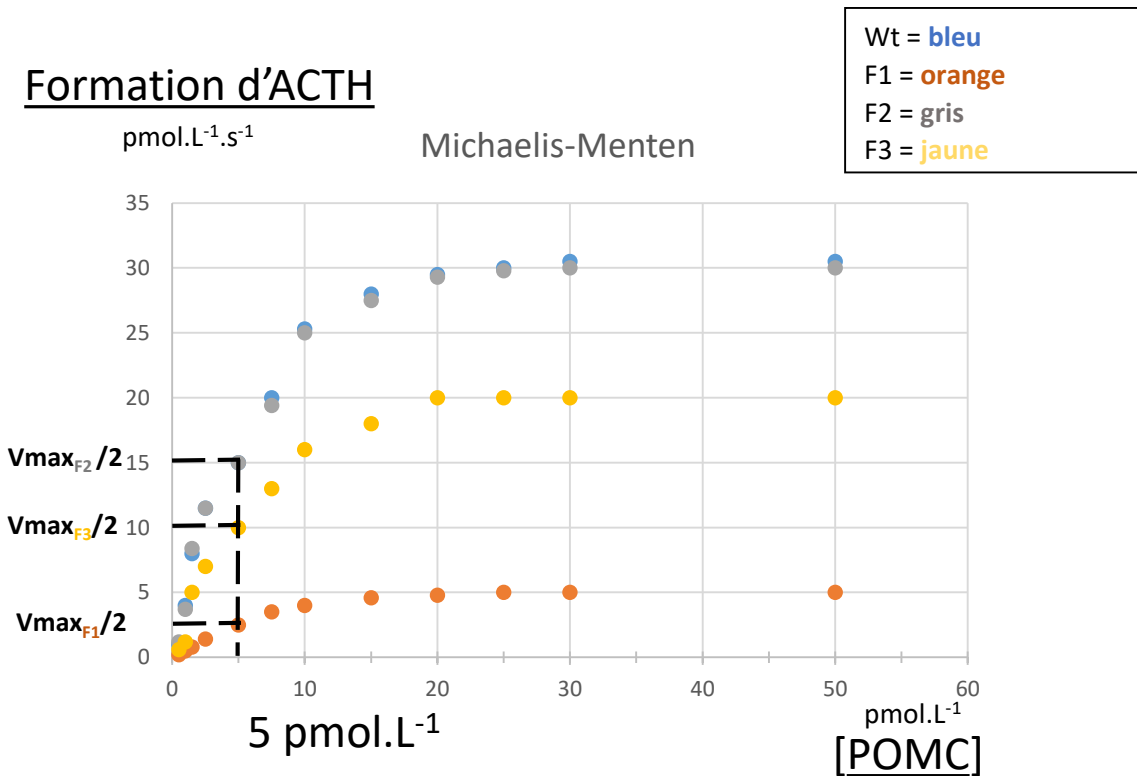
D- La forme F2 a une  $V_{\max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$

E- **L'affinité** des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

**$K_m$  est inversement proportionnelle à l'affinité d'une enzyme pour un substrat donné**

Ici les formes sauvages et mutées de la PC1 ont des **affinités identiques pour la POMC**

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten



Calculs des paramètres michaeliens de chaque forme:

1. Vmax
2. Km

$$V_{\max_{\text{wt}}} = V_{\max_{\text{F2}}} = 30 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F3}}} = 20 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$V_{\max_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L.s}^{-1}$$

$$K_{\text{m}_{\text{wt}}} = K_{\text{m}_{\text{F2}}} = K_{\text{m}_{\text{F3}}} = K_{\text{m}_{\text{F1}}} = 5 \text{ pmol.L}^{-1}$$

QCM 121

A- La forme F3 a une vitesse maximale supérieure à la forme F2

B- La forme sauvage et F1 ont des propriétés michaeliennes équivalentes

C- La forme F3 a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage

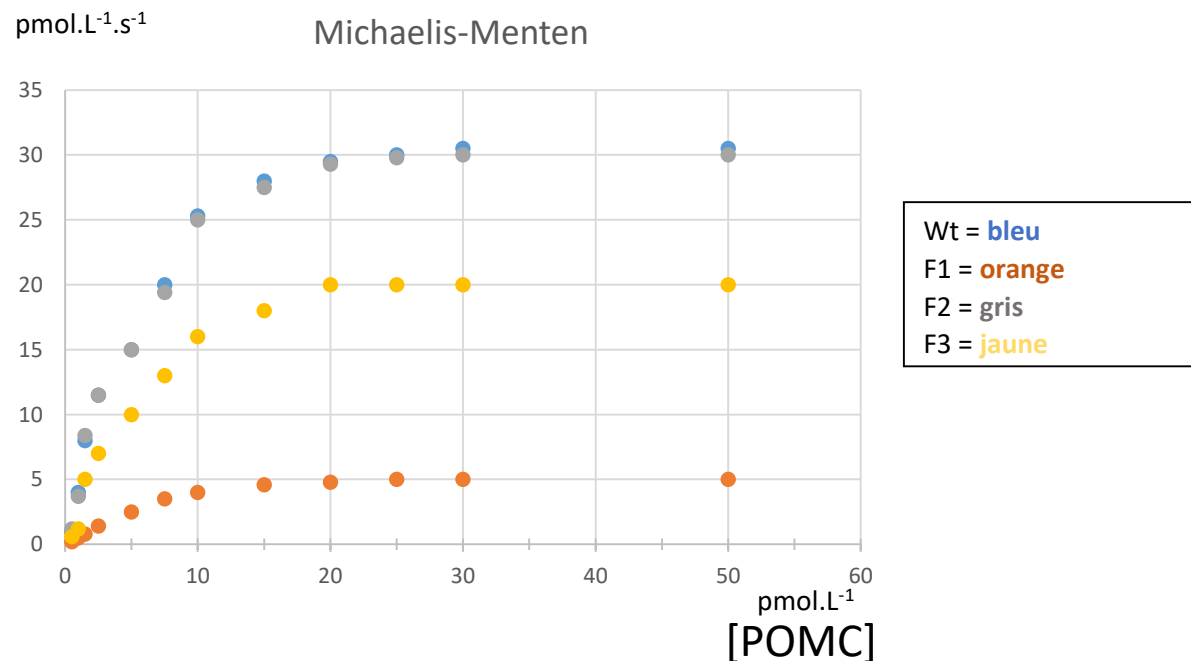
D- La forme F2 a une  $V_{\max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$

E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

Réponse : E

Vous souhaitez confirmer vos observations en réalisant des études enzymatiques de clivage de POMC en ACTH par les différentes formes de PC1, enzyme michaelienne. Le graphique ci-dessous est une représentation des cinétiques obtenues selon Michaelis et Menten

### Formation d'ACTH



### QCM 121

- A- La forme F3 a une vitesse maximale supérieure à la forme F2
- B- La forme sauvage et F1 ont des propriétés michaeliennes équivalentes
- C- La forme F3 a une affinité pour la POMC inférieure à la forme sauvage
- D- La forme F2 a une  $V_{max} = 20 \text{ pmol.L}^{-1}.\text{s}^{-1}$
- E- L'affinité des formes sauvage, F2 et F3 pour la POMC est identique

Réponse : E

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59. L' analyse chromatographique des acides gras composant ce triglycéride révèle qu' il contient deux acides gras de nature différente. Un seul acide gras sur les 2 a pu être identifié, il s' agit de l' acide palmitique. Quel est le nom du second acide gras qui constitue ce triacylglycerol sachant qu' il est monoinsaturé et non ramifié?

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

- A L'acide stéarique
- B L'acide oléique
- C L'acide arachidonique
- D L'acide palmitoléique
- E L'acide arachidique

**1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride**

**2/ Détermination masse molaire matière grasse (3 AG)**

**3/ I<sub>i</sub>: Détermination du degré d' insaturation matière grasse**

**4/ Détermination masse molaire AG à identifier**

**5/ Détermination nombre C AG à identifier**

**6/ Identification AG**

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

$$M_{TG} = \frac{m_{TG}}{n_{TG}}$$

→ Définition Indice saponification

$$m_{TG} = 1g$$

**Is** : masse de KOH exprimée en **mg** nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

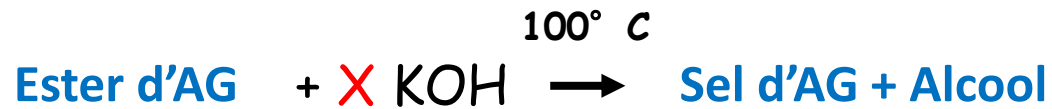
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

$$M_{TG} = \frac{m_{TG}}{n_{TG}}$$

→ Réaction chimique de saponification + Définition Indice Saponification



$n_{TG} ?$

$$n_{TG} = \frac{(n_{KOH})}{X}$$

Is : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{KOH} = n_{KOH} M_{KOH}$$

$$n_{KOH} = \frac{Is}{M_{KOH}}$$



171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

**Is** : masse de KOH exprimée en **mg** nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} M_{\text{KOH}} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{Is}{M_{\text{KOH}}}$$

$$Is = 196$$

$$M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{196 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,5 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$n_{\text{TG}}?$

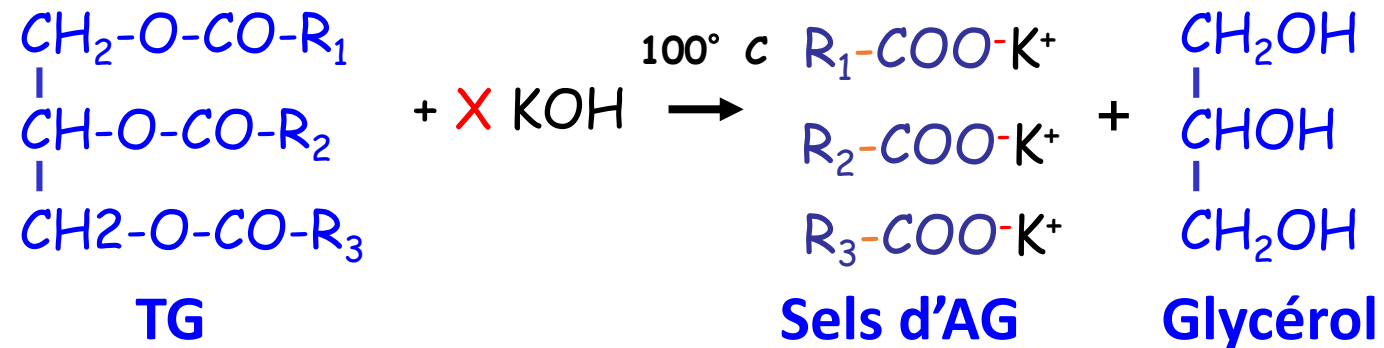
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

**Is** : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$n_{TG}$  ?



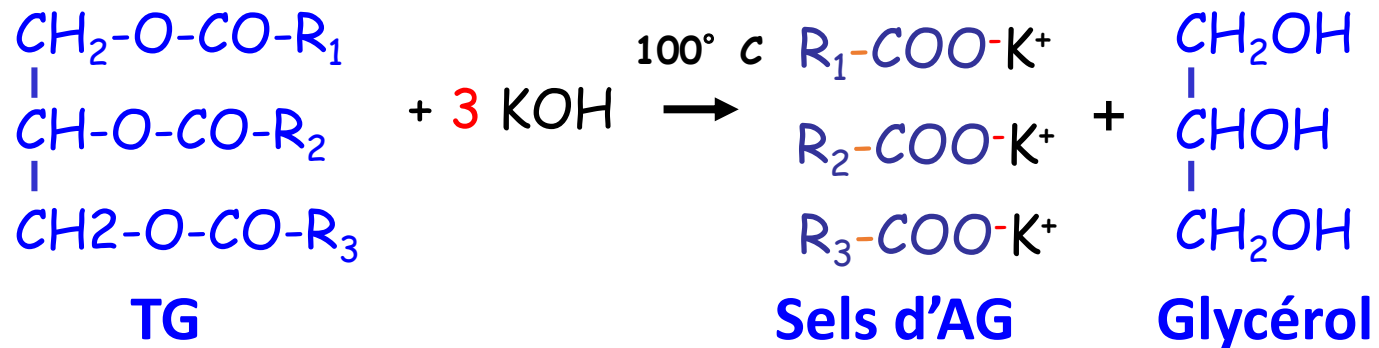
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

**Is** : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$n_{TG}$  ?



$n_{\text{triglyceride}} = X (n_{\text{KOH}}) ?$

Réaction non stoechiométrique

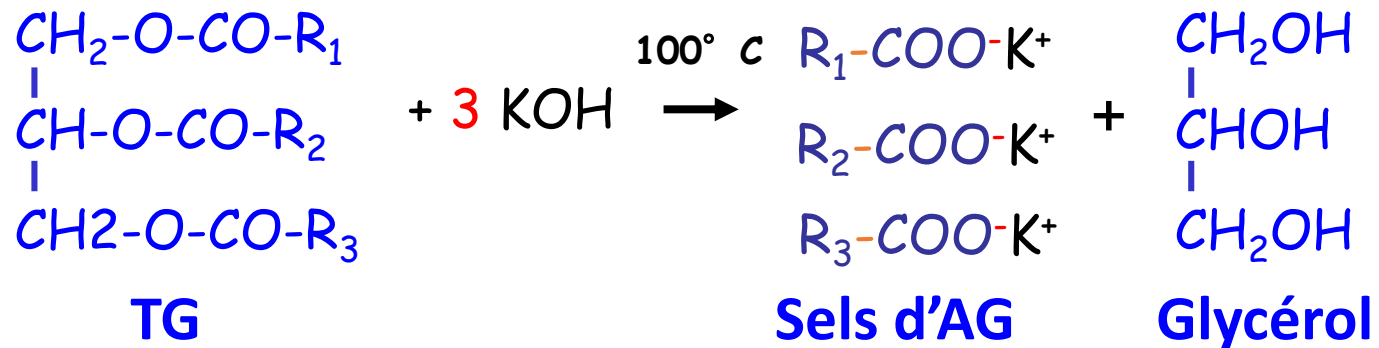
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

**Is** : masse de KOH exprimée en **mg** nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$n_{TG}$  ?



$$n_{\text{triglyceride}} = (n_{\text{KOH}}) / 3$$

Réaction non stoechiométrique

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

**Is** : masse de KOH exprimée en mg nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} M_{\text{KOH}} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{Is}{M_{\text{KOH}}}$$

$$Is = 196$$

$$M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{196 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,5 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{\text{triglyceride}} = (n_{\text{KOH}}) / 3 = (3,5 \cdot 10^{-3}) / 3 = 1,17 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 1/ Is: Détermination masse molaire triglyceride

**Is** : masse de KOH exprimée en **mg** nécessaire pour saponifier 1g d' ester d' AG

$$Is = m_{\text{KOH}} = n_{\text{KOH}} M_{\text{KOH}} \quad n_{\text{KOH}} = \frac{Is}{M_{\text{KOH}}}$$

$$Is = 196$$

$$M_{\text{KOH}} = 56 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$n_{\text{KOH}} = \frac{196 \cdot 10^{-3} \text{ g}}{56 \text{ g.mol}^{-1}} = 3,5 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{\text{triglyceride}} = (n_{\text{KOH}}) / 3 = (3,5 \cdot 10^{-3}) / 3 = 1,17 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$M_{\text{TG}} = \frac{m_{\text{TG}}}{n_{\text{TG}}} = \frac{1 \text{ g}}{1,17 \cdot 10^{-3} \text{ mol}} = 857 \text{ g.mol}^{-1}$$

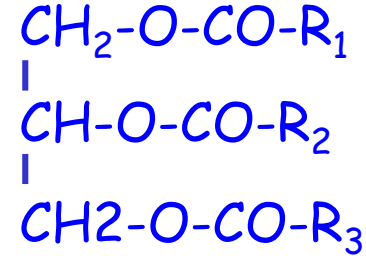
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

## 2/ Détermination masse molaire matière grasse (3 AG)

$$M_{TG} = 857 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$M_{\text{matière grasse}} = ? \text{ g.mol}^{-1}$$



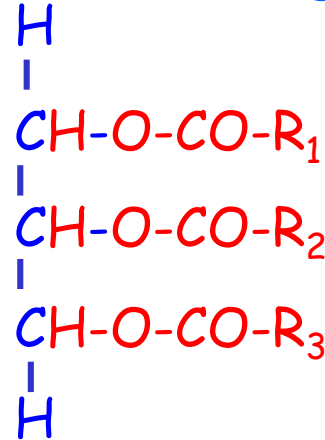
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

## 2/ Détermination masse molaire matière grasse (3 AG)

$$M_{TG} = 857 \text{ g.mol}^{-1}$$

$$M_{\text{matière grasse}} = ? \text{ g.mol}^{-1}$$



$$\text{Donc } M_{\text{matière grasse}} = M_{TG} - (3 \times 12 + 2 \times 1)$$

$$M_{\text{matière grasse}} = 857 - 38 = 819 \text{ g.mol}^{-1}$$



171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

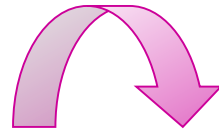
●  $M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g.mol}^{-1}$

● Matière grasse: 2 acides gras de nature différente

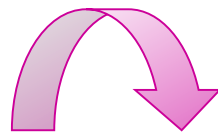
Acide palmitique

AG ? monoinsaturé

● Triacylglycerol: quel AG est estérifié 2 fois sur le glycerol?



Détermination degré insaturation matière grasse



Indice d'iode

148/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59. L' analyse chromatographique des acides gras composant ce triglycéride révèle qu' il contient **deux acides gras de nature différente**. **Un seul acide gras** sur les 2 a pu être **identifié**, il s' agit de l' **acide palmitique**. Quel est le **nom du second acide gras** qui constitue ce triacylglycerol sachant qu' il est **monoinsaturé** et **non ramifié**?

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

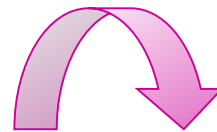
H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

3/ I<sub>I</sub>: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

I<sub>I</sub> : masse de I<sub>2</sub> en **cg** pour saturer **1 g** de matière grasse

● M<sub>matière grasse</sub> = 819 g.mol<sup>-1</sup>

Si masse molaire matière grasse et indice d' iode connus



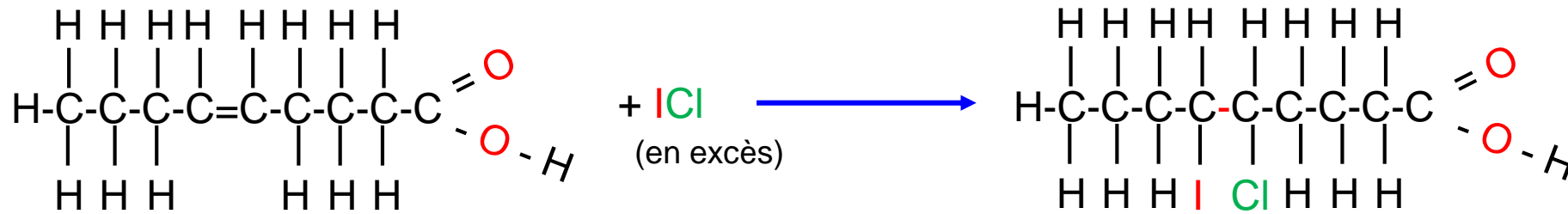
Détermination du nombre de double liaison dans la matière grasse

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 3/ I<sub>1</sub>: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

#### Réaction de saturation:



#### Stoechiométrie dépendante nombre insaturation:

1 insaturation:  $n_{I_2} = n_{\text{matière grasse}}$

+ ICl non fixé

+ KI

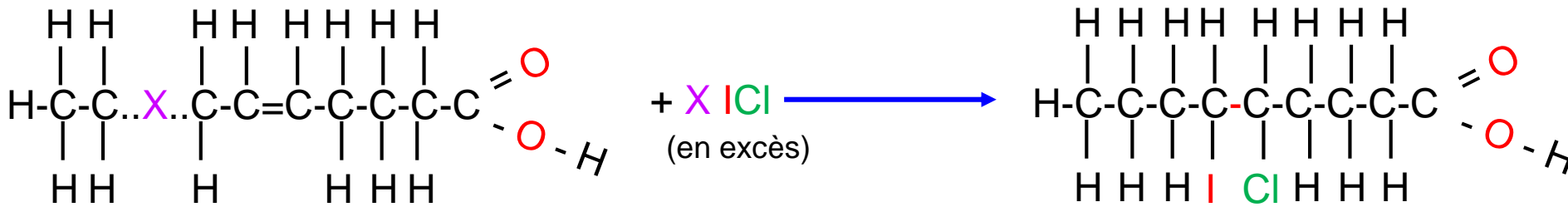
**I<sub>2</sub>** Dosage

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 3/ I<sub>1</sub>: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

#### Réaction de saturation:



#### Stoechiométrie dépendante nombre insaturation:

1 insaturation:  $n_{I_2} = n_{\text{matière grasse}}$

X insaturation:  $n_{I_2} = X n_{\text{matière grasse}}$

$$X = \text{nombre insaturation} = \frac{n_{I_2}}{n_{\text{matière grasse}}}$$

+ X ICl non fixé

+ KI

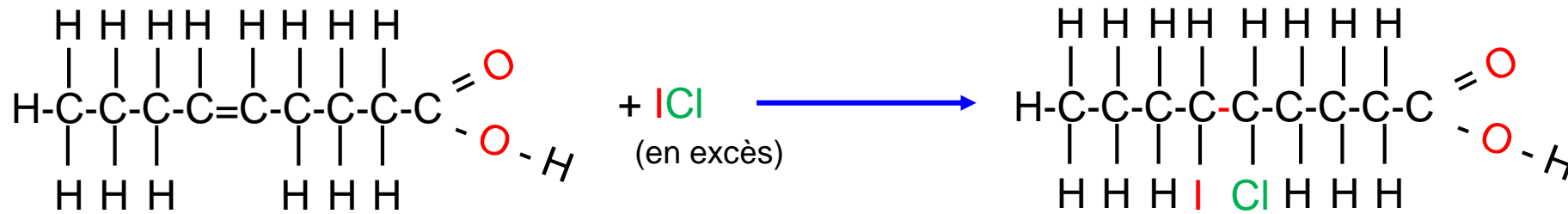
X I<sub>2</sub> Dosage

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 3/ I<sub>1</sub>: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

#### Réaction de saturation:



#### Stoechiométrie dépendante nombre insaturation:

1 insaturation:  $n_{I_2} = n_{\text{matière grasse}}$

X insaturation:  $n_{I_2} = X n_{\text{matière grasse}}$

$$X = \text{nombre insaturation} = \frac{n_{I_2}}{n_{\text{matière grasse}}}$$

+ ICl non fixé  
 ↓ + KI  
 I<sub>2</sub> Dosage  
 M matière grasse

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 3/ I<sub>I</sub>: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

I<sub>I</sub> : masse de I<sub>2</sub> en **cg** pour saturer **1 g** de matière grasse

$$I_I = m_{I_2} = n_{I_2} M_{I_2} \quad n_{I_2} = \frac{I_I}{M_{I_2}} \quad \begin{matrix} I_I = 59 \\ M_{I_2} = 254 \text{ g.mol}^{-1} \end{matrix}$$

$$n_{I_2} = \frac{59 \cdot 10^{-2} \text{ g}}{254 \text{ g.mol}^{-1}} = 2,32 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g mol}^{-1}$$

$$n_{\text{matière grasse}} = \frac{m_{\text{matière grasse}}}{M_{\text{matière grasse}}} = \frac{1 \text{ g}}{819 \text{ g mol}^{-1}} = 1,22 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59. L' analyse chromatographique des acides gras composant ce triglycéride révèle qu' il contient deux acides gras de nature différente. Un seul acide gras sur les 2 a pu être identifié, il s' agit de l' acide palmitique. Quel est le nom du second acide gras qui constitue ce triacylglycerol sachant qu' il est monoinsaturé et non ramifié?

### 3/ I<sub>1</sub>: Détermination du degré d'insaturation matière grasse (3 AG)

$$n_{I_2} = X \cdot n_{\text{matière grasse}}$$

X: nombre de double liaison

$$X = \frac{n_{I_2}}{n_{\text{matière grasse}}} = \frac{2,32 \cdot 10^{-3}}{1,22 \cdot 10^{-3}} = 1,9 \rightarrow 2 \text{ insaturations}$$

$$n_{I_2} = 2,32 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

$$n_{AG} = 1,22 \cdot 10^{-3} \text{ mol}$$

- Matière grasse présente 2 insaturations
- Enoncé: 2 AG nature différente dont Acide palmitique 16:0
- 2<sup>ème</sup> AG: monoinsaturé non ramifié

Matière grasse = 1 acide palmitique + 2 X AG monoinsaturé à identifier

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

#### 4/ Détermination masse molaire AG à identifier

●  $M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g.mol}^{-1}$



AG monoinsaturé à identifier



171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196 et son indice d' iode à 59.

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

#### 4/ Détermination masse molaire AG à identifier

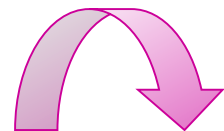
●  $M_{\text{matière grasse}} = 819 \text{ g.mol}^{-1}$



AG monoinsaturé à identifier

$$M_{AG} = \frac{M_{\text{matière grasse}} - M_{\text{acide palmitique}}}{2}$$

$$M_{AG} = \frac{819 - (16 \times 12 + 2 \times 16 + 32 \times 1)}{2}$$



$$M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 5/ Détermination nombre C AG à identifier

●  $M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$

● AG monoinsaturé

formule brute AG insaturés ?

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 5/ Détermination nombre C AG à identifier

●  $M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$

● AG monoinsaturé

formule brute AG insaturés:  $C_n H_{2n-2X} O_2$

n= nombre atome carbone

X: nombre insaturation

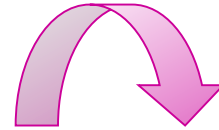
171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 5/ Détermination nombre C AG à identifier

●  $M_{AG} = 282 \text{ g.mol}^{-1}$

● AG monoinsaturé



formule brute :  $C_n H_{2n-2} O_2$

$$\text{Donc } 12n + 2n - 2 + (16 \times 2) = 282$$

$$14n = 282 - 30 = 252$$

$$n = 252 / 14 = 18$$

Nous en déduisons la formule brute de l' AG :  $C_{18}H_{34}O_2$

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 5/ Détermination nombre C AG à identifier

- formule brute de l' AG :  $C_{18}H_{34}O_2$
- AG monoinsaturé



L' AG : C18:1

- A L'acide stéarique
- B L'acide oléique
- C L'acide arachidonique
- D L'acide palmitoléique
- E L'acide arachidique

171/ L' indice de saponification d' un triglyceride est égal à 196

H:1 g.mol<sup>-1</sup>; O:16 g.mol<sup>-1</sup>; C:12 g.mol<sup>-1</sup>; I: 127 g.mol<sup>-1</sup>; K: 39 g.mol<sup>-1</sup>

### 5/ Détermination nombre C AG à identifier

- formule brute de l' AG :  $C_{18}H_{34}O_2$
- AG monoinsaturé



L' AG : C18:1

- A L'acide stéarique 18:0
- B L'acide oléique 18:1**
- C L'acide arachidonique 20:4
- D L'acide palmitoléique 16:1
- E L'acide arachidique 20:0

Réponse: B

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

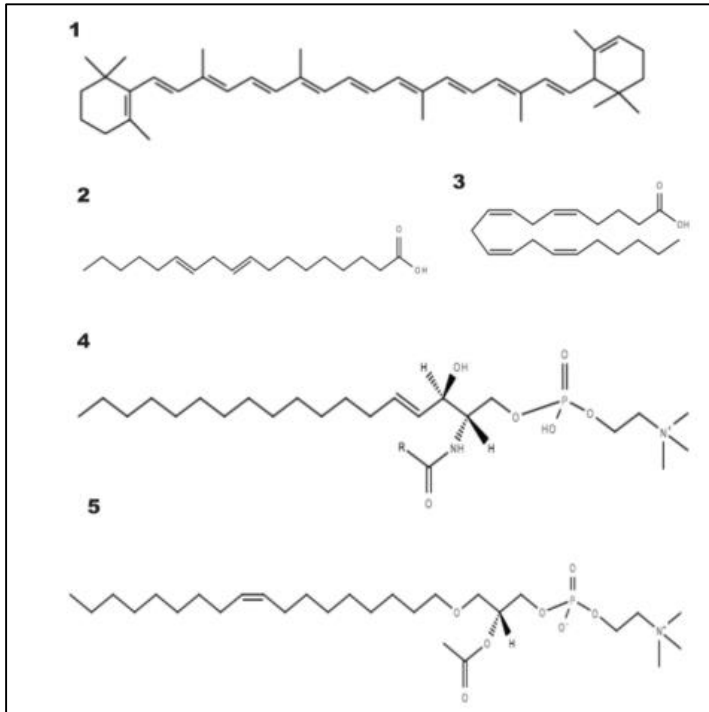


Figure 1

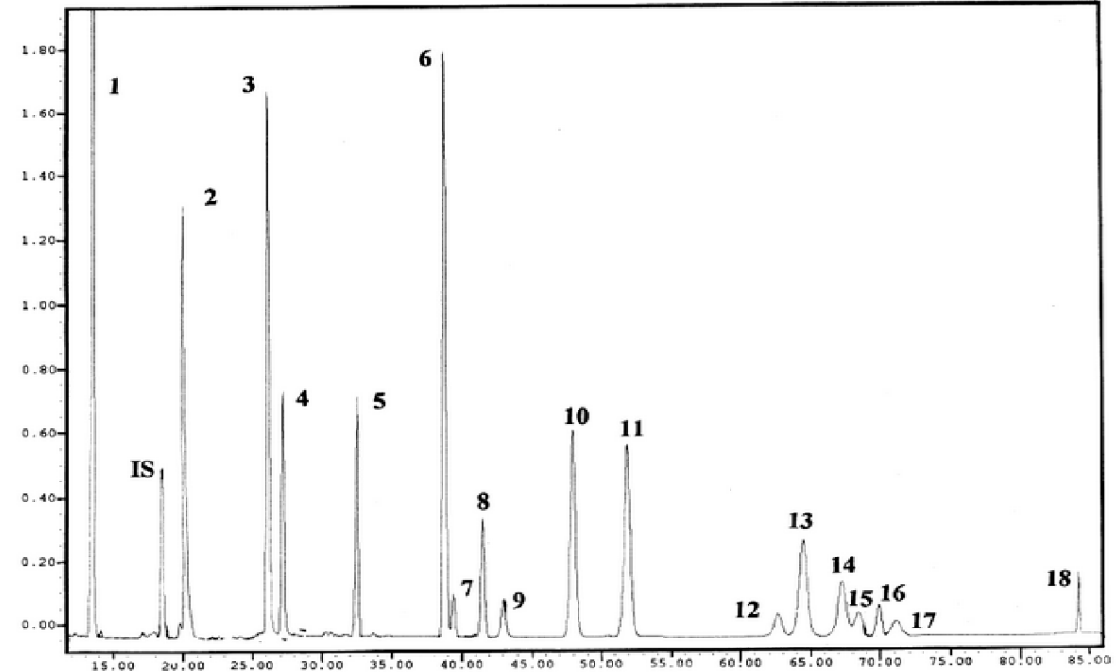


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique
- 5 : acide laurique
- 7 : acide  $\gamma$ -linolénique
- 9 : acide myristique
- 10 : acide linoléique
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque
- 18 : acide stéarique
- IS : internal standard

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

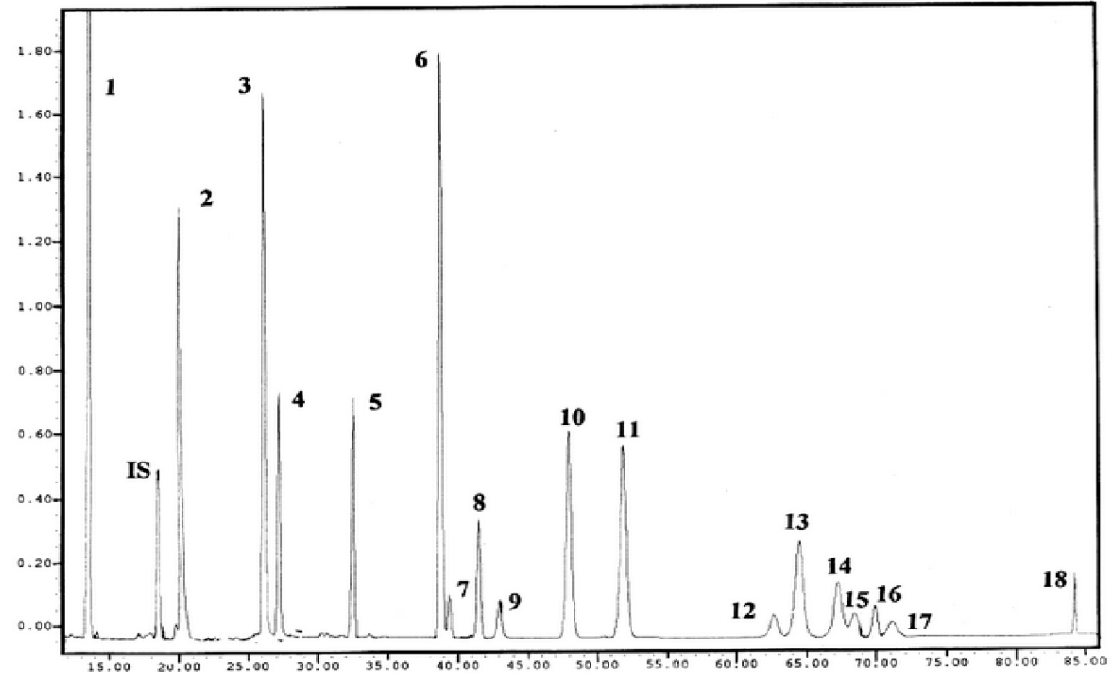


Figure 2



175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

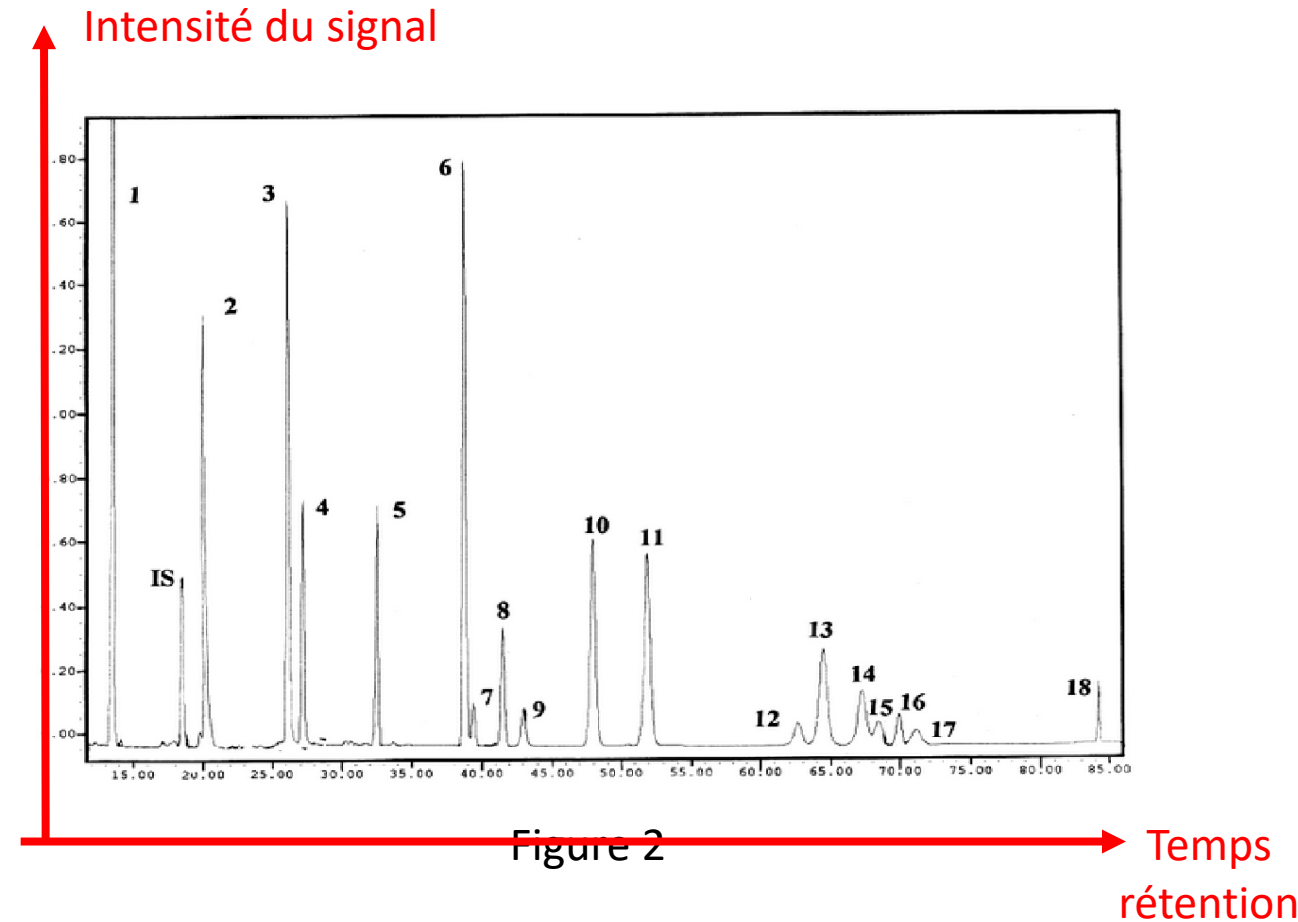
A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.

B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.



175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

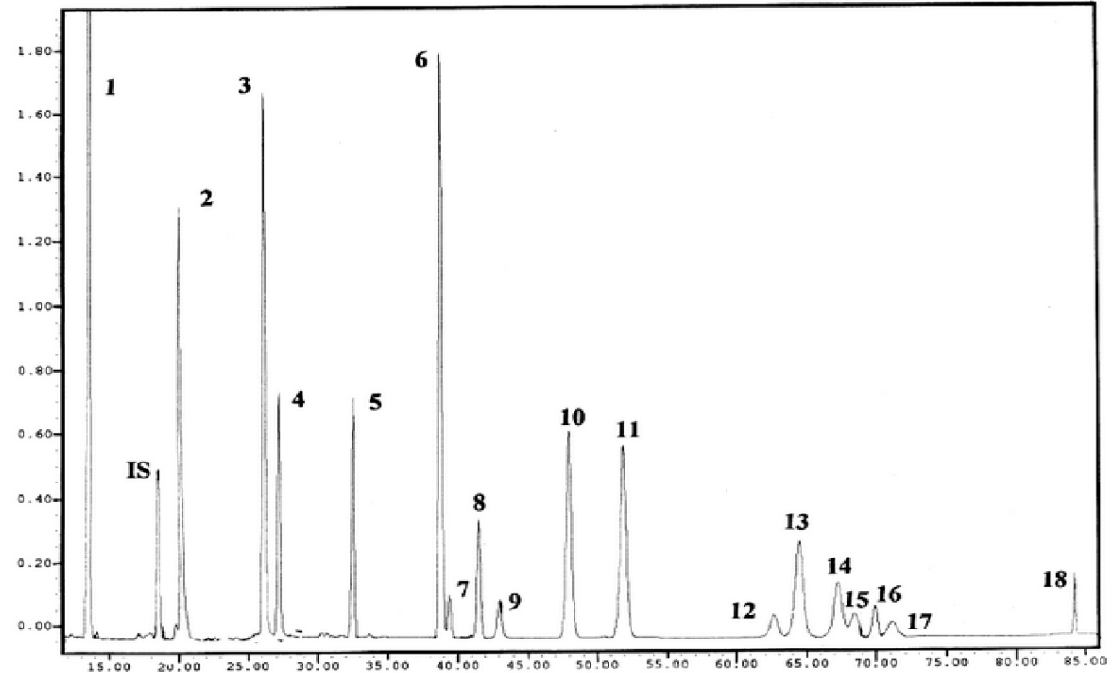


Figure 2



Localisation sur le profil de  
chromatographie des AG identifiés

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

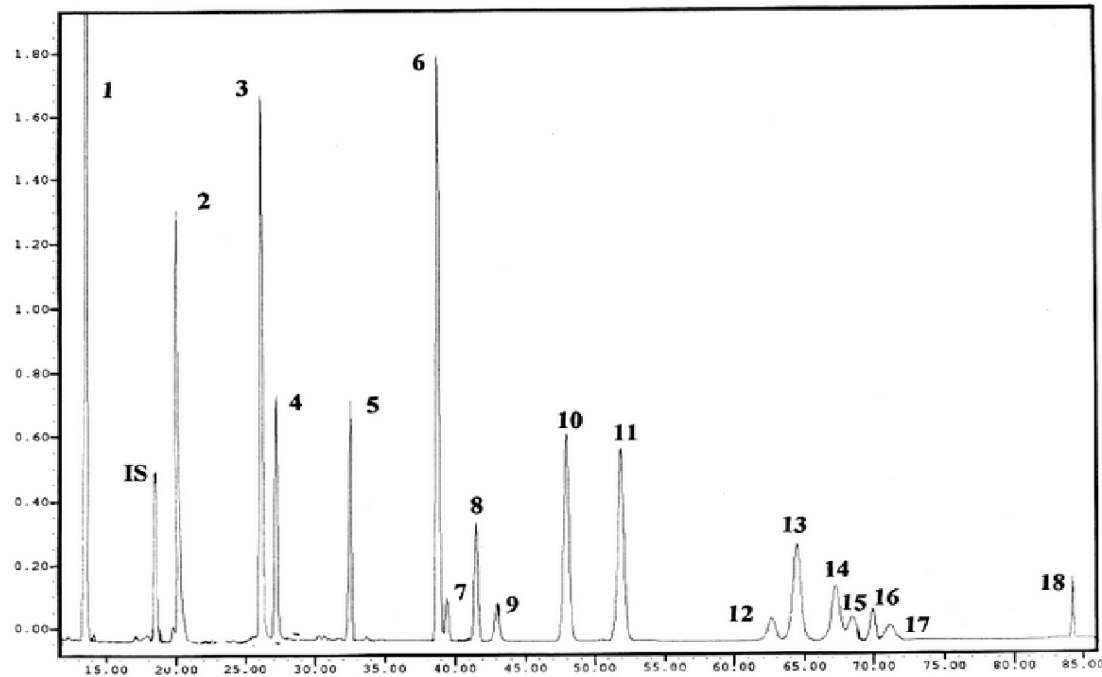


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique
  - 5 : acide laurique
  - 7 : acide g-linolenique
  - 9 : acide myristique
  - 10 : acide linoléique
  - 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque
  - 18 : acide stéarique
- IS : internal standard

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

Augmentation nombre carbone

Augmentation nombre insaturation

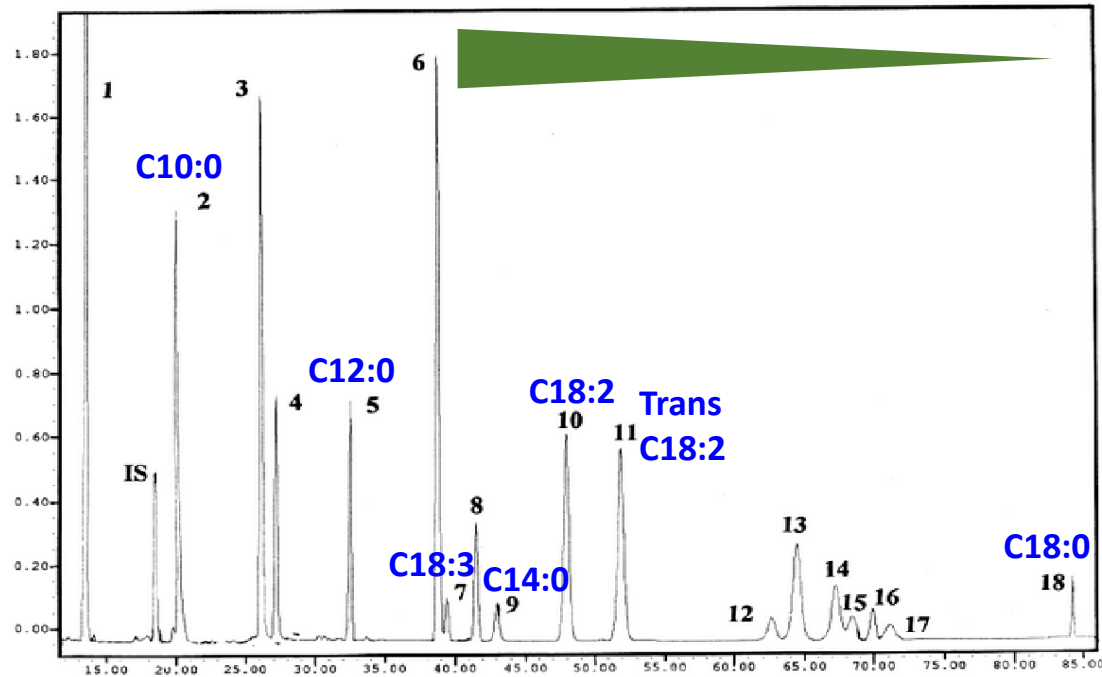


Figure 2

HPLC

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique **C10:0**
- 5 : acide laurique **C12:0**
- 7 : acide g-linolenique **C18:3**
- 9 : acide myristique **C14:0**
- 10 : acide linoléique **C18:2**
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque **Trans C18:2**
- 18 : acide stéarique **C18:0**
- IS : internal standard

• Tr augmente avec nombre carbone

• Tr DIMINUE avec nombre insaturation



175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

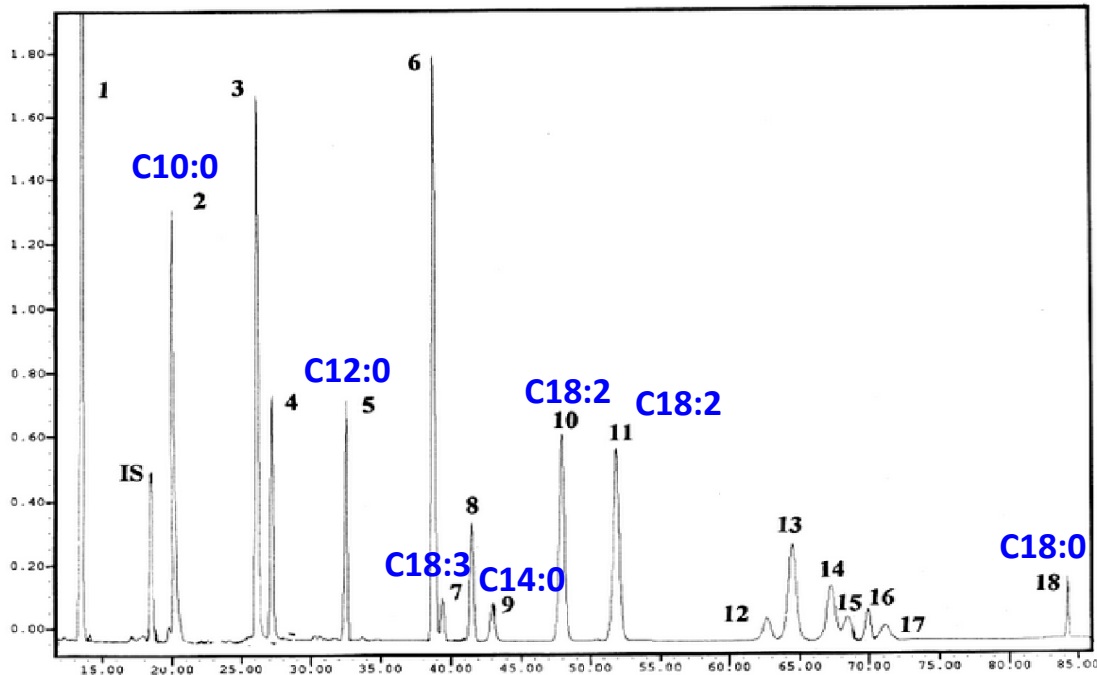


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

Acide oléique: C18:1

- Tr augmente avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation



C18:1: pic entre C18:2 et C18:0



C18:1: parmi les pics 12 à 17

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

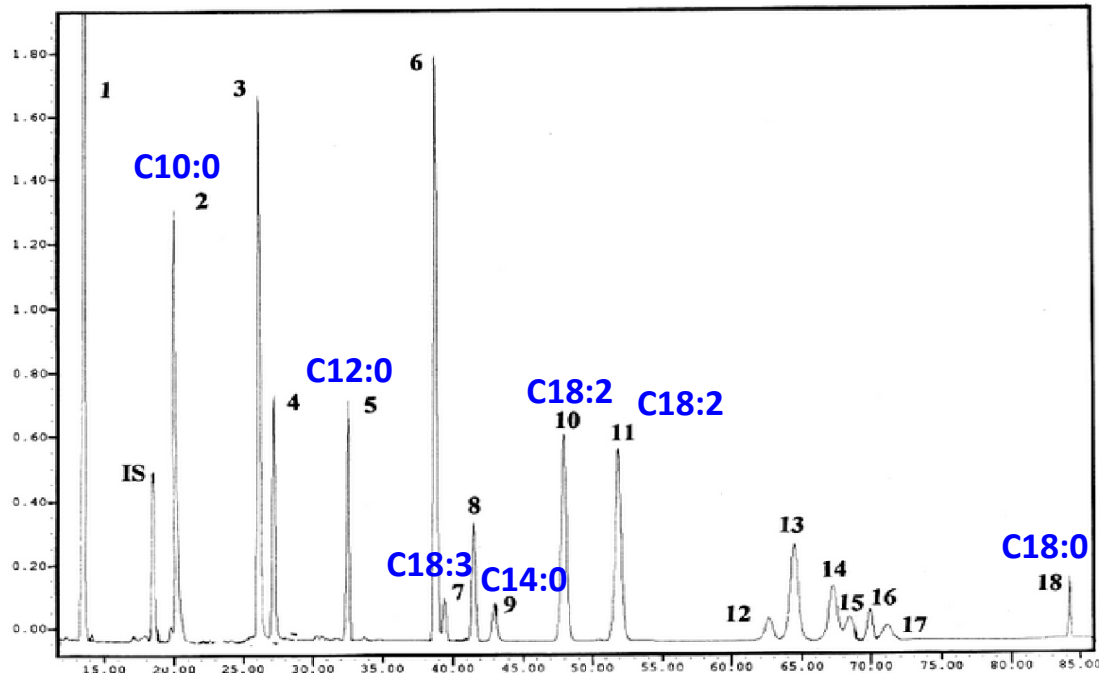


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.

Acide oléique: C18:1

- Tr augmente avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation



C18:1: pic entre C18:2 et C18:0



C18:1: parmi les pics 12 à 17

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

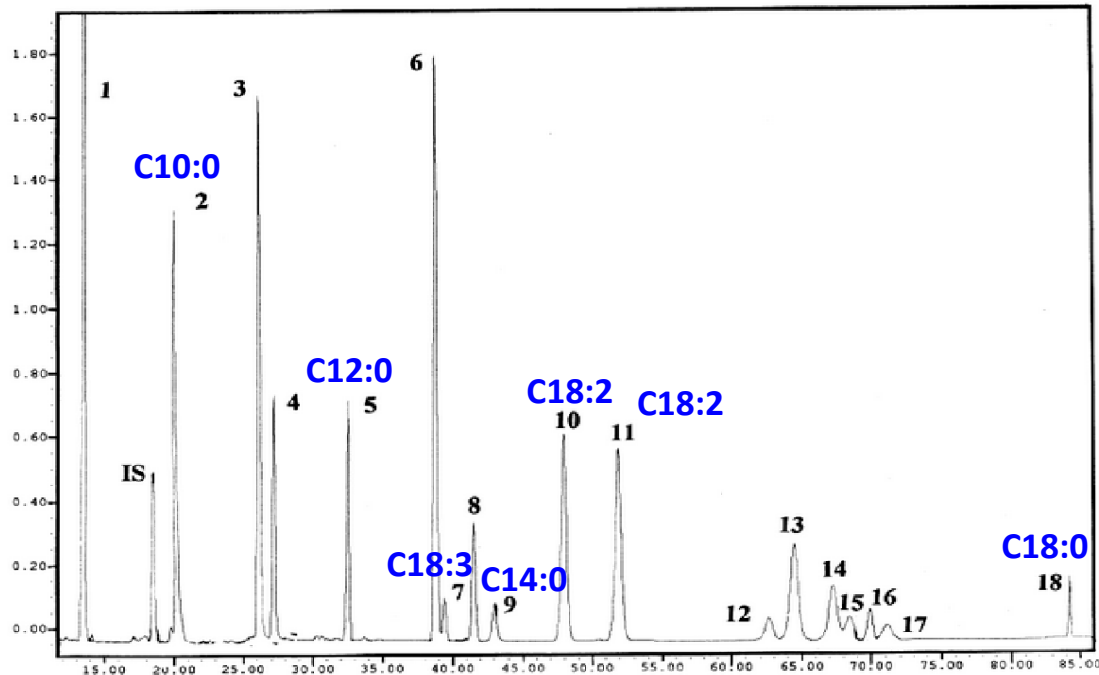


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

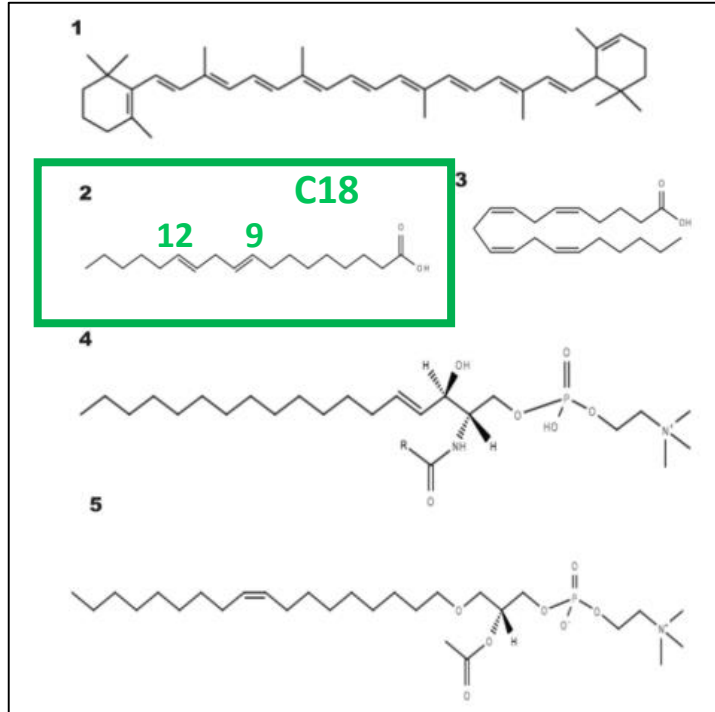
- 2 : acide caprique **C10:0**
- 5 : acide laurique **C12:0**
- 7 : acide g-linolenique **C18:3**
- 9 : acide myristique **C14:0**
- 10 : acide linoléique **C18:2**
- **11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2**
- 18 : acide stéarique **C18:0**
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

Figure 1



A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

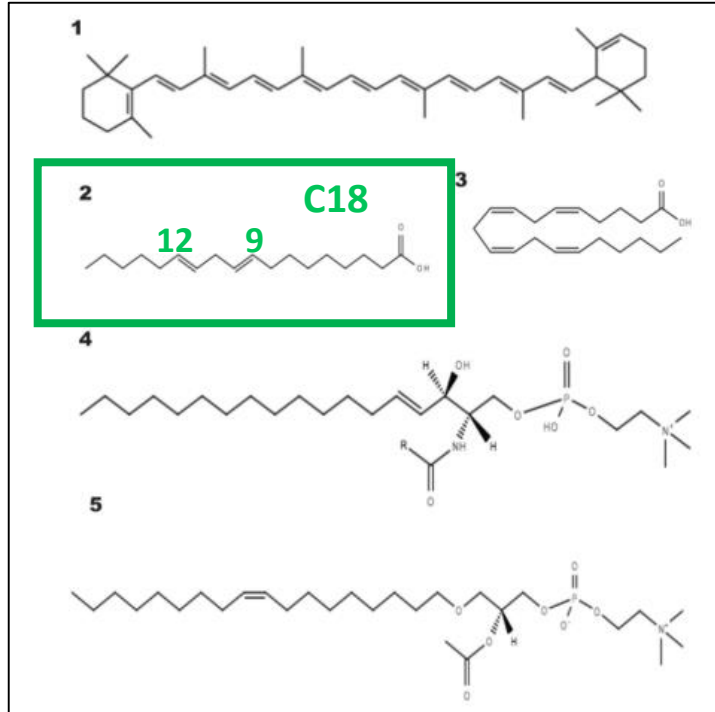
Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- **11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2**
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard



175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

Figure 1



A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- **11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2**
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

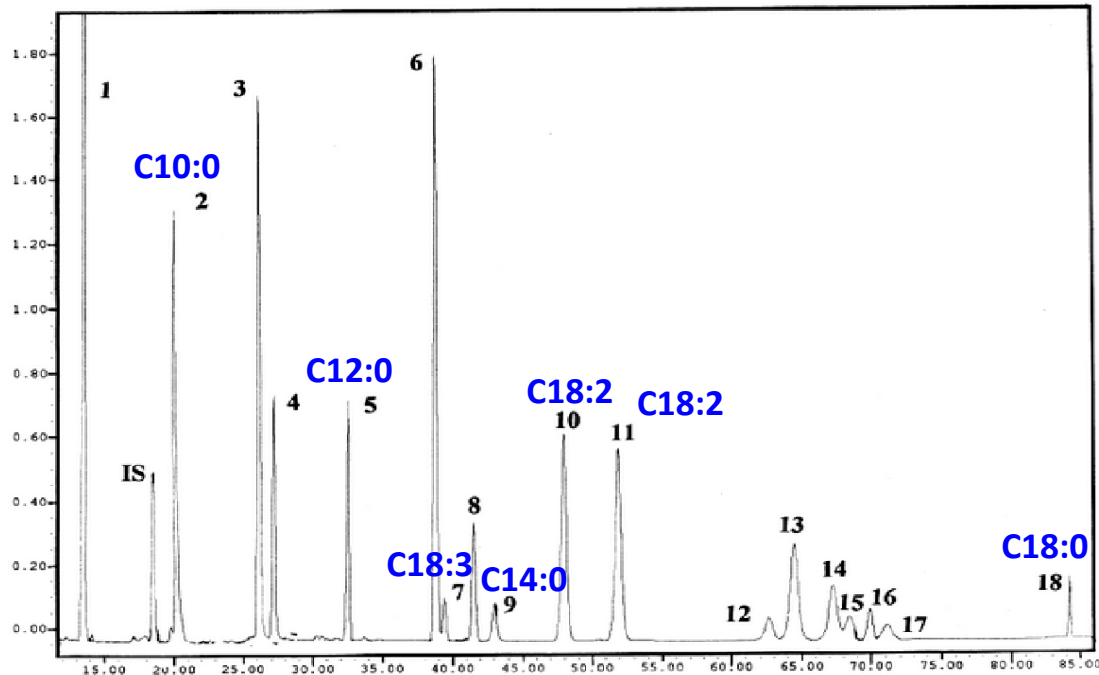


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

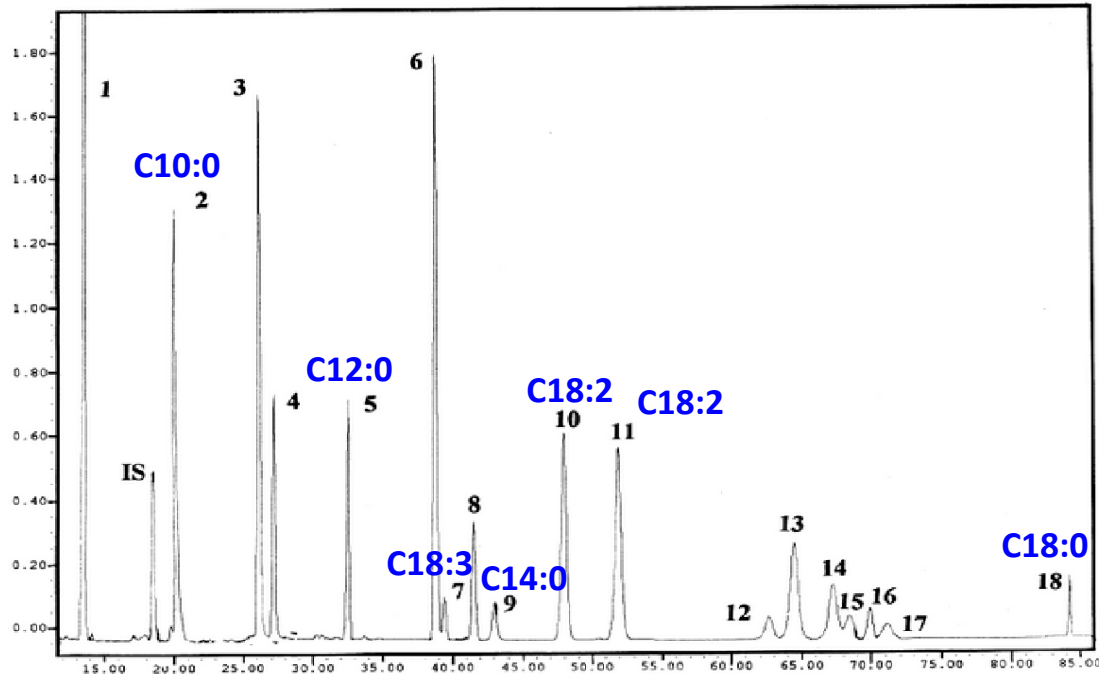


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique **C10:0**
- 5 : acide laurique **C12:0**
- **7 : acide g-linolenique C18:3**
- 9 : acide myristique **C14:0**
- 10 : acide linoléique **C18:2**
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque **trans C18:2**
- 18 : acide stéarique **C18:0**
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

**AG essentiels ?**

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

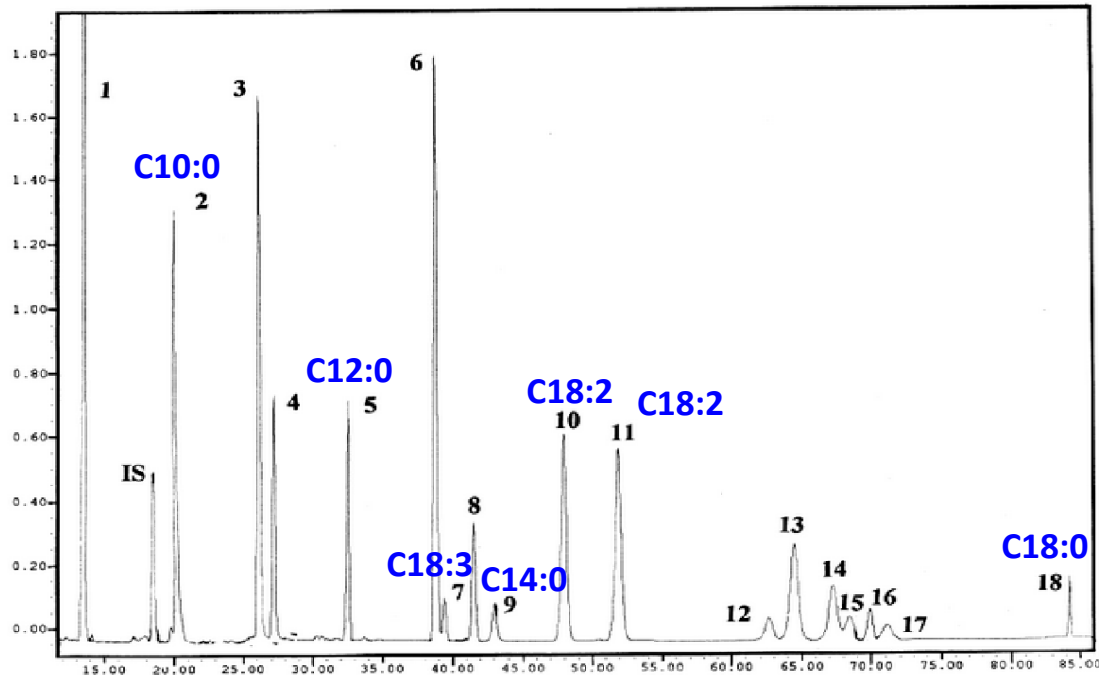


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadécadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

**AG essentiels: acide  $\alpha$ -linoléique et acide linoléique**

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

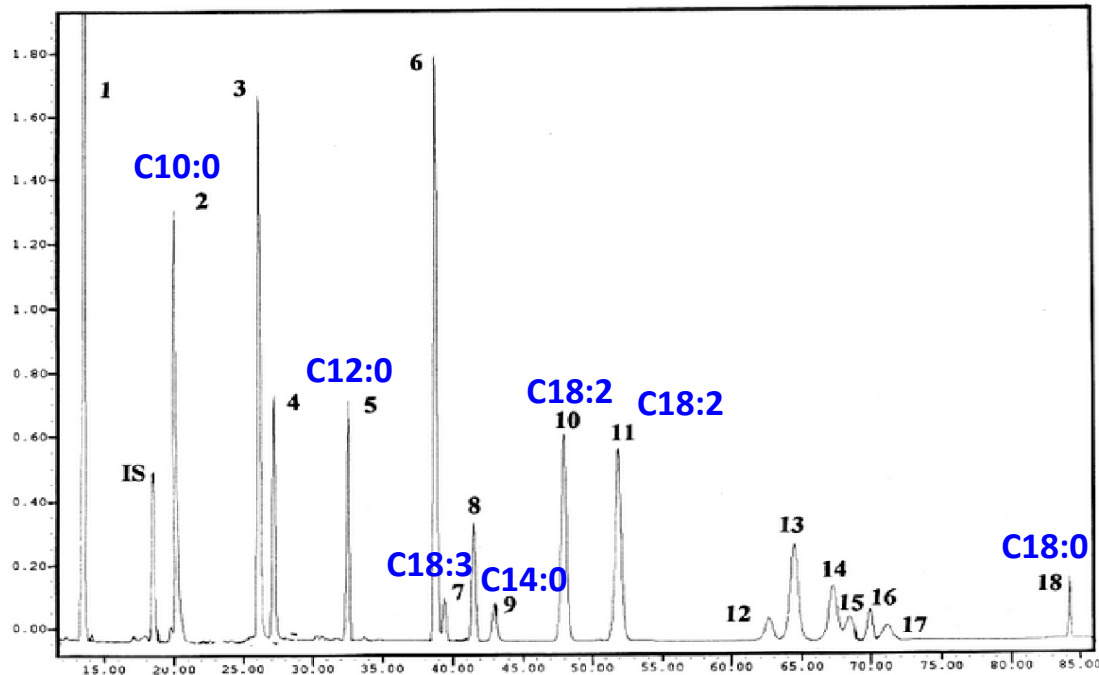


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stéarique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.

AG essentiels: acide  $\alpha$ -linoléique et acide linoléique

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

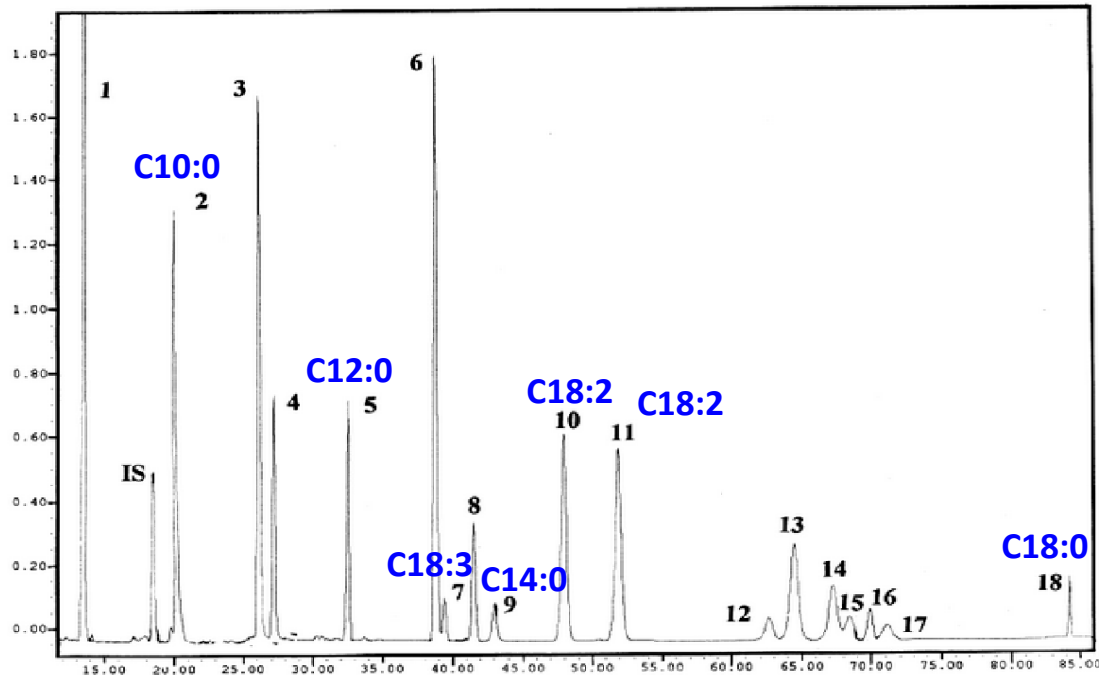


Figure 2

Certains pics de la figure 2 sont identifiés et correspondent aux acides gras suivants :

- 2 : acide caprique C10:0
- 5 : acide laurique C12:0
- 7 : acide g-linolenique C18:3
- 9 : acide myristique C14:0
- 10 : acide linoléique C18:2
- 11 : acide trans, trans-9,12-octadecadiénoïque trans C18:2
- 18 : acide stearique C18:0
- IS : internal standard

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

Augmentation nombre carbone

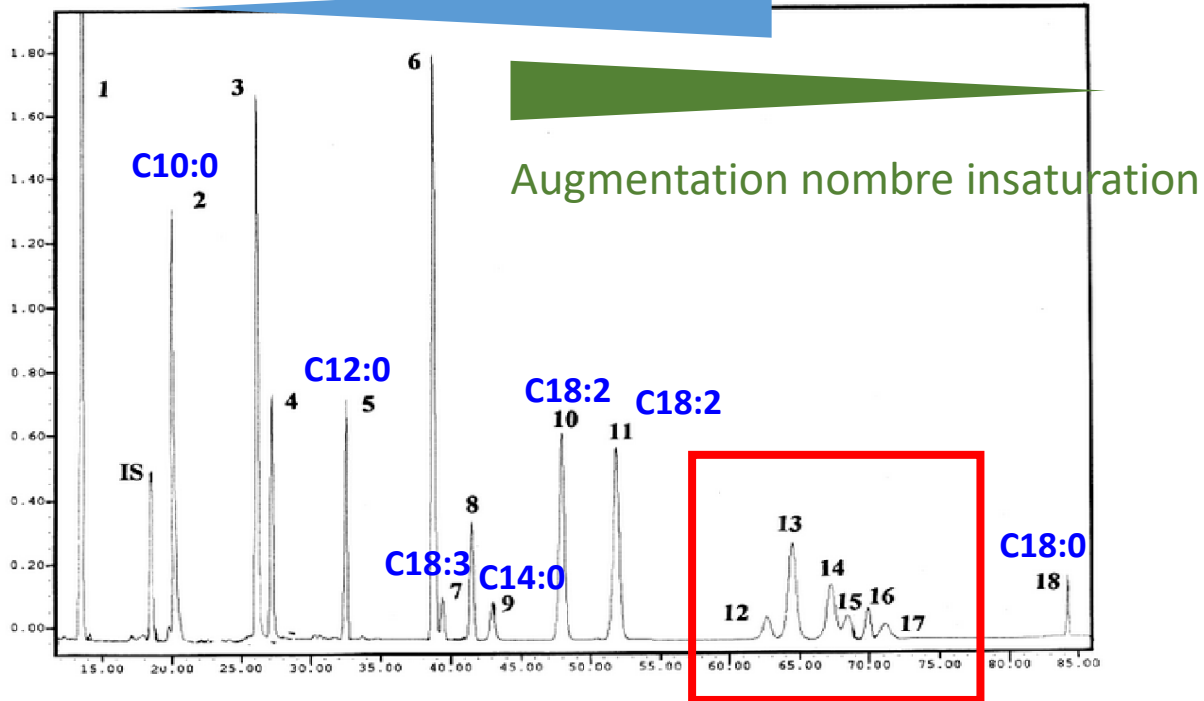


Figure 2

pics entre C14:0 et C18:0

Acide palmitique: C16:0



pics entre C18:2 et C18:0

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

175/ On considère les structures lipidiques de la figure 1 et le profil de chromatographie liquide haute performance (HPLC) de différents acides gras sur la figure 2:

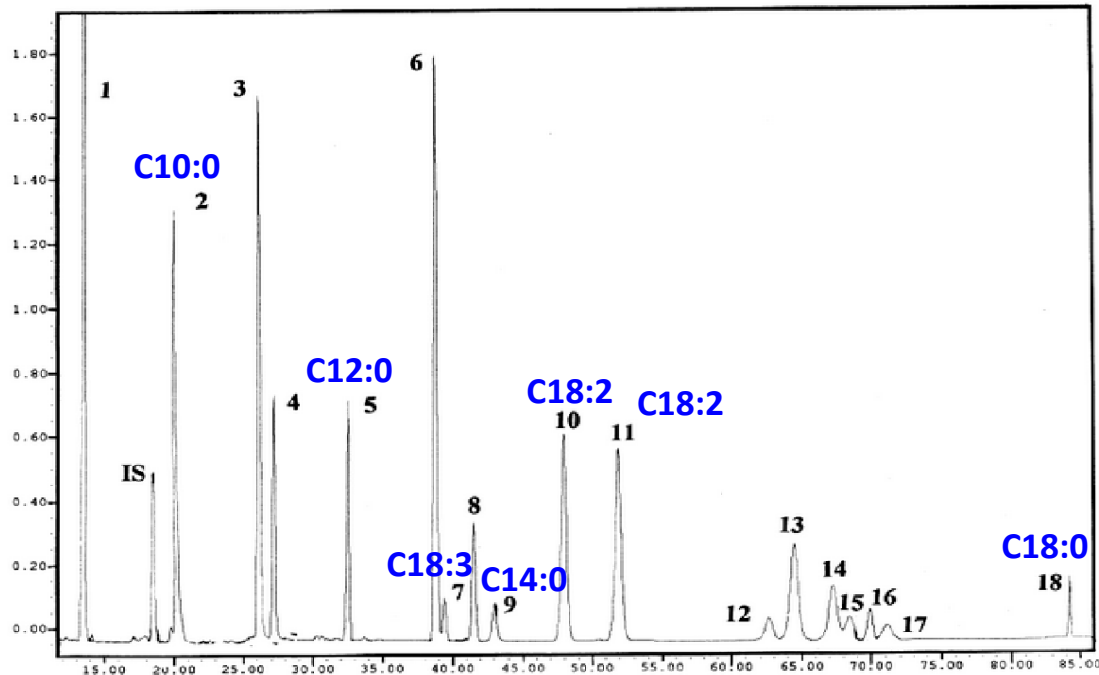


Figure 2

A partir des figures 1 et 2, quelle(s) est(sont) la(les) proposition(s) exacte(s) :

- A. L'unité de l'axe des abscisses de la figure 2 est une unité de temps.
- B. Si l'acide oléique est présent, il n'est pas parmi les pics 12 à 17.
- C. L'acide gras 11 est représenté sur la figure 1.
- D. L'acide gras 7 est un acide gras essentiel.
- E. Sachant que parmi les pics 12 à 17, il n'y a qu'un seul acide gras saturé, il s'agit nécessairement de l'acide palmitique.

Réponses: A, C, E



181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l' acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des  $\omega$ 9
- C Lorsque l' on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l' acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un Rf plus grand que celui de l' acide linoléique
- D On se propose de séparer cet acide gras de l' acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son Tr sera inférieur à celui de l' acide oléique
- E On se propose de séparer cet acide gras de l' acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l' aide d' une colonne de silice et en réalisant l' élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l' acide stéarique.

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l' acide palmitoléique

(16:1)<sup>Δ9</sup>: Acide palmitoléique



181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

(16:1)<sup>Δ9</sup>: Acide palmitoléique



(18:3)<sup>Δ9,12,15</sup>: Acide linoléique

Acide α ou γ linoléique?

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

(16:1)<sup>Δ9</sup>: Acide palmitoléique



(18:3)<sup>Δ9,12,15</sup>: Acide linoléique

Acide α ou γ linoléique?



(18:3)<sup>Δ9,12,15</sup>: Acide α-linolénique

Acide γ-linolénique: (18:3)<sup>Δ6,9,12</sup>

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique  
B Il appartient à la famille des  $\omega 9$



$\omega$

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique  
B Il appartient à la famille des  $\omega 9$



$\omega 3$

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

B Il appartient à la famille des  $\omega 9$

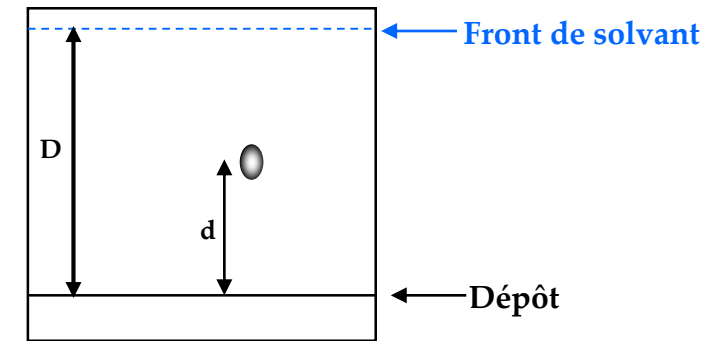
C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un Rf plus grand que celui de l'acide linoléique

$$R_f = \frac{\text{Distance lipide}}{\text{Distance front solvant}} = \frac{d}{D}$$



+ un lipide migre loin, + le Rf est élevé

- + un lipide est apolaire , + migre loin
- Caractère apolaire augmente avec longueur chaîne carbonée
- Caractère apolaire diminue en présence insaturations



181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



A Il s'agit de l'acide palmitoléique

B Il appartient à la famille des  $\omega 9$

C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un **Rf plus grand** que celui de l'**acide linoléique**

$$R_f = \frac{\text{Distance lipide}}{\text{Distance front solvant}} = \frac{d}{D}$$



+ un lipide migre loin, + le Rf est élevé

- + un lipide est apolaire , + migre loin
- Caractère apolaire augmente avec longueur chaîne carbonée
- Caractère apolaire diminue en présence insaturations

Acide linoléique (18:2)  $\Delta^{9,12}$

AG Ci-dessus (18:3)  $\Delta^{9,12,15}$



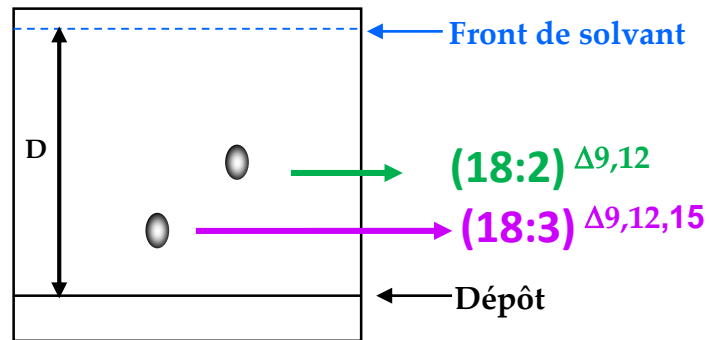
Acide linoléique + POLAIRE Acide linoléique



181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des  $\omega 9$
- C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un Rf plus grand que celui de l'acide linoléique



Acide linoléique (18:2)  $\Delta_{9,12}$

AG Ci-dessus (18:3)  $\Delta_{9,12,15}$



Acide linoléique + POLAIRE Acide linoléique



Rf (Acide linoléique) < Rf (Acide linoléique)

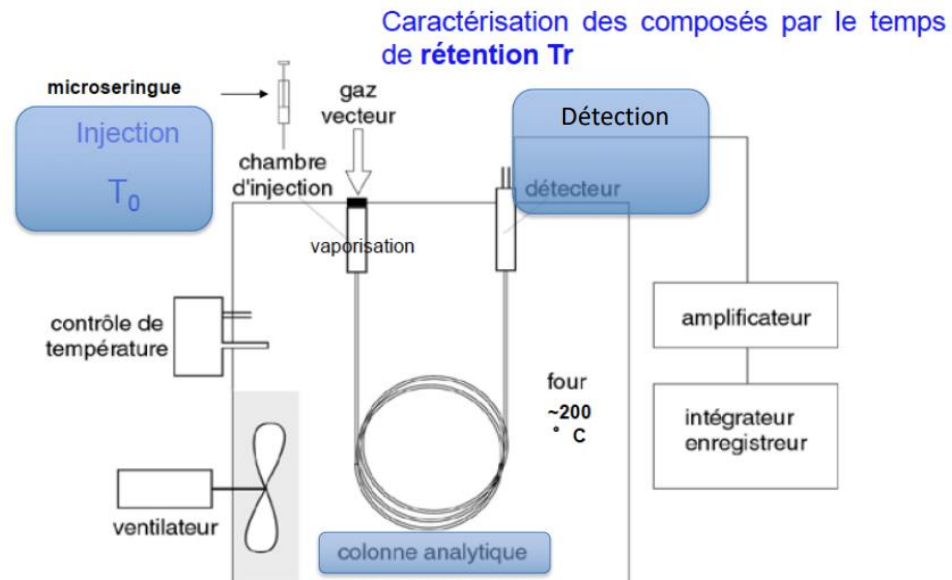
181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son  $T_r$  sera inférieur à celui de l'acide oléique

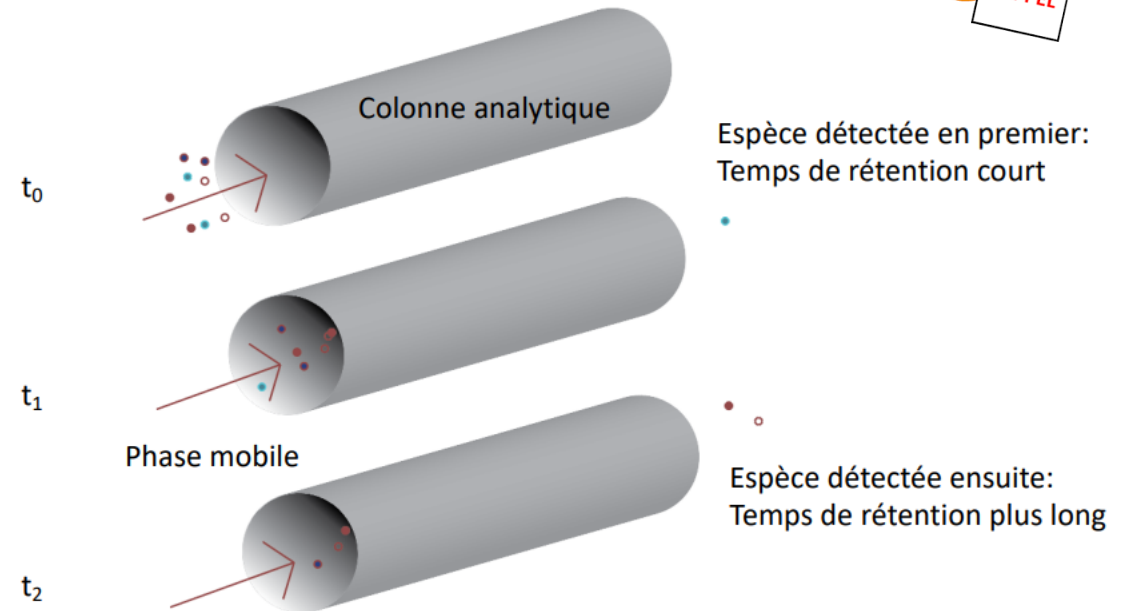
## Techniques d'analyse des lipides

Chromatographie en phase gazeuse.



Colonne: lieu de séparation en fonction de l'affinité des lipides pour la colonne

Chromatographie sur colonne: principe



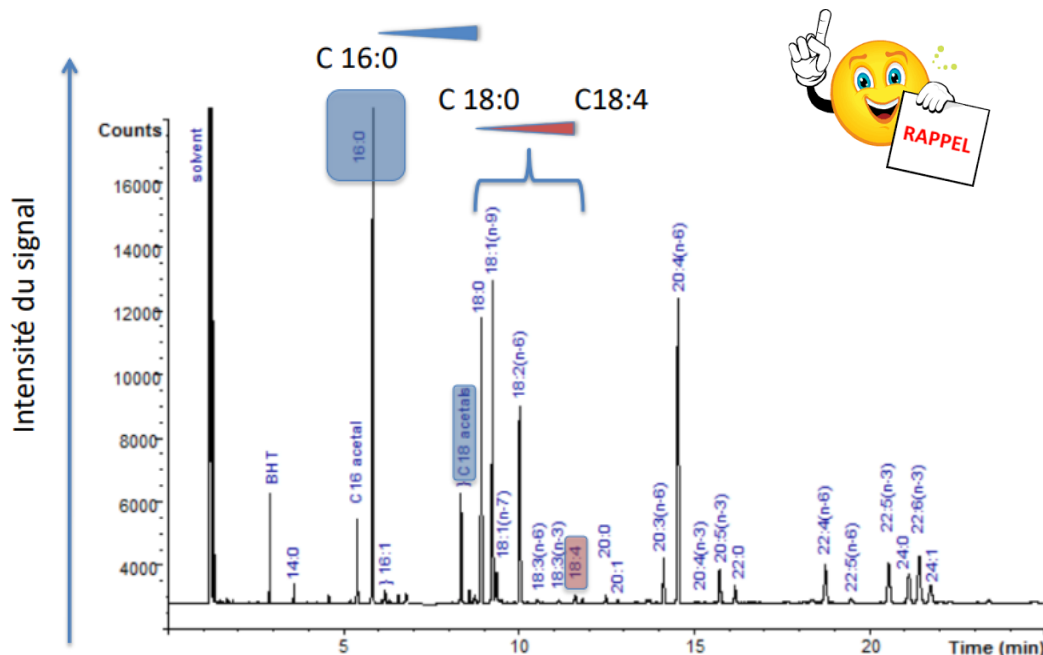
181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son **Tr** sera inférieur à celui de l'acide oléique

Chromatographie en phase gazeuse.

Ex: Séparation d'acides gras



**Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé**



**+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé**

- **Tr AUGMENTE** avec nombre carbone
- **Tr AUGMENTE** avec nombre insaturation

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son **Tr** sera inférieur à celui de l'acide oléique

Acide Oléique (18:1)  $\Delta^9$

Acide linoléique (18:2)  $\Delta^9,12,15$



Tr (18:2) > Tr (18:1)

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr AUGMENTE avec nombre insaturation

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son **Tr** sera inférieur à celui de l'acide oléique

Acide Oléique (18:1)  $\Delta^9$

Acide linoléique (18:2)  $\Delta^9,12,15$



Tr (18:2) > Tr (18:1)

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr AUGMENTE avec nombre insaturation

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



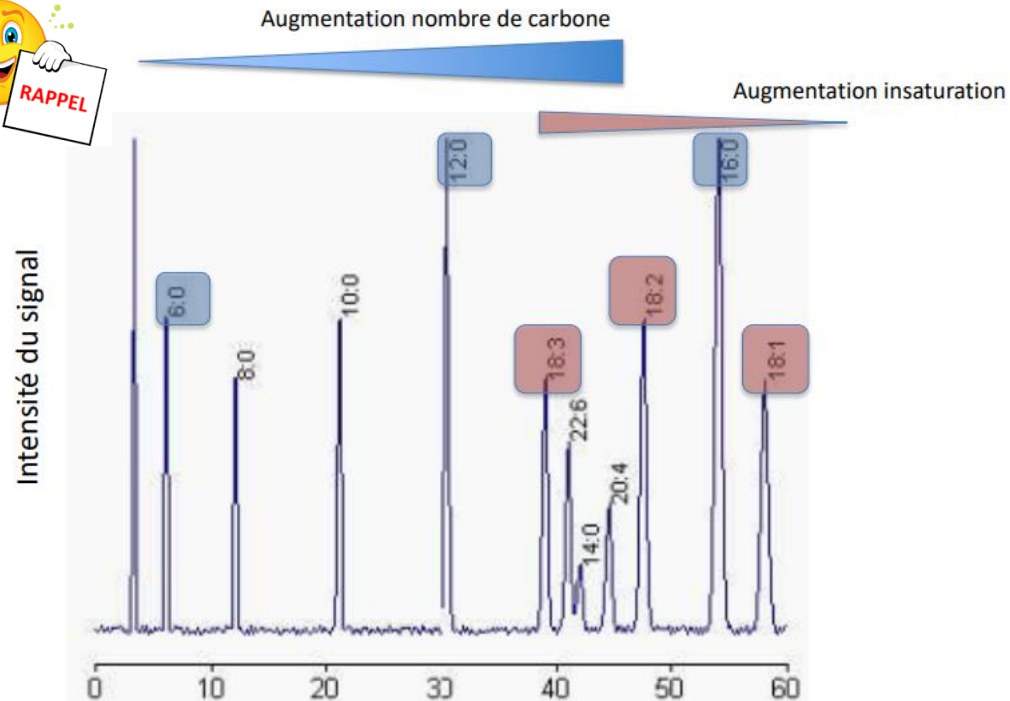
- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des  $\omega$ 9
- C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un  $R_f$  plus grand que celui de l'acide linoléique
- D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son  $T_r$  sera inférieur à celui de l'acide oléique
- E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son  $T_r$  sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une **chromatographie liquide haute pression** à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un **gradient de phase mobile organique**. On sait que son **Tr** sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Chromatographie liquide par HPLC (High Performance Liquid Chromatography)



**Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé**



**+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé**

- **Tr AUGMENTE** avec nombre carbone
- **Tr DIMINUE** avec nombre insaturation

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

Acide stéarique (18:0)

Acide linoléique (18:3)  $\Delta^{9,12,15}$



Tr (18:3) < Tr (18:0)

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation



181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son Tr sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Tr = Temps mesuré entre l'injection et la sortie du composé



+ une molécule est retenue dans la colonne, + Tr sera élevé

Acide stéarique (18:0)

Acide linoléique (18:3)  $\Delta^{9,12,15}$



Tr (18:3) < Tr (18:0)

- Tr AUGMENTE avec nombre carbone
- Tr DIMINUE avec nombre insaturation

181/ Parmi les propositions suivantes concernant le composé ci-contre, laquelle (ou lesquelles) est (sont) vraie(s)?



- A Il s'agit de l'acide palmitoléique
- B Il appartient à la famille des  $\omega$ 9
- C Lorsque l'on fait migrer sur une plaque de chromatographie en couche mince ce lipide et de l'acide linoléique en utilisant un solvant apolaire, ce dernier aura un  $R_f$  plus grand que celui de l'acide linoléique
- D On se propose de séparer cet acide gras de l'acide oléique en réalisant une chromatographie en phase gazeuse sur une phase stationnaire polaire en ayant au préalable alkylé ces lipides. On sait que son  $T_r$  sera inférieur à celui de l'acide oléique
- E On se propose de séparer cet acide gras de l'acide stéarique en réalisant une chromatographie liquide haute pression à l'aide d'une colonne de silice et en réalisant l'élution par un gradient de phase mobile organique. On sait que son  $T_r$  sera plus faible que celui de l'acide stéarique.

Réponse: E